

**Aus dem Landesamt für Umwelt, Gesundheit und Verbraucherschutz  
des Landes Brandenburg  
eingereicht über das  
Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen  
des Fachbereichs Veterinärmedizin  
der Freien Universität Berlin**

**Wildvogelmonitoring in Brandenburg zum Nachweis aviärer Influenzaviren  
unter besonderer Berücksichtigung einer Sentinelanlage**

**Inaugural-Dissertation  
zur Erlangung des Grades eines  
Doktors der Veterinärmedizin  
an der  
Freien Universität Berlin**

**vorgelegt von  
Kerstin Albrecht, geb. Irmisch  
Tierärztin  
aus Glauchau**

**Berlin 2011**

**Journal-Nr.: 3537**

Gedruckt mit Genehmigung des Fachbereichs Veterinärmedizin  
der Freien Universität Berlin

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Leo Brunnberg  
Erster Gutachter: Univ.-Prof. Dr. Lothar H. Wieler  
Zweiter Gutachter: Prof. Dr. Alex Greenwood  
Dritter Gutachter: PD Dr. Kerstin Borchers

*Deskriptoren (nach CAB-Thesaurus):*

avian influenza, wild birds, monitoring, sentinel animals, Brandenburg,  
risk analysis, polymerase chain reaction, ELISA, haemagglutination tests,  
population structure

Tag der Promotion: 09.02.2012

Bibliografische Information der *Deutschen Nationalbibliothek*

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen  
Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über  
<<http://dnb.ddb.de>> abrufbar.

ISBN: 978-3-86387-127-7

**Zugl.: Berlin, Freie Univ., Diss., 2011**

Dissertation, Freie Universität Berlin

**D188**

Dieses Werk ist urheberrechtlich geschützt.

Alle Rechte, auch die der Übersetzung, des Nachdruckes und der Vervielfältigung des Buches, oder  
Teilen daraus, vorbehalten. Kein Teil des Werkes darf ohne schriftliche Genehmigung des Verlages in  
irgendeiner Form reproduziert oder unter Verwendung elektronischer Systeme verarbeitet,  
vervielfältigt oder verbreitet werden.

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Warenbezeichnungen, usw. in diesem Werk berechtigt auch  
ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der  
Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von  
jedermann benutzt werden dürfen.

This document is protected by copyright law.

No part of this document may be reproduced in any form by any means without prior written  
authorization of the publisher.

Alle Rechte vorbehalten | all rights reserved

© Mensch und Buch Verlag 2012

Choriner Str. 85 - 10119 Berlin

[verlag@menschundbuch.de](mailto:verlag@menschundbuch.de) – [www.menschundbuch.de](http://www.menschundbuch.de)

## Inhalt

<b>1</b>	<b>Einleitung</b> .....	<b>7</b>
<b>2</b>	<b>Literatur</b> .....	<b>9</b>
2.1	Aviäre Influenzaviren .....	9
2.1.1	Viruseigenschaften .....	9
2.1.2	Tierseuchenrechtliche Maßnahmen .....	13
2.1.3	Vorkommen von aviären Influenzaviren bei Wildvögeln .....	16
2.1.3.1	Wirtsspezifität, Subtypen, geographische und saisonale Verteilung .....	16
2.1.3.2	Hochpathogene aviäre Influenzaviren .....	20
2.1.4	Bewertung von Wildvögeln als Risikospezies.....	25
2.1.5	Vorkommen von aviären Influenzaviren bei Hausgeflügel.....	27
2.1.6	Vorkommen bei Säugetieren .....	28
2.1.7	Vorkommen beim Menschen .....	29
2.1.8	Übertragungs- und Verbreitungsmechanismen der aviären Influenzaviren.....	30
2.1.9	Immunreaktion bei Infektionen mit aviären Influenzaviren.....	32
2.2	Einsatz von Sentineltieren .....	35
2.3	Wildvögel in Brandenburg .....	37
2.3.1	Systematik und Taxonomie .....	37
2.3.2	Populationsgrößen relevanter Vogelarten .....	39
2.3.3	Zugverhalten von Wildvögeln .....	42
2.4	Eigene Fragestellung.....	46
<b>3</b>	<b>Material und Methoden</b> .....	<b>47</b>
3.1	Bereitstellung des Probenmaterials .....	47
3.1.1	Organisation des Wildvogelmonitorings .....	47
3.1.2	Auswahl der Wildvogelspezies .....	49
3.1.3	Beprobungszeitraum .....	49
3.1.4	Beprobungsgebiet .....	50
3.2	Betreiben einer Sentinelanlage .....	51
3.2.1	Auswahl der Region .....	51

3.2.2	Einrichtung der Sentinelanlage.....	51
3.2.3	Verwendete Sentineltiere.....	52
3.2.4	Beprobungsmodus .....	53
3.2.5	Erfassung ornithologischer Daten.....	53
3.3	Entnahme, Transport und Aufbereitung der Proben.....	54
3.4	Diagnostische Methoden .....	55
3.4.1	Virologische Untersuchung zum Erregernachweis .....	55
3.4.1.1	Virusanzüchtung.....	57
3.4.1.2	Molekularbiologische Methoden .....	57
3.4.2	Indirekter Erregernachweis.....	58
3.5	Datenauswertung .....	59
3.5.1	Daten des Wildvogelmonitorings .....	59
3.5.2	Daten der Sentinelanlage .....	59
3.6	Statistische Auswertung .....	60
<b>4</b>	<b>Ergebnisse .....</b>	<b>61</b>
4.1	Wildvogelmonitoring in Brandenburg zum Nachweis von aviären Influenzaviren .....	61
4.1.1	Nachweis von hochpathogenem aviären Influenzavirus des Typs H5N1 im Untersuchungszeitraum 2006-2010 .....	64
4.1.1.1	Zeitliche Verteilung der HPAIV H5N1-Befunde .....	64
4.1.1.2	Speziesspezifische Verteilung der HPAIV H5N1-Befunde .....	67
4.1.1.3	Verteilung der HPAIV H5N1-Befunde bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel.....	68
4.1.2	Nachweis von niedrigpathogenem aviären Influenzavirus im Untersuchen- szeitraum 2006-2010.....	70
4.1.2.1	Zeitliche Verteilung der NPAIV-Befunde .....	70
4.1.2.2	Speziesspezifische Verteilung der NPAIV-Befunde .....	72
4.1.2.3	NPAIV-Befunde bei der Stockente ( <i>Anas platyrhynchos</i> ) und bei der Blessralle ( <i>Fulica atra</i> ).....	77

4.1.2.4	Verteilung der NPAIV-Befunde bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel .....	84
4.1.2.5	Verteilung der NPAIV-Befunde nach der Probenart .....	85
4.1.2.6	Regionale Verteilung der NPAIV-Befunde.....	86
4.1.2.7	Vergleich von Daten der Ramsargebiete mit den sonstigen Regionen des Wildvogelmonitorings .....	88
4.2	Ergebnisse aus der Sentinelanlage am Felchowsee.....	89
4.2.1	Nachweise von aviären Influenzaviren bei den Sentinelstockenten.....	89
4.2.2	Nachweise von AI-Antikörpern bei den Sentinelstockenten am Felchowsee .....	93
4.2.3	Vergleich positiver AIV- und AK-Nachweise.....	94
4.2.4	Wildvogelbeobachtungen am Felchowsee .....	97
<b>5</b>	<b>Diskussion .....</b>	<b>104</b>
5.1	Diskussion der Untersuchungsmethode.....	104
5.1.1	Probenorganisation, Probentransport, Probenbearbeitung und -befundung .....	104
5.1.2	Statistik .....	105
5.2	Ergebnisse des Wildvogelmonitorings.....	106
5.2.1	Speziesspezifische AIV-Nachweise.....	106
5.2.2	AIV-Nachweise in Abhängigkeit des Zustandes der untersuchten Wildvögel .....	111
5.2.3	AIV-Nachweise in Abhängigkeit der Probenart der untersuchten Wildvögel .....	113
5.2.4	AIV-Nachweise in Abhängigkeit der saisonalen Verteilung der untersuchten Wildvögel .....	115
5.2.5	AIV-Nachweise in Abhängigkeit der regionalen Verteilung der untersuchten Wildvögel .....	116
5.2.6	AIV-Nachweise in Abhängigkeit des Alters der Wildvögel.....	117
5.3	Ergebnisse der Sentinelanlage am Felchowsee .....	118
5.3.1	AIV-Nachweise bei den Sentinelstockenten am Felchowsee.....	118
5.3.2	Antikörpernachweise bei den Sentinelstockenten am Felchowsee .....	120
5.3.3	Wildvogelbeobachtungen .....	122
5.4	Wildvögel als Risikospezies .....	127

5.5	Die Stockente als Spezies mit besonderer Bedeutung bei der Verbreitung von aviären Influenzaviren.....	130
<b>6</b>	<b>Abschließende Betrachtung und Ausblick .....</b>	<b>134</b>
<b>7</b>	<b>Zusammenfassung.....</b>	<b>138</b>
<b>8</b>	<b>Summary .....</b>	<b>140</b>
<b>9</b>	<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>142</b>
<b>10</b>	<b>Anhang .....</b>	<b>170</b>
10.1	Tabellenverzeichnis.....	170
10.2	Abbildungsverzeichnis.....	173
10.3	Abkürzungsverzeichnis.....	177
10.4	Untersuchungsergebnisse im Rahmen des Wildvogelmonitorings 2006-2010 ....	179
10.5	AIV-Befunde des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg .....	183
10.6	AIV-Befunde der Stockenten aus der Sentinelanlage am Felchowsee Oktober 2008 bis Oktober 2010 .....	187
10.7	Auswahl an beobachteten Wildvögeln mit Angaben zu Art und Anzahl des Auftretens am Felchowsee .....	192
10.8	Beobachtungen und besondere Ereignisse am Felchowsee .....	195
10.9	Im HAH verwendete Referenz-Antigene .....	200
<b>11</b>	<b>Danksagung .....</b>	<b>201</b>
<b>12</b>	<b>Selbständigkeitserklärung.....</b>	<b>203</b>

## 1 Einleitung

Aviäre Influenzaviren (AIV) sind bei Vögeln weit verbreitet. Unter ihnen findet sich der Erreger der wichtigsten anzeige- und bekämpfungspflichtigen Tierseuche beim Wirtschaftsgeflügel weltweit: die hochpathogene Form der aviären Influenza, ausgelöst durch bestimmte Virusstämme des Subtyps H5 und H7 (Alexander 1995; Alexander 2000; Werner und Harder 2006a; Werner und Harder 2006b; Capua und Alexander 2010). Ausbrüche von hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) können sich katastrophal sowohl für den einzelnen Geflügelhalter als auch für die Geflügelwirtschaft in einer betroffenen Region auswirken und zu länderübergreifenden bis hin zu weltweiten Handelsbeschränkungen führen.

HPAI-Ausbrüche werden im 21. Jahrhundert vermehrt nachgewiesen (Ellis *et al.* 2004; Hesterberg *et al.* 2009; Kou *et al.* 2009). Dies betrifft vor allem Infektionen mit dem hochpathogenen aviären Influenzavirus (HPAIV) des Subtyps H5N1, das sich seit 2003 weltweit sprunghaft ausgebreitet und Hausgeflügel, Wildvögel, Individuen verschiedener Säugetierarten einschließlich des Menschen (zooanthroponotisches Potential) infiziert hat. Es wurde bereits in über 60 Ländern in Asien, Afrika und Europa nachgewiesen, hat bei Geflügel zu Millionen und beim Menschen zu mehreren Hundert Todesfällen geführt (Murugkar *et al.* 2008; Kalthoff *et al.* 2010). Den letzten Höhepunkt erreichten die Infektionen mit HPAIV H5N1 bei Wildvögeln und Hausgeflügel in zahlreichen Ländern mehrerer Kontinente in den Jahren 2005 bis 2007 (Globig *et al.* 2009b). Wenn auch die Ausbrüche in Europa sämtlich getilgt werden konnten, bleibt HPAIV H5N1 auch weiterhin vor allem in den endemisch infizierten Regionen Südostasiens (Indonesien, Indochina, China) und Afrikas (Ägypten) ein gravierendes Problem für die Tierseuchenbekämpfung und das öffentliche Gesundheitswesen (Sims 2007; Vong *et al.* 2008; Hafez *et al.* 2010; Hogerwerf *et al.* 2010). Global muss jederzeit mit neuerlichen Einschleppungen dieses Virus gerechnet werden.

Niedrigpathogene aviäre Influenzaviren (NPAIV) spielen nicht nur als Krankheitserreger insbesondere bei Puten mit durchaus erheblichen wirtschaftlichen Einbußen eine Rolle (AHO 2009), sondern können über Wirtspassagen durch Veränderungen des Virusgenoms zu einem HPAIV mutieren (Werner 2006).

Wildvögel, insbesondere wild lebende Wasservögel, sind das natürliche Reservoir niedrigpathogener AIV. Ihnen wird bei der Übertragung der Erreger auf Hausgeflügel eine Bedeutung beigemessen (Webster *et al.* 1992; Alexander 2000; Werner *et al.* 2003; Keawcharoen *et al.* 2008). Deshalb stehen sie bei der Risikoabschätzung für das Wirtschaftsgeflügel in Bezug auf niedrigpathogene AIV im Fokus der Betrachtungen.

Die Rolle von Wildvögeln im Rahmen der HPAI ist umstritten. Die bisherigen Fälle zeigten, dass HPAIV H5N1 in der Lage war, sich innerhalb weniger Tage und Wochen in weiträumigen geographischen Einheiten zu verbreiten. Das Virus erwies sich somit als ein hochmobiler Erreger (Wilking *et al.* 2009). Ob hierfür ausschließlich infizierte, migrierende Wildvögel verantwortlich waren oder nicht doch legale und illegale Praktiken des Handels mit Geflügel oder deren Produkten sowie gefangenen Wildvögeln bleibt umstritten (Tumpey *et al.* 2002; Van Borm *et al.* 2005; Feare und Yasue 2006; Burgos und Burgos 2007; Harder *et al.* 2009a; Schöne *et al.* 2009).

Zunächst gab es nur punktuelle Untersuchungen mit wenigen aussagekräftigen Erkenntnissen (Sinnecker *et al.* 1982; Ottis und Bachmann 1983; Süß *et al.* 1994; Bolte *et al.* 1997; Schnebel *et al.* 2005; Hlinak *et al.* 2006). In den letzten Jahren wurden diese Daten durch zahlreiche Untersuchungen im Hinblick auf die Verbreitung von AIV bei Wildvögeln, Hausgeflügel und anderen Tierarten vervollständigt (Happold *et al.* 2008; Hesterberg *et al.* 2008; Pannwitz 2008; Globig *et al.* 2009b; Hesterberg *et al.* 2009; Brown 2010; Toennessen *et al.* 2011). Dabei fand eine Risikobeurteilung im Hinblick auf das Auftreten bestimmter Wildvogelarten in verschiedenen Regionen und deren Zugverhalten sowie das Gefährdungspotential für Standorte mit Hausgeflügel Berücksichtigung.

Auf Grund der ständig existierenden und bisher nach wie vor nicht eindeutig definierten Gefährdung von Mensch und Tier durch die Wildvögel bleibt eine permanente Überwachung der wichtigsten in der Liste des internationalen Tierseuchenamtes (OIE) aufgeführten Tierseuche des Geflügels (OIE 2010) unerlässlich. Dies ist durch ein regelmäßig fortgeführtes Wildvogelmonitoring möglich. Da sich die Organisation einer kontinuierlichen Überwachung von Wildvögeln als schwierig erweist, können Untersuchungen von Sentineltieren, die nach einem bestimmten Schema über einen längeren Zeitraum von mehreren Jahren beprobt werden, zusätzliche relevante Daten liefern (Racloz *et al.* 2007; Globig *et al.* 2009a).

In der vorliegenden Arbeit wird das Vorkommen von AIV bei Wildvögeln im Bundesland Brandenburg dargestellt. Dazu werden Daten aus den Untersuchungen des Wildvogelmonitorings und einer Sentinelanlage, die im Nordosten Brandenburgs eingerichtet worden ist, ausgewertet. Gleichzeitig erfolgt eine Erfassung der im Bereich der Sentinelanlage vorkommenden Wildvögel nach Art und Anzahl verbunden mit einer Risikobewertung im Hinblick auf eine Gefährdung der Hausgeflügelbestände.

## 2 Literatur

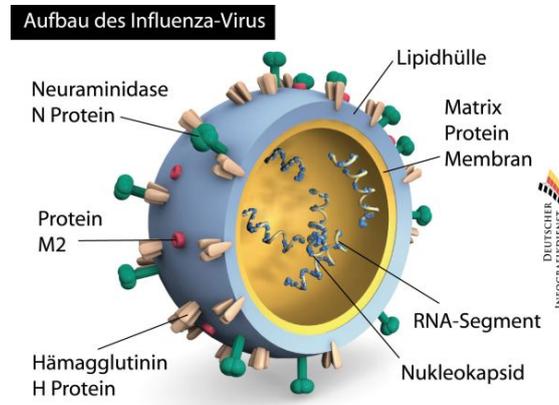
### 2.1 Aviäre Influenzaviren

#### 2.1.1 Viruseigenschaften

Influenzaviren werden in die Familie der Orthomyxoviren (*Orthomyxoviridae*) eingruppiert. Sie sind mit einer Lipidhülle versehene RNA-Viren mit einem Durchmesser von 80-120 nm und einer pleomorphen Gestalt. Ihre Einteilung in die Typen A, B und C erfolgt aufgrund von antigenetischen Unterschieden im Nukleo- und Matrixprotein (Webster *et al.* 1992; Werner und Harder 2006a). Bei Vögeln sind ausschließlich Influenzaviren vom Typ A von Bedeutung (Alexander 1995), die jedoch auch beim Menschen und einer Vielzahl von verschiedenen Säugetierarten zu Erkrankungen führen können (Müller 2006). Das Genom des Influenza A-Virus enthält 8 Segmente unterschiedlicher Größe bestehend aus einzelsträngiger, negativ polarisierter RNA. In die Lipidhülle sind drei virale Komponenten eingebaut: die transmembranen Glykoproteine Hämagglutinin (H oder HA) und Neuraminidase (N oder NA) als wichtigste antigenetische Determinanten sowie dem Membran-/Matrix 2 (M2)-Protein, das Ionenkanalaktivität besitzt (s. Abbildung 1). Unter der Lipidhülle liegt eine Proteinhülle, die durch das Matrix 1 (M1)-Protein gebildet wird. Das Nukleokapsid (Ribonukleoprotein, RNP) umfasst die RNA enkapsidiert vom Nukleokapsidprotein (NP) sowie die Polymeraseproteine PB1, PB2 und PA (Scholtissek 2006). Auf Basis der Oberflächenglykoproteine, die eine subtypspezifische Immunreaktion auslösen, ist eine serologische Differenzierung der Influenza A-Viren in 16 H-Typen und 9 N-Typen möglich (Webster *et al.* 1992; Fouchier *et al.* 2005).

Die Bindung von Influenza A-Viren an zelluläre Oberflächenproteine wird durch reife trimerisierte virale HA Glykoproteine erreicht. Diese Bindung basiert auf der Erkennung von bestimmten Sialinsäureresten, die sich auf der Zelloberfläche befinden. Die Rezeptorspezifität beruht zum großen Teil auf der Art der Glykosidbindung der Sialinsäure zum folgenden Galaktosemolekül ( $\alpha$ 2-3 oder  $\alpha$ 2-6). Diese Rezeptorpräferenzen sind Teil der Wirtsbarriere (Müller 2006). Eine Anpassung der beiden viralen Glykoproteine an die spezifischen Rezeptortypen eines bestimmten Wirtes ist Voraussetzung für eine effiziente Replikation (Gambaryan *et al.* 2004). Aviäre Influenzaviren weisen die höchste Affinität zu  $\alpha$ 2-3 gebundener Sialinsäure auf, da diese der dominierende Rezeptortyp in epithelialen Geweben endodermaler Herkunft (Darm, Lunge) bei Vögeln ist (Kim *et al.* 2005), wohingegen dies beim Menschen für die  $\alpha$ 2-6 gebundene Sialinsäure zutrifft. Bei Schweinen, Wachteln und Waschbären kommen beide Rezeptoren in höherer Dichte vor, was diese Arten zu möglichen Mischgefäßen für aviäre und humane Stämme machen kann (Kida *et al.* 1994; Perez *et al.* 2003; Hall *et al.* 2008).

Das Hämagglutinin-Glykoprotein wird als Vorläuferprotein, dem HA<sub>0</sub> gebildet, welches durch posttranslationale proteolytische Spaltung durch intra- und extrazelluläre Proteasen des Wirtes in die Untereinheiten HA 1 und HA 2 gespalten wird. Nur Viruspartikel mit derart prozessiertem HA sind infektiös (Rott 1992).



**Abbildung 1:** Aufbau des Influenzavirus (Quelle: [www.medizinische-enzyklopaedie.de/medizin/952.html](http://www.medizinische-enzyklopaedie.de/medizin/952.html), mit Genehmigung von: O. Hauptstock, Deutscher Infografikdienst/[www.infografikdienst.de](http://www.infografikdienst.de)).

Als Ausdruck von Infektiosität und Virulenz unterteilt man aviäre Influenzaviren in niedrigpathogene (NPAIV) und hochpathogene aviäre Influenzaviren (HPAIV). NPAIV besitzen an der endoproteolytischen Spaltstelle des HA an den Positionen -1/-4 (H5) bzw. -1/-3 (H7) zwei basische Aminosäuren (Wood *et al.* 1994). Bei diesen Virustypen kann die Spaltung nur durch trypsinähnliche Proteasen erfolgen und so bleibt die Virusvermehrung im Wesentlichen auf die Epithelzellen von Atmungs- und Verdauungsapparat beschränkt (Swayne und King 2003). Bei HPAIV befinden sich an den Spaltstellen mehrere basische Aminosäuren (z. B. Arginin und Lysin), wodurch das HA<sub>0</sub> von ubiquitär in allen Zellen vorhandenen Furin- und Subtilisin-ähnlichen Proteasen aktivierbar wird. Viren mit derartigen Mutationen ist es möglich, sich systemisch und unbegrenzt mit der Folge einer generalisierten Infektion zu replizieren (Senne *et al.* 1996). Solche Viren können zu schwersten Erkrankungen mit hoher Mortalität führen. Sie sind die Erreger der HPAI bzw. klassischen Geflügelpest (Werner 2006). In Italien kam es 1999 so zur Entstehung eines HPAIV aus einem NPAIV-Vorläufer des Subtyps H7N1, welches sich nur durch die polybasische Spaltstelle unterschied, nachdem es mehrere Monate in Hühner- und Putenbeständen zirkulierte (Capua *et al.* 2000). Im Februar 2004 ereignete sich in einer Broilerzuchtfarm in Kanada ein Ausbruch verursacht durch ein HPAIV H7N3-Virus, welches aus einer niedrigpathogenen Variante durch Mutation hervorgegangen war. Der als Standardmethode bestimmte intravenöse Pathogenitätsindex (IVPI) lag bei 2,43 und 3,00 (Pasick *et al.* 2005).

Nur wenige Vertreter der H5- und H7-Subtypen zeigen hochpathogene Eigenschaften (Swayne und Suarez 2000), und in der Regel weisen diese das oben genannte typische Muster basischer Aminosäuren an der Spaltstelle des Hämagglutinins auf. Es sind jedoch auch vier Virusstämme des Subtyps H5 beschrieben worden, die eine HPAIV-typische Spaltstelle besitzen, aber im Tierversuch an 6 Wochen alten Hühnern phänotypisch niedrigpathogene Eigenschaften aufwiesen. Allerdings konnten lediglich bei zwei dieser vier Virussubtypen Mechanismen gefunden werden, die das Exprimieren des Viruspotentials verhindern (Londt *et al.* 2007). Bei Vertretern der anderen 14 HA-Subtypen waren bisher keine gehäuften basischen Aminosäuren nachweisbar. Lediglich in einem Fall wurde bisher ein Virus eines H10-Subtyps (A/mandarin duck/Singapore/805/F-72/7/93) bei experimentellen *in-vivo*-Untersuchungen als hochpathogen eingestuft, obwohl es bei intranasaler Applikation nicht pathogen war, keine Spaltstelle mit multiplen basischen Aminosäuren besaß und sich nicht im Gehirn intravenös infizierter Küken vermehrte (Wood *et al.* 1996).

Influenza A-Viren besitzen wie alle RNA-Viren ein hohes Potential zur Veränderung der antigenen Eigenschaften. Es fehlt ihnen ein Kontrollmechanismus während der Replikation. Sie zeichnen sich daher durch eine enorme genetische Vielfalt aus und sind in der Lage, sich unterschiedlichen Wirten anzupassen. So entstehen häufig geringfügige Mutationen, die, sofern sie sich im HA oder NA Protein auswirken, als Antigendrift bezeichnet werden (Ferguson *et al.* 2003). Dies wird begünstigt durch eine im Wirtsorganismus vorhandene Teilimmunität, infolge dessen solche Driftvarianten ihren relativen Selektionsvorteil gegenüber der vorherigen Variante nutzen können. Die neuen Varianten werden nun weniger gut durch das Immunsystem des Wirtes erkannt (Scholtissek 2006).

Auf Grund des segmentierten Genoms kann es darüber hinaus bei Influenza A-Viren bei Doppel- oder Mehrfachinfektion einer Wirtszelle mit Viren unterschiedlicher Subtypen zum Austausch eines oder mehrerer Genomsegmente (Reassortments) kommen, so dass vermehrungsfähige Nachkommenviren mit Teilen der genetischen Informationen beider Elternviren entstehen würden (Reassortanten). Hierdurch kann ein Organismus mit Viren infiziert werden, die für sein Immunsystem völlig neue Antigenstrukturen enthalten (Antigenshift), so dass der Wirt dafür voll empfänglich wird. Durch das Reassortment besteht die Möglichkeit, Wirtsspektrum und Virulenz der Nachkommenviren zu verändern. Theoretisch wäre auf der Grundlage der 8 Gensegmente der Influenza A-Viren bei der Doppelinfection eines Wirtes die Entstehung von 254 verschiedenen Reassortanten möglich. Bei der enormen Anzahl unterschiedlicher Subtypen und einem großen Reservoir in der Wildvogelpopulation besteht eine hohe Wahrscheinlichkeit, dass ein solches Reassortment stattfindet (Webster und Hulse 2004; Müller 2006). Für eine effiziente Virusvermehrung

müssen in der Regel mehrere Genomsegmente ausgetauscht werden, was zeitgleich oder nacheinander erfolgen kann. So entstanden z. B. bei den im ostasiatischen Raum abgelaufenen HPAIV H5N1 Infektionen zwischen 1996 und 2005 verschiedene genetische Varianten, z. B. der Genotyp „V“ und „Z“ (Chen *et al.* 2005; Chen *et al.* 2006a; Chen *et al.* 2006b).

Aviäre Influenzaviren sind in der Umwelt relativ stabil. Ihre Infektiosität wird durch verschiedene chemische Substanzen und physikalische Einwirkungen beeinflusst. Dazu gehören hohe Temperaturen, ultraviolettes Licht, ionisierende Strahlung, Säuren und Laugen mit Veränderungen des pH-Wertes, Chlorverbindungen, Aldehyde und Phenole (De Benedictis *et al.* 2007). Stallknecht *et al.* (1990) stellten fest, dass die Tenazität von aviären Influenzaviren in Abhängigkeit der Temperatur, des Salzgehaltes und des pH-Wertes stark variierte. In Oberflächenwasser überdauerten die Viren bei 17°C, 0% Salzgehalt und einem pH-Wert von 8,2 100 Tage. In destilliertem Wasser zeigten sie nach über 1000 Tagen bei 4°C noch Infektiosität. Webster *et al.* (1978) wiesen nach, dass aviäre Influenzaviren stabiler sind als humane Influenza A Viren. Sie können bei einem pH-Wert von 4,0 noch vermehrungsfähig bleiben, wohingegen dies bei humanen Viren bereits bei einem pH-Wert von unter 5,0 nicht mehr möglich ist. Graiver *et al.* (2009) untersuchten mit Wasser getränkte, vergrabene Vogelkadaver und ermittelten eine Überlebensfähigkeit der aviären Influenzaviren in Abhängigkeit von pH-Wert, Temperatur und elektrischer Leitfähigkeit von bis zu zwei Jahren. Studien belegen ein Überdauern in Fäzes bei 15-20°C bis 32 Tage bzw. bei 28°C bis 20 Tage (OIE 2009a). Es gibt Hinweise auf eine höhere Tenazität von NPAIV gegenüber HPAIV (Brown *et al.* 2007). In gefrorenem Zustand kann das Virus uneingeschränkt konserviert werden (Smith *et al.* 2004; OIE 2009a). In der natürlichen Umwelt spielen zusätzliche Einflussfaktoren auf die Überlebensfähigkeit der Influenzaviren im Wasser wie Schwermetalle, organische Substanzen, lösliche Salze und biologische Komponenten (Mikroorganismen) in positiver oder negativer Hinsicht eine erhebliche Rolle. Dies ist bei der Bewertung der Tenazität zu beachten. Studien in Ostseewasser von Domanska-Blicharz *et al.* (2010) konnten belegen, dass neben dem Einfluss von Temperatur und Salzgehalt eine signifikante Abhängigkeit des Überdauerns aviärer Influenzaviren von der eingebrachten Dosis der Erreger besteht. In ungefiltertem, mit organischem Material angereichertem Wasser war die Tenazität der Viren zudem deutlich niedriger (Nazir *et al.* 2010). Der Nachweis der Überlebensfähigkeit von Influenza A-Viren in Oberflächenwasser der Ostsee von mindestens einem halben Jahr bei 4°C und gleichzeitiger Abwesenheit von Wasservögeln stellt nach Stallknecht *et al.* (2010) ein mögliches Virusreservoir für die Verbreitung des Erregers dar.

### 2.1.2 Tierseuchenrechtliche Maßnahmen

Als wirtschaftlich bedeutsamste Geflügelerkrankung werden HPAIV-Infektionen weltweit intensiv bekämpft. Dies trifft für NPAIV-Infektionen der Subtypen H5 und H7 ebenfalls zu, da aus ihnen spontan HPAIV hervor gehen können (Suarez *et al.* 2004; Werner und Harder 2006a). Die Bekämpfungsstrategien in den betroffenen Ländern hängen von vielen verschiedenen Faktoren ab, wie zum Beispiel der Geflügeldichte, den verschiedenen Haltungsformen, der Wildvogelpopulation und der generellen Interaktion Mensch-Tier (Voss 2005). Seit dem Auftreten eines neuen HPAIV H5N1 1996 (Xu *et al.* 1999), der humanpathogene Eigenschaften mit hoher Mortalität aufweist, ist der Erreger nach wie vor in einigen Ländern trotz intensiver Bemühungen endemisch verbreitet und wird vermutlich durch klinisch inapparent infizierte Hausentenbestände perpetuiert (Gilbert *et al.* 2008). Die Bekämpfung erschwert sich dort vor allem auch durch einen hohen Anteil sogenannter Backyard-Haltungen, offen gehaltene Ställe mit Zugang zu Wildvögeln, das Fehlen geeigneter Biosicherheitsmaßnahmen, unzureichende Kompetenz des Geflügel betreuenden Personals, zahlreiche Lebendtiermärkte und den illegalen Handel mit Vögeln (Van Borm *et al.* 2005; Voss 2005; Sims 2007; Fasina *et al.* 2009).

Bereits im Viehseuchengesetz von 1909 war die „Hühnerpest“ als anzeigepflichtige Seuche aufgeführt. Die Maßnahmen beschränkten sich auf die Isolierung von betroffenen Beständen. In einer Verordnung von 1942 wurde festgelegt, dass nach Seuchenfeststellung sämtliches Hühnergeflügel in den Ausbruchsbeständen zu töten ist (Werner und Harder 2006b). Heller (1957) beobachtete in zwei Beständen eine Virulenzsteigerung des Erregers, wodurch bei einer späteren Erkrankung ein wesentlich dramatischerer Krankheitsverlauf zu beobachten war. Er vermutete eine Verschleppung der Seuche durch unerkannt infiziertes Wassergeflügel, welches bisher nicht unter die Bekämpfungsregelungen fiel. Er empfahl daraufhin, auch Wassergeflügel in die Restriktionsmaßnahmen mit einzubeziehen.

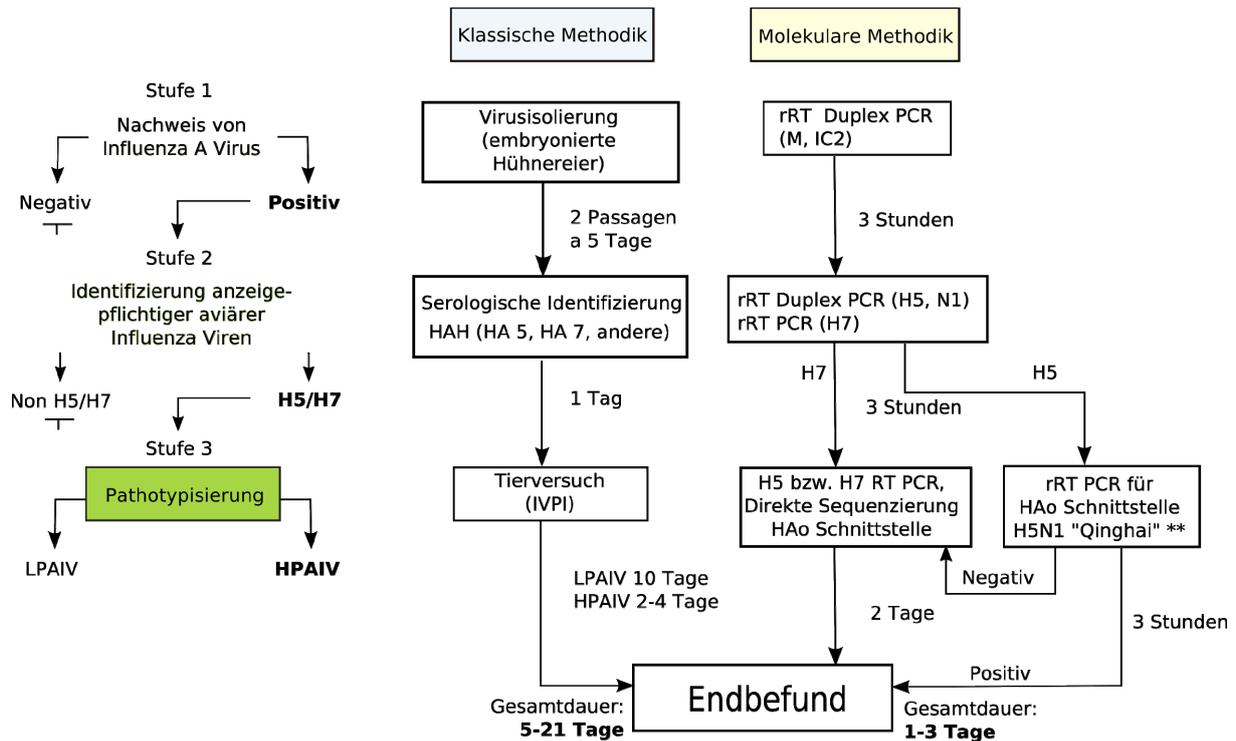
Die aviäre Influenza wird heute international in nahezu allen Ländern mittels staatlich angeordneter Maßnahmen bekämpft. Sie ist in der Liste der OIE und im Terrestrial Animal Health Code 2010 als anzeigepflichtige Tierseuche aufgeführt (OIE 2010). Die Bekämpfung in der EU basiert auf der Richtlinie 2005/94/EG über Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der aviären Influenza (Anonym 2005b). Mit der Geflügelpest-Verordnung von 2007, zuletzt geändert 2009, wurde die Richtlinie in Nationales Recht umgesetzt (Anonym 2009).

Durch Mutation kann bei infiziertem Geflügel grundsätzlich aus einem niedrigpathogenen ein hochpathogenes Virus entstehen (Alexander 2003; Suarez *et al.* 2004). Dieser Tatsache wird bei den Bekämpfungsmaßnahmen Rechnung getragen. Auf der Grundlage der Richtlinie

2005/94/EG sind neben HPAIV auch NPAIV im deutschen Recht nach der Geflügelpest-Verordnung bei Hausgeflügel anzeige- und bekämpfungspflichtig, was in der Regel die Tötung des Ausbruchsbestandes zur Folge hat (Anonym 2009).

Nach Definition entsprechend der EU-Richtlinie 2005/94/EG über Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der aviären Influenza (Anonym 2005b) ist aviäre Influenza eine Infektion von Geflügel oder in Gefangenschaft gehaltener Vögel anderer Spezies, verursacht durch Influenzaviren des Typs A. Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI) bezeichnet eine Infektion von Geflügel oder in Gefangenschaft gehaltener Vögel anderer Spezies, verursacht durch Viren der aviären Influenza der Subtypen H5 oder H7 mit einer Genomsequenz, die für multiple basische Aminosäuren im Spaltbereich des Hämagglutinins kodiert oder Viren der aviären Influenza mit einem intravenösen Pathogenitätsindex von über 1,2 bei sechs Wochen alten Hühnern. Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI) bezeichnet eine Infektion von Geflügel oder in Gefangenschaft gehaltenen Vögeln anderer Spezies, verursacht durch Viren der aviären Influenza, die nicht unter die Definition der HPAI fallen. HPAI ist nach der Geflügelpest-Verordnung auch bei Wildvögeln dann anzeige- und bekämpfungspflichtig, wenn eine Infektion mit einem aviären Influenzavirus der Subtypen H5 oder H7 mit einer Genomsequenz, die für multiple basische Aminosäuren im Spaltbereich des Hämagglutinins kodiert, vorliegt (Anonym 2009).

Die Probenahme, Laboranalyse und Diagnosestellung zum Nachweis der aviären Influenzaviren bei Geflügel, in Gefangenschaft gehaltenen Vögeln und Wildvögeln erfolgt gemäß der Entscheidung der Kommission von 2006 mit Maßnahmen über die Genehmigung eines Handbuches zur Diagnose der aviären Influenza (Anonym 2006b). In Abbildung 2 wird das Ablaufschema zur virologischen Diagnostik entsprechend der Methodensammlung des Nationalen Referenzlabores (NRL) für aviäre Influenza des Friedrich-Löffler-Institutes (FLI) auf der Grundlage des Diagnosehandbuches dargestellt (FLI 2011a).



**Abbildung 2:** Untersuchungsgang zum direkten Erregernachweis bei Geflügelpest gemäß EU-Diagnostikhandbuch (Anonym 2006b), modifiziert durch das NRL FLI (FLI 2011a) (H/HA, Hämagglutinin; N/NA, Neuraminidase; M, Matrixprotein; RT PCR, Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction; rRT PCR, Real-Time Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction; IC2, interne heterologe Kontroll-RNA; HAH, Hämagglutinationshemmungstest; IVPI, Intravenöser Pathogenitätstest; LPAIV, Low Pathogenic Avian Influenzavirus; HPAIV, High Pathogenic Avian Influenzavirus).

Wildvögel werden als Reservoir von NPAIV angesehen (Webster *et al.* 1992; Alexander 2000). Auf Grund des seit 2000 vermehrten Nachweises auch von HPAIV H5N1 in Wildvögeln in Asien (FAO 2005) erschließt sich in Europa ein erhöhtes Interesse an einem Monitoring von Wildvögeln zum Nachweis von HPAIV sowie NPAIV der Subtypen H5 und H7 (Hesterberg *et al.* 2009).

Zunächst starteten in diesem Zusammenhang freiwillige Überwachungsprogramme in Europa auf der Grundlage der Entscheidung der Kommission von 2002 zur Durchführung von Erhebungen über Geflügelpestvorkommen in Hausgeflügel- und Wildvogelbeständen in den Mitgliedsstaaten (Anonym 2002). Die Vorgaben für ein Hausgeflügel- und Wildvogelmonitoring wurden mit den nachfolgenden Entscheidungen der Kommission und dem Beschluss der EU von 2010 mit konkreten Vorgaben für nationale Bekämpfungspläne bezogen auf die einzelnen Länder der Bundesrepublik Deutschland verbindlich (Anonym 2005a; Anonym 2006a; Anonym 2007; Anonym 2010a). Bei der Auswahl der zu untersuchenden Proben sind bestimmte Prioritäten zu berücksichtigen (Standorte mit

gehäuften Wasservogelaufkommen, Vogelzugzeiträume, kranke oder verendete Vögel, Gebiete mit bereits erfolgten Nachweisen von HPAIV, bevorzugt zu beprobende Vogelarten).

Eine Impfung gegen aviäre Influenza ist in der Europäischen Gemeinschaft grundsätzlich verboten. Unter strengen Auflagen kann eine Vakzination auf Antrag gestattet werden. Der eingesetzte Impfstoff muss eine serologische Unterscheidungsmöglichkeit zwischen infizierten und vakzinierten Tieren garantieren (Differentiate Infected from Vaccinated Animals: sogenanntes DIVA-Prinzip) (Anonym 2005b; Anonym 2009). Eine durchgeführte Impfung kann vor einer Erkrankung und dem Tod schützen, die Virusausscheidung verringern und die Immunität der Tiere gegenüber einer Infektion erhöhen (Capua *et al.* 2004). Es gelingt jedoch nicht, eine Infektion bzw. Ausscheidung von virulentem Virus unter Impfschutz vollständig zu unterbinden. So können geimpfte und gesund erscheinende Vögel das Virus verschleppen und insbesondere in Gebieten, wo die Viren endemisch vorkommen, ein schwerwiegendes epidemiologisches Problem darstellen (Werner und Harder 2006a). Bisher wurden in zahlreichen Ländern wie China, Vietnam, Indonesien und Pakistan Impfungen durchgeführt. Zum Teil erfolgte dies parallel zur Stamping out-Methode in Hongkong, Italien, Belgien und USA (Capua *et al.* 2004). Es geschah jedoch meist unter suboptimalen Bedingungen und mit unzureichender Überwachung von geimpften Beständen (Sims 2007). In Mexiko konnte durch eine Impfung ein HPAIV ausgemerzt werden, aber NPAIV zirkulierten weiterhin kontinuierlich. Zudem hatte sich ein genetisch verändertes Virus entwickelt, welches sich von dem ursprünglichen und dem Impfvirus unterschied (Lee *et al.* 2004). Ähnliche Erfahrungen wurden aus Ägypten berichtet. Bei Impfversuchen mit vier verschiedenen Impfstoffen konnte bei Tieren, die mit einem neu entstandenen Variantstamm des endemisch zirkulierenden HPAIV infiziert waren, kein ausreichender Impfschutz mehr induziert werden (Balish *et al.* 2010; Grund *et al.* 2011).

Impfungen gegen aviäre Influenza werden nach wie vor in Deutschland nicht empfohlen, da derzeit keine für eine auf Populationsebene wirksame Schutzimpfung geeignete Impfstoffe und Impfstrategien zur Verfügung stehen (Unger *et al.* 2008).

### **2.1.3 Vorkommen von aviären Influenzaviren bei Wildvögeln**

#### **2.1.3.1 Wirtsspezifität, Subtypen, geographische und saisonale Verteilung**

Zum Vorkommen von aviären Influenzaviren (AIV) gibt es weltweit zahlreiche Studien (Tsubokura *et al.* 1981; Graham *et al.* 1999; Fouchier *et al.* 2003; Peroulis und O'Riley 2004; Owoade *et al.* 2008; Parmley *et al.* 2008; Globig *et al.* 2009b; Lvov *et al.* 2010). Wildvögel sind das natürliche Reservoir von AIV. Insbesondere in Spezies der Ordnung *Anseriformes* vermehren sich AIV in den Epithelzellen des Intestinaltraktes ohne die Ausbildung von

klinischen Symptomen und mit einer hohen Ausscheidungsrate in den Fäzes (Webster *et al.* 1978). Ellström *et al.* (2008) fanden entsprechend bei Untersuchungen an Stockenten in Kloakentupfern deutlich höhere Nachweisraten als in Oropharyngealtupfern. Latorre-Margalef *et al.* (2009) weisen darauf hin, dass die Ausscheidungsdauer von NPAIV bei Stockenten sehr kurz ist (Minimum 3,1 Tage, Maximum 8,3 Tage). Dies steht im Gegensatz zu Aussagen von Hulse-Post *et al.* (2005) mit ermittelten Ausscheidungsraten von 7-17 Tagen nach experimenteller Infektion von Stockenten mit HPAIV. Über eine erhöhte Energiebelastung und Immunsuppression (Weber und Stilianakis 2007) sowie eine Gewichtsreduktion und verminderte Kondition während des Zuges bei NPAIV-infizierten Enten und Schwänen wurde berichtet (van Gils *et al.* 2007; Latorre-Margalef *et al.* 2009).

Die meisten der möglichen Kombinationen aller 16 H- und 9 N-Subtypen wurden bei Wildvögeln beschrieben (Alexander 2007b). Infektionen mit vorwiegend NPAIV konnten bisher bei mindestens 105 Wildvogelspezies aus 26 verschiedenen Familien nachgewiesen werden (Olsen *et al.* 2006). Am häufigsten wurden sie bei Individuen der Ordnung *Anseriformes* (Enten, Gänse, Schwäne, Säger; 66% der AIV-Nachweise) und *Charadriiformes* (Watvögel, Möwen, Seeschwalben, Alken: 11,4%) beschrieben; *Passeriformes* (Sperlingsvögel: 4%) spielen eine geringe Rolle (Hinshaw *et al.* 1980; Kaleta *et al.* 2005). Stallknecht und Shane (1988) fanden bei 10,9% aller untersuchten Individuen aviäres Influenzavirus, anteilig bei *Anseriformes* 15,2%, bei *Charadriiformes* 2,2% und bei *Passeriformes* 2,9%.

In Studien von Sharp *et al.* (1993) konnte belegt werden, dass nicht ausschließlich Wasservögel sondern auch Vögel anderer Ordnungen wie z. B. *Charadriiformes* das Reservoir für AIV darstellen. Wallensten *et al.* (2007) wiesen bei Wasservögeln (*Anatidae*) 11 H- und 9 N-Subtypen in 40 verschiedenen Kombinationen nach, wobei die Subtypen H9 und H13 – H16 nicht vorkamen. Fanden sich bei Watvögeln und Möwen besonders häufig die Subtypen H9 und H13 (H9 war bei Entenvögeln lediglich einmal nachweisbar), dominierten bei Wildenten die Subtypen H3 und H6, die wiederum bei Watvögeln und Möwen nur vereinzelt vorkamen (Kawaoka *et al.* 1988). Toennesen *et al.* (2011) wies bei Dreizehenmöwen neben dem Subtyp H13 besonders häufig H16 nach. Diese beiden Subtypen werden von Hinshaw *et al.* (1982) und Fouchier *et al.* (2005) als Möwen-assoziierte AIV angesehen. Vermutlich bilden Watvögel und Möwen neben Entenvögeln einen weiteren Teil des AIV-Genpools bei Wildvögeln.

**Tabelle 1:** Vorkommen von niedrigpathogenen aviären Influenzavirus-Subtypen bei Entenvögeln (*Anseriformes*) in Langzeitstudien.

Region	Zeitraum	Subtypen	AIV-Prävalenz in %	Quelle
Deutschland	1977-1980	H3N8, H4N6, H11N3	3,7	Ottis und Bachmann (1983)
Nordost-deutschland	1977-1989	H1N1, H2N3, H4N6	8,7	Süss <i>et al.</i> (1994)
Kanada	1976-2001	H1N1, H3N8, H4N6, H6N2	22,2	Kraus <i>et al.</i> (2004)
Italien	1994-1999	H1N1, H3N8, H5N2, H10N8, H11N?	4,1	De Marco <i>et al.</i> (2003a)
Alaska	1998-2004	H3, H4, H6	0,76	Winker <i>et al.</i> (2007)
Schweden	1998-2006	H1N1, H3N8, H4N6, H6N2, H7N7, H11N9	4,6	Munster <i>et al.</i> (2007)
Schweden	2002-2005	H1N1, H2N3, H4N6, H5N2, H6N2, H7N7	12,5	Wallenstein <i>et al.</i> (2007)
Deutschland	2003-2005	H2N3, H4N6, H10N7	2,2	Globig (2007)
USA	2006-2008	H3N8, H4N6, H5N2, H5N3, H6N2	0,33	Pederson <i>et al.</i> (2010)
Bulgarien	2006-2008	H4N6, H7N7, H10N7	1,0	Goujgoulova <i>et al.</i> (2010)

In Tabelle 1 dargestellte Studien aus weltweit unterschiedlichen Regionen zeigen die Häufung von bestimmten Subtypen (H4N6, H6N2, H7N7) bei Entenvögeln. Vergleicht man AIV-Subtypen aus Eurasien und Nordamerika, so gibt es in der Literatur deutliche Hinweise auf geografisch restringierte phylogenetische Unterschiede (Kawaoka *et al.* 1988; Webster *et al.* 1992; Lin *et al.* 1994; Olsen *et al.* 2006). Jedoch werden auch Beispiele für interhemisphärische Reassortanten genannt: Trottellummen, die mit einem NPAIV H6N2-Stamm infiziert waren, welcher eine Mischung aus amerikanischen und eurasischen AIV-Gensegmenten beinhaltet (Wallenstein *et al.* 2005). Es konnte nachgewiesen werden, dass die Prävalenz bestimmter Virussubtypen von Jahr zu Jahr stark variiert (Kleijn *et al.* 2010). Es fanden sich in diesem Zusammenhang auch Hinweise auf die Bedeutung der jährlichen Migration von Wildvögeln (Hanson *et al.* 2003), wobei durch das herbstliche Sammeln vieler Vögel unterschiedlicher Arten an Rast- und Überwinterungsplätzen die Entstehung neuer AIV im Rahmen genetischer Reassortments durch häufige Mehrfachinfektionen begünstigt wurden (Hinshaw *et al.* 1980; Sinnecker *et al.* 1983). Bei Untersuchungen in den USA waren zwischen 1976 und 2005 ebenfalls zeitabhängige Unterschiede in den genetischen Eigenschaften der unterschiedlichen Influenzaviren feststellbar (Chen und Holmes 2009). Vergleichende Analysen zu AIV aus Eurasien und den Subsahara-Ländern Südafrikas zeigten, dass in den untersuchten afrikanischen Regionen vermutlich ebenfalls geografisch restringierte Unterschiede evolviert sind (Owoade *et al.* 2008). In anderen Untersuchungen

wurden dagegen engere Verwandtschaften unter AIV aus Eurasien und Nigeria beschrieben (Fusaro *et al.* 2010b). Eine Betrachtung von aus Italien stammenden AIV im Hinblick auf Gensegmentreassortments zeigten Ähnlichkeiten von eurasischen mit amerikanischen Stämmen (Fusaro *et al.* 2010a).

Die Voraussetzung für die Bildung von Reassortanten stellen Mischinfektionen dar (Hinshaw *et al.* 1980). Diese kommen bei Vögeln häufig vor. Hinweise auf Infektionen mit mehr als einem Subtyp fanden sich z. B. bei Untersuchungen von Wildenten in Alaska (Sharp *et al.* 1997). In Studien von Wang *et al.* (2008b) konnten in 16% der AIV-positiven Proben Mischinfektionen mit zwei bis fünf verschiedenen Subtypen diagnostiziert werden. Auch zwischen Viren desselben Subtyps traten Reassortments auf. Zum Beispiel wiesen Dugan *et al.* (2008) bei fünf zur gleichen Zeit am gleichen Ort untersuchten Stockenten den Subtyp H4N6 mit vier unterschiedlichen Genomkonstellationen nach.

Die weltweit verbreitete Stockente ist die Vogelart mit den höchsten Nachweisraten (De Marco *et al.* 2003a; Fouchier *et al.* 2003; Hanson *et al.* 2003; Kaleta *et al.* 2005; Olsen *et al.* 2006; Wallensten *et al.* 2007). Bei 321 in Neuseeland gesund beprobten Stockenten konnten von 2% der Tiere AIV (2x H5N2 und 4x H4N6) isoliert werden (Stanislawek *et al.* 2002). Untersuchungen von Parmley *et al.* (2008) ergaben bei in Kanada 2005 beprobten Stockenten eine Prävalenz von beachtenswerten 44%, wovon 7% zum Subtyp H5 gehörten. De Marco *et al.* (2003b) und Pederson *et al.* (2010) fanden neben dieser Tatsache insbesondere bei Schwimmenten (Gründelenten) eine höhere Prävalenz als bei Tauchenten. Es wird vermutet, dass Gründelenten durch ihre filtrierende Futteraufnahme an und nahe der Wasseroberfläche gegenüber ausgeschiedenen AIV stark exponiert sind. Stockenten spielen aus diesem Grund, aber auch wegen der hohen Populationsdichte, eine zentrale Rolle als Reservoirwirte der NPAIV (Olsen *et al.* 2006; Munster *et al.* 2007).

Die Nachweisrate schwankte neben vogelartspezifischen Unterschieden und geografischen Differenzen auch im Hinblick auf saisonale Parameter. Sinnecker *et al.* (1982) beschrieb eine sogenannte „Influenzasaison“, die im Juli/August begann und sich bis in den Spätherbst fortsetzte. Die von Stallknecht und Shane (1988) aufgeführten Nachweise von AIV bei Wildvögeln ereigneten sich beginnend im Spätsommer über das Winterhalbjahr. Zahlreiche weitere Publikationen bestätigen diese These (Webster *et al.* 1978; Werner 2006; Globig *et al.* 2009b; Rabl 2010). Vermutlich gibt es einen engen Zusammenhang mit dem Vogelzug, der im Spätsommer mit der Ansammlung großer Zahlen von Limikolen beginnt und sich bis zum Abzug von Wildgänsen in die Winterquartiere über mehrere Wochen fortsetzt. Immunologisch naive, erstmals am Vogelzug teilnehmende Individuen und damit voll empfängliche Jungvögel können während des Zuges verstärkt exponiert werden. Durch das Zusammenfinden von großen Vogelgruppen unterschiedlicher Arten ist ein intensiver Kontakt

vorhanden, der einen Austausch der Viren unter den verschiedenen Wirten begünstigt. Zusammenfassend stellte Krauss *et al.* (2004) bei Untersuchungen über das Vorkommen von AIV bei Wildvögeln in zwei USA-Bundesstaaten eine hohe Influenzaprävalenz bei Wildenten auf dem Wegzug im Herbst (22,2%) und bei Küstenvögeln der Ordnung *Charadriiformes* (14,2%) während des Heimzuges in die Brutgebiete im Frühjahr fest. Das Alter der Vögel scheint die Häufigkeit des Auftretens von AIV ebenfalls zu beeinflussen. Eine signifikant höhere Prävalenz wurde bei juvenilen im Vergleich zu adulten Wildvögeln ermittelt (Hinshaw *et al.* 1978; Hanson *et al.* 2003; Parmley *et al.* 2008). Zur gleichen Erkenntnis kamen Munster *et al.* (2007). Bei der Stockente ist dies von besonderer Bedeutung, da die Stockentenpopulation auf Grund einer hohen Remontierungsrate (im ersten Jahr ca. 56%, bei adulten Tieren immer noch ca. 40%) zu einem Drittel aus juvenilen Tieren besteht (Wallensten *et al.* 2007).

### 2.1.3.2 Hochpathogene aviäre Influenzaviren

Wildvögel, insbesondere Wasservögel der Ordnung *Anseriformes*, stellen das Reservoir der aviären Influenzaviren dar. Sie sind Träger und Überträger der AIV, scheiden den Erreger aus, erkranken aber in der Regel selbst nicht. Die bei Wildvögeln nachgewiesenen Influenzaviren fanden sich lange in einer evolutionären Stase und waren bisher meist apathogen oder niedrigpathogen (Webster *et al.* 1992; Alexander 2007a). Die meisten AIV vermehren sich im Gastrointestinaltrakt von Wildenten, werden in hohen Konzentrationen ausgeschieden und fäkal-oral übertragen (Webster *et al.* 1978; Hinshaw *et al.* 1980). Es wurden jedoch auch HPAIV nachgewiesen, die bei den Wildvögeln zu Erkrankungen mit zum Teil hoher Mortalität führten. Becker (1966) berichtete erstmals über ein HPAIV-Geschehen bei Flusseeschwalben, welches sich 1961 in Südafrika ereignete. Im Zusammenhang mit höheren Nachweisraten von HPAIV in Rachen- als in Kloakentupfern geht man bei diesen Virustypen eher von einer Übertragung über den Respirationstrakt aus (Sturm-Ramirez *et al.* 2004; Brown *et al.* 2006a; Brown *et al.* 2006b).

Nachdem seit 1996 zahlreiche wiederkehrende Ausbrüche einer hochpathogenen Variante eines H5N1-Subtyps bei Geflügel in Südostasien grassierten, mehrten sich auch Meldungen über Infektionen bei Wildvögeln mit diesem Virusstamm (Chen *et al.* 2006a; Feare 2007a; Lee *et al.* 2008; Feare 2010). Inzwischen fand man HPAIV H5N1 weltweit bei über 100 freilebenden Vogelspezies aus 13 Ordnungen (USGS 2011).

Ab 2002 wurde in Wildparks in Hong Kong bei verschiedenen Wasservögeln (Enten, Gänse, Schwäne), Kubaflamingos und anderen Wildvögeln (Grau- und Seidenreiher, Lachmöwe) über Infektionen mit HPAIV H5N1 verbunden mit Todesfällen und pathomorphologischen Veränderungen unter Beteiligung des Gehirns berichtet. Darunter fanden sich auch

Felsentauben und Feldsperlinge (Ellis *et al.* 2004). Bei diesen Untersuchungen wurde deutlich, dass sich das HPAIV H5N1-Ausgangsvirus von 1997 bereits verändert haben musste. Mit neuen Isolaten aus dem Jahr 2002 experimentell infizierte Stockenten zeigten systemische Infektionen mit hohen Virustitern in den Organen verbunden mit Organveränderungen insbesondere im Gehirn. Die Enten verendeten akut unter zentralnervösen Symptomen und schieden das Virus in hohen Konzentrationen aus (Sturm-Ramirez *et al.* 2004). In Japan fanden sich im Frühjahr 2004 schwerste Erkrankungen mit hoher Mortalität durch HPAIV H5N1 bei Dickschnabelkrähen (Tanimura *et al.* 2006). Zu einem dramatischen Ereignis kam es im April 2005, als Tausende von Streifengänsen in Westchina am Qinghai-See an einer HPAIV H5N1-Variante verendeten. Sie zeigten ausgeprägte pathologische Veränderungen insbesondere an Pankreas, Nieren und Gehirn. Neben Streifengänsen waren am Verlustgeschehen auch zahlreiche andere am Qinghai-See rastende Wildvögel (Rostgänse, Kormorane, Lachmöwen) betroffen (Chen *et al.* 2005).

Zu Erkrankungen beim Höcker- und Singschwan liegen verschiedene Informationen zum Beispiel aus Italien vor (Terregino *et al.* 2006). Während eines Ausbruchsgeschehens von HPAIV H5N1 in Deutschland im Februar 2006 wurden zudem umfangreiche Studien an juvenilen und adulten natürlich mit dem Virus infizierten Schwänen durchgeführt (Teifke *et al.* 2007). Sie erwiesen sich als hochempfindlich und waren die am häufigsten betroffene Vogelspezies. Prädominierende pathomorphologische und pathohistologische Veränderungen fanden sich an Gehirn, Pankreas und Leber. Der immunhistochemische Virusnachweis korrelierte mit den pathohistologischen Veränderungen.

Ähnliche Erkenntnisse gewannen Bröjer *et al.* (2009) bei der im Frühjahr in Nordeuropa am häufigsten von HPAIV H5N1-Infektionen betroffenen Reiherente (*Aythya fuligula*), die sie als „Indikatorspezies“ für HPAIV H5N1 bezeichneten. Auch bei Greifvögeln wurde von einer HPAIV-Infektion berichtet (Magnino *et al.* 2000): ein Saker Falke verendete zwei Tage nach schweren klinischen Erscheinungen. Die Laboruntersuchungen ergaben eine Infektion durch HPAIV H5N1 mit einem intravenösen Pathogenitätsindex von 3,0. Natürliche Infektionen kamen ebenso bei Kuckucken (*Pica pica sericea*) in Südkorea vor (Kwon *et al.* 2005). Experimentell ließen sich mit dem HPAIV H5N1-Stamm Sperlingsvögel (Haussperlinge, Grünfinken, Stare) verbunden mit Todesfällen und ausgeprägten pathohistologischen Veränderungen an Pankreas und Gehirn (Perkins und Swayne 2003b) ebenso infizieren wie Schwäne, verschiedene Wildentenarten und Gänse bei unterschiedlicher Ausprägung von Krankheitserscheinungen und morphologischen Veränderungen (Brown *et al.* 2008; Keawcharoen *et al.* 2008). Junge Lachmöwen zeigten nach experimenteller Infektion mit zwei verschiedenen HPAIV (A/tern/South Afrika/61, H5N3 und A/Chicken/Hongkong/220/97 H5N1) keine klinischen Erscheinungen, sondern lediglich milde Veränderungen in Lunge,

Pankreas, Leber und Luftsäcken. Eine Affinität zum Gehirn war nicht feststellbar (Perkins und Swayne 2002b).

Feare (2007b) beschreibt die Ausbreitung des H5N1 HPAIV vom Asiatischen Raum nach Westen in fünf Etappen: 1. Erkrankungen in Südostasien seit 1997 fortlaufend, 2. Ausbrüche in Südsibirien bis Kasachstan im Sommer 2005, 3. Ausbrüche in den Ländern um das Kaspische Meer und die Ostsee, 4. Ausbrüche in Europa und dem Mittleren Osten und 5. Ausbrüche in Afrika und Südasien. Die Transportwege des Virus über die zum Teil sehr weiten Strecken sind jedoch nicht endgültig geklärt. Phylogenetische Analysen bringen den Qinghai-like-Subtyp (Klade 2.2) in Verbindung mit den in Europa auftretenden HPAIV H5N1 Virusstämmen (Gall-Recole *et al.* 2008; Starick *et al.* 2008). Newman *et al.* (2010) meinen, dass auf Grund der Tatsache, dass weltweit in nur 63 von über 200 Ländern bzw. Regionen das HPAIV H5N1 detektiert wurde, Wildvögel trotz Migration von Millionen von Individuen zwischen Asien, Europa und Afrika nicht die primären Verbreiter sein können. Kilpatrick *et al.* (2006) sieht neben dem Vogelzug den globalen Handel mit Gelfügel über große Entfernungen als eine wesentliche Ursache der Verbreitung von HPAIV. Eine Übertragung durch Wildvögel würde mehrere Voraussetzungen erfordern: Infizierte Vögel scheiden große Mengen an Virus aus, sie entwickeln über mehrere Tage keine klinischen Symptome, sie haben direkten oder indirekten Kontakt zu infiziertem Hausgeflügel (Chen *et al.* 2006b; Keawcharoen *et al.* 2008) und sie müssten das Virus über weite Strecken transportieren können (Feare 2010). Insbesondere die Untersuchungen von Keawcharoen *et al.* (2008) haben gezeigt, dass vor allem Gründelenten diese Voraussetzungen erfüllen. Da allerdings auch in umfangreichen Monitoringuntersuchungen nur vereinzelt HPAIV H5N1 in lebend beprobten Wildvögeln nachgewiesen werden konnte (Happold *et al.* 2008; Rabl 2010), bleibt die Rolle von Wildvögeln als Reservoir für HPAIV fraglich (Harder *et al.* 2009a). Eine ständige Überwachung zur Prävalenz der AIV bei Wildvögel ist geboten, um viele nach wie vor ungeklärte Fragen wie das zoonotische und pandemische Potential hochpathogener AIV zu analysieren (Krauss und Webster 2010).

Weitere Fragen ergeben sich aus der Bedeutung der Umwelt als Reservoir für HPAIV. Grundsätzlich sind AIV in der Umwelt relativ stabil. In Fäzes überstanden sie bei 4°C 30 Tage und bei 20°C immerhin noch 7 Tage. In unbehandeltem Wasser blieben sie bei 4°C über 30 Tage infektiös (Webster *et al.* 1978). In Untersuchungen von Stallknecht *et al.* (2010) mit verschiedenen NPAIV der Subtypen H5 und H7 war infektiöses Virus in destilliertem Wasser bei 4°C noch nach 6 Monaten nachweisbar. AIV können demnach im Wasser bei Abwesenheit von Enten in nördlichen Bruthabitaten lange überleben. Dadurch besteht die Möglichkeit der Bildung eines AIV-Reservoirs in der Umwelt. Im Eis ist das AIV regelrecht konservierbar (Smith *et al.* 2004). Aber auch in Kadavern war unter günstigen Bedingungen

AIV des Subtyps H6N2 noch nach 6 Monaten nachweisbar (Graiver *et al.* 2009). Es gibt jedoch Hinweise, dass die Überlebensfähigkeit von HPAIV H5N1 in Wasser deutlich kürzer ist als bei NPAIV des gleichen Subtyps (Brown *et al.* 2007). Unhygienische Verhältnisse können erheblich zur Virusverbreitung und damit zur Aufrechterhaltung eines in einigen Ländern vorherrschenden Endemiecharakters beitragen. In mit HPAIV H5N1 infizierten Kleinsthaltungen von Geflügel in Vietnam fand man zum Beispiel in verschiedenen Umgebungsproben wie Teichwasser, Geflügelkot, Boden- und Abfallprodukten sowie Federn HPAIV H5N1 in zum Teil großen Mengen (Vong *et al.* 2008). Inzwischen gibt es Erkenntnisse zur Bedeutung von Fischen und Muscheln als Nahrung von Vögeln im Hinblick auf eine Verbreitung von AIV: Untersuchungen mit verschiedenen NPAIV an Zellkulturen niederer Wirbeltiere (Reptilien und Fische) haben Hinweise geliefert, dass sich AIV sowohl bei 18°C als auch 25°C in diesen Zellen vermehren können. Muscheln sind nicht nur in der Lage, die Viren aufzunehmen, sondern auch über längere Zeit in sich zu tragen. Sie konnten bei 4°C und 19°C noch bei Versuchsabschluss nach 16 Tagen aus den Weichtieren isoliert werden (Stumpf 2010).

Die Übersicht in Tabelle 2 zeigt Beispiele des Vorkommens von HPAIV bei Wildvögeln in Asien und Europa.

**Tabelle 2:** Nachweise von HPAI H5N1 bei Wildvögeln, modifiziert nach Feare (2010) u. Brown (2010).

Zeitraum	Region	Vogelart	Quelle
<b>Asien</b>			
Juni 2006	Russland	Tafelente, Haubentaucher, Blessralle, Flusseeeschwalbe, Möwen	Lvov <i>et al.</i> (2010)
Juli 2006	Mongolei	Singschwan, Gänse, Möwen	OIE (2011)
Dezember 2006	Südkorea	H5N1-Nachweis aus Fäzes von gesunden „migrierenden“ Wildvögeln	Lee <i>et al.</i> (2008)
Januar 2007	Hong Kong	Schopfhabicht, Muskatamadine	Smith <i>et al.</i> (2009)
März 2007	Pakistan	„Wilde Krähen“	OIE (2011)
November 2007	Hong Kong	Seidenreiher	Smith <i>et al.</i> (2009)
April-Mai 2008	Japan	Schwäne	Uchida <i>et al.</i> (2008)
April 2008	Russland	Krickente	Lvov <i>et al.</i> (2010)
Januar 2009	Indien	Wildvögel	OIE (2011)
Februar 2009	Hong Kong	Wanderfalke, Dickschnabelkrähe	OIE (2011)
<b>Europa</b>			
Frühjahr 2006	Frankreich	Tafelente, Reiherente, Haubentaucher, Graugans, Höckerschwan	Le Gall-Recule <i>et al.</i> (2008)
Frühjahr 2006	Ungarn	Höckerschwan, Blessralle, Lachmöwe, Kormoran, Stockente	Palmai <i>et al.</i> (2007)
Frühjahr 2006	Schottland	Höckerschwan	Blissitt (2007)
Frühjahr 2006	Nordeuropa	Reiherente, Bergente, Zwergsäger, Gänsesäger, Heringmöwe, Kanadagans, Höckerschwan, Mäusebussard, Uhu	(Zohari <i>et al.</i> 2008b)
Juli 2006	Spanien	Haubentaucher	OIE, (2011)
Juni 2007	Tschechien	Höckerschwan	OIE, (2011)
Juli 2007	Deutschland	Taucher, Höckerschwan, Enten, Gänse	Starick <i>et al.</i> (2008); Globig <i>et al.</i> (2009b)
August 2007	Frankreich	Höckerschwan	Starick <i>et al.</i> (2008); OIE (2011)
Dezember 2007	Polen	Storch, Bussard	OIE (2011)
Januar 2008	England	Höckerschwan, Kanadagans	Alexander <i>et al.</i> (2010)
Februar 2008	Ukraine	Blessralle, Kormoran	OIE (2011)
Februar 2008	Schweiz	Tafelente (gesund erlegt)	Rabl <i>et al.</i> (2009)
Januar 2009	Deutschland	Stockente (gesund erlegt)	Rabl (2010)
Juni 2009	Russland	Haubentaucher, Zwergtaucher, Lachmöwe, Löffler	Sharshov <i>et al.</i> (2010)

#### 2.1.4 Bewertung von Wildvögeln als Risikospezies

Bereits in der Entscheidung der Kommission zur Überwachung der aviären Influenza wurden in einer vorläufigen Liste bevorzugt zu beprobende Risikospezies benannt. Die Auswahl der Vogelarten basierte insbesondere auf dem bereits erfolgten Nachweis von HPAIV H5N1. Sie umfasste 15 Wildvogelarten, davon 11 Arten der Familie *Anatidae* (Entenverwandte), je eine Art der Familie *Charadriidae* (Regenpfeiferverwandte) und *Scolopacidae* (Schnepfenverwandte) sowie zwei Arten der Familie *Laridae* (Möwen) (Anonym 2006a).

Wildvögel mit den höchsten AIV-Prävalenzraten und besonderer epidemiologischer Bedeutung als AIV-Reservoir wurden in zahlreichen Monitoringuntersuchungen in Nordeuropa herausgestellt. Dies betraf 20 Arten aus der Ordnung *Anseriformes* (Entenvögel), 9 Arten der Ordnung *Charadriiformes* (Wat-, Alken- und Möwenvögel) sowie 1 Art der Ordnung *Gruiformes* (Kranichvögel) (Olsen *et al.* 2006; Munster *et al.* 2007; Wallensten *et al.* 2007). Keawcharoen *et al.* (2011) sehen in bestimmten residenten Arten (*Columbiformes*, *Cuculiformes*, *Passeriformes*) mit potentielltem Kontakt zu Hausgeflügel ein besonderes Risiko, sich mit HPAIV H5N1 zu infizieren.

Als Ergebnis umfangreicher Studien von Veen *et al.* (2007) zum Vorkommen von HPAIV H5N1 wurden anhand verschiedener Kriterien insgesamt 82 sogenannte „Hochrisikospezies“ benannt. Zunächst identifizierte man Spezies aus Feuchtgebieten mit Bezug zu landwirtschaftlich genutzten Standorten sowie Arten, die in großer Dichte und in Gesellschaft mit anderen Arten auftraten. Ergänzende Parameter zur Definierung der Hochrisikospezies waren die Kolonisation von Arten während der Brutsaison sowie die Lebensweise als Raubvogel oder Aasfresser. Diese Arten wurden in fünf Gruppen eingeteilt. Darunter haben sich 35 Arten von ausschließlich Wasservögeln, die das Virus durch Migration nach Europa einschleppen können, 15 Arten von Wasservögeln, die innerhalb von Europa migrieren und so zur Verbreitung beitragen, 18 migrierende oder nicht migrierende Arten, die sich in Brutregionen sammeln und mischen, 27 Arten von Aasfressern und Greifvögeln sowie 29 sogenannte „Brückenspezies“ befunden, die eine Gefahr zur Verschleppung des AIV durch Kontakt zu Hausgeflügel, anderen Tierarten oder dem Menschen darstellen.

Auf der Grundlage mehrjähriger Überwachungsprogramme innerhalb der EU verbunden mit einer regelmäßig aktualisierten Risikobewertung werden ständig neue Erkenntnisse über die Gefährdung, die Wildvögel in Bezug auf AIV darstellen, gewonnen. Dies spiegelt sich in einer neu erarbeiteten Liste des Beschlusses der EU zu bevorzugt zu beprobenden Wildvogelarten wieder (Anonym 2010a).

**Tabelle 3:** Risikoarten nach Veen *et al.* (2007) und Zielgruppe an Wildvögeln entsprechend Beschluss 2010/367/EU (Anonym 2010a) im Vergleich (HRS, Hochrisikospezies).

Name	Wissenschaftlicher Name	HRS nach Veen <i>et al.</i> (2007)	Zielgruppe nach Beschluss 2010/367/EU
Haubentaucher	<i>Podiceps cristatus</i>	X	X
Schwarzhalstaucher	<i>Podiceps nigricollis</i>		X
Zwergtaucher	<i>Tachybaptus ruficollis</i>		X
Kormoran	<i>Phalacrocorax carbo</i>	X	X
Silberreiher	<i>Ardea alba</i>	X	
Graureiher	<i>Ardea cinerea</i>	X	X
Weißstorch	<i>Ciconia ciconia</i>	X	X
Zwergschwan	<i>Cygnus columbianus</i>	X	X
Singschwan	<i>Cygnus cygnus</i>	X	X
Höckerschwan	<i>Cygnus olor</i>	X	X
Kurzschnabelgans	<i>Anser brachyrhynchus</i>	X	X
Saatgans	<i>Anser fabalis</i>	X	X
Blessgans (europ.)	<i>Anser albifrons albifrons</i>	X	X
Graugans	<i>Anser anser</i>	X	X
Weißwangengans	<i>Branta leucopsis</i>	X	
Kanadagans	<i>Branta canadensis</i>	X	X
Pfeifente	<i>Anas penelope</i>	X	X
Schnatterente	<i>Anas strepera</i>		X
Krickente	<i>Anas crecca</i>	X	X
Stockente	<i>Anas platyrhynchos</i>	X	X
Spießente	<i>Anas acuta</i>	X	X
Knäkente	<i>Anas querquedula</i>	X	X
Löffelente	<i>Anas clypeata</i>	X	X
Kolbenente	<i>Netta rufina</i>	X	X
Tafelente	<i>Aythya ferina</i>	X	X
Reiherente	<i>Aythya fuligula</i>	X	X
Zwergsäger	<i>Mergus albellus</i>		X
Schwarzmilan	<i>Milvus migrans</i>	X	X
Rotmilan	<i>Milvus milvus</i>	X	X
Seeadler	<i>Haliaeetus albicilla</i>	X	
Rohrweihe	<i>Circus aeruginosus</i>	X	X
Habicht	<i>Accipiter gentilis</i>	X	X
Sperber	<i>Accipiter nisus</i>	X	X
Mäusebussard	<i>Buteo buteo</i>	X	X
Rauhfußbussard	<i>Buteo lagopus</i>	X	X
Wanderfalke	<i>Falco peregrinus</i>	X	X
Turmfalke	<i>Falco tinnunculus</i>		X
Bessralle	<i>Fulica atra</i>	X	X
Kiebitz	<i>Vanellus vanellus</i>	X	X
Goldregenpfeifer	<i>Pluvialis apricaria</i>	X	X
Uferschnepfe	<i>Limosa limosa</i>	X	X
Kampfläufer	<i>Philomachus pugnax</i>	X	X
Lachmöve	<i>Larus ridibundus</i>	X	X
Sturmmöve	<i>Larus canus</i>	X	X
Heringsmöve	<i>Larus fuscus</i>	X	
Silbermöve	<i>Larus argentatus</i>	X	
Uferschwalbe	<i>Riparia riparia</i>	X	
Rauchschwalbe	<i>Hirundo rustica</i>	X	
Elster	<i>Pica pica</i>	X	X
Saatkrähe	<i>Corvus frugilegus</i>	X	
Aaskrähe	<i>Corvus corone</i>	X	
Nebelkrähe	<i>Corvus cornix</i>	X	
Kolkrabe	<i>Corvus corax</i>	X	

In Tabelle 3 werden alle Risikospezies dargestellt. Auffällig ist, dass insbesondere die in der Liste der Hochrisikospezies nach Veen *et al.* (2007) aufgeführten Krähenarten als Aasfresser der Familie der Krähenverwandten (*Corvidae*) in der Liste nach Beschluss bis auf die Elster (*Pica pica*) sowie alle Seeschwalben (*Sternidae*), Tauben (*Columbidae*) und Sperlingsvögel (*Passeriformes*) fehlen.

### 2.1.5 Vorkommen von aviären Influenzaviren bei Hausgeflügel

Das Krankheitsbild der aviären Influenza kann je nach Virusstamm, Infektionsdosis, Art und Alter des Vogels sowie in Abhängigkeit von eventuellen Sekundärinfektionen oder Umweltfaktoren sehr unterschiedlich sein (Elbers *et al.* 2004; Globig 2007). Besonders empfänglich für AIV sind Hühner und Puten, die auch bei Infektionen mit NPAIV klinische Symptome in Form von respiratorischen Erscheinungen und Legeleistungsabfall sowie Durchfall und Minderzunahmen bei Masttieren zeigen, üblicherweise jedoch nicht zu einer signifikant erhöhten Mortalität führen (Capua und Mutinelli 2001; Hafez *et al.* 2003; Pasick *et al.* 2003). Einige in Geflügelbeständen weit verbreitete niedrigpathogene Stämme wie bestimmte H9N2-Linien können in Abhängigkeit von Koinfektionen und ungünstigen Haltungsbedingungen aber auch eine erhöhte Mortalität bewirken (Banks *et al.* 2000; Li *et al.* 2005; Alexander 2007b). Erkrankungen bei Puten mit höheren Sterberaten in Italien beschrieben Capua und Mutinelli (2001). Puten kommt im Krankheitsgeschehen insofern eine besondere Rolle zu, da für eine Infektion sehr niedrige AIV-Dosen erforderlich sind (Tumpey *et al.* 2004; Swayne und Slemons 2008; Pillai und Lee 2010). Sie stellen einen möglichen intermediären Wirt bei der Verbreitung der AIV dar (Pillai *et al.* 2010).

Hochpathogene Formen der AIV können aus niedrigpathogenen Formen entstehen. Es handelt sich dabei um Virusstämme der Subtypen H5 oder H7 (Alexander 2007a). Dies geschieht offenbar in der Regel erst nach Eintrag eines AIV von Wildvögeln in Geflügelbestände, also nicht in Wildvögeln selbst (Pasick *et al.* 2005). Über Ausbrüche mit meist hohen wirtschaftlichen Folgen wurde weltweit z. B. aus Australien, Mexiko, Zentralamerika, den USA (Senne 2003), den Niederlanden (Elbers *et al.* 2004), Australien (Arzey 2004), Ägypten (Balish *et al.* 2010), Burkina Faso (Ducatez *et al.* 2007) und Südkorea (Lee *et al.* 2008) berichtet. In einem Geschehen durch H7N3 in Italien zwischen 2002 und 2003 fielen mehrere Millionen Vögel, insbesondere Hühner und Puten der Seuche zum Opfer, nachdem ein NPAIV zu einem HPAIV mutiert war (Campitelli *et al.* 2004). Auch experimentell konnte eine Virulenzsteigerung nach Passagierung eines aus der Stockente stammenden H7N3 NPAIV in Hühnern, Puten und Wachteln in unterschiedlicher Form beobachtet werden (Cilloni *et al.* 2010). HPAIV-Infektionen führen insbesondere bei Hühnern und Puten zu akuten bis perakuten Erkrankungen mit hoher Letalität von bis zu 100% innerhalb von 48 Stunden (Swayne und Suarez 2000). Andere Vogelarten sind weniger

empfindlich. Während auf Lebendgeflügelmärkten in Hong Kong bei 20% der Hühner HPAIV nachgewiesen wurden, traf dies nur für 2,5% der Enten und Gänse zu. Andere Hühner-, Sing- und Papageienvögel waren frei von Virus (Shortridge *et al.* 1998).

Zu Erkrankungen bei Wassergeflügel durch HPAIV gibt es unterschiedliche Aussagen. Zunächst ging man davon aus, dass insbesondere bei Enten keine Krankheitserscheinungen oder erhöhte Mortalität zu erwarten sind (Alexander 2000). Experimentelle Untersuchungen zeigten eine Empfänglichkeit für das HPAIV H5N1 A/chicken/Hong Kong/220/97 mit vorwiegend zentralnervöser Symptomatik bei Hausgänsen und Emus, nicht jedoch bei Tauben und Enten (Perkins und Swayne 2002a). Cooley *et al.* (1989) postulierten jedoch, dass trotz fehlender klinischer Symptome bei Hausenten milde Pneumonien, wenn auch ohne immunhistochemischen Virusnachweis im veränderten Lungengewebe, feststellbar waren. Neue Reassortments des Virusstammes, die von Guan *et al.* (2003) in Hong Kong diagnostiziert wurden, könnten ebenfalls zu einer veränderten Virulenz und Empfänglichkeit verschiedener Arten geführt haben. Dies wurde von Kishida *et al.* (2005) dargestellt, die bei mit unterschiedlichen Virusstämmen experimentell infizierten Hausenten zum Teil Erkrankungen mit zentralnervöser Symptomatik erzeugen konnten. Bei Ausbrüchen von HPAIV-Infektionen in Peckingentenmastbeständen in Deutschland 2007 zeigten sich leicht erhöhte Verluste nur in Verbindung mit bakteriellen Koinfektionen durch *Riemerella anatipestifer*. Der Erreger kursierte über mehrere Monate unerkannt in den Beständen (Harder *et al.* 2009b). Durch solche latenten Infektionsgeschehen besteht grundsätzlich die Gefahr der Entstehung eines endemischen Status (Songserm *et al.* 2006c).

### 2.1.6 Vorkommen bei Säugetieren

Die für die schweren Ausbrüche der Geflügelpest in den letzten Jahren verantwortliche, aus Asien stammende HPAIV H5N1-Variante, die erstmals 1997 in Hong Kong beschrieben worden ist (Xu *et al.* 1999), scheint auch eine erhöhte Virulenz gegenüber verschiedenen Säugetierarten zu besitzen (Kuiken *et al.* 2004; Choi *et al.* 2005; Govorkova *et al.* 2005; Maines *et al.* 2005). Natürliche Infektionen wurden im Zusammenhang mit Ausbrüchen von HPAIV H5N1 bei Tigern und Leoparden (Keawcharoen *et al.* 2004), Mardern (Klopfleisch *et al.* 2007b), Hunden (Songserm *et al.* 2006b), Katzen (Rimmelzwaan *et al.* 2006; Songserm *et al.* 2006a; Desvaux *et al.* 2009) und Eseln (Abdel-Moneim *et al.* 2010) beschrieben. Hinweise für eine Übertragung des Erregers zwischen Tigern konnten ebenfalls festgestellt werden (Thanawongnuwech *et al.* 2005).

Experimentell ließen sich darüber hinaus Mäuse und Rhesusaffen (Chen *et al.* 2006a), Katzen (Klopfleisch *et al.* 2007a; Vahlenkamp *et al.* 2010), Hunde (Giese *et al.* 2008; Song *et al.* 2009), Kälber (Kalthoff *et al.* 2008b) und Rotfüchse (Reperant *et al.* 2008) infizieren. Nicht

jedoch gelang eine Übertragung und Ausscheidung des Erregers bei Ratten und Kaninchen (Perkins und Swayne 2003a). Mehrere Mutationen, insbesondere des PB1, PB2, NP, PA und HA Gensegmentes des HPAIV H5N1, wurden mit einer erhöhten Virulenz für Säugetiere in Verbindung gebracht (Hatta *et al.* 2001; Gabriel *et al.* 2005). Gabriel *et al.* (2009) berichteten zudem, dass bei an Säugetiere adaptierten AIV eine Mutation im Gen der viralen Polymerase für die erhöhte Infektiosität verbunden mit schweren, tödlich verlaufenden Erkrankungen bei experimentell infizierten Mäusen verantwortlich war. Für die Entstehung eines Pandemieerregers sind vor allem Hauskatze und Hausschwein als Bindeglied zum Menschen von besonderer Bedeutung (Vahlenkamp und Harder 2006). Hausschweine und Waschbären sind zudem mit Bindungsrezeptoren für humane und aviäre Influenzaviren ausgestattet, was sie zu sogenannten „Mischgefäßen“ deklariert und damit das Pandemierisiko erhöht (Müller 2006; Hall *et al.* 2008).

Aber auch über Infektionen durch andere AIV-Subtypen bei Pferden, Schweinen, Hunden, Katzen, Walen und Mardern wurde berichtet (Webster *et al.* 1992; Callan *et al.* 1995; Perez *et al.* 2003; Vahlenkamp und Harder 2006; Harder und Vahlenkamp 2010).

### **2.1.7 Vorkommen beim Menschen**

Laut Analyse der Erreger der Pandemien des letzten Jahrhunderts stammen alle Ausgangsviren direkt oder indirekt vom Geflügel ab (Müller 2006). Die molekularen Mechanismen, die mit einem Wirtswechsel von Influenza A-Viren assoziiert sind und das Entstehen neuer, eventuell pandemisch verbreiteter Stämme beeinflussen können, sind erst zum Teil verstanden. Jüngere molekularbiologische Methoden haben allerdings einige neue und tiefer gehende Einblicke in diese Prozesse ermöglicht (Harder *et al.* 2009a).

Humane Erkrankungen wurden bisher über direkten Kontakt mit Geflügel durch folgende Subtypen hervorgerufen: HPAIV H5N1, NPAIV und HPAIV H7N3, NPAIV und HPAIV H7N7, NPAIV H9N2 und NPAIV H10N7 (Lin *et al.* 2000; Butt *et al.* 2005; Werner und Harder 2006a; WHO 2011). Die klinischen Symptome variierten zwischen asymptomatischem Verlauf, leichten respiratorischen Symptomen und Multiorganversagen mit Todesfolge (Kalthoff *et al.* 2010). Für die betroffenen Personen spielte ein intensiver Kontakt zu infiziertem Geflügel eine primäre Rolle (Butler 2005). Eine besondere Exposition von in der Geflügelproduktion tätigen Personen führte während eines HPAIV H7N7-Ausbruches in den Niederlanden zu 89 Erkrankungen, eine davon mit tödlichem Ausgang (Fouchier *et al.* 2004). Von besonderem Stellenwert sind seit dem Auftreten der HPAI H5N1 in Hong Kong vermehrte Todesfälle beim Menschen insbesondere in den Ländern mit inzwischen endemischem Charakter zu nennen (Hogerwerf *et al.* 2010). Auch Jäger besitzen auf Grund ihrer besonderen Exposition ein

erhöhtes Risiko, sich während ihrer Tätigkeit beim Umgang mit jagdbaren Wildvögeln zu infizieren (Siembieda *et al.* 2008).

Zwischen 2003 und Juni 2011 kam es weltweit zu 562 gemeldeten Erkrankungen durch HPAIV H5N1, davon 306 mit Todesfolge. Besonders häufige Fälle wurden fortlaufend aus Indonesien (178), Ägypten (150), Vietnam (119), China (40) und Thailand (25) bei einer Letalität von 30-80% gemeldet (WHO 2011). Als Risikofaktoren werden extrem unhygienische Bedingungen in den betroffenen Haushalten wie engster Kontakt bei der Betreuung von infiziertem/kranken Geflügel, Nutzung von Teichwasser sowohl für Geflügel als auch als Trinkwasser und Zubereitung von infiziertem Geflügel für die Nahrung angesehen (Dinh *et al.* 2006). Hogerwerf *et al.* (2010) fanden eine vermehrte Erkrankungsrate beim Menschen insbesondere in Regionen mit einer hohen Populationsdichte in der Entenproduktion und Landwirtschaft im Allgemeinen sowie in Ländern mit einer Koexistenz traditioneller (Kleinsthaltungen; Hinterhofhaltungen mit schlechten hygienischen Bedingungen) und moderner (industrialisierte Geflügelproduktion) Haltungsformen.

### **2.1.8 Übertragungs- und Verbreitungsmechanismen der aviären Influenzaviren**

In der Epidemiologie der AIV spielen Wildvögel eine entscheidende Rolle. Sie stellen das natürliche Reservoir für AIV dar (Alexander 2007a). In der Wildvogelpopulation besteht die Möglichkeit einer intensiven Verbreitung des AIV durch das ständige Zusammentreffen von infizierten, empfänglichen und rekonvaleszenten Wildenten im Laufe der saisonalen Migration zwischen Brut- und Überwinterungsstätten (Breban *et al.* 2009). Über Kontakte zu Hausgeflügel können Wildvögel die zunächst in der Regel niedrigpathogenen Erreger übertragen. Durch fortlaufende Passagen in Hausgeflügel besteht die Gefahr, dass AIV der Subtypen H5 und H7 ihr pathogenes Potential erhöhen (Conraths *et al.* 2005). Es liegen jedoch mehrere Untersuchungen vor, bei denen im Zusammenhang mit HPAI-Ausbrüchen bei Hausgeflügel über Umgebungsuntersuchungen bei Wildvögeln kein HPAIV und damit kein Hinweis auf eine Verschleppung von HPAIV von Wildvögeln auf Hausgeflügel gefunden werden konnte (Hinshaw *et al.* 1986).

Eine Übertragung findet vor allem fäkal-oral statt (Sinnecker *et al.* 1982). Webster *et al.* (1992) haben festgestellt, dass das AIV nach Vermehrung im Darmepithel in hohen Konzentrationen ausgeschieden wird. In neueren Untersuchungen gibt es jedoch auf Grund von höheren Prävalenzen in Oropharyngealproben insbesondere bei HPAIV H5N1 Hinweise auf eine Verbreitung des Erregers über den Respirationstrakt mit einer Ausscheidungsdauer von ein bis zehn Tagen bei verschiedenen Wildvogelarten (Brown *et al.* 2006a). Hingegen lag die Ausscheidungsrate von NPAIV bei Stockenten in Abhängigkeit von jahreszeitlichen

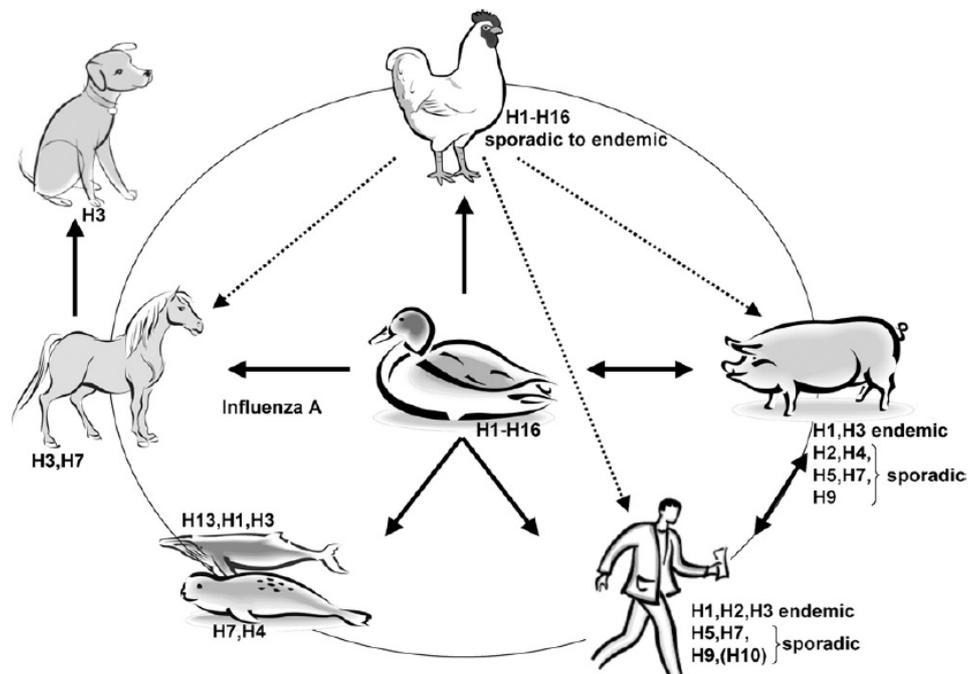
Schwankungen nur zwischen 3,1 und 8,3 Tagen (Latorre-Margalef *et al.* 2009). Die Ursache für diese extrem kurze Dauer könnte in der Entwicklung einer transienten Kreuzimmunität bei Vorliegen von subtypspezifischen Antikörpern liegen (Kalthoff *et al.* 2008a).

Unter Hausgeflügel besteht insbesondere bei Wassergeflügel die Gefahr der Verbreitung von HPAIV auf Grund latenter Infektionen, da der Erreger über Monate unerkannt in den Beständen vorhanden sein kann (Harder *et al.* 2009b). Keawcharoen *et al.* (2011) sehen in geflügeldichten Regionen mit in umliegenden Feuchtgebieten lebenden großen Wildvogelpopulationen sogenannte „hot spots“ für HPAIV-Ausbrüche. Es fanden sich in diesen Arealen im Vergleich zu anderen Gebieten Thailands signifikant höhere HPAIV H5N1-Nachweisraten bevorzugt bei residenten Wildvögeln der Ordnungen *Columbiformes*, *Cuculiformes* und *Passeriformes*, die sich vermutlich über den Kontakt mit Hausgeflügel infiziert hatten.

Untersuchungen in Vietnam zeigten, dass die dort herrschenden extrem unhygienischen Bedingungen das Risiko der Übertragung des HPAIV H5N1 auf Menschen deutlich erhöhten (Dinh *et al.* 2006). In kambodschanischen Haushalten mit kleinen, von HPAIV H5N1-Infektionen betroffenen Geflügelbeständen fand man mittels Real-Time Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (rRT-PCR) in durchschnittlich 35% der an diesen Standorten untersuchten Proben das HPAIV H5N1. Dies betraf Teichwasser, in dem das Wassergeflügel badete und welches gleichzeitig als Trinkwasser genutzt wurde, Geflügelkot, Boden- und Abfallproben sowie Federn von verendeten Tieren (Vong *et al.* 2008). Für die Übertragung der AIV von Vogel zu Vogel, aber auch von Vogel zum Menschen spielen Lebendgeflügelmärkte insbesondere in Asien, aber auch zum Beispiel in den USA eine wichtige Rolle (Wang *et al.* 2006; Davis *et al.* 2010; Lee *et al.* 2010; Trock und Huntley 2010). In umfangreichen Studien bei Bewertung von 14 verschiedenen Kriterien aus den Bereichen Landwirtschaft, Umwelt, Klima und sozialökonomischer Aspekte haben Hogerwerf *et al.* (2010) Faktoren herausgestellt, die für das Persistieren von HPAIV H5N1 in den Gebieten China, Indonesien, Indien und Ägypten von besonderer Bedeutung zu sein scheinen: eine hohe Dichte von landwirtschaftlicher, Hühner- und Entenproduktion, eine gemeinsame Haltung von Hühnern und Enten, eine hohe Produktion von Geflügelfleisch und mangelnde hygienische Verhältnisse bei der Haltung und Produktion von Geflügel. Neben dem ausgeprägten weltweiten Handel über große Distanzen, der von Kilpatrick *et al.* (2006) neben der Migration von Wildvögeln als wesentliches Risiko für einen Eintrag von AIV angesehen werden, dürften auch illegale Praktiken des Handels mit Vögeln und deren Produkten an der Verbreitung aviärer Influenzaviren beteiligt sein, wie sie mehrfach beschrieben wurden (Van Borm *et al.* 2005; Burgos und Burgos 2007).

Obwohl das HPAIV H5N1 bis heute keinen Pandemiecharakter angenommen hat, gibt es einzelne Hinweise auch auf eine Übertragung von Mensch zu Mensch. In Thailand wurden bei der Mutter und der Tante einer nach Geflügelexposition an HPAI H5N1 erkrankten Frau eine Infektion festgestellt, nach dem sie diese im Krankenhaus besucht hatten (Ungchusak *et al.* 2005). In China infizierte sich ein junger Mann mit HPAIV H5N1 auf einem Geflügelmarkt und übertrug das Virus auf seinen Vater, der ihn kurz danach besuchte und selbst keinen Kontakt zu möglicherweise mit dem Virus kontaminiertem Material hatte (Wang *et al.* 2008a).

In Abbildung 3 haben Kalthoff *et al.* (2010) wichtige Übertragungswege zwischen den einzelnen Wirten und Spezies unter Hervorhebung von einzelnen AIV-Subtypen mit besonderer Bedeutung für die einzelnen Arten dargestellt.



**Abbildung 3:** Übertragung der aviären Influenza zwischen den verschiedenen Wirten nach Kalthoff (2010), mit Genehmigung von D. Kalthoff.

### 2.1.9 Immunreaktion bei Infektionen mit aviären Influenzaviren

Ein Wirt reagiert sowohl auf eine Infektion mit AIV als auch auf eine AIV-Impfung mit der Bildung von Antikörpern gegen verschiedene Virusproteine. Subtypspezifische Antikörper sind vor allem gegen das HA und NA Protein gerichtet, während Antikörper gegen das Nukleokapsidprotein (NP) typspezifisch sind. Für den Nachweis von AIV-Antikörpern ist neben dem Agargelimmunodiffusionstest (AGPT) der Hämagglutinationshemmungstest (HAH) noch immer der „Goldstandard“. Darüber hinaus findet der kompetitive Enzyme-linked

Immunsorbent Assay (ELISA) zur Untersuchung auf Antikörper gegen das NP Anwendung. Diese Methoden sind im Terrestrial Manual der OIE (2009b) dargestellt und im Diagnosehandbuch der EU (Anonym 2006b) als anzuwendende Verfahren rechtlich untermauert. Die Bildung von subtypspezifischen Antikörpern ist insbesondere von den Eigenschaften des Virusstammes und der Wirtsart abhängig (Brown *et al.* 2006a). Bei Hühnervögeln (*Galliformes*) sind Antikörper während der zweiten Woche nach Exposition zuverlässig nachweisbar (Beck *et al.* 2003). Die Entwicklung und Ermittlung von Antikörpern bei Entenvögeln (*Anatidae*) ist dagegen viel variabler (Suarez und Schultz-Cherry 2000). Häuslaigner *et al.* (2009) stellten bei der serologischen Untersuchung an Höckerschwänen in einem Gebiet mit HPAI-H5N1-Ausbrüchen bei Schwarzhalstauchern trotz fehlendem Virusnachweis im kompetitiven ELISA eine hohe AIV-Seroprävalenz fest. Die Subtypspezifität dieser Antikörper konnte im HAH jedoch aufgrund unspezifischer, störender Faktoren oder starker Kreuzreaktivitäten in den Seren nicht ermittelt werden. Die von Baumer (2005) im Rahmen eines Screenings im ELISA (IDEXX Laboratories, USA) untersuchten Seren von Hühnern und Puten erbrachten in autolytischen Proben falsch positive Resultate.

Von Kida *et al.* (1980) wurde eine eingeschränkte Antikörperbildung nach Infektion von Pekingenten mit verschiedenen NPAIV festgestellt, so dass 46 Tage nach der Erstinfektion mit einem AIV eine zweite mit dem gleichen Virus und erneuter Serokonversion möglich schien.

Bei umfangreichen, mehrjährigen Untersuchungen in verschiedenen Bundesstaaten der USA und in Australien bei Hausgeflügel (Huhn, Pute, Ente, Strauß, Fasan) im Zusammenhang mit Ausbrüchen durch HPAIV und NPAIV waren Antikörper gegen zahlreiche Subtypen zu finden (H1N1, H1N2, H3N2, H3N8, H4N2, H4N6, H5N2, H5N3, H5N8, H5N9, H6N2, H6N8, H7N3, H9N2) (Senne 2003). In Versuchen mit Hühnern, die mit an Wildenten adaptierten H11N9-NPAIV infiziert wurden, zeigten sich nach Virusvermehrung und -ausscheidung niedrige Antikörpertiter im HAH (Li und Cardona 2010).

In südafrikanischen Straußenfarmen wurde ein Monitoring nach einem H5N2 HPAI-Ausbruch bei Straußen durchgeführt. Es erbrachte in durchschnittlich 16,3% der Farmen positive Titer im HAH. Zuvor untersuchte Wildvögel wiesen bei mehreren Wasservogelarten, darunter Nilgänse, positive Titer auf, wohingegen sonstige Vogelarten im HAH negativ blieben. Man musste demnach von einer Zirkulation eines H5N2 NPAIV oder HPAIV in den untersuchten Regionen über einen längeren Zeitraum ausgehen (Thompson *et al.* 2008). Auch in Untersuchungen von De Marco *et al.* (2005) im Zusammenhang mit der Frage des Vorkommens von AIV während der HPAIV-Epidemien durch die Subtypen H5N2 und H7N1 in Italien konnten AIV-Antikörper besonders häufig bei Wildenten diagnostiziert werden

(45%), jedoch lagen auch Seroprävalenzen bei Möwen (11%) und Blesrallen (16%) vor. Antikörper gegen H5 waren allerdings nur bei Enten nachweisbar (5%). Umfangreiche Untersuchungen von Wasservögeln verschiedener Standorte in China zwischen 2004 und 2005 ergaben niedrige Antikörpertiter gegen H2H2, H9N2 und H10N7. Dabei hatte man mit Referenzstämmen der Hämagglutinine H2 bis H13 gearbeitet (Chen *et al.* 2006c). Bei der Klärung der Frage zur Empfänglichkeit von Möwen für HPAIV H5N1 wurden nach experimenteller Infektion mit zwei HPAIV-Stämmen trotz Virusausscheidung nur Antikörper gegen den Subtyp H5N3 zwei Wochen nach Infektion im AGPT, nicht jedoch gegen den Subtyp H5N1 nachgewiesen (Perkins und Swayne 2002b). Im Gegensatz dazu stellten Brown *et al.* (Brown *et al.* 2006a) eine Serokonversion sowohl bei Möwen zwei Wochen bzw. bei verschiedenen Wildenten drei Wochen nach Challenge mit einem HPAIV H5N1 sowohl im AGPT als auch HAH fest. In Italien wurden im Rahmen einer Langzeitstudie Seren von Raubvögeln und Eulen untersucht. Lediglich bei einem Mäusebussard (*Buteo buteo*) und einem Wanderfalken (*Falco peregrinus*) fanden sich im ELISA Antikörper gegen AIV (De Marco *et al.* 2003a). Chen *et al.* (2006c) untersuchte die Seroprävalenz von verschiedenen migrierenden Vögeln von 2005 bis 2006 und wies im HAH als häufigste Subtypen H9N2 und H10N7 neben H2N2 nach, wobei insbesondere Reiher und Limikolen positive Ergebnisse zeigten. Toenessen *et al.* (2011) werteten Proben von Dreizehenmöwen in einem Brutgebiet in Norwegen aus und stellten im HAH Antikörper gegen die Subtypen H13 und H16 mit einer Prävalenz von 37,5% bzw. 81,3%, nicht jedoch gegen H4 und H5 fest, wobei nur adulte Vögel serokonvertieren. Bei Infektionsversuchen von Stockenten mit den NPAIV der Subtypen H5N2 und H4N6 konnten über einen gemessenen Zeitraum von sieben Wochen homologe Antikörper im HAH gemessen werden. Nach einem Challenge (Belastungsinfektion) mit HPAIV H5N1 waren ebenfalls in allen Gruppen hohe H5-spezifische Titer nachweisbar (Fereidouni *et al.* 2009).

Sentinelenten wurden im Rahmen der Überwachung von AIV bei Wildvögeln über sieben Jahre regelmäßig beprobt. Einen Monat nach Virusdetektion konnten im HAH Antikörper gegen verschiedene Subtypen wie z. B. H7N7 oder H1N1 ermittelt werden (Sinnecker *et al.* 1982). Die serologische Überwachung einer Anlage mit Sentinelstockenten im österreichischen Rheindelta mittels ELISA und HAH ergab durchgängig einen Zusammenhang zwischen Virusdetektion und Serokonversion. Der Zeitraum des Nachweises von AIV-Antikörpern schwankte zwischen vier Wochen und mehreren Monaten (Greber und Nigsch 2009).

Auch im Zusammenhang mit humanen Infektionen gibt es Untersuchungen zu immunologischen Reaktionen. Während der HPAI H5N1-Ausbrüche beim Geflügel auf Lebendgeflügelmärkten konnten bei Untersuchungen von 110 Händlern in einem Fall H5N1-

Antikörper festgestellt werden. Die Person hatte zuvor in der Geflügelschlachtung gearbeitet und nie klinische Symptome gezeigt (Wang *et al.* 2006).

## 2.2 Einsatz von Sentineltieren

Der Begriff „sentinel“ stammt ursprünglich von dem lateinischen Wort „sentire“ (fühlen), dieses wurde umgeformt in „sentina“ (italienisch für „Wachsamkeit“) und schließlich in „sentinelle“ (französisch) übertragen (Racloz *et al.* 2007). Im epidemiologischen Sinn wird eine Sentinelherde als eine Kohorte von Tieren an einem bestimmten Ort definiert, die über eine bestimmte Zeit im Hinblick auf einen spezifischen Erreger hin überwacht wird (Ward *et al.* 1995). Nach McCluskey *et al.* (2002) werden Sentinelsysteme verwendet, um Ausbrüche und epidemiologische Aspekte eines infektiösen Agens zu erkennen, um die Überwachungsprogramme zu bestimmten Krankheiten zu optimieren und bessere Informationen zur Ökologie und Epidemiologie von infektiösen Agentien zu erlangen. In Anlehnung an die Ausführungen der OIE werden Sentineleinheiten als Gruppen von Tieren beschrieben, deren geografische Lokalisation und Immunstatus bekannt sind, die identifizierbar sind und getestet werden, um Informationen zu speziellen Parametern von Krankheitsgeschehen zu ermitteln (Racloz *et al.* 2007). Das Betreiben von Sentinelsystemen richtet sich insbesondere danach, ob es um eine bereits existente Erkrankung geht, bei der die Dynamik und die Effektivität der Überwachung studiert werden sollen oder ob es sich um ein Frühwarnsystem in Regionen handelt, die bisher als frei von speziellen Erregern/Krankheiten definiert werden (Salman 2003). In rechtlichen Regelungen kommt der Einsatz von Sentineltieren ebenfalls zur Anwendung. Die Nutzung von Sentinelhühnern oder -puten ist zur Überwachung der aviären Influenza von im Freiland gehaltenem Wassergeflügel als Alternative zur vierteljährlichen virologischen Untersuchung nach konkreten Vorgaben in der Geflügelpest-Verordnung möglich (Anonym 2009).

**Tabelle 4:** Beispiele für den Einsatz von Sentinel-Überwachungsprogrammen, modifiziert nach Racloz et al. (2007).

Erkrankung/ Parameter	Land/Region	Verwendete Sentineltiere	Quelle
Akabane Disease	Saudi Arabien	Wiederkäuer	Abu Elzein <i>et al.</i> (1998)
Umweltver- schmutzung	Kanada	Rinder	Waldner <i>et al.</i> (2001)
Aviäre Influenza	Frankreich, Holland	Hühner	Anonym (2006c)
Bovine Virusdiarrhoe	Kanada	Rinder	Waldner und Campbell (2005)
Lyme Borreliose	USA	Hund	Duncan <i>et al.</i> (2005)
Rift Valley Fever	Afrika	Schaf, Ziege	Chevalier <i>et al.</i> (2005)
Vesikuläre Stomatitis	USA	Pferd	McCluskey <i>et al.</i> , (2002)
West Nile	USA	Krähen	Eidson <i>et al.</i> (2001)

Im Zusammenhang mit der Überwachung der aviären Influenza gibt es bereits mehrere Erfahrungen mit Sentineltieren. Sinnecker *et al.* (1982) berichtete über erfolgreich durchgeführte mehrmonatige Studien an „Wächtertieren“ zum Nachweis von Influenza A Viren bei wildlebenden Wasservögeln anhand von virologischen und serologischen Untersuchungen. Er stellte dabei saisonale und geografische Unterschiede heraus.

Im Rahmen eines umfangreichen Forschungsprojektes zum Vorkommen von aviären Influenzaviren bei Wildvögeln hat man Untersuchungen an Sentinelvögeln an mehreren Standorten in Deutschland, Österreich und der Schweiz in die Auswertung einbezogen. Stockenten wurden in Regionen mit hoher Wasservogeldichte in einem Gehege im Uferbereich von Binnenseen oder der Ostsee bei ständigem Kontakt zu Wildvögeln gehalten. Es fand eine kontinuierliche virologische und serologische Untersuchung statt (Anonym 2010b). Auf Grund einer insgesamt festgestellten sehr niedrigen Prävalenz von AIV in mehrjährigen Monitoringstudien werden solche Sentinelprojekte als Alternative für ein Frühwarnsystem zur aviären Influenza angesehen (Globig *et al.* 2009b). Bei Untersuchungen von Sentinel-Stockenten an mehreren Standorten Deutschlands als Ergänzung zum Wildvogelmonitoring konnten vergleichsweise wesentlich höhere Prävalenzen ermittelt werden. Die Detektion von verschiedenen AIV reflektierte die natürliche Ökologie von in der Wildvogelpopulation vorhandener Viren in begrenzten Regionen (Globig *et al.* 2009a). Im Vergleich der Ergebnisse aus verschiedenen Beprobungsmodi bei der Überwachung von AIV an Wildvögeln konnten signifikante Unterschiede herausgestellt werden. Die Wahrscheinlichkeit war bei Sentineltieren ebenso hoch wie bei verendeten Vögeln, um infizierte Tiere zu entdecken. Sie lag bei 30 bis 70% pro Monat. Die Chance, das AIV bei

lebend beprobten oder gesund erlegten Vögeln zu diagnostizieren, erwies sich als wesentlich niedriger. So ließ sich nachweisen, dass Sentinelanlagen eine kosteneffiziente Methode zur Entdeckung von AIV-Infektionen bei Wildvögeln darstellten (Knight-Jones *et al.* 2010).

## **2.3 Wildvögel in Brandenburg**

### **2.3.1 Systematik und Taxonomie**

Die Vogelwelt Brandenburgs ist außerordentlich artenreich und umfasst eine Vielzahl der nach der derzeit allgemein anerkannten zoologischen Systematik von Bartel und Helbig (2005) in Europa vorkommenden 309 Vogelarten aus 65 verschiedenen Familien und 24 Ordnungen. Es fehlen wenige Arten zum Beispiel aus den Familien der Sturmschwalben (*Hydrobatidae*), der Sturmvögel (*Procellariidae*), der Raubmöwen (*Stercorariidae*) und der Alken (*Alcidae*). In der Roten Liste und Liste der Brutvögel des Landes Brandenburg 2008 (Ryslavy *et al.* 2008) wurden 219 Arten aufgeführt. Bei Summierung der aktuellen Schätzungen ergibt sich ein Gesamtbestand von 4,3 bis 7,0 Mio Brutpaaren (BP) (Mittelwert: 5,65 Mio BP). Der Anteil der Brutvogelarten Brandenburgs am Deutschen Brutbestand beträgt für bedeutende Arten wie Seggenrohrsänger und Kleinralle 100%, Schellente 51%, Waldwasserläufer 44%, Trauerseeschwalbe 48%, Singschwan 31%, Tüpfelralle 30%, Haubentaucher 21%, Bekassine 20%, Zwergtaucher 18% und Moorente 17%. In Tabelle 5 sind die Ordnung, die Familie und die Anzahl der in Brandenburg vorkommenden Vogelarten im Einzelnen aufgeführt.

**Tabelle 5:** Im Land Brandenburg (BB) vorkommende Vogelordnungen, Familien und Anzahl der Arten nach Roter Liste und Liste der Brutvögel Brandenburgs (Ryslavy *et al.* 2008).

Ordnung	Familie	Anzahl Arten BB
<i>Gaviiformes</i> (Seetaucher)	<i>Gaviidae</i> (Seetaucher)	2
<i>Podicipediformes</i> (Lappentaucher)	<i>Podicipedidae</i> (Lappentaucher)	5
<i>Phalacrocoraciformes</i> (Kormoranvögel)	<i>Phalacrocoracidae</i> (Kormorane)	1
<i>Ciconiiformes</i> (Storchenvögel)	<i>Ciconiidae</i> (Störche)	2
<i>Ardeiformes</i> (Reiher)	<i>Ardeidae</i> (Reiher)	4
<i>Anseriformes</i> (Entenvögel)	<i>Anatidae</i> (Entenverwandte)	28
<i>Accipitriformes</i> (Greifvögel)	<i>Pandionidae</i> (Fischadler)	1
	<i>Accipitridae</i> (Habichtverwandte)	12
<i>Falconiformes</i> (Falken)	<i>Falconidae</i> (Falken)	4
<i>Galliformes</i> (Hühnervögel)	<i>Phasianidae</i> (Glatt- und Raufußhühner)	3
<i>Gruiformes</i> (Kranichvögel)	<i>Gruidae</i> (Kraniche)	1
	<i>Otididae</i> (Trappen)	1
	<i>Rallidae</i> (Rallen)	6
<i>Charadriiformes</i> (Wat-, Alken- und Möwenvögel)	<i>Haematopodidae</i> (Austernfischer)	1
	<i>Charadriidae</i> (Regenpfeiferverwandte)	5
	<i>Scolopacidae</i> (Schnepfenverwandte)	23
	<i>Laridae</i> (Möwen)	8
	<i>Sternidae</i> (Seeschwalben)	7
<i>Columbiformes</i> (Tauben)	<i>Columbidae</i> (Tauben)	5
<i>Cuculiformes</i> (Kuckucke)	<i>Cuculidae</i> (Kuckucke)	1
<i>Strigiformes</i> (Eulen)	<i>Tytonidae</i> (Schleiereulen)	1
	<i>Strigidae</i> (Eulen)	6
<i>Caprimulgiformes</i> (Schwalmvögel)	<i>Caprimulgidae</i> (Nachtschwalben)	1
<i>Apodiformes</i> (Segler)	<i>Apodidae</i> (Segler)	1
<i>Coraciiformes</i> (Rackenvögel)	<i>Alcedinidae</i> (Eisvögel)	1
	<i>Meropidae</i> (Spinte)	1
<i>Upupiformes</i> (Hopf- und Hornvögel)	<i>Upupidae</i> (Wiedehopfe)	1
<i>Piciformes</i> (Spechtvögel)	<i>Picidae</i> (Spechte)	7
<i>Passeriformes</i> (Sperlingsvögel)	<i>Alaudidae</i> (Lerchen)	4
	<i>Hirundinidae</i> (Schwalben)	3
	<i>Motacillidae</i> (Stelzenverwandte)	8
	<i>Bombycillidae</i> (Seidenschwänze)	1
	<i>Troglodytidae</i> (Zaunkönige)	1
	<i>Prunellidae</i> (Braunellen)	1
	<i>Turdidae</i> (Drosseln)	6
	<i>Muscicapidae</i> (Schnäpperverwandte)	9
	<i>Sylviidae</i> (Grasmücken)	5
	<i>Phylloscopidae</i> (Laubsänger)	6
	<i>Megaluridae</i> (Grassänger)	3
	<i>Acrocephalidae</i> (Rohrsängerverwandte)	6
	<i>Regulidae</i> (Goldhähnchen)	2
	<i>Paridae</i> (Meisen)	6
	<i>Sittidae</i> (Kleiber)	1
	<i>Certhiidae</i> (Baumläufer)	2
	<i>Tichodromidae</i> (Mauerläufer)	1
	<i>Remizidae</i> (Beutelmeisen)	1
	<i>Panuridae</i> (Bartmeisen)	1
	<i>Aegithalidae</i> (Schwanzmeisen)	1
	<i>Oriolidae</i> (Pirole)	1
	<i>Laniidae</i> (Würger)	2
	<i>Corvidae</i> (Krähenverwandte)	7
	<i>Sturnidae</i> (Stare)	1
	<i>Passeridae</i> (Sperlinge)	2
	<i>Fringillidae</i> (Finken)	13
	<i>Emberizidae</i> (Ammernverwandte)	6

### 2.3.2 Populationsgrößen relevanter Vogelarten

Das Land Brandenburg ist reich an Gewässern, die eine Fläche von 950 km<sup>2</sup> (3,2% des Landes) einnehmen. Diese bestehen zu etwas mehr als zwei Dritteln aus stehenden Gewässern, hauptsächlich Seen, temporären Überflutungsflächen, Feuchtgebieten und Flüssen. Die Feuchtgebiete und Gewässerlandschaften stellen eine sehr große Bedeutung für die Vogelwelt im Land Brandenburg dar. Insgesamt betrachtet besitzt die Wasser- und Wiesenvogelwelt eine für Deutschland einmalige Vielfalt. So gehören nahezu ein Drittel aller in Brandenburg regelmäßig brütenden Vogelarten zum Bestand der Feuchtgebietsvögel (Kalbe 2001). Nach EG-Vogelschutzrichtlinie existieren in Brandenburg insgesamt 12 Europäische Vogelschutzgebiete (sogenannte „Special Protection Areas“) (Mädlow 2001) und drei Feuchtgebiete von internationaler Bedeutung (sogenannte „Ramsargebiete“) in folgenden großen Fluss- und Teichlandschaften: Peitzer und Bärenbrücker Teiche (Landkreis Spree-Neiße), Unteres Odertal (Landkreis Uckermark) und Niederung der Unteren Havel, Gülper See (Landkreis Havelland) (Doer *et al.* 2002; Sudfeldt *et al.* 2002).

In Tabelle 6 sind die für die Arbeit relevantesten Arten aufgelistet. Es handelt sich vorwiegend um Entenvögel (*Anseriformes*) neben Lappentauchern (*Podicipediformes*), Kormoranen (*Phalacrocoracidae*), Reiher (*Ardeiformes*), Greifvögeln (*Accipitriformes*), Falken (*Falconidae*), Rallen (*Rallidae*), Wat-, Alken- und Möwenvögel (*Charadriiformes*) sowie Krähenverwandte (*Corvidae*). Abgesehen von Zwergschwan, Saatgans, Blessgans, Weißwangengans und Pfeifente, fünf Arten, die im nördlichen Eurasien brüten und nur auf dem Durchzug bzw. im Winter im zentralen Europa vorkommen, handelt es sich bei allen in der Tabelle 6 aufgeführten Vögeln um Brutvogelarten des Landes Brandenburg. Darunter befinden sich seltene Arten, wie die Spießente (*Anas acuta*) mit nur einem Brutpaar und der Singschwan (*Cygnus cygnus*) mit fünf bis acht Brutpaaren, aber auch sehr häufige Arten wie die Stockente (*Anas platyrhynchos*) mit 20.000-40.000 Brutpaaren, die Elster (*Pica pica*) mit 25.000-40.000 Brutpaaren oder die Nebelkrähe (*Corvus cornix*) mit 20.000-30.000 Brutpaaren. Die Stockente, der als häufigste Gründelente verbreitete Brutvogel in Brandenburg, ist im gesamten Gebiet zu finden und kommt als Brutvogel, Durchzügler und Wintergast vor. Gewässer mit stärkerer Ufervegetation werden bevorzugt. Regelmäßig brütet sie auch in Siedlungs- und Industriegebieten. In strengen Wintern konzentrieren sich Stockenten auf eisfreien Gewässern in Ortschaften, in den letzten Jahrzehnten sind sie dort auch durch Gewöhnung an Fütterungen anzutreffen (Naacke 2001b).

Die Rast- und Winterbestände werden wesentlich durch nordische Gänse bestimmt. Das Durchzugsmaximum der Saat- und Blessgänse in Höhe von 260.000 Individuen hatte sich laut Wasservogelzählung 2008/2009, veröffentlicht im Rundschreiben 2010 der Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen (ABBO 2010), inzwischen in

---

Brandenburg auf den Oktober vor verlagert, aber auch im November war noch ein erheblicher Teil der Gesamtpopulation in Brandenburg zur Zwischenrast anwesend. In der Mitte des Winters hielt sich noch ein großer Teil der Saatgänse auf, während die Blessgänse eher in Nordwestdeutschland und in den Niederlanden verweilten. Die Bestände der Weißwangengänse nahmen seit den 90er Jahren in Brandenburg weiter zu und erreichten von Januar bis zum Frühjahr 2009 Bestandsgrößen an Rastplätzen in Brandenburg von fast 2.000 Vögeln. Der Singschwan gehört zu den wenigen Wasservogelarten, dessen Brut- und Winterbestände in den letzten Jahren stetig angewachsen sind. Mitte Januar 2009 wurden mindestens 3.500 Vögel dieser Art gezählt. Der Höckerschwan als einheimischer Brutvogel erreichte im Januar 2009 ähnliche Zahlen. Er ist jedoch in Brandenburg weiter als der Singschwan verbreitet und nutzt auch Gewässer im Siedlungsbereich. Entscheidend für die Ansammlung von Wasservögeln im Winter waren bei sehr kalten Witterungslagen zugefrorene Gewässer und geschlossene Schneedecken, die zu einer Winterflucht führten.

**Tabelle 6:** Populationsgrößen von in Brandenburg brütenden und überwinternden Vögeln ausgewählter Vogelarten nach Angaben aus Roter Liste und Liste der Brutvögel Brandenburgs (Ryslavy *et al.* 2008) und Berichten der Vogelwarte Hiddensee: Vogelzug in Ostdeutschland, I. Wasservogel, Teil 1 (Heinicke und Köppen 2007).

Vogelart	Wiss. Name	Brutpaare	Überwinterungs-und Rastbestand
Zwergtaucher	<i>Tachybaptus ruficollis</i>	1.200-1.500	1.500-2.000
Haubentaucher	<i>Podiceps cristatus</i>	3.500-5.000	2.000-2.500
Rothalstaucher	<i>Podiceps grisegena</i>	180-250	50-100
Schwarzhalstaucher	<i>Podiceps nigricollis</i>	135-155	?
Kormoran	<i>Phalacrocorax carbo</i>	2.300-2.700	4.000-6.000
Rohrdommel	<i>Botaurus stellaris</i>	200-250	?
Graureiher	<i>Ardea cinerea</i>	2.500-3.500	>1.500
Weißstorch	<i>Ciconia ciconia</i>	1.180-1.220	-
Höckerschwan	<i>Cygnus olor</i>	1.400-1.700	2.500-3.000
Zwergschwan	<i>Cygnus columbianus</i>	-	1.500-2.500
Singschwan	<i>Cygnus cygnus</i>	5 bis 8	2.500-4.000
Saatgans	<i>Anser fabalis</i>	-	6.000-6.500
Blessgans	<i>Anser albifrons</i>	-	150.000-200.000
Graugans	<i>Anser anser</i>	3.000-5.000	15.000-25.000
Weißwangengans	<i>Branta leucopsis</i>	-	1.000-1.500
Pfeifente	<i>Anas penelope</i>	-	15.000-25.000
Schnatterente	<i>Anas strepera</i>	500-700	1.500-2.500
Krickente	<i>Anas grecca</i>	180-250	5.000-10.000
Stockente	<i>Anas platyrhynchos</i>	20.000-40.000	50.000-70.000
Spießente	<i>Anas acuta</i>	1	5.000-15.000
Knäkente	<i>Ana squerquedula</i>	150-220	1.000-2.000
Löffelente	<i>Anas clypeata</i>	100-150	5.000-10.000
Tafelente	<i>Aythya ferina</i>	500-750	7.000-10.000
Reiherente	<i>Aythya fuligula</i>	400-650	15.000-20.000
Schellente	<i>Bucephala clangula</i>	450-650	25.000-35.000
Zwergsäger	<i>Mergus albellus</i>	500-1.000	250-300
Gänsesäger	<i>Mergus merganser</i>	70-90	1.500-2.500
Schwarzmilan	<i>Milvus migrans</i>	800-1100	?
Rotmilan	<i>Milvus milvus</i>	1.200-1.500	?
Rohrweihe	<i>Circus aeruginosus</i>	1.100-1.500	?
Habicht	<i>Accipiter gentilis</i>	1.000-1.500	?
Sperber	<i>Accipiter nisus</i>	900-1400	?
Mäusebussard	<i>Buteo buteo</i>	5.000-7.000	?
Turmfalke	<i>Falco tinnunculus</i>	1.600-2.200	?
Wasserralle	<i>Rallus aquaticus</i>	2.000-3.000	-
Teichralle	<i>Gallinula chloropus</i>	1.800-2.800	-
Blessralle	<i>Fulica atra</i>	7.000-12.000	-
Kiebitz	<i>Vanellus vanellus</i>	1.300-1.700	-
Bekassine	<i>Gallinago gallinago</i>	900-1.500	-
Lachmöwe	<i>Larus ridibundus</i>	7.000-10.000	-
Silbermöwe	<i>Larus argentatus</i>	185-210	-
Flusseeeschwalbe	<i>Sterna hirundo</i>	610-625	-
Elster	<i>Pica pica</i>	25.000-40.000	?
Saatkrähe	<i>Corvus frugilegus</i>	1.100	?
Nebelkrähe	<i>Corvus cornix</i>	20.000-30.000	?
Kolkrabe	<i>Corvus corax</i>	2.500-3.500	?

### 2.3.3 Zugverhalten von Wildvögeln

Unter Vogelzug versteht man vor allem regelmäßige saisonale Pendelbewegungen zwischen einem Brutgebiet und einem Ruheziel, dem Winterquartier. Häufig werden außer einem Ruheziel noch ein oder mehrere Zwischenziele (Rastgebiete) angesteuert (Berthold 2000; Webster *et al.* 2002), wenn auch das Ausmaß der Wanderung von Individuen einer Population im Einzelnen weitestgehend ungelöst erscheint (Esler 2000). Von den auf der Welt etwa 200-400 Mrd. lebenden Vögeln dürften alljährlich mindestens 50 Mrd. auf dem Zug unterwegs sein (Berthold 2008). Eine klare Abgrenzung bestimmter Zugformen saisonalen Raum-Zeitverhaltens erweist sich als schwierig. Neben artabhängigem Verhalten spielen viele andere Faktoren wie Klima und Nahrungsangebot eine wesentliche Rolle (Spillner und Zimdahl 1990). Zudem gibt es individuelle Phänomene, die Vögel einer Art oder Population als sogenannte „Irrgäste“ aus noch unerklärlichen Gründen dazu bewegen, in die entgegen gesetzte Richtung, also z. B. statt von Ost nach West von West nach Ost zu fliegen (Pfeifer *et al.* 2007).

Die Registrierung von Zugbewegungen kann mittels Radar, Beringung und anderen Markierungen, die Untersuchung von genetischen oder isotopischen Markern sowie Telemetrie bzw. Satellitentelemetrie erfolgen (Berthold 2000; Webster *et al.* 2002). Letztere hat der Vogelzugforschung in jüngster Zeit geradezu eine neue Dimension eröffnet. Zugvögel können mehrfach am Tag geortet und bis auf 150 m genau lokalisiert werden (Berthold 2008). So sind sich überschneidende Flugrouten exakter nachvollziehbar, was auch die Erkenntnisse zur Übertragung der HPAI H5N1 wesentlich verbessern kann. Dies wurde in einem Forschungsprojekt der FAO (Food Agriculture Organization) deutlich (FAO 2010).

Nach Spillner u. Zimdahl (1990), Berthold (2000) und Berthold (2008) werden folgende Migrationstypen unterschieden:

**Standvögel** sind Jahresvögel, die spätestens nach der Jugendstreuung ganzjährig in ihrem Brutgebiet (Territorium oder Heimatgebiet) bleiben.

**Teilzieher** sind Vögel einer Population oder Art, bei der ein Teil der Individuen wandert und ein anderer Teil im Brutgebiet verbleibt.

**Kurzstreckenzieher** sind Arten oder Populationen, bei denen Brut- und Überwinterungsgebiet nicht weit, oft nur wenige Kilometer (km) voneinander entfernt sind.

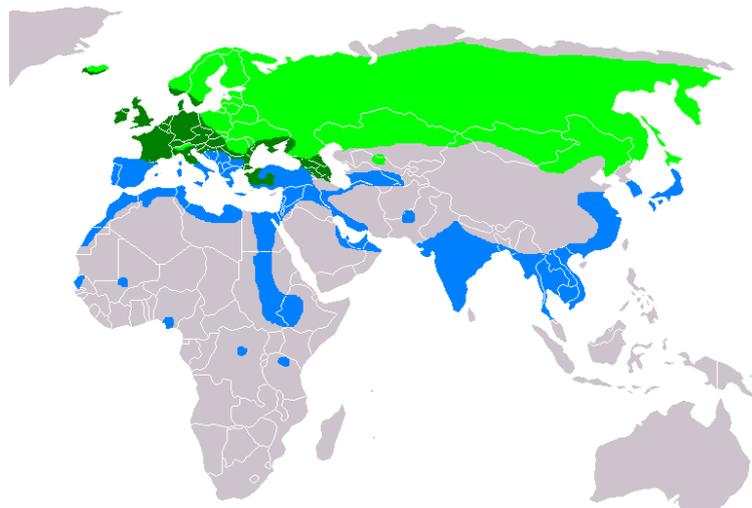
**Mittelstreckenzieher** ist eine in Mitteleuropa benutzte Bezeichnung a) für Zugvögel, die weiter ziehen als Kurzstreckenzieher, aber die Sahara nicht überqueren oder b) für sibirische Zugvögel auf dem Kontinentalzug nach Europa.

**Langstreckenzieher** sind Populationen, bei denen Brut- und Überwinterungsgebiet mehr als 4000 km von einander entfernt sind.

**Wintergäste** sind Vögel, die zu geografischen Gebieten wandern, in denen sie die ganze Zeit zwischen Weg- und Heimzug verbleiben (Berthold 2000). Für viele nordische Entenvögel wie Singschwan (*Cygnus cygnus*), Zwergschwan (*Cygnus columbianus*), Blessgans (*Anser albifrons*) und Saatgans (*Anser fabalis*) ist Deutschland ein Überwinterungsgebiet (Spillner und Zimdahl 1990).

Teilzug ist die häufigste Form des Zuges. Zu unterscheiden sind obligatorische Teilzieher, bei der ein Teil der Population alljährlich wandert sowie fakultative Teilzieher, bei denen teilweises Wandern in einer Population nicht alljährlich, sondern fallweise in unregelmäßigen Abständen auftritt. Von den etwa 400 Brutvogelarten sind über 60% Teilzieher. Typische obligate Teilzieher sind Amsel (*Turdus merula*), Rotkehlchen (*Erithacus rubecula*) und Buchfink (*Fringilla coelebs*) (Berthold 2008).

Ein Vertreter der Mittelstreckenzieher ist die Krickente (*Anas crecca*) als häufiger Durchzügler in Ostdeutschland. Ihre Verbreitung wird in Abbildung 4 dargestellt.



**Abbildung 4:** Verbreitungskarte der europäischen Unterart der Krickente (*Ana crecca crecca*); hellgrün: Brutgebiet, blau: Winterquartier, dunkelgrün: ganzjähriger Aufenthalt (Quelle: <http://de.wikipedia.org/wiki/Krickente>).

Wenn auch die Brutvögel Nordwesteuropas meist Teilzieher und die in den Niederlanden, Großbritannien, Frankreich und Spanien brütenden Krickenten Standvögel sind, so ziehen

die Brutvögel Fennoskandiaviens, Nordwestrusslands und des südwestlichen Baltikums bis in die Niederlande, Großbritannien und Nordwestfrankreich bzw. weichen in Kaltwetterperioden bis nach Südfrankreich, Spanien und sogar Nordafrika aus. Brutvögel in Nordrussland ziehen dagegen quer durch Europa, um in Südfrankreich, Spanien und Italien zu überwintern (Heinicke und Köppen 2007).

Langstreckenflüge finden zwischen Kontinenten statt. Winker *et al.* (2007) beschreibt Flugrouten von Vögeln, die im Sommer zur Brutsaison aus Nord- und Südamerika, Asien, Afrika, Australien sowie der Antarktis kommen. Ebenso migrieren in Asien brütende Arten nach Nordamerika. Paradebeispiele für lange Wanderungen sind Seevögel wie Sturmschwalben (*Hydrobatidae*), Sturmvoegel (*Procellariidae*) und Seeschwalben (*Sternidae*) (Berthold 2008).

Unter den Entenvögeln ist die Spießente (*Anas acuta*) ein Vertreter der Lang- bzw. Mittelstreckenzieher. Sie ist monotypisch und als Brutvogel in weiten Teilen der nördlichen Paläarktis und Holarktis verbreitet. Die Zugrichtungen der Spießente unterscheiden sich zwischen den Brutgebieten erheblich: die Brutvögel aus dem Raum Nordeuropa bis Westsibirien ziehen überwiegend in Überwinterungsgebiete in Westeuropa. In West- und Mittelsibirien brütende Vögel ziehen dagegen zur Überwinterung vor allem zum Schwarzen Meer und zum Mittelmeer, nach Vorderasien und bis nach West- und Zentralafrika. Die weiteste gemessene Entfernung von im Arbeitsbereich der Vogelschutzwarte Hiddensee in Ostdeutschland beringten Spießenten betrug 3.153 km (Westsibirien). Die Fremdfunde gelangen in Großbritannien (3° 30' West), Frankreich (43° 25' Nord) und Westsibirien (65° 30' Ost und 62° 31' Nord) (Heinicke und Köppen 2007).

Als Ausdruck besonderer Anpassung durch eine genetische Mutation mit großer Spezifität ist die sogenannte Höhenatmung, die Vögel wie die Streifengans (*Anser indicus*) befähigt, bei ihrem Zug Höhen von über 9.000 m zu überwinden (Braunitzer und Hiebl 1988). Ein spezielles Zugverhalten gibt es bei Jungvögeln, um sich aus den elterlichen Brutgebieten zu entfernen, um intraspezifischer Konkurrenz sowie Populationsdruck zu entgehen und um neue Nahrungsgründe zu erschließen (Berthold 2008).

Tabelle 7 stellt das Brut- und Migrationsverhalten ausgewählter, im Land Brandenburg vorkommenden Vogelarten dar.

**Tabelle 7:** Brut- und Migrationsstatus ausgewählter Vogelarten in Brandenburg; nach Heinicke und Köppen (2007), ABBO (2001) und Barthel und Helbig (2005) (S, Standvogel; T, Teilzieher; K, Kurzstreckenzieher; M, Mittelstreckenzieher; L, Langstreckenzieher).

Vogelart	Wiss. Name	Zugverhalten			
		Brutvogel	Durchzügler	Wintergast	Migrations-Typ
Zwergtaucher	<i>Tachybaptus ruficollis</i>	X	X	X	T
Haubentaucher	<i>Podiceps cristatus</i>	X	X	X	T
Schwarzhalstaucher	<i>Podiceps nigricollis</i>	X	X	X	K
Kormoran	<i>Phalacrocorax carbo</i>	X	X		T
Rohrdommel	<i>Botaurus stellaris</i>	X	X	X	T
Graureiher	<i>Ardea cinerea</i>	X	X	X	K
Weißstorch	<i>Ciconia ciconia</i>	X	X		L
Höckerschwan	<i>Cygnus olor</i>	X	X	X	T
Zwergschwan	<i>Cygnus columbianus</i>		X	X	M
Singschwan	<i>Cygnus cygnus</i>	X	X	X	K,M
Saatgans	<i>Anser fabalis</i>		X	X	M
Blessgans	<i>Anser albifrons</i>		X	X	M
Graugans	<i>Anser anser</i>	X	X		K
Weißwangengans	<i>Branta leucopsis</i>		X	X	M
Pfeifente	<i>Anas penelope</i>		X	X	L ?
Schnatterente	<i>Anas strepera</i>	X	X	X	K
Krickente	<i>Anas grecca</i>	X	X	X	K,M
Stockente	<i>Anas platyrhynchos</i>	X	X	X	K
Spießente	<i>Anas acuta</i>	X			K,M
Knäkente	<i>Ana squerquedula</i>	X	X		L
Löffelente	<i>Anas clypeata</i>	X	X	X	K
Tafelente	<i>Aythya ferina</i>	X	X	X	K,T
Reiherente	<i>Aythya fuligula</i>	X	X	X	K,T
Schellente	<i>Bucephala clangula</i>	X	X	X	K,T
Zwergsäger	<i>Mergus albellus</i>		X	X	K,T
Gänsesäger	<i>Mergus merganser</i>	X	X	X	T
Schwarzmilan	<i>Milvus migrans</i>	X	X		L
Rotmilan	<i>Milvus milvus</i>	X	X		K
Rohrweihe	<i>Circus aeruginosus</i>	X	X		L
Habicht	<i>Accipiter gentilis</i>	X			S
Sperber	<i>Accipiter nisus</i>	X	X	X	T
Mäusebussard	<i>Buteo buteo</i>	X	X	X	T
Turmfalke	<i>Falco tinnunculus</i>	X	X	X	T
Wasserralle	<i>Rallus aquaticus</i>	X	X	X	S,T,K
Teichralle	<i>Gallinula chloropus</i>	X	X	X	S,K
Blessralle	<i>Fulica atra</i>	X	X	X	S,K
Kiebitz	<i>Vanellus vanellus</i>	X	X	X	K
Bekassine	<i>Gallinago gallinago</i>	X	X	X	K
Lachmöwe	<i>Larus ridibundus</i>	X	X	X	S,K
Silbermöwe	<i>Larus argentatus</i>	X	X	X	T,K
Flussseeschwalbe	<i>Sterna hirundo</i>	X	X		L
Elster	<i>Pica pica</i>	X		X	S
Saatkrähe	<i>Corvus frugilegus</i>	X	X	X	S (T)
Nebelkrähe	<i>Corvus cornix</i>	X		X	S
Kolkrabe	<i>Corvus corax</i>	X		X	S

## 2.4 Eigene Fragestellung

Wildvögel stellen ein natürliches Virusreservoir für AIV dar. Zur Ermittlung deren Bedeutung in der Wildvogelpopulation sind weitere Erkenntnisse erforderlich, um das Risiko einer Infektion von Hausgeflügelbeständen, anderen Tierarten und des Menschen durch Transspeziesübertragungen aus dem Wirtsreservoir besser einschätzen zu können.

Über ein Flächenmonitoring bei Wildvögeln in Brandenburg und eine Überwachung von Stockenten einer Sentinelanlage im Nordosten Brandenburgs sollte die regionale Verbreitung von AIV untersucht werden. Es erfolgte in diesem Rahmen eine Erfassung der Wildvogelbestände im Bereich der Sentinelanlage sowohl von heimischen Brutvögeln, Durchzüglern als auch Wintergästen unter Berücksichtigung von jahreszeitlichen und geografischen Aspekten sowie einer Bewertung der Wildvogelarten nach Risikogruppen bezüglich HPAIV. Es wurden in diesem Zusammenhang virologische und serologische Untersuchungen durchgeführt, um bestimmte AIV-Subtypen und AIV-Antikörper zu erfassen. Die kontinuierliche Beprobung der Stockenten der Sentinelanlage sollte dabei die Dokumentation des zeitlichen Verlaufes einer erfolgten AIV-Infektion ermöglichen.

Die Untersuchungen erstreckten sich über einen Zeitraum von fünf (Wildvogelmonitoring) bzw. zwei Jahren (Sentinelanlage).

Es erfolgte eine Diskussion zur Prävalenz von AIV in der regionalen Wildvogelpopulation und deren Bedeutung bei der Verbreitung der Erreger unter Berücksichtigung verschiedener Wildvogelspezies sowie über Möglichkeiten und Grenzen des Einsatzes von Sentineltieren im Rahmen einer AIV-Überwachung.

Anhand der Untersuchungsergebnisse sollte das Wissen um die Epidemiologie und Ökologie der AIV erweitert werden.

Nicht zuletzt wurden Informationen bereitgestellt, um mehr Sicherheit im Umgang mit AIV sowie eine Einschätzung bisheriger EU-Überwachungsmaßnahmen zu erlangen.

### **3 Material und Methoden**

Die im Landeslabors Berlin-Brandenburg bearbeiteten Blut- und Tupferproben der Sentinelstockenten wurden selbständig im zwei- bzw. vierwöchigen Rhythmus entnommen und im Landeslabor Berlin Brandenburg untersucht. Die vom Landeslabors Berlin-Brandenburg und vom Friedrich Löffler-Institut Insel Riems ermittelten virologischen, molekularbiologischen und serologischen Ergebnisse aus dem Wildvogelmonitoring und der Sentinelanlage wurden eigenständig umfangreich analysiert und bewertet. Die Bearbeitung und Auswertung der nach Art und Anzahl der Wildvogelspezies am Felchowsee erfassten, außerordentlich umfangreichen Daten erfolgte ebenfalls selbständig. Neben den eigenständig durchgeführten Analysen und Berechnungen der Ergebnisse dieser Arbeit wurden ergänzende statistische Auswertungen vom Friedrich Löffler-Institut Wusterhausen vorgenommen. Detaillierte Angaben zu den Materialien und Methoden werden in den folgenden Punkten dargestellt.

#### **3.1 Bereitstellung des Probenmaterials**

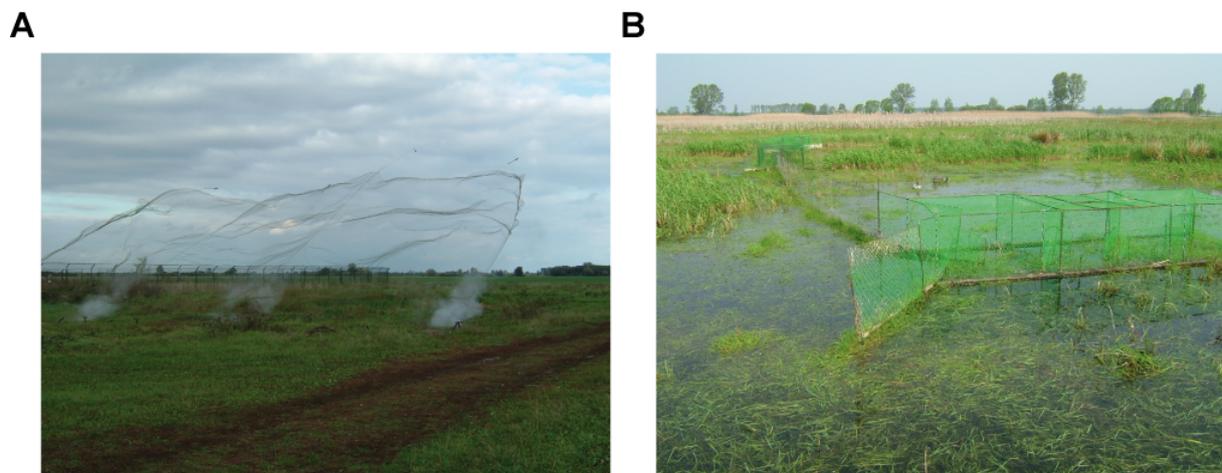
##### **3.1.1 Organisation des Wildvogelmonitorings**

Seit 2006 sind für das Wildvogelmonitoring entsprechend gesetzlicher Vorgaben (Anonym 2005a; Anonym 2007; Anonym 2010a) konkrete Zahlen an zu untersuchenden Proben für jedes Bundesland vorgegeben. Ziel der Programme ist insbesondere die Überwachung von Wildvögeln hinsichtlich des frühzeitigen Nachweises von HPAIV H5N1, aber auch niedrigpathogener AIV, insbesondere der Subtypen H5 und H7 auf Grund einer Mutationsgefahr von NPAIV zu HPAIV. Eine risikobasierte Überwachung erfolgte im Rahmen eines „passiven Monitorings“ durch Beprobung verendeter oder tot aufgefundener Vögel. Wildvögel, vor allem Wasservögel, die nachweislich ein erhöhtes Risiko haben, mit dem HPAIV infiziert zu werden, standen besonders im Fokus. Daneben wurde ein „aktives Monitoring“ organisiert, welches sich auf lebende und klinisch gesunde und/oder klinisch kranke, verletzte oder gejagte Vögel konzentrierte. Bei der Planung, Überwachung und Artenbestimmung fand eine enge Zusammenarbeit mit Ornithologen und Naturschützern aus Naturschutzstationen, Arbeitsgemeinschaften und –verbänden sowie der Beringungszentrale Brandenburgs statt.

Im Rahmen des im Land Brandenburg durchgeführten Monitorings wurden dazu Beprobungen von mit verschiedenen Techniken lebend gefangenen Vögeln organisiert.

Lebendbeprobungen fanden während der Nutzung von Reusenfanganlagen in Flachwasserzonen von Seenlandschaften oder auf Feuchtwiesen statt, wobei Lockenten zum Einsatz kamen. Dabei fielen insbesondere Entenvögel an. Im Uferbereich angebrachte

und täglich mehrmals kontrollierte Stellnetze kamen vor allem beim Watvogelfang zum Einsatz. Zudem praktizierte man eine Probennahme an Gänseschlafplätzen mittels Kanonennetzen. Dabei wurde ein druckluftbefülltes Rohr mit Messingzylinder, an dem ein Fangnetz aufgerollt ist, vor dem Eintreffen der Vögel am Boden neben dem Schlafplatz aufgestellt und insbesondere in der morgendlichen Dämmerungsphase mit Druck über die noch schlafenden Gänse geschossen. Weiterhin dienten Beringungsaktionen zur Probenbereitstellung, die über die Naturschutzstation in Abstimmung mit den ornithologischen Arbeitsgemeinschaften des Landes Brandenburg organisiert wurden. Im Rahmen von Gesellschaftsjagden nutzte man insbesondere Stockenten und Blesrallen für eine von den Veterinärämtern der Kreise gemeinsam mit den örtlichen Jagdbehörden abgestimmte Probennahme. Von allen in den Wildauffangstationen oder Kliniken betreuten Wildvögeln wurden Proben entnommen. Für die Beprobung bezog man auch frische Kotproben von Äckern, Wiesen u.ä. nach Beobachtung größerer Vogelschwärme ein, soweit sie einer spezifischen Vogelart zugeordnet werden konnten und einer für das Monitoring relevanten Spezies angehörten.



**Abbildung 5:** Wildvogelfangmethoden zwecks Probennahme: A) Kanonennetze und B) Reusenfanganlagen (Quelle: B. Block, LUGV Brandenburg).

Bei sämtlichen zur Sektion an das Landeslabor eingesandten verendeten, untersuchungswürdigen Wildvögeln (Todfunde) wurde ebenfalls eine Untersuchung auf aviäre Influenza veranlasst. Weitere Proben von verendeten oder tot aufgefundenen Vögeln gelangten über örtliche Behörden wie Technisches Hilfswerk, Polizeidienststellen, Veterinärämter oder Naturschutzbehörden zur Diagnostik an das Landeslabor Berlin-Brandenburg (LLBB) in Frankfurt/Oder (FF).

### 3.1.2 Auswahl der Wildvogelspezies

Bei der Beprobung wurden vor allem Vogelspezies berücksichtigt, die zu den Risikoarten für AIV nach Anhang II der Entscheidung der EU-Kommission 2007/268/EG (Anonym 2007) ergänzt durch den Anhang II, Teil 2 des Beschlusses 2010/367/EU (Anonym 2010a) gehörten. Zunächst bezog man vorwiegend Entenvögel (*Anseriformes*) sowie Wat- und Möwenvögel (*Charadriiformes*) in die Beprobung ein. Außerdem sind Vogelspezies aus Stand- und Zugvogelarten definiert worden, die in Nachbarschaft von Hausgeflügel leben und HPAIV von potentiell symptomfrei infizierten Wildvögeln als Zwischenwirte übertragen können. Dazu gehörten Gruppen von Vogelspezies, die von der Geflügelhaltung in Europa nicht zu trennen sind - ein Vertreter davon ist die Stockente (*Anas platyrhynchos*), Arten, die in Nordeuropa Freiflächen mit Hausgeflügel teilen wie Kiebitz (*Vanellus vanellus*) oder Lachmöwe (*Larus ridibundus*) und schließlich Spezies, die in Nordeuropa Feuchtgebiete mit Zuchtwasservögeln teilen, wie Graugans (*Anser anser*) oder Höckerschwan (*Cygnus olor*). Inzwischen betrifft es 50 aufgelistete Vogelspezies insbesondere aus den Ordnungen *Podicipediformes* (Lappentaucher), *Phalacrocoraciformes* (Kormoranvögel), *Ciconiiformes* (Storchenvögel), *Ardeiformes* (Reiher), *Anseriformes* (Entenvögel), *Accipitriformes* (Greifvögel), *Charadriiformes* (Wat-, Alken- und Möwenvögel) und der Familie *Corvidae* (Krähenverwandte) aus der Ordnung *Passeriformes* (Sperlingsvögel), die einer Diagnostik zugeführt werden sollten. Berücksichtigung fanden zudem Ausführungen nach Veen *et al.* (2007) zur Auflistung von Hochrisikospezies. Diese beinhalten neben Sperlingsvögel insbesondere Wasser- und Watvögel, Greifvögel sowie Aasfresser, aber auch Vogelarten mit Kontakt zu Nutzgeflügel bzw. Nähe zum Menschen. Bei der Auswahl der zu beprobenden Arten sind zudem die Gegebenheiten hinsichtlich der Dominanz und der Größe der Bestände im Land Brandenburg berücksichtigt worden.

Ein weiteres Kriterium für die Auswahl der Vogelart im Laufe des Monitoringzeitraumes waren Spezies mit dem Nachweis von hochpathogenem aviären Influenzavirus des Subtyps H5N1 bei Wildvögeln im Frühjahr 2006 im Land Brandenburg (vorwiegend im Unteren Odertal und Umgebung). Da das Probenaufkommen bei Totfunden nicht sehr hoch war, wurden hier auch sonstige Vogelarten untersucht. Im Rahmen von Gesellschaftsjagden war das Untersuchungsgut abhängig von den Jagdpraktiken. Es betraf vorwiegend Stockenten und Blessrallen. In den Auffangstationen handelte es sich überwiegend um beprobte Greif- und Eulenvögel, die bis zur Genesung dort betreut wurden.

### 3.1.3 Beprobungszeitraum

Im Rahmen dieser Arbeit wurden Proben des Wildvogelmonitorings von 2006-2010 ausgewertet (siehe Tabelle 8). Die Untersuchungen erfolgten jeweils über das ganze Jahr

verteilt. Es wurden zudem jahreszeitlich bedingte Zugmuster berücksichtigt, wobei die Zugvogelzeiten im Frühjahr und vor allem im Herbst, soweit organisatorisch möglich, besonderes Augenmerk fanden. Die während der Jagd durchgeführten Beprobungen umfassten insbesondere den Zeitraum während der Jagdsaison von September bis Januar. Einen weiteren zeitlichen Schwerpunkt bildeten die Monate Januar bis März insbesondere bei langen Frostperioden und dem Anfall von vermehrten toten Wildvögeln. Vorwiegend im zeitigen Frühjahr fielen Proben aus Fangaktionen an. Darüber hinaus konnten ganzjährig Proben von Wildvögeln aus Auffang- und Wildstationen sowie zoologischen Gärten bzw. Tierparks entnommen werden.

**Tabelle 8:** Beprobungsumfang an Wildvögeln im Untersuchungszeitraum 2006-2010 in Brandenburg.

Jahr	2006	2007	2008	2009	2010	Gesamt
Anzahl untersuchter Vögel	3.064	1.696	1.867	1.090	634	8.290

### 3.1.4 Beprobungsgebiet

Die Beprobungen erfolgten in allen 14 Landkreisen Brandenburgs: Barnim (BAR), Dahme-Spreewald (LDS), Elbe-Elster (EE), Havelland (HVL), Märkisch-Oderland (MOL), Oberhavel (OHV), Oberspreewald-Lausitz (OSL), Oder-Spree (LOS), Ostprignitz-Ruppin (OPR), Potsdam-Mittelmark (PM), Prignitz (PR), Spree-Neiße (SPN), Teltow-Fläming (TF) und Uckermark (UM) sowie in den 4 kreisfreien Städten Potsdam (P), Cottbus (CB), Frankfurt/Oder (FF) und Brandenburg/Havel (BRB) mit unterschiedlichen Anteilen im Probenaufkommen.

Besondere Berücksichtigung bei der Auswahl der Gebiete fanden die in Brandenburg vorhandenen 12 Europäischen Vogelschutzgebiete (sogenannte „Special Protection Areas“) (Mädlow 2001) und drei Feuchtgebiete von internationaler Bedeutung (sogenannte „Ramsargebiete“) in folgenden großen Fluss- und Teichlandschaften: Peitzer Teiche (1060 ha, Landkreis Spree-Neiße), Unteres Odertal (5400 ha, Landkreis Uckermark) und Niederung der Unteren Havel, Gülper See (970 ha, Landkreis Havelland) als Regionen mit hoher Wasservogeldichte (Sudfeldt *et al.* 2002). Sie zählen europaweit zu den bedeutendsten Rast- und Brutgebieten einer Vielzahl von Vogelspezies, unter anderem auch verschiedenster bedrohter Arten. Hier sammeln sich jeweils bis zu 100 000 Wildgänse und Tausende von Kranichen zu Zugzeiten. Zudem sind diese Areale reich an für die Untersuchung relevanten Arten.

Ein weiteres Kriterium für die Auswahl der Gebiete im Laufe des Beprobungszeitraumes waren Regionen mit dem Nachweis von hochpathogenem aviären Influenzavirus des

Subtyps H5N1 bei Wildvögeln im Frühjahr 2006 im Land Brandenburg (vorwiegend Unteres Odertal und Umgebung). Bei Gesellschaftsjagden fanden insbesondere im Südosten Brandenburgs (Peitzer Teiche und Umgebung) Beprobungen von Enten und Gänsen statt.

### **3.2 Betreiben einer Sentinelanlage**

Am Felchowsee in unmittelbarer Nähe zum Unteren Odertal wurden zusätzlich zu dem stattfindenden Wildvogelmonitoring in einem Gebiet mit hoher Wasservogeldichte über einen Zeitraum von Oktober 2008 bis Oktober 2010 7-14 Stockenten mit gestutzten Flügelfedern in einem Gehege als sogenannte Sentinelanlage bei ständigem Kontakt zu Wildvögeln direkt über den Einflug in das Gehege oder mittelbar über gemeinsam genutztes Oberflächenwasser gehalten.

#### **3.2.1 Auswahl der Region**

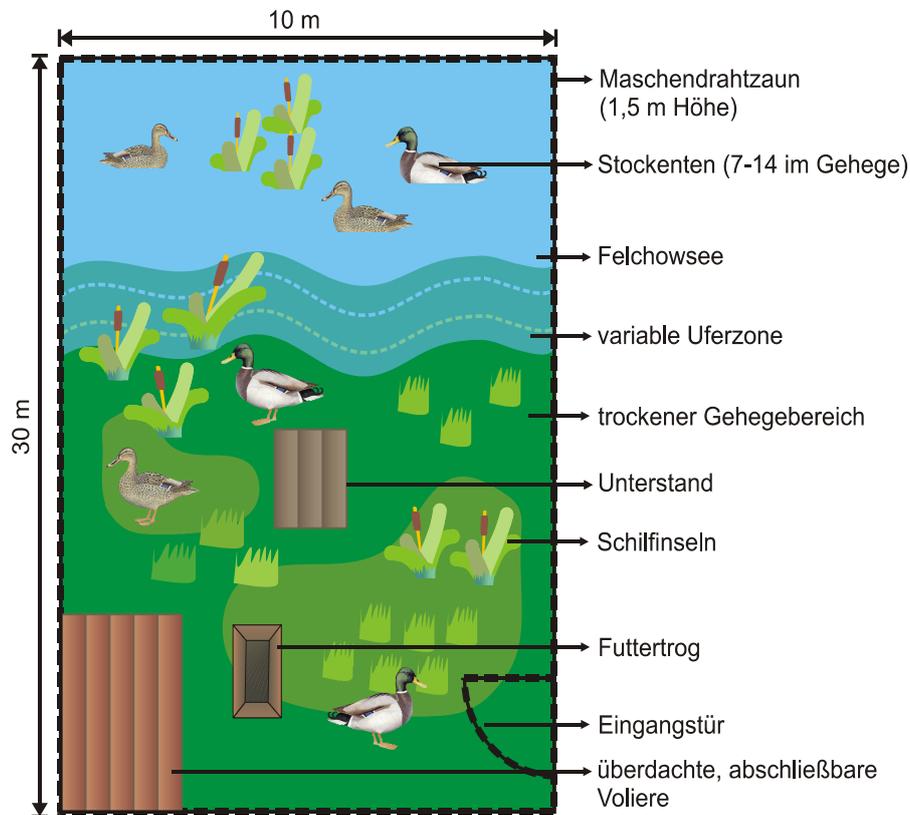
Das in der brandenburgischen Uckermark befindliche Naturschutzgebiet „Felchowsee“ mit seinen zwei Seen Felchowsee und Lanke zwischen dem Naturpark und Ramsargebiet „Unteres Odertal“ und dem Biosphärenreservat „Schorfheide-Chorin“ besitzt eine wichtige Funktion für die in diesen Regionen wandernden Arten. Der durchschnittlich 1,20 m tiefe und 160 ha große Felchowsee ist ein eiszeitlicher Flachsee. Er bietet mit seinem Nebengewässer, der Lanke, durch seinen Nährstoffreichtum und seinen ausgedehnten Schilfflächen vielen Wasservögeln ein geschütztes Areal (Anonym 2011). Der Felchowsee wird als Gewässer mit bedeutenden Ansammlungen insbesondere folgender Vogelarten genannt: Haubentaucher (*Podiceps cristatus*), Schnatterente (*Anas strepera*), Krickente (*Anas grecca*), Tafelente (*Aythya ferina*) und Reiherente (*Aythya fuligula*) (ABBO 2010).

Die sich zunächst anbietende alternative Einrichtung der Anlage direkt im Unteren Odertal musste auf Grund von regelmäßig auftretenden großen Wasserstandsschwankungen der Oder bzw. Hochwasserlagen verworfen werden.

#### **3.2.2 Einrichtung der Sentinelanlage**

Die Anlage mit einer Größe von ca. 10 x 30 m wurde direkt am Seeufer in einem ungestörten Areal mit breitem Schilfgürtel eingerichtet und besaß sowohl einen trockenen Anteil als auch einen Wasserbereich. Sie wurde mit einem ca. 1,50 hohen Maschendrahtzaun eingefriedet, der etwa 50 cm tief in den Boden hineinreichte, um Untergrabungen durch Raubwild zu vermeiden. In der Anlage befand sich eine kleine, mit einer Tür versehene Voliere, die einen zusätzlichen Schutz der Enten vor Raubwild und Witterungseinflüssen bot sowie eine optimale Organisation der Beprobung garantierte. Das nach oben offene Gehege bot die Möglichkeit des Einfliegens von am See vorkommenden Vögeln. Dies wurde zusätzlich angeregt durch das Aufstellen von Futterschalen innerhalb der Anlage (s. Abbildung 6).

Die Betreuung der Enten erfolgte vor Ort durch eine erfahrene, mit der Vogelhaltung vertraute Person. Die Tiere wurden regelmäßig ergänzend mit pelletiertem Mastentenfutter versorgt und klinisch untersucht. Verendete Sentinelenten führte man zwecks Feststellung der Todesursache einer Sektion zu.



**Abbildung 6:** Grundriss der Sentinelanlage am Felchowsee.

### 3.2.3 Verwendete Sentineltiere

Es fanden halbzahme, von einem Geflügelzüchter bereitgestellte Stockenten Verwendung. Um ein Wegfliegen der Tiere zu verhindern, wurden die Schwungfedern am Flügel einseitig partiell beschnitten. Alle Tiere waren vor dem Einsetzen als negativ gegenüber AIV und AIV-AK getestet worden (s. Abschnitt 3.4.2).

Bei Stockenten handelt es sich um eine Spezies, die dem natürlichen Wirtsreservoir der AIV angehört und mit einem sehr hohen Aufkommen in Brandenburg und am Felchowsee vertreten ist, so dass ein direkter Kontakt zwischen den Sentineltieren und den natürlich vorkommenden Stockenten als wahrscheinlich angenommen werden konnte.

### 3.2.4 Beprobungsmodus

Die Sentinelstockenten wurden über einen Zeitraum von Oktober 2008 bis Oktober 2010 durchgängig auch in der Frostperiode in der Anlage gehalten und kontinuierlich beprobt. Von den Stockenten wurden alle zwei Wochen je ein Rachen- und Kloakentupfer für die virologische Untersuchung und alle vier Wochen aus der *Vena ulnaris* Blut für den Antikörpernachweis entnommen. Für die virologische Diagnostik kamen einzeln und steril verpackte Einmaltupfer mit Watteträger und unzerbrechlichen Plastikröhrchen mit einem halbfesten, antibiotikahaltigen Medium (Virocult®, Fa. MW&E Corsham, England) sowie für die serologische Antikörperbestimmung Einmalkanülen mit Luer-Ansatz (0,60 x 30 mm) und Serumröhrchen (Fa. Sarstedt, Deutschland, 8 ml) zum Einsatz. Die Handhabung der Tupfer erfolgte entsprechend den Ausführungen in Pkt. 3. 3 Für die Blutentnahme wurden im Bereich des unteren Oberarmes zur Sichtbarmachung der Vena ulnaris die Federn entfernt, die Kanüle nach Stauung des Gefäßes eingeführt und das Röhrchen mit ca. 2 ml Blut befüllt. Die Proben gelangten in der Regel gekühlt innerhalb von 24 Stunden per Kurier in das Landeslabor Berlin-Brandenburg. In besonderen Situationen (z. B. Jahreswechsel) wurden die Proben für die Virusdiagnostik aus organisatorischen Gründen bis zur Untersuchung eingefroren.

Während der Projektphase fanden an den Enten 53 Tupferprobenentnahmen und 27 Termine zur Blutgewinnung statt. Es handelte sich um einen Probenumfang von insgesamt je 484 Rachen- und Kloakentupfern sowie 250 Blutproben.

### 3.2.5 Erfassung ornithologischer Daten

Während der Betreuung der Anlage erfolgte gleichzeitig eine ornithologische Erfassung der Wildvogelpopulation am Felchowsee. In Pentaden (aller 5 Tage) wurde eine Zählung aller am See vorhandener Wildvögel nach Art und Anzahl in insgesamt 150 Zählungen vorgenommen. Dabei wurden die Individuen, die sich unmittelbar am und im Gehege aufhielten, gesondert vermerkt. Von insgesamt 187 beobachteten Vogelarten traten monatlich in Abhängigkeit der Jahreszeit bis zu 95 verschiedene Spezies auf. Es wurden die Anzahl an Pentaden, in denen die einzelnen Arten registriert wurden (bis 133 Zählungen beim Höckerschwan) sowie die maximalen Zahlen je Spezies, Pentade und Monat erfasst (bis 12.000 bei Gänsen bzw. 18.000 bei Staren) und monatlich zusammen gestellt. Als Grundlage für die Datenerhebung fand die zoologischen Systematik von Bartel und Helbig (2005) sowie die Roter Liste und Liste der Brutvögel Brandenburgs (Ryslavy *et al.* 2008) Anwendung. Gleichzeitig erfolgte die Erfassung bestimmter Ereignisse während des Beprobungszeitraumes (Luft- und Wassertemperatur, Windrichtung und -stärke,

Niederschlag, Wasserstand, außergewöhnliche Klimadaten, Vogelzugverhalten, Auftreten von Prädatoren), die in Monatsberichten dokumentiert wurden.

### **3.3 Entnahme, Transport und Aufbereitung der Proben**

Zur Probennahme wurden einzeln und steril verpackte Einmaltupfer mit Watteträger und unzerbrechlichen Plastikröhrchen mit einem halbfesten, antibiotikahaltigen Medium (Virocult<sup>®</sup>, Fa. MW&E Corsham, England) verwendet.

Die Gewinnung der Rachen- und Kloakentupferproben erfolgte durch mehrfache kreisförmige Bewegungen der Tupfer entlang der Schleimhäute des Rachenraumes bzw. der Kloake des Vogels. Im Anschluss an die Probenentnahme wurde der Tupfer in das Röhrchen eingeführt und seine Spitze mehrmals zusammengedrückt, um den Wattetupfer mit der antibiotikahaltigen Masse zu befeuchten.

Tupfer, frisch entnommene Kotproben bzw. Tierkörper wurden entweder per Kurier, auf dem Postweg oder durch die Probennehmer selbst zur Landesuntersuchungseinrichtung transportiert. War der Transport innerhalb von 24 Stunden gewährleistet, erfolgte dies gekühlt, anderenfalls wurden die Proben eingefroren versandt. Die dazugehörigen Probenbegleitscheine enthielten Angaben zur beprobten Vogelart, zum Fund- bzw. Beprobungsort, zur Art der Proben, zur individuellen Identifizierung (Ringnummer), zum Frischezustand, zum Gesundheitszustand und zum Alter des Vogels.

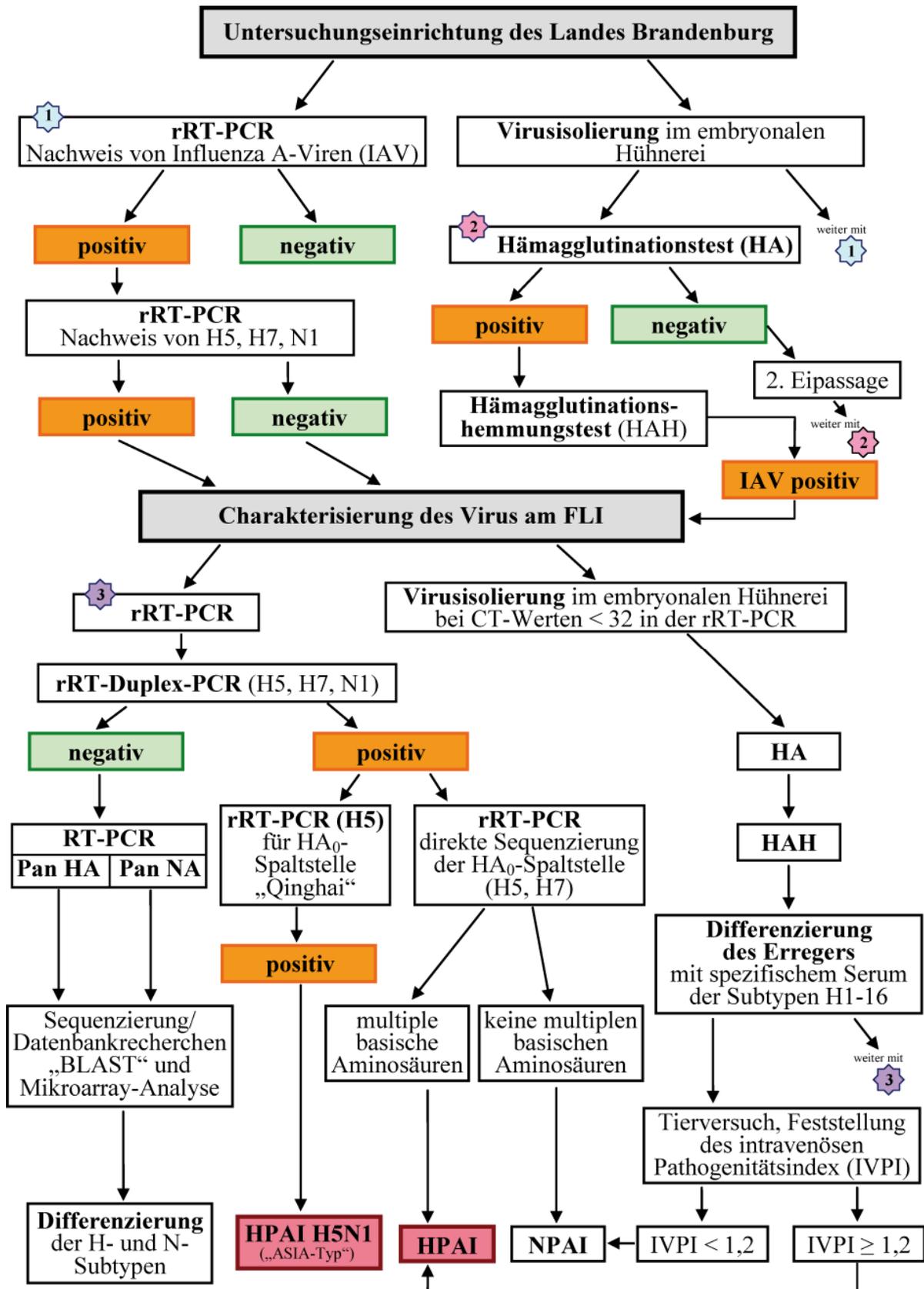
Die Tupferproben wurden in der Untersuchungseinrichtung mit 2 ml antibiotikahaltigem Medium beschickt, 30 min bei 4°C inkubiert, gut durchmischt und nach Eintauchen in das Medium ausgedrückt. Zum Freisetzen intrazellulären Virus wurden die Reagenzröhrchen mit Tupfer für 30 min bei -20°C eingefroren, danach aufgetaut und abgefüllt. Bei den Kotproben wurde eine 10%-ige Aufschwemmung mit dem Medium hergestellt, diese ebenfalls 30 min bei 4°C inkubiert, für 10 min bei 2000 U/min zentrifugiert und der Überstand nach Sterilfiltration unter Einsatz von 0,45 µm Filtern in ein 2ml Reaktionsröhrchen gegeben. Von verendet oder getötet eingesandten ganzen Tierkörpern wurden zunächst Organe (Trachea, Lunge, Niere, Leber, Milz, Gehirn und Ileozäkaltonsille) verarbeitet. Kleine Mengen (je ca. 1g) der Gewebe wurden gepoolt und mit der 4-fachen Menge an antibiotikahaltigem Medium mittels Ultra-Turrax angerieben. Nach Zentrifugation für 10 Minuten bei 3500 rpm wurde der Überstand unter Einsatz von 0,8µm und 0,45 µm Filtern filtriert und auf Blutagarplatten auf Bakterienwachstum untersucht. Im weiteren Verlauf des Untersuchungszeitraumes gelangten vorwiegend Trachealtupfer zur Diagnostik, deren Aufarbeitung in gleicher Weise wie bei Rachen- und Kloakentupfern erfolgte.

Die Proben wurden entweder bis zur weiteren Verarbeitung kurzfristig (max. 24 Stunden) bei Kühlschranktemperatur gelagert oder bei -70°C konserviert. Für den Genomnachweis fand eine Poolung von bis zu fünf Einzelproben statt. Im Fall einer positiven Poolprobe wurden alle im Pool enthaltenen Einzelproben erneut untersucht.

### **3.4 Diagnostische Methoden**

#### **3.4.1 Virologische Untersuchung zum Erregernachweis**

Das Ablaufschema der virologischen Diagnostik ist der Abbildung 7 zu entnehmen. Von allen im Landeslabor im Hämagglutinationstest (HAT) und in der Influenza A Virus spezifischen Reverse Transcriptase-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) bzw. Real-Time RT-PCR (rRT-PCR) als AIV positiv bewerteten Proben wurde Tupferflüssigkeit und z. T. zusätzlich RNA-Extrakt zur Bestätigung und weiteren Abklärung der Befunde an das Nationale Referenzlabor (NRL) für aviäre Influenzaviren, Friedrich-Löffler-Institut (FLI), Insel Riems versandt.



**Abbildung 7:** Ablaufschema zur virologischen Diagnostik im LLBB und am NRL des FLI (H, Hämagglutinin; N, Neuraminidase; PAN HA, PAN Hämagglutinin; PAN NA, PAN Neuraminidase; M, Matrixprotein; RT PCR, Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction; rRT PCR, Real-Time-RT PCR; IVPI, Intravenöser Pathogenitätstest; NPAIV, Niedrig Pathogenes Aviäres Influenzavirus; HPAIV, Hoch Pathogenes Aviäres Influenzavirus; Ct-Wert, Threshold cycle-Wert).

### 3.4.1.1 Virusanzüchtung

Zur Untersuchung auf Erreger mit hämagglutinierenden Eigenschaften erfolgte eine Anzüchtung des aufbereiteten Materials in spezifisch-pathogen-freien (SPF) Hühnereiern mit anschließender Untersuchung auf Hämagglutination (HA) im HAT nach den Vorgaben des diagnostischen Handbuchs zur Diagnose der aviären Influenza gemäß Entscheidung der Kommission (Anonym 2006b) in Verbindung mit den Ausführungen im Terrestrial Manual der OIE (2009b). Die Amnion- und Allantoisflüssigkeiten (AAF) wurden geerntet und sowohl auf HA als auch in der RT-PCR bzw. rRT-PCR getestet. Bei einer positiven HA war eine Prüfung auf bakterielle Kontamination notwendig. Gab es keine positive Reaktion, schloss sich eine zweite Eipassage mit unverdünnter AAF an. Nach erfolgreicher Virusanzüchtung im embryonierten Hühnerei erfolgte bei AIV positiven, in der rRT-PCR nicht als H5, H7 oder N1-identifizierten Stämmen eine Subtypisierung der H- und N-Proteine mittels Hämagglutinationshemmungstest (HAH). Gleichzeitig fand mittels HAH ein differentialdiagnostischer Ausschluss von Newcastle Disease Virus (NDV) statt.

### 3.4.1.2 Molekularbiologische Methoden

Entsprechend des Ablaufschemas erfolgte parallel zur Virusanzüchtung eine Identifizierung von AIV über einen Nachweis viraler RNA mittels rRT-PCR, die einen Teil des Matrixprotein-Gens amplifiziert. Als methodische Grundlagen dienten die Ausführungen im Diagnosehandbuch (Anonym 2006b) bzw. von Spackman *et al.* (2002). Modifiziert wurde die Untersuchungsmethodik entsprechend der Vorgaben des NRL, FLI, Insel Riems (Protokoll Dr. Bernd Hoffmann vom 14.03.2005), welches in der Untersuchungseinrichtung des Landes Brandenburg Anwendung fand und nach Mitteilung des FLI am 30.07.2010 durch den Einsatz eines zusätzlichen reversen Primers geändert wurde. Zur Nukleinsäureextraktion fanden zwei verschiedene Testkits Anwendung. Bei der Bearbeitung von bis zu 22 Proben kam das High Pure Viral RNA Kit (Fa. Roche), bei mehr als 22 Proben das innuPrep BVDV/INFL/SP RNA Kit – KFFLX (Fa. Analytik Jena) zum Einsatz. Verliefe diese Untersuchung positiv, schloss sich eine molekularbiologische Differenzierung der Subtypen H5, H7 und N1 entsprechend den Vorgaben des NRL, FLI, Insel Riems an. Dabei dienten für den AIV H5N1-Genomnachweis die Laboranweisung zur rRT-PCR AIV-H5N1 duplex A (Protokoll Dr. Bernd Hoffmann vom 03.06.2006) und für den H7-Genomnachweis die Laboranweisung zur rRT-PCR AIV-H7-2 (Protokoll Dr. Bernd Hoffmann vom 03.06.2006) als Grundlage. Die PCR AIV H5N1 wurde als zwei getrennt von einander ablaufende simplexe Reaktionen durchgeführt. Ab dem 18.06.2010 fand nach Validierung ein von den Protokollen abweichender Mastermix (AgPath ID One Step RT-PCR Kit, Nr. 438 7391, Fa. Applied Biosystems) Anwendung.

An der Untersuchungseinrichtung des Landes Brandenburg als AIV positiv bewertete Proben wurden am NRL, FLI, Insel Riems zwecks weiterer Differenzierung des Virus bearbeitet. Bei als H5- oder H7- Subtypen identifizierten Viren schloss sich eine direkte Nukleotidsequenzierung über eine H<sub>0</sub>-Spaltstellenanalyse zur Differenzierung von AIV in HPAIV und NPAIV an. Handelte es sich um H5-Subtypen, wurde eine nähere Charakterisierung zum Nachweis von H5 „Qinghai“ (HPAIV H5N1) durchgeführt (Hoffmann *et al.* 2007). Bei AIV positiven non-H5 und non-H7 PCR-Ergebnissen erfolgte anschließend sowohl eine PAN-HA PCR nach Gall *et al.* (2008) als auch eine PAN-NA PCR nach Gall *et al.* (2009a). Das dabei entstandene PCR-Amplifikat wurde sequenziert und der Subtyp in einer Datenbankabfrage (BLAST) ermittelt. Neben der Bestimmung der H- und N-Subtypen mittels PAN-PCR fand zur Subtypisierung seit 2009 ein Microarray nach Gall *et al.* (2009b) Anwendung. In der Tabelle 9 sind die Methoden mit der Angabe zur Dauer bis zur Diagnosestellung aufgeführt.

**Tabelle 9:** Dauer der Untersuchungsmethoden zur Diagnostik der aviären Influenzaviren nach den Ausführungen der Methodensammlung des FLI (2011a).

Methodik	Dauer in Tagen
PCR zum Nachweis AIV bzw. H5, H7 oder N1 am Landeslabor	1 – 2
PCR zum Nachweis AIV H5 oder H7 einschließlich Pathotypisierung (H5)	1 – 3
Pathotypisierung mittels Nukleotidsequenzierung	2 – 4
Virusanzüchtung im embryonierten Hühnerei und H- Subtypisierung	3 – 6
Tierversuch zur Feststellung der Pathogenität zur Bestätigung HPAI (IVPI>1,2)	14
Max. Dauer des Tierversuches bei fortgesetzter Passagierung (IVPI=0 bis <1,2)	21

### 3.4.2 Indirekter Erregernachweis

Für den Nachweis von gegen AIV gerichteten Antikörpern (AK) wurde ein kommerziell erhältlicher, vom FLI zugelassener ELISA-Testkit (Fa. IDEXX Laboratories, USA) eingesetzt. Die Durchführung der AK-Untersuchung erfolgte entsprechend den Angaben des Herstellers.

Zudem fand eine Prüfung aller Seren im Hämagglutinationshemmungstest (HAH) entsprechend der Ausführungen im diagnostischen Handbuch zur Diagnose der aviären Influenza gemäß Entscheidung der Kommission (Anonym 2006b) statt. Die Aliquots der verwendeten Antigene sind in Tabelle 36 im Anhang aufgeführt.

### **3.5 Datenauswertung**

#### **3.5.1 Daten des Wildvogelmonitorings**

Die Zusammenstellung der Daten erfolgte in Exceltabellen (Software: Office 2003), deren Grundlage die Angaben aus dem Landeslabor Berlin-Brandenburg (LLBB) und der AI-Datenbank (AI-DB) des FLI bildeten (2011c). Für das Jahr 2006 fand die Dokumentation im Landeslabor zunächst ausschließlich über die Laborsoftware „LADIA“ (Fa. Pro Systema) statt. Diese Daten wurden später nach Formatierung durch das FLI, Standort Wusterhausen, in die AI-DB übertragen. Die Eingaben der Primärdaten in die AI-DB nahmen die Mitarbeiter des LLBB vor. Diese wurden durch Daten des FLI ergänzt, falls eine weitere Charakterisierung von im Landeslabor als AIV positiv getesteten Proben stattgefunden hatte. Positive AIV-Ergebnisse konnten durch Kartendarstellungen zur Befunderhebung mittels AI-DB generiert und Angaben zur geographischen Verteilung der beprobten Wildvögel aus dem Programm TSN (Tierseuchennachrichten) 3.0 (FLI 2011b) hergeleitet werden. Bei der AI-DB und TSN 3.0 handelt es sich um Internetplattformen mit begrenztem Zugang.

Die Auswertung berücksichtigte die in den Ausgangsdaten bereitgestellten Parametern zu Datum der Probenahme, Vogelart, Probenart (Tupfer, Kot, Tierkörper, Organe), Zustand der beprobten Tiere (lebend, tot, gesund, krank beprobt), geographische Herkunft (Kreis und Gemeinde) und AIV-Befund (positiv, negativ, Subtyp). Zudem fanden bei H5- oder H7-Subtypen Angaben des FLI zur Spaltstellenanalyse zwecks Feststellung der Pathogenität (Nachweis von multiplen basischen Aminosäuren) Berücksichtigung. Zusammenhänge zwischen diesen Daten und dem Anteil an AIV-Prävalenzen wurden daraus abgeleitet. Alle am Landeslabor als AIV positiv getesteten Proben wurden in der Auswertung als positiv definiert. Die Ergebnisse der Untersuchungen am FLI ergaben jedoch nicht bei allen am Landeslabor als positiv beurteilten Werten eine Bestätigung des AIV positiven Befundes. Dies wurde in der Auswertung entsprechend ausgeführt. Eine Bewertung von HPAIV H5N1-Befunden wurde zudem vorgenommen.

#### **3.5.2 Daten der Sentinelanlage**

Die Zusammenstellung der Daten zu Anzahl und Zeitpunkt der Probennahmen bezogen auf die Ergebnisse zu AIV-positiven bzw. AIV-AK-positiven Daten erfolgte in Exceltabellen (Software: Office 2003). Bei der Auswertung der positiven Ergebnisse wurden Probenart, Anzahl an positiven Enten je Beprobung und saisonale Unterschiede berücksichtigt. Die Bewertung der AIV-Befunde des Landeslabors fand in gleicher Weise wie beim Wildvogelmonitoring statt. Zudem wurde über eine Erfassung der Wildvögel nach Art und Anzahl in Pentaden (aller fünf Tage) eine Verknüpfung hergestellt, um mögliche Zusammenhänge zwischen dem Auftreten von bestimmten Wildvögeln im Hinblick auf

Anzahl und Art sowie positive AIV-Befunde unter besonderer Beachtung von am und im Gehege beobachteten Vögeln zu ermitteln.

Der Nachweis von AIV-Antikörpern diene dem Versuch, Art und Dauer der Immunantwort auf einen Kontakt bzw. eine Infektion der Wildvögel mit dem AIV festzustellen. Es galt herauszustellen, ob sich eine Sentinelanlage in der vorliegenden Form als Ergänzung zum Wildvogelmonitoring eignet.

### 3.6 Statistische Auswertung

Zwecks Feststellung des Vorkommens von AIV bei bestimmten Wildvogelarten im Untersuchungsgebiet und –zeitraum wurden AIV-Prävalenzen ermittelt. Die Prävalenz oder Merkmalshäufigkeit gibt Auskunft über die Anzahl merkmalspositiver Individuen einer bestimmten Gruppe (Population) definierter Größe während einer bestimmten Zeitperiode (Kreienbrock 2005).

Die Berechnung erfolgte mit folgender Formel:  $P = a \times 100/n$

P = Prävalenz in %

a = Anzahl AIV positiver Tiere

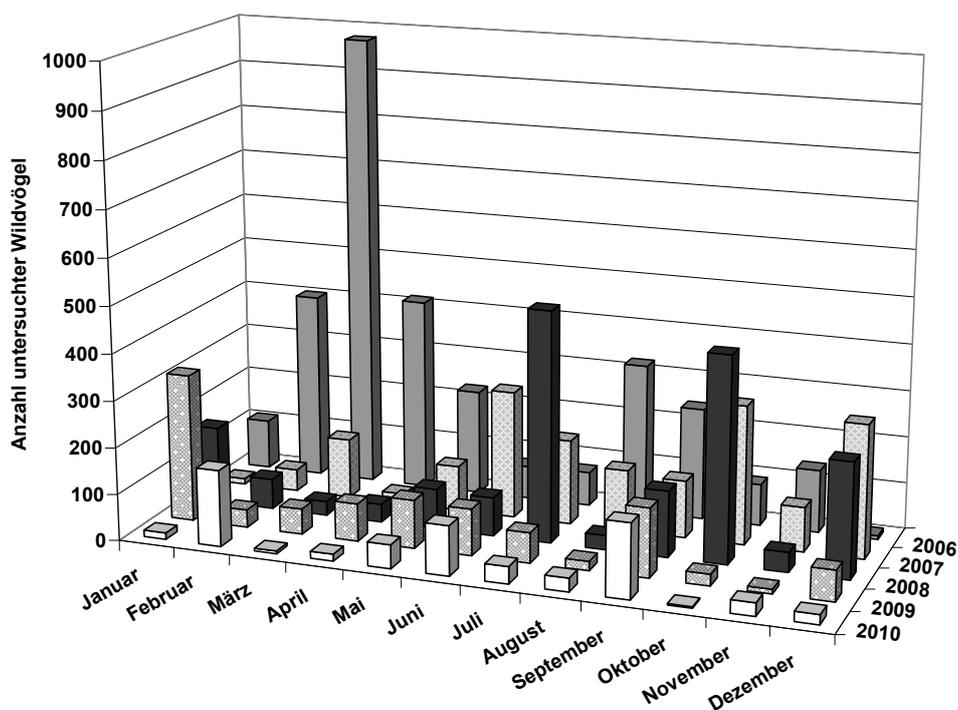
n = Anzahl untersuchter Tiere

Bei kategorischen Variablen wurde der exakte Fisher-Test mit Hilfe der Software R (<http://cran.r-project.org/>) eingesetzt. Als kritische Grenze wurde p kleiner als 0,05 gewählt. Die statistischen Tests wurden eingesetzt, um Hinweise auf eine mögliche Veränderung im Vergleich zu rein zufälligen Abweichungen zu erhalten. Da auf Grund des Charakters des Wildvogelmonitorings keine gezielte Planung im Hinblick auf eine direkte Vergleichbarkeit repräsentativer Zufallsstichproben möglich gewesen ist, sind die angegebenen Überschreitungswahrscheinlichkeiten (p-Werte) als zusätzliche explorative Komponente aufzufassen. Die Berechnung der Konfidenzintervalle für die Prävalenz und die logistische Regression zur deskriptiven Untersuchung des Zusammenhangs zwischen dem Auftreten von NPAIV und der Anwesenheit von Zugvögeln erfolgte ebenfalls mit Hilfe der Software R.

## 4 Ergebnisse

### 4.1 Wildvogelmonitoring in Brandenburg zum Nachweis von aviären Influenzaviren

Das Wildvogelmonitoring von 2006 bis 2010 erfasste insgesamt 8.290 Wildvögel (s. Tabelle 8). Abbildung 8 stellt die Verteilung der untersuchten Proben dar. Die Anzahl variierte zwischen den Jahren und Monaten erheblich. Im Jahr 2006 gab es auf Grund von zahlreichen Nachweisen des HPAIV des Subtyps H5N1 in Brandenburg von Februar bis April ein besonders hohes Probenaufkommen (n=3.064). In den darauffolgenden Jahren 2007 (n=1.696), 2008 (n=1.867), 2009 (n=1.090) und 2010 (n=634) wurden insbesondere bei Fang- und Beringungsaktionen, aber auch bei Gesellschaftsjagden gehäuft Proben insbesondere von Wasservögeln entnommen (s. Tabelle 10).



**Abbildung 8:** Zeitliche Verteilung des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg.

**Tabelle 10:** Beprobungsumfang an Wasservögeln im Untersuchungszeitraum 2006-2010 in Brandenburg

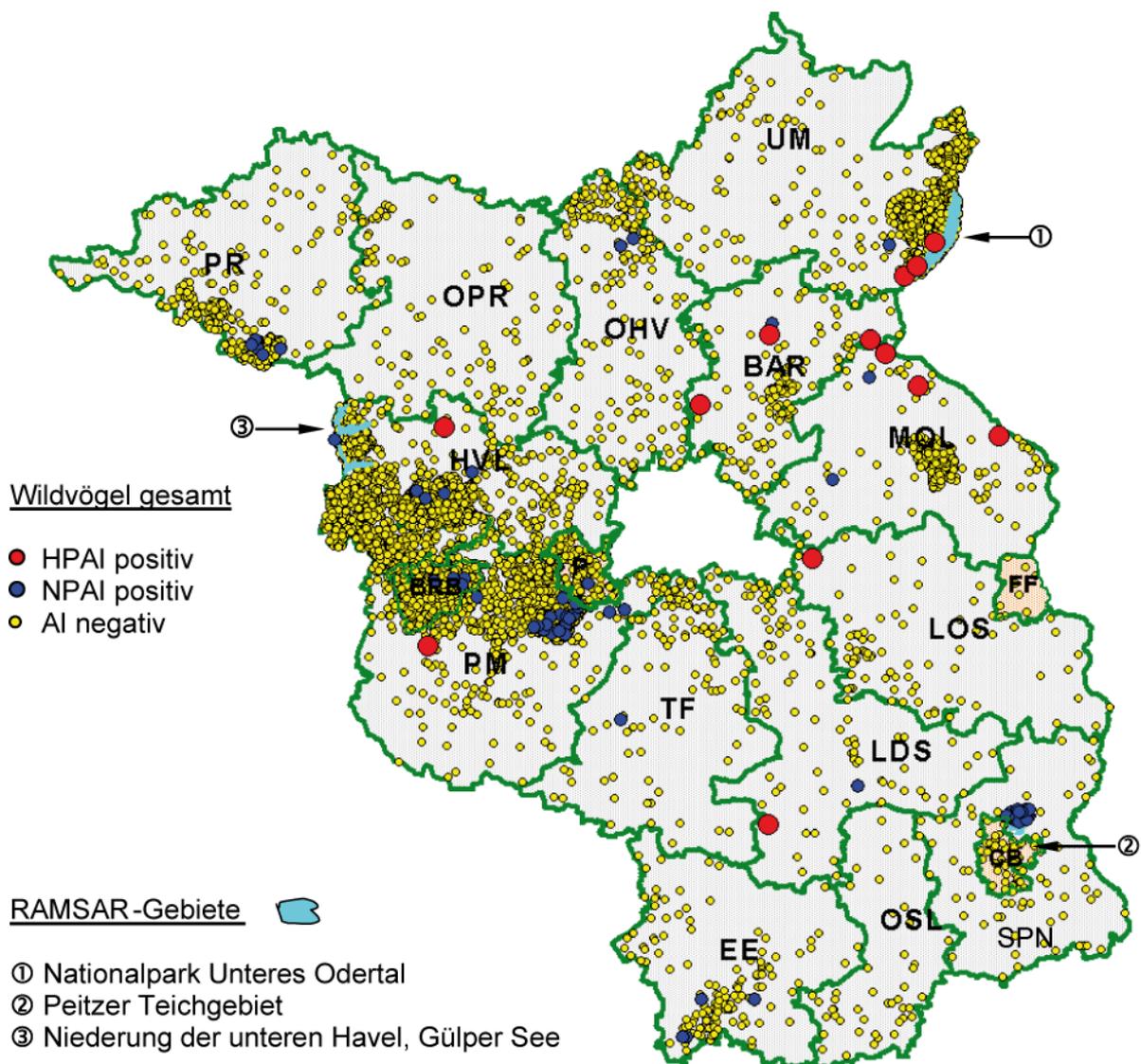
Jahr	2006	2007	2008	2009	2010	Gesamt
Anzahl untersuchte Wasservögel	997	711	745	233	231	2.917

Tabelle 11 gibt eine Übersicht über die Untersuchungszahlen von aktivem und passivem Monitoring während des Wildvogelmonitorings von 2006 bis 2010 in Brandenburg. Die Verteilung variiert in den einzelnen Jahren erheblich. Waren es 2006 überwiegend tot beprobte Wildvögel (69,2%), so standen in den Folgejahren mehrheitlich Proben aus dem aktiven Monitoring zur Verfügung (82,2% bis 93,2%).

**Tabelle 11:** Verteilung des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg nach Monitoringklassen, länger tot entspricht einer bereits eingetretenen Autolyse.

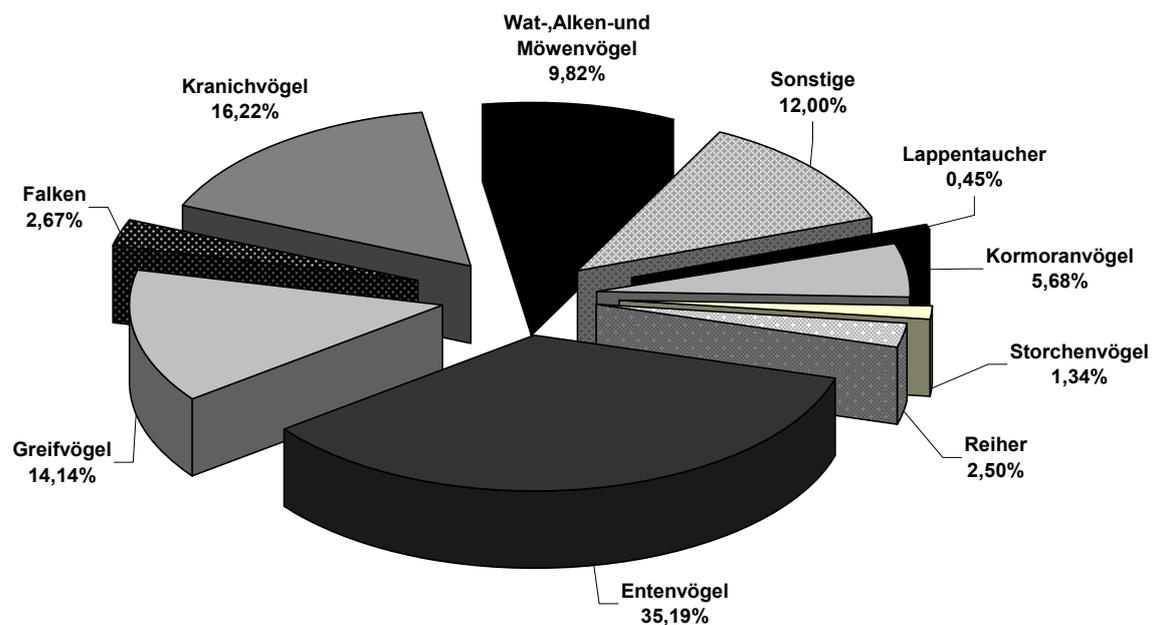
Monitoringklasse		Anzahl Wildvogeluntersuchungen 2006-2010					
		2006	2007	2008	2009	2010	2006-2010
<b>passives Monitoring</b>		2.122	302	231	115	43	2.813
davon:	verendet	2.122	0	0	0	0	2.122
	frisch tot	0	235	220	108	43	606
	länger tot	0	64	8	6	0	78
	tot Tierfraß	0	3	3	1	0	7
<b>aktives Monitoring</b>		942	1.394	1.636	914	591	5.477
davon:	lebend krank	2	11	0	2	1	16
	lebend gesund	788	1.289	1.472	730	441	4.720
	gesund erlegt	152	90	163	182	149	736
	krank erlegt	0	4	1	0	0	5
<b>Gesamt</b>		3.064	1.696	1.867	1.029	634	8.290

In Abbildung 9 werden die Orte der im Untersuchungszeitraum 2006-2010 im Rahmen des Wildvogelmonitorings in Brandenburg 8.290 beprobten Wildvögel dargestellt. Gleichzeitig sind alle NPAIV (n=90, blau) und HPAIV (n=21, rot) positiven Vögel markiert. Einzelne Punkte sind mehrfach belegt, wenn am gleichen Ort nicht nur ein Vogel als positiv bewertet worden ist. Die drei in Brandenburg als Ramsargebiete definierten Feuchtgebiete (s. Abschnitt 2.3.2) von besonderer Bedeutung wurden in der Grafik gesondert gekennzeichnet. Die Mehrzahl der Beprobungen fand im Rahmen organisierter Fang- und Beringungsaktionen der Vogelschutzwarte Nennhausen in den gewässerreichen Regionen der Landkreise Havelland (n=2.274) Potsdam-Mittelmark (n=1.232), und Uckermark (n=1.117) statt. Zudem wurden im Landkreis Spree-Neiße im Rahmen von Gesellschaftsjagden an den Peitzer Teichen Wasservögel, insbesondere Stockenten, beprobt.



**Abbildung 9:** Regionale Verteilung der Beprobungsorte des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg mit Angaben zu NPAIV- und HPAIV-Befunden (BAR, Landkreis (LK) Barnim; BRB, Stadt Brandenburg; CB, Stadt Cottbus; EE, LK Elbe-Elster; FF, Stadt Frankfurt/Oder; HVL, LK Havelland; LDS, LK Dahme-Spreewald; LOS, LK Oder-Spree; MOL, LK Märkisch-Oderland; OHV, LK Oberhavel; OPR, LK Ostprignitz-Ruppin; OSL, LK Oberspreewald-Lausitz; P, Stadt Potsdam; PM, LK Potsdam-Mittelmark; PR, LK Prignitz; SPN, LK Spree-Neiße; TF, LK Teltow-Fläming; UM, LK Uckermark).

Abbildung 10 gibt einen Überblick über den Anteil der einzelnen Vogelordnungen am Untersuchungsspektrum. Mit einer Größenordnung von mehr als einem Drittel wurden Entenvögel beprobt. Bei weiteren Risikospezies wie Wat-, Alken- und Möwenvögeln sowie Greifvögeln lag der Probenumfang bei 9,8% bzw. 14,1%. Fasst man sonstige wassergebundene Arten zusammen (Lappentaucher, Kormoranvögel, Kranichvögel und Reiher), so ergibt sich ein Anteil von einem Viertel der gesamten Wildvögel, wobei unter den Kranichvögeln fast ausschließlich Rallen beprobt worden sind.



**Abbildung 10:** Anteil einzelner Vogelordnungen am Gesamtspektrum des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg (n=8.290).

#### 4.1.1 Nachweis von hochpathogenem aviären Influenzavirus des Typs H5N1 im Untersuchungszeitraum 2006-2010

Im Rahmen eines globalen HPAI H5N1-Geschehens im Winter und Frühjahr 2006 in Deutschland und Europa war auch Brandenburg betroffen. Bei 21 von allen im Jahr 2006 beprobten Wildvögeln (n=3.064) wurde das Virus diagnostiziert. In den Jahren 2007-2010 waren im Rahmen des Wildvogelmonitorings keine weiteren hochpathogenen AIV nachweisbar.

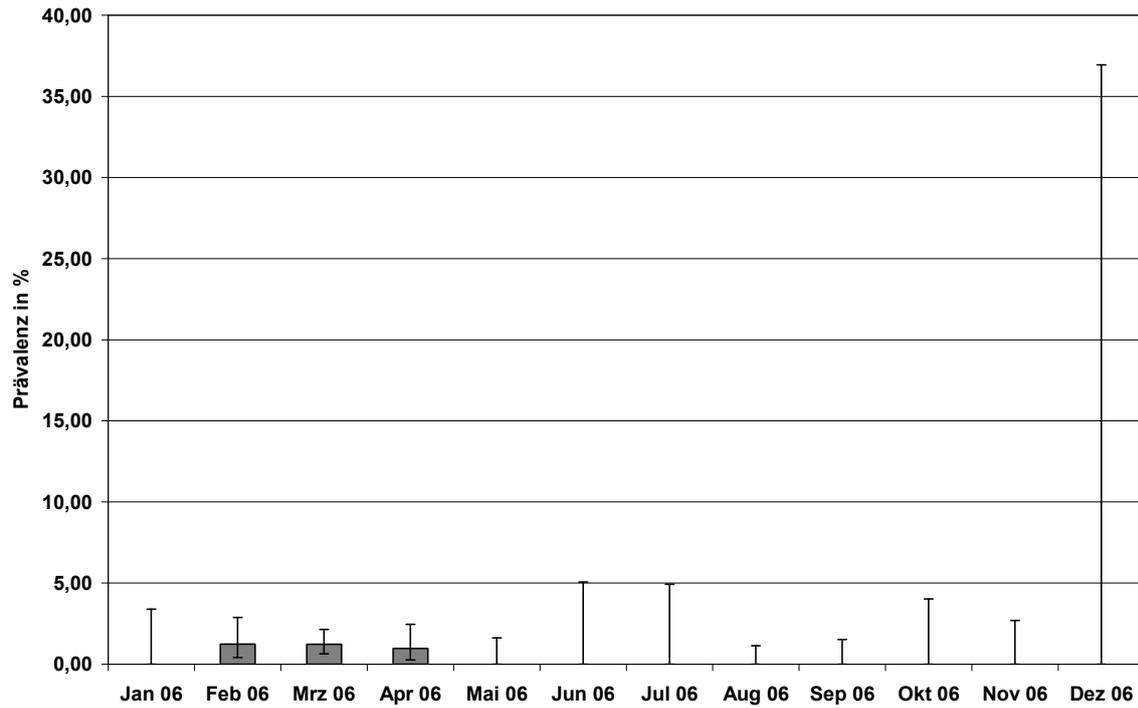
##### 4.1.1.1 Zeitliche Verteilung der HPAIV H5N1-Befunde

Die monatliche Verteilung der Nachweisraten berechnet auf den gesamten Untersuchungszeitraum wird in Tabelle 12 dargestellt. Die Prävalenzen liegen bei 0,7% in Februar und April bzw. bei 1,0% im März mit oberen Konfidenzintervallgrenzen unter 1,8%. In allen anderen Monaten konnten HPAIV nicht festgestellt werden.

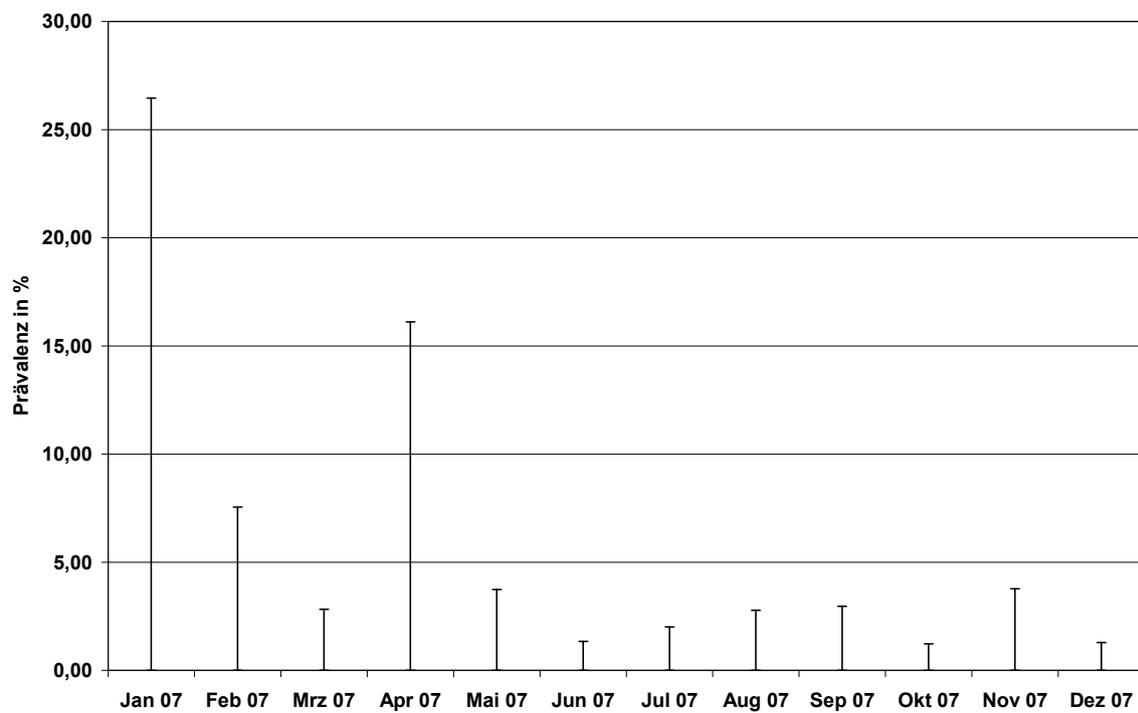
**Tabelle 12:** Monatliche Verteilung des Wildvogelmonitorings 2006 bis 2010 in Brandenburg mit HPAIV H5N1-Prävalenz und Konfidenzintervallen.

Monat	Gesamt 2006-2010			
	Anzahl HPAIV H5N1 positiv	Anzahl Untersuchungen	HPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
Januar 06-10	0	615	0,00	0-0,598
Februar 06-10	5	716	0,70	0,2271-1,6221
März 06-10	12	1.196	1,00	0,5195-1,7461
April 06-10	4	570	0,70	0,1915-1,787
Mai 06-10	0	565	0,00	0-0,6508
Juni 06-10	0	635	0,00	0-0,5792
Juli 06-10	0	852	0,00	0-0,432
August 06-10	0	533	0,00	0-0,6897
September 06-10	0	812	0,00	0-0,4533
Oktober 06-10	0	856	0,00	0-0,43
November 06-10	0	312	0,00	0-1,1754
Dezember 06-10	0	628	0,00	0-0,5857
<b>Gesamt 06-10</b>	21	8.290	0,25	0,1569-0,387

Ausschließlich 2006 gab es 21 Fälle von HPAIV H5N1, die sich auf die Monate Februar (n=5), März (n=12) und April (n=4) beschränkten. Die Prävalenzen schwanken in diesen Monaten auf das Jahr 2006 bezogen nur gering zwischen 0,97% und 1,24%. Wie in Abbildung 11 erkennbar, differiert das Konfidenzintervall dagegen erheblich. Lag es in den Monaten Januar bis November im Bereich bis 5%, so betrug es im Dezember ca. 37%. Diese Variabilität ist ausschließlich dem geringen Untersuchungsumfang im Dezember geschuldet. Der Probenumfang von acht untersuchten Vögeln in diesem Monat hätte nicht ausgereicht, um HPAIV sicher zu detektieren. Vergleicht man in Abbildung 11 und 12 das Jahr 2006 mit 2007, so hat es zwar keine HPAI-Fälle im Jahr 2007 gegeben, jedoch zeigen auch hier die oberen Konfidenzintervallgrenzen Werte insbesondere in den Monaten Januar, Februar und April, dass ein sicherer Nachweis von HPAIV z. B. im Januar erst bei einer Prävalenz von mindestens 27% in der Wildvogelpopulation erfolgt wäre und somit im Hinblick auf den Stichprobenumfang nicht sicher ausgeschlossen werden kann. Zwischen den einzelnen Monaten lassen sich keine signifikanten Unterschiede erkennen.



**Abbildung 11:** Monatliche Verteilung der HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen **2006** in Brandenburg



**Abbildung 12:** Monatliche Verteilung der HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen **2007** in Brandenburg.

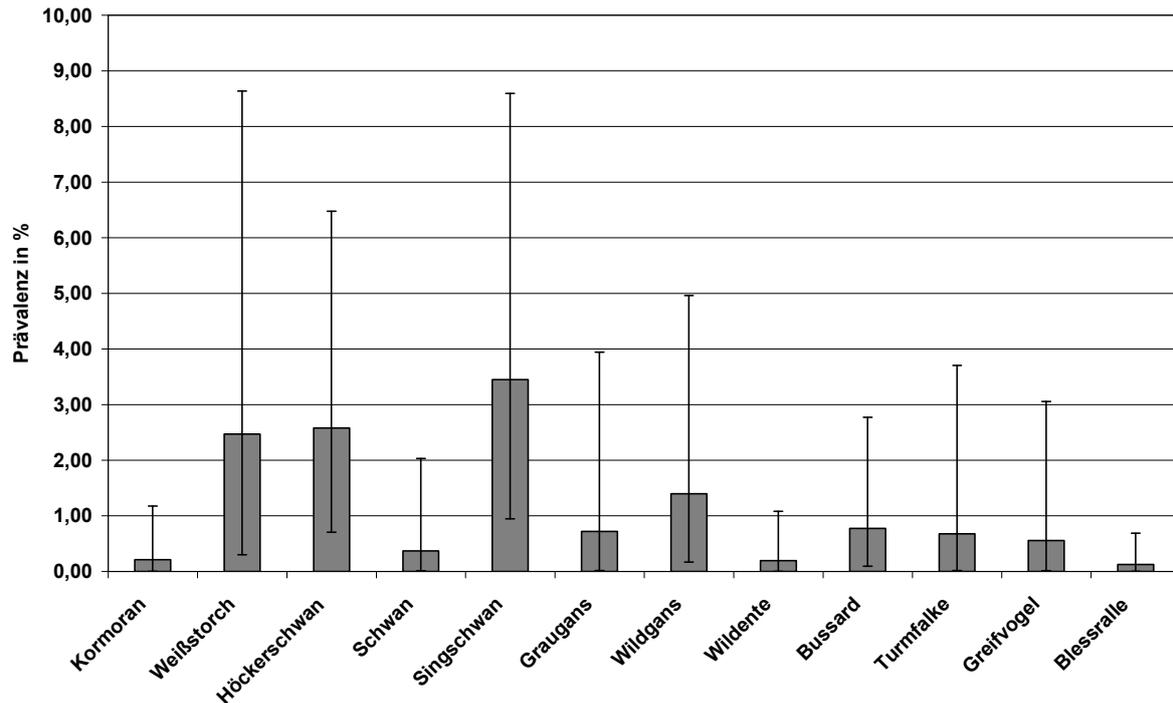
#### 4.1.1.2 Speziesspezifische Verteilung der HPAIV H5N1-Befunde

In Tabelle 13 sind alle 21 HPAIV H5N1 positiven Vögel aufgeführt. Es ließen sich entsprechend der vorhandenen Aufzeichnungen sieben betroffene Spezies eindeutig zuordnen. Darüber hinaus gab es bei sieben positiven Fällen ungenauere Angaben wie Wildente, Wildgans, Greifvogel, Schwan und Bussard. Der größte Anteil an positiven Vögeln fand sich bei Schwänen mit neun Tieren, wobei der einheimische Höckerschwan ebenso beteiligt war wie der nach Nordeuropa ziehende Singschwan. Insgesamt nahmen Wasservögel einschließlich wassergebundener Arten mit 15 positiven Fällen neben vier Greifvögeln und zwei Weißstörchen den Hauptanteil ein. Offensichtlich handelte es sich bei den Wasservögeln vor allem um größere Arten.

**Tabelle 13:** HPAIV H5N1-Nachweise bei allen betroffenen Wildvogelarten 2006 in Brandenburg mit Prävalenzen und Konfidenzintervallen bezogen auf den Zeitraum 2006-2010.

Vogelart	Gesamt 2006-2010			
	Anzahl HPAIV H5N1 positiv	Anzahl Untersuchungen	HPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
<b>Kormoran (<i>Phalacrocorax carbo</i>)</b>	1	471	0,21	0,0054-1,1772
<b>Weißstorch (<i>Ciconia ciconia</i>)</b>	2	81	2,47	0,3004-8,6363
<b>Höckerschwan (<i>Cygnus olor</i>)</b>	4	155	2,58	0,7075-6,4755
<b>Schwan</b>	1	272	0,37	0,0093-2,0313
<b>Singschwan (<i>Cygnus cygnus</i>)</b>	4	116	3,45	0,9474-8,5938
<b>Graugans (<i>Anser anser</i>)</b>	1	139	0,72	0,0182-3,9431
<b>Wildgans</b>	2	143	1,40	0,1698-4,9608
<b>Wildente</b>	1	512	0,20	0,0049-1,0834
<b>Bussard</b>	2	258	0,78	0,094-2,7721
<b>Turmfalke (<i>Falco tinnunculus</i>)</b>	1	148	0,68	0,0171-3,707
<b>Greifvogel</b>	1	180	0,56	0,0141-3,0563
<b>Blessralle (<i>Fulica atra</i>)</b>	1	808	0,12	0,0031-0,6876

Abbildung 13 zeigt, dass die höchsten Prävalenzen bei Höckerschwan (2,58%) und Singschwan (3,45%) vorgelegen haben. Jedoch wird auf Grund der oberen Konfidenzintervallgrenzen deutlich, dass erst bei einer Prävalenz von 6,5% (Höckerschwan) bzw. 8,6% (Singschwan) HPAIV H5N1 sicher diagnostiziert worden wäre. Bei den überwiegend breiten Konfidenzintervallen finden sich keine signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Vogelarten.



**Abbildung 13:** HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen bei allen betroffenen Vogelarten bezogen auf den Untersuchungszeitraum 2006-2010.

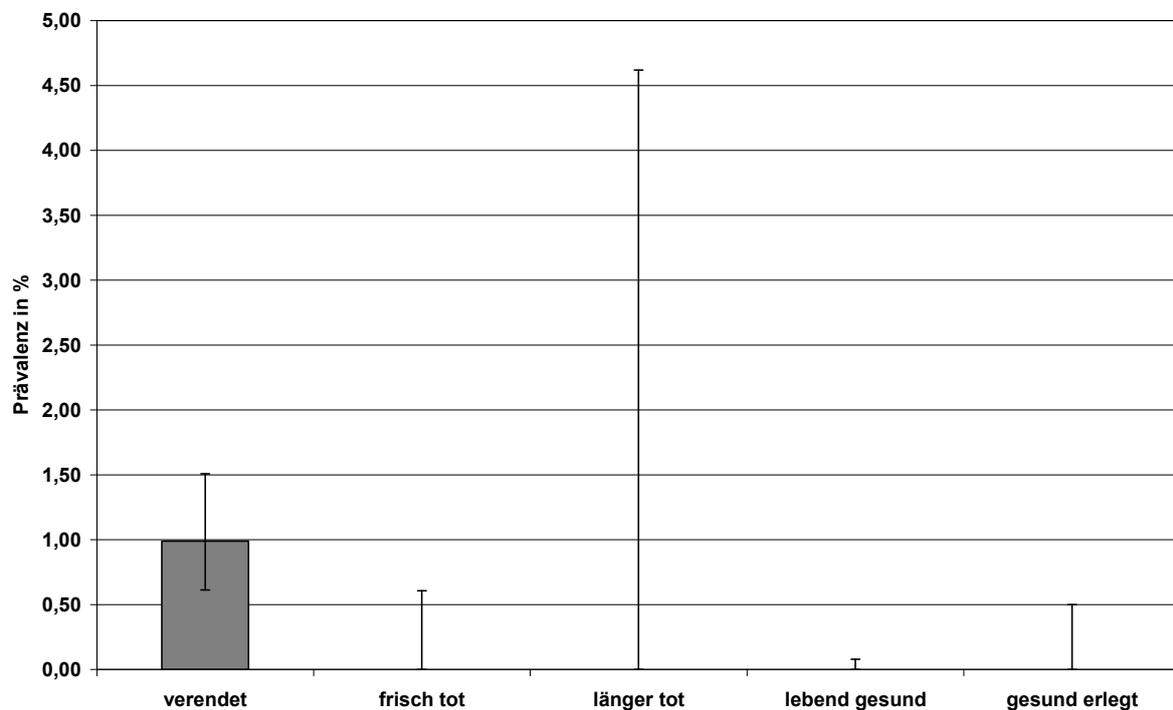
#### 4.1.1.3 Verteilung der HPAIV H5N1-Befunde bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel

In der Datenbank zur Erfassung der aviären Influenza bei Wildvögeln (AI-DB) unterscheidet man, ob es sich um lebende, erlegte oder verendete Tiere handelt. Bei lebend beprobten Vögeln wird zudem vermerkt, ob die Tiere klinisch gesund oder krank gewesen sind. Ausschließlich bei verendeten Vögeln war in Brandenburg das HPAIV H5N1 nachweisbar, wobei in der weiteren Stratifizierung der Daten 2006 noch nicht zwischen frisch, länger tot bzw. tot und Tierfraß unterschieden worden ist.

**Tabelle 14:** Wildvogelmonitoring 2006-2010 in Brandenburg mit HPAIV H5N1-Prävalenzen und Konfidenzintervallen bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel, länger tot entspricht einer bereits eingetretenen Autolyse.

Zustand	Gesamt 2006-2010			
	Anzahl HPAIV H5N1 positiv	Anzahl Untersuchungen	HPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
verendet	21	2.122	0,99	0,6136-1,5088
frisch tot	0	606	0,00	0-0,6069
länger tot	0	78	0,00	0-4,6192
tot Tierfraß	0	7	0,00	0-40,9616
lebend krank	0	16	0,00	0-20,5907
lebend gesund	0	4.720	0,00	0-0,0781
gesund erlegt	0	736	0,00	0-0,5
krank erlegt	0	5	0,00	0-52,1824
<b>Gesamt</b>	21	8.290	0,25	0,1569-0,387

In Abbildung 14 lassen sich signifikante Prävalenzunterschiede zwischen verendeten und lebend beprobten Wildvögeln erkennen (Fisher Exakt-Test,  $p < 0,05$ ). Bei einer oberen Konfidenzintervallgrenze von 1,5% kann man davon ausgehen, dass bei einer Untersuchungszahl von weit über 2.000 verendeten Vögeln HPAIV positive Tiere sicher erkannt worden wären.



**Abbildung 14:** HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel im Zeitraum 2006-2010 in Brandenburg.

#### 4.1.2 Nachweis von niedrigpathogenem aviären Influenzavirus im Untersuchungszeitraum 2006-2010

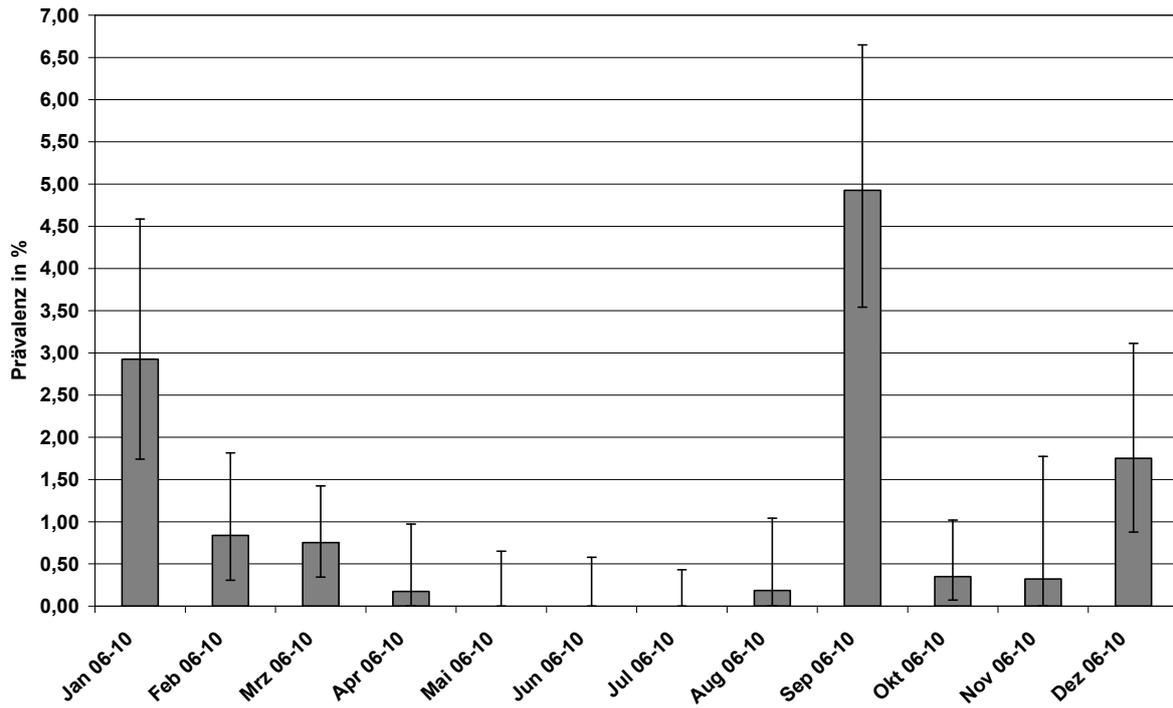
##### 4.1.2.1 Zeitliche Verteilung der NPAIV-Befunde

Tabelle 15 weist die monatliche Verteilung der untersuchten sowie die Anzahl der NPAIV positiven Vögel aus. Ein besonders hohes Probenaufkommen gab es im März, wobei der März 2006 die Mehrzahl der Proben beisteuerte (n=976). Die höchsten Nachweisraten fanden sich im Januar (18x NPAIV, 2,93% Prävalenz), im März (9x NPAIV, 0,75% Prävalenz), im September (40x NPAIV, 4,93% Prävalenz) und im Dezember (11x NPAIV, 1,75% Prävalenz). Von Mai bis Juni waren in den untersuchten Proben keine NPAIV nachweisbar. Somit war das Risiko für Wildvögel, mit NPAIV infiziert zu sein, im Winterhalbjahr (September bis März) signifikant (27mal) höher als in den Sommermonaten von April bis August (Fisher Exakt-Test,  $p < 0,001$ ).

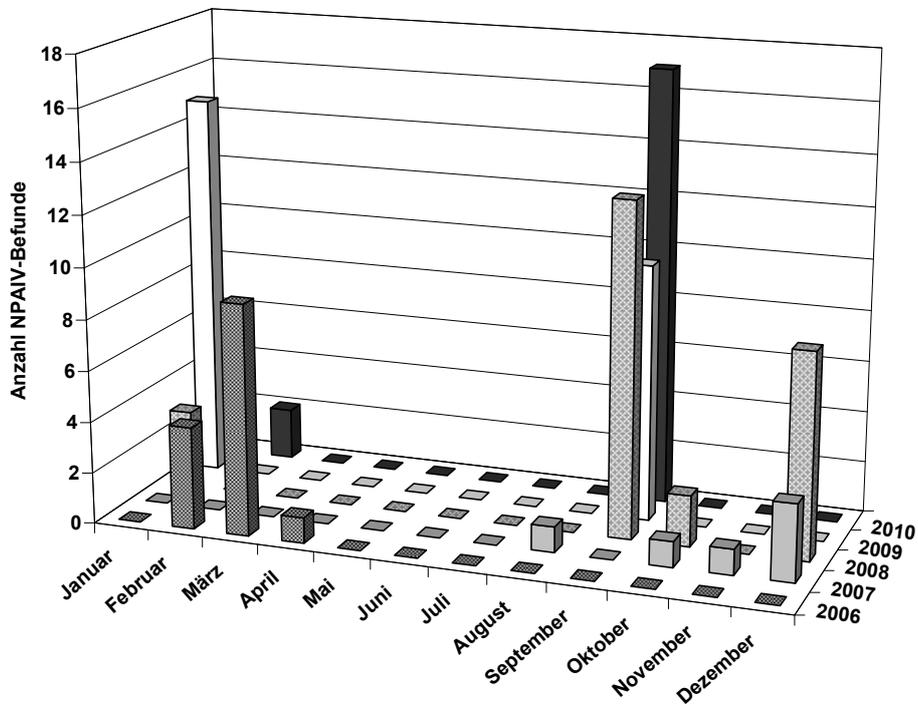
**Tabelle 15:** Monatliche Verteilung der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen 2006-2010 in Brandenburg.

Monat	Gesamt 2006-2010			
	Anzahl NPAIV positiv	Anzahl Untersuchungen	NPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
Januar 06-10	18	615	2,93	1,7437-4,5863
Februar 06-10	6	716	0,84	0,3081-1,815
März 06-10	9	1.196	0,75	0,3447-1,4237
April 06-10	1	570	0,18	0,0044-0,9736
Mai 06-10	0	565	0,00	0-0,6508
Juni 06-10	0	635	0,00	0-0,5792
Juli 06-10	0	852	0,00	0-0,432
August 06-10	1	533	0,19	0,0047-1,0409
September 06-10	40	812	4,93	3,5423-6,6478
Oktober 06-10	3	856	0,35	0,0723-1,0208
November 06-10	1	312	0,32	0,0081-1,7728
Dezember 06-10	11	628	1,75	0,8775-3,1124
<b>Gesamt 06-10</b>	90	8.290	1,09	0,8739-1,3328

In Abbildung 15 wird ein signifikanter Unterschied zwischen der Nachweisrate im September mit einem Konfidenzintervall von 3,5% bis 6,6% und den anderen Monaten des Jahres (Fisher Exakt-Test,  $p < 0,05$ ) mit Ausnahme des Januars (Fisher Exakt-Test,  $p = 0,05943$ ) deutlich. Insbesondere in diesem Monat fanden in den Jahren 2008-2010 Gesellschaftsjagden statt, in denen zahlreiche Proben mit NPAIV-Befunden bei erlegten Vögeln eingesandt wurden.

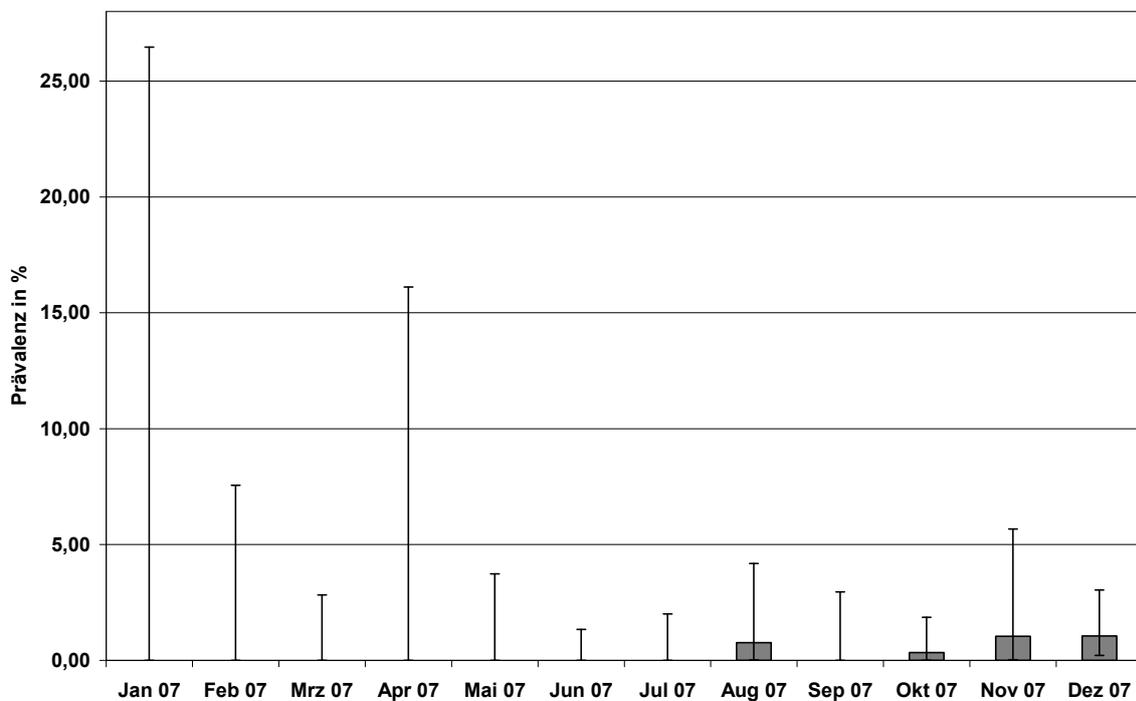


**Abbildung 15:** Monatliche Verteilung der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen 2006-2010 in Brandenburg.



**Abbildung 16:** Zeitliche Verteilung der NPAIV-Befunde bei den untersuchten Wildvögeln 2006-2010 in Brandenburg.

Abbildung 16 zeigt die zeitliche Verteilung der NPAIV-Befunde aus dem Wildvogelmonitoring 2006-2010 in Brandenburg. Es stellt sich eine Häufung von NPAIV-Nachweisen in den Wintermonaten dar. Vergleicht man Prävalenzen einzelner Jahre mit den zusammengefassten Daten von 2006-2010, so wird in Abbildung 17 beispielhaft bei Betrachtung des Jahres 2007 eine Schwankung der monatlichen Werte im Vergleich zum gesamten Zeitraum sichtbar. Insbesondere in den Monaten des Spätsommers und Herbstes 2007 wurden positive Befunde erhoben. In den Monaten Januar bis April konnten keine NPAIV festgestellt werden. Im Januar lag die obere Konfidenzintervallgrenze auf Grund eines sehr geringen Probenaufkommens von lediglich zwölf untersuchten Vögeln bei 26,5%. Signifikante Unterschiede ließen sich nicht feststellen.



**Abbildung 17:** Monatliche Verteilung der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen 2007 in Brandenburg.

#### 4.1.2.2 Speziesspezifische Verteilung der NPAIV-Befunde

Eine Übersicht über die Untersuchungen der im Wildvogelmonitoring einbezogenen Spezies und NPAIV-Ergebnisse gibt die Tabelle 31 im Anhang. Insgesamt wurden 8.290 Vögel aus 139 Spezies und 43 Familien beprobt. Bei einigen Vögeln konnte keine eindeutige Zuordnung zu einer Art erfolgen. Es fanden in 26 Fällen ungenauere Bezeichnungen wie z.

B. Wildente, Wildgans, Wasservogel, Schwan, Taucher, Reiher oder Greifvogel Verwendung.

**Tabelle 16:** Anzahl an Untersuchungen im Wildvogelmonitoring mit NPAIV-Prävalenz und Konfidenzintervallen bezogen auf die einzelnen Vogelordnungen 2006-2010 in Brandenburg.

Ordnung	Anzahl Arten	Anzahl NPAIV positiv	Anzahl Untersuchungen	NPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
<i>Podicipediformes</i> (Lappentaucher)	4	1	37	2,70	0,0684-14,1603
<i>Phalacrocoraciformes</i> (Kormoranvögel)	3	1	471	0,21	0,0054-1,1772
<i>Ciconiiformes</i> (Storchenvögel)	2	0	111	0,00	0-3,2687
<i>Ardeiformes</i> (Reiher)	4	0	207	0,00	0-1,7663
<i>Anseriformes</i> (Entenvögel)	23	59	2.917	2,02	1,5432-2,6014
<i>Accipitriformes</i> (Greifvögel)	12	4	1.172	0,34	0,0931-0,8715
<i>Falconiformes</i> (Falken)	4	0	221	0,00	0-1,6553
<i>Galliformes</i> (Hühnervögel)	4	0	58	0,00	0-6,1621
<i>Gruiformes</i> (Kranichvögel)	8	24	1.345	1,78	1,1466-2,6435
<i>Charadriiformes</i> (Wat-, Alken- und Möwenvögel)	27	0	814	0,00	0-0,4522
<i>Columbiformes</i> (Tauben)	3	0	54	0,00	0-6,6032
<i>Cuculiformes</i> (Kuckucke)	1	0	2	0,00	0-84,1886
<i>Strigiformes</i> (Eulen)	6	1	311	0,32	0,0081-1,7784
<i>Apodiformes</i> (Segler)	1	0	31	0,00	0-11,2189
<i>Coraciiformes</i> (Rackenvögel)	1	0	4	0,00	0-60,2365
<i>Upupiformes</i> (Hopf- und Hornvögel)	1	0	2	0,00	0-84,1886
<i>Piciformes</i> (Spechtvögel)	3	0	24	0,00	0-14,2474
<i>Passeriformes</i> (Sperlingsvögel)	32	0	509	0,00	0-0,7221
<b>Gesamt</b>	<b>139</b>	<b>90</b>	<b>8.290</b>	<b>1,09</b>	<b>0,8739-1,3328</b>

In Tabelle 16 wird das Monitoring bezogen auf die Vogelordnungen zusammenfassend dargestellt. Den weitaus größten Anteil an Untersuchungen nehmen mit 2.917 Proben (35,2%) Entenvögel ein. Hier finden sich mit 2,0% die höchsten Prävalenzen von NPAIV Infektionen. Hohe Probenaufkommen sind auch bei Kranichvögeln mit nennenswerten Prävalenzen von 1,8% zu verzeichnen. Bei in größerem Umfang untersuchten Greifvögeln, Eulenvögeln sowie Wat-, Alken- und Möwenvögeln konnte dagegen lediglich viermal, einmal bzw. in keinem Fall NPAIV festgestellt werden.

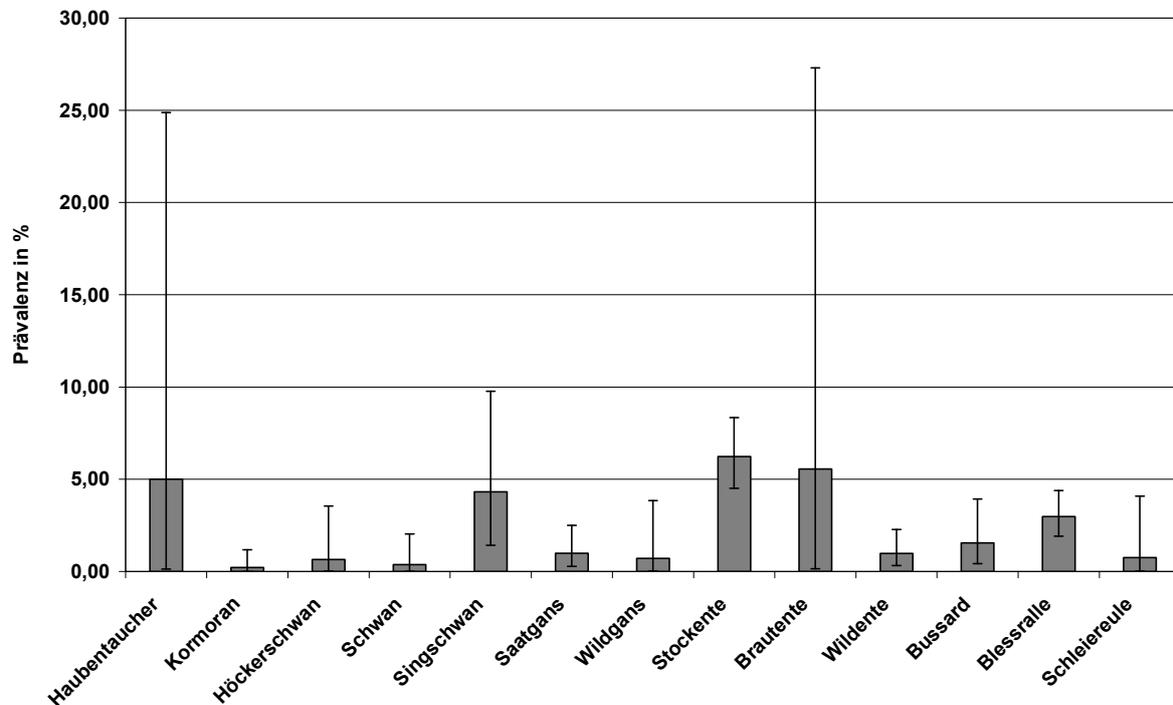
Betrachtet man die Entenvögel im Detail (s. Tabelle 17), so zeigen sich erhebliche Unterschiede sowohl im Anteil an Untersuchungen als auch in der Nachweisrate. Im Vergleich aller Vogelarten wies die Stockente als Spezies der Gattung der Schwimm- oder Gründelenten die mit Abstand größte NPAIV-Prävalenz (6,2%) bei 659 untersuchten Vögeln auf. Nennenswerte NPAIV-Nachweise gab es außerdem beim Singschwan (4,31%), bei der Saatgans (1,0%) und bei der nicht näher bestimmten „Wildente“ (1,0%). Darüber hinaus

wurden einzelne positive Ergebnisse bei Höckerschwan, „Schwan“, „Wildgans“ und bei der inzwischen auch in Brandenburg heimischen sowie brütenden Brautente erzielt. Die NPAIV positiven Stockenten entstammten im Wesentlichen von erlegten Tieren aus den Jahren 2008-2010 aus dem Gebiet der Peitzer Teiche. Auch die positiv befundeten Singschwäne wurden aus nur einer Region im Landkreis Prignitz zum gleichen Zeitpunkt im Dezember 2008 lebend beprobt.

**Tabelle 17:** Anzahl an Untersuchungen im Wildvogelmonitoring mit Prävalenz und Konfidenzintervallen aus der Ordnung der Entenvögel (*Anseriformes*) 2006-2010 in Brandenburg.

Gattung	Anzahl Untersuchungen	Art	Anzahl NPAIV positiv	Anzahl Untersuchungen	Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
Schwäne ( <i>Cygnus</i> )	543	Höckerschwan ( <i>Cygnus olor</i> )	1	155	0,65	0,0163-3,542
		Schwan	1	272	0,37	0,0093-2,0313
		Singschwan ( <i>Cygnus cygnus</i> )	5	116	4,31	1,4142-9,7725
Feldgänse ( <i>Anser</i> )	914	Saatgans ( <i>Anser fabalis</i> )	4	408	0,98	0,2678-2,491
		Blessgans ( <i>Anser albifrons</i> )	0	367	0,00	0-1,0001
		Graugans ( <i>Anser anser</i> )	0	139	0,00	0-2,619
Meergänse ( <i>Branta</i> )	4	Kanadagans ( <i>Branta canadensis</i> )	0	4	0,00	0-60,2365
Kasarkas ( <i>Tadorna</i> )	3	Brandgans ( <i>Tadorna tadorna</i> )	0	3	0,00	0-70,7598
	143	Wildgans	1	143	0,70	0,0177-3,8345
Schwimmenten ( <i>Anatini</i> )	778	Pfeifente ( <i>Anas penelope</i> )	0	12	0,00	0-26,4648
		Schnatterente ( <i>Anas strepera</i> )	0	1	0,00	0-97,5
		Krickente ( <i>Anas crecca</i> )	0	50	0,00	0-7,1122
		Stockente ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	41	659	6,22	4,5013-8,3459
		Spießente ( <i>Anas acuta</i> )	0	2	0,00	0-84,1886
		Knäkente ( <i>Anas querquedula</i> )	0	36	0,00	0-9,7394
		Brautente ( <i>Aix sponsa</i> )	1	18	5,56	0,1406-27,2944
Tauchenten ( <i>Aythiini</i> )	7	Moorente ( <i>Aythya nyroca</i> )	0	1	0,00	0-97,5
		Reiherente ( <i>Aythya fuligula</i> )	0	6	0,00	0-45,9258
Meerenten und Säger ( <i>Mergini</i> )	13	Eiderente ( <i>Somateria mollissima</i> )	0	1	0,00	0-97,5
		Schellente ( <i>Bucephala clangula</i> )	0	6	0,00	0-45,9258
		Zwergsäger ( <i>Mergellus albellus</i> )	0	3	0,00	0-70,7598
		Gänsesäger ( <i>Mergus merganser</i> )	0	2	0,00	0-84,1886
		Säger	0	1	0,00	0-97,5
	512	Wildente	5	512	0,98	0,3178-2,2642
Gesamt	2.917		59	2.917	2,02	1,5432-2,6014

In Abbildung 18 werden Prävalenzen aller positiven Spezies mit Konfidenzintervallen aufgeführt. Neben 41 positiven Befunden bei der Stockente (6,2%) konnte 24mal NPAIV (1,9%) bei 808 untersuchten Blesrallen aus der Familie der Kranichvögel detektiert werden. Auch bei Vertretern der Lappentaucher (Haubentaucher, 2,7%), Greifvögel (Bussard ohne nähere Bezeichnung, 0,5%) und Schleiereulen (0,7%) fanden sich NPAIV positive Befunde.



**Abbildung 18:** NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen aller positiven Wildvogelarten 2006-2010 in Brandenburg.

Von den als NPAIV positiv bewerteten 90 Vögeln gelang bei 36 Proben eine Charakterisierung des Subtyps. In Tabelle 18 sind die Ergebnisse der am FLI durchgeführten molekularbiologischen Subtypbestimmung aufgeführt. Es wurden acht verschiedene H-Typen (H3, H4, H5, H6, H7, H9, H10, H11) und sechs verschiedene N-Typen (N2, N3, N5, N6, N8, N9) in zwölf unterschiedlichen Kombinationen ermittelt. Bei den H-Typen H3, H4, H7 und H10 gelang nicht in jedem Fall eine N-Subtypbestimmung. Der Subtyp N1 wurde nicht detektiert. Mit Abstand am häufigsten war der Subtyp H5 (30,6%) als H5N2 und H5N3 ausschließlich bei der Stockente, gefolgt von H3 (25%) bei Stockente, Blesralle und Schleiereule sowie H10 (11,1%) bei Bussard und Blesralle diagnostizierbar. Mehrfachnachweise eines Subtyps bezogen sich dabei meist auf eine Vogelart der gleichen Einsendung aus einer lokalen Region zu einem bestimmten Zeitpunkt. So stammten alle H5N3-Befunde von erlegten Stockenten vom September 2008 und alle H5N2-Subtypen der

gleichen Spezies vom September 2010 aus dem Gebiet der Peitzer Teiche. Verendete Blessrallen mit H10N8-Befunden wurden im Februar 2006 in der Schorfheide aufgefunden.

In Tabelle 32 im Anhang finden sich alle als AIV positiv bewerteten Vögel mit detaillierten Ergebnissen einzeln aufgelistet. Nicht alle am LLBB als positiv diagnostizierten Proben konnten am FLI bestätigt werden. Bei H5- und H7-Nachweisen wurde am FLI eine Spaltstellenanalyse durchgeführt. Alle in der Tabelle 18 aufgeführten H5- und H7-Subtypen konnten auf Grund einer molekularen Analyse der HA-Spaltstellensequenz als niedrigpathogen eingestuft werden.

**Tabelle 18:** NPAIV-Nachweise und Subtypenbestimmung aller im Wildvogelmonitoring positiven Vogelspezies 2006-2010 in Brandenburg.

Vogelart	Anzahl AIV-Nachweise	davon AIV, Subtyp nicht bestimmbar	Anzahl NPAIV mit Subtyp-Bestimmung	
			Anzahl	NPAIV-Subtyp
Haubentaucher ( <i>Podiceps cristatus</i> )	1	1	-	-
Kormoran ( <i>Phalacrocorax carbo</i> )	1	1	-	-
Höckerschwan ( <i>Cygnus olor</i> )	1	-	1	H4Nx
Singschwan ( <i>Cygnus cygnus</i> )	5	4	1	H6N5
Schwan	1	-	1	H7Nx
Saatgans ( <i>Anser fabalis</i> )	4	4	-	-
Wildgans	1	-	1	H7Nx
Stockente ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	41	24	3	H3N8
			1	H4N6
			1	H4Nx
			2	H5N2
			3	H5N3
			6	H5Nx
			1	H6N8
Brautente ( <i>Aix sponsa</i> )	1	-	1	H7N9
Wildente	5	3	1	H9N2
			1	H11N9
Bussard	4	3	1	H10Nx
Blessralle ( <i>Fulica atra</i> )	24	14	2	H3N8
			2	H3N9
			1	H3Nx
			2	H7Nx
			3	H10N8
Schleiereule ( <i>Tyto alba</i> )	1	-	1	H3N2
<b>Gesamt</b>	<b>90</b>	<b>54</b>	<b>36</b>	

Nx = N-Typ nicht differenzierbar

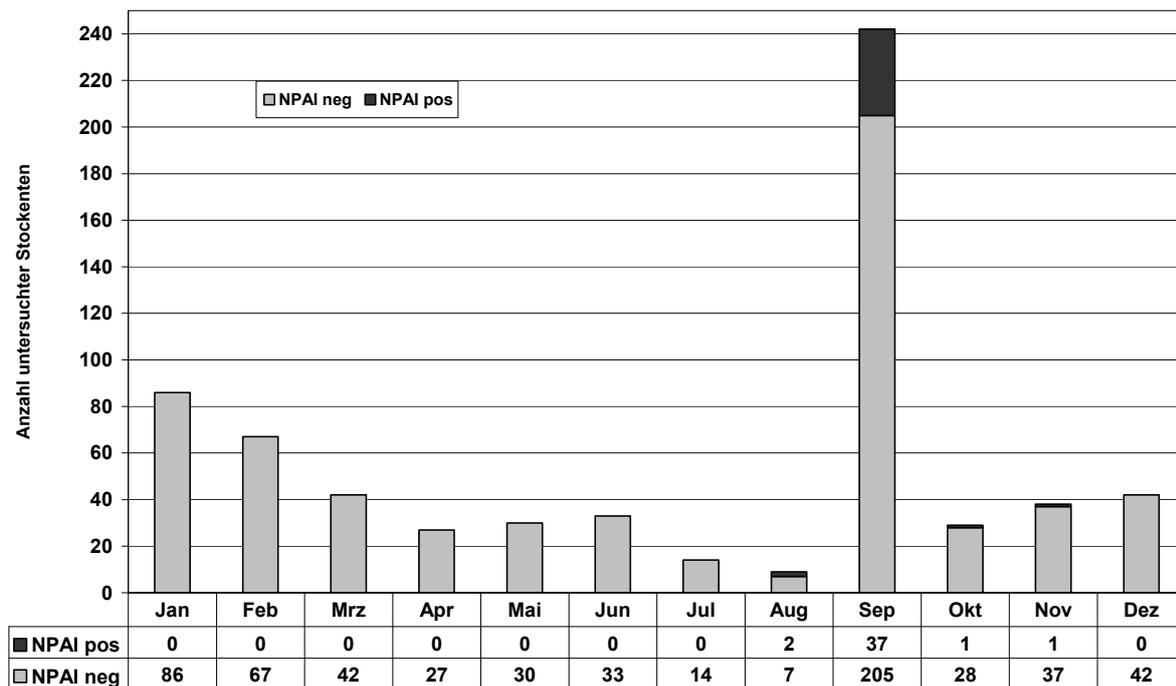
Es ergaben sich in einigen Fällen von NPAIV in der Sequenzanalyse Hinweise zu Verwandtschaften mit bereits nachgewiesenen Virusgenomen eines eurasischen Kontinuums, welches sich von dem amerikanischen unterscheidet (s. Tabelle 19).

**Tabelle 19:** Verwandtschaften nachgewiesener NPAIV mit bereits bekannten Virusgenomen (Hx, Nx, Subtyp nicht bestimmbar; n.d., nicht durchgeführt)

Vogelart	Subtyp	HA/ Spaltstelle	verwandtes Virus
Blessralle	H10N8	n.d.	A/Duck/HongKong/938/80 (H10N8)
Blessralle	H10N8	n.d.	A/Duck/HongKong/938/80 (H10N8)
Blessralle	H10N8	n.d.	A/Duck/HongKong/938/80 (H10N8)
Schleiereule	H3N2	n.d.	A/wild boar/DE/WS 169/06 (H3N2)
Stockente	H4N6	n.d.	A/Common Pochard/Aktau/1455/06 (H4N6)
Stockente	H3N8	n.d.	A/mallard/65112/03 (H3N8)
Stockente	H5Nx	PQRETR*GLF	A/teal/italy/3821/05 (H5N2)
Stockente	H5Nx	PQRETR*GLF	A/teal/italy/3821/05 (H5N2)
Brautente	H7N9	NVPEIPKGR*GLF	A/mallard/Italy/299/05 (H7N7)
Stockente	H5N3	PQRETR*GLF	A/teal/italy/3821/05 (H5N2)
Stockente	H5Nx	PQRETR*GLF	A/teal/italy/3821/05 (H5N2)
Blessralle	H3N8	n.d.	A/Duck/Italy/194659/06 (H3N2)
Blessralle	H3N8	n.d.	A/Duck/Italy/194659/06 (H3N2)
Blessralle	H3N9	n.d.	A/Duck/Italy/194059/06 (H3N2)
Stockente	H6N8	n.d.	A/Mallard/SanJiang/113/2006 (H6N2)
Stockente	H4Nx	n.d.	A/Common Pochard/Aktau/1455/06 (H4N6)
Stockente	H5Nx	H5NVPQRETR*GLF	A/Garganey/Crimea/97/08 (H5N2)
Stockente	H5N2	H5NVPQRETR*GLF	A/Garganey/Crimea/97/08 (H5N2)
Stockente	H5N2	H5NVPQRETR*GLF	A/Garganey/Crimea/97/08 (H5N2)
Stockente	HxN8	n.d.	A/Mallard/Netherlands/2007 (H3N2)
Stockente	H3N8	n.d.	A/turnstone/Netherlands/1/2007 (H3N8)

#### 4.1.2.3 NPAIV-Befunde bei der Stockente (*Anas platyrhynchos*) und bei der Blessralle (*Fulica atra*)

Abbildung 19 gibt einen Überblick über die monatliche Verteilung der insgesamt 649 untersuchten **Stockenten**. Mit 242 Individuen war das Aufkommen im September des Untersuchungszeitraumes 2006-2010 in Brandenburg auf Grund organisierter Gesellschaftsjagden am höchsten. Die Beprobung fand bei 220 klinisch gesunden lebenden, bei 310 gesund erlegten und bei 129 verendeten Tieren statt, wobei 37 (90%) der 41 NPAIV positiven Ergebnisse bei erlegten Vögeln im September erzielt wurden. Lediglich eine bzw. drei Stockenten von lebend beprobten oder verendeten Individuen waren NPAIV positiv.



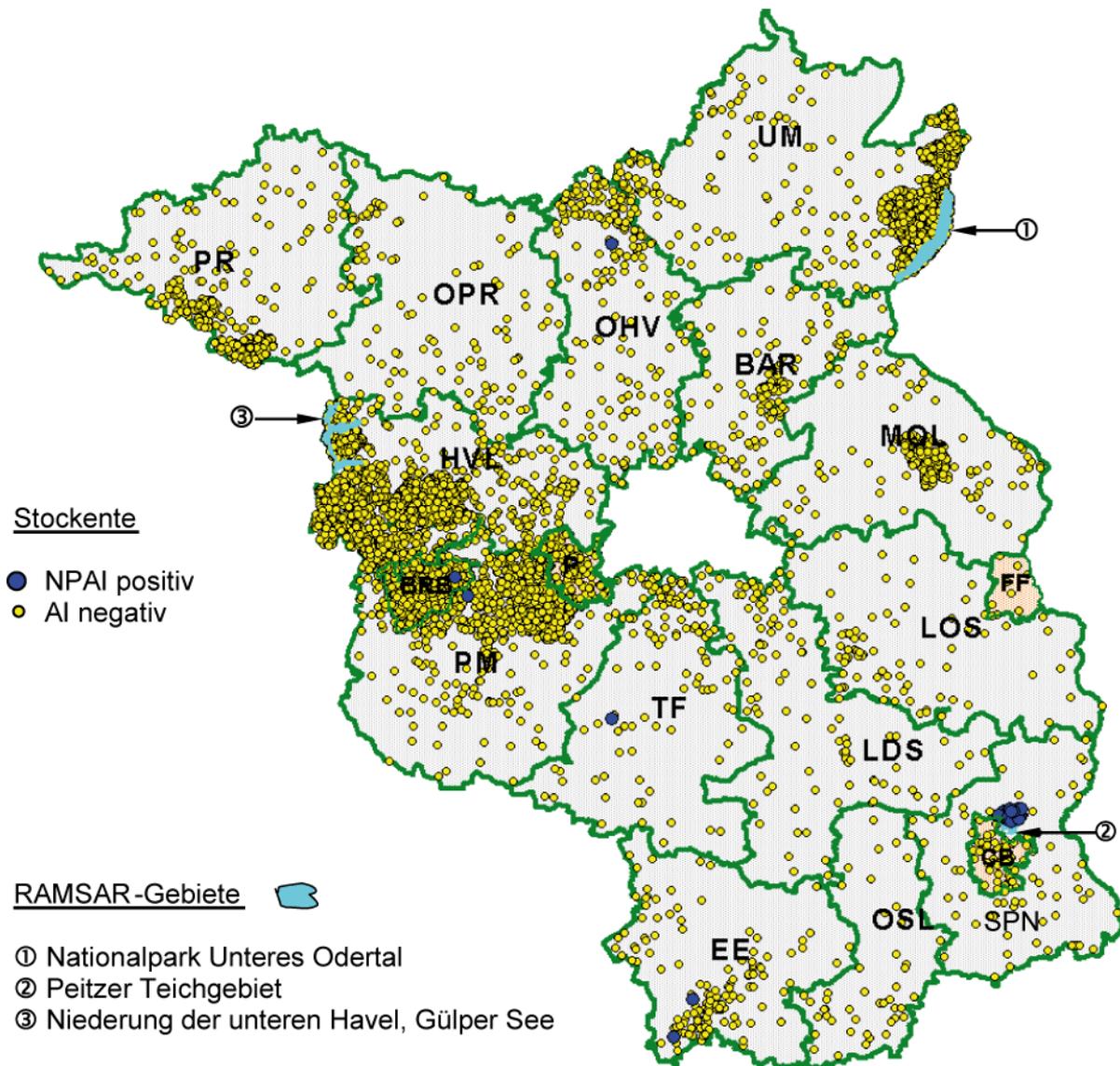
**Abbildung 19:** Monatliche Verteilung der Proben mit NPAIV-Prävalenz bei der Stockente 2006-2010 in Brandenburg.

Die meisten Beprobungen von Stockenten ( $n=203$ ) erfolgten im Landkreis Spree-Neiße im Rahmen von Gesellschaftsjagen (s. Tabelle 20). Diese verteilten sich im Wesentlichen auf die Jahre 2008 (75 Proben, 11x NPAIV), 2009 (52 Proben, 10x NPAIV) und 2010 (54 Proben, 14x NPAIV). Alle 35 positiven Ergebnisse (17,2% Prävalenz) stammten ausschließlich von diesen erlegten Tieren.

**Tabelle 20:** Regionale Verteilung der Proben mit NPAIV-Prävalenz und Konfidenzintervallen bei der Stockente 2006-2010 in Brandenburg.

Kreis	Stockente Gesamt 2006-2010			
	Anzahl NPAIV positiv	Anzahl Untersuchungen	NPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
BAR	0	11	0,00	0-28,4914
BRB/Stadt	1	53	1,89	0,0478-10,0702
CB/Stadt	0	56	0,00	0-6,375
LDS	0	5	0,00	0-52,1824
EE	2	23	8,70	1,071-28,0379
FFO/Stadt	0	1	0,00	0-97,5
HVL	0	103	0,00	0-3,5181
MOL	0	8	0,00	0-36,9417
OHV	1	22	4,55	0,115-22,8444
OSL	0	5	0,00	0-52,1824
LOS	0	3	0,00	0-70,7598
OPR	0	7	0,00	0-40,9616
Pdm/Stadt	0	29	0,00	0-11,9445
PM	1	78	1,28	0,0325-6,9373
PR	0	12	0,00	0-26,4648
SPN	35	203	17,24	12,3128-23,1539
TF	1	5	20,00	0,5051-71,6418
UM	0	35	0,00	0-10,0032
<b>Gesamt</b>	41	659	6,22	4,5013-8,3459

Die graphische Darstellung in Abbildung 20 verdeutlicht die unterschiedliche Probenverteilung der Stockenten im Land Brandenburg. Besonders zahlreich wurde diese Spezies aus gewässerreichen Regionen bzw. den Ramsargebieten Gülper See und Unteres Odertal in den Landkreisen Potsdam-Mittelmark, Havelland und Uckermark bei lebenden Vögeln im Rahmen von Fang- und Beringungsaktionen neben erlegten Enten im Ramsargebiet Peitzer Teiche einbezogen.

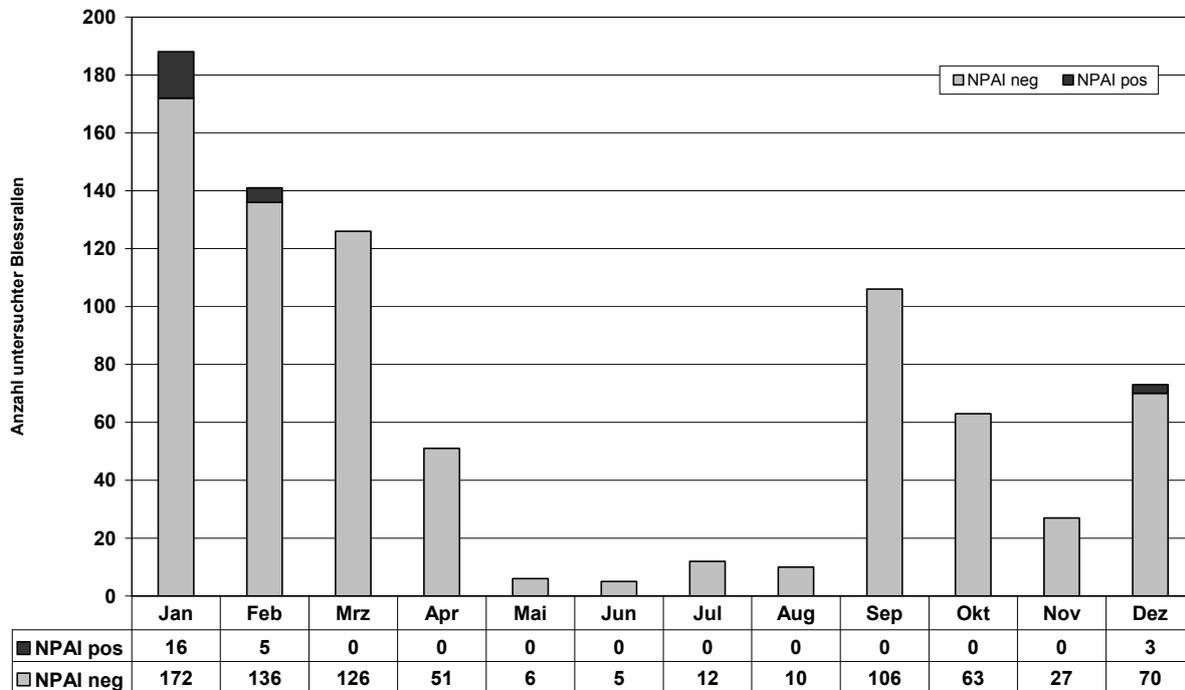


**Abbildung 20:** Geographische Verteilung der beprobten Stockente und NPAIV positiven Befunde 2006-2010 in Brandenburg (BAR, Landkreis (LK) Barnim; BRB, Stadt Brandenburg; CB, Stadt Cottbus; EE, LK Elbe-Elster; FF, Stadt Frankfurt/Oder; HVL, LK Havelland; LDS, LK Dahme-Spreewald; LOS, LK Oder Spree; MOL, LK Märkisch-Oderland; OHV, LK Oberhavel; OPR, LK Ostprignitz-Ruppin; OSL, LK Oberspreewald-Lausitz; P, Stadt Potsdam; PM, LK Potsdam-Mittelmark; PR, LK Prignitz; SPN, LK Spree-Neiße; TF, LK Teltow-Fläming; UM, LK Uckermark).

Das Spektrum der nachgewiesenen Subtypen umfasste je 4 verschiedene H- und N-Typen in fünf unterschiedlichen Kombinationen (siehe Tabelle 16). Der Subtyp H5 kam als H5N2 und H5N3 vor. Bei je einem H5-Befund konnte der N-Typ nicht bestimmt werden.

Die Abbildung 21 gibt Auskunft über die monatliche Verteilung der Untersuchungen und der NPAIV positiven Befunde bei der **Blessralle**. Anders als bei der Stockente waren hier vor allem in den Wintermonaten die meisten Proben verfügbar. NPAIV-Nachweise beschränkten sich auf die Monate Januar (188 Proben, 16x NPAIV, wobei allein 2009 von 131

untersuchten Tieren 14 NPAIV positive Befunde erhoben worden sind), Februar (141 Proben, 14x NPAIV) und Dezember (73 Proben, 3x NPAIV). Neben Fangaktionen verbunden mit Lebendbeprobungen sorgten vor allem 2006 im Zuge des HPAIV H5N1-Geschehens zahlreiche verwendete Blessrallen für den Probenumfang von insgesamt 808 Tieren.



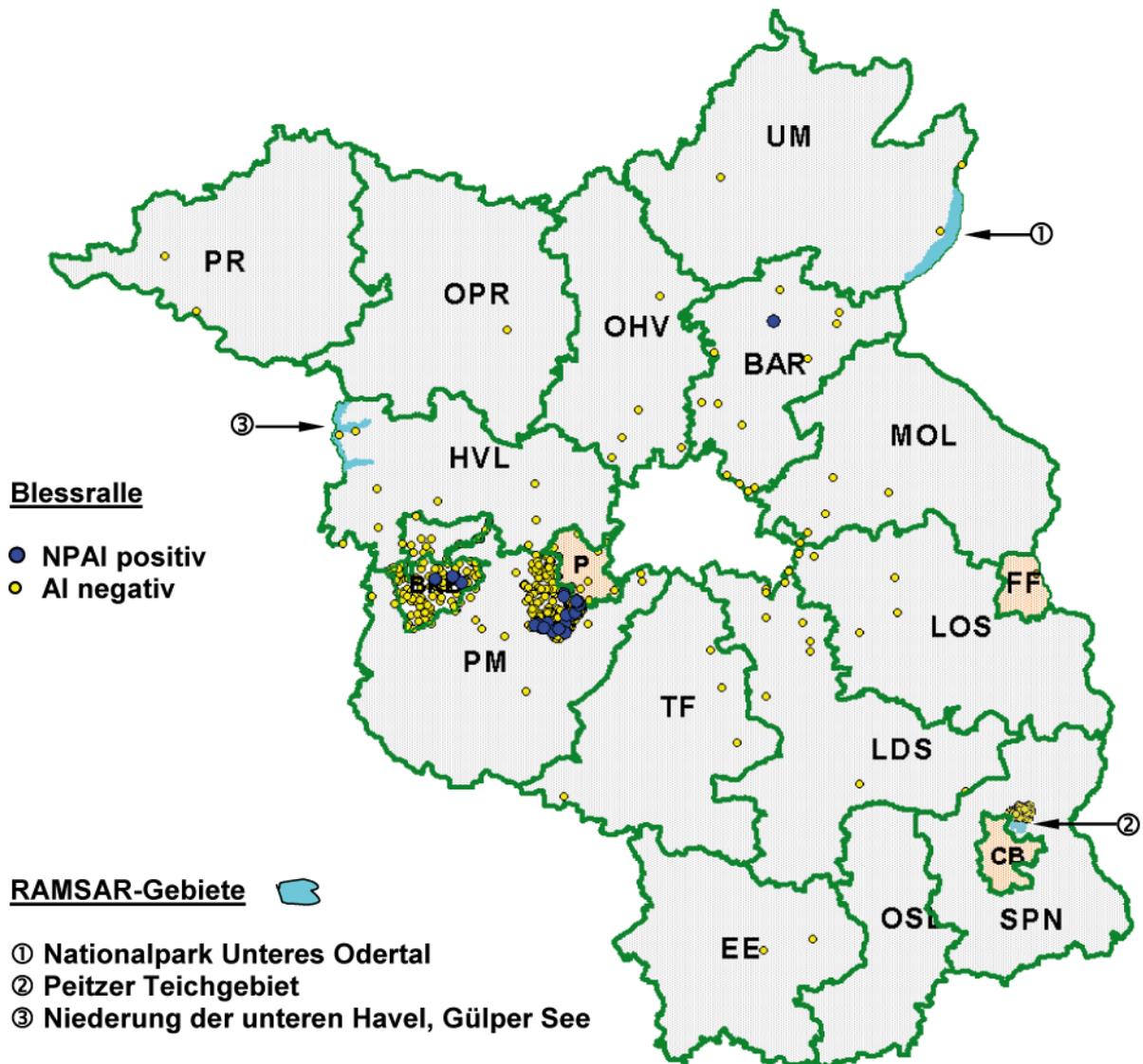
**Abbildung 21:** Monatliche Verteilung der Proben mit NPAIV-Prävalenzen bei der Blessralle 2006-2010 in Brandenburg.

Insbesondere im Landkreis Potsdam-Mittelmark und Brandenburg/Stadt mit ihrem Seenreichtum wurden Blessrallen lebend beprobt. Hier gab es auch die höchsten Prävalenzen von 4,2% bzw. 3,0%. Im Landkreis Spree-Neiße wurden vor allem Blessrallen bei der Jagd in das Untersuchungsgut einbezogen (s. Tabelle 21). Jedoch konnten im Gegensatz zur Stockente von keinem der 128 erlegten Vögel NPAIV, sondern überwiegend von 441 gesunden, lebend beprobten (21x), aber auch vereinzelt von 237 verwendeten Blessrallen (3x) NPAIV nachgewiesen werden. Dabei handelte es sich bei den in 10 Fällen gelungenen Subtypisierungen um H3N8 (2x), H3N9 (2x), H3Nx (1x), H7Nx (2x) und H10N8 (3x). Der Subtyp H7 wurden als niedrigpathogen eingestuft.

**Tabelle 21:** Regionale Verteilung der Proben mit NPAIV Prävalenz und Konfidenzintervallen bei der Blesssralle 2006-2010 in Brandenburg (n.a., nicht auswertbar).

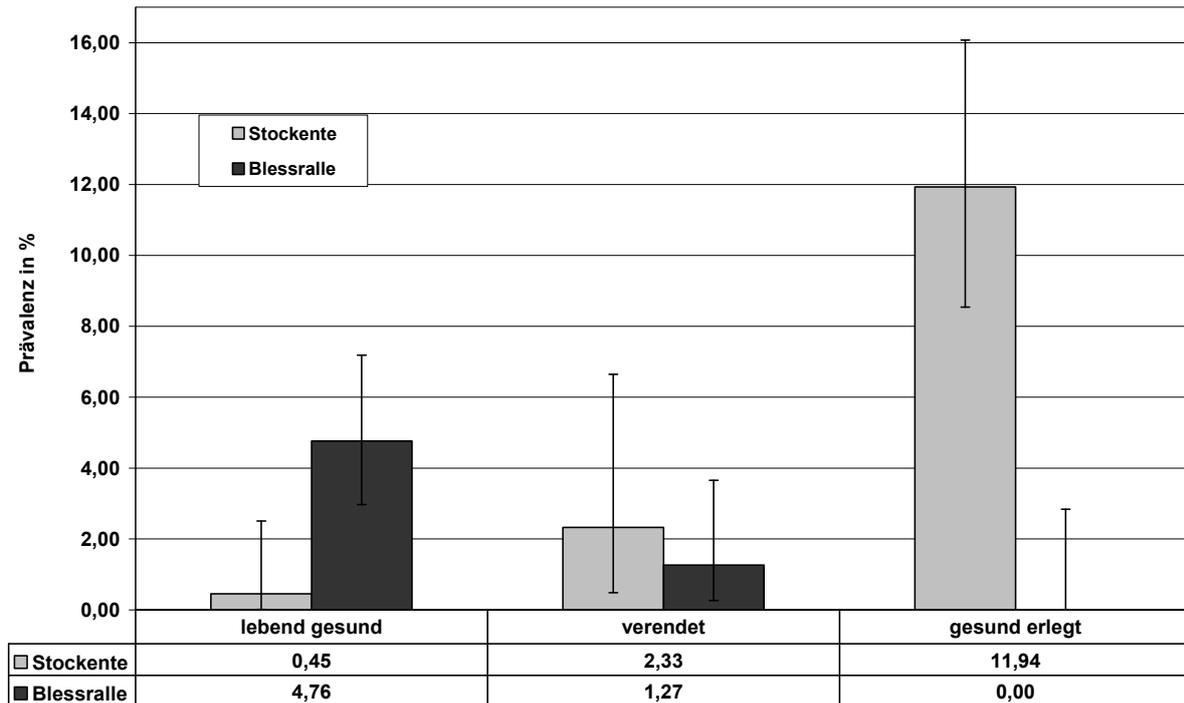
Kreis	Blesssralle Gesamt 2006-2010			
	Anzahl NPAIV positiv	Anzahl Untersuchungen	NPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
BAR	3	29	10,34	2,1864-27,3515
BRB/Stadt	4	132	3,03	0,8317-7,577
CB/Stadt	0	0	n.a.	n.a.
LDS	0	17	0,00	0-19,5064
EE	0	2	0,00	0-84,1886
FFO/Stadt	0	7	0,00	0-40,9616
HVL	0	9	0,00	0-33,6267
MOL	0	16	0,00	0-20,5907
OHV	0	6	0,00	0-45,9258
OSL	0	0	n.a.	n.a.
LOS	0	9	0,00	0-33,6267
OPR	0	12	0,00	0-26,4648
Pdm/Stadt	0	56	0,00	0-6,375
PM	17	400	4,25	2,495-6,7176
PR	0	2	0,00	0-84,1886
SPN	0	102	0,00	0-3,5519
TF	0	4	0,00	0-60,2365
UM	0	5	0,00	0-52,1824
<b>Gesamt</b>	24	808	2,97	1,9122-4,3875

Abbildung 22 zeigt, dass sich die Probennahmen im Wesentlichen auf eng begrenzte gewässerreiche Regionen in Potsdam Mittelmark und Brandenburg/Stadt sowie das Ramsargebiet Peitzer Teiche beschränken.



**Abbildung 22:** Geographische Verteilung der beprobten Blessrallen und NPAIV positiven Befunde 2006-2010 in Brandenburg (BAR, Landkreis (LK) Barnim; BRB, Stadt Brandenburg; CB, Stadt Cottbus; EE, LK Elbe-Elster; FF, Stadt Frankfurt/Oder; HVL, LK Havelland; LDS, LK Dahme-Spreewald; LOS, LK Oder Spree; MOL, LK Märkisch-Oderland; OHV, LK Oberhavel; OPR, LK Ostprignitz-Ruppin; OSL, LK Oberspreewald-Lausitz; P, Stadt Potsdam; PM, LK Potsdam-Mittelmark; PR, LK Prignitz; SPN, LK Spree-Neiße; TF, LK Teltow-Fläming; UM, LK Uckermark).

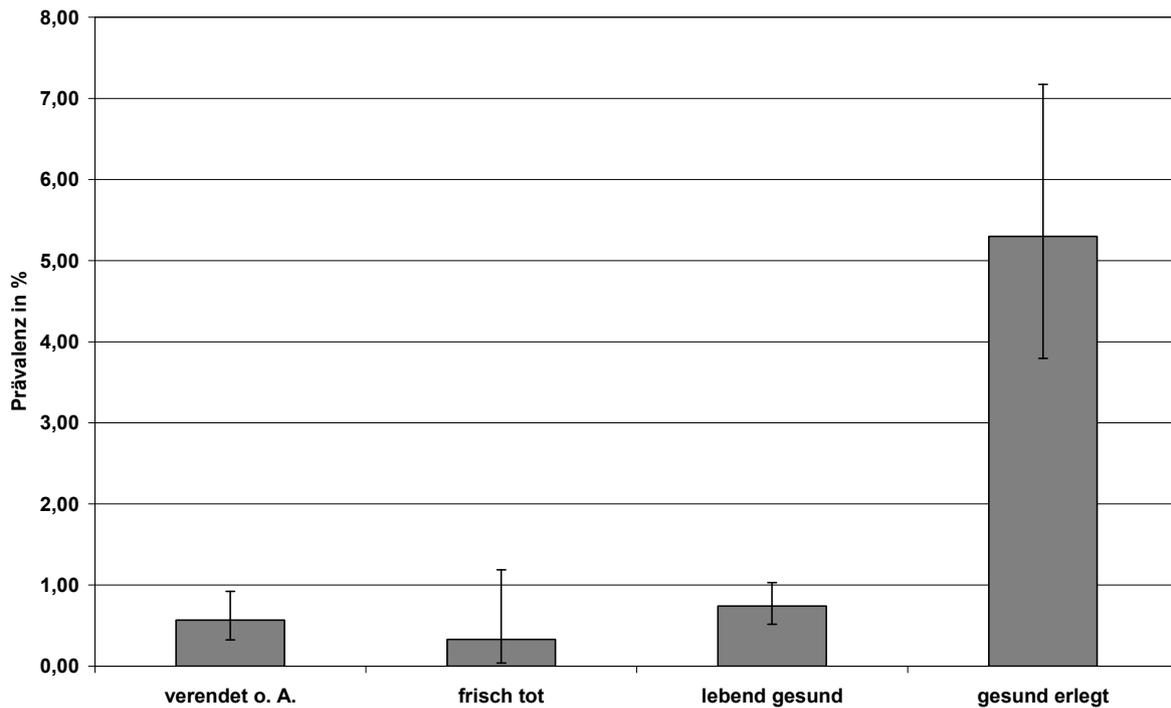
Vergleicht man das aktive Monitoring zwischen den Spezies Stockente und Blessralle im Hinblick auf den Zustand, so stellen sich in Abbildung 23 signifikant höhere Werte in der Nachweisrate erlegt beprobter Stockenten (Fisher Exakt-Test,  $p < 0,001$ ) und lebend beprobter Blessrallen (Fisher Exakt-Test,  $p = 0,002132$ ) dar, wobei die Befunde aus verschiedenen Regionen und unterschiedlichen Zeiträumen stammen. Jedoch konnten bei gemeinsam mit aus der gleichen Region zur gleichen Zeit NPAIV positiv befundenen Stockenten erlegten Blessrallen keine NPAIV detektiert werden.



**Abbildung 23:** Vergleich der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen von Stockente und Blessralle 2006-2010 in Brandenburg.

#### 4.1.2.4 Verteilung der NPAIV-Befunde bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel

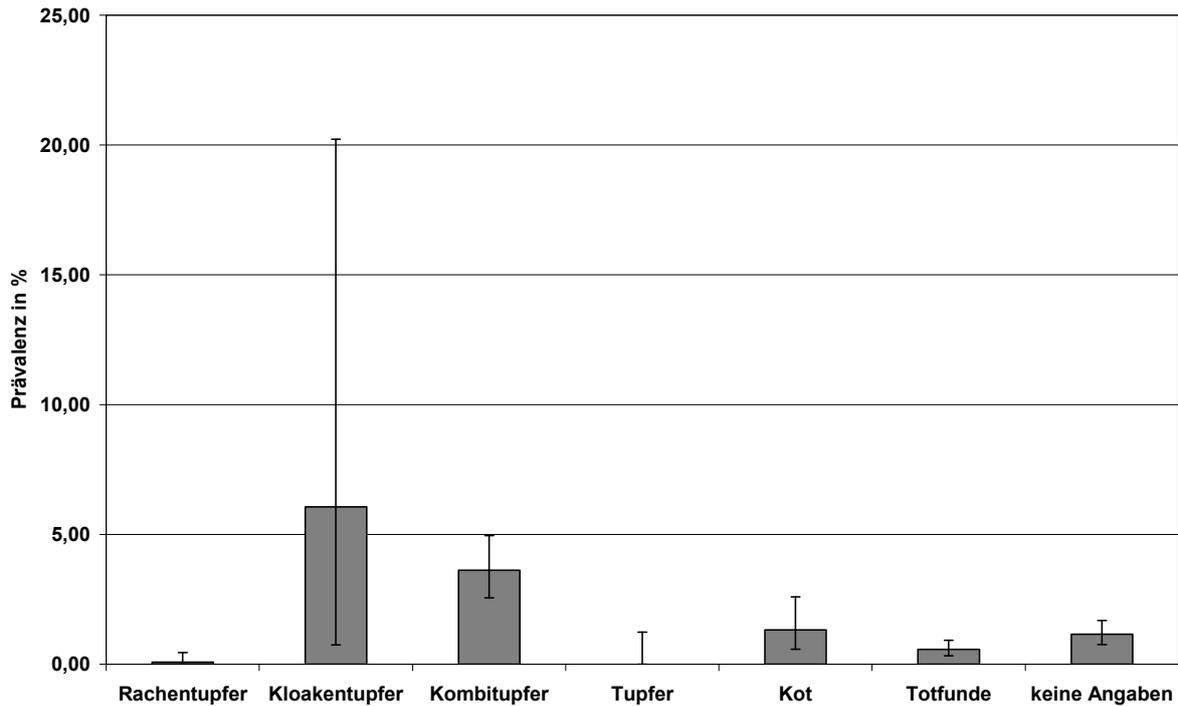
Betrachtet man die Nachweisraten im Hinblick auf den Zustand der untersuchten Vögel, so zeigen sich signifikante Unterschiede zwischen gesund erlegten und sonstigen Parametern (Fisher Exakt-Test,  $p < 0,001$ , s. Abbildung 24), ebenso zwischen jeweils allen zusammengefassten lebend (aktives Monitoring) und tot beprobten Vögeln (passives Monitoring, Fisher Exakt-Test,  $p < 0,05$ ). Bei den Angaben zu verendeten Wildvögeln wurde erst ab 2007 zwischen verschiedenen Charakteristika wie Frische und Tierfraß unterschieden.



**Abbildung 24:** NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen der untersuchten Wildvögel bezogen auf den Zustand 2006-2010 in Brandenburg.

#### 4.1.2.5 Verteilung der NPAIV-Befunde nach der Probenart

In Abbildung 25 werden die Nachweisraten den verschiedenen Probenarten gegenüber gestellt. Alle aufgeführten Tupfer stammen aus dem aktiven Monitoring. Mit 6,0% waren die höchsten Prävalenzen bei Kloakentupfern zu verzeichnen, wobei es jedoch auf Grund eines geringen Probenanteils von 33 (0,4%) aus dem gesamten Wildvogelmonitoring ( $n=8.290$ ) eine hohe Fehlerquote mit einem sehr großen Konfidenzintervall von 0,7% bis 20,2% gab. Die meisten Untersuchungen fanden an Material (zunächst nur Organe, später auch Trachealtupfer) von Totfunden (passives Monitoring,  $n=2.821$ , entspricht 34,0% des gesamten Monitorings) mit dem größten Probenumfang im Jahr 2006 ( $n=2183$ ) statt bei einer Prävalenz von 0,6% gefolgt von Rachentupfern ( $n=1.257$ , 0,8%; 0,1% Prävalenz) und Kombinationstupfern aus Rachen- und Kloakenabstrichen ( $n=1.023$ , 12,3%; 3,6% Prävalenz). Bei 2.255 Proben (27,2%) lagen keine Angaben vor. Eine gleichzeitige Beprobung von separaten Rachen- und Kloakentupfern des gleichen Vogels wurden nicht vorgenommen, so dass kein direkter Vergleich zwischen diesen Parametern erfolgen konnte.



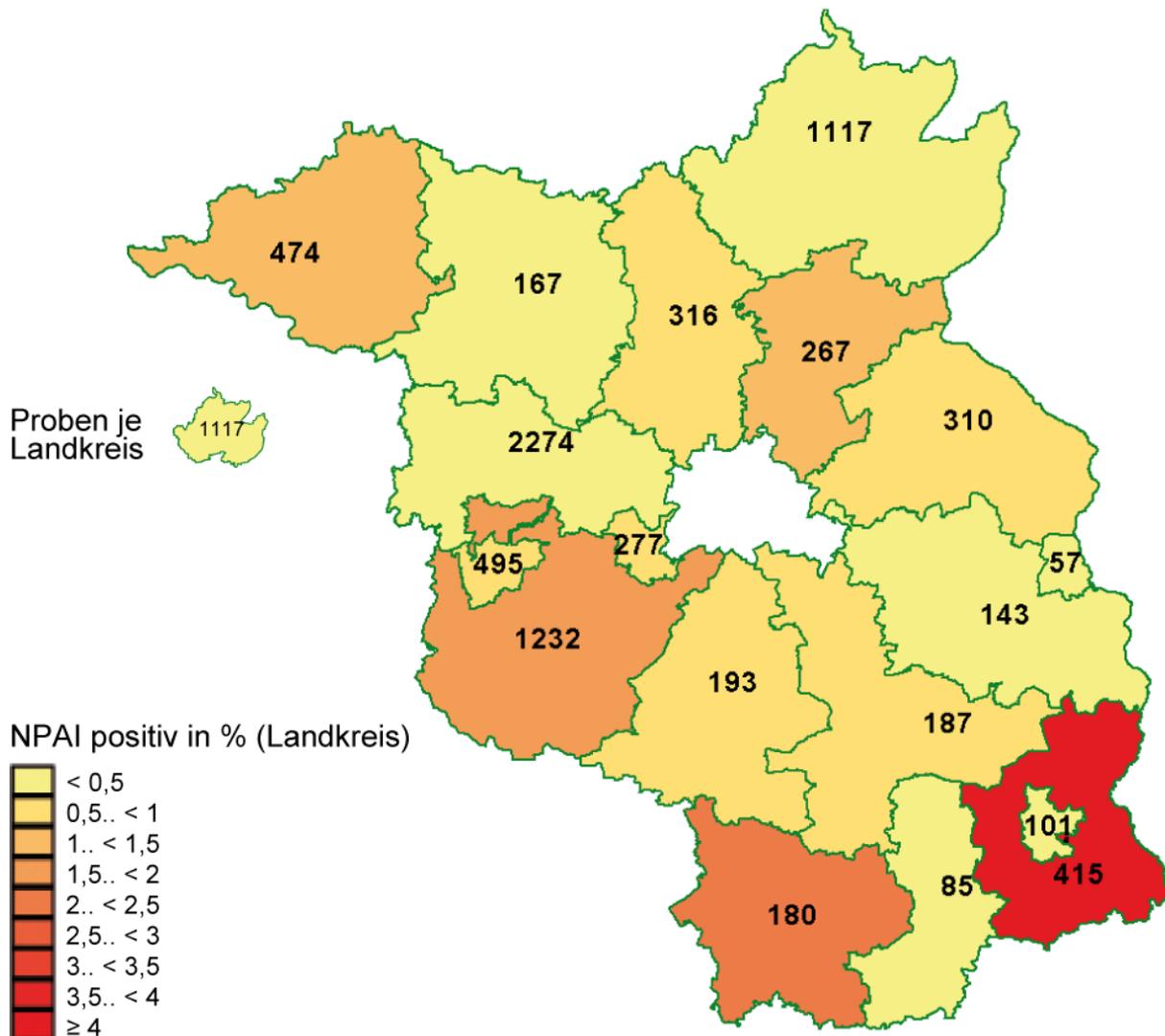
**Abbildung 25:** NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen der untersuchten Wildvögel bezogen auf die Probenart 2006-2010 in Brandenburg.

#### 4.1.2.6 Regionale Verteilung der NPAIV-Befunde

Die Probennahmen in den einzelnen Landkreisen variierte sehr stark, wie aus Tabelle 22 und Abbildung 26 ersichtlich wird. Die meisten Wildvögel stammen aus den Landkreisen Havelland ( $n=2.274$ ), Potsdam-Mittelmark ( $n=1.232$ ) und Uckermark ( $n=1.117$ ), in denen sich die gewässerreichsten Regionen und die Ramsargebiete Gülper See (HVL) bzw. Unteres Odertal (UM) befinden. Sehr wenige Ergebnisse liegen insbesondere aus den Landkreisen Oberspreewald-Lausitz ( $n=85$ ), Oder-Spree ( $n=143$ ), Ostprignitz-Ruppin ( $n=167$ ) und den kreisfreien Städten Potsdam, Brandenburg/Stadt, Cottbus und Frankfurt/Oder vor. Die höchsten Prävalenzen ergaben sich im Landkreis Spree-Neiße mit 8,4% bei nur 415 Proben, die überwiegend von erlegten Stockenten und aus dem im Landkreis befindlichen Ramsargebiet Peitzer Teiche stammten. Die Unterschiede zwischen dem Landkreis Spree-Neiße (SPN) und den anderen Landkreisen sind signifikant. Selbst im Vergleich kritischer statistischer Werte zeigen sich in SPN signifikant höhere Prävalenzen als im Landkreis Elbe-Elster (Fisher Exakt-Test,  $p=0,003595$ ).

**Tabelle 22:** Regionale Verteilung der NPAIV-Prävalenz in den einzelnen Landkreisen 2006-2010 in Brandenburg

Kreis	Anzahl NPAIV positiv	Anzahl Untersuchungen	NPAIV Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
BAR	3	267	1,12	0,2323-3,2483
BRB/Stadt	4	495	0,81	0,2206-2,056
CB/Stadt	0	101	0,00	0-3,5865
LDS	1	187	0,53	0,0135-2,9433
EE	4	180	2,22	0,6087-5,5918
FFO/Stadt	0	57	0,00	0-6,2667
HVL	5	2.274	0,22	0,0714-0,5124
MOL	3	310	0,97	0,2-2,802
OHV	2	316	0,63	0,0767-2,2675
OSL	0	85	0,00	0-4,247
LOS	0	143	0,00	0-2,5466
OPR	0	167	0,00	0-2,1847
Pdm/Stadt	2	277	0,72	0,0876-2,5837
PM	24	1.232	1,95	1,252-2,8848
PR	5	474	1,05	0,3434-2,4444
SPN	35	415	8,43	5,9446-11,5342
TF	1	193	0,52	0,0131-2,8529
UM	1	1117	0,09	0,0023-0,4978
<b>Gesamt</b>	<b>90</b>	<b>8.290</b>	<b>1,09</b>	<b>0,8739-1,3328</b>

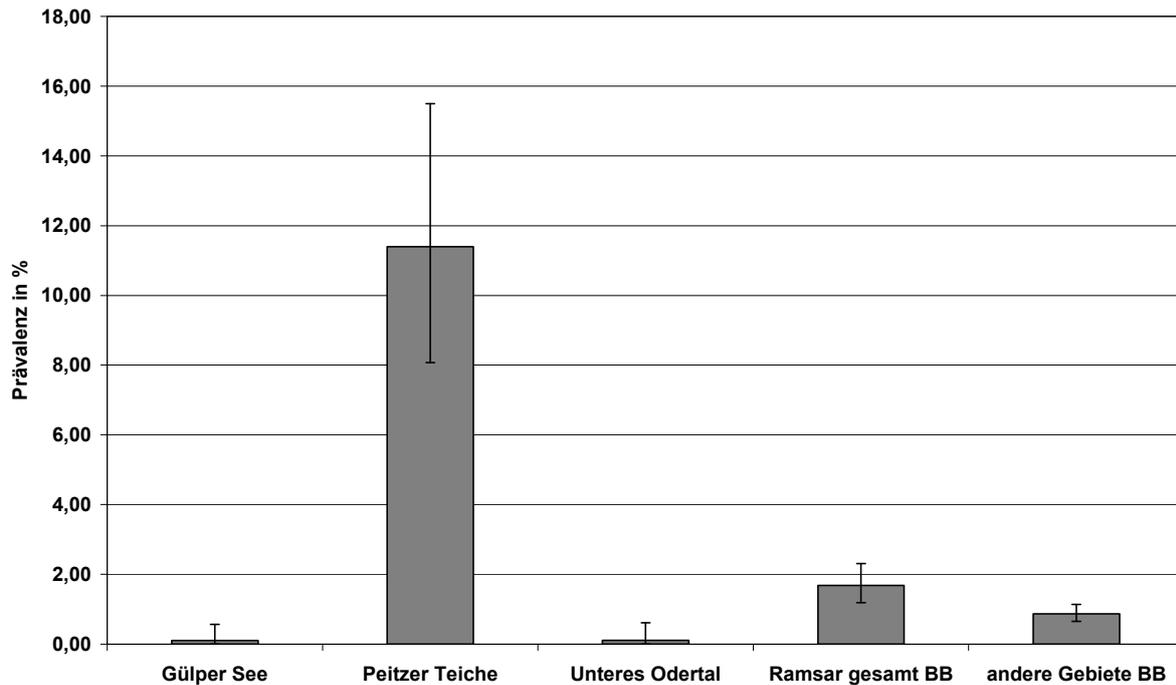


**Abbildung 26:** Anzahl untersuchter Wildvögel und NPAIV-Prävalenz je Landkreis in Brandenburg 2006-2010.

#### 4.1.2.7 Vergleich von Daten der Ramsargebiete mit den sonstigen Regionen des Wildvogelmonitorings

Um Unterschiede der Ergebnisse zwischen Feuchtgebieten von besonderer Bedeutung mit einem hohen Wasservogelaufkommen und den sonstigen Regionen in Brandenburg herauszustellen, wurden die Daten aus den die Ramsargebiete betreffenden Gemeinden zusammengefasst und die Differenz zum sonstigen Wildvogelmonitoring gebildet. Dabei fand eine zusammenfassende Auswertung und zusätzlich die eines jeden einzelnen der drei in Brandenburg vorhandenen Ramsargebiete statt. Von den im Wildvogelmonitoring untersuchten 8.290 Proben entfielen insgesamt 2.199 Untersuchungen auf die

Ramsargebiete, davon wiederum 983 auf den Gülper See, 307 auf die Peitzer Teiche und 909 auf das Untere Odertal. Signifikante Prävalenzunterschiede hat es lediglich zwischen den Peitzer Teichen (11,1%) und den einzelnen anderen Regionen gegeben (Fisher Exakt-Test,  $p < 0,001$ ). Die Nachweisraten zwischen Ramsargebieten gesamt (2,0%) und dem sonstigen Monitoring (0,7%) unterscheiden sich zwar, sind aber nicht statistisch gesichert. Abbildung 27 bildet die Prävalenzen mit Konfidenzintervallen ab.



**Abbildung 27:** NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen der untersuchten Wildvögel nach Gebieten 2006-2010 in Brandenburg (BB, Land Brandenburg).

## 4.2 Ergebnisse aus der Sentinelanlage am Felchowsee

### 4.2.1 Nachweise von aviären Influenzaviren bei den Sentinelstockenten

Insgesamt wurden 28 Enten verwendet. Davon verendeten im Beprobungszeitraum von Oktober 2008 bis Oktober 2010 in der Summe 13 Tiere (siehe Tabelle 23). Die häufigste Verlustursache war die Einwirkung von Prädatoren in Form von Waschbären, Mardern und Greifvögeln (Rohrweihe). Während einer sehr lang anhaltenden kalten Frostperiode starben trotz intensiver Betreuung drei Enten im Verlauf der Wintersaison 2009/2010. Im Rahmen des Einbruchs eines Marders in das Gehege wurden neben vier getöteten Enten weitere Tiere verletzt, die sich allerdings wieder erholen konnten.

A



B



**Abbildung 28:** Sentinelanlage A) im Sommer und B) im Winter.

**Tabelle 23:** Einsatz von Sentinel-Stockenten während des Beprobungszeitraumes Oktober 2008 bis Oktober 2010.

Datum	Anzahl Enten gesamt	davon Anzahl neu eingesetzter Enten	Anzahl Entenverluste	Verlustursache
16.10.2008	8	8		
06.04.2009	7		1	Systemmykose
27.07.2009	12	5		
10.08.2009	10		2	Prädatoren
24.08.2009	9		1	entflogen
21.09.2009	14	5		
19.10.2009	13		1	Prädatoren
16.11.2009	12		1	Parasitose
08.02.2010	11		1	Kälteeinwirkung
22.02.2010	10		1	Kälteeinwirkung
08.03.2010	9		1	Kälteeinwirkung
03.05.2010	13	4		
31.05.2010	9		4	Prädatoren
14.06.2010	7	2		
18.10.2010	11	4		
<b>Gesamt</b>		<b>28</b>	<b>13</b>	

In Tabelle 24 werden alle Ergebnisse der beprobten Sentinelstockenten aufgeführt. Es befanden sich ständig zwischen sieben und 14 Tiere im Gehege. Lediglich vier der zehn zu Beginn des Versuches am 16.10.2008 eingebrachten Stockenten lebten am Ende des Untersuchungszeitraumes noch. Alle Enten waren vor dem Verbringen in das Gehege auf AIV und AI-AK untersucht und negativ befundet worden. Es wurden im 14tägigen Abstand durchgängig über den gesamten Zeitraum jeweils Rachen- und Kloakentupfer bei insgesamt 53 Beprobungen entnommen. Das Schema der im Einsatz befindlichen Enten wird in Tabelle 28 dargestellt.

**Tabelle 24:** Probennahmetage und NPAIV-Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee im Untersuchungszeitraum (Anz, Anzahl; R, Rachtentupfer; K, Kloakentupfer; Hx, H-Subtyp nicht bestimmbar).

Datum Probenahme	Anz. Tiere	Anz. positiv	Anz. positiv in %	Anz. R positiv	Anz. R. positiv in%	Anz. K positiv	Anz. K. positiv in %	Anz. R+K positiv	Anz. R+K positiv in %	Befunde LLBB/FLI abschließend
16.10.2008	8	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
03.11.2008	8	7	87,50	6	75,00	1	12,50	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
17.11.2008	8	8	100,00	6	75,00	2	25,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
26.11.2008	8	8	100,00	0	0,00	0	0,00	8	100,00	H9N2
15.12.2008	8	8	100,00	8	100,00	0	0,00	0	0,00	HxN1
29.12.2008	8	1	12,50	1	12,50	0	0,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
12.01.2009	8	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
26.01.2009	8	3	37,50	3	37,50	0	0,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
09.02.2009	8	4	50,00	3	37,50	0	0,00	1	12,50	AI, non H5, H7, N1
23.02.2009	8	4	50,00	2	25,00	1	12,50	1	13,00	AI, non H5, H7, N1
09.03.2009	8	1	12,50	1	12,50	0	0,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
23.03.2009	8	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
06.04.2009	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
20.04.2009	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
04.05.2009	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
18.05.2009	7	7	100,00	0	0,00	0	0,00	7	100,00	H4N6
01.06.2009	7	3	42,86	3	42,86	0	0,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
15.06.2009	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
28.06.2009	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
13.07.2009	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
27.07.2009	12	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
10.08.2009	10	10	100,00	3	30,00	0	0,00	7	70,00	H7N7
24.08.2009	9	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
07.09.2009	9	8	90,00	3	33,33	1	11,00	4	56,00	AI, non H5, H7, N1
21.09.2009	14	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
05.10.2009	14	14	100,00	0	0,00	0	0,00	14	100,00	AI, non H5, H7, N1
19.10.2009	13	9	69,00	7	54,00	0	0,00	2	15,00	AI, non H5, H7, N1
02.11.2009	13	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
16.11.2009	12	3	25,00	3	25,00	0	0,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
30.11.2009	12	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
14.12.2009	12	2	16,00	2	16,00	0	0,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
28.12.2009	12	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
11.01.2010	12	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
25.01.2010	12	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
08.02.2010	11	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
22.02.2010	10	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
08.03.2010	9	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
22.03.2010	9	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
06.04.2010	9	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
19.04.2010	9	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
03.05.2010	13	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
17.05.2010	13	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
31.05.2010	9	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
14.06.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
28.06.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
12.07.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
26.07.2010	7	1	14,00	0	0,00	1	14,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
09.08.2010	7	2	28,00	0	0,00	2	28,00	0	0,00	AI, non H5, H7, N1
23.08.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
06.09.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
20.09.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
04.10.2010	7	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
18.10.2010	11	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	
Summe	484	103	21,00	51	11,00	8	2,00	44	9,00	

Bei 19 Probennahmen (36%) fanden sich NPAIV positive Ergebnisse bei mindestens einem Tier, wobei bis auf zwei Zeitpunkte in Juli und August 2010 alle weiteren auf den Zeitraum Oktober 2008 bis Dezember 2009 fielen. Zu positiven Beprobungszeitpunkten waren von den jeweils vorhandenen Tieren zwischen 13% und 100% NPAIV positiv. HPAIV konnten nicht festgestellt werden.

Die Nachweisraten der einzelnen Matrizen werden in Tabelle 25 dargestellt. Von insgesamt 484 beprobten Stockenten waren bei 103 Tieren (21%) NPAIV diagnostizierbar. Dabei konnten 51 Tiere (10,54%) mit ausschließlich positivem Rachentupfer, acht (1,65%) mit ausschließlich positivem Kloakentupfer und 44 (9,09%) mit sowohl positivem Rachen- als auch Kloakentupfer registriert werden. Die Ct-Werte zeigten sich insgesamt als hoch und lagen in der Regel zwischen 30,7 und 39,8, nur in einem Fall unter 30 bei 26,8. Das deutet insgesamt auf eine niedrige Viruslast zu den Beprobungszeitpunkten hin.

**Tabelle 25:** Nachweisraten bei den Sentinelstockenten bezogen auf die verschiedenen Probenmatrices.

<b>Anzahl untersuchter Tiere</b>		484	100,00%
<b>Anzahl positiver Tiere</b>		103	21,28%
<b>davon:</b>	<b>Anzahl Tiere Rachentupfer positiv, Kloakentupfer negativ</b>	51	10,54%
	<b>Anzahl Tiere Kloakentupfer positiv, Rachentupfer negativ</b>	8	1,65%
	<b>Anzahl Tiere Rachen- und Kloakentupfer positiv</b>	44	9,09%

Betrachtet man alle positiven NPAIV-Befunde, so gelang nur in 17 Fällen (16,51% der AIV positiven Proben) aller am LLBB als AIV positiv bewerteten Proben eine Subtypisierung am FLI (s. Tabelle 26).

Es wurden je 3x der Subtyp H4N6, H7N7 und H9N2 nachgewiesen. Bei sieben Rachentupfern und einem Kloakentupfer konnte N1 ohne Ermittlung des H-Subtyps bestimmt werden. Die Treshold Cycle- (Ct)-Werte bewegten sich im höheren Bereich und schwankten zwischen 30,70 und 36,77. Alle positiven Befunde sind in Tabelle 33 im Anhang aufgeführt.

**Tabelle 26:** Am FLI vorgenommene Subtypenbestimmung der AIV positiven Proben der Stockenten in der Sentinelanlage am Felchowsee im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 (Hx, H-Subtyp nicht bestimmbar, Angaben in der rRT-PCR als Ct-Werte; Ct, Threshold cycle).

Eingang LLBB FFO	Material	Am FLI bear- beitete Probe	AIV- Real-Time RT- PCR				Subtyp
			M	H5	H7	N1	
17.11.2008	Kloakentupfer	RNA	31,82	neg	neg	34,5	HxN1
26.11.2008	Rachentupfer	RNA	32,9	neg	neg	neg	H9N2
26.11.2008	Kloakentupfer	RNA	30,7	neg	neg	neg	H9N2
26.11.2008	Kloakentupfer	RNA	26,8	neg	neg	neg	N9N2
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	33,3	neg	neg	32,87	HxN1
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	36,77	neg	neg	34,79	HxN1
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	34,36	neg	neg	32,79	HxN1
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	33,69	neg	neg	32	HxN1
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	35,63	neg	neg	33,5	HxN1
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	35,9	HxN1
15.12.2008	Rachentupfer	RNA	35,49	neg	neg	34,94	HxN1
18.05.2009	Rachentupfer	RNA	32,21	neg	neg	neg	H4N6
18.05.2009	Rachentupfer	RNA	33,1	neg	neg	neg	H4N6
18.05.2009	Rachentupfer	RNA	32,82	neg	neg	neg	H4N6
10.08.2009	Kloakentupfer	RNA	33,53	neg	36	neg	H7N7
10.08.2009	Kloakentupfer	RNA	31,51	neg	34,4	neg	H7N7
10.08.2009	Kloakentupfer	RNA	30,58	neg	34,59	neg	H7N7

#### 4.2.2 Nachweise von AI-Antikörpern bei den Sentinelstockenten am Felchowsee

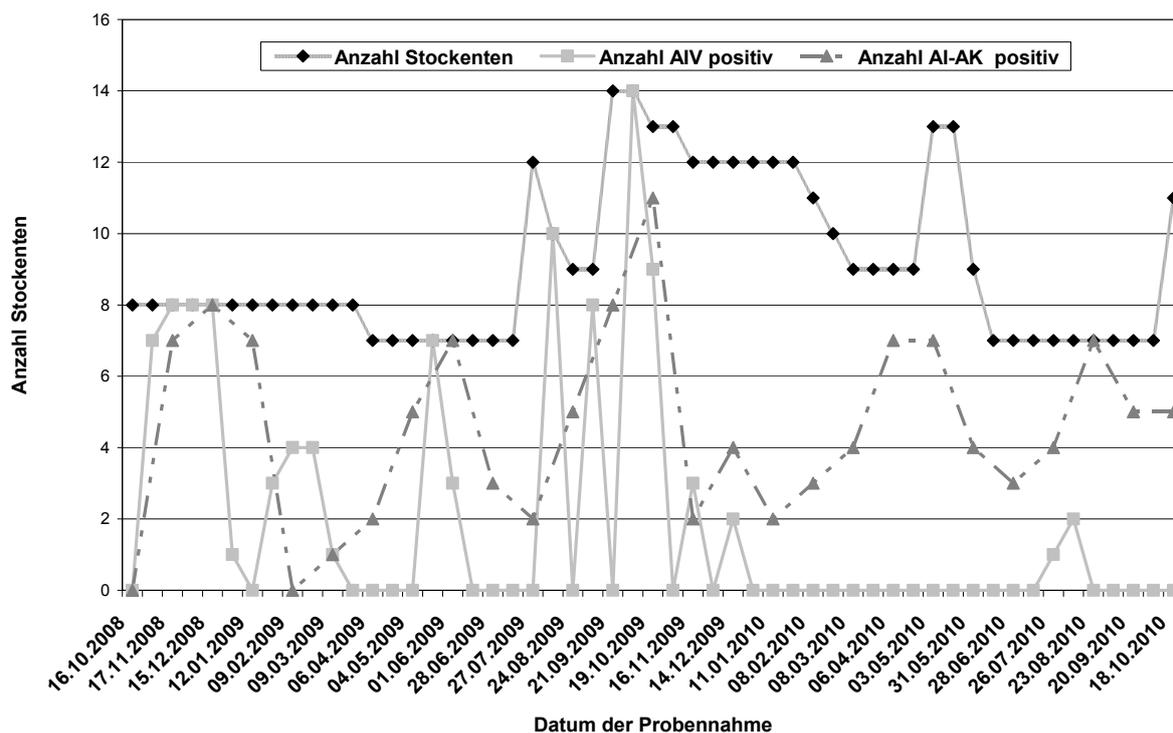
Tabelle 27 weist alle Antikörperbefunde aus, die im ELISA ermittelt worden sind. Von insgesamt 250 entnommenen Blutproben waren bei 25 der 27 (92,6%) aller 4 Wochen zu jeder 2. Tupferprobenentnahme durchgeführten Beprobungen 123 Tiere (49,2%) AI-AK positiv. Der Anteil der als AIV positiv bewerteten Stockenten schwankte zwischen 16,7 und 100,0% je Beprobung. Bei dem zusätzlich durchgeführten HAH konnten nur bei einem Tier in allen ab dem 23.08.2010 entnommenen Blutproben durchgängig bis zur letzten Probennahme des Untersuchungszeitraumes und noch danach bis zum Sommer 2011 H7-spezifische AK ermittelt werden. Alle anderen Seren der Stockenten blieben im HAH negativ.

**Tabelle 27:** Probennahmetage und AI-Antikörpernachweise der Sentinelstockenten am Felchowsee im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010.

Probennahme-Datum	Anzahl Tiere	lfd. Nr. der Probennahme	Anzahl AI-AK positiv	Anzahl AI-AK positiv in%
16.10.2008	8	1	0	0,00
17.11.2008	8	3	7	87,50
15.12.2008	8	5	8	100,00
12.01.2009	8	7	7	87,50
09.02.2009	8	9	0	0,00
09.03.2009	8	11	1	12,50
06.04.2009	7	13	2	28,57
04.05.2009	7	15	5	71,43
01.06.2009	7	17	7	100,00
28.06.2009	7	19	3	42,86
27.07.2009	12	21	2	16,67
24.08.2009	9	23	5	55,56
21.09.2009	14	25	8	57,14
19.10.2009	13	27	11	84,62
16.11.2009	12	29	2	16,67
14.12.2009	12	31	4	33,33
11.01.2010	12	33	2	16,67
08.02.2010	11	35	3	27,27
08.03.2010	9	37	4	44,44
06.04.2010	9	39	7	77,78
03.05.2010	13	41	7	53,85
31.05.2010	9	43	4	44,44
28.06.2010	7	45	3	42,86
26.07.2010	7	47	4	57,14
23.08.2010	7	49	7	100,00
20.09.2010	7	51	5	71,43
18.10.2010	11	53	5	45,45
<b>Summe</b>	<b>250</b>	<b>27</b>	<b>123</b>	<b>49,20</b>

#### 4.2.3 Vergleich positiver AIV- und AK-Nachweise

Ein zeitlicher Verlauf der Befunde bei den einzelnen Tieren wird in Abbildung 29 und Tabelle 28 dargestellt. Obwohl die AIV-Nachweise vorwiegend im ersten der zwei Jahre des Untersuchungszeitraumes ermittelt wurden, fanden sich auch im zweiten Jahr zahlreiche AI-AK-Befunde. Im ersten Jahr sprechen die Ergebnisse für zeitliche Zusammenhänge in verschiedenen Zeitintervallen zwischen AIV-Nachweisen und dem Auftreten von AK. Im zweiten Jahr ist dies offensichtlich nur einmal Ende Juli bis Anfang August 2010 der Fall. Die meisten AIV-positiven Beprobungen fanden sich im Herbst und Winter 2008 und 2009, aber auch im Frühjahr 2009 und Spätsommer 2010 gelang der AIV-Nachweis.



**Abbildung 29:** Zeitlicher Verlauf der AIV- und AK-Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010.

Tabelle 28 gibt vergleichend Auskunft zu den AIV- und AK-Befunden der einzelnen 28 im Projekt eingesetzten Stockenten. AIV war bei den Enten über ein Intervall von zwei bis sechs Wochen nachweisbar, wobei keine Aussage getroffen werden kann, ob es sich über den ganzen Zeitraum um den gleichen Subtyp gehandelt hat, da eine Bestimmung der H- und N-Typen auf Grund der niedrigen Viruslasten meist nicht gelungen ist. Lediglich im Spätherbst 2008 konnten bei zwei aufeinanderfolgenden Beprobungen unterschiedliche Subtypen ermittelt werden (s. Tabelle 24).

Da im HAH bis auf einen H7-Nachweis beim Tier Nr. 3 keine Subtypenbestimmung gelang, kann ein eindeutiger Zusammenhang zwischen AIV-Infektion und Serokonversion jedoch nicht festgestellt werden. Auch bei diesem Tier verlief zwar der AIV-Nachweis zwei Wochen vor dem AK-Nachweis positiv, eine Subtypisierung gelang jedoch nicht. Zahlreiche Proben insbesondere im zweiten Jahr waren AI-AK positiv, obwohl vorher keine AIV-Nachweise erfolgten. Die seropositive Phase belief sich auf vier Wochen bis mehrere Monate. Tier Nr. 3 z. B. zeigte besonders häufig und sehr lange bis zu neun Monaten hintereinander positive AK-Reaktionen zunächst nur im ELISA und später auch im HAH.

**Tabelle 28:** Zeitlicher Verlauf der AIV- und AI-AK- Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee bezogen auf die einzelnen Stockenten im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010.

Beprobungs- datum	Ifd. Nr. der eingesetzten Sentinelstockenten																												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	
16.10.2008																													
03.11.2008																													
17.11.2008	1	1	1	1	1	1	1	0																					
26.11.2008																													
15.12.2008	1	1	1	1	1	1	1	1																					
29.12.2008																													
12.01.2009	1	1	1	1	1	1	1	0																					
26.01.2009																													
09.02.2009	0	0	0	0	0	0	0	0																					
23.02.2009																													
09.03.2009	0	0	0	0		1	0	0																					
23.03.2009																													
06.04.2009	0	0	0	1		0	0	1																					
20.04.2009																													
04.05.2009	0	1	1	1		1	0	1																					
18.05.2009																													
01.06.2009	1	1	1	1		1	1	1																					
15.06.2009																													
28.06.2009	0	1	1	0		0	1	0		0	0	0	0	0															
13.07.2009																													
27.07.2009	0	0	1	0		0	1	0		0			0	0															
10.08.2009																													
24.08.2009	1	1				1		1					1	1															
07.09.2009																													
21.09.2009	1	1	1	1		1		1					1	1	0	0	0	0	0	0									
05.10.2009																													
19.10.2009	1	1	1	1		1		1					1	1	0	1				1	1								
02.11.2009																													
16.11.2009	0	0	1	0		1		0						0	0	0	0			0	0								
30.11.2009																													
14.12.2009	0	0	1	0		1		0						1	1	0	0			0	0								
28.12.2009																													
11.01.2010	1	0	0	0		1		0						0	0	0	0			0	0								
25.01.2010																													
08.02.2010	0	0	1	1		0		0						1	0	0	0			0	0								
22.02.2010																													
08.03.2010			1	1		1		0						1	0		0												
22.03.2010																													
06.04.2010			1	1		1		1						1	1		0				0	1							
19.04.2010																													
03.05.2010			1	1		1		1						1	1		0			0	0	0	0	1	0				
17.05.2010																													
31.05.2010			1	0		0		1						1	1					0	0	0							
14.06.2010																													
28.06.2010			1	0		1		1						0	0						0								
12.07.2010																													
26.07.2010			1	0		1		1						0	1						0								
09.08.2010																													
23.08.2010			H7	1		1		1						1	1						1								
06.09.2010																													
20.09.2010			H7	1		1		1						0	1						0								
04.10.2010																													
18.10.2010			H7	1		1		1						0	1						0					0	0	0	0

= virologisch negativ  
 = virologisch positiv  
**0** = serologisch negativ  
**1** = serologisch positiv

Insgesamt betrachtet waren alle länger als vier Wochen im Gehege befindlichen Sentineltiere mindestens einmal AIV positiv und bis auf zwei der später dazugekommenen Tiere auch AK positiv. Bis zu neunmal (Tier Nr. 3) im Laufe des Untersuchungszeitraumes fand offensichtlich ein neuer Kontakt mit einem AI-Virus statt.

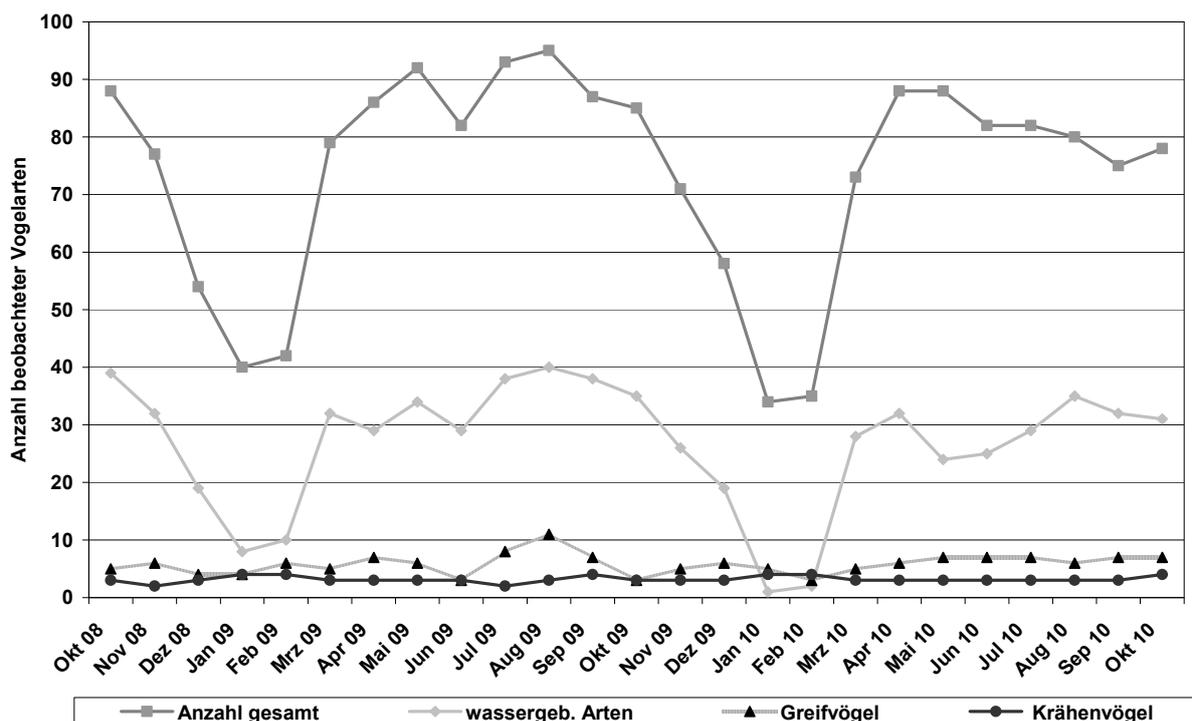
#### **4.2.4 Wildvogelbeobachtungen am Felchowsee**

Aller fünf Tage (=eine Pentade) wurden über insgesamt 150 Pentaden Vogelzählungen zur Erfassung der einzelnen vorkommenden Spezies und der Anzahl an Vögeln je Spezies durchgeführt. In Tabelle 29 werden alle relevanten Arten genannt, die in großer Zahl bzw. häufig aufgetreten sind. Gleichzeitig sind die Migrationstypen der Wildvogelarten verzeichnet. Besonders häufig wurden wassergebundene Arten wie Haubentaucher (104x), Höckerschwan (133x), Graugans (120x), Schnatterente (112x), Stockente (122x), Löffelente (100x), Tafelente (113x), Reiherente (114x), Schellente (120x), Blessralle (106x), aber auch Greifvögel und Rabenvögel beobachtet. Dabei waren auch bei einigen dieser Arten größere Ansammlungen an einzelnen oder mehreren Pentaden zu registrieren. Höckerschwäne kamen sehr zahlreich von bis zu 1.382 Tieren insbesondere im ersten Jahr 2009 von Mai bis Juli vor. Im zweiten Jahr dagegen konnten sie nicht so häufig (bis zu 407 Tieren in den Sommermonaten) registriert werden. Graugänse erreichten eine beachtliche Zahl von max. 6.000 Vögeln vor allem in den Monaten September bis Oktober, im Jahr 2010 bereits ab August. Verschiedene Entenarten warteten mit mehreren hundert Individuen vor allem in den Spätsommer- und Herbstmonaten von Juli bis November auf. Nordische Bless- und Saatgänse waren zwar nur im Herbst zu beobachten, kamen aber auf bedeutende Größenordnungen von bis zu 4.000 Tieren bei Spitzenwerten im Oktober. Die größte Zahl an Wildgänsen, die auf Grund der Entfernung nicht eindeutig unterschieden werden konnten, belief sich auf 12.000 Vögel im Oktober 2008. Blessrallen tauchten ebenfalls in einer Häufung von bis zu 2.770 Vögeln am Felchowsee auf. Vor dem Wegzug im Herbst sammelten sich bis zu 18.000 Stare und 3.000 Rauchschwalben am Gewässer. Als Langstreckenzieher war die als ehemaliger Brutvogel ausgewiesene Pfeifente immerhin an 83 Pentaden mit max. 300 Tieren vor allem im März und die Knäkente an 35 Pentaden mit max. 18 Individuen vorwiegend in den Sommermonaten 2009 festzustellen. Die Rohrweihe, die in unserem Untersuchungszeitraum auch direkten Kontakt mit den Stockenten im Gehege hatte, wurde an 83 Pentaden mit max. drei Vögeln gezählt. Der Fischadler als Langstreckenzieher tauchte an 33 Pentaden mit max. drei Tieren auf. Weitere Langstreckenzieher wie Fluss- und Trauerseeschwalbe konnten 36 bzw. 30mal mit max. 14 bzw. 26 Tieren beobachtet werden. Unter den Möwenvögeln zeigten sich Lach- und Silbermöwe 92 bzw. 38mal mit max. 560 bzw. 66 Individuen am Felchowsee.

**Tabelle 29:** Beobachtete Wildvögel je Pentade (max. Anzahl an Pentaden = 150) im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (S, Standvogel; T, Teilzieher; K, Kurzstreckenzieher; M, Mittelstreckenzieher; L, Langstreckenzieher).

Beobachtete Vogelart	max. Anzahl je Art an gezählten Pentaden	max. Anzahl je Art bei den Zählungen	Migrationstyp
Zwergtaucher ( <i>Tachybaptus ruficollis</i> )	91	231	T
Haubentaucher ( <i>Podiceps cristatus</i> )	104	221	T
Schwarzhalstaucher ( <i>Podiceps nigricollis</i> )	80	157	K
Kormoran ( <i>Phalacrocorax carbo</i> )	94	418	T
Rohrdommel ( <i>Botaurus stellaris</i> )	17	1	T
Silberreiher ( <i>Casmerodius albus</i> )	42	73	K
Graureiher ( <i>Ardea cinerea</i> )	81	23	K
Höckerschwan ( <i>Cygnus olor</i> )	133	1382	T
Singschwan ( <i>Cygnus cygnus</i> )	39	213	K-M
Wildgans	17	12.000	?
Saatgans ( <i>Anser fabalis</i> )	47	4.000	M
Blessgans ( <i>Anser albifrons</i> )	28	2.500	M
Saat-/Blessgans	9	2.470	M
Graugans ( <i>Anser anser</i> )	120	6.000	K
Pfeifente ( <i>Anas penelope</i> )	83	300	L
Schnatterente ( <i>Anas strepera</i> )	112	622	K
Krickente ( <i>Anas crecca</i> )	94	600	K,M
Stockente ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	122	458	K,M
Spießente ( <i>Anas acuta</i> )	31	40	K
Knäkente ( <i>Anas querquedula</i> )	35	18	L
Löffelente ( <i>Anas clypeata</i> )	100	880	K
Kolbenente ( <i>Netta rufina</i> )	11	3	S,T
Tafelente ( <i>Aythya ferina</i> )	113	542	T,K
Reiherente ( <i>Aythya fuligula</i> )	114	337	T,K
Schellente ( <i>Bucephala clangula</i> )	125	250	T,K
Zwergsäger ( <i>Mergellus albellus</i> )	28	28	T,K
Gänsesäger ( <i>Mergus merganser</i> )	31	102	S
Seeadler ( <i>Haliaeetus albicilla</i> )	82	7	S
Mäusebussard ( <i>Buteo buteo</i> )	99	6	T
Rotmilan ( <i>Milvus milvus</i> )	59	4	K
Rohrweihe ( <i>Circus aeruginosus</i> )	65	3	L
Fischadler ( <i>Pandion haliaetus</i> )	33	3	L
Nebelkrähe ( <i>Corvus corone cornix</i> )	91	24	S
Kolkrabe ( <i>Corvus corax</i> )	116	5	S
Wasserralle ( <i>Rallus aquaticus</i> )	76	4	S,T,K
Blessralle ( <i>Fulica atra</i> )	106	2.770	S,T
Kranich ( <i>Grus grus</i> )	99	650	K
Goldregenpfeifer ( <i>Pluvialis apricaria</i> )	1	900	L
Kiebitz ( <i>Vanellus vanellus</i> )	43	900	K
Bekassine ( <i>Gallinago gallinago</i> )	29	10	K
Lachmöwe ( <i>Larus ridibundus</i> )	92	560	S,K
Silbermöwe ( <i>Larus argentatus</i> )	38	66	T,K
Flußseeschwalbe ( <i>Sterna hirundo</i> )	36	14	L
Trauerseeschwalbe ( <i>Chlidonias niger</i> )	30	26	L
Rauchschwalbe ( <i>Hirundo rustica</i> )	60	3.000	L
Star ( <i>Sturnus vulgaris</i> )	79	18.000	K

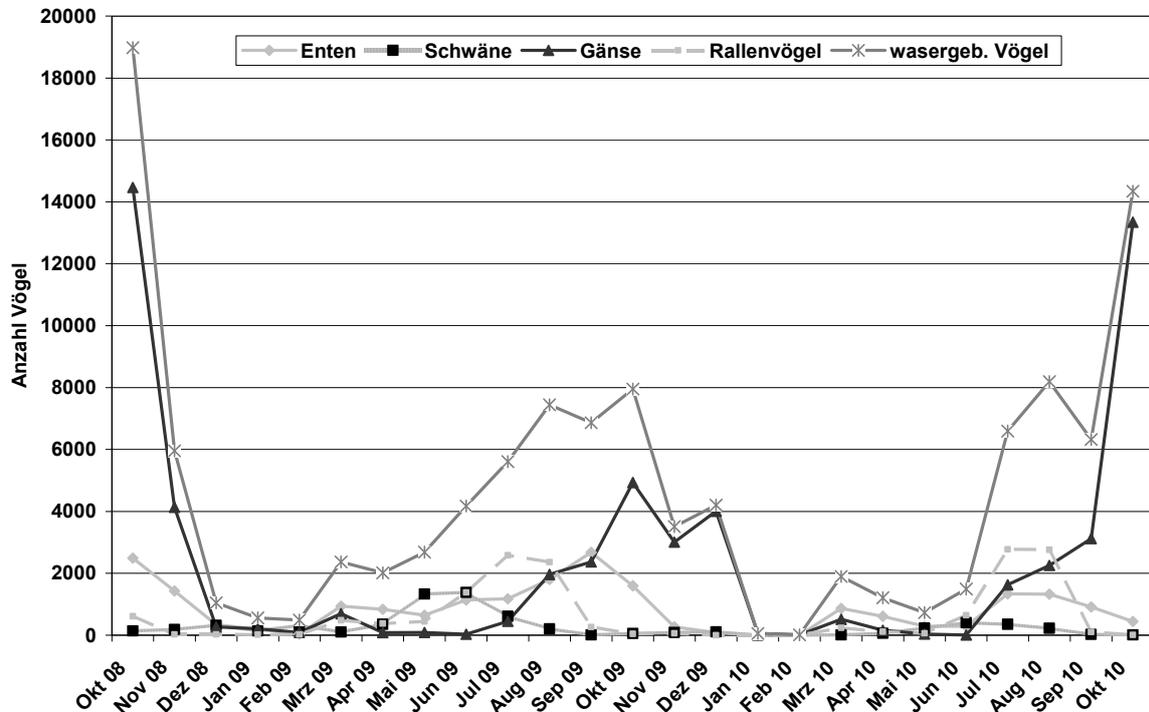
Die Anzahl der in den einzelnen Monaten beobachteten Vogelarten unterlag erheblichen Schwankungen und zeigte typische saisonale Charakteristika. Es wurden insgesamt 189 einheimische Vogelarten am Felchowsee gezählt. Die Anzahl gleichzeitig aufgetretener Spezies schwankte zwischen max. 95 im August 2009 und 34 im Januar 2010. Aus Abbildung 30 wird ersichtlich, dass bei gesamt Betrachtung die Anzahl der Spezies in den Wintermonaten deutlich abgenommen hat, was insbesondere durch die wassergebundenen Arten (alle Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben) bedingt gewesen ist. In den Monaten Januar und Februar waren fast keine dieser Arten zu beobachten (2009: acht bis zehn Arten, 2010: eine bis zwei Arten). Bei weiteren als Risikoarten eingestuft Greif- und Krähenvögeln (Raubvögel und Aasfresser) mit überwiegend nichtziehenden Arten zeigten sich diese Unterschiede kaum. Kontinuierlich über die Jahre verteilt bewegte sich die Anzahl der Arten bei Greifvögeln zwischen drei und acht mit einer Ausnahme im August 2009 von zwölf und bei Krähenvögeln zwischen zwei und vier.



**Abbildung 30:** Anzahl beobachteter Vogelarten je Monat im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Arten: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben).

Betrachtet man Abbildung 31, so zeigen sich anhand der Vogelzahlen je Monat bei den wassergebundenen Arten saisonale Unterschiede. Sind die Gänse eher im Herbst sehr zahlreich, kommen Enten und Schwäne vor allem in den Sommermonaten häufiger vor,

wobei das Maximum der Schwäne etwas eher eintritt als das der Entenvögel. Im zweiten Untersuchungsjahr waren zudem wesentlich weniger Schwäne am Felchowsee als im ersten Jahr.

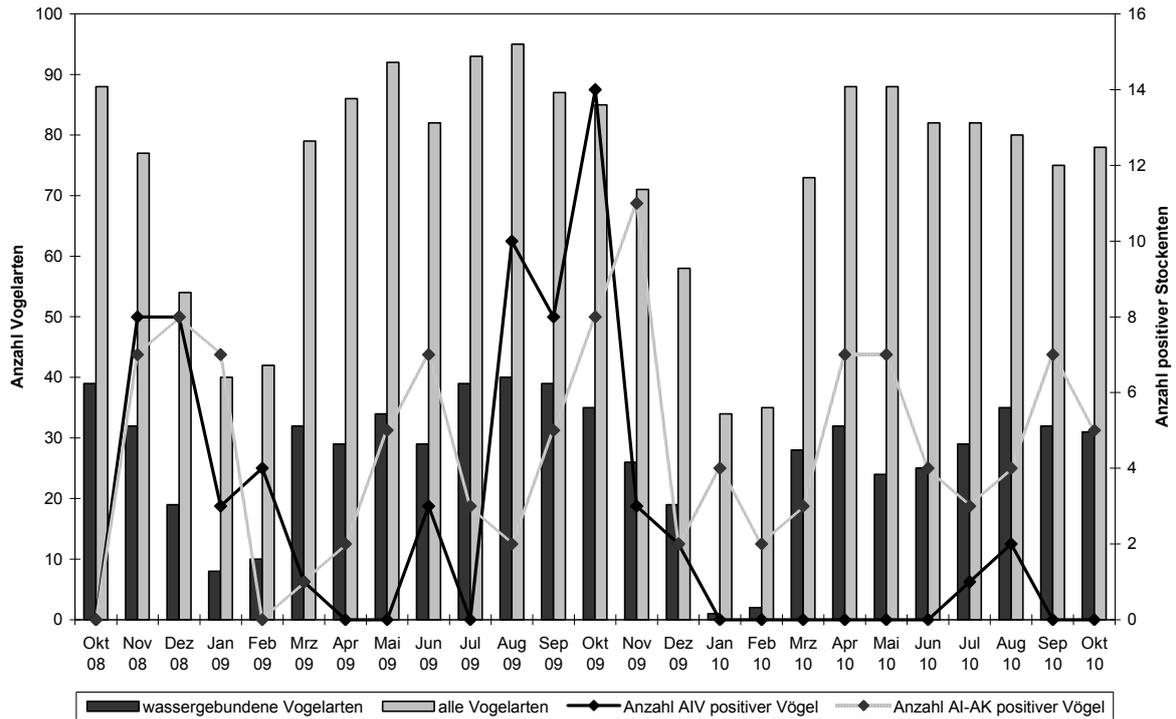


**Abbildung 31:** Anzahl beobachteter Vögel je Monat im Untersuchungszeitraum Oktober 2008–Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Arten: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben).

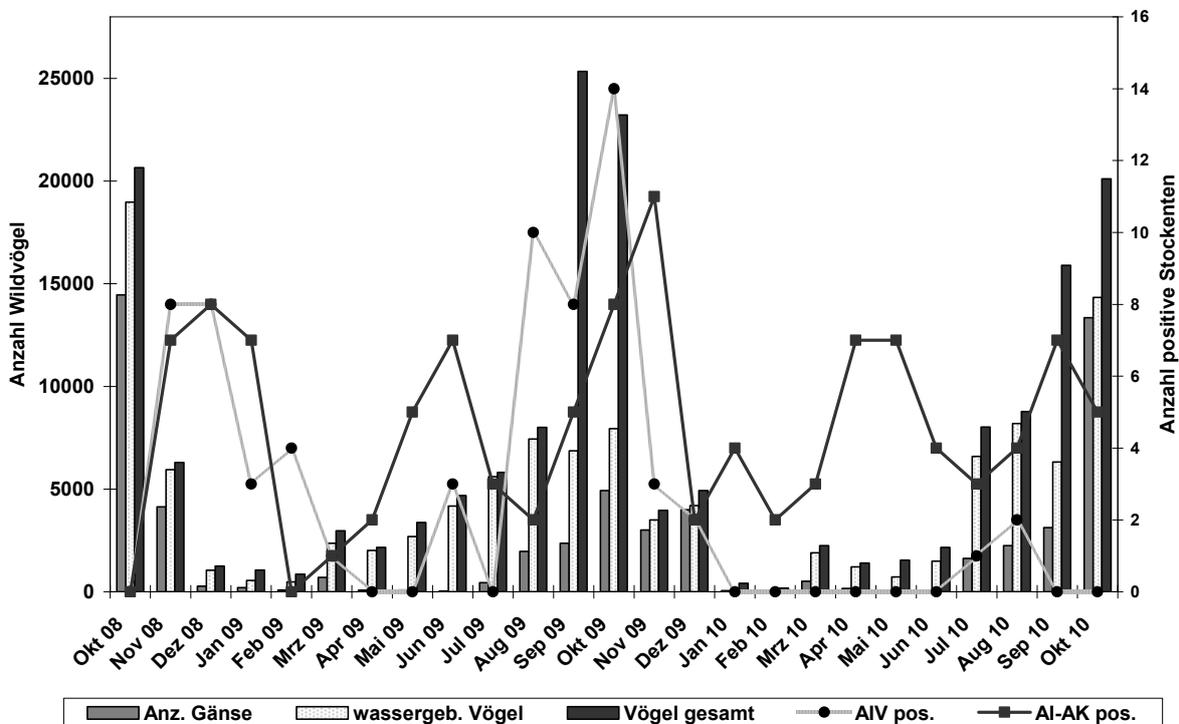
In Tabelle 35 im Anhang sind Befunde und besondere Ereignisse in den einzelnen Monaten des Untersuchungszeitraumes zusammengefasst. Dabei wurden im Rahmen der Vogelbeobachtungen auch Arten registriert, die sich unmittelbar am oder sogar im Gehege aufgehalten haben, um so einen Zusammenhang zwischen NPAIV positiven Befunden der Stockenten und einer möglichen Infektionsquelle zu erkennen. Gleichzeitig fand eine Erfassung von Wetter- und Klimaereignissen statt. In den Herbstmonaten stieg das Wasservogelaufkommen insbesondere durch zahlreiche Graugänse und das Eintreffen von nordischen Saat- und Blessgänsen stark an. Im November zogen wiederum zahlreiche Wildvögel ab. In dieser Zeit gab es einen kurzfristigen Kälteeinbruch, wobei der Felchowsee zu ca. 50% zufror. Die Zahl nordischer Wintergäste nahm durch das Eintreffen von Zwerg-, Singschwänen und Sägern bis Dezember weiter zu. Singschwäne zeigten sich im Dezember 2009 mit Maximalbeständen. In Januar und Februar 2009 hielt eine durchgängige Frostperiode an, was die Wildvögel mit Kälteflucht beantworteten. Trotzdem kamen die ersten Graugänse bereits im Februar aus ihren Winterquartieren zurück. Im März war der

See wieder eisfrei, es stellten sich Höckerschwäne und rastende Enten sowie weitere Graugänse mit Brutbeginn ein. Der Kranichzug hatte begonnen. Im April zogen die nordischen Arten ab, es wurden zahlreiche auf dem Durchzug befindliche Enten und Möwen sowie Blesrallen beobachtet. Bei Löffel- und Schnatterenten war ein Bestandsmaximum zu verzeichnen. Die am See befindlichen Fisch fressenden Arten wie Kormorane und Reiher hielten sich versteckt an ihren Brutplätzen auf. Im Mai fanden intensive Zugbewegungen bei der Lachmöwe statt und es jagten zahlreiche Mauersegler sowie Schwalben nach Nahrung über dem See. In den Sommermonaten vollzog sich bei verschiedenen Entenarten die Mauser, was sie in dieser Zeit flugunfähig machte. Auch die Sentinelstockenten waren im Juni und Juli davon betroffen. Im August zeigten sich zahlreiche Limikolen und Lappentaucher mit ihrem Bestandsmaximum im Jahr. Nachdem auch die ersten Graugänse in diesem Monat zurückgekehrt waren, nahm ihr Bestand auf Grund des Sammelns am Felchowsee deutlich zu. Ende September warteten Tauchenten mit Höchstbeständen auf. Im Oktober wurden zahlreiche Möwen beobachtet und im Schilf hatten ca. 18.000 Stare ihre Schlafplätze eingerichtet. Im November erschienen nordische Gäste wie Zwerg- und Singschwan sowie Bless- und Saatgans. Bereits im Dezember 2009 setzte eine starke Kälteperiode ein, die bis in den März hineinreichte. Der Januar 2010 war mit  $-23^{\circ}\text{C}$  der kälteste Monat im Untersuchungszeitraum, erst Ende März fanden sich die ersten eisfreien Stellen am Felchowsee. Entsprechend war das Wasservogelaufkommen in den Wintermonaten extrem niedrig. Die Wildvögel zeigten ihre Anwesenheit zwar in ähnlicher Formation wie im Jahr zuvor, jedoch trafen sie später ein. Im Sommer 2010 waren zudem insgesamt weniger Vögel am See zu beobachten als im Jahr vorher. Nicht nur Klima, sondern auch mangelndes Nahrungsangebot am See führte sowohl bei Höckerschwänen im Juli 2009 als auch bei Fisch fressenden Arten im April 2010 zur Reduzierung der Bestände.

Unmittelbar am Gehege hielten sich bis auf die Monate im Winter mit zugefrorener Eisdecke zahlreiche Wasservogelarten und andere wassergebundenen Spezies auf. Darunter befanden sich verschiedene nordische Gänse, Schwimm-, Tauch-, Meerenten und Säger, einheimische und nordische Schwäne, Reiher, Taucher, Rallen, Reiher und Lachmöwen, so dass über Oberflächenwasser eine Übertragung von AIV denkbar gewesen wäre. Aber auch im Gehege konnten in 15 Pentaden verschiedene Wildvogelarten beobachtet werden, darunter siebenmal Stockente, fünfmal Wasserralle, einmal Graureiher, einmal Habicht und einmal Rohrweihe. Die Rohrweihe fand in einer Sentinelstockente ihre Beute und hatte so nachweislich direkten Kontakt zu den Tieren. Über aufgestellte Futter- und Tränkgefäße wurden darüber hinaus weitere Kontaktmöglichkeiten verschiedener, neben Wasservögeln auch anderer wie z. B. Singvogelarten angenommen.



**Abbildung 32:** Vergleich der AIV- und AI-AK-Befunde der Sentinelstockenten mit der Anzahl der aufgetretenen Vogelarten im Verlauf des Untersuchungszeitraumes Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Arten: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben).



**Abbildung 33:** Vergleich der AIV- und AI-AK-Befunde der Sentinelstockenten mit der Anzahl der aufgetretenen Wildvögel im Verlauf des Untersuchungszeitraumes Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Vögel: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben).

---

Vergleichsweise sind die an den Sentinelstockenten erhobenen AIV- und AI-AK-Befunde und die Anzahl der aufgetretenen Vogelarten (Abbildung 32) bzw. Wildvögel (Abbildung 33) am Felchowsee dargestellt.

Dabei sind neben den Spezies insgesamt auch die wassergebundenen Arten zusätzlich aufgeführt. Die Anzahl der Wildvögel wird entscheidend durch die vorwiegend in den Herbstmonaten beobachteten Gänse bestimmt. Ein saisonaler Rhythmus ist sowohl bei den aufgeführten Arten als auch bei der Anzahl der Wildvögel zu erkennen. Zudem scheint der Nachweis von AIV in zeitlichem Zusammenhang insbesondere mit dem Auftreten der nordischen Gänse in Verbindung zu stehen, obwohl der Anteil dieser Arten an der Gesamtzahl im Herbst 2009 nicht so hoch war wie 2008 und 2010. Im Jahr 2009 sind die besonders hohen Gesamtwerte in den vielen bis zu 18.000 gezählten Staren begründet, die Schlafplätze im Schilf des Sees nutzten.

## 5 Diskussion

Ziel der Arbeit war es, im Rahmen eines Wildvogelmonitorings Erkenntnisse über die Verbreitung von hoch- und niedrigpathogenen aviären Influenzaviren und das Vorhandensein von bestimmten AIV-Subtypen zu erhalten. Zudem sollten auf saisonale, regionale und wirtsspezifische Verteilungsmuster bezogene Prävalenzen diskutiert sowie der Einfluss von Probenmatrix und Zustand der untersuchten Vögel berücksichtigt werden. Da jedoch die Organisation einer zielgerichteten flächendeckenden und kontinuierlichen Untersuchung von Wildvögeln in Brandenburg als schwierig eingeschätzt wurde, sollten zusätzlich Erkenntnisse aus der Untersuchung von Sentinelstockenten gewonnen werden, die nach einem festgelegten Schema über zwei Jahre an einem Standort mit hoher Wasservogeldichte beprobt wurden. Im Zusammenhang mit der gleichzeitigen Erfassung von Wildvögeln im Bereich der Sentinelanlage war ein Ziel, die potentielle Effizienz bestimmter Wildvogelarten im Hinblick auf eine Verbreitungsgefahr von AIV abzuschätzen.

### 5.1 Diskussion der Untersuchungsmethode

#### 5.1.1 Probenorganisation, Probentransport, Probenbearbeitung und -befundung

Bei der Probennahme zur Organisation des Wildvogelmonitorings in Brandenburg waren zahlreiche Helfer aus den verschiedensten Bereichen sowie Personen aus der Bevölkerung beteiligt, so dass eine exakte Handhabung nicht in jedem Fall garantiert sein dürfte. Die Tierkörper, Tupfer- und Kotproben von Wildvögeln und den Sentinelstockenten wurden dem LLBB Frankfurt/Oder als Landesuntersuchungsstätte meist über den Kurierdienst des LLBB schnellstmöglich zugesandt. Obwohl vom Ministerium für Umwelt, Gesundheit und Verbraucherschutz (MUGV) Brandenburg ein Merkblatt zur Verfügung gestellt worden ist, können Fehler bei der Probengewinnung nicht immer ausgeschlossen werden. Die Entnahme von Tupfern z. B. bei sehr kleinen Vögeln wird als schwierig eingeschätzt (Globig 2007). Die am FLI erfolgte abschließende Diagnosestellung ergab eine nur teilweise Wiederfindungsrate der am LLBB als AIV positiv bewerteten Proben. Jedoch konnten alle am LLBB in der PCR als H5 und H7 positiv getesteten Proben am FLI bestätigt werden. Betrachtet man die Ct-Werte der PCR-Ergebnisse, so liegen diese eher im oberen Bereich, was auf eine geringe Viruslast im Probengut hinweist. Zudem hätte die im Probenmaterial vorhandene Erregermenge durch Umwelteinflüsse (Stallknecht *et al.* 1990; De Benedictis *et al.* 2007), aber auch durch eine Poolung von je fünf Proben in der PCR-Untersuchung (Globig 2007) sowie während des Weitertransports und der erneuten Bearbeitung der Proben am FLI reduziert worden sein können. Die Labormethodik ist durch rechtliche Vorgaben bestimmt. Über den Untersuchungszeitraum von insgesamt fünf Jahren fand dabei eine enorme Weiterentwicklung der Techniken statt, so dass durch die Einführung

modifizierter und neuer Methoden eine höhere Spezifität und Sensitivität erreicht werden konnte (s. Abschnitt 3.4). Zunächst ging man davon aus, dass nur bei großen Genommengen eine molekulare Charakterisierung direkt aus dem Probenmaterial durchgeführt werden konnte (Perdue 2003). Später jedoch gelang dies auch bei geringerem Virusgehalt oder nach suboptimaler Lagerung der Proben. Wang *et al.* (2010) stellten die verschiedenen Techniken in ihren Ausführungen gegenüber. Dies erlaubte nach früherer Verwendung von Organmaterial die Nutzung von Tupferabstrichen aus Rachen bzw. Trachea und Kloake. Trotzdem betrachteten zum Beispiel Bröjer *et al.* (2009) im Ergebnis umfangreiche Studien an Reiherenten während eines HPAIV N5N1-Geschehens im Frühjahr 2006 in Schweden die Auswertung von Tupferproben nur als Screening und verstanden unter einer umfassenden AIV-Diagnostik die Einbeziehung von Gewebe- und Organproben verendeter Wildvögel. Eine Virusisolierung gelang nur in den seltensten Fällen. Man muss deshalb davon ausgehen, dass das im Probengut vorhandene Virus nicht nur oft in geringer Menge vorhanden, sondern meist auch nicht mehr vermehrungsfähig gewesen ist. Bereits Globig (2007) und Rabl (2010) wiesen in umfangreichen Studien zum Vorkommen von AIV bei Wildvögeln in verschiedenen Regionen Deutschlands auf eine höhere Wiederfindungsrate in molekularbiologischen Tests im Vergleich zur Virusisolierung hin.

### 5.1.2 Statistik

Um Aussagen über das Vorkommen von AIV in der Wildvogelpopulation zu treffen, wurde die Prävalenz von HPAIV und NPAIV bezogen auf die einzelnen Wildvogelspezies und verschiedene Probenmatrizen ermittelt. Eng betrachtet, muss dieser Begriff durch die Angabe von positiven Proben am Untersuchungsgut ersetzt werden, da die wirkliche Prävalenz in einer Mischpopulation von Wildvögeln bei der in dieser Arbeit untersuchten Stichprobengröße nicht bestimmt werden kann. Jedoch ergeben der Umfang des Wildvogelmonitorings, die positiven AIV-Befunde und die Ergebnisse aus der Sentinelanlage Hinweise auf die Verbreitung von AIV im Land Brandenburg sowie räumliche, zeitliche und artspezifische Unterschiede. Zu gleichen Erkenntnissen kam Globig (2007) bei umfangreichen Untersuchungen an Wildvögeln zwischen März 2003 und Januar 2005 in Deutschland zum Vorkommen von AIV bei Wildvögeln.

Die Ermittlung von signifikanten Unterschieden mittels statistischer Tests wurde nur dann durchgeführt, wenn die Konfidenzintervalle der ermittelten Prävalenzen sich nicht deutlich unterschieden haben oder wichtige Aussagen unterstützt werden sollten, wie zum Beispiel der Unterschied der NPAIV-Nachweisraten in den Sommer- und Wintermonaten (s. Abschnitt 4.1.2.1). Aber auch bei bestimmten Parametern wie z. B. der monatlichen oder regionalen Verteilung wurden im Hinblick auf eine sinnvolle Testung insbesondere kritische statistische Werte verglichen. So stellte sich z. B. heraus, dass es zwischen Januar und September

2006-2010 Unterschiede in der Prävalenz gegeben hat. Diese sind jedoch nicht statistisch gesichert (Fisher Exakt-Test;  $p=0,05943$ , s. Abschnitt 4.1.2.1), da für diese Studie der Grenzwert bei  $p=0,05$  festgelegt worden ist. Dagegen konnte im Vergleich der Landkreise ein signifikant höherer Wert in SPN als in EE ermittelt werden (Fisher Exakt-Test;  $p=0,003595$ , s. Abschnitt 4.1.2.6).

## **5.2 Ergebnisse des Wildvogelmonitorings**

### **5.2.1 Speziespezifische AIV-Nachweise**

Die Auswahl der in das Monitoring einbezogenen Wildvogelspezies orientierte sich vorwiegend an rechtlichen Vorgaben. Zunächst gab es Entscheidungen der Kommission, in denen die Mitgliedsstaaten zu freiwilligen Überwachungsmaßnahmen aufgefordert wurden (Anonym 2002). Es folgten weitere Vorgaben für nationale Bekämpfungsprogramme mit konkreten Vorgaben für die bevorzugt zu beprobenden Spezies (Anonym 2007; Anonym 2010a) insbesondere basierend auf bereits erfolgten HPAIV H5N1-Nachweisen. Zudem fanden Ausführungen von Veen *et al.* (2007) zur Bewertung bestimmter Arten als Riskiospezies Berücksichtigung. Dies betrifft insbesondere Wasservögel, Wat-, Alken- und Möwenvögel sowie Greifvögel und Aasfresser. Im Rahmen des Monitorings in Brandenburg wurden von 2006 bis 2010 insgesamt 8.290 einheimische Wildvögel aus 139 Arten und 43 Familien mit einem Anteil von 35,2% Entenvögeln, 9,8% Wat-, Alken- und Möwenvögeln und 14,1% Greifvögeln beprobt.

### **Hochpathogene aviäre Influenzaviren**

Nachdem 1996 Infektionen durch hochpathogene AIV des Subtyps H5N1 bei Hausgänsen in China beschrieben worden waren (Shortridge *et al.* 1998), hatte sich dieser Erreger in weiten Teilen Südasiens, Zentralasien und Afrika endemisch in Hausgeflügel, vor allem in Enten- und Gänsebeständen ausgebreitet (Li *et al.* 2004; Ducatez *et al.* 2007). Ein Ausbruch einer HPAIV H5N1-Infektion bei Wildvögeln in größerem Ausmaß wurde erstmals 2005 am Qinghai-See in Nordwest-China beobachtet, als Tausende von Wasservögeln, insbesondere Streifengänse, verendet sind (Chen *et al.* 2006a). Nachdem am 8. Februar 2006 auf der Insel Rügen die ersten HPAIV H5N1-Befunde bei je einem Höcker- und Singschwan (Globig *et al.* 2009b) und am 21. Februar des gleichen Jahres bei einem Höckerschwan und einer Wildente auch in Brandenburg festgestellt worden waren, erhöhte sich das Probenaufkommen im Frühjahr 2006 (s. Abbildung 8) im Rahmen der eigenen Untersuchungen erheblich. Im Zusammenhang mit einer anhaltenden Kälteperiode im Winter 2006 waren vermehrt Wildvögel verendet, die zur Untersuchung an das LLBB in

Frankfurt/Oder eingesandt wurden. Es fanden aber auch gezielte Monitoringuntersuchungen z. B. bei Watvögeln im Jahr 2006 im Bereich des Gülper Sees statt.

Bei den ausschließlich im Frühjahr 2006 in Brandenburg erhobenen 21 HPAIV H5N1-Nachweisen wurden die meisten HPAIV-Befunde bei neun Schwänen (42,8%) und einem Anteil von insgesamt 13 HPAIV H5N1 positiven Wasservögeln (61,9%) erhoben, wobei neben den je vier Sing- und Höckerschwänen alle weiteren Wasservögel nicht exakt bestimmt worden waren. Es lagen somit keine Erkenntnisse vor, um welche Arten von Wildenten bzw. Wildgänsen es sich gehandelt hat. Bei Greifvögeln (19,0%) war dieser hochpathogene Erreger neben einem Kormoran und einer Blessralle (je 4,8%) sowie bei zwei Weißstörchen (9,5%) ebenfalls nachweisbar, jedoch fand er sich nicht bei Wat-, Alken- und Möwenvögeln, obwohl 704 der insgesamt 814 Vögel aus dieser Ordnung im Jahr 2006 beprobt worden waren. Bei den Weißstörchen handelte es sich um zwei verendete Elterntiere, von denen je eines am 16. und 22. April zur Untersuchung gelangte. Die Tiere stammten aus der Region im Unteren Odertal, wo gleichzeitig HPAIV-Infektionen bei Schwänen festgestellt wurden. Bei den zwei noch verbliebenen Jungtieren konnte das Virus jedoch nicht detektiert werden. Aus der Literatur gibt es mehrere Hinweise, dass an gleichen von HPAI H5N1-Geschehen betroffenen Standorten sowohl verschiedene Wildvogelspezies als auch Säugetierarten gleichzeitig von dieser hochpathogenen AIV-Infektion betroffen gewesen sind (Ellis *et al.* 2004; Liu *et al.* 2005; Weber *et al.* 2007; Zohari *et al.* 2008b). Nachweise von HPAIV bei Greifvögeln, insbesondere der Ordnung *Falconiformes* sind auch aus anderen Studien bekannt geworden: in Schweden und Dänemark z. B. fand sich im Jahr 2006 das HPAI-Virus H5N1 insbesondere beim Mäusebussard (*Buteo buteo*) (Komar und Olsen 2008).

Im Frühjahr 2006 wurden allein auf der Insel Rügen 158 HPAIV H5N1 positive Wildvögel gefunden, was einen Anteil von 48% aller in Deutschland als HPAIV H5N1 positiv bewerteten Wildvögel ausmachte (Happold *et al.* 2008; Globig *et al.* 2009b). Die meisten Nachweise gelangen demnach beim Singschwan mit 90% gefolgt von Kanadagans (57%) und Reiherente (40%). Jedoch fand man dieses Virus beim Höckerschwan wesentlich seltener. Darüber hinaus konnte das HPAIV H5N1-Virus ohne Hinweise auf eine von dort ausgehende weitere räumliche Ausbreitung auch in Südwestdeutschland am Bodensee und in Bayern vorwiegend entlang des Donauflusses detektiert werden. Am Bodensee wurde das HPAIV H5N1 insbesondere bei Tafelente (7%), Höckerschwan (3,5%) und Reiherente (1,8%) festgestellt. Insgesamt waren in Deutschland im Winter und zeitigen Frühjahr 2006 mehr als 30 Vogelspezies in sieben Bundesländern betroffen. Auch in den angrenzenden Ländern Österreich und Schweiz fand sich HPAIV H5N1 insbesondere im Bodenseebereich. Zusammenfassende Betrachtungen an diesem See ergaben die höchsten Nachweisraten bei

Tafelente (10,5%), Reiherente (5,6%) sowie nicht näher bestimmten Entenarten (7,4%) (Happold *et al.* 2008; Globig *et al.* 2009b). Darüber hinaus konnte HPAIV H5N1 auch in anderen Staaten Europas und Asiens nachgewiesen werden (s. Tabelle 2).

Von 2007 bis 2010 waren bei eigenen Untersuchungen keine weiteren HPAIV H5N1 oder andere hochpathogene Subtypen in Brandenburg nachweisbar. Jedoch wurden im Juni 2007 in Bayern 13 Höckerschwäne, eine Kanadagans, eine Graugans und eine Stockente HPAIV H5N1 positiv getestet (Globig *et al.* 2009b). Unabhängig davon ereignete sich im Juli des gleichen Jahres ein HPAIV H5N1-Geschehen am Kelbra-See, gelegen in Sachsen und angrenzend an Sachsen-Anhalt sowie Thüringen, bei dem vorwiegend Schwarzhalstaucher mit klassischen Symptomen an der Infektion mit diesem hochpathogenen AIV-Subtyp verendeten (Häuslaigner *et al.* 2009).

Offensichtlich lagen 2006 nicht nur in den eigenen Untersuchungen die höchsten Nachweisraten bei Schwänen mit regional unterschiedlicher Beteiligung von einheimischen Höcker- und nordischen Singschwänen vor. Zum einen gelten Schwäne als hochempfindlich mit zum Teil perakutem Verenden, wobei ausgeprägte klinische sowie pathomorphologische und pathohistologische Veränderungen bei diesen Vögeln sowohl nach natürlichen Infektionen (Nagy *et al.* 2007; Palmi *et al.* 2007; Teifke *et al.* 2007) als auch im Rahmen experimenteller Untersuchungen beschrieben worden sind (Brown *et al.* 2008; Kalthoff *et al.* 2008b). Zum anderen sind kranke oder verendete Schwäne durch ihre Größe sowie das weiße Gefieder leicht zu erkennen und darüber hinaus schwerer zugänglich für Raubtiere und Aasfresser. Andere auch betroffene Vogelarten könnten somit eher unentdeckt geblieben sein.

Betrachtet man die Anzahl der eingesandten Vögel in Bezug auf die Prävalenz bei den einzelnen Arten, so lässt sich aus den Konfidenzintervallen ableiten, dass ein Nachweis von HPAIV H5N1 nur ab einem bestimmten Probenumfang möglich gewesen wäre. Bei der Anzahl der beprobten Wildvögel 2006-2010 in Brandenburg hätte man beispielsweise bei Weißstorch und Singschwan erst bei einer Prävalenz von 8,6% HPAIV positive Individuen sicher erkannt. Derart hohe Prävalenzen über einen längeren Zeitraum sind aus der Literatur bisher nicht bekannt. In Brandenburg wurden in diesem Zusammenhang mehr als 600 junge Weißstörche zwischen 2003 und 2008 im Rahmen von Beringungsprogrammen neben den im Monitoring beprobten adulten Tieren auf AIV untersucht (Müller *et al.* 2009). Außer den bereits geschilderten zwei Fällen von HPAIV H5N1 gab es jedoch keine weiteren AIV-Nachweise. Keawcharoen *et al.* (2011) jedoch fanden eine hohe Prävalenz bei aus Feuchtgebieten stammenden Störchen und Graureihern in geflügeldichten Regionen

Thailands. Eine HPAIV-Infektion dieser als Räuber und Jäger junger Wasservögel bekannten Spezies wurde über den Kontakt mit infiziertem Wassergeflügel angenommen.

Nachweise fanden sich ausschließlich bei verendeten Vögeln bei einer hohen Signifikanz im Vergleich zu lebend beprobten Individuen (s. Abschnitt 4.1.1.3). Betrachtet man Schwäne im Detail, so stellen sich die Daten in den einzelnen Jahren sehr unterschiedlich dar. Der Anteil des passiven Monitorings in Brandenburg von 2006 bis 2010 betrug bei 155 Höckerschwänen 31%, bei 116 Singschwänen 10% und bei 272 Schwänen ohne nähere Bezeichnung 97%, wobei die meisten von insgesamt 232 toten Schwänen 2006 anfielen (59%). Im Gegensatz dazu wurden zum Beispiel im Jahr 2007 von 103 Singschwänen 101 Individuen fast ausschließlich in einer Region in Potsdam-Mittelmark am Schiellowsee lebend beprobt. Mit nur zwei aus diesem Jahr stammenden Untersuchungen im Rahmen des passiven Monitorings hätte keine Aussage über das Vorhandensein von HPAIV getroffen werden können.

### **Niedrigpathogene aviäre Influenzaviren**

Wildvögel, insbesondere Wasservögel der Ordnung *Anseriformes*, stellen das Reservoir von AIV dar (Alexander 2007a). Es fanden sich in der Literatur AIV-Prävalenzraten bei Langzeitstudien in verschiedenen Staaten zwischen 0,33% und 22,2% (s. Tabelle 1). Im Rahmen eigener Untersuchungen wurden in fünf Jahren insgesamt bei 90 Wildvögeln NPAIV und einer Prävalenz von 1,09% festgestellt. Die höchste Nachweisrate lag bei Entenvögeln (2,02%) mit dem größten Anteil bei 659 untersuchten Stockenten (6,22%) vor. Andere Studien belegen ebenfalls unter den Entenvögeln die höchsten Nachweisraten bei der international verbreiteten Stockente (Fouchier *et al.* 2003; Wallensten *et al.* 2007). In Kanada z. B. konnten Prävalenzen von bis zu 44% ermittelt werden (Parmley *et al.* 2008). Im Rahmen eines Monitorings in Bayern 2007-2009 wurden ebenfalls bei Stockenten am häufigsten NPAIV mit einer Prävalenz von 6,2% nachgewiesen (Rabl 2010).

Andere Entenarten waren in eigenen Untersuchungen nur wenig betroffen. NPAIV fanden sich lediglich bei einer aus der Wildvogelpopulation stammenden Brautente, allerdings darüber hinaus bei fünf nicht näher bestimmten Wildenten, wohingegen in weiteren Studien auch sonstige Entenspezies als NPAIV positiv genannt wurden: Lagen NPAIV-Infektionen einerseits eher bei Gründel- oder Schwimmenten als bei Tauchenten vor (De Marco *et al.* 2003b), so konnten NPAIV in anderen Arbeiten auch häufig bei der Reiherente als eine Tauchentenart detektiert werden (Rabl 2010). Globig (2007) fand neben einer hohen Nachweisrate bei Stockenten NPAIV auch bei Krickenten und Pfeifenten. In eigenen Auswertungen waren von 116 untersuchten Singschwänen fünf Tiere NPAIV positiv (Prävalenz: 4,31%). Der Nachweis von NPAIV bei einem Haubentaucher führte zu einer

Prävalenz bei Lappentauchern von 2,7%, lieferte aber auf Grund der geringen Untersuchungszahl von 37 ein sehr ungenaues Ergebnis (Konfidenzintervall: 0,06-14,1%). Aus der Ordnung der Kranichvögel (Prävalenz: 1,78%) waren ausschließlich 808 beprobte Blessrallen NPAIV positiv, woraus sich eine Nachweisrate von 2,97% bei dieser Spezies ergab. Die Saatgans wies ebenfalls fünfmal NPAIV auf, wohingegen bei 367 untersuchten Blessgänsen NPAIV nicht nachweisbar war. Von den 1172 beprobten Greifvögeln waren lediglich vier Bussarde (nicht näher bestimmt) positiv. Bei zahlreich untersuchten Wat-, Alken- und Möwenvögeln, Reihern, Eulen und Sperlingsvögeln wurde NPAIV nicht gefunden.

Die meisten der möglichen Kombinationen aller 16 H- und 9 N-Subtypen wurden bei Wildvögeln beschrieben (Alexander 2007b). Nach Kaleta *et al.* (2005) sind bisher weltweit die häufigsten Nachweise bei H3, H5 und H6 erfolgt. Allerdings wird in Abhängigkeit der Vogelordnungen das Vorkommen verschiedener Subtypen genannt. Demnach kommt der Subtyp H13 besonders häufig bei Möwen und Watvögeln vor, wohingegen H9, H13-H16 bei Wasservögeln niemals nachgewiesen worden ist (Kawaoka *et al.* 1988; Wallensten *et al.* 2007; Toennessen *et al.* 2011). Auch Velarde *et al.* (2010) fand bei Ringschnabelmöwen (*Larus delawarensis*) in Kolonien am Erie-See im Jahr 2000 und am Ontario-See in den Jahren 2000 und 2004 gehäuft den Subtyp H13N6 sowie eine hohe Nachweisrate von H13-AK mit einer Prävalenz bei adulten Vögeln von bis zu 92%, wobei klinische Erscheinungen nicht beobachtet wurden. Bei Wasservögeln wird eine Häufung von H3N8, H4N6, H6N2 und H7N7 offensichtlich (s. Tabelle 1). In eigenen Studien gelang eine Subtypisierung nur in 36 Fällen der 90 NPAIV-Nachweise. Am häufigsten wurde NPAIV H5 (30,6%) und zwar ausschließlich bei der Stockente in Kombination mit N2 und N3 nachgewiesen. Aber auch H3 (1x H3N2, 5x H3N8, 2x H3N9, 1x H3Nx, 25,0%) konnte öfter in Form von H3N8 und H3N9 bestimmt werden. Zohari *et al.* (2008a) nannten bei Studien an Stockenten in Nordeuropa im Jahr 2005 H3N8 als den Subtyp mit der höchsten Prävalenz von 24%. Wie in anderen Arbeiten waren bei eigenen Untersuchungen auch H4 (1x H4N6, 2x H4Nx, 8,3%), H6 (1x H6N8, 1x H6N5, 5,6%), H7 (5x H7Nx, 13,9%), H9N2 (1x, 2,8%) und H10 (1x H10N8, 3x H10Nx) nachweisbar. Da bei Watvögeln und Möwen keine AIV-Befunde erhoben wurden, kann hier keine Aussage darüber erfolgen, ob wie in der Literatur beschrieben, bestimmte Subtypen primär vorkommen. Bei diesen Spezies wurden vor allem die Subtypen H13, H15 und H16 beschrieben (Kaleta *et al.* 2005). In eigenen Untersuchungen konnte bei der Stockente bei insgesamt 24 typisierbaren Stämmen vier verschiedene H-Typen in fünf Kombinationen differenziert werden. Bei der Blessralle gelang dies bei 14 NPAIV als Subtypen H3 in Kombination mit N8 oder N9, daneben auch H7Nx und H10N8. Ein H3N2-Befund fand sich bei einer Schleiereule. NPAIV wurden auch bei Greifvögeln (4x Bussard) diagnostiziert. In der Literatur liegen wenige Erkenntnisse zu Subtypen bei dieser Vogelart vor. Bei in Deutschland durchgeführten umfangreichen Studien konnten bei verschiedenen

untersuchten Greifvogelarten (Seeadler, Fischadler, Mäusebussard, Rotmilan) keine AIV nachgewiesen werden (Globig 2007; Rabl 2010). Auf Mischinfektionen mit verschiedenen Subtypen wurde schon früher hingewiesen (Hinshaw *et al.* 1978; Sharp *et al.* 1997). Auch neuere Untersuchungen beschreiben Doppelinfektionen bei Stockenten je einmal mit H3+H9, H6+H13 und H9+H10 (Rabl 2010). Mischinfektionen bilden die Voraussetzung für die Bildung eines genetischen Reassortments (Hinshaw *et al.* 1980). Bei eigenen Untersuchungen konnten gleichzeitige Infektionen mit mehreren Subtypen bei den Wildvögeln nicht nachgewiesen werden. Tabelle 30 gibt einen Überblick der in Deutschland beschriebenen AIV-Subtypen bei verschiedenen Vogelspezies. Retrospektiv betrachtet ergibt sich bei neueren Untersuchungen von Globig (2007) bei Wildenten, insbesondere Stockenten, eine Häufung von H5-Subtypen, die in früheren Untersuchungen nicht beschrieben worden sind. Eine Ursache dafür könnte im methodischen Fortschritt liegen: H5- und H7-Subtypen werden seit den letzten Jahren mit der hochsensitiven r-RT-PCR nachgewiesen. Der Subtyp H13, der bis 1989 auch bei Wildenten nachgewiesen wurde, kam 2002-2004 nur noch bei Möwen und einer Dohle vor.

**Tabelle 30:** In Deutschland nachgewiesene AIV im Zeitraum 1971-2007 (Ottis und Bachmann 1983; Süß *et al.* 1994; Kaleta und Honicke 2005; Globig 2007).

Vogelgruppe	AIV-Subtypen
Wildenten	H1N1, H1N3, H2N1, H2N2, H2N3, H3N2, H3N6, H3N8, H4N2, H4N6, H5N1, H5N2, H5N3, H6N1, H6N5, H6N8, H7N1, H7N7, H7N8, H10N4, H10N3/??, H10N7, H10N8, H11N8, H11N9, H13N2, H13N6
Schwäne	H3N3, H7N3, H10N8
Gänse	H1N1, H10N4
Rallen	H1N1, H10N4
Kormorane	H6N1
Möwen	H7N3, H11N6, H13N2, H13N6
Watvögel	H3N6, H4N7
Singvögel	H4N6, H7N1, H13N6

### 5.2.2 AIV-Nachweise in Abhängigkeit des Zustandes der untersuchten Wildvögel

**Hochpathogene aviäre Influenzaviren** des Subtyps H5N1 fanden sich im eigenen Untersuchungsgut ausschließlich bei 21 von 2122 (0,99%) verendet aufgefundenen Vögeln im Frühjahr 2006. Bei 691 in den Folgejahren 2007 bis 2010 beprobten toten Individuen war HPAIV nicht nachweisbar. Andere Studien zum Vorkommen von HPAIV H5N1 bei Wildvögeln in Europa bestätigen das Auftreten dieses hochpathogenen Subtyps vorwiegend bei Totfunden (Happold *et al.* 2008). Zunächst ist man davon ausgegangen, dass Wildvögel ein Reservoir lediglich für niedrigpathogene AIV darstellen und eine Pathogenitätssteigerung erst nach Passagierung in Hausgeflügel stattfindet (Werner und Harder 2006a). Seit 2005 mehrten sich jedoch auch Fälle von Erkrankungen durch HPAIV mit Todesfolge bei

verschiedenen Wildvogelspezies (s. Abschnitt 2.1.3.2). Eines der bedeutendsten Verlustgeschehen ereignete sich im April 2005, als Tausende Streifengänse neben anderen rastenden Wildvögeln am Qinghai-See in Nordwest-China am HPAI H5N1-Virus verendeten (Chen *et al.* 2005). Insgesamt betrachtet kann man davon ausgehen, dass zum Nachweis von hochpathogenen AIV die Untersuchung von verendet aufgefundenen Wildvögeln am besten geeignet ist (passives Monitoring). In eigenen Untersuchungen zeigten sich deutliche, signifikante Unterschiede im Vergleich zu Ergebnissen aus dem aktiven Monitoring (s. Abschnitt 4.1.1.3). Es gibt jedoch in eigenen Studien keine ausreichenden Erkenntnisse, inwieweit tatsächlich die Infektion mit dem hochpathogenen Erreger bei den verschiedenen Wildvogelspezies an der Todesursache beteiligt gewesen ist. Oft wird neben der Untersuchung auf AIV bei der Sektion keine umfassende Diagnostik veranlasst, um weitere Krankheitsursachen zu ermitteln. Bröjer *et al.* (2009) geben zu geringe Bereitstellung von Sektionsmaterial, den mangelnden Frischezustand von Wildvögeln und unzureichende Sicherheitsstandards im Labor als wesentliche Gründe dafür an. Fiedler (2005) weist auf Berichte hin, wonach die Sektion von HPAIV H5N1 positiven Vögeln die Infektion mit diesem Erreger als wenig wahrscheinliche Todesursache erscheinen lassen. Zum einen gibt es im internationalen wie auch im europäischen Raum Hinweise auf symptomlose Träger dieses Virus bei Entenarten (Chen *et al.* 2006b), aber auch bei anderen Spezies wie z. B. Feldsperlingen (Kou *et al.* 2005). Zum anderen sind jedoch bei Feldsperlingen und zahlreichen anderen Wildvogelspezies durch HPAIV H5N1 bedingte, zum Teil mit Mortalität einhergehende Erkrankungen beschrieben worden (Ellis *et al.* 2004). Experimentell ließen sich Haus- und Feldsperlinge ebenfalls erfolgreich infizieren (Perkins und Swayne 2003b; Brown *et al.* 2009). In der Schweiz fand sich im Februar 2008 am Sempacher See bei einer symptomlosen Tafelente (OIE 2011) und in Deutschland am Starnberger See im Januar 2009 bei einer klinisch gesund erlegten Stockente ein HPAIV H5N1-Nachweis, wobei noch weitere gleichzeitig beprobte 34 Stockenten und vier Kanadagänse in der PCR AIV negativ getestet wurden (Rabl 2010). Mit neuen Isolaten 2002 experimentell infizierte Stockenten wiederum verendeten nach ausgeprägten klinischen Erscheinungen verbunden mit zentralnervösen Störungen (Sturm-Ramirez *et al.* 2004), in dessen Zusammenhang als mögliche Ursache eine unterschiedliche Virulenz verschiedener Virusstämme diskutiert wurde. Braun *et al.* (2006b) beschrieb in experimentellen Studien Erkrankungen von Möwen und Brautenten nach einem Challenge mit HPAIV H5N1. Andere Wildentenarten (Stockente, Krickente, Spießente, Rotkopffente) waren nicht empfänglich. Von Keawsharoen *et al.* (2008) durchgeführte Infektionsversuche ergaben wiederum Hinweise auf eine, wenn auch unterschiedliche, Empfänglichkeit verschiedener Wildentenarten für HPAIV. In weiteren experimentellen Untersuchungen zeigten sich Schwäne und Gänse als hochempfindlich für HPAIV H5N1 (Pasick *et al.* 2007; Brown *et al.* 2008; Kalthoff *et al.* 2008a).

**Niedrigpathogene aviäre Influenzaviren** konnten im eigenen Untersuchungsgut hingegen fast ausschließlich bei lebend beprobten Wildvögeln ( $n=5.477$ ) diagnostiziert werden (74 von 90 NPAIV-Nachweisen versus 16 bei 2.813 Totfunden,  $p<0,001$ ). Hier gab es weiterhin deutliche Unterschiede zwischen lebend gefangenen und erlegten Tieren. Wurde der Erreger bei 4720 lebend beprobten Vögeln nur 35mal (0,74% Prävalenz) festgestellt, gelang dies 39mal bei 736 erlegten Individuen (5,3% Prävalenz). Diese aus der Jagd zur Untersuchung bereitgestellten Vögel stammten allerdings aus nur einem Revier jeweils vom Monat September 2008-2010, so dass möglicherweise in diesen Fällen der Zeitraum der Jagdsaison mit dem Maximum der AIV-Prävalenz nur zufällig korrelierte. Bei den wenigen lebend beprobten kranken Tieren waren NPAIV nicht nachweisbar. Nur bei 0,53% der 3.421 tot beprobten Wildvögel fand sich der Erreger.

Offensichtlich eignete sich das in Brandenburg praktizierte Wildvogelmonitoring, um niedrigpathogene Subtypen des AIV zu detektieren. Geht man davon aus, dass insbesondere H5- und H7-Stämme zu hochpathogenen AIV mutieren und somit eine Gefahr für die Hausgeflügelbestände darstellen könnten, erhält man mittels dieser Art von Surveillance wertvolle Erkenntnisse über die Anwesenheit bestimmter Subtypen in der Wildvogelpopulation. Jedoch gelingt es kaum, mit lebend beprobten Tieren Hinweise auf das Vorhandensein von HPAIV zu erlangen. Zu dieser Erkenntnis gelangten auch Knight-Jones *et al.* (2010), die in einer Auswertung zur Überwachung von Wildvögeln auf HPAIV H5N1 in den Wintermonaten über mehrere Jahre bei lebend beprobten oder erlegten Tieren als sehr ineffektiv einschätzten.

### 5.2.3 AIV-Nachweise in Abhängigkeit der Probenart der untersuchten Wildvögel

Entsprechend den Ausführungen in Abschnitt 5.1.2 waren ausschließlich in von Tierkörpern entnommenen Proben **hochpathogene aviäre Influenzaviren** des Subtyps H5N1 nachweisbar. Zunächst wurden aus den Kadavern Organe entnommen. Im späteren Verlauf des Monitorings ließen modifizierte Nachweismethoden mit einer höheren Sensitivität die Verwendung von Tupfern aus Sektionstieren zu, wobei in der Literatur durch eine festgestellte hohe Replikationsrate von HPAIV vor allem im Respirationstrakt Rachentupfer bzw. Oropharyngealtupfer und Trachealtupfer als besonders geeignet angesehen wurden (Brown *et al.* 2006b; Keawcharoen *et al.* 2008). Das im Rahmen von Monitoringuntersuchungen bei Wildvögeln in Bayern lediglich einmal nachgewiesene HPAIV H5N1 wurde allerdings nicht aus dem Rachentupfer, sondern aus dem Kloakentupfer einer Ente detektiert (Rabl 2010). Im Rahmen umfangreicher Studien von Bröjer *et al.* (2009) an der von HPAIV H5N1-Infektionen im Frühjahr 2006 in Schweden am häufigsten betroffenen Reiherente fand sich der hochpathogene Erreger zwar in den meisten Fällen in Trachealtupfern, jedoch auch in einzelnen Fällen ausschließlich in Kloakentupfern. Bei 10 in

der PCR von Tupfern als AIV negativ bewerteten Tieren gelang in fünf Fällen bei der Nachbeprobung von Lunge und Gehirn ein Nachweis von HPAIV H5N1. Deshalb sehen die Autoren die Analyse von Tupferproben nur als Screening und nicht als vollständige Diagnostikmethode zum Detektieren von HPAIV an. Die ab 2007 in eigenen Untersuchungen zum überwiegenden Teil praktizierte ausschließliche Verwendung von Trachealtupfern aus Sektionstieren könnte demnach die Wiederfindungsrate von HPAIV beeinträchtigt haben. Bei Betrachtung von **niedrigpathogenen aviären Influenzaviren** fand sich in eigenen Untersuchungen die höchste Nachweisrate von 6,1% bei Kloakentupfern, allerdings auf Grund der geringen Probenanzahl von 33 mit geringer statistischer Sicherheit (obere Konfidenzintervallgrenze: 20,2%). Es wurden jedoch auch 3,6% NPAIV positive Proben bei 1023 entnommenen aus Rachen- und Kloakenabstrichen bestehenden kombinierten Tupfern gefunden. In 1.257 untersuchten Rachentupfern waren NPAIV nur in 0,08% der Fälle vorhanden. In zahlreichen Arbeiten beschrieb man auf Grund einer nachgewiesenen hohen Vermehrungs- und Ausscheidungsrate im bzw. über den Verdauungstrakt die höchsten Prävalenzen in Kloakenabstrichen (Webster *et al.* 1992; Ellström *et al.* 2008). Studien zum Vorkommen von NPAIV in Bayern ergaben ebenfalls im Vergleich zu Rachentupfern in Kloakentupfern die höchsten Prävalenzen von 6,4% (Rabl 2010). Bei Untersuchungen in Kanada wurden Kloakentupfer mit Kombitupfern verglichen und bei in verschiedenen Regionen entnommenen Proben von mehreren Entenarten durchgängig höhere Nachweisraten in Kombi- als in Kloakentupfern ermittelt: Offensichtlich gibt es auch Fälle, in denen sich ein NPAIV vorwiegend im oberen Respirationstrakt wiederfindet, so dass sich die Chance, NPAIV zu detektieren durch die gleichzeitige Entnahme von Kloaken- und Rachenabstrichen erhöht (Parmley *et al.* 2011). Die Ausscheidung von HPAIV vorwiegend über den Atemtrakt unterstreicht zusätzlich die Erfordernis der Entnahme von Oropharyngealproben (Pannwitz 2008). Eine Nutzung von Kombitupfern, die mit einem Tupfer entnommen werden können, scheint die am besten geeignete Variante für Monitoringuntersuchungen zu sein, wie sie in eigenen Studien auch zahlreich zum Einsatz gekommen ist. Der höhere Aufwand im Vergleich zur Verwendung von ausschließlich Kloakentupfer ist dabei gering. Verendete Vögel sollten wiederum nicht ausschließlich mittels Trachealtupfer beprobt werden, da sonst möglicherweise NPAIV, die sich vorwiegend im Intestinaltrakt replizieren (Webster *et al.* 1978), nicht detektiert werden würden. Bei bestimmten schwer zu fangenden Vogelarten wie z. B. Wildgänsen wurden auch frisch abgesetzte Kotproben aus der Umwelt für die Sammlung der eigenen Daten genutzt. Von 604 entnommenen Kotproben wurde NPAIV achtmal nachgewiesen. Jedoch werden hier verschiedene limitierende Faktoren wie PCR-Inhibitoren oder zu einer Virusinaktivierung führende Umwelteinflüsse genannt, die die Nachweisrate negativ beeinflussen können (Rabl 2010).

#### 5.2.4 AIV-Nachweise in Abhängigkeit der saisonalen Verteilung der untersuchten Wildvögel

Bereits in früheren Studien wurde auf saisonale Unterschiede bezogen auf die Häufigkeit des AIV-Nachweises bei Wildvögeln hingewiesen (Sinnecker *et al.* 1983; Munster *et al.* 2007). **Hochpathogene aviäre Influenzaviren** fanden sich in Brandenburg im Rahmen eines globalen HPAIV H5N1-Geschehens beginnend im Februar 2006, wobei von insgesamt von Februar bis Mai 66.672 in Europa beprobten Wildvögel, davon 50.780 Totfunden, 591mal HPAIV H5N1 nachgewiesen wurde. Auf Grund von fehlenden HPAIV-Befunden bei Hausgeflügel nahm man den Eintrag über Wildvögel an (Hesterberg *et al.* 2009). In einer lang anhaltenden Frostperiode mit großflächig zugefrorenen Gewässern kam es während dieser Zeit zu größeren Ansammlungen von Wasservögeln auf engem Raum im Bereich noch offener Wasserflächen bei einem gleichzeitigen Mangel an Nahrung. Später gab es keine weiteren Ausbrüche von HPAI in diesem Ausmaß bei Wildvögeln in Europa. Lediglich an zeitlich und lokal eng begrenzten Plätzen wurden HPAIV-Ausbrüche wie z. B. im Sommer 2007 am Kelbrasee beschrieben (Häuslaigner *et al.* 2009). Die meisten Nachweise von **niedrigpathogenen aviären Influenzaviren** fanden sich bei Studien in Nord- bzw. Süddeutschland zwischen Spätsommer und Frühwinter (Globig 2007; Rabl 2010). Werden die eigenen Ergebnisse betrachtet, bestätigen sich diese Erkenntnisse. Mit einer Prävalenz von 4,9% lag die Nachweisrate für den gesamten Zeitraum 2006-2010 im September am höchsten. Jedoch konnten zyklisch auftretende Verteilungsmuster in den einzelnen Jahren an unterschiedlichen Standorten beobachtet werden, wie sie auch aus Kanada berichtet wurden (Sharp *et al.* 1993). 40 der 90 eigenen NPAIV-positiven Befunde stammten fast ausschließlich von einem Standort, an dem 2008-2010 bei erlegten Stockenten in allen drei Jahren jeweils NPAIV des Subtyps H5 festgestellt werden konnten, wobei sich die N-Subtypen in den einzelnen Jahren unterschieden. Es wäre hier sowohl ein Neueintrag als auch ein Standortreservoir mit Reassortationen der Viren in der Stockentenpopulation in diesem Gebiet der Peitzer Teiche denkbar. Zur gleichen Zeit am gleichen Standort erlegte 48 Blessrallen wurden AIV negativ getestet. Dagegen konnte NPAIV des Subtyps H3 sowohl in der Kombination N8 als auch N9 bei 15 am Schwielowsee im Landkreis Potsdam-Mittelmark von insgesamt 124 im Januar 2009 im Rahmen von Fang- und Beringungsaktionen beprobten Blessrallen gefunden werden. Diese Maßnahmen begannen bereits im Dezember 2008 mit fünf NPAIV-Nachweisen (Subtyp nicht bestimmbar) bei Blessrallen in dieser Region. 2010 gelang bei der Untersuchung von allerdings nur neun Blessrallen kein Nachweis von AIV, jedoch konnte in nahegelegenen Havelgewässern bei Brandenburg/Stadt einmal bei einer juvenilen Blessralle bei im Februar des gleichen Jahres 36 getesteten Tieren dieser Spezies ein NPAIV H7Nx und Ende August bei einer verendeten Stockente H3N8 gefunden werden. Daraus ergibt sich eine erhebliche Abhängigkeit der Ergebnisse

vom Zeitraum, aber auch vom Umfang der Probenanzahl und damit der diagnostischen Sicherheit, NPAIV positive Vögel zu ermitteln. Im Winterhalbjahr des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg war die Wahrscheinlichkeit, mit dem NPAIV infiziert zu sein, 27mal höher als in den Sommermonaten (s. Abschnitt 4.1.2.1). Von Sinnecker *et al.* (1983) wird die in deren Untersuchungen festgestellte gleichartige jahreszeitliche Verteilung der AIV-Nachweise als „Influenzasaison“ bezeichnet. Betrachtet man die einzelnen Jahre des Monitorings, so stellt sich das Jahr 2007 als „klassisches Jahr“ mit einer typischen höheren Nachweisrate von NPAIV zwischen Spätsommer und Frühwinter dar. In den Jahren 2008-2010 verschieben sich die höchsten monatlichen Prävalenzraten in Abhängigkeit von organisierten Beprobungen bei Fang- und Beringungsaktionen vorwiegend an den Havelseen in Potsdam-Mittelmark bzw. bei Gesellschaftsjagden im Gebiet der Peitzer Teiche.

### **5.2.5 AIV-Nachweise in Abhängigkeit der regionalen Verteilung der untersuchten Wildvögel**

Die meisten **hochpathogenen aviären Influenzaviren** fanden sich entlang des Flusses Oder in den Landkreisen Uckermark, Barnim und Märkisch-Oderland von Februar bis April 2006 in einem Bereich, welcher auch das Ramsargebiet Unteres Odertal als ein bedeutendes Feuchtgebiet einschließt, wo sich zahlreiche migrierende Wildvögel verschiedenster Spezies, insbesondere Wasservögel zu Tausenden sammeln. Feuchtgebiete werden als wahre „Melting Pots“ beschrieben, da hier auf dem Vogelzug verschiedene Arten aus geographisch getrennten Brut- bzw. Überwinterungsgebieten in hohen Abundanzen in den selben Rastgebieten aufeinandertreffen. Durch landschaftsgestaltende Maßnahmen nahmen zudem diese Habitate ab und bewirkten eine noch stärkere Konzentration migrierender Arten auf die verbliebenen Bereiche mit günstigen Nahrungs- und Rastbedingungen. Weiterhin bedeutet dies einen enormen Konzentrationsprozess migrierender Wasservogelarten entlang der Zugwege (Mühle *et al.* 2009). Zugefrorene Seen und Flüsse sorgten im Winter 2006 zu einer noch stärkeren Verdichtung der Vögel auf wenige offene Bereiche. Dies könnte auf Grund der erhöhten direkten und mittelbaren Kontakte zwischen verschiedenen Arten unterschiedlicher Herkunft zur besseren Übertragung von Erregern und damit zum vermehrten Auftreten von HPAIV in dieser Zeit nicht nur in Brandenburg beigetragen haben. Zudem sehen Reperant *et al.* (2010) einen signifikanten Zusammenhang zwischen Temperaturen um 0°C und den gehäuften Ausbrüchen von HPAIV H5N1-Infektionen bei Wasservögeln, so wie es im Winter 2005/2006 in ganz Europa geschehen ist. Weiterhin ist bekannt, dass AIV bei Temperaturen um den Gefrierpunkt noch nach mehreren Monaten nachweisbar sind (Brown *et al.* 2007; Stallknecht und Brown 2009). **Niedrigpathogene aviäre Influenzaviren** fanden sich ebenfalls in dieser

Region, jedoch darüber hinaus in weiteren Gebieten mit hoher Wasservogeldichte, darunter in den Ramsargebieten Untere Havelniederung/Gölper See sowie im Gebiet Peitzer Teiche, wobei in letzterem NPAIV signifikant häufiger als in allen anderen Regionen festgestellt werden konnten. Auch in den an die Untere Havelniederung angrenzenden Regionen der Havelseen in Potsdam Mittelmark und in Elbnähe im Landkreis Prignitz wurde das NPAIV bei Wildvögeln detektiert, wobei an den unterschiedlichen Standorten verschiedene Subtypen auftraten. Dies könnte zum Einen damit zusammenhängen, dass bestimmte Subtypen regional wie schon beschrieben bei bestimmten Arten vorkommen (Globig 2007) oder das sich, wie in der Literatur ausgeführt, an verschiedenen Standorten Vögel unterschiedlicher Flugrouten ansammeln, die NPAIV aus ihren Herkunftsgebieten eintragen und austauschen (Olsen *et al.* 2006). Die Ergebnisse lassen jedoch auf Grund der wenigen Subtypbestimmungen im eigenen Untersuchungsgut keine Aussage bezüglich einer Übertragung homologer AIV-Subtypen zwischen den Arten an lokalen Rast- und Mauserplätzen zu. Hinweise zum Auftreten mehrerer Subtypen an den gleichen Standorten gab es lediglich zwischen den Jahren in den Havelgewässern in Potsdam-Mittelmark bei unterschiedlichen Spezies (2008: Wildente, H11N9; 2009: Blessralle, H3N8 und H3N9, Brautente, H7N9; 2010: Blessralle H7Nx, Stockente: H3N8). Bei Vorhandensein unterschiedlicher AIV könnte es zu einer Mehrfachinfektion von Wirtszellen eines Organismus mit der Bildung von Reassortanten kommen, wodurch eine Veränderung von Wirtsspektrum und Virulenz des Erregers möglich wäre (Webster und Hulse 2004).

### 5.2.6 AIV-Nachweise in Abhängigkeit des Alters der Wildvögel

Aus der Literatur ist bekannt, dass das Alter einen Einfluss auf den Nachweis von AIV besitzt. Sowohl bei **hochpathogenen** als auch bei **niedrigpathogenen aviären Influenzaviren** gibt es Untersuchungen, die auf einen höheren Immunschutz adulter im Vergleich zu juvenilen Vögeln hinweisen. Dies wurde bei Infektionen mit HPAIV H5N1 bei Pekingenten als auch mit NPAIV H9N2 bei Wachteln beschrieben (Lavoie *et al.* 2007; Pantin-Jackwood *et al.* 2007). Entsprechend wiesen Wallenstein *et al.* (2007) und Munster *et al.* (2007) nach, dass die Wahrscheinlichkeit, mit AIV infiziert zu sein, bei juvenilen, immunologisch naiven Stockenten größer ist als bei adulten. Das Alter nimmt auch Einfluss auf den Beginn und die Dauer der Virusausscheidung nach Infektion (Hulse-Post *et al.* 2005; Latorre-Margalef *et al.* 2009; Costa *et al.* 2010b). In den eigenen Untersuchungen waren Angaben zum Alter in der AI-DB vorgesehen. Jedoch wurden nur teilweise und erst 2007 beginnend dazu Ausführungen gemacht. Von 5.226 in den Jahren 2007-2010 untersuchten Wildvögeln waren 1.101 adult, 1.993 juvenil und 2.136 ohne Angaben. Bei den als NPAIV positiv bewerteten Tieren hat es lediglich bei 23 von 76 in diesem Zeitraum untersuchten Vögeln Angaben zum Alter gegeben (neun adult, 14 juvenil), so dass eine Aussage über

Unterschiede nicht möglich ist. Eine Altersangabe fehlte insbesondere bei Einsendungen von Personen ohne ornithologische Kenntnisse. Bei der Auswertung im LLBB Frankfurt/Oder war es aus organisatorischen Gründen zudem schwierig, in diesen Fällen eine exakte Bestimmung der Spezies durchzuführen. Es sollten jedoch zwecks Gewinnung weiterer Erkenntnisse großer Wert auf diese Angaben gelegt werden und die Eingaben in die AI-DB entsprechend den Vorgaben möglichst vollständig erfolgen.

### **5.3 Ergebnisse der Sentinelanlage am Felchowsee**

#### **5.3.1 AIV-Nachweise bei den Sentinelstockenten am Felchowsee**

Während des Untersuchungszeitraumes von Oktober 2008 bis Oktober 2010 befanden sich zu jedem Zeitpunkt mindestens sieben und höchstens 14 Sentinel-Stockenten im Gehege. Es wurde bei insgesamt 53 Beprobungen in 19 Fällen AIV nachgewiesen. Dabei war jeweils eine unterschiedliche Anzahl von Enten betroffen. Die Nachweisrate je Beprobung schwankte zwischen einem und allen Sentinels. So waren von 484 untersuchten Proben 21% AIV positiv. Vergleicht man diese Ergebnisse mit der im Wildvogelmonitoring gemittelten Prävalenz von 1,08%, so ergibt sich eine wesentlich höhere Nachweisrate. Selbst bei Betrachtung der Stockente aus dem Wildvogelmonitoring fällt die Prävalenz mit 6,2% deutlich niedriger aus. Globig *et al.* (2009b) stellten bei bereits durchgeführten Untersuchungen heraus, dass eine zufällige Auswahl der bisher beprobten Wildvögel von bis zu 69.000 Individuen pro Jahr als unzureichend angesehen wurde, um die Anwesenheit von AIV beim Vorliegen einer sehr niedrigen Prävalenz auszuschließen. Dahingegen kann der Einsatz von Sentineltieren in Feuchtgebieten mit hoher Wasservogeldichte die Effektivität des Monitorings erhöhen. Durch Untersuchungen von Knight-Jones *et al.* (2010) wurden diese Erkenntnisse statistisch gesichert. Bei der Differenzierung der in eigenen Untersuchungen nachgewiesenen AIV gelang es nur in fünf Fällen, den Subtyp zu bestimmen (s. Tabelle 26). Es handelte sich dabei um häufig bei Wasservögeln beschriebene Subtypen, die entweder im Untersuchungszeitraum nur einmal oder wie bei N1 zweimal im Abstand von einem Monat im November und Dezember 2008 vorkamen. Jedoch konnte der H-Subtyp nicht ermittelt werden. Dem auch festgestellten H9N2-Subtyp wird sowohl ein erhebliches Infektionspotential für Nutzgeflügel als auch ein zoonotisches Potential zugeschrieben (Lin *et al.* 2000; Alexander 2007a). Es hat Erkenntnisse gegeben, dass humane Todesfälle 1997 in Hong Kong durch ein HPAIV H5N1-Virus verursacht wurden, welches als Reassortment aus einem NPAIV H9N2 aus einer Wachtel und einem NPAIV H6N1 aus einer Krickente entstanden war (Sims *et al.* 2003).

Das im August 2009 bei allen zehn im Gehege befindlichen Enten nachgewiesene AIV des Subtyps H7N7 wurde als niedrigpathogen eingestuft. AIV der Subtypen H5 und H7 können

zu hochpathogenen Varianten mutieren. Dies wurde im Zusammenhang mit dem Ausbruch der Geflügelpest durch ein hochpathogenes H7N7-Virus 2003 in den Niederlanden vermutet, welches in seiner Genomsequenz eine enge Verwandtschaft zu NPAIV vom Subtyp H7N3 und H10N7 aufwies und während des Wildvogelmonitorings in Stockenten nachgewiesen werden konnte (Munster *et al.* 2005). Eine höhere Nachweisrate in Kloaken- als in Rachentupfern von NPAIV wird auf Grund einer vorwiegenden Replikationsrate im Intestinaltrakt postuliert (Webster *et al.* 1978; Ellström *et al.* 2008; Rabl 2010). In eigenen Untersuchungen konnte dies im Ergebnis des Wildvogelmonitorings in Brandenburg bestätigt werden, wenn auch auf Grund der wenigen Beprobungen mittels Kloakentupfern das Ergebnis statistisch nicht gesichert werden konnte. Bei den Sentinelstockenten war jedoch die Nachweisrate in Rachentupfern (10,6%) deutlich höher als in Kloakentupfern (1,6%). Bei 9,1% der Tiere konnte das Virus sowohl in Rachen- als auch in Kloakentupfern festgestellt werden. Es wird deshalb auch im Hinblick auf die Ergebnisse der Monitoringbefunde als sinnvoll erachtet, stets Schleimhautabstriche parallel von Rachen und Kloake zu entnehmen. Untersuchungen von Costa *et al.* (2010b) begründeten anhand von experimentellen Untersuchungen an Stockenten mit NPAIV H5N2 und H3N8 diese Vorgehensweise. Sie stellten eine Abhängigkeit der Ausscheidungsraten in Kloaken- und Oropharyngealtupfern nicht nur vom Alter, sondern auch vom Zeitpunkt der Beprobung nach erfolgter Infektion und vom AIV-Subtyp fest. Neuere Ergebnisse zu Untersuchungen an Blessgänsen an den Überwinterungsplätzen in den Niederlanden über mehrere Jahre erbrachten ebenfalls höhere Nachweisraten in Rachen- als in Kloakenabstrichen (Kleijn *et al.* 2010).

Im Zeitverlauf der Untersuchungen der Sentinelstockenten am Felchowsee war nach anfänglich fast durchgängig positiven Befunden beginnend mit dem Einsetzen der Enten im Herbst 2008 und fortlaufenden AIV positiven Ergebnissen 2009 im zweiten Untersuchungsjahr kaum noch AIV nachweisbar (s. Tabelle 21). Insgesamt wurden alle Stockenten mindestens je einmal NPAIV positiv bewertet. Insbesondere bei den zuerst eingesetzten Enten konnte ein NPAIV bis zu neunmal wiederholt detektiert werden. Die durchgängig AIV positiven Intervalle variierten zwischen 2 und 8 Wochen, wobei auf Grund fehlender Subtypbestimmung nicht eindeutig geklärt werden konnte, ob es sich jeweils um ein und dasselbe Virus gehandelt hat. Globig *et al.* (2009a) fanden bei Stockenten in Sentinelanlagen an fünf verschiedenen Standorten in Deutschland, Österreich und der Schweiz je zwei bis fünf verschiedene H-Subtypen, die sich von Anlage zu Anlage unterschieden, wobei der Subtyp H5 nur an einem und der Subtyp H7 an keinem der Standorte feststellbar war. Die Ausscheidungsrate der nachgewiesenen NPAIV variierte zwischen 14 und 70 Tagen. Ebenso bleibt in eigenen Untersuchungen unklar, ob wiederholter Kontakt durch Kursieren des Virus im Bestand der Sentinelenten oder ein Neueintrag über am Felchowsee rastende Wildvögel erfolgt ist. Nach Aussagen von Kida *et*

*al.* (1980) zu durchgeführten Infektionsversuchen von Pekingenten mit verschiedenen NPAIV wäre eine Neuinfektion selbst mit dem gleichen Virus auf Grund einer eingeschränkten Antikörperbildung bereits nach 46 Tagen möglich. Die selteneren Nachweise im Jahr 2010 könnten in einem geringeren Infektionsdruck aus der Wildvogelpopulation begründet sein. Dies ist jedoch bisher nicht wissenschaftlich belegt. Zudem wird in der Literatur die Entstehung einer Kreuzimmunität beschrieben. Dies konnte bei homologen H5-Subtypen in Versuchen mit Stockenten und Kanadagänsen anhand eines Challengeversuches mit NPAIV H5N2 und einer anschließenden Boosterung mit HPAIV H5N1 nachgewiesen werden (Fereidouni *et al.* 2009; Berhane *et al.* 2010), die die Ergebnisse der eigenen Experimente erklären würden. Ähnliche Erkenntnisse erzielten Kalthoff *et al.* (2008a) in Versuchen mit Schwänen, die bei Vorhandensein von H5-Antikörpern eine anschließende HPAIV H5N1-Infektion überlebten. Costa *et al.* (2010a) stellte darüber hinaus bei Experimenten an Stockenten mit NPAIV H5N2 und H3N8 einen Einfluss auf eine anschließende Infektion mit einem heterologen NPAIV fest: Sowohl die Ausscheidungsdauer als auch die Virusmenge waren nach der sekundären Infektion mit dem Virus des heterologen Subtyps deutlich reduziert.

### **5.3.2 Antikörpernachweise bei den Sentinelstockenten am Felchowsee**

Immunreaktionen sowohl nach einer Infektion mit AIV als auch nach einer AIV-Impfung führen zur Bildung von Antikörpern. Bei Wildvögeln liegen dazu zahlreiche Untersuchungen bei verschiedenen Spezies vor (s. Abschnitt 2.1.9). In den meisten Fällen handelte es sich um Ergebnisse nach einmaliger Blutentnahme aus natürlichen Populationen ohne Kenntnis des regionalen Infektionsstatus. Bei Experimenten fand zu einem bestimmten Zeitpunkt nach der Infektion eine AK-Bestimmung statt. Zum Verlauf der Antikörpertiter über einen längeren Zeitraum nach einem natürlichen Kontakt oder einer experimentellen Infektion liegen wenige Aussagen vor. Umfangreiche Studien wurden an Stockenten in einer Sentinelanlage am Rhein-Delta zwischen Februar 2007 und Februar 2009 durchgeführt: Im Zusammenhang mit festgestellten AIV verschiedener Subtypen konnten auch Antikörper nachgewiesen werden, wobei der AK-Spiegel meist bereits nach zwei bis vier Wochen unter das Nachweisniveau sank und nur in Ausnahmefällen über drei Monate bis zu einem Jahr persistierte (Greber und Nigsch 2009). Auch Sinnecker *et al.* (1982) konnte bei Untersuchungen an Stockenten von Sentinelanlagen verschiedener Standorte in Deutschland Antikörper mittels HAH nach erfolgter AIV-Infektion feststellen, wobei nach wiederholter Infektion ein Titeranstieg zu verzeichnen war, der über mehrere Monate anhielt. Dabei wurden Unterschiede zwischen den Regionen an der Ostsee und dem Binnenland herausgestellt. In eigenen Untersuchungen waren mittels HAH nur bei Tier Nr. 3 H7-Antikörper festzustellen, die kontinuierlich bei schwankenden Titern zwischen 1:8 und 1:32 von August 2009 bis zum

aktuellen Zeitpunkt weit über den Abschluss des in dieser Arbeit festgelegten Untersuchungszeitraumes im Oktober 2010 hinaus nachweisbar waren. Mit den vorhandenen Antigenen H1-6, H8-H11, H13 und H16 konnten keine positiven Ergebnisse erzielt werden. Denkbar wäre das Vorhandensein von den nicht einbezogenen Subtypen H12 sowie H14 und H15. Diese kommen jedoch sehr selten vor. In eigenen Untersuchungen fanden sie sich weder im Wildvogelmonitoring noch in den Sentinelstockenten. Bei Entenvögeln gehören sie nicht zu den in der Literatur häufig beschriebenen Subtypen (s. Tabelle 1 und Tabelle 30). Zum Vorkommen von H14 gibt es nur einen Nachweis in Russland ohne Angabe der Spezies und H15 wurden lediglich bei einer Wildente sowie bei einem Sturmtaucher in Australien detektiert (Kawaoka *et al.* 1990; Rohm *et al.* 1996). Mittels AK-ELISA hingegen waren bis auf je eine Beprobung beim Einsetzen der Enten in die Sentinelanlage und am 9. Februar 2009 zu jedem Zeitpunkt zwischen einem und allen Tieren der Gruppe AI-AK nachweisbar (s. Tabelle 28). Positive Werte lagen über einen Zeitraum von vier Wochen bis zu mehreren Monaten vor. Auch das Tier Nr. 3 mit dem im HAH ermittelten H7 AK- Befund zeigte im ELISA jeweils positive Ergebnisse. Die ersten AI-AK waren bereits zwei Wochen nach AIV positiven Befunden feststellbar. Auch die später eingesetzten Enten zeigten bis auf Tier Nr. 11 eine Serokonversion. Im weiteren Verlauf gelang ein Bezug positiver AI-AK zu AIV-Ergebnissen auf Grund meist AIV negativer Ergebnisse nicht mehr. Die zudem sowohl im AIV-Nachweis als auch im AK-Test selten gelungene Subtypisierung lässt keine eindeutige Aussage über Zusammenhänge zwischen Viruskontakt und Serokonversion zu. Gründe für ein Ausbleiben positiver Reaktionen im HAH können vielfältig sein. Der HAH ist nur bedingt automatisierbar. Die Auswertung erfolgt mit bloßem Auge und unterliegt somit einer subjektiven Beurteilung. Nur bedingt zu kompensieren ist die Anfälligkeit des HAH gegenüber unspezifisch reagierenden Faktoren. Für die Beurteilung von HAH-Ergebnissen ist vor allem jedoch die zum Teil ausgeprägte Spezifität der Antikörper zu dem jeweils homologen Antigen zu berücksichtigen. Während ELISA Verfahren, die Antikörper gegen interne Virusproteine erfassen (im vorliegenden Fall gegen das NP-Protein), weitgehend unabhängig vom Subtyp sind, also AIV-generische Antikörper detektieren, kann es im HAH bei Verwendung eines ungeeigneten Antigens zu falsch negativen Ergebnissen infolge der hohen Spezifität der HA-spezifischen Antikörper kommen. Dies betrifft nicht nur die Subtypen H1 bis H16, sondern auch die Kreuzreaktion zwischen Stämmen innerhalb desselben Subtyps. Bei der Wahl der H5- und H7- Antigene für das AI-Monitoring wurden deshalb Antigene ausgewählt, die *per se* eine hohe Kreuzimmunität mit den in der Wildvogelpopulation verbreitet vorkommenden H5- und H7-Subtypen aufweisen. Die Wahl der Antigene berücksichtigt zudem eine Interferenz der gegen die NA-Subtypen gerichteten Antikörper. Es ist initial die Verwendung von breit kreuzreagierenden Antigenen A/teal/England/7879/06 (H5N3) und A/turkey/England/647/77

(H7N7) vorgesehen. Um die positiven H5- und H7-Subspezifitäten abzuklären, werden positive Reaktionen mit den Antigenen A/chicken/Scotland/59 (H5N1) und A/African Starling/983/79 (H7N1) gegengetestet. Diese Antigene weisen einen anderen Neuraminidase-Subtyp auf. Bleibt die positive Reaktion bestehen, handelt es sich mit hoher Wahrscheinlichkeit um Antikörper gegen den HA-Subtyp (Grund und Harder, persönliche Mitteilung).

Influenzaviren zeichnen sich generell durch eine hohe Mutationsrate aus (s. Abschnitt 2.1.1). Durch Antigendrift finden geringfügige, aber häufig auftretende Veränderungen statt, die durch zufällige punktuelle Veränderungen der Gensequenz zu neuen Variationen innerhalb eines Subtyps führen (Webster *et al.* 1992; Scholtissek 2006). Für eine erfolgreiche serologische Diagnostik mittels HAH sollte deshalb eine breite Palette an aktuellen Antigenen verfügbar sein. Trotzdem scheint es aus genannten Gründen nicht möglich, alle Antikörper mittels HAH zu subtypisieren. Li und Cardona (2010) wiesen beispielsweise nach, dass nach Inokulation von Hühnern mit einem aus einer Wildente stammenden NPAIV H11N9 bereits einen Tag nach Infektion ein Virus mit geringfügiger Veränderung im Genom ausgeschieden wurde. Die Eigenschaften dieses Virus waren bereits so verändert, dass bei erneutem Challengeversuch mit diesem Erreger nur eine eingeschränkte Replikation in Pekingenten festgestellt wurde.

### **5.3.3 Wildvogelbeobachtungen**

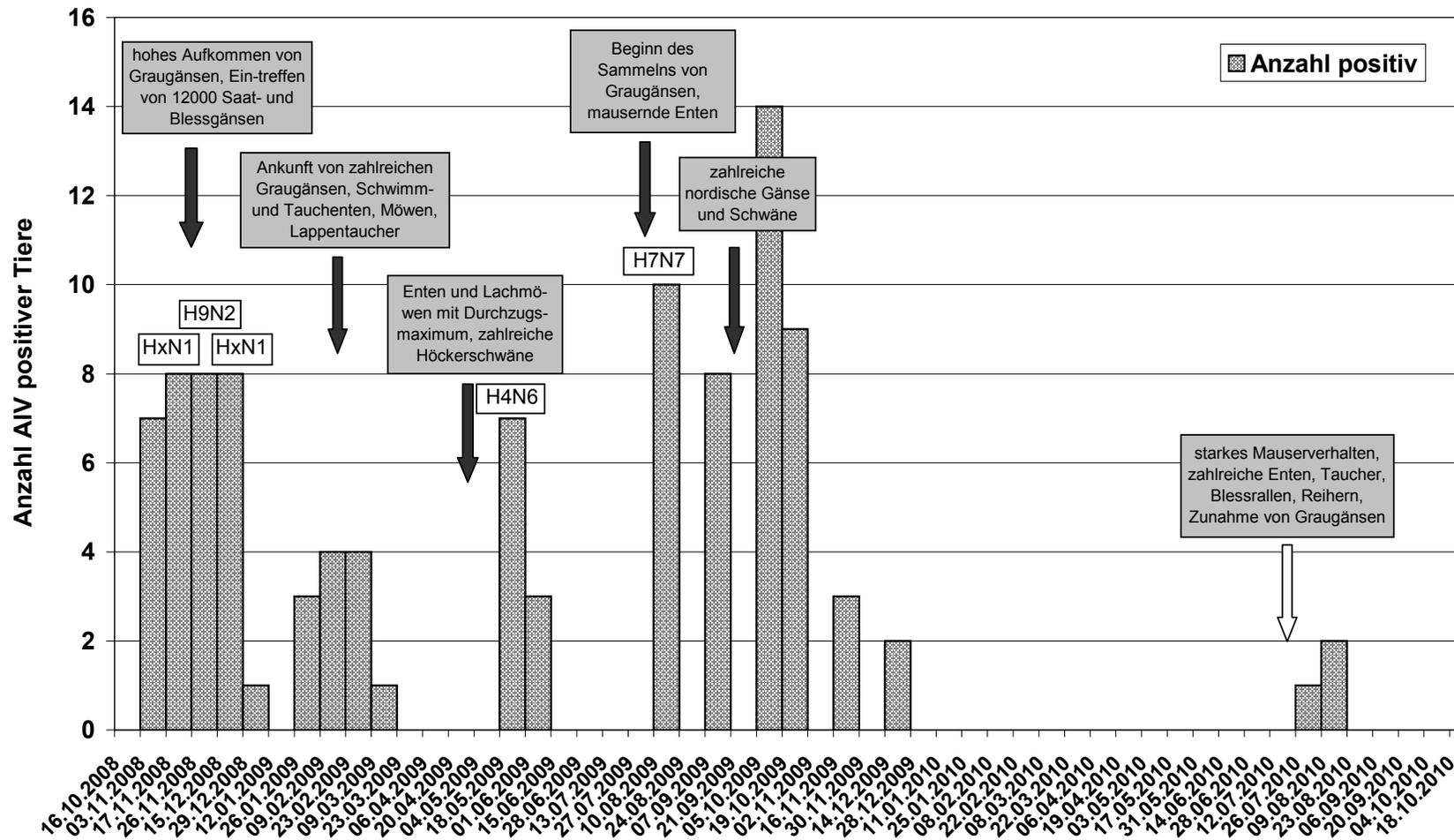
Für das Projekt mit Sentinelstockenten wurde ein Feuchtgebiet mit hoher Wasservogeldichte ausgewählt, um so Kontakte der Wildvögel zu den Sentineltieren mit dem Ziel zu ermöglichen, indirekt einen Überblick über die in der Vogelpopulation vorhandenen AIV-Subtypen unter besonderer Berücksichtigung von H5- und H7-Subtypen zu erarbeiten. Daneben sollte zur Risikoabschätzung einer Verbreitung von AIV durch bestimmte Arten aus der Wildvogelpopulation geprüft werden, in welcher Größenordnung bestimmte Wildvogelspezies im Verlauf des Untersuchungszeitraumes von Oktober 2008 bis Oktober 2010 im und am Felchowsee auftraten. Aus der Literatur sind derartige vergleichende Untersuchungen bislang nicht bekannt. Eigene Ergebnisse zeigten, dass ein sehr hohes saisonabhängiges Wildvogelaufkommen zu verzeichnen war (s. Abbildung 29 und Abbildung 30). Die größte Anzahl an Wildvögeln wurde im Herbst beginnend mit dem Eintreffen von bis zu 12.000 Grau-, Saat- und Blessgänsen beobachtet, um mit Beginn strenger Frostperioden rapide abzusinken. Blessgänse sind in Ostdeutschland Durchzügler und Wintergäste. Die größten Rastbestände werden während der Zugzeit im Herbst erreicht, wobei bestimmten Rastplätzen unter anderem im Land Brandenburg wie zum Beispiel im Bereich des Unteren Odertals eine besondere Bedeutung zukommt: Von dort aus verteilen sich die Blessgänse

auf umliegende Schlaf- und Rastplätze z. B. dem Felchowsee (Heinicke und Köppen 2007). Die Brutgebiete der Blessgans liegen in der arktischen Tundra und haben eine zirkumpolare Ausbreitung. Die Niederlande repräsentiert ca. 80% der Europäischen Winterbestände. Es wurden dort umfangreiche Untersuchungen von 2005 bis 2008 zur Verbreitung von AIV bei dieser Spezies durchgeführt, bei denen eine durchschnittliche Prävalenz von 5,5% und Vorherrschen bestimmter Subtypen (H6N8, H5N2, H5N3, H6N2) festzustellen waren. Es gab jedoch im Einzelnen erhebliche Unterschiede zwischen den einzelnen Jahren (Kleijn *et al.* 2010). Ausgehend von der Erkenntnis von Latorre-Margalef *et al.* (2009), dass AIV bei Stockenten drei bis acht Tage ausgeschieden werden und der Beurteilung zu den Zugbewegungen der Blessgänse wird die Wahrscheinlichkeit einer Verbreitung durch AIV von Kleijn *et al.* (2010) als gering eingeschätzt. Durch sich verschlechternde Rastbedingungen im Küstenbereich ist jedoch eine zunehmende Verlagerung der Rastplätze in das Binnenland zu verzeichnen (Heinicke und Köppen 2007), was wiederum die von Werner und Harder (2006a) beschriebene Gefahr des Eintrages von AIV in Freilandgeflügelhaltungen erhöhen dürfte. Die mit den Blessgänsen aus ihren Brutgebieten (Tundrasaatgans: Tundrazone Russlands, Waldsaatgans: Skandinavien, Westsibirien) eintreffenden Saatgänse (vorwiegend Tundrasaatgans) als mit Abstand häufigste Gänseform in Ostdeutschland rasten ebenfalls vor ihrer Weiterreise in die Überwinterungsgebiete (Ostdeutschland, Westdeutschland, Niederlande) in Ostdeutschland, wobei der Felchowsee zu den regelmäßig genutzten Rastgebieten zählt. Zudem gibt es zwischen Januar und April erhebliche Austauschbeziehungen zwischen den Saatgans-Rastplätzen (Heinicke und Köppen 2007). Graugänse als zu den HRS zählenden Arten mit dem Nachweis von HPAIV H5N1 auch in Brandenburg waren insbesondere in den Herbstmonaten sehr zahlreich mit bis zu 2.470 Individuen vertreten. Vermutlich handelte es sich hier bei der in Ostdeutschland als Brutvogel geltenden Graugans jedoch ebenfalls um Durchzügler. Danach ziehen diese Graugänse meist an Rastplätze nach Westeuropa, um anschließend in die Hauptwinterquartiere in Spanien zu gelangen (Heinicke und Köppen 2007). Der Singschwan zählt ebenfalls zu den HRS, bei dem auch in Brandenburg HPAIV H5N1 nachgewiesen wurde. Er stellt sich in den Wintermonaten ein, wobei auf Grund der strengen Frostperiode im Winter 2009/2010 deutlich weniger Singschwäne anzutreffen gewesen sind als im Winter davor. Die Durchzugs- und Überwinterungsbestände setzen sich aus Vögeln der Brutbestände in Polen, Lettland, Estland, Finnland und Russland zusammen. Der Felchowsee mit seinem Nachbargewässer Lanke froh über längere Zeit in beiden Wintern komplett zu. Es bildeten sich in beiden Wintern 2008/2009 und 2009/2010 zudem vorübergehend geschlossene Schneedecken. Solche Ereignisse führen zu einer sogenannten Kälteflucht (ABBO 2010). Dies wird aus Abbildung 29 und Abbildung 30 besonders deutlich. Die Anzahl der beobachteten Wildvogelarten wurde insbesondere durch

die wassergebundenen Arten (Wasservögel, Lappentaucher, Rallenvögel, Reiher) beeinflusst, bei der die Anzahl im Winter fast bis auf null absank. Im Frühjahr nahm die Zahl der Wildvögel kontinuierlich zu. Im Sommer fanden sich am See einheimische Arten, darunter Höckerschwäne mit einem Bestandsmaximum von 1.382 Tieren im Juni 2009 und bis zu 2.770 Blesrallen im Juli 2010. Stockenten waren im August mit 458 Tieren am häufigsten vertreten. Höckerschwäne werden als hochempfindlich für HPAIV H5N1 angesehen und sind 2006 eine der von H5N1-Infektionen am häufigsten betroffenen Spezies in Europa, darunter in Deutschland, gewesen (Globig *et al.* 2009b; Hesterberg *et al.* 2009). Es ergibt sich bei den einzelnen Arten eine unterschiedliche saisonale Verteilung von Frühjahr bis Herbst. Auch Zugvögel waren am See reichlich zu sehen. Die Krickente als Kurz- bis Mittelstreckenzieher zählte mit Maxima im Oktober 2008, 2009 und 2010 bis zu 600 Individuen. Der Felchowsee wird unter anderem als bekannter Mausersammelplatz dieser Entenart angegeben (Naacke 2001a). Die Durchzugsbestände der Krickente in Ostdeutschland stammen vor allem aus Finnland und dem Nordteil des europäischen Russland. Sie überwintert insbesondere in Westeuropa (Großbritannien, Irland, Niederlande, Nordwest- und Westfrankreich) (Heinicke und Köppen 2007). Die Krickente gehört zu den Hochrisikospezies, bei der bereits HPAIV H5N1 nachgewiesen wurde (Veen *et al.* 2007) (siehe Tabelle 3). Zudem konnte bei ihr in mehreren Mitgliedsstaaten der Europäischen Union NPAIV, darunter auch AIV der Subtypen H5 und H7 festgestellt werden (Hesterberg *et al.* 2008). Die Löffelente als Kurzstreckenzieher zeigte Bestandsmaxima im September und Oktober der Jahre 2009 und 2010 von bis zu 880 Individuen. Diese Entenart besiedelt vorwiegend Flachgewässer und Überschwemmungsbereiche großer Flussniederungen und ist in Osteuropa ein lückenhaft verbreiteter Brutvogel und Durchzügler. Die am Felchowsee beobachteten Löffelenten stammen offenbar überwiegend aus Osteuropa (Polen, Baltikum). Einheimische Löffelenten ziehen im Herbst nach Südwesten zu den Winterquartieren in Frankreich und Spanien (Heinicke und Köppen 2007). Die Löffelente zählt ebenfalls zu den HRS, bei ihr wurde jedoch bisher weder HPAI noch NPAI diagnostiziert, so dass diese Entenart bei der Verbreitung von AIV keine große Rolle spielen dürfte. Die Reiherente als Standvogel bzw. Teilzieher (Ryslavy *et al.* 2008) wurde ebenfalls gehäuft beobachtet. Sie gilt als verbreiteter Brutvogel, aber auch häufiger Durchzügler. Die vor allem im Frühjahr angetroffenen Vögel dieser Art mit bis zu 300 Individuen gehören offensichtlich überwiegend zu Durchzüglern, da ihr Bestand in den nachfolgenden Frühjahrs- und Sommermonaten rapide absank. Bei der Reiherente wurden im Frühjahr 2006 häufiger HPAIV-Infektionen zum Beispiel in Nordeuropa festgestellt (Bragstad *et al.* 2007; Zohari *et al.* 2008b; Bröjer *et al.* 2009). Mehrere Fremdfunde deuten auf Überwinterungsbestände vor allem im Baltikum, aber auch in Großbritannien, Irland und den Niederlanden hin. Von Heinicke und Köppen (2007) beschriebene große Mauseransammlungen auf einzelnen Binnengewässern im

Sommer konnten am Felchowsee nicht beobachtet werden. In Tabelle 35 sind alle Wildvögel ausführlich dargestellt, die sowohl am als auch im Gehege aufgetreten sind und in größerer Zahl beobachtet wurden. Zudem wurden besondere Ereignisse zum Zug-, Rast- und Mauterverhalten der Vögel aufgeführt.

In Abbildung 34 wird versucht, bestimmte Zusammenhänge zwischen dem Nachweis von aviären Influenzaviren und besonderen Ereignissen bei den Wildvögeln am Felchowsee darzustellen. Offensichtlich gibt es insbesondere nach dem Eintreffen der verschiedenen Gänsearten im Herbst gehäufte AIV-Nachweise. Zudem sind AIV im zweiten Jahr bereits im Sommer zu einer Zeit nachweisbar, in der sich zahlreiche Enten verschiedener Spezies versammeln, aber auch noch ein intensives Mautergeschehen am See abläuft. Es treffen zu dieser Zeit jedoch auch schon die ersten Graugänse ein. Interessant scheint in diesem Zusammenhang die Tatsache zu sein, dass es bereits während des Zuges zum Vermischen verschiedener Arten kommt, indem Vögel ihre Zuggeschwindigkeit erheblich reduzieren, um nicht allein oder in kleinen Gruppen unterwegs sein zu müssen. So fliegen an der Ostseeküste die schnelleren Krick-, Spieß- und Pfeifenten regelmäßig in langsameren Gänsetrupps mit und ordnen sich teilweise sogar in die Formation ein (Gatter 2000).

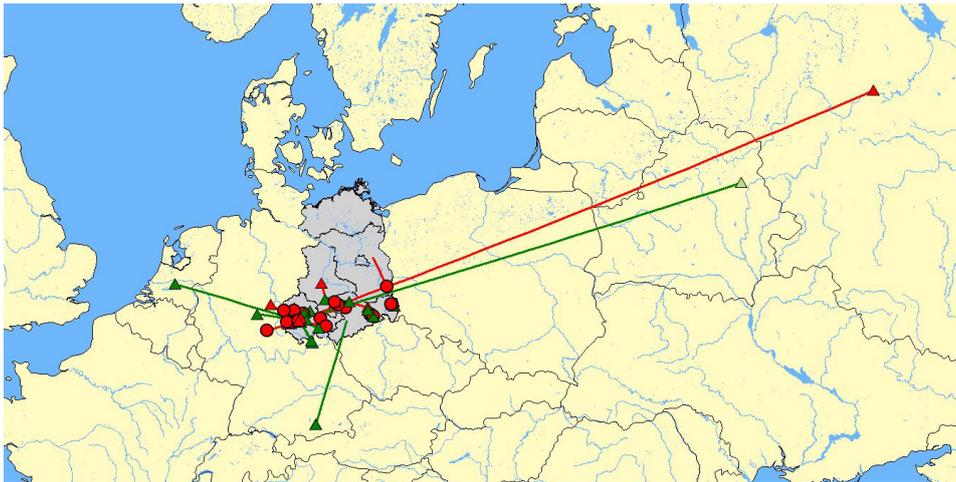


**Abbildung 34:** AIV positive Befunde im Zeitverlauf während des Betriebes der Sentinelanlage am Felchowsee vom 2008 bis Oktober 2010 bezogen auf besondere Ereignisse in der Wildvogelpopulation am Felchowsee.

#### 5.4 Wildvögel als Risikospezies

In Tabelle 34 sind bestimmte Vogelarten anhand verschiedener Risikokriterien zusammengestellt. Zum einen wurden Nachweise von HPAIV H5N1 sowohl in Brandenburg als auch weltweit und zum Anderen NPAIV-Befunde berücksichtigt. Darüber hinaus sind Arten einbezogen, die am Beispiel der Region am Felchowsee häufiger auftraten bzw. intensiveren Kontakt mit den Sentineltieren hatten. Hier ist man davon ausgegangen, dass sowohl über direkten Kontakt als auch indirekt über Oberflächenwasser beim Schwimmen der Wasservögel in der Nähe des Geheges eine Übertragung von AIV von den am Felchowsee beobachteten Wildvögeln auf die im Gehege befindlichen Sentinelstockenten hätte stattfinden können, insbesondere, wenn das Wasser durch die Vögel getrunken oder beim Gründeln gefiltert wird (Delogu *et al.* 2003; Roche *et al.* 2009). In diesem Zusammenhang wäre auch eine aerogene Übertragung denkbar, die von Yao *et al.* (2011) bei Experimenten an Hühnern mit NPAIV H9N2 nachgewiesen worden ist. In Abschnitt 5.3.3 sind wichtige Vertreter der Risikospezies bereits beschrieben. Die Hochrisikospezies Knäkente als eine der wenigen Vertreter der Langstreckenzieher unter den Entenvögeln in Brandenburg (Ryslavy *et al.* 2008) wurde, wenn auch AIV negativ getestet, sowohl im Wildvogelmonitoring beprobt als auch am Felchowsee beobachtet. In Europa konnten bei ihr zwar keine HPAIV, aber NPAIV mit einem Prozentsatz von 9,1% bei Untersuchungen im Jahr 2006 nachgewiesen werden (Hesterberg *et al.* 2009). Die Knäkente kommt als Brutvogel in großen Teilen der Paläarktis von Westeuropa über Südkandinavien, Zentralrussland bis nach Ostasien vor. Sie überwintert meist südlich der Sahara sowie in den nördlichen Tropen/Subtropen Afrikas (Heinicke und Köppen 2007). Aus der Ordnung der *Gruiiformes* soll als Beispiel die Blessralle genannt werden. Sie gehört zu den HRS und bei ihr wurde, wenn auch nur selten, HPAIV H5N1 festgestellt (Hesterberg *et al.* 2009). In eigenen Untersuchungen war einmal im Februar im Landkreis Barnim HPAIV H5N1 bei der Blessralle nachweisbar. Darüber hinaus wurden neben der Stockente bei der Blessralle die meisten NPAIV, darunter auch zweimal der Subtyp H7 im Wildvogelmonitoring 2006-2010 diagnostiziert. In Brandenburg wird die Blessralle mit einem Bestand von 25.000-40.000 Tieren als Standvogel definiert (Ryslavy *et al.* 2008). In Ostdeutschland ist die Blessralle ein nahezu flächendeckender Brutvogel sowie Durchzügler und Wintergast. Die Art besiedelt insbesondere Feuchtgebiete mit ausreichender Ufer- und Röhrichtvegetation (Heinicke, persönliche Mitteilung). Diese Bedingungen fand die Blessralle am Felchowsee vor, so dass sie in großer Zahl und auch häufig in Gehegenähe beobachtet werden konnte (s. Tabelle 31 und Tabelle 32). In letzter Zeit war eine Verkürzung der Zugwege festzustellen, wenn auch Ringfunde eine Streuung bis nach Nordafrika auswiesen. Es wurde ein hoher Grad an Geburtsorttreue bei in Ostdeutschland beringten nichtflügenden Jungvögeln festgestellt (Heinicke, persönliche Mitteilung). Trotzdem finden sich in einzelnen Fällen

Fernansiedlungen: Ein Jungvogel, der in Thüringen erbrütet worden war, wurde tot bei Kaliningrad gefunden (1.775 km Entfernung). Dies deutet darauf hin, dass sich auch als Standvögel definierte Arten grundsätzlich über weite Strecken bewegen und damit möglicherweise AIV in der Wildvogelpopulation verbreiten können (s. Abbildung 35). Zudem kann man davon ausgehen, dass Rallenvögel auf Grund ihres beträchtlichen Brutbestandes (Ryslavy 2001), ihrer Lebens- und Ernährungsweise sowie ihres zeitweise engen Kontaktes mit rastenden bzw. überwinternden Entenarten Träger und Überträger von AIV sein können.



**Abbildung 35:** Brutansiedlung bzw. Brutzeitfunde von in Ostdeutschland erbrüteten Blessrallen (grün: Fund außerhalb der Brutzeit, rot: Fund in der Brutzeit Mai bis August, dunkelgrüne Kreise: Januar + Februar, dunkelgrüne Dreiecke: März + April, rote Kreise: Mai + Juni, rote Dreiecke: Juli+ August, hellgrüne Dreiecke: September + Oktober, hellgrüne Kreise: November + Dezember, Quelle: U. Heinicke, Landesamt für Umwelt, Naturschutz und Geologie Mecklenburg-Vorpommern, unveröffentlicht).

Der Vogelordnung *Charadriiformes* wird ebenso eine Bedeutung bei der Verbreitung von AIV beigemessen. In eigenen Untersuchungen im Rahmen des Wildvogelmonitorings in Brandenburg wurden zahlreiche Regenpfeifer-, Schnepfenverwandte, Möwen und Seeschwalben untersucht, jedoch keine AIV nachgewiesen. Bei früheren Untersuchungen in nordöstlichen Regionen der USA konnten Kawaoka *et al.* (1988) bei Watvögeln und Seeschwalben im Frühjahr hohe Prävalenzen feststellen. Im Jahr 2006 wurden in Europa bei verschiedenen Möwenarten, nicht jedoch bei Seeschwalben und Watvögeln HPAIV H5N1 nachgewiesen (Hesterberg *et al.* 2009). Die von Globig (2007) in Nordostdeutschland und von Hlinak *et al.* (2006) am Gülper See in Brandenburg beprobten Möwen und Watvögel wiesen keine AIV auf. Einen Einfluss auf die Befunde kann der Zeitpunkt der Probennahme sein. Vermutlich sind höhere Prävalenzen im Frühjahr als im Herbst zu erwarten (Krauss *et al.* 2004).

Einige Greifvogelarten der Ordnung *Accipitriformes* und *Falconiformes* gehören auf Grund ihrer Lebensweise zumindest teilweise als Aasfresser und Raubvögel zu den HRS. In eigenen Untersuchungen gab es sowohl positive HPAIV H5N1 als auch NPAIV-Befunde, wobei der „Bussard“ ohne nähere Kennzeichnung am häufigsten betroffen war. Die Nachweisrate blieb jedoch bei einer Untersuchungszahl von insgesamt 1.172 Greifvögeln sehr gering. Dies kann auch darin begründet sein, dass sich die Untersuchungen überwiegend auf Jungvögel im Horst bei Beringungsaktionen konzentrierten. In Brandenburg ist der häufigste aller Bussardarten der Mäusebussard und mit einer Bestandsgröße von 6.500-7.500 Brutpaaren der am meisten vertretene Greifvogel in diesem Bundesland. Untersuchungen von Beuteresten beim Mäusebussard ergaben neben Mäusen einen erheblichen Anteil auch an verschiedenen Vogelarten, darunter Stockenten (Haupt 2001), so dass eine Aufnahme von AIV über die Nahrung denkbar wäre. Dieser Greifvogel dürfte jedoch auf Grund seiner solitären Lebensweise als potentieller Überträger von Influenzaviren eine geringe Rolle spielen. Die Möglichkeit eines Eintrages von AIV in Hausgeflügelbestände mit Feilandhaltung wie von Werner (2006) beschrieben, sollte trotzdem nicht außer Acht gelassen werden. Im Rahmen von Wildvogelbeobachtungen am Felchowsee während des Betriebes der Sentinelanlage wurden einige Stockenten von einer Rohrweihe geschlagen. Unmittelbar danach waren NPAIV bei den Sentineltieren nachweisbar. Eine Übertragung von AIV von der möglicherweise mit aviärem Influenzavirus infizierten Rohrweihe auf die Sentineltiere wäre denkbar. Die Rohrweihe als Langstreckenzieher ist ein mit bis zu 1500 Brutpaaren häufiger Brutvogel Brandenburgs (Ryslavy *et al.* 2008). Ihr Habitat sind vor allem Feuchtgebiete, da sie in der Röhrichtzone von Gewässern brütet und sich somit in der Nähe von Wasservogelstandorten aufhält. Sie ernährt sich vorwiegend von Singvögeln, Enten sowie Rallen und zieht in Winterquartiere bis südlich der Sahara (Schmidt 2001). Eine Bedeutung bei der Verbreitung von HPAIV wäre in ähnlicher Form wie beim Mäusebussard denkbar, in dem sie an HPAIV erkrankte oder verendete Vögel aufnimmt. Der Fischadler wurde in größerer Zahl im Monitoring in Brandenburg untersucht. Aviäre Influenzaviren fanden sich nicht. Er ist Brutvogel in Brandenburg mit ca. 300 Brutpaaren (Ryslavy *et al.* 2008). Seine Überwinterungsgebiete liegen zwar als Langstreckenzieher südlich der Sahara. Er wurde mittels Satellitentelemetrie z. B. im Südwesten Senegals in seinem Winterquartier in Westafrika geortet (Meyburg 2001). Als Nahrungsspezialist ernährt sich der Fischadler jedoch ausschließlich von Fisch. Eine Aufnahme und Verbreitung von AIV durch diese Spezies wird daher eher als unwahrscheinlich angesehen.

## 5.5 Die Stockente als Spezies mit besonderer Bedeutung bei der Verbreitung von aviären Influenzaviren

Unter den Wasservögeln wurden Entenvögel als „Trojanische Pferde“ bezeichnet, weil sie bestimmte Stämme des HPAIV H5N1 nach einer Infektion ausscheiden, ohne selbst zu erkranken (Hulse-Post *et al.* 2005). Unter den Entenarten waren bei zahlreichen Studien zur Untersuchung auf das Vorkommen von AIV bei der Stockente die höchsten Prävalenzen bei NPAIV sowohl in Nord- und Mittelamerika, in Eurasien als auch in Australien feststellbar (Fouchier *et al.* 2003; Hanson *et al.* 2003; Krauss *et al.* 2004; Pedersen *et al.* 2010; Rabl 2010; Senne 2010), davon mit einem hohen Anteil von H5-Subtypen in Europa in den Jahren 2006 und 2007 (Hesterberg *et al.* 2008; Hesterberg *et al.* 2009). Eigene Untersuchungen bestätigen diese Ergebnisse. Zudem gab es weltweit HPAIV H5N1-Befunde (Hesterberg *et al.* 2008; Globig *et al.* 2009b; USGS 2011). Es wurden deutliche Unterschiede zwischen den Beprobungsorten und den Beprobungszeiten beschrieben. Bei Untersuchungen in Norddeutschland konnten signifikante Unterschiede in der Prävalenz festgestellt werden. Die Isolierungsrate war von im Herbst der Jahre 2004 und 2005 in Nordvorpommern erlegten Enten signifikant höher als auf der Insel Föhr, wohingegen in Frühjahr und Sommer der gleichen oder anderer Standorte keine AIV nachgewiesen werden konnten (Globig 2007). Unterschiede scheinen auch zwischen den Kontinenten zu bestehen: Fand man bei migrierenden Enten hohe Nachweisraten in Nordamerika vorwiegend im Herbst (Ito *et al.* 1995), so traf dies in Schweden für das Frühjahr zu (Wallensten *et al.* 2006).

In eigenen Untersuchungen waren regionale und zeitliche Varianzen bezüglich der AIV-Nachweise bei Stockenten ebenfalls feststellbar. Rabl (2010) kam zu ähnlichen Erkenntnissen: Es fiel bei Untersuchungen in Bayern auf, dass im September 2008 bei zwei Jagden im gleichen Revier der Subtyp H5N3 mit Abstand am häufigsten vorkam. Es unterschieden sich in eigenen Untersuchungen die Ergebnisse zwischen den Jahren von 2006 bis 2010. Dabei gelang nur teilweise eine Subtypenbestimmung. Dies kann daran liegen, dass die Ausscheidungsdauer mit nur 3,1-8,9 Tagen sehr kurz (Latorre-Margalef *et al.* 2009) oder intermittierend ist (Jourdain *et al.* 2010). Zudem sank sie nach experimenteller Infektion von Stockenten mit NPAIV H7N7 zunächst rapide nach einer sekundären H7N7-Boosterung und verkürzte sich weiter nach einem anschließenden Challengeversuch mit H5N2 (Jourdain *et al.* 2010). Betrachtet man die Ergebnisse der am Felchowsee auf AIV untersuchten Sentinelstockenten, so scheint unter diesem Aspekt das Beprobungsintervall zu groß zu sein, um das Virus während der Ausscheidung sicher zu detektieren. Eine zudem von Jourdain *et al.* (2010) festgestellte Kreuzimmunität könnte den in eigenen Untersuchungen fehlenden AIV-Nachweis insbesondere im zweiten Jahr nach erfolgter Serokonversion verbunden mit im ELISA ermittelten AI-Antikörpern erklären.



**Abbildung 36:** Wiederfunde im Ausland von im Arbeitsbereich der Beringungszentrale Hiddensee beringten Stockenten *Anas platyrhynchos* (grün: Fund außerhalb der Brutzeit, rot: Fund in der Brutzeit Mai bis August, dunkelgrüne Kreise: Januar + Februar, dunkelgrüne Dreiecke: März + April, rote Kreise: Mai + Juni, rote Dreiecke: Juli+ August, hellgrüne Dreiecke: September + Oktober, hellgrüne Kreise: November + Dezember) aus: Berichte der Vogelwarte Hiddensee: Vogelzug in Ostdeutschland I: Wasservögel, Teil 1: Entenvögel, Lappen- und Seetaucher, Kormorane, Löffler und Reiher (Heinicke und Köppen 2007).

In Brandenburg ist die Stockente ein Standvogel bzw. Teilzieher mit einer Bestandsgröße von 20.000-40.000 Brutpaaren und einem Rastbestand von 60.000-80.000 Vögeln. (Ryslavy *et al.* 2008). Am Felchowsee wurde sie regelmäßig in größerer Zahl beobachtet und fand sich häufig unmittelbar am und teilweise auch im Gehege (s. Tabelle 34 und 35). So ist es möglicherweise zu einer Infektion der Sentinelenten durch wilde Stockenten gekommen. In Ostdeutschland ist die Stockente ein weit verbreiteter Brutvogel, Durchzügler und Wintergast. Ab Ende Mai/Anfang Juni sammeln sich überwiegend männliche Tiere zur Mauser auf Gewässern mit guter Deckung und reichem Nahrungsangebot (Heinicke und Köppen 2007), so wie es auch am Felchowsee der Fall gewesen ist. Die einheimische Brutpopulation Ostdeutschlands zieht im Herbst überwiegend nach West bis Südwest in die Überwinterungsgebiete in Ost- und Westdeutschland, den Niederlanden und Frankreich. Die Herkunft der Durchzugs- und Überwinterungsbestände wird mit Skandinavien, Osteuropa

und Nordwestrussland angegeben (s. Abbildung 36). Während im September/Oktober Stockenten vorwiegend aus Polen und Schweden einfliegen, kommen ab November verstärkt auch Vögel aus Nordosteuropa, dem Baltikum und der Nordhälfte Weißrusslands (Pörner 1989). Nichtzieherpopulationen, wie sie vor allem aus West- und Südeuropa beschrieben sind, zeigen jedoch in Wintern mit geschlossener Schneedecke und zugefrorenen Gewässern großräumige Winterfluchtbewegungen (Bauer *et al.* 2005). In eigenen Untersuchungen konnte ebenfalls ein derartiges Verhalten in beiden Wintern an der Sentinelanlage beobachtet werden. Entsprechend nahm die Anzahl der wassergebundenen Arten am See in den Monaten Januar und Februar rapide ab (s. Abbildung 28 und 29). Ein Teil der durch Kälteflucht vom Felchowsee abgezogenen Vögel dürfte sich so im Bereich der Unteren Oderniederung angesiedelt haben, einem Feuchtgebiet mit hohem Wasservogelaufkommen, einem der drei in Brandenburg vorhandenen Ramsargebiete. Untersuchungen während der Frühjahrsmigration von Stockenten mittels Telemetrie, die in Japan überwinterten, ergaben interessante Erkenntnisse zum Zugverhalten der Vögel: Die Zugrouten variierten erheblich und die Ziele an den Brutstandorten erstreckten sich über einen weiten Raum zwischen Nordostasien und dem weit entfernten östlichen Russland, wobei mehrere über bis zu vier Wochen reichende Pausen eingelegt wurden. Diese Zugstrategie bezeichnete man als „long-stay and short-travel“ (Noriyuki *et al.* 2008). Es wird davon ausgegangen, dass das AIV so über weite Strecken transportiert werden kann, zumal eine Infektion mit AIV Stockenten kaum in ihrer Gesundheit und Fitness beeinflusst (Fereidouni *et al.* 2009; Latorre-Margalef *et al.* 2009). Außerdem haben die Stockenten während der langen Flugpausen eher die Möglichkeit, AIV mit anderen am gleichen Standort rastenden Vögeln auszutauschen. Auf diese Weise hätte zum Beispiel der von Manin *et al.* (2010) im April 2008 beschriebene Ausbruch einer HPAI H5N1-Infektion von Hühnern und Wachteln im östlichen Russland entstanden sein können: das nachgewiesene Virus (A/Chicken/Primorsky/85/08 H5N1) wies eine Homologie von 99% zu einem im April 2008 bei einem Schwan in Japan typisierten Virus (A/Whooper Swan/Hokkaido/1/08 H5N1) auf, dessen Hämagglutiningen sehr eng mit dem eines Virus der Klade 2.3.2 verwandt war, welches 2003 in verschiedenen Provinzen Chinas und Vietnams gefunden wurde.

Die Infektionsrate kann sehr hoch sein. So stellte Globig (2007) im Oktober 2003 innerhalb von vier Tagen fünf verschiedene Subtypen bei Stockenten fest. Es lag der Schluss nahe, dass diese Viren aus verschiedenen geografischen Räumen zu den Sammelplätzen in Deutschland mitgebracht wurden und die Vögel sich anschließend untereinander infiziert haben. Auf die Möglichkeit einer Mehrfachinfektion und damit der Bildung von genetischen Reassortanten wurde bereits hingewiesen (Sharp *et al.* 1997; Rabl 2010). In Hinblick auf das Zugverhalten der Stockente gibt es außerdem Hinweise auf eine regelmäßige Abmigration insbesondere bei dieser Spezies unter allen Entenarten. Man versteht darunter ein

---

Auswandern von Paaren, die sich bereits vor dem Heimzug verpaart haben, wobei ein Partner einen anderen in weit entfernte Gebiete „entführen“ kann (Berthold 2008). So wäre die Möglichkeit gegeben, dass sich Populationen ständig neu mischen könnten.

Die Stockente stellt an ihren Lebensraum nur geringe Ansprüche. Regelmäßig brütet sie auch in Siedlungs- und Industriegebieten auf Kleinstgewässern und in deren Nähe. In strengen Wintern konzentrieren sich die Stockenten auf eisfreien Flussabschnitten in Ortschaften. In den letzten Jahrzehnten sind sie hier durch Gewöhnung an Fütterungen auch in milden Wintern anzutreffen (Naacke 2001b). Dies führt zur Konzentration der Population an wenigen Standorten und gleichzeitig zu einem Durchmischen mit anderen Arten. Außerdem kommt der Stockente so eine Brückenfunktion zum Menschen entsprechend den Ausführungen von Veen *et al.* (2007) zu.

## 6 Abschließende Betrachtung und Ausblick

Mit dem durchgeführten Wildvogelmonitoring in Brandenburg von 2006 bis 2010 und dem Betreiben einer Sentinelanlage von Oktober 2008 bis Oktober 2010 konnte ein Überblick über das Vorkommen von AIV unter besonderer Berücksichtigung von HPAIV geschaffen werden. Es ergeben sich zusammenfassend folgende Erkenntnisse:

- Auf Grund der speziesspezifischen, saisonalen und regionalen Verteilung der untersuchten Vögel war es nicht durchgängig möglich, das AI-Virus sicher zu detektieren. Es konnte jedoch herausgestellt werden, dass bei Konzentration auf bestimmte Spezies, einzelne Regionen und Zeiträume die Effektivität einer Surveillance erhöht werden könnte. So wurden HPAIV fast ausschließlich bei größeren toten Vögeln wie z. B. dem Schwan nachgewiesen, wohingegen NPAIV vor allem bei erlegten Stockenten im Ramsargebiet der Peitzer Teiche zu finden waren. Jedoch steht die Jagd in diesem Gebiet auf dem Prüfstand. Nicht nur die Tötung von Wasservögeln, sondern auch die massive Störung von rastenden Wildvögeln wird beklagt, so dass der Schutz solcher Feuchtgebiete bei Durchführung derartiger Maßnahmen in Frage gestellt wird (Mädlow 2009).
- Da bei Stockenten die höchsten NPAIV-Prävalenzen insgesamt und die Subtypen H5 und H7 häufiger als bei anderen Arten vorkamen, sollte man sich perspektivisch vor allem auf diese Vogelart konzentrieren. Eine Beprobung insbesondere juveniler Vögel dieser Spezies ist unter Berücksichtigung der vorliegenden wissenschaftlichen Erkenntnisse von besonderem Interesse.
- Insgesamt muss man feststellen, dass a) trotz eines Probenaufkommens von 8.290 an heimischen Wildvögeln das Vorhandensein von für das Hausgeflügel relevanter AIV, insbesondere HPAIV, nicht sicher ausgeschlossen werden konnte und b) weiterhin NPAIV der Subtypen H5 und H7 in der Wildvogelpopulation zirkulieren.
- Insbesondere das Ausbruchsgeschehen bei Puten im Landkreis Cloppenburg in Deutschland durch NPAIV H5N3 im Dezember 2008 sowie weitere NPAIV-Infektionen der Subtypen H5 und H7 in verschiedenen Bundesländern Deutschlands verbunden mit schwerwiegenden wirtschaftlichen Folgen (AHO 2009; FLI 2011b) haben gezeigt, wie wichtig die Kenntnis von in den Wildvogelbeständen vorhandenen AIV ist. Ein AIV-Monitoring bei Wildvögeln bleibt deshalb weiterhin von großer Bedeutung, um einen Überblick über die in dieser Population aktuell zirkulierenden Subtypen zu erhalten und epidemiologische Zusammenhänge zu erkennen.

- 
- Die Anwendung von und der ständige Fortschritt bei der Verwendung von molekularbiologischen Methoden lässt die Bedeutung der Gewinnung von Virusisolaten hinsichtlich der Sensitivität weiter zurückfallen. Trotzdem ließ sich nicht jedes am LLBB ermittelte AIV-positive Ergebnis am FLI bestätigen. Eine abschließende Subtypisierung gelang nur in einigen Fällen. Die von den Wildvögeln ausgeschiedene Virusmenge war offensichtlich in vielen Fällen so gering, dass sie im Bearbeitungsprozess verloren ging. Deshalb sollte dringend auf einen sorgfältigen Umgang mit den Proben geachtet werden. Dies betrifft sowohl die Schulung der Probennehmer, den zügigen und gekühlten Transport als auch die Weiterbearbeitung in den diagnostischen Einrichtungen.
  - Im Betreiben einer Sentinelanlage mit Stockenten wird eine sinnvolle Alternative bzw. Ergänzung zum Wildvogelmonitoring gesehen. Die Voraussetzung dafür ist allerdings eine regelmäßige Betreuung durch eine Person mit zoologischem und ornithologischem Sachverstand. Die Nachweisrate war hier deutlich höher als bei im Monitoring beprobten Vögeln.
  - Es konnte an der Sentinelanlage nachweislich ein intensiver direkter und indirekter Kontakt mit den zahlreich am Felchowsee beobachteten Wild-, insbesondere Wasservögeln beobachtet werden, der den Nachweis von verschiedenen AIV-Subtypen erklären dürfte. So war es möglich, eine langfristige, ganzjährige und nachhaltige Erfassung des Auftretens von AIV bei Vögeln eines Ökosystems vorzunehmen.
  - Die Stockente scheint als Sentinelspezies bestens geeignet zu sein. Sie ist die Art mit der höchsten AIV-Prävalenz, einfach zu halten und erzeugt einen lebhaften Kontakt zu wilden Vögeln, insbesondere ihren Artgenossen.
  - Es hat sich auf Grund einer möglicherweise entstandenen Kreuzimmunität die AIV-Nachweisrate im Laufe der Zeit verringert, so dass es sinnvoll wäre, den Stockentenbestand in regelmäßigen Abständen, mindestens jährlich, durch juvenile Tiere komplett zu erneuern.
  - Serologische Untersuchungen gaben Aufschluss über vorhandene AIV-Antikörper, wobei es nur bei einer Ente möglich war, eine Subtypbestimmung vorzunehmen. Letztendlich konnte eine z. T. über mehrere Monate anhaltende Seroprävalenz nachgewiesen werden. Um zu aussagekräftigeren Ergebnissen zu gelangen, sollten weitere, insbesondere Langzeitstudien mit verbesserten diagnostischen Verfahren angestrebt werden. Insgesamt scheint es sinnvoll, die Beprobungsintervalle von zwei bzw. vier Wochen auf Grund einer vermutlich sehr kurzen Ausscheidungsdauer zu verkürzen.

- Die Erfassung der Angaben zum Wildvogelmonitoring in der AI-DB hat sich bewährt, wenn auch auf Grund manueller Bearbeitung der Daten möglicherweise Fehler entstehen können. Wichtig erscheint eine zügige Eingabe aller erforderlichen Parameter, um den jeweiligen Vorgang baldmöglichst abschließen zu können.

Daraus ergibt sich folgende perspektivische Wertung:

- Ein Wildvogelmonitoring ist zur Risikoabschätzung für das Nutzgeflügel und zum Erkennen epidemiologischer Zusammenhänge beim Auftreten verschiedener AIV-Subtypen sowohl als aktives als auch passives Monitoring weiterhin notwendig.
- Zum Nachweis von HPAIV eignet sich ausschließlich ein passives Monitoring, wohingegen im aktiven Monitoring NPAIV detektiert werden können.
- Um das Monitoring risikoorientierter zu gestalten, müssen mit konkreten Zahlen definierte Beprobungsorte (Feuchtgebiete, Vogelrastgebiete, Ramsargebiete) und Beprobungszeiträume (Winterhalbjahr von September bis März) festgelegt werden.
- Auf Grund des gehäuften Nachweises von AIV bei nur wenigen Spezies, ist es zur Erhöhung der Effektivität des Wildvogelmonitorings sinnvoll, sich auf einzelne Arten zu konzentrieren. Dazu gehören Wasservögel, wobei für den HPAIV-Nachweis vor allem dafür hochempfindliche Schwäne und für die Detektion von NPAIV insbesondere Stockenten, aber auch Blassrallen aus der Gruppe der Rallenvögel besonders geeignet scheinen.
- Die Einbeziehung von Naturschutzstationen und Vogelschutzwarten bei der Organisation des Wildvogelmonitorings hat sich außerordentlich gut bewährt und sollte weiterhin mit entsprechender finanzieller Unterstützung intensiv genutzt werden.
- Zügiger Transport unter gekühlten Bedingungen sowie eine schnellstmögliche Bearbeitung erhöhen die Erfolgchancen eines Virusnachweises erheblich, um eine Subtypenbestimmung, bei H5 und H7-Stämmen eine Spaltstellenanalyse sowie einen Tierversuch zur Bestimmung des IVPI durchführen zu können.
- Als Probenmaterial sind bei lebenden Wildvögeln in jedem Fall Rachen-/Oropharyngealtupfer und Kloakentupfer, auch als Kombitupfer, zu entnehmen. In gleicher Weise sollte bei Totfunden verfahren werden. Die Untersuchung von aus Sektionstieren entnommenen Trachealtupfern reicht für eine umfassende AIV-Diagnostik nicht aus.

- 
- Bei verendeten Vögeln sollte unbedingt, soweit möglich, bei einem AIV-Nachweis die Frage geklärt werden, in wie weit diese Influenzaviren am Krankheitsgeschehen beteiligt sind. Dazu sind umfassende pathomorphologische und –histologische, ggf. immunhistologische sowie differentialdiagnostische Abklärungsuntersuchungen aller möglichen infektiösen und nichtinfektiösen Agentien anzustreben.
  - Die Eingabe der Parameter in die AI-DB sollte immer so vollständig wie möglich erfolgen, um die Aussage der Daten, insbesondere zur korrekten Artbestimmung und Altersangabe, zu verbessern. Bei paralleler Entnahme von Rachen- und Kloakentupfern muss eine separate Auswertung erfolgen können.
  - Eine Sentinelanlage kann zur Einschätzung von in der Wildvogelpopulation vorhandenen NPAIV in bestimmten Regionen mit hoher Wasservogeldichte das Wildvogelmonitoring als kostengünstiges Projekt ergänzen bzw. ersetzen, da die Nachweisrate von NPAIV bei den Sentinels deutlich höher ist als im sonstigen Monitoring.
  - Obwohl es bereits zahlreiche experimentelle Studien bei verschiedenen Vogelarten zu AIV-Infektionen gibt, sind nach wie vor zahlreiche Fragen zum Verlauf der Infektionen mit verschiedenen AIV-Stämmen bei vielen Spezies ungeklärt. Zudem sind neu auftretende und möglicherweise mit veränderten Virulenzeigenschaften versehene AIV kontinuierlich zu verfolgen. Auch im Hinblick auf die Entwicklung verbesserter Methoden sollten auf diesem Gebiet intensive Forschungsarbeiten fortgeführt werden, die mit dem Monitoring eng zu verknüpfen sind.
  - Wildvögel stellen offensichtlich nicht das alleinige Risiko der Einschleppung und Verbreitung vor allem von HPAIV dar. Eine stärkere Konzentration der AIV-Überwachung auf den Bereich des Wirtschaftsgeflügels einschließlich des nationalen und internationalen Handels insbesondere im Hinblick auf vorhandene Endemiegebiete in Asien und Nordafrika wird somit als sinnvoll erachtet.

## 7 Zusammenfassung

### **Wildvogelmonitoring im Land Brandenburg zum Nachweis aviärer Influenzaviren unter besonderer Berücksichtigung einer Sentinelanlage**

Aviäre Influenzaviren (AIV) kommen weltweit bei Vögeln, verschiedenen Säugetierarten und dem Menschen vor. Niedrigpathogene AIV (NPAIV) der Subtypen H5 und H7 können auf Grund einer starken Mutationsneigung von Influenzaviren hochpathogene Eigenschaften entwickeln. Von bestimmten Virusstämmen geht zudem ein zoonotisches Potential aus. Infektionen mit dem hochpathogenen AIV (HPAIV) des Subtyps H5N1 führten so in den letzten Jahren zu mehreren hundert Erkrankungen und Todesfällen beim Menschen. NPAIV sind in der Wildvogelpopulation, insbesondere bei Wasservögeln, weit verbreitet. Jedoch fanden sich seit dem Auftreten einer hochpathogenen Variante des Subtyps H5N1 seit 2005 auch bei Wildvögeln zahlreiche Infektionen bei unterschiedlicher Empfänglichkeit der einzelnen Spezies. Von diesem Wirtsreservoir geht eine mögliche Gefahr für AIV-Infektionen beim Nutzgeflügel mit der Folge von drastischen tierseuchenrechtlichen Maßnahmen und immensen wirtschaftlichen Folgen aus, wenn auch die Rolle von Wildvögeln im Rahmen der HPAI nach wie vor umstritten ist. Nicht nur HPAIV-Infektionen, sondern auch NPAIV-Infektionen der Subtypen H5 und H7 sind europaweit bekämpfungspflichtig. Um Daten für genauere Risikoabschätzungen zu gewinnen, wurden zunächst freiwillige und anschließend rechtlich verbindliche Vorgaben zur Überwachung des Vorkommens von AIV bei Wildvögeln erarbeitet. Entsprechend verfeinerter Risikoeinschätzungen wurden bestimmte Arten insbesondere der Ordnungen *Anseriformes* und *Charadriiformes* bevorzugt in das Überwachungsprogramm einbezogen. In Umsetzung dieser Vorgaben fand in Brandenburg ein Wildvogelmonitoring statt, welches in dieser Arbeit über einen Zeitraum von 2006-2010 ausgewertet wurde.

Insgesamt gelangten 8.290 Wildvögel aus 139 heimischen Arten aus 43 Familien zur Untersuchung, von denen Organe aus Tierkörpern, Rachen- und Kloakentupfer oder Kot auf AIV getestet wurden. Den größten Anteil am Untersuchungsgut machten Entenvögel mit mehr als 35% der Gesamtzahl aus. Bei 21 Vögeln, vorwiegend Schwänen, wurde eine HPAIV H5N1-Infektion mit dem Stamm „Asia“ im Zusammenhang mit europaweiten Ausbrüchen dieses Erregers bei Wildvögeln im Frühjahr 2006 festgestellt. Danach gab es in Brandenburg keine weiteren Nachweise von HPAIV. In 90 Fällen konnten NPAIV innerhalb eines Zeitraumes von fünf Jahren von 2006-2010 diagnostiziert werden, darunter auch AIV der Subtypen H5 und H7. Die Stockente war die Spezies mit der höchsten Prävalenz gefolgt von der Blessralle. Von NPAIV-Infektionen waren die Arten der Ordnungen *Anseriformes* (Entenvögel), *Podicipediformes* (Lappentaucher), *Gruiformes* (Kranichvögel), *Accipitriformes*

(Greifvögel) und *Strigiformes* (Eulen) betroffen. Es zeigten sich deutliche Unterschiede im Verteilungsmuster der NPAIV im Hinblick auf den zeitlichen Verlauf sowohl in den einzelnen Monaten als auch zwischen den Jahren sowie in verschiedenen Regionen. Die meisten AIV-Infektionen fanden sich von Spätsommer bis in den Winter hinein und insbesondere in dem im Landkreis Spree-Neiße gelegenen Ramsargebiet Peitzer Teiche.

Ergänzt wurde das Wildvogelmonitoring durch Untersuchungen an Stockenten (*Anas platyrhynchos*), die über einen Zeitraum von Oktober 2008 bis Oktober 2010 in einer Anlage am Felchowsee im Landkreis Uckermark bei ständigem Kontakt zu Wildvögeln der dortigen Population gehalten wurden (Sentinel-Stockenten). Eine Beprobung der Sentinels fand aller zwei Wochen (Tupfer für den AIV-Nachweis) bzw. aller vier Wochen (Blut für den AI-Antikörpernachweis) statt. Es konnten bei einer wesentlich höheren Nachweisrate als im flächendeckenden Wildvogelmonitoring zahlreiche AIV verschiedener Subtypen nachgewiesen werden. AI-Antikörper wurden bereits zwei Wochen nach dem Einsetzen der Stockenten festgestellt, deren Seroprävalenz zwei Wochen bis mehrere Monate anhielt. Jedoch ließ sich nur bei einem Tier mittels Hämagglutinationshemmungstest die Subtypspezifität der Antikörper (H7) bestimmen.

Insgesamt konnte durch das Wildvogelmonitoring ein Überblick über die im Land Brandenburg vorkommenden AIV erzielt werden. Die Untersuchungszahlen reichten jedoch bei bestimmten Spezies, in verschiedenen Monaten und Regionen nicht immer aus, um Ausschlussbewertungen von AIV-Infektionen statistisch gesichert vornehmen zu können. Die erzielten Daten zeigen, dass die Beprobung von verendeten Tierkörpern (passives Monitoring) gegenüber der Untersuchung lebender Vögel (aktives Monitoring) bezüglich des Nachweises von HPAIV in Wildvögeln klar überlegen ist. Das aktive Monitoring dient dagegen vor allem der Detektion von NPAIV. Die Konzentration auf bestimmte Vogelarten (Stockenten, Blessrallen), Regionen (Feuchtgebiete, hier: insbesondere Region der Peitzer Teiche und Havelseen), Monate (September, Oktober und Januar bis März) und Beprobungsmodi (Jagdstrecke Stockenten) könnte zu einer Erhöhung der Effektivität der Überwachung führen. Zudem scheint das Betreiben von Sentinelanlagen im Hinblick auf Erkenntnisse zum Verlauf von AIV-Infektionen einschließlich einer Serokonversion über einen längeren Zeitraum in einem bestimmten Ökosystem als kostengünstige Alternative zum sonstigen Monitoring sinnvoll.

## 8 Summary

### **Wild bird monitoring in the federal state of Brandenburg for the occurrence of avian influenza viruses including results from a sentinel facility**

Avian influenza viruses (AIV) are prevalent in birds, several mammals and in humans. Low pathogenic AIV (LPAIV) of subtypes H5 and H7 can become highly pathogenic due to the high frequency of mutation. Certain virus strains have zoonotic potential. Infections with highly pathogenic AIV (HPAIV) of subtype H5N1 have caused hundreds of cases of illness and deaths in humans in recent years. LPAIV are widely distributed among wild birds, especially wild waterfowl. However, since the emergence of the HPAIV subtype H5N1 in the year 2005, numerous infections have occurred in wild birds, with different susceptibility of certain species. Although the role of wild birds in HPAIV is still controversial, this host reservoir poses a risk for AIV infections to occur among commercial poultry which then results in extensive epizootic disease control activities and enormous economic consequences. Besides HPAIV infections, it is also mandatory to control LPAIV infections of subtypes H5 and H7 throughout Europe. To acquire data for risk assessment, first voluntary and later obligatory specifications for monitoring the prevalence of AIV in wild birds were developed. According to refined risk assessment certain species, especially of the orders *Anseriformes* and *Charadriiformes*, were preferentially included in the monitoring program. Through implementation of these specifications wild bird monitoring was performed in the federal state of Brandenburg. This work evaluates the resulting data from the period of 2006 to 2010.

In total, 8.290 wild birds of 139 domestic species and 43 families have been examined for AIV by testing organs from bird remains, pharyngeal or cloacae swabs as well as excrement. The largest fraction of the investigated species were geese and ducks (*Anseriformes*) forming 35% of total. 21 birds, predominantly swans, tested positive for HPAIV subtype H5N1 infection with the "Asia" strain in combination with Europe-wide outbreaks of the virus in wild birds during spring-time 2006. Subsequently, there was no further evidence for HPAIV infection in the federal state of Brandenburg. During the period of five years (2006 - 2010) 90 cases of LPAIV have been diagnosed, among them the subtypes H5 and H7. The species with the highest prevalence was Mallard followed by Eurasian Coot. Orders with LPAIV infections have been *Anseriformes*, *Podicipediformes* (Grebes), *Gruiformes* (cranes and relatives), *Accipitriformes* (raptors) und *Strigiformes* (owls). Significant differences in the distribution pattern of LPAIV have been detected within individual years and between different years, as well as differences in geographic distribution. Numbers of AIV infections

showed a peak in late summer to early winter, especially in the Ramsar Site Peitzer Teiche located in the administrative district Spree-Neiße.

The wild bird monitoring was completed by the investigation of Mallards (*Anas platyrhynchos*) which were kept in a facility at the Lake Felchowsee in the administrative district Uckermark. These sentinel animals lived in a permanent contact with the local wild birds for the period of October 2008 to October 2010. A sampling of the sentinels was performed every two weeks by taking swabs for AIV detection and every four weeks with blood tests for AIV antibody detection. Compared to the comprehensive wild bird monitoring, the detection rate among the sentinels was significantly higher and several subtypes were detected. AIV antibodies were found in the Mallards two weeks after beginning testing with a positive serological response lasting from two weeks to several months. However, the subtype specificity of the antibodies (H7) could only be determined for a single animal by hemagglutination inhibition reaction.

From the wild bird monitoring an overview of the AIV prevalence in the federal state of Brandenburg could be achieved. However, for some species the number of investigated animals was not sufficient to confirm AIV infection's significance in certain months and areas. Examination of data clearly shows that sampling of carcasses (passive monitoring) is superior to sampling of live animals (active monitoring) in confirmation of HPAIV infection in wild birds. However, active monitoring seems to be more suitable for the detection of LPAIV. Focusing on certain species (Mallard, Eurasian Coot), certain areas (wetlands, especially Lakes Peitzer Teiche and Lakes Havelseen), certain months (September, October and January to March) and a certain sampling specification (hunted Mallards) could increase efficiency of surveillance.

Sentinel facilities seem to provide a cost-efficient alternative to conventional monitoring in order to provide data, including serology, to follow the course of AIV infections over long time periods in a particular ecosystem.

## 9 Literaturverzeichnis

- ABBO (2001). Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin. Rangsdorf, Natur & Text.
- ABBO (2010). Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Wasservogelzählung, Rundschreiben 2010., Letztes Update: August 2010. [http://www.abbo-info.de/archiv/WVZ-Rundschreiben\\_2010.pdf](http://www.abbo-info.de/archiv/WVZ-Rundschreiben_2010.pdf). Zugriff am 25.02.2011.
- Abdel-Moneim, A. S., A. E. Abdel-Ghany und S. A. Shany (2010). Isolation and characterization of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1 from donkeys. *J Biomed Sci* **17**: 25.
- Abu Elzein, E. M., A. I. al-Afaleq, P. S. Mellor, A. M. el-Bashir und M. M. Hassanein (1998). Study of Akabane infection in Saudi Arabia by the use of sentinel ruminants. *J Comp Pathol* **119**(4): 473-478.
- AHO (2009). Animal Health Online: Sperrgebiet in Friesoythe wird aufgehoben - Verdachtsfall nicht bestätigt. Letztes Update: 28.02.2009. <http://www.animal-health-online.de/gross/2009/02/18/sperrgebiet-in-friesoythe-wird-aufgehoben-verdachtsfall-nicht-bestaetigt/10619/#more-10619>. Zugriff am 28.02.2009.
- Alexander, D. J. (1995). The epidemiology and control of avian influenza and Newcastle disease. *J Comp Pathol* **112**(2): 105-126.
- Alexander, D. J. (2000). A review of avian influenza in different bird species. *Vet Microbiol* **74**(1-2): 3-13.
- Alexander, D. J. (2003). Report on avian influenza in the Eastern Hemisphere during 1997-2002. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 792-797.
- Alexander, D. J. (2007a). An overview of the epidemiology of avian influenza. *Vaccine* **25**(30): 5637-5644.
- Alexander, D. J. (2007b). Summary of avian influenza activity in Europe, Asia, Africa, and Australasia, 2002-2006. *Avian Dis* **51**(1 Suppl): 161-166.
- Alexander, D. J., R. J. Manvell, R. Irvine, B. Z. Londt, B. Cox, V. Ceeraz, J. Banks und I. H. Browna (2010). Overview of incursions of Asian H5N1 subtype highly pathogenic avian influenza virus into Great Britain, 2005-2008. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 194-200.
- Anonym (2002). Entscheidung der Kommission 2002/649/EG vom 5. August 2002 zur Durchführung von Erhebungen über Geflügelpestvorkommen in Haus- und Wildgeflügelbeständen in den Mitgliedstaaten vom 09. August 2002. *Amtsbl. der Europäischen Gemeinschaft, Nr. L 213/38*.
- Anonym (2005a). Entscheidung der Kommission 2005/464/EG vom 21. Juni 2005 über die Durchführung von Erhebungen über aviäre Influenza bei Hausgeflügel und Wildvögeln in den Mitgliedstaaten vom 24. Juni 2005. *Amtsbl. der Europäischen Union Nr. L 164/52*.

- Anonym (2005b). Richtlinie 2005/94/EG des Rates vom 20. Dez. 2005 mit Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der Aviären Influenza und zur Aufhebung der Richtlinie 92/40/EWG vom 14.1.2006. *Amtsbl. der Europäischen Union Nr. L10/16*, S. 16-65.
- Anonym (2006a). Entscheidung der Kommission 2006/101/EG vom 6. Februar 2006 über die Durchführung von Erhebungen über aviäre Influenza bei Hausgeflügel und Wildvögeln in den Mitgliedstaaten im Jahr 2006 vom 16. Februar 2006. *Amtsbl. der Europäischen Union Nr. L 46/40*.
- Anonym (2006b). Entscheidung der Kommission vom 04. August 2006 über die Genehmigung eines Handbuchs zur Diagnose der Aviären Influenza gemäß der Richtlinie 2005/94/EG des Rates vom 31. August 2006. *Amtsbl. der Europäischen Union Nr. L237/1*.
- Anonym (2006c). EUROPA IP/06/210 Avian Influenza: Vaccination of certain poultry in France and Netherlands. Letztes Update: 22. Februar 2006.  
<http://europa.eu/rapid/pressReleasesAction.do?reference=IP/06/210&format=HTML&aged=1&language=EN&guiLanguage=en>. Zugriff am 05.06.2009.
- Anonym (2007). Entscheidung 2007/268/EG 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 2004/450/EG vom 03. Mai 2007. *Amtsbl. der Europäischen Union Nr. L 115/3*.
- Anonym (2009). Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest (Geflügelpest-Verordnung) vom 18. Oktober 2007. *Bundesgesetzbl. Teil I Nr. 51, 2348, zuletzt geändert durch die Verordnung vom 6. April 2009, Bundesgesetzblatt Jahrgang 2009 Teil I Nr. 19, S.749, Art. 6 vom 15. April 2009*
- Anonym (2010a). Beschluss 2010/367/EU der Kommission über die Durchführung der Programme zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf aviäre Influenza durch die Mitgliedstaaten vom 25. Juni 2010. *Amtsbl. der Europäischen Union Nr. L 166/22 vom 01.07.2010*.
- Anonym (2010b). Schlussbericht Forschungsprojekt „Constanze“. Letztes Update: Mai 2010.  
[https://www.bundespublikationen.admin.ch/uploads/tx\\_ttproducts/datasheet/720.060.d\\_Forschungsprogramm\\_Constanze.pdf](https://www.bundespublikationen.admin.ch/uploads/tx_ttproducts/datasheet/720.060.d_Forschungsprogramm_Constanze.pdf). Zugriff am 15.08.2010.
- Anonym (2011). Felchowsee, Uckermark. Letztes Update: 2010.  
<http://naturerbe.nabu.de/schutzgebietssteckbriefe/Felchowsee.pdf>. Zugriff am 15.01.2011.
- Arzey, G. (2004). The role of wild aquatic birds in the epidemiology of avian influenza in Australia. *Aust Vet J* **82**(6): 377-378.
- Balish, A. L., C. T. Davis, M. D. Saad, N. El-Sayed, H. Esmat, J. A. Tjaden, K. C. Earhart, L. E. Ahmed, M. Abd El-Halem, A. H. Ali, S. A. Nassif, E. A. El-Ebiary, M. Taha, M. M. Aly, A. Arafa, E. O'Neill, X. Xiyang, N. J. Cox, R. O. Donis und A. I. Klimov (2010). Antigenic and genetic diversity of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) viruses isolated in Egypt. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 329-334.

- Banks, J., E. C. Speidel, P. A. Harris und D. J. Alexander (2000). Phylogenetic analysis of influenza A viruses of H9 haemagglutinin subtype. *Avian Pathol* **29**(4): 353-359.
- Barthel, H. G. und A. J. Helbig (2005). Artenliste der Vögel Deutschlands. *Limicola* **19**(2): 89-111.
- Bauer, H.-G., W. Fiedler und E. Bezzel (2005). Das Kompendium der Vögel Mitteleuropas. Alles über Biologie, Gefährdung und Schutz. Wiebelsheim, Aula-Verlag.
- Baumer, A. M. (2005). Aviäre Influenza: Molekularbiologische Untersuchungen von Wildvögeln und Seroscreening von Wirtschaftsgeflügel in der Schweiz. Vetsuisse Fakultät Zürich, Diss.
- Beck, J. R., D. E. Swayne, S. Davison, S. Casavant und C. Gutierrez (2003). Validation of egg yolk antibody testing as a method to determine influenza status in white leghorn hens. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 1196-1199.
- Becker, W. B. (1966). The isolation and classification of Tern virus: influenza A-Tern South Africa--1961. *J Hyg (Lond)* **64**(3): 309-320.
- Berhane, Y., M. Leith, C. Embury-Hyatt, J. Neufeld, S. Babiuk, T. Hisanaga, H. Kehler, K. Hooper-McGrevy und J. Pasick (2010). Studying possible cross-protection of Canada geese preexposed to North American low pathogenicity avian influenza virus strains (H3N8, H4N6, and H5N2) against an H5N1 highly pathogenic avian influenza challenge. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 548-554.
- Berthold, P. (2000). Vogelzug. Eine aktuelle Gesamtübersicht. 4. Auflage, Darmstadt, Wissenschaftliche Buchgesellschaft.
- Berthold, P. (2008). Vogelzug. Eine aktuelle Gesamtübersicht. 6. Auflage, Darmstadt, Wissenschaftliche Buchgesellschaft.
- Blissitt, M. (2007). H5N1 avian influenza virus found in a Whopper swan in Scotland. *Government Veterinary Journal* **17**: 10-13.
- Bolte, A. L., W. Lutz und E. F. Kaleta (1997). Untersuchungen zum Vorkommen von Ortho- und Paramyxovirus-bedingten Infektionen bei freilebenden Graugänsen (*Anser anser* Linne, 1758). *Z Jagdwiss* **43**: 48-55.
- Bragstad, K., P. H. Jorgensen, K. Handberg, A. S. Hammer, S. Kabell und A. Fomsgaard (2007). First introduction of highly pathogenic H5N1 avian influenza A viruses in wild and domestic birds in Denmark, Northern Europe. *Viol J* **4**: 43.
- Braunitzer, G. und I. Hiebl (1988). Molekulare Aspekte der Höhenatmung von Vögeln. *Naturwissenschaften* **75**: 280-287.
- Breban, R., J. M. Drake, D. E. Stallknecht und P. Rohani (2009). The role of environmental transmission in recurrent avian influenza epidemics. *PLoS Comput Biol* **5**(4): e1000346.

- Bröjer, C., E. O. Agren, H. Uhlhorn, K. Bernodt, T. Morner, D. S. Jansson, R. Mattsson, S. Zohari, P. Thoren, M. Berg und D. Gavier-Widen (2009). Pathology of natural highly pathogenic avian influenza H5N1 infection in wild tufted ducks (*Aythya fuligula*). *J Vet Diagn Invest* **21**(5): 579-587.
- Brown, I. H. (2010). Summary of avian influenza activity in Europe, Asia, and Africa, 2006-2009. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 187-193.
- Brown, I. H., J. Banks, R. J. Manvell, S. C. Essen, W. Shell, M. Slomka, B. Londt und D. J. Alexander (2006a). Recent epidemiology and ecology of influenza A viruses in avian species in Europe and the Middle East. *Dev Biol (Basel)* **124**: 45-50.
- Brown, J. D., D. E. Stallknecht, J. R. Beck, D. L. Suarez und D. E. Swayne (2006b). Susceptibility of North American ducks and gulls to H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses. *Emerg Infect Dis* **12**(11): 1663-1670.
- Brown, J. D., D. E. Stallknecht, R. D. Berghaus und D. E. Swayne (2009). Infectious and lethal doses of H5N1 highly pathogenic avian influenza virus for house sparrows (*Passer domesticus*) and rock pigeons (*Columbia livia*). *J Vet Diagn Invest* **21**(4): 437-445.
- Brown, J. D., D. E. Stallknecht und D. E. Swayne (2008). Experimental infection of swans and geese with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) of Asian lineage. *Emerg Infect Dis* **14**(1): 136-142.
- Brown, J. D., D. E. Swayne, R. J. Cooper, R. E. Burns und D. E. Stallknecht (2007). Persistence of H5 and H7 avian influenza viruses in water. *Avian Dis* **51**(1 Suppl): 285-289.
- Burgos, S. und S. A. Burgos (2007). Influence of Exotic Bird and Wildlife Trade on avian Influenza Transmission Dynamics: Animal-Human Interface. *Intern J Poultry Science* **6**(7): 535-538.
- Butler, D. (2005). Bird flu: crossing borders. *Nature* **436**(7049): 310-311.
- Butt, K. M., G. J. Smith, H. Chen, L. J. Zhang, Y. H. Leung, K. M. Xu, W. Lim, R. G. Webster, K. Y. Yuen, J. S. Peiris und Y. Guan (2005). Human infection with an avian H9N2 influenza A virus in Hong Kong in 2003. *J Clin Microbiol* **43**(11): 5760-5767.
- Callan, R. J., G. Early, H. Kida und V. S. Hinshaw (1995). The appearance of H3 influenza viruses in seals. *J Gen Virol* **76** ( Pt 1): 199-203.
- Campitelli, L., E. Mogavero, M. A. De Marco, M. Delogu, S. Puzelli, F. Frezza, M. Facchini, C. Chiapponi, E. Foni, P. Cordioli, R. Webby, G. Barigazzi, R. G. Webster und I. Donatelli (2004). Interspecies transmission of an H7N3 influenza virus from wild birds to intensively reared domestic poultry in Italy. *Virology* **323**(1): 24-36.
- Capua, I. und D. Alexander (2010). Perspectives on the global threat: the challenge of avian influenza viruses for the world's veterinary community. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 176-178.

- Capua, I. und F. Mutinelli (2001). Mortality in Muscovy ducks (*Cairina moschata*) and domestic geese (*Anser anser* var. *domestica*) associated with natural infection with a highly pathogenic avian influenza virus of H7N1 subtype. *Avian Pathol* **30**(2): 179-183.
- Capua, I., F. Mutinelli, S. Marangon und D. J. Alexander (2000). H7N1 avian influenza in Italy (1999 to 2000) in intensively reared chickens and turkeys. *Avian Pathol* **29**(6): 537-543.
- Capua, I., C. Terregino, G. Cattoli und A. Toffan (2004). Increased resistance of vaccinated turkeys to experimental infection with an H7N3 low-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Pathol* **33**(2): 158-163.
- Chen, H., Y. Li, Z. Li, J. Shi, K. Shinya, G. Deng, Q. Qi, G. Tian, S. Fan, H. Zhao, Y. Sun und Y. Kawaoka (2006a). Properties and dissemination of H5N1 viruses isolated during an influenza outbreak in migratory waterfowl in western China. *J Virol* **80**(12): 5976-5983.
- Chen, H., G. J. Smith, K. S. Li, J. Wang, X. H. Fan, J. M. Rayner, D. Vijaykrishna, J. X. Zhang, L. J. Zhang, C. T. Guo, C. L. Cheung, K. M. Xu, L. Duan, K. Huang, K. Qin, Y. H. Leung, W. L. Wu, H. R. Lu, Y. Chen, N. S. Xia, T. S. Naipospos, K. Y. Yuen, S. S. Hassan, S. Bahri, T. D. Nguyen, R. G. Webster, J. S. Peiris und Y. Guan (2006b). Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: implications for pandemic control. *Proc Natl Acad Sci U S A* **103**(8): 2845-2850.
- Chen, H., G. J. Smith, S. Y. Zhang, K. Qin, J. Wang, K. S. Li, R. G. Webster, J. S. Peiris und Y. Guan (2005). Avian flu: H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. *Nature* **436**(7048): 191-192.
- Chen, H. X., H. G. Shen, X. L. Li, J. Y. Zhou, Y. Q. Hou, J. Q. Guo und J. Q. Hu (2006c). Seroprevalance and identification of influenza A virus infection from migratory wild waterfowl in China (2004-2005). *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* **53**(4): 166-170.
- Chen, R. und E. C. Holmes (2009). Frequent inter-species transmission and geographic subdivision in avian influenza viruses from wild birds. *Virology* **383**(1): 156-161.
- Chevalier, V., R. Lancelot, Y. Thiongane, B. Sall, A. Diaite und B. Mondet (2005). Rift Valley fever in small ruminants, Senegal, 2003. *Emerg Infect Dis* **11**(11): 1693-1700.
- Choi, Y. K., T. D. Nguyen, H. Ozaki, R. J. Webby, P. Puthavathana, C. Buranathal, A. Chaisingh, P. Auewarakul, N. T. Hanh, S. K. Ma, P. Y. Hui, Y. Guan, J. S. Peiris und R. G. Webster (2005). Studies of H5N1 influenza virus infection of pigs by using viruses isolated in Vietnam and Thailand in 2004. *J Virol* **79**(16): 10821-10825.
- Cilloni, F., A. Toffan, S. Giannecchini, V. Clausi, A. Azzi, I. Capua und C. Terregino (2010). Increased pathogenicity and shedding in chickens of a wild bird-origin low pathogenicity avian influenza virus of the H7N3 subtype following multiple in vivo passages in quail and turkey. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 555-557.
- Conraths, F. J., O. Werner, U. Methner, L. Geue, F. Schulze, I. Hanel, K. Sachse, H. Hotzel, E. Schubert, F. Melzer und T. C. Mettenleiter (2005). Konventionelle und alternative Haltungssystemefür Geflügel - Infektionsmedizinische Aspekte. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **118**(5-6): 186-204.

- Cooley, A. J., H. Van Campen, M. S. Philpott, B. C. Easterday und V. S. Hinshaw (1989). Pathological lesions in the lungs of ducks infected with influenza A viruses. *Vet Pathol* **26**(1): 1-5.
- Costa, T. P., J. D. Brown, E. W. Howerth und D. E. Stallknecht (2010a). Effect of a prior exposure to a low pathogenic avian influenza virus in the outcome of a heterosubtypic low pathogenic avian influenza infection in mallards (*Anas platyrhynchos*). *Avian Dis* **54**(4): 1286-1291.
- Costa, T. P., J. D. Brown, E. W. Howerth und D. E. Stallknecht (2010b). The effect of age on avian influenza viral shedding in mallards (*Anas platyrhynchos*). *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 581-585.
- Davis, C. T., A. L. Balish, E. O'Neill, C. V. Nguyen, N. J. Cox, X. Xiyan, A. Klimov, T. Nguyen und R. O. Donis (2010). Detection and characterization of clade 7 high pathogenicity avian influenza H5N1 viruses in chickens seized at ports of entry and live poultry markets in Vietnam. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 307-312.
- De Benedictis, P., M. S. Beato und I. Capua (2007). Inactivation of avian influenza viruses by chemical agents and physical conditions: a review. *Zoonoses Public Health* **54**(2): 51-68.
- De Marco, M. A., E. Foni, L. Campitelli, M. Delogu, E. Raffini, C. Chiapponi, G. Barigazzi, P. Cordioli, L. Di Trani und I. Donatelli (2005). Influenza virus circulation in wild aquatic birds in Italy during H5N2 and H7N1 poultry epidemic periods (1998 to 2000). *Avian Pathol* **34**(6): 480-485.
- De Marco, M. A., E. Foni, L. Campitelli, E. Raffini, M. Delogu und I. Donatelli (2003a). Long-term monitoring for avian influenza viruses in wild bird species in Italy. *Vet Res Commun* **27 Suppl 1**: 107-114.
- De Marco, M. A., G. E. Foni, L. Campitelli, E. Raffini, L. Di Trani, M. Delogu, V. Guberti, G. Barigazzi und I. Donatelli (2003b). Circulation of influenza viruses in wild waterfowl wintering in Italy during the 1993-99 period: evidence of virus shedding and seroconversion in wild ducks. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 861-866.
- Delogu, M., M. A. De Marco, I. Donatelli, L. Campitelli und E. Catelli (2003). Ecological aspects of influenza A virus circulation in wild birds of the Western Palearctic. *Vet Res Commun* **27 Suppl 1**: 101-106.
- Desvaux, S., N. Marx, S. Ong, N. Gaidet, M. Hunt, J. C. Manuguerra, S. Sorn, M. Peiris, S. Van der Werf und J. M. Reynes (2009). Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) outbreak in captive wild birds and cats, Cambodia. *Emerg Infect Dis* **15**(3): 475-478.
- Dinh, P. N., H. T. Long, N. T. Tien, N. T. Hien, T. Q. Mai le, H. Phong le, V. Tuan le, H. Van Tan, N. B. Nguyen, P. Van Tu und N. T. Phuong (2006). Risk factors for human infection with avian influenza A H5N1, Vietnam, 2004. *Emerg Infect Dis* **12**(12): 1841-1847.
- Doer, D., J. Melter und C. Sudfeldt (2002). Anwendung der ornithologischen Kriterien zur Auswahl von Important Bird Areas in Deutschland. *Ber Vogelschutz* **38**: 111-155.

- Domanska-Blicharz, K., Z. Minta, K. Smietanka, S. Marche und T. van den Berg (2010). H5N1 high pathogenicity avian influenza virus survival in different types of water. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 734-737.
- Ducatez, M. F., Z. Tarnagda, M. C. Tahita, A. Sow, S. de Landtsheer, B. Z. Londt, I. H. Brown, D. M. Osterhaus, R. A. Fouchier, J. B. Ouedraogo und C. P. Muller (2007). Genetic characterization of HPAI (H5N1) viruses from poultry and wild vultures, Burkina Faso. *Emerg Infect Dis* **13**(4): 611-613.
- Dugan, V. G., R. Chen, D. J. Spiro, N. Sengamalay, J. Zaborsky, E. Ghedin, J. Nolting, D. E. Swayne, J. A. Runstadler, G. M. Happ, D. A. Senne, R. Wang, R. D. Slemons, E. C. Holmes und J. K. Taubenberger (2008). The evolutionary genetics and emergence of avian influenza viruses in wild birds. *PLoS Pathog* **4**(5): e1000076.
- Eidson, M., N. Komar, F. Sorhage, R. Nelson, T. Talbot, F. Mostashari und R. McLean (2001). Crow deaths as a sentinel surveillance system for West Nile virus in the northeastern United States, 1999. *Emerg Infect Dis* **7**(4): 615-620.
- Elbers, A. R., T. H. Fabri, T. S. de Vries, J. J. de Wit, A. Pijpers und G. Koch (2004). The highly pathogenic avian influenza A (H7N7) virus epidemic in The Netherlands in 2003-- lessons learned from the first five outbreaks. *Avian Dis* **48**(3): 691-705.
- Ellis, T. M., R. B. Bousfield, L. A. Bissett, K. C. Dyrting, G. S. Luk, S. T. Tsim, K. Sturm-Ramirez, R. G. Webster, Y. Guan und J. S. Malik Peiris (2004). Investigation of outbreaks of highly pathogenic H5N1 avian influenza in waterfowl and wild birds in Hong Kong in late 2002. *Avian Pathol* **33**(5): 492-505.
- Ellström, P., N. Latorre-Margalef, P. Griekspoor, J. Waldenstrom, J. Olofsson, J. Wahlgren und B. Olsen (2008). Sampling for low-pathogenic avian influenza A virus in wild Mallard ducks: oropharyngeal versus cloacal swabbing. *Vaccine* **26**(35): 4414-4416.
- Eslser, D. (2000). Applying Metapopulation Theory to Conservation of Migratory Birds. *Conservation Biology* **14**(2): 366-372.
- FAO (2005). Technical Task Force on Avian Influenza: Potential risk of highly pathogenic avian influenza (HPAI) spreading through wild water bird migraton. FAO AIDE News. Special Issue 33., Letztes Update: 01.09.2005.  
<ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/011/aj075e/aj075e00.pdf>. Zugriff am 10.11.2009.
- FAO (2010). Value chain analysis as a tool for avian influenza control. Letztes Update: 2010.  
<http://www.fao.org/docrep/013/al835e/al835e00.pdf>. Zugriff am 23.12.2009.
- Fasina, F. O., S. P. Bisschop, A. A. Ibronke und C. A. Meseko (2009). Avian influenza risk perception among poultry workers, Nigeria. *Emerg Infect Dis* **15**(4): 616-617.
- Feare, C. J. (2007a). The role of wild birds in the spread of HPAI H5N1. *Avian Dis* **51**(1 Suppl): 440-447.
- Feare, C. J. (2007b). The spread of avian influenza. *Ibis* **149**: 424-425.

- Feare, C. J. (2010). Role of wild birds in the spread of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 and implications for global surveillance. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 201-212.
- Feare, C. J. und M. Yasue (2006). Asymptomatic infection with highly pathogenic avian influenza H5N1 in wild birds: how sound is the evidence? *Virology* **3**: 96.
- Fereidouni, S. R., E. Starick, M. Beer, H. Wilking, D. Kalthoff, C. Grund, R. Hauslaigner, A. Breithaupt, E. Lange und T. C. Harder (2009). Highly pathogenic avian influenza virus infection of mallards with homo- and heterosubtypic immunity induced by low pathogenic avian influenza viruses. *PLoS One* **4**(8): e6706.
- Ferguson, N. M., A. P. Galvani und R. M. Bush (2003). Ecological and immunological determinants of influenza evolution. *Nature* **422**(6930): 428-433.
- Fiedler, W. (2005). Die Rolle von Wildvögeln bei der Übertragung der Geflügelpest - Ein Kommentar zum Beitrag von K. Steiof und zur gegenwärtigen Vogelgrippe-Diskussion. *Ber. Vogelschutz* **42**: 33-45.
- FLI (2011a). Friedrich Löffler-institut: Amtliche Methodensammlung, Stand April 2010: Aviäre Influenza. Letztes Update: April 2010.  
[http://www.fli.bund.de/fileadmin/dam\\_uploads/Publikationen/Amtliche\\_Methodensammlung/Methodensammlung\\_20110106.pdf](http://www.fli.bund.de/fileadmin/dam_uploads/Publikationen/Amtliche_Methodensammlung/Methodensammlung_20110106.pdf). Zugriff am 25.02.2011.
- FLI (2011b). Tierseuchennachrichten: TSN 3.0. Letztes Update: laufend.  
<https://tsn.fli.bund.de/Login.aspx?ReturnUrl=%2fDefault.aspx>. Zugriff am laufend, begrenzter Zugang.
- FLI (2011c). Wildvogelmonitoring-Datenbank. Letztes Update: fortlaufend. <https://ai-db.fli.bund.de/login.aspx?ReturnUrl=%2fdefault.aspx>. Zugriff am fortlaufend, begrenzter Zugang.
- Fouchier, R. A., V. Munster, A. Wallensten, T. M. Bestebroer, S. Herfst, D. Smith, G. F. Rimmelzwaan, B. Olsen und A. D. Osterhaus (2005). Characterization of a novel influenza A virus hemagglutinin subtype (H16) obtained from black-headed gulls. *J Virol* **79**(5): 2814-2822.
- Fouchier, R. A., B. Olsen, T. M. Bestebroer, S. Herfst, L. van der Kemp, G. F. Rimmelzwaan und A. D. Osterhaus (2003). Influenza A virus surveillance in wild birds in Northern Europe in 1999 and 2000. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 857-860.
- Fouchier, R. A., P. M. Schneeberger, F. W. Rozendaal, J. M. Broekman, S. A. Kemink, V. Munster, T. Kuiken, G. F. Rimmelzwaan, M. Schutten, G. J. Van Doornum, G. Koch, A. Bosman, M. Koopmans und A. D. Osterhaus (2004). Avian influenza A virus (H7N7) associated with human conjunctivitis and a fatal case of acute respiratory distress syndrome. *Proc Natl Acad Sci U S A* **101**(5): 1356-1361.
- Fusaro, A., I. Monne, G. Cattoli, R. De Nardi, A. Salviato, A. Moreno Martin, I. Capua und C. Terregino (2010a). Gene segment reassortment between Eurasian and American clades of avian influenza virus in Italy. *Arch Virol* **155**(1): 77-81.

- Fusaro, A., M. I. Nelson, T. Joannis, L. Bertolotti, I. Monne, A. Salviato, O. Olaleye, I. Shittu, L. Sulaiman, L. H. Lombin, I. Capua, E. C. Holmes und G. Cattoli (2010b). Evolutionary dynamics of multiple sublineages of H5N1 influenza viruses in Nigeria from 2006 to 2008. *J Virol* **84**(7): 3239-3247.
- Gabriel, G., B. Dauber, T. Wolff, O. Planz, H. D. Klenk und J. Stech (2005). The viral polymerase mediates adaptation of an avian influenza virus to a mammalian host. *Proc Natl Acad Sci U S A* **102**(51): 18590-18595.
- Gabriel, G., K. Klingel, O. Planz, K. Bier, A. Herwig, M. Sauter und H. D. Klenk (2009). Spread of infection and lymphocyte depletion in mice depends on polymerase of influenza virus. *Am J Pathol* **175**(3): 1178-1186.
- Gall-Recule, G. L., F. X. Briand, A. Schmitz, O. Guionie, P. Massin und V. Jestin (2008). Double introduction of highly pathogenic H5N1 avian influenza virus into France in early 2006. *Avian Pathol* **37**(1): 15-23.
- Gall, A., B. Hoffmann, T. Harder, C. Grund und M. Beer (2008). Universal primer set for amplification and sequencing of HA0 cleavage sites of all influenza A viruses. *J Clin Microbiol* **46**(8): 2561-2567.
- Gall, A., B. Hoffmann, T. Harder, C. Grund, R. Ehricht und M. Beer (2009a). Rapid and highly sensitive neuraminidase subtyping of avian influenza viruses by use of a diagnostic DNA microarray. *J Clin Microbiol* **47**(9): 2985-2988.
- Gall, A., B. Hoffmann, T. Harder, C. Grund, D. Hoper und M. Beer (2009b). Design and validation of a microarray for detection, hemagglutinin subtyping, and pathotyping of avian influenza viruses. *J Clin Microbiol* **47**(2): 327-334.
- Gambaryan, A. S., A. B. Tuzikov, G. V. Pazynina, R. G. Webster, M. N. Matrosovich und N. V. Bovin (2004). H5N1 chicken influenza viruses display a high binding affinity for Neu5Acalpha2-3Galbeta1-4(6-HSO3)GlcNAc-containing receptors. *Virology* **326**(2): 310-316.
- Gatter, W. (2000). Vogelzug und Vogelbestände in Mitteleuropa. 30 Jahre Beobachtungen des Tageszuges am Randecker Maar. Wiebelsheim, Aula-Verlag.
- Giese, M., T. C. Harder, J. P. Teifke, R. Klopffleisch, A. Breithaupt, T. C. Mettenleiter und T. W. Vahlenkamp (2008). Experimental infection and natural contact exposure of dogs with avian influenza virus (H5N1). *Emerg Infect Dis* **14**(2): 308-310.
- Gilbert, M., X. Xiao, D. U. Pfeiffer, M. Epprecht, S. Boles, C. Czarnecki, P. Chaitaweesub, W. Kalpravidh, P. Q. Minh, M. J. Otte, V. Martin und J. Slingenbergh (2008). Mapping H5N1 highly pathogenic avian influenza risk in Southeast Asia. *Proc Natl Acad Sci U S A* **105**(12): 4769-4774.
- Globig, A. (2007). Untersuchungen zum Vorkommen von aviären Influenza- und aviären Paramyxoviren bei Wildvögeln in Deutschland. Tierärztliche Hochschule, Diss.

- Globig, A., A. Baumer, S. Revilla-Fernandez, M. Beer, E. Wodak, M. Fink, N. Greber, T. C. Harder, H. Wilking, I. Brunhart, D. Matthes, U. Kraatz, P. Strunk, W. Fiedler, S. R. Fereidouni, C. Staubach, F. J. Conraths, C. Griot, T. C. Mettenleiter und K. D. Stark (2009a). Ducks as sentinels for avian influenza in wild birds. *Emerg Infect Dis* **15**(10): 1633-1636.
- Globig, A., C. Staubach, M. Beer, U. Koppen, W. Fiedler, M. Nieburg, H. Wilking, E. Starick, J. P. Teifke, O. Werner, F. Unger, C. Grund, C. Wolf, H. Roost, F. Feldhusen, F. J. Conraths, T. C. Mettenleiter und T. C. Harder (2009b). Epidemiological and ornithological aspects of outbreaks of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 of Asian lineage in wild birds in Germany, 2006 and 2007. *Transbound Emerg Dis* **56**(3): 57-72.
- Goujgoulova, G., A. M. Petkova und G. Georgiev (2010). Avian influenza viruses isolated from mallards in Bulgaria. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 450-452.
- Govorkova, E. A., J. E. Rehg, S. Krauss, H. L. Yen, Y. Guan, M. Peiris, T. D. Nguyen, T. H. Hanh, P. Puthavathana, H. T. Long, C. Buranathai, W. Lim, R. G. Webster und E. Hoffmann (2005). Lethality to ferrets of H5N1 influenza viruses isolated from humans and poultry in 2004. *J Virol* **79**(4): 2191-2198.
- Graham, D. A., A. German, D. Abernethy, S. J. McCullough, R. J. Manvell und D. J. Alexander (1999). Isolation of ortho- and paramyxoviruses from wild birds in Northern Ireland during the 1997 Newcastle disease epizootic. *Vet Rec* **145**(1): 20-21.
- Graiver, D. A., C. L. Topliff, C. L. Kelling und S. L. Bartelt-Hunt (2009). Survival of the avian influenza virus (H6N2) after land disposal. *Environ Sci Technol* **43**(11): 4063-4067.
- Greber, N. und A. Nigsch (2009). Constanze in Arbon, 8./9. Juni 2009: Sentinelanlage Rheindelta - Erfahrungen und Ergebnisse. Letztes Update: März 2010. <http://www.bvet.admin.ch/themen/02794/02829/02871/03676/03682/index.html?lang=de>. Zugriff am 22.05.2010.
- Grund, C., E. S. Abdelwhab, A. S. Arafa, M. Ziller, M. K. Hassan, M. M. Aly, H. M. Hafez, T. C. Harder und M. Beer (2011). Highly pathogenic avian influenza virus H5N1 from Egypt escapes vaccine-induced immunity but confers clinical protection against a heterologous clade 2.2.1 Egyptian isolate. *Vaccine*.
- Guan, Y., J. S. Peiris, L. L. Poon, K. C. Dyrting, T. M. Ellis, L. Sims, R. G. Webster und K. F. Shortridge (2003). Reassortants of H5N1 influenza viruses recently isolated from aquatic poultry in Hong Kong SAR. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 911-913.
- Hafez, H. M., C. Prusas, S. C. De Jäckel, D. Aldehoff und O. Werner (2003). Investigations on Avian Influenza A in meat turkey flocks in Germany. *Arch Geflügelk* **67**(1): 11-15.
- Hafez, M. H., A. Arafa, E. M. Abdelwhab, A. Selim, S. G. Khoulosy, M. K. Hassan und M. M. Aly (2010). Avian influenza H5N1 virus infections in vaccinated commercial and backyard poultry in Egypt. *Poult Sci* **89**(8): 1609-1613.
- Hall, J. S., K. T. Bentler, G. Landolt, S. A. Elmore, R. B. Minnis, T. A. Campbell, S. C. Barras, J. J. Root, J. Pilon, K. Pabilonia, C. Driscoll, D. Slate, H. Sullivan und R. G. McLean (2008). Influenza infection in wild raccoons. *Emerg Infect Dis* **14**(12): 1842-1848.

- Hanson, B. A., D. E. Stallknecht, D. E. Swayne, L. A. Lewis und D. A. Senne (2003). Avian influenza viruses in Minnesota ducks during 1998-2000. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 867-871.
- Happold, J. R., I. Brunhart, H. Schwermer und K. D. Stark (2008). Surveillance of H5 avian influenza virus in wild birds found dead. *Avian Dis* **52**(1): 100-105.
- Harder, T., C. Grund, M. Beer, C. Staubach, C. Schoene, H. Wilking und F. J. Conraths (2009a). Vogelpopulationen - Brutstätten pandemischer Influenzaviren? *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **122**(11-12): 440-445.
- Harder, T. C., J. Teuffert, E. Starick, J. Gethmann, C. Grund, S. Fereidouni, M. Durban, K. H. Bogner, A. Neubauer-Juric, R. Repper, A. Hlinak, A. Engelhardt, A. Nockler, K. Smietanka, Z. Minta, M. Kramer, A. Globig, T. C. Mettenleiter, F. J. Conraths und M. Beer (2009b). Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in frozen duck carcasses, Germany, 2007. *Emerg Infect Dis* **15**(2): 272-279.
- Harder, T. C. und T. W. Vahlenkamp (2010). Influenza virus infections in dogs and cats. *Vet Immunol Immunopathol* **134**(1-2): 54-60.
- Hatta, M., P. Gao, P. Halfmann und Y. Kawaoka (2001). Molecular basis for high virulence of Hong Kong H5N1 influenza A viruses. *Science* **293**(5536): 1840-1842.
- Haupt, H. (2001). Der Mäusebussard. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 182-185
- Häuslaigner, R., T. C. Harder, A. Globig, M. Beer und C. Grund (2009). Wissenschaftliche Schlussstagung des Projektes Constanze in Arbon, 8./9. Juni 2009: Serologische Untersuchungen beim Höckerschwan am Beispiel des H5N1-Ausbruchsgeschehens in Kelbra 2007., Letztes Update: Mai 2010.  
<http://www.bvet.admin.ch/themen/02794/02829/02871/03676/03680/index.html?lang=de>.  
Zugriff am 04.07.2010.
- Heinicke, T. und U. Köppen (2007). Berichte der Vogelwarte Hiddensee: Vogelzug in Ostdeutschland I - Wasservogel Teil 1, Entenvögel, Lappen- und Seetaucher, Kormoran, Löffler und Reiher. Greifswald, Beringungszentrale Vogelwarte Hiddensee.
- Heller, O. (1957). Beitrag zur Epidemiologie der Hühnerpest: Gänse als latente Infektionsträger. *Mh Vet Med* **12**: 218-219.
- Hesterberg, U., K. Harris, R. Moir, D. Stroud, C. Fabre, T. Knight-Jones, B. Londt, A. Cook und I. Brown (2008). Annual report on surveillance for avian influenza in wild birds in the EU during 2007. . *European Commission – Health & Consumer Directorate-General SANCO/2181/2008*(Rev. 0): 1-65.
- Hesterberg, U., K. Harris, D. Stroud, V. Guberti, L. Busani, M. Pittman, V. Piazza, A. Cook und I. Brown (2009). Avian influenza surveillance in wild birds in the European Union in 2006. *Influenza Other Respi Viruses* **3**(1): 1-14.

- Hinshaw, V. S., G. M. Air, A. J. Gibbs, L. Graves, B. Prescott und D. Karunakaran (1982). Antigenic and genetic characterization of a novel hemagglutinin subtype of influenza A viruses from gulls. *J Virol* **42**(3): 865-872.
- Hinshaw, V. S., V. F. Nettles, L. F. Schorr, J. M. Wood und R. G. Webster (1986). Influenza virus surveillance in waterfowl in Pennsylvania after the H5N2 avian outbreak. *Avian Dis* **30**(1): 207-212.
- Hinshaw, V. S., R. G. Webster und B. Turner (1978). Novel influenza A viruses isolated from Canadian feral ducks: including strains antigenically related to swine influenza (Hsw1N1) viruses. *J Gen Virol* **41**(1): 115-127.
- Hinshaw, V. S., R. G. Webster und B. Turner (1980). The perpetuation of orthomyxoviruses and paramyxoviruses in Canadian waterfowl. *Can J Microbiol* **26**(5): 622-629.
- Hlinak, A., R. U. Muhle, O. Werner, A. Globig, E. Starick, H. Schirrmeier, B. Hoffmann, A. Engelhardt, D. Hubner, F. J. Conraths, D. Wallschlager, H. Kruckenberg und T. Muller (2006). A virological survey in migrating waders and other waterfowl in one of the most important resting sites of Germany. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* **53**(3): 105-110.
- Hoffmann, B., T. Harder, E. Starick, K. Depner, O. Werner und M. Beer (2007). Rapid and highly sensitive pathotyping of avian influenza A H5N1 virus by using real-time reverse transcription-PCR. *J Clin Microbiol* **45**(2): 600-603.
- Hogerwerf, L., R. G. Wallace, D. Ottaviani, J. Slingenbergh, D. Prosser, L. Bergmann und M. Gilbert (2010). Persistence of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus defined by agro-ecological niche. *Ecohealth* **7**(2): 213-225.
- Hulse-Post, D. J., K. M. Sturm-Ramirez, J. Humberd, P. Seiler, E. A. Govorkova, S. Krauss, C. Scholtissek, P. Puthavathana, C. Buranathai, T. D. Nguyen, H. T. Long, T. S. Naipospos, H. Chen, T. M. Ellis, Y. Guan, J. S. Peiris und R. G. Webster (2005). Role of domestic ducks in the propagation and biological evolution of highly pathogenic H5N1 influenza viruses in Asia. *Proc Natl Acad Sci U S A* **102**(30): 10682-10687.
- Ito, T., K. Okazaki, Y. Kawaoka, A. Takada, R. G. Webster und H. Kida (1995). Perpetuation of influenza A viruses in Alaskan waterfowl reservoirs. *Arch Virol* **140**(7): 1163-1172.
- Jourdain, E., G. Gunnarsson, J. Wahlgren, N. Latorre-Margalef, C. Brojer, S. Sahlin, L. Svensson, J. Waldenstrom, A. Lundkvist und B. Olsen (2010). Influenza virus in a natural host, the mallard: experimental infection data. *PLoS One* **5**(1): e8935.
- Kalbe, L. (2001). Landschaft, Landnutzung und Vogelwelt. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 15-18
- Kaleta, E. F., G. Hergarten und A. Yilmaz (2005). Avian influenza A viruses in birds --an ecological, ornithological and virological view. *Dtsch Tierarztl Wochenschr* **112**(12): 448-456.

- Kaleta, E. F. und A. Honicke (2005). A retrospective description of a highly pathogenic avian influenza A virus (H7N1/Carduelis/Germany/72) in a free-living siskin (*Carduelis spinus* Linnaeus, 1758) and its accidental transmission to yellow canaries (*Serinus canaria* Linnaeus, 1758). *Dtsch Tierarztl Wochenschr* **112**(1): 17-19.
- Kalthoff, D., A. Breithaupt, J. P. Teifke, A. Globig, T. Harder, T. C. Mettenleiter und M. Beer (2008a). Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in experimentally infected adult mute swans. *Emerg Infect Dis* **14**(8): 1267-1270.
- Kalthoff, D., A. Globig und M. Beer (2010). (Highly pathogenic) avian influenza as a zoonotic agent. *Vet Microbiol* **140**(3-4): 237-245.
- Kalthoff, D., B. Hoffmann, T. Harder, M. Durban und M. Beer (2008b). Experimental infection of cattle with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerg Infect Dis* **14**(7): 1132-1134.
- Kawaoka, Y., T. M. Chambers, W. L. Sladen und R. G. Webster (1988). Is the gene pool of influenza viruses in shorebirds and gulls different from that in wild ducks? *Virology* **163**(1): 247-250.
- Kawaoka, Y., S. Yamnikova, T. M. Chambers, D. K. Lvov und R. G. Webster (1990). Molecular characterization of a new hemagglutinin, subtype H14, of influenza A virus. *Virology* **179**(2): 759-767.
- Keawcharoen, J., K. Oraveerakul, T. Kuiken, R. A. Fouchier, A. Amonsin, S. Payungporn, S. Noppornpanth, S. Wattanodorn, A. Theambooniers, R. Tantilertcharoen, R. Pattanarangsarn, N. Arya, P. Ratanakorn, D. M. Osterhaus und Y. Poovorawan (2004). Avian influenza H5N1 in tigers and leopards. *Emerg Infect Dis* **10**(12): 2189-2191.
- Keawcharoen, J., J. van den Broek, A. Bouma, T. Tiensin, A. D. Osterhaus und H. Heesterbeek (2011). Wild Birds and Increased Transmission of Highly Pathogenic Avian Influenza (H5N1) among Poultry, Thailand. *Emerg Infect Dis* **17**(6): 1016-1022.
- Keawcharoen, J., D. van Riel, G. van Amerongen, T. Bestebroer, W. E. Beyer, R. van Lavieren, A. D. Osterhaus, R. A. Fouchier und T. Kuiken (2008). Wild ducks as long-distance vectors of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerg Infect Dis* **14**(4): 600-607.
- Kida, H., T. Ito, J. Yasuda, Y. Shimizu, C. Itakura, K. F. Shortridge, Y. Kawaoka und R. G. Webster (1994). Potential for transmission of avian influenza viruses to pigs. *J Gen Virol* **75** ( Pt 9): 2183-2188.
- Kida, H., R. Yanagawa und Y. Matsuoka (1980). Duck influenza lacking evidence of disease signs and immune response. *Infect Immun* **30**(2): 547-553.
- Kilpatrick, A. M., A. A. Chmura, D. W. Gibbons, R. C. Fleischer, P. P. Marra und P. Daszak (2006). Predicting the global spread of H5N1 avian influenza. *Proc Natl Acad Sci U S A* **103**(51): 19368-19373.

- Kim, J. A., S. Y. Ryu und S. H. Seo (2005). Cells in the respiratory and intestinal tracts of chickens have different proportions of both human and avian influenza virus receptors. *J Microbiol* **43**(4): 366-369.
- Kishida, N., Y. Sakoda, N. Isoda, K. Matsuda, M. Eto, Y. Sunaga, T. Umemura und H. Kida (2005). Pathogenicity of H5 influenza viruses for ducks. *Arch Virol* **150**(7): 1383-1392.
- Kleijn, D., V. J. Munster, B. S. Ebbinge, D. A. Jonkers, G. J. Muskens, Y. Van Randen und R. A. Fouchier (2010). Dynamics and ecological consequences of avian influenza virus infection in greater white-fronted geese in their winter staging areas. *Proc Biol Sci* **277**(1690): 2041-2048.
- Klopfleisch, R., P. U. Wolf, W. Uhl, S. Gerst, T. Harder, E. Starick, T. W. Vahlenkamp, T. C. Mettenleiter und J. P. Teifke (2007a). Distribution of lesions and antigen of highly pathogenic avian influenza virus A/Swan/Germany/R65/06 (H5N1) in domestic cats after presumptive infection by wild birds. *Vet Pathol* **44**(3): 261-268.
- Klopfleisch, R., P. U. Wolf, C. Wolf, T. Harder, E. Starick, M. Niebuhr, T. C. Mettenleiter und J. P. Teifke (2007b). Encephalitis in a stone marten (*Martes foina*) after natural infection with highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1. *J Comp Pathol* **137**(2-3): 155-159.
- Knight-Jones, T. J., R. Hauser, D. Matthes und K. D. Stark (2010). Evaluation of effectiveness and efficiency of wild bird surveillance for avian influenza. *Vet Res* **41**(4): 50.
- Komar, N. und B. Olsen (2008). Avian influenza virus (H5N1) mortality surveillance. *Emerg Infect Dis* **14**(7): 1176-1178.
- Kou, Z., F. M. Lei, J. Yu, Z. J. Fan, Z. H. Yin, C. X. Jia, K. J. Xiong, Y. H. Sun, X. W. Zhang, X. M. Wu, X. B. Gao und T. X. Li (2005). New genotype of avian influenza H5N1 viruses isolated from tree sparrows in China. *J Virol* **79**(24): 15460-15466.
- Kou, Z., Y. Li, Z. Yin, S. Guo, M. Wang, X. Gao, P. Li, L. Tang, P. Jiang, Z. Luo, Z. Xin, C. Ding, Y. He, Z. Ren, P. Cui, H. Zhao, Z. Zhang, S. Tang, B. Yan, F. Lei und T. Li (2009). The survey of H5N1 flu virus in wild birds in 14 Provinces of China from 2004 to 2007. *PLoS One* **4**(9): e6926.
- Krauss, S., D. Walker, S. P. Pryor, L. Niles, L. Chenghong, V. S. Hinshaw und R. G. Webster (2004). Influenza A viruses of migrating wild aquatic birds in North America. *Vector Borne Zoonotic Dis* **4**(3): 177-189.
- Krauss, S. und R. G. Webster (2010). Avian influenza virus surveillance and wild birds: past and present. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 394-398.
- Kreienbrock, L. (2005). Epidemiologische Methoden. 4. Auflage, Heidelberg, Spektrum Akademischer Verlag.
- Kuiken, T., G. Rimmelzwaan, D. van Riel, G. van Amerongen, M. Baars, R. Fouchier und A. Osterhaus (2004). Avian H5N1 influenza in cats. *Science* **306**(5694): 241.

- Kwon, Y. K., S. J. Joh, M. C. Kim, H. W. Sung, Y. J. Lee, J. G. Choi, E. K. Lee und J. H. Kim (2005). Highly pathogenic avian influenza (H5N1) in the commercial domestic ducks of South Korea. *Avian Pathol* **34**(4): 367-370.
- Latorre-Margalef, N., G. Gunnarsson, V. J. Munster, R. A. Fouchier, A. D. Osterhaus, J. ElMBERG, B. Olsen, A. Wallensten, P. D. Haemig, T. Fransson, L. Brudin und J. Waldenstrom (2009). Effects of influenza A virus infection on migrating mallard ducks. *Proc Biol Sci* **276**(1659): 1029-1036.
- Lavoie, E. T., E. M. Sorrell, D. R. Perez und M. A. Ottinger (2007). Immunosenescence and age-related susceptibility to influenza virus in Japanese quail. *Dev Comp Immunol* **31**(4): 407-414.
- Lee, C. W., D. A. Senne und D. L. Suarez (2004). Effect of vaccine use in the evolution of Mexican lineage H5N2 avian influenza virus. *J Virol* **78**(15): 8372-8381.
- Lee, H. J., J. S. Kwon, D. H. Lee, Y. N. Lee, H. N. Youn, Y. J. Lee, M. C. Kim, O. M. Jeong, H. M. Kang, J. H. Kwon, J. B. Lee, S. Y. Park, I. S. Choi und C. S. Song (2010). Continuing evolution and interspecies transmission of influenza viruses in live bird markets in Korea. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 738-748.
- Lee, Y. J., Y. K. Choi, Y. J. Kim, M. S. Song, O. M. Jeong, E. K. Lee, W. J. Jeon, W. Jeong, S. J. Joh, K. S. Choi, M. Her, M. C. Kim, A. Kim, M. J. Kim, E. Ho Lee, T. G. Oh, H. J. Moon, D. W. Yoo, J. H. Kim, M. H. Sung, H. Poo, J. H. Kwon und C. J. Kim (2008). Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in domestic poultry and relationship with migratory birds, South Korea. *Emerg Infect Dis* **14**(3): 487-490.
- Li, C., K. Yu, G. Tian, D. Yu, L. Liu, B. Jing, J. Ping und H. Chen (2005). Evolution of H9N2 influenza viruses from domestic poultry in Mainland China. *Virology* **340**(1): 70-83.
- Li, J. und C. J. Cardona (2010). Adaptation and transmission of a wild duck avian influenza isolate in chickens. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 586-590.
- Li, K. S., Y. Guan, J. Wang, G. J. Smith, K. M. Xu, L. Duan, A. P. Rahardjo, P. Puthavathana, C. Buranathai, T. D. Nguyen, A. T. Estoepangestie, A. Chaisingh, P. Auewarakul, H. T. Long, N. T. Hanh, R. J. Webby, L. L. Poon, H. Chen, K. F. Shortridge, K. Y. Yuen, R. G. Webster und J. S. Peiris (2004). Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* **430**(6996): 209-213.
- Lin, Y. P., M. Shaw, V. Gregory, K. Cameron, W. Lim, A. Klimov, K. Subbarao, Y. Guan, S. Krauss, K. Shortridge, R. Webster, N. Cox und A. Hay (2000). Avian-to-human transmission of H9N2 subtype influenza A viruses: relationship between H9N2 and H5N1 human isolates. *Proc Natl Acad Sci U S A* **97**(17): 9654-9658.
- Lin, Y. P., L. L. Shu, S. Wright, W. J. Bean, G. B. Sharp, K. F. Shortridge und R. G. Webster (1994). Analysis of the influenza virus gene pool of avian species from southern China. *Virology* **198**(2): 557-566.
- Liu, J., H. Xiao, F. Lei, Q. Zhu, K. Qin, X. W. Zhang, X. L. Zhang, D. Zhao, G. Wang, Y. Feng, J. Ma, W. Liu, J. Wang und G. F. Gao (2005). Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science* **309**(5738): 1206.

- Londt, B. Z., J. Banks und D. J. Alexander (2007). Highly pathogenic avian influenza viruses with low virulence for chickens in in vivo tests. *Avian Pathol* **36**(5): 347-350.
- Lvov, D. K., M. Y. Shchelkanov, A. G. Prilipov, N. A. Vlasov, I. T. Fedyakina, P. G. Deryabin, S. V. Alkhovsky, T. V. Grebennikova, A. D. Zaberezhny und D. L. Suarez (2010). Evolution of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in natural ecosystems of northern Eurasia (2005-08). *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 483-495.
- Mädlow, W. (2001). Spezieller Vogelschutz. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Berlin und Brandenburg*. Rangsdorf, Natur & Text. 31-35
- Mädlow, W. (2009). Faszination Vogelzug. Letztes Update: 09.09.2009.  
<http://brandenburg.nabu.de/naturerleben/vogelzug/11521.html>. Zugriff am 08.06.2011.
- Magnino, S., M. Fabbi, A. Moreno, G. Sala, A. Lavazza, E. Ghelfi, L. Gandolfi, G. Pirovano und E. Gasperi (2000). Avian influenza virus (H7 serotype) in a saker falcon in Italy. *Vet Rec* **146**(25): 740.
- Maines, T. R., X. H. Lu, S. M. Erb, L. Edwards, J. Guarner, P. W. Greer, D. C. Nguyen, K. J. Szretter, L. M. Chen, P. Thawatsupha, M. Chittaganpitch, S. Waicharoen, D. T. Nguyen, T. Nguyen, H. H. Nguyen, J. H. Kim, L. T. Hoang, C. Kang, L. S. Phuong, W. Lim, S. Zaki, R. O. Donis, N. J. Cox, J. M. Katz und T. M. Tumpey (2005). Avian influenza (H5N1) viruses isolated from humans in Asia in 2004 exhibit increased virulence in mammals. *J Virol* **79**(18): 11788-11800.
- Manin, T. B., I. A. Chvala, S. N. Kolosov, I. P. Pchelkina, V. N. Irza und V. V. Drygin (2010). H5N1 avian influenza outbreak in the Far East of Russia in 2008: new introduction. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 509-512.
- McCluskey, B. J., E. L. Mumford, M. D. Salman und J. J. Traub-Dargatz (2002). Use of sentinel herds to study the epidemiology of vesicular stomatitis in the state of colorado. *Ann N Y Acad Sci* **969**: 205-209.
- Meyburg, B.-U. (2001). Der Fischadler. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 191-195
- Mühle, R. U., U. Eggers, D. Wallschläger, T. Müller, M. Kramer, C. Freuling, F. J. Conraths, S. Bilk, A. Hlinak und T. Harder (2009). Bedeutung von Rastplätzen für die Verbreitung von aviären Infektionen bei Zugvögeln am Beispiel des Ramsargebietes Untere Havelniederung. *Beiträge Jagd- u. Wildforsch.* **34**: 127-137.
- Müller, H. (2006). Biologie der Influenzaviren. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **119**(3-4): 91-100.
- Müller, T., A. Hlinak, C. Freuling, R. U. Muhle, A. Engelhardt, A. Globig, C. Schulze, E. Starick, U. Eggers, B. Sass, D. Wallschläger, J. Teifke, T. Harder und F. J. Conraths (2009). Virological monitoring of white storks (*Ciconia ciconia*) for avian influenza. *Avian Dis* **53**(4): 578-584.

- Munster, V. J., C. Baas, P. Lexmond, J. Waldenstrom, A. Wallensten, T. Fransson, G. F. Rimmelzwaan, W. E. Beyer, M. Schutten, B. Olsen, A. D. Osterhaus und R. A. Fouchier (2007). Spatial, temporal, and species variation in prevalence of influenza A viruses in wild migratory birds. *PLoS Pathog* **3**(5): e61.
- Munster, V. J., A. Wallensten, C. Baas, G. F. Rimmelzwaan, M. Schutten, B. Olsen, A. D. Osterhaus und R. A. Fouchier (2005). Mallards and highly pathogenic avian influenza ancestral viruses, northern Europe. *Emerg Infect Dis* **11**(10): 1545-1551.
- Murugkar, H. V., S. Nagarajan, C. Tosh, S. Bhatia, G. Venkatesh, R. Jain, S. Kumar, R. Khandia, M. Pandey, P. Behera, S. Tripathy, D. D. Kulkarni und S. C. Dubey (2008). H5N1 virus outbreaks in poultry in India. *Vet Rec* **162**(8): 255.
- Naacke, J. (2001a). Die Krickente. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 113-116
- Naacke, J. (2001b). Die Stockente. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 116-122
- Nagy, A., J. Machova, J. Hornickova, M. Tomci, I. Nagl, B. Horyna und I. Holko (2007). Highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N1 in Mute swans in the Czech Republic. *Vet Microbiol* **120**(1-2): 9-16.
- Nazir, J., R. Haumacher, A. Ike, P. Stumpf, R. Bohm und R. E. Marschang (2010). Long-term study on tenacity of avian influenza viruses in water (distilled water, normal saline, and surface water) at different temperatures. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 720-724.
- Newman, S. H., J. Siembieda, R. Kock, T. McCracken, S. Khomenko und T. Mundkur (2010). FAO EMPRES Wildlife Unit Fact Sheet: Wildlife and H5N1 HPAI - Current Knowledge. Letztes Update: 2010. <http://www.fao.org/docrep/013/ak782e/ak782e00.pdf>. Zugriff am 23.12.2010.
- Noriyuki, Y., E. Hiraoka, M. Fujita, N. Hijikata, M. Ueta, K. Takagi, S. Konno, M. Okuyama, Y. Watanabe, Y. Osa, E. Morishita, K. Tokita, K. Umada, G. Fujita und H. Higuchi (2008). Spring Migration Routes of Mallards (*Anas platyrhynchos*) that Winter in Japan, Determined from Satellite Telemetry. *Zool Science* **25**(9): 875-881.
- OIE (2009a). World Organisation for Animal Health: High Pathogenicity Avian Influenza., Letztes Update: Januar 2009. [http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/avian\\_influenza.pdf](http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/avian_influenza.pdf). Zugriff am 15.04.2010.
- OIE (2009b). World Organisation for Animal Health: Terrestrial Manual, Kapitel 2.3.4.: Avian Influenza. Letztes Update: Mai 2009. [http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Health\\_standards/tahm/2.03.04\\_AI.pdf](http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/2.03.04_AI.pdf). Zugriff am 13.08.2010.
- OIE (2010). World Organisation for Animal Health: Terrestrial Animal Health Code. Chapter 10.4.: Avian Influenza., Letztes Update: 2010.

- [http://www.oie.int/index.php?id=169&L=0&htmfile=chapitre\\_1.10.4.htm](http://www.oie.int/index.php?id=169&L=0&htmfile=chapitre_1.10.4.htm). Zugriff am 10.02.2011.
- OIE (2011). World Organisation for Animal Health: Update on Highly Pathogenic Avian Influenza in Animals (Type H5 and H7). Letztes Update: Januar 2011. [http://www.oie.int/download/avian%20influenza/A\\_AI-Asia.htm](http://www.oie.int/download/avian%20influenza/A_AI-Asia.htm). Zugriff am 24.02.2011.
- Olsen, B., V. J. Munster, A. Wallensten, J. Waldenstrom, A. D. Osterhaus und R. A. Fouchier (2006). Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science* **312**(5772): 384-388.
- Ottis, K. und P. A. Bachmann (1983). Isolation and characterization of ortho- and paramyxoviruses from feral birds in Europe. *Zentralbl Veterinarmed B* **30**(1): 22-35.
- Owoade, A. A., N. A. Gerloff, M. F. Ducatez, J. O. Taiwo, J. R. Kremer und C. P. Muller (2008). Replacement of sublineages of avian influenza (H5N1) by reassortments, sub-Saharan Africa. *Emerg Infect Dis* **14**(11): 1731-1735.
- Palmai, N., K. Erdelyi, A. Balint, L. Marton, A. Dan, Z. Deim, K. Ursu, B. Z. Londt, I. H. Brown und R. Glavits (2007). Pathobiology of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) infection in mute swans (*Cygnus olor*). *Avian Pathol* **36**(3): 245-249.
- Pannwitz, G. (2008). Lokalisation und Entnahme von Umweltproben für die Untersuchung auf Influenza A Viren. *Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle* **15**(2): 133-139.
- Pantin-Jackwood, M. J., D. L. Suarez, E. Spackman und D. E. Swayne (2007). Age at infection affects the pathogenicity of Asian highly pathogenic avian influenza H5N1 viruses in ducks. *Virus Res* **130**(1-2): 151-161.
- Parmley, E. J., N. Bastien, T. F. Booth, V. Bowes, P. A. Buck, A. Breault, D. Caswell, P. Y. Daoust, J. C. Davies, S. M. Elahi, M. Fortin, F. Kibenge, R. King, Y. Li, N. North, D. Ojkic, J. Pasick, S. P. Pryor, J. Robinson, J. Rodrigue, H. Whitney, P. Zimmer und F. A. Leighton (2008). Wild bird influenza survey, Canada, 2005. *Emerg Infect Dis* **14**(1): 84-87.
- Parmley, E. J., C. Soos, A. Breault, M. Fortin, E. Jenkins, F. Kibenge, F. King, J. P. McAloney, J. Pasick, S. P. Pryor, J. Robinson, J. Rodrigue und F. A. Leighton (2011). Detection of Low Pathogenic Avian Influenza Virus in Wild Ducks from Canada: Comparison of Two Sampling Methods. *J. Wildl. Dis.* **47**(2): 466-470.
- Pasick, J., Y. Berhane, C. Embury-Hyatt, J. Copps, H. Kehler, K. Handel, S. Babiuk, K. Hooper-McGrevy, Y. Li, Q. Mai Le und S. Lien Phuong (2007). Susceptibility of Canada Geese (*Branta canadensis*) to highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerg Infect Dis* **13**(12): 1821-1827.
- Pasick, J., K. Handel, J. Robinson, J. Copps, D. Ridd, K. Hills, H. Kehler, C. Cottam-Birt, J. Neufeld, Y. Berhane und S. Czub (2005). Intersegmental recombination between the haemagglutinin and matrix genes was responsible for the emergence of a highly pathogenic H7N3 avian influenza virus in British Columbia. *J Gen Virol* **86**(Pt 3): 727-731.

- Pasick, J., H. Weingartl, A. Clavijo, J. Riva, H. Kehler, K. Handel, E. Watkins und K. Hills (2003). Characterization of avian influenza virus isolates submitted to the National Centre for Foreign Animal Disease between 1997 and 2001. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 1208-1213.
- Pedersen, K., S. R. Swafford und T. J. DeLiberto (2010). Low pathogenicity avian influenza subtypes isolated from wild birds in the United States, 2006-2008. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 405-410.
- Perdue, M. L. (2003). Molecular diagnostics in an insecure world. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 1063-1068.
- Perez, D. R., R. J. Webby, E. Hoffmann und R. G. Webster (2003). Land-based birds as potential disseminators of avian mammalian reassortant influenza A viruses. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 1114-1117.
- Perkins, L. E. und D. E. Swayne (2002a). Pathogenicity of a Hong Kong-origin H5N1 highly pathogenic avian influenza virus for emus, geese, ducks, and pigeons. *Avian Dis* **46**(1): 53-63.
- Perkins, L. E. und D. E. Swayne (2002b). Susceptibility of laughing gulls (*Larus atricilla*) to H5N1 and H5N3 highly pathogenic avian influenza viruses. *Avian Dis* **46**(4): 877-885.
- Perkins, L. E. und D. E. Swayne (2003a). Comparative susceptibility of selected avian and mammalian species to a Hong Kong-origin H5N1 high-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 956-967.
- Perkins, L. E. und D. E. Swayne (2003b). Varied pathogenicity of a Hong Kong-origin H5N1 avian influenza virus in four passerine species and budgerigars. *Vet Pathol* **40**(1): 14-24.
- Peroulis, I. und K. O'Riley (2004). Detection of avian paramyxoviruses and influenza viruses amongst wild bird populations in Victoria. *Aust Vet J* **82**(1-2): 79-82.
- Pfeifer, R., J. Stadler und R. Brandl (2007). Birds from the Far East in Central Europe: a test of the reverse miration hypothesis. *J Ornithol* **148**: 379-385.
- Pillai, S. P. und C. W. Lee (2010). Species and age related differences in the type and distribution of influenza virus receptors in different tissues of chickens, ducks and turkeys. *Virol J* **7**: 5.
- Pillai, S. P., M. Pantin-Jackwood, H. M. Yassine, Y. M. Saif und C. W. Lee (2010). The high susceptibility of turkeys to influenza viruses of different origins implies their importance as potential intermediate hosts. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 522-526.
- Pörner, H. (1989). Herkunft der im zweiten Halbjahr und im Winter in die DDR einfliegenden Stockente (*Anas Platyrhynchos*) nach Beringungsergebnissen. *Ber Vogelw Hiddensee* **10**: 23-46.
- Rabl, S. (2010). Wildvogelmonitoring in Bayern: Vorkommen und Verbreitung aviärer Inflenzaviren von 2007 bis 2009. Ludwig-Maximilians-Universität München, Diss.

- Rabl, S., M. Rinder, A. Neubauer-Juric, K. H. Bogner, R. Korbel und M. Büttner (2009). Wildvogelmonitoring zum Vorkommen von aviärem Influenza A Virus (AIV) in Bayern in den Jahren 2007 und 2008. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **122**(11-12): 486-493.
- Racloz, C., C. Griot und K. D. C. Stärk (2007). Sentinel surveillance systems with special focus on vector-borne diseases. *Animal Health Research Reviews* **7**(1/2): 71-79.
- Reperant, L. A., N. S. Fock, A. D. Osterhaus, A. P. Dobson und T. Kuiken (2010). Spatial and temporal association of outbreaks of H5N1 influenza virus infection in wild birds with the 0 degrees C isotherm. *PLoS Pathog* **6**(4): e1000854.
- Reperant, L. A., G. van Amerongen, M. W. van de Bildt, G. F. Rimmelzwaan, A. P. Dobson, A. D. Osterhaus und T. Kuiken (2008). Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) infection in red foxes fed infected bird carcasses. *Emerg Infect Dis* **14**(12): 1835-1841.
- Rimmelzwaan, G. F., D. van Riel, M. Baars, T. M. Bestebroer, G. van Amerongen, R. A. Fouchier, A. D. Osterhaus und T. Kuiken (2006). Influenza A virus (H5N1) infection in cats causes systemic disease with potential novel routes of virus spread within and between hosts. *Am J Pathol* **168**(1): 176-183; quiz 364.
- Roche, B., C. Lebarbenchon, M. Gauthier-Clerc, C. M. Chang, F. Thomas, F. Renaud, S. van der Werf und J. F. Guegan (2009). Water-borne transmission drives avian influenza dynamics in wild birds: the case of the 2005-2006 epidemics in the Camargue area. *Infect Genet Evol* **9**(5): 800-805.
- Rohm, C., N. Zhou, J. Suss, J. Mackenzie und R. G. Webster (1996). Characterization of a novel influenza hemagglutinin, H15: criteria for determination of influenza A subtypes. *Virology* **217**(2): 508-516.
- Rott, R. (1992). The pathogenic determinant of influenza virus. *Vet Microbiol* **33**(1-4): 303-310.
- Ryslavy, T. (2001). Die Blessralle. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 227-231
- Ryslavy, T., W. Mädlow und M. Jurke (2008). Rote Liste und Liste der Brutvögel Brandenburgs. *Naturschutz und Landschaftspflege in Brandenburg* **17**(Beilage zu Heft 4): 1-107.
- Salman, M. D. (2003). *Animal Disease Surveillance and Survey Systems: Methods and Applications*. Ames, Iowa, Iowa State Press.
- Schmidt, A. (2001). Die Rohrweihe. In: *Arbeitsgemeinschaft Berlin-Brandenburgischer Ornithologen: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin*. Rangsdorf, Natur & Text. 165-168
- Schnebel, B., V. Dierschke, S. Rautenschlein und M. Ryll (2005). No detection of avian influenza A viruses of the subtypes H5 and H7 and isolation of lentogenic avian paramyxovirus serotype 1 in passerine birds during stopover in the year 2001 on the island Helgoland (North Sea). *Dtsch Tierärztl Wochenschr* **112**(12): 456-460.

- Scholtissek, C. (2006). Influenza Pandemie Planung. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **119**(3-4): 179-185.
- Schöne, C., T. Harder, A. Globig, M. Beer, F. J. Conraths und T. Mettenleiter (2009). Die Wildvogel-Frage: Welche Rolle spielen Wildvögel im Infektionsgeschehen der hochpathogenen aviären Influenza? *Tierärztl. Umschau* **64**(2): 77-83.
- Senne, D. A. (2003). Avian influenza in the Western Hemisphere including the Pacific Islands and Australia. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 798-805.
- Senne, D. A. (2010). Avian influenza in North and South America, the Caribbean, and Australia, 2006-2008. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 179-186.
- Senne, D. A., B. Panigrahy, Y. Kawaoka, J. E. Pearson, J. Suss, M. Lipkind, H. Kida und R. G. Webster (1996). Survey of the hemagglutinin (HA) cleavage site sequence of H5 and H7 avian influenza viruses: amino acid sequence at the HA cleavage site as a marker of pathogenicity potential. *Avian Dis* **40**(2): 425-437.
- Sharp, G. B., Y. Kawaoka, D. J. Jones, W. J. Bean, S. P. Pryor, V. Hinshaw und R. G. Webster (1997). Coinfection of wild ducks by influenza A viruses: distribution patterns and biological significance. *J Virol* **71**(8): 6128-6135.
- Sharp, G. B., Y. Kawaoka, S. M. Wright, B. Turner, V. Hinshaw und R. G. Webster (1993). Wild ducks are the reservoir for only a limited number of influenza A subtypes. *Epidemiol Infect* **110**(1): 161-176.
- Sharshov, K., N. Silko, I. Sousloparov, A. Zaykovskaya, A. Shestopalov und I. Drozdov (2010). Avian influenza (H5N1) outbreak among wild birds, Russia, 2009. *Emerg Infect Dis* **16**(2): 349-351.
- Shortridge, K. F., N. N. Zhou, Y. Guan, P. Gao, T. Ito, Y. Kawaoka, S. Kodihalli, S. Krauss, D. Markwell, K. G. Murti, M. Norwood, D. Senne, L. Sims, A. Takada und R. G. Webster (1998). Characterization of avian H5N1 influenza viruses from poultry in Hong Kong. *Virology* **252**(2): 331-342.
- Siembieda, J., C. K. Johnson, W. Boyce, C. Sandrock und C. Cardona (2008). Risk for avian influenza virus exposure at human-wildlife interface. *Emerg Infect Dis* **14**(7): 1151-1153.
- Sims, L. D. (2007). Lessons learned from Asian H5N1 outbreak control. *Avian Dis* **51**(1 Suppl): 174-181.
- Sims, L. D., T. M. Ellis, K. K. Liu, K. Dyrting, H. Wong, M. Peiris, Y. Guan und K. F. Shortridge (2003). Avian influenza in Hong Kong 1997-2002. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 832-838.
- Sinnecker, H., R. Sinnecker, E. Zilske und D. Koehler (1982). Detection of influenza A viruses and influenza epidemics in wild pelagic birds by sentinels and population studies. *Zentralbl Bakteriol Mikrobiol Hyg A* **253**(3): 297-304.

- Sinnecker, R., H. Sinnecker, E. Zilske und D. Köhler (1983). Surveillance of pelagic birds for influenza A viruses. *Acta Virol* **27**(1): 75-79.
- Smith, A. W., D. E. Skilling, J. D. Castello und S. O. Rogers (2004). Ice as a reservoir for pathogenic human viruses: specifically, caliciviruses, influenza viruses, and enteroviruses. *Med Hypotheses* **63**(4): 560-566.
- Smith, G. J., D. Vijaykrishna, T. M. Ellis, K. C. Dyrting, Y. H. Leung, J. Bahl, C. W. Wong, H. Kai, M. K. Chow, L. Duan, A. S. Chan, L. J. Zhang, H. Chen, G. S. Luk, J. S. Peiris und Y. Guan (2009). Characterization of avian influenza viruses A (H5N1) from wild birds, Hong Kong, 2004-2008. *Emerg Infect Dis* **15**(3): 402-407.
- Song, D., C. Lee, B. Kang, K. Jung, T. Oh, H. Kim, B. Park und J. Oh (2009). Experimental infection of dogs with avian-origin canine influenza A virus (H3N2). *Emerg Infect Dis* **15**(1): 56-58.
- Songserm, T., A. Amonsin, R. Jam-on, N. Sae-Heng, N. Meemak, N. Pariyothorn, S. Payungporn, A. Theamboonlers und Y. Poovorawan (2006a). Avian influenza H5N1 in naturally infected domestic cat. *Emerg Infect Dis* **12**(4): 681-683.
- Songserm, T., A. Amonsin, R. Jam-on, N. Sae-Heng, N. Pariyothorn, S. Payungporn, A. Theamboonlers, S. Chutinimitkul, R. Thanawongnuwech und Y. Poovorawan (2006b). Fatal avian influenza A H5N1 in a dog. *Emerg Infect Dis* **12**(11): 1744-1747.
- Songserm, T., R. Jam-on, N. Sae-Heng, N. Meemak, D. J. Hulse-Post, K. M. Sturm-Ramirez und R. G. Webster (2006c). Domestic ducks and H5N1 influenza epidemic, Thailand. *Emerg Infect Dis* **12**(4): 575-581.
- Spackman, E., D. A. Senne, T. J. Myers, L. L. Bulaga, L. P. Garber, M. L. Perdue, K. Lohman, L. T. Daum und D. L. Suarez (2002). Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. *J Clin Microbiol* **40**(9): 3256-3260.
- Spillner, W. und W. Zimdahl (1990). Feldornithologie. Eine Einführung. 1. Auflage, Berlin, Deutscher Landwirtschaftsverlag.
- Stallknecht, D. E. und J. D. Brown (2009). Tenacity of avian influenza viruses. *Rev Sci Tech* **28**(1): 59-67.
- Stallknecht, D. E., V. H. Goekjian, B. R. Wilcox, R. L. Poulson und J. D. Brown (2010). Avian influenza virus in aquatic habitats: what do we need to learn? *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 461-465.
- Stallknecht, D. E., M. T. Kearney, S. M. Shane und P. J. Zwank (1990). Effects of pH, temperature, and salinity on persistence of avian influenza viruses in water. *Avian Dis* **34**(2): 412-418.
- Stallknecht, D. E. und S. M. Shane (1988). Host range of avian influenza virus in free-living birds. *Vet Res Commun* **12**(2-3): 125-141.

- Stanislawek, W. L., C. R. Wilks, J. Meers, G. W. Horner, D. J. Alexander, R. J. Manvell, J. A. Kattenbelt und A. R. Gould (2002). Avian paramyxoviruses and influenza viruses isolated from mallard ducks (*Anas platyrhynchos*) in New Zealand. *Arch Virol* **147**(7): 1287-1302.
- Starick, E., M. Beer, B. Hoffmann, C. Staubach, O. Werner, A. Globig, G. Strebelow, C. Grund, M. Durban, F. J. Conraths, T. Mettenleiter und T. Harder (2008). Phylogenetic analyses of highly pathogenic avian influenza virus isolates from Germany in 2006 and 2007 suggest at least three separate introductions of H5N1 virus. *Vet Microbiol* **128**(3-4): 243-252.
- Stumpf, P. (2010). Untersuchungen zur Filtration von niedrigpathogenen aviären Inflenzaviren (AIV) durch Dreikantmuscheln (*Dreissena polymorpha*) sowie zum Vorkommen von AIV bei Fischen und Schildkröten und deren Vermehrung in Zellen niederer Vertebraten. Justus-Liebig-Universität,
- Sturm-Ramirez, K. M., T. Ellis, B. Bousfield, L. Bissett, K. Dyrting, J. E. Rehg, L. Poon, Y. Guan, M. Peiris und R. G. Webster (2004). Reemerging H5N1 influenza viruses in Hong Kong in 2002 are highly pathogenic to ducks. *J Virol* **78**(9): 4892-4901.
- Suarez, D. L. und S. Schultz-Cherry (2000). Immunology of avian influenza virus: a review. *Dev Comp Immunol* **24**(2-3): 269-283.
- Suarez, D. L., D. A. Senne, J. Banks, I. H. Brown, S. C. Essen, C. W. Lee, R. J. Manvell, C. Mathieu-Benson, V. Moreno, J. C. Pedersen, B. Panigrahy, H. Rojas, E. Spackman und D. J. Alexander (2004). Recombination resulting in virulence shift in avian influenza outbreak, Chile. *Emerg Infect Dis* **10**(4): 693-699.
- Sudfeldt, C., D. Doer, H. Hötker, C. Mayr, C. Unselt, A. V. Lindeiner und H. G. Bauer (2002). Important Bird Areas. Bedeutende Vogelschutzgebiete in Deutschland. *Ber Vogelschutz* **38**: 17-109.
- Süss, J., J. Schäfer, H. Sinnecker und R. G. Webster (1994). Influenza virus subtypes in aquatic birds of eastern Germany. *Arch Virol* **135**(1-2): 101-114.
- Swayne, D. E. und D. J. King (2003). Avian influenza and Newcastle disease. *J Am Vet Med Assoc* **222**(11): 1534-1540.
- Swayne, D. E. und R. D. Slemons (2008). Using mean infectious dose of high- and low-pathogenicity avian influenza viruses originating from wild duck and poultry as one measure of infectivity and adaptation to poultry. *Avian Dis* **52**(3): 455-460.
- Swayne, D. E. und D. L. Suarez (2000). Highly pathogenic avian influenza. *Rev Sci Tech* **19**(2): 463-482.
- Tanimura, N., K. Tsukamoto, M. Okamatsu, M. Mase, T. Imada, K. Nakamura, M. Kubo, S. Yamaguchi, W. Irishio, M. Hayashi, T. Nakai, A. Yamauchi, M. Nishimura und K. Imai (2006). Pathology of fatal highly pathogenic H5N1 avian influenza virus infection in large-billed crows (*Corvus macrorhynchos*) during the 2004 outbreak in Japan. *Vet Pathol* **43**(4): 500-509.

- Teifke, J. P., R. Klopffleisch, A. Globig, E. Starick, B. Hoffmann, P. U. Wolf, M. Beer, T. C. Mettenleiter und T. C. Harder (2007). Pathology of natural infections by H5N1 highly pathogenic avian influenza virus in mute (Cygnus olor) and whooper (Cygnus cygnus) swans. *Vet Pathol* **44**(2): 137-143.
- Terregino, C., A. Milani, I. Capua, A. M. Marino und N. Cavaliere (2006). Highly pathogenic avian influenza H5N1 subtype in mute swans in Italy. *Vet Rec* **158**(14): 491.
- Thanawongnuwech, R., A. Amonsin, R. Tantilertcharoen, S. Damrongwatanapokin, A. Theamboonlers, S. Payungporn, K. Nanthapornphiphat, S. Ratanamungklanon, E. Tunak, T. Songserm, V. Vivatthanavanich, T. Lekdumrongsak, S. Kerdangakonwut, S. Tunhikorn und Y. Poovorawan (2005). Probable tiger-to-tiger transmission of avian influenza H5N1. *Emerg Infect Dis* **11**(5): 699-701.
- Thompson, P. N., M. Sinclair und B. Ganzevoort (2008). Risk factors for seropositivity to H5 avian influenza virus in ostrich farms in the Western Cape Province, South Africa. *Prev Vet Med* **86**(1-2): 139-152.
- Toennessen, R., A. Germundsson, C. M. Jonassen, I. Haugen, K. Berg, R. T. Barrett und E. Rimstad (2011). Virological and serological surveillance for type A influenza in the black-legged kittiwake (*Rissa tridactyla*). *Virology* **8**: 21.
- Trock, S. C. und J. P. Huntley (2010). Surveillance and control of avian influenza in the New York live bird markets. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 340-344.
- Tsubokura, M., K. Otsuki, Y. Kawaoka und R. Yanagawa (1981). Isolation of influenza A viruses from migratory waterfowls in San-in District, Western Japan in 1979-1980. *Zentralbl Bakteriol Mikrobiol Hyg B* **173**(6): 494-500.
- Tumpey, T. M., D. R. Kapczynski und D. E. Swayne (2004). Comparative susceptibility of chickens and turkeys to avian influenza A H7N2 virus infection and protective efficacy of a commercial avian influenza H7N2 virus vaccine. *Avian Dis* **48**(1): 167-176.
- Tumpey, T. M., D. L. Suarez, L. E. Perkins, D. A. Senne, J. G. Lee, Y. J. Lee, I. P. Mo, H. W. Sung und D. E. Swayne (2002). Characterization of a highly pathogenic H5N1 avian influenza A virus isolated from duck meat. *J Virol* **76**(12): 6344-6355.
- Uchida, Y., M. Mase, K. Yoneda, A. Kimura, T. Obara, S. Kumagai, T. Saito, Y. Yamamoto, K. Nakamura, K. Tsukamoto und S. Yamaguchi (2008). Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) isolated from whooper swans, Japan. *Emerg Infect Dis* **14**(9): 1427-1429.
- Ungchusak, K., P. Auewarakul, S. F. Dowell, R. Kitphati, W. Auwanit, P. Puthavathana, M. Uprasertkul, K. Boonnak, C. Pittayawonganon, N. J. Cox, S. R. Zaki, P. Thawatsupha, M. Chittaganpitch, R. Khontong, J. M. Simmerman und S. Chunsuttiwat (2005). Probable person-to-person transmission of avian influenza A (H5N1). *N Engl J Med* **352**(4): 333-340.
- Unger, F., T. C. Harder, F. J. Conraths, J. Teuffert, C. Staubach, A. Globig, C. Grund, M. Beer und T. Mettenleiter (2008). Klassische Geflügelpest H5N1 – Rückblick und aktuelle Synopsis der globalen Situation unter besonderer Berücksichtigung des Geschehens in Deutschland. *Tierärztl. Prax.* **36**(G): 5-13.

- USGS (2011). List of Species Affected by H5N1 (Avian Influenza). Referenced reports of highly pathogenic avian influenza H5N1 in wildlife and domestic animals. Letztes Update: 2009.  
[http://www.nwhc.usgs.gov/disease\\_information/avian\\_influenza/affected\\_species\\_chart.js](http://www.nwhc.usgs.gov/disease_information/avian_influenza/affected_species_chart.js)  
p. Zugriff am 10.03.2011.
- Vahlenkamp, T. W. und T. C. Harder (2006). Influenza virus infections in mammals. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **119**(3-4): 123-131.
- Vahlenkamp, T. W., J. P. Teifke, T. C. Harder, M. Beer und T. C. Mettenleiter (2010). Systemic influenza virus H5N1 infection in cats after gastrointestinal exposure. *Influenza Other Respi Viruses* **4**(6): 379-386.
- Van Borm, S., I. Thomas, G. Hanquet, B. Lambrecht, M. Boschmans, G. Dupont, M. Decaestecker, R. Snacken und T. van den Berg (2005). Highly pathogenic H5N1 influenza virus in smuggled Thai eagles, Belgium. *Emerg Infect Dis* **11**(5): 702-705.
- van Gils, J. A., V. J. Munster, R. Radersma, D. Liefhebber, R. A. Fouchier und M. Klaassen (2007). Hampered foraging and migratory performance in swans infected with low-pathogenic avian influenza A virus. *PLoS One* **2**(1): e184.
- Veen, J., J. Brouwer, P. Atkinson, C. Bilgin, J. Blew, S. Eksioğlu, M. Hoffmann, R. Nardelli, F. Spina, C. Tendi und S. Delani (2007). Ornithological data relevant to the spread of Avian Influenza in Europe (phase 2): further identification and first field assessment of Higher Risk Species. Wageningen, The Netherlands, Wetlands international
- Velarde, R., S. E. Calvin, D. Ojkic, I. K. Barker und E. Nagy (2010). Avian influenza virus H13 circulating in ring-billed gulls (*Larus delawarensis*) in southern Ontario, Canada. *Avian Dis* **54**(1 Suppl): 411-419.
- Vong, S., S. Ly, S. Mardy, D. Holl und P. Buchy (2008). Environmental contamination during influenza A virus (H5N1) outbreaks, Cambodia, 2006. *Emerg Infect Dis* **14**(8): 1303-1305.
- Voss, M. (2005). Bekämpfungsstrategien gegen die Klassische Geflügelpest – Unterschiede zwischen Asien und Europa. *Lohmann Information*(4): 1-4.
- Waldner, C. L. und J. R. Campbell (2005). Use of serologic evaluation for antibodies against bovine viral diarrhoea virus for detection of persistently infected calves in beef herds. *Am J Vet Res* **66**(5): 825-834.
- Waldner, C. L., C. S. Ribble, E. D. Janzen und J. R. Campbell (2001). Associations between total sulfation, hydrogen sulfide deposition, and beef-cattle breeding outcomes in western Canada. *Prev Vet Med* **50**(1-2): 19-33.
- Wallensten, A., V. J. Munster, J. Elmberg, A. D. Osterhaus, R. A. Fouchier und B. Olsen (2005). Multiple gene segment reassortment between Eurasian and American lineages of influenza A virus (H6N2) in Guillemot (*Uria aalge*). *Arch Virol* **150**(8): 1685-1692.

- Wallensten, A., V. J. Munster, M. Karlsson, A. Lundkvist, M. Brytting, M. Stervander, A. D. Osterhaus, R. A. Fouchier und B. Olsen (2006). High prevalence of influenza A virus in ducks caught during spring migration through Sweden. *Vaccine* **24**(44-46): 6734-6735.
- Wallensten, A., V. J. Munster, N. Latorre-Margalef, M. Brytting, J. Elmberg, R. A. Fouchier, T. Fransson, P. D. Haemig, M. Karlsson, A. Lundkvist, A. D. Osterhaus, M. Stervander, J. Waldenstrom und O. Bjorn (2007). Surveillance of influenza A virus in migratory waterfowl in northern Europe. *Emerg Infect Dis* **13**(3): 404-411.
- Wang, H., Z. Feng, Y. Shu, H. Yu, L. Zhou, R. Zu, Y. Huai, J. Dong, C. Bao, L. Wen, P. Yang, W. Zhao, L. Dong, M. Zhou, Q. Liao, H. Yang, M. Wang, X. Lu, Z. Shi, W. Wang, L. Gu, F. Zhu, Q. Li, W. Yin, W. Yang, D. Li, T. M. Uyeki und Y. Wang (2008a). Probable limited person-to-person transmission of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus in China. *Lancet* **371**(9622): 1427-1434.
- Wang, M., B. Di, D. H. Zhou, B. J. Zheng, H. Jing, Y. P. Lin, Y. F. Liu, X. W. Wu, P. Z. Qin, Y. L. Wang, L. Y. Jian, X. Z. Li, J. X. Xu, E. J. Lu, T. G. Li und J. Xu (2006). Food markets with live birds as source of avian influenza. *Emerg Infect Dis* **12**(11): 1773-1775.
- Wang, R., L. Soll, V. Dugan, J. Runstadler, G. Happ, R. D. Slemons und J. K. Taubenberger (2008b). Examining the hemagglutinin subtype diversity among wild duck-origin influenza A viruses using ethanol-fixed cloacal swabs and a novel RT-PCR method. *Virology* **375**(1): 182-189.
- Wang, R. und J. K. Taubenberger (2010). Methods for molecular surveillance of influenza. *Expert Rev Anti Infect Ther* **8**(5): 517-527.
- Ward, M. P., M. Flanagan, T. E. Carpenter, D. W. Hird, M. C. Thurmond, S. J. Johnson und M. E. Dashorst (1995). Infection of cattle with bluetongue viruses in Queensland, Australia: results of a sentinel herd study, 1990-1992. *Vet Microbiol* **45**(1): 35-44.
- Weber, S., T. Harder, E. Starick, M. Beer, O. Werner, B. Hoffmann, T. C. Mettenleiter und E. Mundt (2007). Molecular analysis of highly pathogenic avian influenza virus of subtype H5N1 isolated from wild birds and mammals in northern Germany. *J Gen Virol* **88**(Pt 2): 554-558.
- Weber, T. P. und N. I. Stilianakis (2007). Ecologic immunology of avian influenza (H5N1) in migratory birds. *Emerg Infect Dis* **13**(8): 1139-1143.
- Webster, M. S., P. P. Marra, S. M. Haig, S. Bensch und R. T. Holmes (2002). Links between worlds: unraveling migratory connectivity. *Trends Ecol Evolut* **17**(2): 76-83.
- Webster, R. G., W. J. Bean, O. T. Gorman, T. M. Chambers und Y. Kawaoka (1992). Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol Rev* **56**(1): 152-179.
- Webster, R. G. und D. J. Hulse (2004). Microbial adaptation and change: avian influenza. *Rev Sci Tech* **23**(2): 453-465.
- Webster, R. G., M. Yakhno, V. S. Hinshaw, W. J. Bean und K. G. Murti (1978). Intestinal influenza: replication and characterization of influenza viruses in ducks. *Virology* **84**(2): 268-278.

- Werner, O. (2006). Klassische Geflügelpest - Eine Übersicht. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **119**(3-4): 140-150.
- Werner, O. und T. C. Harder (2006a). Avian Influenza. In: B. S. Kamps, C. Hoffmann and W. Preiser: *Influenza Report 2006*. Flying Publisher
- Werner, O. und T. C. Harder (2006b). Bekämpfungsstrategie bei Klassischer Geflügelpest in Deutschland und der Europäischen Union. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **119**(3-4): 151-159.
- Werner, O., E. Starick und C. H. Grund (2003). Isolation and characterization of a low-pathogenicity H7N7 influenza virus from a turkey in a small mixed free-range poultry flock in Germany. *Avian Dis* **47**(3 Suppl): 1104-1106.
- WHO (2011). Cumulative Number of Confirmed Human Cases of Avian Influenza A/(H5N1) Reported to WHO. Letztes Update: 20.01.2011.  
[http://www.who.int/csr/disease/avian\\_influenza/country/cases\\_table\\_2011\\_01\\_20/en/index.html](http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/country/cases_table_2011_01_20/en/index.html). Zugriff am 02.07.2011.
- Wilking, H., M. Ziller, C. Staubach, A. Globig, T. C. Harder und F. J. Conraths (2009). Chances and limitations of wild bird monitoring for the avian influenza virus H5N1-- detection of pathogens highly mobile in time and space. *PLoS One* **4**(8): e6639.
- Winker, K., K. G. McCracken, D. D. Gibson, C. L. Prueett, R. Meier, F. Huettmann, M. Wege, I. V. Kulikova, Y. N. Zhuravlev, M. L. Perdue, E. Spackman, D. L. Suarez und D. E. Swayne (2007). Movements of birds and avian influenza from Asia into Alaska. *Emerg Infect Dis* **13**(4): 547-552.
- Wood, G. W., J. Banks, J. W. McCauley und D. J. Alexander (1994). Deduced amino acid sequences of the haemagglutinin of H5N1 avian influenza virus isolates from an outbreak in turkeys in Norfolk, England. *Arch Virol* **134**(1-2): 185-194.
- Wood, G. W., J. Banks, I. Strong, G. Parsons und D. J. Alexander (1996). An avian influenza virus of H10 subtype that is highly pathogenic for chickens, but lacks multiple basic amino acids at the haemagglutinin cleavage site. *Avian Pathol* **25**(4): 799-806.
- Xu, X., Subbarao, N. J. Cox und 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**(1): 15-19.
- Yao, M., X. Zhang, J. Gao, T. Chai, Z. Miao, W. Ma, M. Qin, Q. Li, X. Li, J. Liu und H. Zhang (2011). The occurrence and transmission characteristics of airborne H9N2 avian influenza virus. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr* **124**(3-4): 136-141.
- Zohari, S., P. Gyarmati, A. Ejdersund, U. Berglof, P. Thoren, M. Ehrenberg, G. Czifra, S. Belak, J. Waldenstrom, B. Olsen und M. Berg (2008a). Phylogenetic analysis of the non-structural (NS) gene of influenza A viruses isolated from mallards in Northern Europe in 2005. *Virology* **5**: 147.

- 
- Zohari, S., P. Gyarmati, P. Thoren, G. Czifra, C. Brojer, S. Belak und M. Berg (2008b). Genetic characterization of the NS gene indicates co-circulation of two sub-lineages of highly pathogenic avian influenza virus of H5N1 subtype in Northern Europe in 2006. *Virus Genes* **36**(1): 117-125.

## 10 Anhang

### 10.1 Tabellenverzeichnis

<b>Tabelle 1:</b> Vorkommen von niedrigpathogenen aviären Influenzavirus-Subtypen bei Entenvögeln ( <i>Anseriformes</i> ) in Langzeitstudien.....	18
<b>Tabelle 2:</b> Nachweise von HPAI H5N1 bei Wildvögeln, modifiziert nach Feare (2010) u. Brown (2010).....	24
<b>Tabelle 3:</b> Risikoarten nach Veen <i>et al.</i> (2007) und Zielgruppe an Wildvögeln entsprechend Beschluss 2010/367/EU (Anonym 2010a) im Vergleich (HRS, Hochrisikospezies).....	26
<b>Tabelle 4:</b> Beispiele für den Einsatz von Sentinel-Überwachungsprogrammen, modifiziert nach Racloz <i>et al.</i> (2007).....	36
<b>Tabelle 5:</b> Im Land Brandenburg (BB) vorkommende Vogelordnungen, Familien und Anzahl der Arten nach Roter Liste und Liste der Brutvögel Brandenburgs (Ryslavy <i>et al.</i> 2008).....	38
<b>Tabelle 6:</b> Populationsgrößen von in Brandenburg brütenden und überwinternden Vögeln ausgewählter Vogelarten nach Angaben aus Roter Liste und Liste der Brutvögel Brandenburgs (Ryslavy <i>et al.</i> 2008) und Berichten der Vogelwarte Hiddensee: Vogelzug in Ostdeutschland, I. Wasservögel, Teil 1 (Heinicke und Köppen 2007).....	41
<b>Tabelle 7:</b> Brut- und Migrationsstatus ausgewählter Vogelarten in Brandenburg; nach Heinicke und Köppen (2007), ABBO (2001) und Barthel und Helbig (2005) (S, Standvogel; T, Teilzieher; K, Kurzstreckenzieher; M, Mittelstreckenzieher; L, Langstreckenzieher).....	45
<b>Tabelle 8:</b> Beprobungsumfang an Wildvögeln im Untersuchungszeitraum 2006-2010 in Brandenburg.....	50
<b>Tabelle 9:</b> Dauer der Untersuchungsmethoden zur Diagnostik der aviären Influenzaviren nach den Ausführungen der Methodensammlung des FLI (2011a).....	58
<b>Tabelle 10:</b> Beprobungsumfang an Wasservögeln im Untersuchungszeitraum 2006-2010 in Brandenburg.....	61

---

<b>Tabelle 11:</b> Verteilung des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg nach Monitoringklassen, länger tot entspricht einer bereits eingetretenen Autolyse. ....	62
<b>Tabelle 12:</b> Monatliche Verteilung des Wildvogelmonitorings 2006 bis 2010 in Brandenburg mit HPAIV H5N1-Prävalenz und Konfidenzintervallen. ....	65
<b>Tabelle 13:</b> HPAIV H5N1-Nachweise bei allen betroffenen Wildvogelarten 2006 in Brandenburg mit Prävalenzen und Konfidenzintervallen bezogen auf den Zeitraum 2006-2010. ....	67
<b>Tabelle 14:</b> Wildvogelmonitoring 2006-2010 in Brandenburg mit HPAIV H5N1-Prävalenzen und Konfidenzintervallen bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel, länger tot entspricht einer bereits eingetretenen Autolyse. ....	69
<b>Tabelle 15:</b> Monatliche Verteilung der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen 2006-2010 in Brandenburg. ....	70
<b>Tabelle 16:</b> Anzahl an Untersuchungen im Wildvogelmonitoring mit NPAIV-Prävalenz und Konfidenzintervallen bezogen auf die einzelnen Vogelordnungen 2006-2010 in Brandenburg. ....	73
<b>Tabelle 17:</b> Anzahl an Untersuchungen im Wildvogelmonitoring mit Prävalenz und Konfidenzintervallen aus der Ordnung der Entenvögel ( <i>Anseriformes</i> ) 2006-2010 in Brandenburg. ....	74
<b>Tabelle 18:</b> NPAIV-Nachweise und Subtypenbestimmung aller im Wildvogelmonitoring positiven Vogelspezies 2006-2010 in Brandenburg. ....	76
<b>Tabelle 19:</b> Verwandtschaften nachgewiesener NPAIV mit bereits bekannten Virusgenomen (Hx, Nx, Subtyp nicht bestimmbar; n.d., nicht durchgeführt). ....	77
<b>Tabelle 20:</b> Regionale Verteilung der Proben mit NPAIV-Prävalenz und Konfidenzintervallen bei der Stockente 2006-2010 in Brandenburg. ....	79
<b>Tabelle 21:</b> Regionale Verteilung der Proben mit NPAIV Prävalenz und Konfidenzintervallen bei der Blessralle 2006-2010 in Brandenburg (n.a.=nicht auswertbar). ....	82
<b>Tabelle 22:</b> Regionale Verteilung der NPAIV-Prävalenz in den einzelnen Landkreisen 2006-2010 in Brandenburg. ....	87
<b>Tabelle 23:</b> Einsatz von Sentinel-Stockenten während des Beprobungszeitraumes Oktober 2008 bis Oktober 2010. ....	90

<b>Tabelle 24:</b> Probennahmetage und NPAIV-Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee im Untersuchungszeitraum (R, Rachentupfer; K, Kloakentupfer; Hx, H-Subtyp nicht bestimmbar).....	91
<b>Tabelle 25:</b> Nachweisraten bei den Sentinelstockenten bezogen auf die verschiedenen Probenmatrices. ....	92
<b>Tabelle 26:</b> Am FLI vorgenommene Subtypenbestimmung der AIV positiven Proben der Stockenten in der Sentinelanlage am Felchowsee im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 (Hx, H-Subtyp nicht bestimmbar, Angaben in der rRT-PCR als Ct-Werte; Ct, Threshold cycle). ....	93
<b>Tabelle 27:</b> Probennahmetage und AI-Antikörpernachweise der Sentinelstockenten am Felchowsee im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010.....	94
<b>Tabelle 28:</b> Zeitlicher Verlauf der AIV- und AI-AK- Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee bezogen auf die einzelnen Stockenten im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010. ....	96
<b>Tabelle 29:</b> Beobachtete Wildvögel je Pentade (max. Anzahl an Pentaden = 150) im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (S, Standvogel; T, Teilzieher; K, Kurzstreckenzieher; M, Mittelstreckenzieher; L, Langstreckenzieher).....	98
<b>Tabelle 30:</b> In Deutschland nachgewiesene AIV im Zeitraum 1971-2007 (Ottis und Bachmann 1983; Süss <i>et al.</i> 1994; Kaleta und Honicke 2005; Globig 2007).....	111
<b>Tabelle 31:</b> Im Rahmen des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg untersuchte Wildvögel.....	179
<b>Tabelle 32:</b> Befunde von HPAIV und NPAIV des Wildvogelmonitorings (K, Kloakentupfer; R, Rachentupfer; RT, Kombitupfer; T, Tupfer; Isolat, Virusisolat; n.d., nicht getestet; n.b., nicht bestimmbar; H5N1, HPAIV H5N1; sonstige H5- und H7-Subtypen, NPAIV; PCR-Ergebnisse als Threshold cycle (Ct)-Werte: +++++, Ct≤19; +++, Ct 20-24; ++, Ct 25-29; +, Ct 30-35; (+), Ct 36-39; neg, negativ).....	183
<b>Tabelle 33:</b> AIV-Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee von Oktober 2008 bis Oktober 2010 (PCR mit Angaben als Threshold cycle (Ct)-Werte; n.b., nicht bestimmbar; neg, negativ).....	187
<b>Tabelle 34:</b> Auswahl an beobachteten Wildvögeln nach Art und Anzahl des Auftretens am Felchowsee gesamt sowie direkt am bzw. im Gehege der Sentinelanlage (*), nach Veen <i>et al.</i> (2007) und UGSG (2011); H5N1, HPAIV H5N1; BB, Land Brandenburg).....	192

**Tabelle 35:** Beobachtung und besondere Ereignisse am Felchowsee im Untersuchungszeitraum 2008-2010 (rote Probennahmedaten entsprechen Probennahmen mit AIV positiven Befunden bei den Sentinelstockenten) ..... 195

**Tabelle 36:** Im HAH verwendete Referenz-Antigene (H1-H4, H6, H8-11, H13 und H16 bereitgestellt vom NRL des FLI).....200

## 10.2 Abbildungsverzeichnis

**Abbildung 1:** Aufbau des Influenzavirus (Quelle: [www.medizinische-zyklopaedie.de/medizin/952.html](http://www.medizinische-zyklopaedie.de/medizin/952.html), mit Genehmigung von: O. Hauptstock, Deutscher Infografikdienst/[www.infografikdienst.de](http://www.infografikdienst.de))..... 10

**Abbildung 2:** Untersuchungsgang zum direkten Erregernachweis bei Geflügelpest gemäß EU-Diagnostikhandbuch (Anonym 2006b), modifiziert durch das NRL FLI (FLI 2011a) (H/HA, Hämagglutinin; N/NA, Neuraminidase; M, Matrixprotein; RT PCR, Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction; rRT PCR, Real-Time Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction; IC2, interne heterologe Kontroll-RNA; HAH, Hämagglutinationshemmungstest; IVPI, Intravenöser Pathogenitätstest; LPAIV, Low Pathogenic Avian Influenzavirus; HPAIV, High Pathogenic Avian Influenzavirus)..... 15

**Abbildung 3:** Übertragung der aviären Influenza zwischen den verschiedenen Wirten nach Kalthoff (2010), mit Genehmigung von D. Kalthoff. ....32

**Abbildung 4:** Verbreitungskarte der europäischen Unterart der Krickente (*Ana crecca crecca*); hellgrün: Brutgebiet, blau: Winterquartier, dunkelgrün: ganzjähriger Aufenthalt (Quelle: <http://de.wikipedia.org/wiki/Krickente>).....43

**Abbildung 5:** Wildvogelfangmethoden zwecks Probennahme: A) Kanonennetze und B) Reusenfanganlagen (Quelle: B. Block, LUGV Brandenburg). ....48

**Abbildung 6:** Grundriss der Sentinelanlage am Felchowsee.....52

**Abbildung 7:** Ablaufschema zur virologischen Diagnostik im LLBB und am NRL des FLI (H, Hämagglutinin; N, Neuraminidase; PAN HA, PAN Hämagglutinin; PAN NA, PAN Neuraminidase; M, Matrixprotein; RT PCR, Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction; rRT PCR, Real-Time-RT PCR; IVPI, Intravenöser Pathogenitätstest; NPAIV, Niedrig Pathogenes Aviäres Influenzavirus; HPAIV, Hoch Pathogenes Aviäres Influenzavirus; Ct-Wert, Threshold cycle-Wert).....56

<b>Abbildung 8:</b> Zeitliche Verteilung des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg.....	61
<b>Abbildung 9:</b> Regionale Verteilung der Beprobungsorte des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg mit Angaben zu NPAIV- und HPAIV-Befunden (BAR, Landkreis (LK) Barnim; BRB, Stadt Brandenburg; CB, Stadt Cottbus; EE, LK Elbe-Elster; FF, Stadt Frankfurt/Oder; HVL, LK Havelland; LDS, LK Dahme-Spreewald; LOS, LK Oder-Spree; MOL, LK Märkisch-Oderland; OHV, LK Oberhavel; OPR, LK Ostprignitz-Ruppin; OSL, LK Oberspreewald-Lausitz; P, Stadt Potsdam; PM, LK Potsdam-Mittelmark; PR, LK Prignitz; SPN, LK Spree-Neiße; TF, LK Teltow-Fläming; UM, LK Uckermark).....	63
<b>Abbildung 10:</b> Anteil einzelner Vogelordnungen am Gesamtspektrum des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg (n=8.290).....	64
<b>Abbildung 11:</b> Monatliche Verteilung der HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen <b>2006</b> in Brandenburg .....	66
<b>Abbildung 12:</b> Monatliche Verteilung der HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen <b>2007</b> in Brandenburg. ....	66
<b>Abbildung 13:</b> HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen bei allen betroffenen Vogelarten bezogen auf den Untersuchungszeitraum 2006-2010.....	68
<b>Abbildung 14:</b> HPAIV H5N1-Prävalenz mit Konfidenzintervallen bezogen auf den Zustand der untersuchten Vögel im Zeitraum 2006-2010 in Brandenburg. ....	69
<b>Abbildung 15:</b> Monatliche Verteilung der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen <b>2006-2010</b> in Brandenburg.....	71
<b>Abbildung 16:</b> Zeitliche Verteilung der NPAIV-Befunde bei den untersuchten Wildvögeln 2006-2010 in Brandenburg.....	71
<b>Abbildung 17:</b> Monatliche Verteilung der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen <b>2007</b> in Brandenburg.....	72
<b>Abbildung 18:</b> NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen aller positiven Wildvogelarten 2006-2010 in Brandenburg.....	75
<b>Abbildung 19:</b> Monatliche Verteilung der Proben mit NPAIV-Prävalenz bei der Stockente 2006-2010 in Brandenburg.....	78

---

<b>Abbildung 20:</b> Geographische Verteilung der beprobten Stockenten und NPAIV positiven Befunde 2006-2010 in Brandenburg (BAR, Landkreis (LK) Barnim; BRB, Stadt Brandenburg; CB, Stadt Cottbus; EE, LK Elbe-Elster; FF, Stadt Frankfurt/Oder; HVL, LK Havelland; LDS, LK Dahme-Spreewald; LOS, LK Oder Spree; MOL, LK Märkisch-Oderland; OHV, LK Oberhavel; OPR, LK Ostprignitz-Ruppin; OSL, LK Oberspreewald-Lausitz; P, Stadt Potsdam; PM, LK Potsdam-Mittelmark; PR, LK Prignitz; SPN, LK Spree-Neiße; TF, LK Teltow-Fläming; UM, LK Uckermark). .....	80
<b>Abbildung 21:</b> Monatliche Verteilung der Proben mit NPAIV-Prävalenzen bei der Blessralle 2006-2010 in Brandenburg. ....	81
<b>Abbildung 22:</b> Geographische Verteilung der beprobten Blessralen und NPAIV positiven Befunde 2006-2010 in Brandenburg (BAR, Landkreis (LK) Barnim; BRB, Stadt Brandenburg; CB, Stadt Cottbus; EE, LK Elbe-Elster; FF, Stadt Frankfurt/Oder; HVL, LK Havelland; LDS, LK Dahme-Spreewald; LOS, LK Oder Spree; MOL, LK Märkisch-Oderland; OHV, LK Oberhavel; OPR, LK Ostprignitz-Ruppin; OSL, LK Oberspreewald-Lausitz; P, Stadt Potsdam; PM, LK Potsdam-Mittelmark; PR, LK Prignitz; SPN, LK Spree-Neiße; TF, LK Teltow-Fläming; UM, LK Uckermark). ....	83
<b>Abbildung 23:</b> Vergleich der NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen von Stockente und Blessralle 2006-2010 in Brandenburg. ....	84
<b>Abbildung 24:</b> NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen der untersuchten Wildvögel bezogen auf den Zustand 2006-2010 in Brandenburg. ....	85
<b>Abbildung 25:</b> NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen der untersuchten Wildvögel bezogen auf die Probenart 2006-2010 in Brandenburg. ....	86
<b>Abbildung 26:</b> Anzahl untersuchter Wildvögel und NPAIV-Prävalenz je Landkreis in Brandenburg 2006-2010. ....	88
<b>Abbildung 27:</b> NPAIV-Prävalenz mit Konfidenzintervallen der untersuchten Wildvögel nach Gebieten 2006-2010 in Brandenburg (BB, Land Brandenburg). ....	89
<b>Abbildung 28:</b> Sentinelanlage A) im Sommer und B) im Winter. ....	90
<b>Abbildung 29:</b> Zeitlicher Verlauf der AIV- und AK-Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010. ....	95
<b>Abbildung 30:</b> Anzahl beobachteter Vogelarten je Monat im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Arten: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben). ....	99

- Abbildung 31:** Anzahl beobachteter Vögel je Monat im Untersuchungszeitraum Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Arten: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben)..... 100
- Abbildung 32:** Vergleich der AIV- und AI-AK-Befunde der Sentinelstockenten mit der Anzahl der aufgetretenen Vogelarten im Verlauf des Untersuchungszeitraumes Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Arten: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben)..... 102
- Abbildung 33:** Vergleich der AIV- und AI-AK-Befunde der Sentinelstockenten mit der Anzahl der aufgetretenen Wildvögel im Verlauf des Untersuchungszeitraumes Oktober 2008-Oktober 2010 am Felchowsee (wassergebundene Vögel: Wasservögel, Reiher, Lappentaucher, Rallenvögel, Watvögel, Möwen und Seeschwalben). ..... 102
- Abbildung 34:** AIV positive Befunde im Zeitverlauf während des Betriebes der Sentinelanlage am Felchowsee vom 2008 bis Oktober 2010 bezogen auf besondere Ereignisse in der Wildvogelpopulation am Felchowsee. .... 126
- Abbildung 35:** Brutansiedlung bzw. Brutzeitfunde von in Ostdeutschland erbrüteten Blesrallen (grün: Fund außerhalb der Brutzeit, rot: Fund in der Brutzeit Mai bis August, dunkelgrüne Kreise: Januar + Februar, dunkelgrüne Dreiecke: März + April, rote Kreise: Mai + Juni, rote Dreiecke: Juli+ August, hellgrüne Dreiecke: September + Oktober, hellgrüne Kreise: November + Dezember, Quelle: U. Heinicke, Landesamt für Umwelt, Naturschutz und Geologie Mecklenburg-Vorpommern, unveröffentlicht)..... 128
- Abbildung 36:** Wiederfunde im Ausland von im Arbeitsbereich der Beringungszentrale Hiddensee beringten Stockenten *Anas platyrhynchos* (grün: Fund außerhalb der Brutzeit, rot: Fund in der Brutzeit Mai bis August, dunkelgrüne Kreise: Januar + Februar, dunkelgrüne Dreiecke: März + April, rote Kreise: Mai + Juni, rote Dreiecke: Juli+ August, hellgrüne Dreiecke: September + Oktober, hellgrüne Kreise: November + Dezember) aus: Berichte der Vogelwarte Hiddensee: Vogelzug in Ostdeutschland I: Wasservögel, Teil 1: Entenvögel, Lappen- und Seetaucher, Kormorane, Löffler und Reiher (Heinicke und Köppen 2007). .... 131

### 10.3 Abkürzungsverzeichnis

AAF	Amnion-Allantoisflüssigkeit
AF	Allantoisflüssigkeit
AGPT	Agargelpräzipitationstest
AHO	Animal Health online
AI	Aviäre Influenza
AI-DB	Datenbank zur Erfassung des Wildvogelmonitorings in Deutschland
AIV	Aviäre Influenzaviren
BAR	Landkreis Barnim
BB	Bundesland Brandenburg
BP	Brutpaare
BRB	Brandenburg/Stadt
Bsp.	Beispiel
BZH	Beringungszentrale Hiddensee
Ct-Wert	Threshold Cycle-Wert
DIVA	Differentiate Infected from Vaccinated Animals
EE	Landkreis Elbe-Elster
ELISA	Enzyme-linked Immunosorbent Assay
FAO	Food Agriculture Organization
FFO	Frankfurt/Oder
FLI	Friedrich-Löffler-Institut
H/HA	Hämagglutinin
HA/HAT	Hämagglutination/Hämagglutinationstest
HAH	Hämagglutinationshemmungstest
HPAI	Hochpathogene aviäre Influenza
HPAIV	Hochpathogene aviäre Influenzaviren
HRS	Hochrisikospezies
HVL	Landkreis Havelland
IVPI	Intravenöser Pathogenitätsindex
LLBB	Landeslabor Berlin-Brandenburg
LDS	Landkreis Dahme-Spreewald

---

LOS	Landkreis Oder-Spree
max.	maximal
MOL	Landkreis Märkisch-Oderland
MV	Mecklenburg-Vorpommern
N/NA	Neuraminidase
n. b.	nicht bestimmbar
n.d.	nicht durchgeführt, nicht getestet
NDV	Newcastle Disease Virus
NP	Nukleokapsidprotein
NPAI	Niedrigpathogene aviäre Influenza
NPAIV	Niedrigpathogene aviäre Influenzaviren
NRL	Nationales Referenzlabor
Nx	Neuraminidase-Subtyp nicht bestimmbar
OIE	Office International des Epizooties, Internationales Tierseuchenamt
OPR	Landkreis Ostprignitz-Ruppin
OSL	Landkreis Oder-Spree
PM	Landkreis Potsdam-Mittelmark
Pdm	Potsdam/Stadt
PR	Landkreis Prignitz
RL	Richtlinie
RNA	Ribonucleic Acid
RNP	Ribonukleoprotein
RT-PCR	Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction
rRT-PCR	Real-Time Reverse Transcription Polymerase-Chain-Reaction
SPF	spezifisch pathogen frei
SPN	Landkreis Spree-Neiße
TF	Landkreis Teltow-Fläming
TSN	Tierseuchennachrichten
UM	Landkreis Uckermark
WHO	World Health Organisation
z. B.	zum Beispiel

## 10.4 Untersuchungsergebnisse im Rahmen des Wildvogelmonitorings 2006-2010

**Tabelle 31:** Im Rahmen des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg untersuchte Wildvögel.

Vogelart	Anzahl Unters.	Anteil an Unters. in %	Anzahl NPAIV positiv	Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
Zwergtaucher ( <i>Tachybaptus ruficollis</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Haubentaucher ( <i>Podiceps cristatus</i> )	20	0,24	1	5,00	0,1265-24,8733
Rothalstaucher ( <i>Podiceps grisegena</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Schwarzhalstaucher ( <i>Podiceps nigricollis</i> )	11	0,13	0	0,00	0-28,4914
Taucher	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Kormoran ( <i>Phalacrocorax carbo</i> )	471	5,68	1	0,21	0,0054-1,1772
Rohrdommel ( <i>Botaurus stellaris</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Zwergdommel ( <i>Ixobrychus minutus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Graureiher ( <i>Ardea cinerea</i> )	189	2,28	0	0,00	0-1,9329
Reiher	13	0,16	0	0,00	0-24,7053
Weißstorch ( <i>Ciconia ciconia</i> )	81	0,98	0	0,00	0-4,452
Storch	28	0,34	0	0,00	0-12,3436
Schwarzstorch ( <i>Ciconia nigra</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Höckerschwan ( <i>Cygnus olor</i> )	155	1,87	1	0,65	0,0163-3,542
Schwan	272	3,28	1	0,37	0,0093-2,0313
Singschwan ( <i>Cygnus cygnus</i> )	116	1,40	5	4,31	1,4142-9,7725
Saatgans ( <i>Anser fabalis</i> )	408	4,92	4	0,98	0,2678-2,491
Blessgans ( <i>Anser albifrons</i> )	367	4,43	0	0,00	0-1,0001
Graugans ( <i>Anser anser</i> )	139	1,68	0	0,00	0-2,619
Kanadagans ( <i>Branta canadensis</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Brandgans ( <i>Tadorna tadorna</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Wildgans	143	1,72	1	0,70	0,0177-3,8345
Pfeifente ( <i>Anas penelope</i> )	12	0,14	0	0,00	0-26,4648
Schnatterente ( <i>Anas strepera</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Krickente ( <i>Anas crecca</i> )	50	0,60	0	0,00	0-7,1122
Stockente ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	659	7,95	41	6,22	4,5013-8,3459
Spießente ( <i>Anas acuta</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Knäkente ( <i>Anas querquedula</i> )	36	0,43	0	0,00	0-9,7394
Brautente ( <i>Aix sponsa</i> )	18	0,22	1	5,56	0,1406-27,2944
Moorente ( <i>Aythya nyroca</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Reiherente ( <i>Aythya fuligula</i> )	6	0,07	0	0,00	0-45,9258
Eiderente ( <i>Somateria mollissima</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Schellente ( <i>Bucephala clangula</i> )	6	0,07	0	0,00	0-45,9258
Wildente	512	6,18	5	0,98	0,3178-2,2642
Zwergsäger ( <i>Mergellus albellus</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Gänsesäger ( <i>Mergus merganser</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Säger	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Fischadler ( <i>Pandion haliaetus</i> )	150	1,81	0	0,00	0-2,4293
Seeadler ( <i>Haliaeetus albicilla</i> )	28	0,34	0	0,00	0-12,3436
Wespenbussard ( <i>Pernis apivorus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Mäusebussard ( <i>Buteo buteo</i> )	259	3,12	0	0,00	0-1,4142
Rauhfußbussard ( <i>Buteo lagopus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Bussard	258	3,11	4	1,55	0,424-3,9218
Schwarzmilan ( <i>Milvus migrans</i> )	27	0,33	0	0,00	0-12,7703
Rotmilan ( <i>Milvus milvus</i> )	43	0,52	0	0,00	0-8,2211
Milan	2	0,02	0	0,00	0-84,1886

Vogelart	Anzahl Unters.	Anteil an Unters. in %	Anzahl NPAIV positiv	Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
Rohrweihe ( <i>Circus aeruginosus</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Wiesenweihe ( <i>Circus pygargus</i> )	9	0,11	0	0,00	0-33,6267
Habicht ( <i>Accipiter gentilis</i> )	73	0,88	0	0,00	0-4,9277
Sperber ( <i>Accipiter nisus</i> )	137	1,65	0	0,00	0-2,6567
Turmfalke ( <i>Falco tinnunculus</i> )	148	1,79	0	0,00	0-2,4617
Baumfalke ( <i>Falco subbuteo</i> )	5	0,06	0	0,00	0-52,1824
Merlin ( <i>Falco columbarius</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Wanderfalke ( <i>Falco peregrinus</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Falke	65	0,78	0	0,00	0-5,5172
Greifvogel	180	2,17	0	0,00	0-2,0285
Wachtel ( <i>Coturnix coturnix</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Fasan ( <i>Phasianus colchicus</i> )	48	0,58	0	0,00	0-7,3973
Rebhuhn ( <i>Perdix perdix</i> )	7	0,08	0	0,00	0-40,9616
Moorschneehuhn ( <i>Lagopus lagopus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Wasserralle ( <i>Rallus aquaticus</i> )	40	0,48	0	0,00	0-8,8097
Teichhuhn ( <i>Gallinula chloropus</i> )	8	0,10	0	0,00	0-36,9417
Blessralle ( <i>Fulica atra</i> )	808	9,75	24	2,97	1,9122-4,3875
Tüpfelsumpfhuhn ( <i>Porzana porzana</i> )	42	0,51	0	0,00	0-8,4084
Wachtelkönig ( <i>Crex crex</i> )	255	3,08	0	0,00	0-1,4362
Ralle	89	1,07	0	0,00	0-4,0601
Kranich ( <i>Grus grus</i> )	85	1,03	0	0,00	0-4,247
Großtrappe ( <i>Otis tarda</i> )	17	0,21	0	0,00	0-19,5064
Flußregenpfeifer ( <i>Charadrius dubius</i> )	6	0,07	0	0,00	0-45,9258
Sandregenpfeifer ( <i>Charadrius hiaticula</i> )	26	0,31	0	0,00	0-13,2275
Goldregenpfeifer ( <i>Pluvialis apricaria</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Kiebitz ( <i>Vanellus vanellus</i> )	16	0,19	0	0,00	0-20,5907
Zwergstrandläufer ( <i>Calidris minuta</i> )	29	0,35	0	0,00	0-11,9445
Sichelstrandläufer ( <i>Calidris ferruginea</i> )	12	0,14	0	0,00	0-26,4648
Alpenstrandläufer ( <i>Calidris alpina</i> )	163	1,97	0	0,00	0-2,2377
Kampfläufer ( <i>Philomachus pugnax</i> )	33	0,40	0	0,00	0-10,5763
Zwergschnepfe ( <i>Lymnocyptes minimus</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Bekassine ( <i>Gallinago gallinago</i> )	57	0,69	0	0,00	0-6,2667
Waldschnepfe ( <i>Scolopax rusticola</i> )	5	0,06	0	0,00	0-52,1824
Großer Brachvogel ( <i>Numenius arquata</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Dunkler Wasserläufer ( <i>Tringa erythropus</i> )	21	0,25	0	0,00	0-16,1098
Rotschenkel ( <i>Tringa totanus</i> )	13	0,16	0	0,00	0-24,7053
Grünschenkel ( <i>Tringa nebularia</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Waldwasserläufer ( <i>Tringa ochropus</i> )	5	0,06	0	0,00	0-52,1824
Bruchwasserläufer ( <i>Tringa glareola</i> )	114	1,38	0	0,00	0-3,1841
Flussuferläufer ( <i>Actitis hypoleucos</i> )	51	0,62	0	0,00	0-6,9777
Temminckstrandläufer ( <i>Calidris temminckii</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Steinwälder ( <i>Arenaria interpres</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Sanderling ( <i>Calidris alba</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Knutt ( <i>Calidris canutus</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Schnepfe	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Lachmöwe ( <i>Larus ridibundus</i> )	116	1,40	0	0,00	0-3,13
Sturmmöwe ( <i>Larus canus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Silbermöwe ( <i>Larus argentatus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Möwe	40	0,48	0	0,00	0-8,8097

Vogelart	Anzahl Unters.	Anteil an Unters. in %	Anzahl NPAIV positiv	Prävalenz in %	Konfidenzintervall in %
Flußseeschwalbe ( <i>Sterna hirundo</i> )	82	0,99	0	0,00	0-4,3989
Weißflügelseeschwalbe ( <i>Chlidonias leucopterus</i> )	6	0,07	0	0,00	0-45,9258
Ringeltaube ( <i>Columba palumbus</i> )	5	0,06	0	0,00	0-52,1824
Türkentaube ( <i>Streptopelia decaocto</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Straßentaube ( <i>Columba livia forma domestica</i> )	14	0,17	0	0,00	0-23,1636
Taube	34	0,41	0	0,00	0-10,2818
Kuckuck ( <i>Cuculus canorus</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Schleiereule ( <i>Tyto alba</i> )	134	1,62	1	0,75	0,0189-4,0877
Uhu ( <i>Bubo bubo</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Waldkauz ( <i>Strix aluco</i> )	69	0,83	0	0,00	0-5,2058
Steinkauz ( <i>Athene noctua</i> )	8	0,10	0	0,00	0-36,9417
Kauz	8	0,10	0	0,00	0-36,9417
Waldohreule ( <i>Asio otus</i> )	47	0,57	0	0,00	0-7,5486
Sumpfohreule ( <i>Asio flammeus</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Eule	37	0,45	0	0,00	0-9,4891
Mauersegler ( <i>Apus apus</i> )	31	0,37	0	0,00	0-11,2189
Eisvogel ( <i>Alcedo atthis</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Wiedehopf ( <i>Upupa epops</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Grünspecht ( <i>Picus viridis</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Schwarzspecht ( <i>Dryocopus martius</i> )	8	0,10	0	0,00	0-36,9417
Buntspecht ( <i>Dendrocopos major</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Specht	9	0,11	0	0,00	0-33,6267
Feldlerche ( <i>Alauda arvensis</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Rauchschwalbe ( <i>Hirundo rustica</i> )	10	0,12	0	0,00	0-30,8497
Mehlschwalbe ( <i>Delichon urbicum</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Schwalbe	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Wiesenpieper ( <i>Anthus pratensis</i> )	5	0,06	0	0,00	0-52,1824
Bachstelze ( <i>Motacilla alba</i> )	5	0,06	0	0,00	0-52,1824
Seidenschwanz ( <i>Bombycilla garrulus</i> )	10	0,12	0	0,00	0-30,8497
Amsel ( <i>Turdus merula</i> )	25	0,30	0	0,00	0-13,7185
Wacholderdrossel ( <i>Turdus pilaris</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Singdrossel ( <i>Turdus philomelos</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Drossel	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Feldschwirl ( <i>Locustella naevia</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Rohrschwirl ( <i>Locustella luscinioides</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Schilfrohrsänger ( <i>Acrocephalus schoenobaenus</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Teichfrohrsänger ( <i>Acrocephalus scirpaceus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Gartengrasmücke ( <i>Sylvia borin</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Mönchsgrasmücke ( <i>Sylvia atricapilla</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Grauschnäpper ( <i>Muscicapa striata</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Bartmeise ( <i>Panurus biarmicus</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Kohlmeise ( <i>Parus major</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Meise	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Kleiber ( <i>Sitta europaea</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Neuntöter ( <i>Lanius collurio</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Eichelhäher ( <i>Garrulus glandarius</i> )	35	0,42	0	0,00	0-10,0032
Elster ( <i>Pica Pica</i> )	32	0,39	0	0,00	0-10,8881
Dohle ( <i>Corvus monedula</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5

Vogelart	Anzahl Unters.	Anteil an Unters. in %	Anzahl NPAIV positiv	Präva- lenz in %	Konfidenzintervall in %
Nebelkrähe ( <i>Corvus corone cornix</i> )	142	1,71	0	0,00	0-2,5643
Saatkrähe ( <i>Corvus frugilegus</i> )	55	0,66	0	0,00	0-6,4871
Rabenkrähe ( <i>Corvus corone corone</i> )	3	0,04	0	0,00	0-70,7598
Aaskrähe ( <i>Corvus corone</i> )	6	0,07	0	0,00	0-45,9258
Krähe	28	0,34	0	0,00	0-12,3436
Kolkrabe ( <i>Corvus corax</i> )	54	0,65	0	0,00	0-6,6032
Star ( <i>Sturnus vulgaris</i> )	12	0,14	0	0,00	0-26,4648
Hausperling ( <i>Passer domesticus</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Sperling	23	0,28	0	0,00	0-14,8185
Buchfink ( <i>Fringilla coelebs</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Grünfink ( <i>Carduelis chloris</i> )	9	0,11	0	0,00	0-33,6267
Fink	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Stieglitz ( <i>Carduelis carduelis</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Erlenzeisig ( <i>Carduelis spinus</i> )	6	0,07	0	0,00	0-45,9258
Zeisig	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Gimpel ( <i>Pyrrhula pyrrhula</i> )	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Kernbeißer ( <i>Coccothraustes coccothraustes</i> )	4	0,05	0	0,00	0-60,2365
Rohrhammer ( <i>Emberiza schoeniclus</i> )	2	0,02	0	0,00	0-84,1886
Wasservogel	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Sonstige Vögel	1	0,01	0	0,00	0-97,5
Gesamt	8.290	100,00	90	1,09	0,8739-1,3328

### 10.5 AIV-Befunde des Wildvogelmonitorings 2006-2010 in Brandenburg

**Tabelle 32:** Befunde von HPAIV und NPAIV des Wildvogelmonitorings (K, Kloakentupfer; R, Rachentupfer; RT, Kombitupfer; T, Tupfer; Isolat, Virusisolat; n.d., nicht getestet; n.b., nicht bestimmbar; H5N1, HPAIV H5N1; sonstige H5- und H7-Subtypen, NPAIV; PCR-Ergebnisse als Threshold cycle (Ct)-Werte: +++, Ct≤19; +, Ct 20-24; ++, Ct 25-29; +, Ct 30-35; (+), Ct 36-39; neg, negativ).

Eingang LLBB FFO	Vogelart	Zustand	Herfunftsgebiet	Befund LLBB FFO	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Unters.- material	Probenart für FLI	AIV- Real-time RT- PCR				Subtyp
									M	H5	H7	N1	
15.02.2006	Blessralle	tot	Schorfheide	AI pos	UGF 90/6	R1488	Organe	Isolat	+	neg	neg	neg	H10N8
15.02.2006	Blessralle	tot	Schorfheide	AI pos	UGF 90/8	R1489	Organe	Isolat	+	neg	neg	neg	H10N8
15.02.2006	Blessralle	tot	Schorfheide	AI pos	UGF 90/10	R1490	Organe	Isolat	+	neg	neg	neg	H10N8
24.02.2006	Haubentaucher	tot	Potsdam/Stadt	AI pos	UGF 253	R458	Organe	Organe	+	neg	n.d.	neg	n. b.
21.02.2006	Höckerschwan	tot	Schwedt/Oder	AI pos	UGF 331	R631	Organe	Organe	+++	+++	n.d.	++	H5N1
21.02.2006	Wildente	tot	Schwedt/Oder	AI pos	UGF 332/1	R517	Organe	Organe	+	++	n.d.	+	H5N1
24.02.2006	Blessralle	tot	Wandlitz	AI pos	UGF 442	R655	Tupfer	Tupfer	++	++	n.d.	++	H5N1
24.02.2006	Schwan	tot	Oderau	AI pos	UGF 443	R654	Tupfer	Tupfer	++	++	n.d.	++	H5N1
24.02.2006	Kormoran	tot	Friesack	AI pos	UGF 445	R678	Organe	Organe	neg	neg	n.d.	neg	H5N1
01.03.2006	Bussard	tot	Brückermark	AI pos	UGF 453	R679	Organe	Organe	neg	neg	neg	neg	n. b.
01.03.2006	Turmfalke	tot	Brück	AI pos	UGF 454	R680	Organe	Organe	+	(+)	n.d.	(+)	H5N1
06.03.2006	Schwan	tot	Bad Freienwalde	AI pos	UGF 527	R736	Tupfer	Isolat	+	neg	++	neg	H7Nx
07.03.2006	Wildgans	tot	Schwedt/Oder	AI pos	UGF 682	R752	Isolat	Isolat	++	neg	++	neg	H7Nx
07.03.2006	Wildgans	tot	Oderberg	AI pos	UGF 709	R753	Tupfer	Tupfer	++	++	n.d.	++	H5N1
08.03.2006	Singschwan	tot	Schwedt/Oder	AI pos	UGF 811	R788	Tupfer	Tupfer	+	+	n.d.	+	H5N1
08.03.2006	Singschwan	tot	Criewen	AI pos	UGF 822	R789	Tupfer	Tupfer	+	+	n.d.	+	H5N1
08.03.2006	Höckerschwan	tot	Criewen	AI pos	UGF 841	R790	Tupfer	Tupfer	+	+	n.d.	+	H5N1
10.03.2006	Höckerschwan	tot	Criewen	AI pos	UGF 885	R806	Tupfer	Tupfer	+	+	n.d.	+	H5N1
15.03.2006	Bussard	tot	Criewen	AI pos	UGF 967	R861	Organe	Organe	+	+	n.d.	+	H5N1
15.03.2006	Höckerschwan	tot	Stützkow	AI pos	UGF 969	R862	Organe	Organe	+	++	n.d.	+	H5N1
15.03.2006	Singschwan	tot	Criewen	AI pos	UGF 973	R863	Organe	Organe	+	++	n.d.	+	H5N1
16.03.2006	Graugans	tot	Grünheide	AI pos	UGF 1064	R864	Organe	Organe	+	++	n.d.	+	H5N1
21.03.2006	Schleiereule	tot	Pessin	AI pos	UGF1130	R1492	AAF	AAF	+	neg	n.d.	neg	H3N2
24.03.2006	Kormoran	tot	Potsdam/Stadt	AI pos	UGF 1132/2	R876	Tupfer	Tupfer	neg	neg	n.d.	neg	n. b.
24.03.2006	Bussard	tot	Lübben	H5?	UGF 1138	R928	Tupfer	Tupfer	neg	neg	n.d.	neg	n. b.
24.03.2006	Wildente	tot	Saarmund	AI pos	UGF 1145/2	R926	Tupfer	Tupfer	+	neg	n.d.	neg	n. b.
24.03.2006	Wildente	tot	Saarmund	AI pos	UGF 1145/3	R927	Tupfer	Tupfer	neg	neg	n.d.	neg	n. b.

Eingang LLBB FFO	Vogelart	Zustand	Herfungsgebiet	Befund LLBB FFO	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Unters.- material	Probenart für FLI	AIV- Real-time RT- PCR				Subtyp
									M	H5	H7	N1	
24.03.2006	Bussard	tot	Straußberg	AI pos	UGF 1172	R929	Tupfer	Tupfer	+	neg	n.d.	neg	n. b.
29.03.2006	Greifvogel	tot	Werbellin	AI pos	UGF 1407	R1074	Organe	Organe	+	+	n.d.	+	H5N1
29.03.2006	Singschwan	tot	Criewen	AI pos	UGF 1409	R1075	Organe	Organe	+	+	n.d.	+	H5N1
04.04.2006	Wildgans	tot	Pitschen-Pickel	AI pos	UGF 1574	R1137	Organe	Organe	+	+	n.d.	+	H5N1
13.04.2006	Bussard	tot	Tasdorf	AI pos	UGF 1704	R1184	Tupfer	Tupfer	++	neg	n.d.	neg	H10Nx
19.04.2006	Storch	tot	Sophienthal	AI pos	UGF 1800	R1239	Organe	Organe	++++	++++	n.d.	++++	H5N1
27.04.2006	Bussard	tot	Altglietzen	AI pos	UGF 1953	R1253	Organe	Organe	+++	++++	n.d.	+++	H5N1
28.04.2006	Storch	tot	Sophienthal	AI pos	UGF 1976	R1251	Organe	Organe	++++	++++	n.d.	++++	H5N1
01.08.2007	Stockente	tot	Luckenwalde	AI pos	UGF 406	R1491	AAF	AAF	+	neg	n.d.	neg	H4N6
18.10.2007	Stockente	lebend	Fürstenberg	AI, non H5, H7, N1	RA 462/2	R2896	KT	KT	+	neg	neg	neg	H3N8
13.11.2007	Stockente	lebend	Groß Kreutz	AI, non H5, H7, N1	RA 512/4	R3000	Organe	Organe	(+)	neg	neg	neg	n. b.
11.12.2007	Saatgans	lebend	Nennhausen	AI, non H5, H7, N1	RA 573/10	R3237	Kot	Kot	++	neg	neg	neg	n. b.
11.12.2007	Saatgans	lebend	Nennhausen	AI, non H5, H7, N1	RA 580/5	R3238	Kot	Kot	(+)	neg	neg	neg	n. b.
11.12.2007	Saatgans	lebend	Nennhausen	AI, non H5, H7, N1	RA 580/7	R3239	Kot	Kot	(+)	neg	neg	neg	n. b.
10.01.2008	Blessralle	lebend	Brandenburg	AI, non H5, H7, N1	RA 72/6	R97	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
10.01.2008	Blessralle	lebend	Brandenburg	AI, non H5, H7, N1	RA 70/4	R98	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
15.01.2008	Höckerschwan	lebend	Fürstenberg	AI, non H5, H7, N1	RA 84	R108	KT	KT	+++	neg	neg	neg	H4Nx
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 483/2	R664/1	RKT	RNA	neg	neg	n.d.	neg	n. b.
17.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 483/2	R664/2	RKT	Tupfer	36,86	37,83	neg	neg	H5Nx
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/40	R665/1	RKT	RNA	34,64	33,02	n.d.	neg	H5Nx
			Peitz	H5	RA 483/40	R665/2	RKT	Tupfer	36,1	37,27	neg	neg	H5Nx
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 483/44	R666/1	RKT	RNA	29,49	neg	neg	neg	n. b.
			Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 483/44	R666/2	RKT	Tupfer	27,04	neg	neg	neg	n. b.
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/47	R667/1	RKT	RNA	34,97	32,4	neg	neg	H5Nx
			Peitz	H5	RA 483/47	R667/2	RKT	Tupfer	31,46	33,55	neg	neg	H5Nx
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 483/54	R668/1	RKT	RNA	33,68	neg	neg	neg	n. b.
			Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 483/54	R668/2	RKT	Tupfer	32,99	neg	neg	neg	n. b.
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/67	R669/1	RKT	RNA	37,94	34,33	neg	neg	H5Nx
			Peitz	H5	RA 483/67	R669/2	RKT	Tupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/70	R670/1	RKT	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
			Peitz	H5	RA 483/70	R670/2	RKT	Tupfer	39,9	38,34	neg	neg	H5Nx
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/76	R671/1	RKT	RNA	37,34	34,35	neg	neg	H5N3

Eingang LLBB FFO	Vogelart	Zustand	Herfungsgebiet	Befund LLBB FFO	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Unters.- material	Probenart für FLI	AIV- Real-time RT- PCR				Subtyp
									M	H5	H7	N1	
			Peitz	H5	RA 483/76	R671/2	RKT	Tupfer	36,18	36,95	neg	neg	H5N3
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/80	R672/1	RKT	RNA	28,92	25,25	neg	neg	H5N3
			Peitz	H5	RA 483/80	R672/2	RKT	Tupfer	27,21	27,89	neg	neg	H5N3
16.09.2008	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 483/82	R673/1	RKT	RNA	28,48	25,19	neg	neg	H5Nx
			Peitz	H5	RA 483/82	R673/2	RKT	Tupfer	26,59	29,42	neg	neg	H5Nx
17.09.2008	Wildente	erlegt	Bad Liebenwerda	AI, non H5, H7, N1	RA 497/2	R684/1	RNA	RNA	37,79	neg	neg	neg	n. b.
17.09.2008	Wildente	erlegt	Bad Liebenwerda	AI, non H5, H7, N1	RA 497/5	R685/1	RNA	RNA	33,32	neg	neg	neg	H9N2
07.10.2008	Saatgans	lebend	Havelaue	AI, non H5, H7, N1	RA 534/6	R894/1	KT	KT	34,36	neg	neg	neg	n. b.
21.10.2008	Wildente	erlegt	Werder (Havel)	AI, non H5, H7, N1	RA 627/3	R1022/1	RNA	RNA	++	neg	neg	neg	H11N9
02.12.2008	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 801/10	R1544	KT	KT	33,37	neg	neg	neg	n. b.
02.12.2008	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 801/11	R1545	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
02.12.2008	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 801/14	R1546	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.12.2008	Singschwan	lebend	Legde/Quitzebel	AI, non H5, H7, N1	RA 818/11	R2324	RNA	RNA	+	neg	neg	neg	H6N5
09.12.2008	Singschwan	lebend	Legde/Quitzebel	AI, non H5, H7, N1	RA 818/47	R2325	RNA	RNA	+	neg	neg	neg	n. b.
09.12.2008	Singschwan	lebend	Legde/Quitzebel	AI, non H5, H7, N1	RA 818/61	R2326	RNA	RNA	(+)	neg	neg	neg	n. b.
09.12.2008	Singschwan	lebend	Legde/Quitzebel	AI, non H5, H7, N1	RA 818/67	R2327	RNA	RNA	+	neg	neg	neg	n. b.
09.12.2008	Singschwan	lebend	Legde/Quitzebel	AI, non H5, H7, N1	RA 818/74	R2328	RNA	RNA	+	neg	neg	neg	n. b.
06.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 2/1	R32/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
08.01.2009	Brautente	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 13/3	R30/1	KT	KT	31,86	neg	32,5	neg	H7N9
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 24/2	R182/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/6	R184/1	KT	KT	31,23	neg	neg	neg	H3N8
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/7	R185/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/10	R186/1	KT	KT	30,8	neg	neg	neg	H3N8
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/11	R187/1	KT	KT	38,74	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/12	R188/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/13	R189/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/14	R190/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 29/15	R191/1	KT	KT	neg	neg	neg	neg	n. b.
13.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 30/3	R183/1	KT	KT	36,89	neg	neg	neg	n. b.
27.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 54/13	R310/1	KT	KT	+	neg	neg	neg	H3N9
27.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 54/14	R311/1	KT	KT	+	neg	neg	neg	H3Nx
27.01.2009	Blessralle	lebend	Schwielowsee	AI, non H5, H7, N1	RA 54/15	R312/1	KT	KT	+	neg	neg	neg	H3N9
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/14	R2451	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	n.b.

Eingang LLBB FFO	Vogelart	Zustand	Herfunftsgebiet	Befund LLBB FFO	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Unters.- material	Probenart für FLI	AIV- Real-time RT- PCR				Subtyp
									M	H5	H7	N1	
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/15	R2452	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	n.b.
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/17	R2453	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	n.b.
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/19	R2454	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	n.b.
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/21	R2455	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	n.b.
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/23	R2456	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	n.b.
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/25	R2457	RKT	RKT	28,97	neg	neg	neg	H6N8
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/27	R2458	RKT	RKT	33,18	neg	neg	neg	n.b.
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 345/55	R2459	RKT	RKT	neg	neg	neg	neg	H4Nx
15.09.2009	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 345/57	R2460	RKT	RKT	33,5	30,37	neg	neg	H5Nx
11.02.2010	Ralle	lebend	Werder/Havel	H7	RA 38/3	R425/1	RKT	RNA	37,8	neg	37	neg	H7
16.02.2010	Blessralle	lebend	Brandenburg	H7	RA 44/2	R424/1	RKT	RNA	37,63	neg	36,9	neg	H7
10.09.2010	Stockente	erlegt	Bad Liebenwerda	AI, non H5, H7, N1	RA 237/2	R1149/1	RT	RNA/T	(+)	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 238/23	R965/1	RKT	RNA/T	+	+	neg	neg	H5Nx
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/24	R966/1	RKT	RNA/T	(+)	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/26	R967/1	RKT	RNA/T	+	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/27	R968/1	RKT	RNA/T	+	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/30	R969/1	RKT	RNA/T	(+)	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/31	R970/1	RKT	RNA/T	+	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/53	R971/1	RKT	RNA/T	+	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/54	R972/1	RKT	RNA/T	neg	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/68	R973/1	RKT	RNA/T	++	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/69	R974/1	RKT	RNA/T	neg	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/7	R964/1	RKT	RNA/T	+	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	AI, non H5, H7, N1	RA 238/72	R975/1	RKT	RNA/T	+	neg	neg	neg	n. b.
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 238/84	R976/1	RKT	RNA/T	+	+	neg	neg	H5N2
14.09.2010	Stockente	erlegt	Peitz	H5	RA 238/89	R977/1	RKT	RNA/T	+	+	neg	neg	H5N2
15.09.2010	Stockente	erlegt	Bad Liebenwerda	AI, non H5, H7, N1	RA 242/5	R1150/1	KT	RNA/T	+	neg	neg	neg	HxN8
26.08.2010	Stockente	frisch tot	Brandenburg	AI, non H5, H7, N1	UGF 272/1	R928	RT	RNA	(+)	neg	neg	neg	H3N8

### 10.6 AIV-Befunde der Stockenten aus der Sentinelanlage am Felchowsee Oktober 2008 bis Oktober 2010

**Tabelle 33:** AIV-Befunde der Sentinelstockenten am Felchowsee von Oktober 2008 bis Oktober 2010 (PCR mit Angaben als Threshold cycle (Ct)-Werte; n.b., nicht bestimmbar; neg, negativ).

Eingang LLBB FFO	Befund	Eingang FLI Riems	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Ausgangs- material	am FLI bearbeitete Probe	AIV- Real-time RT- PCR				AIV-Subtyp
	LLBB FFO						M	H5	H7	N1	
03.11.2008	AI, non H5, H7, N1	12.11.2008	RA 713/1	R1406/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
03.11.2008	N1, non H5, H7	12.11.2008	RA 713/2	R1407/2	Rachentupfer	RNA	37,04	neg	neg	neg	n. b.
03.11.2008	AI, N1, non H5,H7	12.11.2008	RA 713/3	R1408/3	Kloakentupfer	RNA	36,73	neg	neg	neg	n. b.
03.11.2008	AI, non H5, H7, N1	12.11.2008	RA 713/4	R1409/4	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
03.11.2008	AI, non H5, H7, N1	12.11.2008	RA 713/5	R1410/5	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
03.11.2008	AI, non H5, H7, N1	12.11.2008	RA 713/6	R1411/6	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
03.11.2008	AI, non H5, H7, N1	12.11.2008	RA 713/7	R1412/7	Rachentupfer	RNA	39,77	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	AI, non H5, H7, N1	21.11.2008	RA 754/1	R1493/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	AI, non H5, H7, N1	21.11.2008	RA 754/2	R1494/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	AI, non H5, H7, N1	21.11.2008	RA 754/4	R1495/1	Rachentupfer	RNA	25.95	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	N1, non H5, H7	21.11.2008	RA 754/5	R1496/1	Rachentupfer	RNA	32.98	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	AI, non H5, H7, N1	21.11.2008	RA 754/7	R1497/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	AI, non H5, H7, N1	21.11.2008	RA 754/8	R1498/1	Rachentupfer	RNA	32.73	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	AI, non H5, H7, N1	21.11.2008	RA 754/3	R1499/1	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
17.11.2008	N1, non H5, H7	21.11.2008	RA 754/6	R1500/1	Kloakentupfer	RNA	31.82	neg	neg	34.5	N1
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/1	R1515/3	Rachentupfer	RNA	35,7	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/2	R1516/3	Rachentupfer	RNA	32,9	neg	neg	neg	H9N2
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/2	R1516/4	Kloakentupfer	RNA	34,9	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/3	R1517/3	Rachentupfer	RNA	38,9	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/3	R1517/4	Kloakentupfer	RNA	38,7	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/4	R1518/3	Rachentupfer	RNA	38,8	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/4	R1518/4	Kloakentupfer	RNA	35,2	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/5	R1519/3	Rachentupfer	RNA	36,3	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/5	R1519/4	Kloakentupfer	RNA	36,1	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/6	R1520/3	Rachentupfer	RNA	37,4	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/6	R1520/4	Kloakentupfer	RNA	39,4	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/7	R1521/3	Rachentupfer	RNA	35,8	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/7	R1521/4	Kloakentupfer	RNA	30,7	neg	neg	neg	H9N2

Eingang LLBB FFO	Befund	Eingang FLI Riems	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Ausgangs- material	am FLI bearbeitete Probe	AIV- Real-time RT- PCR				AIV-Subtyp
	LLBB FFO						M	H5	H7	N1	
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/8	R1522/3	Rachentupfer	RNA	37,1	neg	neg	neg	n. b.
26.11.2008	AI, non H5, H7, N1	02.12.2008	RA 780/8	R1522/4	Kloakentupfer	RNA	26,8	neg	neg	neg	N9N2
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/1	R2316	Rachentupfer	RNA	33,3	neg	neg	32,87	HxN1
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/2	R2317	Rachentupfer	RNA	36,77	neg	neg	34,79	HxN1
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/3	R2318	Rachentupfer	RNA	34,36	neg	neg	32,79	HxN1
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/4	R2319	Rachentupfer	RNA	33,69	neg	neg	32	HxN1
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/5	R2320	Rachentupfer	RNA	35,63	neg	neg	33,5	HxN1
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/6	R2321	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	35,9	HxN1
15.12.2008	AI, non H5, H7, N1	19.12.2008	RA 863/7	R2322	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
15.12.2008	N1, non H5, H7	19.12.2008	RA 863/8	R2323	Rachentupfer	RNA	35,49	neg	neg	34,94	HxN1
29.12.2008	AI, non H5, H7, N1	19.01.2009	RA 24/2	R182/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
26.01.2009	AI, non H5, H7, N1	03.02.2009	RA 52/5	R307/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
26.01.2009	AI, non H5, H7, N1	04.02.2009	RA 52/6	R308/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
26.01.2009	AI, non H5, H7, N1	05.02.2009	RA 52/7	R309/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.02.2009	AI, non H5, H7, N1	16.02.2009	RA 82/4	R446	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.02.2009	AI, non H5, H7, N1	16.02.2009	RA 82/6	R447	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.02.2009	AI, non H5, H7, N1	16.02.2009	RA 82/7	R448	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.02.2009	AI, non H5, H7, N1	16.02.2009	RA 82/8	R449	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.02.2009	AI, non H5, H7, N1	16.02.2009	RA 82/12	R450	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/2	R544/1	Trachealtupfer	Trachealtupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/2	R544/2	Trachealtupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/3	R545/1	Kloakentupfer	Kloakentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/3	R545/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/6	R546/1	Trachealtupfer	Trachealtupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/6	R546/2	Trachealtupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/8	R547/1	Trachealtupfer	Trachealtupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/8	R547/2	Trachealtupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/8	R548/1	Kloakentupfer	Kloakentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
23.02.2009	AI, non H5, H7, N1	10.03.2009	RA 102/8	R548/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
09.03.2009	AI, non H5, H7, N1	25.03.2009	RA110/5	R592/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/1	R1471/2	Rachentupfer	RNA	32,21	neg	neg	neg	H4N6
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/2	R1472/2	Rachentupfer	RNA	33,1	neg	neg	neg	H4N6

Eingang LLBB FFO	Befund	Eingang FLI Riems	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Ausgangs- material	am FLI bearbeitete Probe	AIV- Real-time RT- PCR				AIV-Subtyp
	LLBB FFO						M	H5	H7	N1	
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/3	R1473/2	Rachentupfer	RNA	32,19	neg	neg	neg	n. b.
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/4	R1474/2	Rachentupfer	RNA	32,82	neg	neg	neg	H4N6
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/5	R1475/2	Rachentupfer	RNA	33,83	neg	neg	neg	n. b.
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/6	R1476/2	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
18.05.2009	AI, non H5, H7, N1	26.05.2009	RA 208/7	R1477/2	Rachentupfer	RNA	31,26	neg	neg	neg	n. b.
01.06.2009	AI, non H5, H7, N1	23.06.2009	RA 224/8	R1783/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
01.06.2009	AI, non H5, H7, N1	23.06.2009	RA 224/9	R1784/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
01.06.2009	AI, non H5, H7, N1	23.06.2009	RA 224/10	R1785/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/1	R2227/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	neg	17.08.2009	RA 270/1	R2227/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/2	R2228/1	Rachentupfer	RNA	36,09	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	neg	17.08.2009	RA 270/2	R2228/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/3	R2229/1	Rachentupfer	RNA	37,08	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	neg	17.08.2009	RA 270/3	R2229/2	Kloakentupfer	RNA	36,1	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/4	R2230/1	Rachentupfer	RNA	35,63	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/4	R2230/2	Kloakentupfer	RNA	38,12	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/5	R2231/1	Rachentupfer	RNA	36,6	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	neg	17.08.2009	RA 270/5	R2231/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/6	R2232/1	Rachentupfer	RNA	35,36	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	H7	17.08.2009	RA 270/6	R2232/2	Kloakentupfer	RNA	33,53	neg	35,98	neg	H7N7
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/7	R2233/1	Rachentupfer	RNA	36,59	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	neg	17.08.2009	RA 270/7	R2233/2	Kloakentupfer	RNA	38,88	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/8	R2234/1	Rachentupfer	RNA	38,83	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/8	R2234/2	Kloakentupfer	RNA	36,02	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/9	R2235/1	Rachentupfer	RNA	38,63	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	H7	17.08.2009	RA 270/9	R2235/2	Kloakentupfer	RNA	31,51	neg	34,4	neg	H7N7
10.08.2009	AI, non H5, H7, N1	17.08.2009	RA 270/10	R2236/1	Rachentupfer	RNA	38,16	neg	neg	neg	n. b.
10.08.2009	H7	17.08.2009	RA 270/10	R2236/2	Kloakentupfer	RNA	30,58	neg	34,59	neg	H7N7
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/1	R2383/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/1	R2383/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/2	R2384/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	neg	14.09.2009	RA 342/2	R2384/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.

Eingang LLBB FFO	Befund	Eingang FLI Riems	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Ausgangs- material	am FLI bearbeitete Probe	AIV- Real-time RT- PCR				AIV-Subtyp
	LLBB FFO						M	H5	H7	N1	
07.09.2009	neg	14.09.2009	RA 342/3	R2385/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	neg	14.09.2009	RA 342/3	R2385/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/4	R2386/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	neg	14.09.2009	RA 342/4	R2386/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/5	R2387/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/5	R2387/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/6	R2388/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	neg	14.09.2009	RA 342/6	R2388/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	neg	14.09.2009	RA 342/7	R2389/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/7	R2389/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/8	R2390/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/8	R2390/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/9	R2391/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
07.09.2009	AI, non H5, H7, N1	14.09.2009	RA 342/9	R2391/2	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/1	R2670/1	Rachentupfer	RNA	34,6	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/2	R2671/1	Rachentupfer	RNA	33,56	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/3	R2672/1	Rachentupfer	RNA	35,63	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/4	R2673/1	Rachentupfer	RNA	34,73	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/5	R2674/1	Rachentupfer	RNA	34,08	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/6	R2675/1	Rachentupfer	RNA	36,1	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/7	R2676/1	Rachentupfer	RNA	31,23	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/8	R2677/1	Rachentupfer	RNA	34,43	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/9	R2678/1	Rachentupfer	RNA	36,03	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/10	R2679/1	Rachentupfer	RNA	34,41	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/11	R2680/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/12	R2681/1	Rachentupfer	RNA	34,28	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/13	R2682/1	Rachentupfer	RNA	36,09	neg	neg	neg	n. b.
05.10.2009	AI, non H5, H7, N1	14.10.2009	RA 383/14	R2683/1	Rachentupfer	RNA	35,57	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/1	R2848/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/1	R2848/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/2	R2849/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/2	R2849/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.

Eingang LLBB FFO	Befund	Eingang FLI Riems	LLBB-Nr.	FLI-Nr.	Ausgangs- material	am FLI bearbeitete Probe	AIV- Real-time RT- PCR				AIV-Subtyp
	LLBB FFO						M	H5	H7	N1	
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/3	R2850/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/3	R2850/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/4	R2851/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/4	R2851/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/5	R2852/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/5	R2852/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/10	R2853/1	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/10	R2853/2	Kloakentupfer	Kloakentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/11	R2854/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/11	R2854/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/12	R2855/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/12	R2855/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/13	R2856/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/13	R2856/2	Rachentupfer	Rachentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/5	R2858/1	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
19.10.2009	AI, non H5, H7, N1	27.10.2009	RA 402/5	R2858/2	Kloakentupfer	Kloakentupfer	neg	neg	neg	neg	n. b.
16.11.2009	AI, non H5, H7, N1	30.11.2009	RA427/1	R3256	Tupfer	Tupfer	neg	n. b.	n. b.	n. b.	n. b.
16.11.2009	AI, non H5, H7, N1	30.11.2009	RA427/3	R3257	Tupfer	Tupfer	neg	n. b.	n. b.	n. b.	n. b.
16.11.2009	AI, non H5, H7, N1	30.11.2009	RA427/4	R3258	Tupfer	Tupfer	neg	n. b.	n. b.	n. b.	n. b.
14.12.2009	AI, non H5, H7, N1	07.01.2010	RA 468/5	R26/1	Rachentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.
14.12.2009	AI, non H5, H7, N1	07.01.2010	RA 468/6	R27/1	Rachentupfer	RNA	39,65	neg	neg	neg	n. b.
26.07.2010	AI, non H5, H7, N1	09.08.2010	RA 199/3	R894/1	Kloakentupfer	RNA	35,73	neg	neg	neg	n. b.
11.08.2010	AI, non H5, H7, N1	17.08.2010	RA 211/1	R897/1	Kloakentupfer	RNA	37,06	neg	neg	neg	n. b.
11.08.2010	AI, non H5, H7, N1	17.08.2010	RA 211/5	R898/1	Kloakentupfer	RNA	neg	neg	neg	neg	n. b.

### 10.7 Auswahl an beobachteten Wildvögeln mit Angaben zu Art und Anzahl des Auftretens am Felchowsee

**Tabelle 34:** Auswahl an beobachteten Wildvögeln nach Art und Anzahl des Auftretens am Felchowsee gesamt sowie direkt am bzw. im Gehege der Sentinelanlage (H5N1, HPAIV H5N1; BB, Land Brandenburg; \*) nach Veen *et al.* (2007) und UGSG (2011)).

Vogelart	Anzahl beob. Pentaden	Anzahl max. insgesamt	Anzahl Petaden am Gehege	Anzahl Vögel am Gehege	Anzahl Pentaden im Gehege	Anzahl Vögel im Gehege	Risikoart	H5N1 BB	NPAI BB	H5N1 weltweit *)
Alpenstrandläufer ( <i>Calidris alpina</i> )	12	19	1	1						
Amsel ( <i>Turdus merula</i> )	111	9	4	6	23	61				x
Bachstelze ( <i>Motacilla alba</i> )	55	7	2	2	10	12				
Bartmeise ( <i>Panurus biarmicus</i> )	92	120	1	2	26	57				
Bekassine ( <i>Gallinago gallinago</i> )	29	10	13	18	5	5				
Beutelmeise ( <i>Remiz pendulinus</i> )	24	7			1	2				
Blaukehlchen ( <i>Luscinia svecica</i> )	2	1			1	1				
Blaumeise ( <i>Cyanistes caeruleus</i> )	100	4	3	4	49	52				
Blessgans ( <i>Anser albifrons</i> )	28	2.500	3	33			x			x
Blessralle ( <i>Fulica atra</i> )	106	2.770	116	2.750			x	x	x	x
Brandgans ( <i>Tadorna tadorna</i> )	18	4	1	2						
Drosselrohrsänger ( <i>Acrocephalus arundinaceus</i> )	41	2	1	1	3	3				
Erlenzeisig ( <i>Carduelis spinus</i> )	75	250	1	10	1	1				
Fasan ( <i>Phasianus colchicus</i> )	26	2	1	1						
Feldsperling ( <i>Passer montanus</i> )	5	3			2	6	x			x
Gänsesäger ( <i>Mergus merganser</i> )	31	102	4	70						x
Goldammer ( <i>Emberiza citrinella</i> )	106	17	1	1	4	5				
Graugans ( <i>Anser anser</i> )	120	2.470	13	445			x	x		x
Graureiher ( <i>Ardea cinerea</i> )	81	23	8	20			x			x
Grünfink ( <i>Carduelis chloris</i> )	59	140	1	1	1	10				
Habicht ( <i>Accipiter gentilis</i> )	12	1			1	1	x			x
Haubentaucher ( <i>Podiceps cristatus</i> )	92	221	7	13			x		x	x
Höckerschwan ( <i>Cygnus olor</i> )	133	1.382	48	432			x	x	x	x
Kernbeißer ( <i>Coccythraustes coccythraustes</i> )	33	7	2	2	1	1				

Vogelart	Anzahl beob. Pentaden	Anzahl max. insgesamt	Anzahl Petaden am Gehege	Anzahl Vögel am Gehege	Anzahl Pentaden im Gehege	Anzahl Vögel im Gehege	Risikoart	H5N1 BB	NPAI BB	H5N1 weltweit *)
Knäkente ( <i>Anas querquedula</i> )	35	18	3	3			x			
Kohlmeise ( <i>Parus major</i> )	108	6	1	2	31	36				
Kolkrabe ( <i>Corvus corax</i> )	116	5	1	1			x			
Kormoran ( <i>Phalacrocorax carbo</i> )	83	418	5	7			x	x	x	x
Kornweihe ( <i>Circus cyaneus</i> )	3	1	1	1						
Kranich ( <i>Grus grus</i> )	99	650	1	2						
Krickente ( <i>Anas crecca</i> )	94	600	57	434			x			x
Lachmöwe ( <i>Larus ridibundus</i> )	92	560	3	4			x			x
Löffelente ( <i>Anas clypeata</i> )	100	880	20	103			x			
Nebelkrähe ( <i>Corvus corone cornix</i> )	91	24	1	1			x			x
Pfeifente ( <i>Anas penelope</i> )	83	300	3	15			x			x
Rauchschwalbe ( <i>Hirundo rustica</i> )	60	3.000	3	11			x			x
Reiherente ( <i>Aythya fuligula</i> )	114	337	4	36			x			x
Rohrhammer ( <i>Emberiza schoeniclus</i> )	107	6			72	72				
Rohrweihe ( <i>Circus aeruginosus</i> )	65	3			1	2	x			
Rotkehlchen ( <i>Erithacus rubecula</i> )	38	2			3	3				
Saatgans ( <i>Anser fabalis</i> )	47	4.000	2	24			x		x	
Schellente ( <i>Bucephala clangula</i> )	120	250	26	75						
Schnatterente ( <i>Anas strepera</i> )	102	622	26	56						
Schwarzhalstaucher ( <i>Podiceps nigricollis</i> )	80	157	2	4						
Silberreiher ( <i>Casmerodius albus</i> )	42	73	8	88			x			x
Singdrossel ( <i>Turdus philomelos</i> )	35	2			1	2				
Singschwan ( <i>Cygnus cygnus</i> )	39	213	4	30			x	x	x	x
Sperber ( <i>Accipiter nisus</i> )	17	2			1	1	x			
Spießente ( <i>Anas acuta</i> )	31	40	2	6			x			x
Star ( <i>Sturnus vulgaris</i> )	79	18.000	1	2			x			x
Stieglitz ( <i>Carduelis carduelis</i> )	97	100	1	2	3	3				
Stockente ( <i>Anas platyrhynchos</i> )	122	458	110	611	20	27	x	x	x	x
Tafelente ( <i>Aythya ferina</i> )	113	542	10	50			x			x
Teichrohrsänger ( <i>Acrocephalus scirpaceus</i> )	55	3			86	86				

Vogelart	Anzahl beob. Pentaden	Anzahl max. insgesamt	Anzahl Petaden am Gehege	Anzahl Vögel am Gehege	Anzahl Pentaden im Gehege	Anzahl Vögel im Gehege	Risikoart	H5N1 BB	NPAI BB	H5N1 weltweit *)
Uferschwalbe ( <i>Riparia riparia</i> )	41	100	1	1			x			
Wacholderdrossel ( <i>Turdus pilaris</i> )	43	400	1	2	1	3	x			
Wasserralle ( <i>Rallus aquaticus</i> )	76	4	10	10	7	7				
Weißstorch ( <i>Ciconia ciconia</i> )	2	1						x		
Zaunkönig ( <i>Troglodytes troglodytes</i> )	72	2	1	1	10	10				
Zwergschwan ( <i>Cygnus bewickii</i> )	6	11	1	3			x			
Zwergtaucher ( <i>Tachybaptus ruficollis</i> )	80	231	15	18						x

### 10.8 Beobachtungen und besondere Ereignisse am Felchowsee

**Tabelle 35:** Beobachtung und besondere Ereignisse am Felchowsee im Untersuchungszeitraum 2008-2010 (grau markierte Zeilen entsprechen Probenahmen mit AIV positiven Befunden bei den Sentinelstockenten).

Probenahmedatum	allgemeine Ereignis in der Vogelpopulation	Auftreten von Vögeln am Gehege	Vögel im Gehege	Wetterereignisse
16.10.2008	hohes Aufkommen von Graugänsen, Eintreffen von 12000 Saat- und Blessgänsen,	Blessralle, Stockente, Krickente, Löffelente, Graugans, Schellente, Höckerschwan		milde Witterung
<b>03.11.2008</b>	erster Gänse- und Zwergsäger, Sing- und Zwergschwäne,	Stockente, Pfeifente, Löffelente, Krickente, Höckerschwan, Gänsesäger	Wasserralle	milde Witterung
<b>17.11.2008</b>	Zunahme nordischer Wintergäste (Säger, Singschwäne)	Stockente, Pfeifente, Löffelente, Krickente, Graugans, Höckerschwan, Gänsesäger, Schnatterente		milde Witterung
<b>26.11.2008</b>	Abzug vieler Wildvögel in die Winterquartiere und durch Kälteflucht	Stockente, Schellente, Singschwan		Kaltlufteinbruch, See friert zu 50% zu
<b>15.12.2008</b>	weitere Zunahme nordischer Wintergäste (Säger, Singschwäne)	Stockente, Schellente, Singschwan, Zwergschwan	Habicht	sehr milde Witterung
<b>29.12.2008</b>	geringes Wasservogelaufkommen von vermutlich überwinterten Vögeln	Stockente, Schellente, Höckerschwan		beginnende frostige Temperaturen
12.01.2009	restliche Vögel ziehen wegen Kälteflucht ab	Höckerschwan, Singschwan		frostige Temperaturen bis -21°C
<b>26.01.2009</b>	erste Rückkehrer von Graugänsen aus Winterquartieren			
<b>09.02.2009</b>	weitere Graugänse			anhaltende Frostperiode
<b>23.02.2009</b>	Zunahme rastender Enten, Anstieg der Höckerschwäne, erster Kranichzug			Beginn milderer Witterung

Probenahmedatum	allgemeine Ereignis in der Vogelpopulation	Auftreten von Vögeln am Gehege	Vögel im Gehege	Wetterereignisse
<b>09.03.2009</b>	Ankunft weiterer Graugänse mit Brutbeginn	Stockente, Schellente, Höckerschwan, Löffelente, Blessralle, Haubentaucher	Stockente	Felchowsee wieder eisfrei
23.03.2009	Zahlreiche Schwimm- und Tauchenten, erste Möwen, Lappentaucher, Fischfresser	Stockente, Schellente, Pfeifente, Höckerschwan, Blessralle	Stockente	
06.04.2009	Abzug nordischer Arten	Reiherente, Schellente, Schnatterente, Höckerschwan, Blessralle	Stockente	
20.04.2009	Enten und Lachmöwen mit Maximum des Frühjahrsdurchzuges, zahlreiche Blessrallen	Stockente, Schnatterente, Haubentaucher, Blessralle	Stockente	April als wärmster Monat seit 100 Jahren
04.05.2009	sehr starke Zunahme an Höckerschwänen (1334), zahlreiche Möwen	Stockente, Schnatterente, Haubentaucher, Schwarzhalstaucher, Blessralle, Höckerschwan		Mai sehr kühl und feucht
<b>18.05.2009</b>	Fisch fressende Arten versteckt an Brutplätzen	Stockente, Schnatterente, Knäckente, Blessralle, Höckerschwan	Stockente	überdurchschnittliche Regenfälle
<b>01.06.2009</b>	sehr starke Zunahme an Höckerschwänen (1334), zahlreiche Möwen, Seeschwalben	Stockente, Schnatterente, Blessralle, Höckerschwan, Lachmöwe		Schafskälte mit Nachtfrösten
15.06.2009	zahlreiche Lappentaucher und Enten, Abzug von Schwänen in Mausergebiete	Stockente, Schnatterente, Knäckente, Blessralle, Höckerschwan		überdurchschnittliche Regenfälle
28.06.2009	Mauser bei Sentinelenten, sehr hohe Zahlen von Blessrallen	Stockente, Schnatterente, Blessralle, Höckerschwan, Lachmöwe		Starkregen, Temperaturanstieg
13.07.2009	zahlreiche Seeschwalben, Zunahme der Lappentaucher und Enten (Mauser)	Stockente, Tafelente, Blessralle, Höckerschwan, Haubentaucher, Graugans	Wasserralle	kühl und wechselhaft
27.07.2009	Abzug von Höckerschwänen wegen man-gelnder Nahrungsgrundlage, erste Limikolen	Stockente, Schnatterente, Tafelente, Blessralle, Höckerschwan, Zwergtaucher, Grau-, Silberreiher	Rohrweihe	
<b>10.08.2009</b>	vorwiegend mauserne Enten, Lappentaucher mit Höchstbeständen	Stockente, Krickente, Blessralle, Höckerschwan, Graugans, Kormoran		warme Witterung, wenig Niederschläge

Probenahmedatum	allgemeine Ereignis in der Vogelpopulation	Auftreten von Vögeln am Gehege	Vögel im Gehege	Wetterereignisse
24.08.2009	Sammeln der Graugänse nach Rückkehr aus Mäusergebiet, Zunahme von Limikolen	Stockente, Krickente, Tafelente, Löffelente, Blessralle, Höckerschwan, Graugans, Graureiher, Bekassine		Gehege trocknet aus
<b>07.09.2009</b>	weiteres Sammeln/Durchzug von Graugänsen, Maximum an Fisch fressende Arten	Stockente, Krickente, Löffelente, Blessralle, Wasserralle, Höckerschwan, Graugans, Graureiher, Silberreiher, Bekassine	Wasserralle	warm und trocken
21.09.2009	Maximum an Tauchenten, zahlreiche Lappentaucher, weitere Limikolen	Stockente, Krickente, Löffelente, Wasserralle, Kormoran, Graureiher, Silberreiher, Bekassine		nass und kühl
<b>05.10.2009</b>	zahlreiche Möwen, Schlafplatz von 14300 Staren im Schilf	Stockente, Krickente, Löffelente, Saatgans, Blessgans, Graugans, Zwergtaucher		nass und kühl
<b>19.10.2009</b>	erste nordische Singschwäne,	Stockente, Krickente, Tafelente, Löffelente, Bekassine, Zwergtaucher	Wasserralle	Gehege wieder mit Flachwasser
02.11.2009	weitere Sing- und Zwergschwäne	Stockente, Krickente, Pfeifente, Bekassine,		nass und kühl
<b>16.11.2009</b>	zahlreiche Schellenten, erste nordische Saat- und Blessgänse	Stockente, Krickente, Schellente, Wasserralle, Singschwan		überdurchschnittliche Niederschläge
30.11.2009	Höhepunkt an nordischen Gänsen	Stockente, Krickente, Schellente, Wasserralle, Singschwan		
<b>14.12.2009</b>	nordische Singschwäne mit Maximalbestand	Stockente		sehr kalt bis -18°C
28.12.2009	sehr geringes Vogelaufkommen			geschlossene Eisdecke
11.01.2010	keine Wasservogelrast am Felchowsee	Kornweihe		geschlossene Eisdecke, bis -23°C
25.01.2010	keine Wasservogelrast am Felchowsee			geschlossene Eis- und Schneedecke
08.02.2010	keine Wasservogelrast am Felchowsee			geschlossene Eis- und Schneedecke

Probenahmedatum	allgemeine Ereignis in der Vogelpopulation	Auftreten von Vögeln am Gehege	Vögel im Gehege	Wetterereignisse
22.02.2010	erste Graugänse, Kormorane, Kraniche			geschlossene Eis- und Schneedecke
08.03.2010	erste Lappentaucher			sehr kalt
22.03.2010	erste Enten, einige Säger, Höckerschwäne, Graugänse und nordische Gänse	Stockente, Tafelente, Schnatterente, Blessralle		Erwärmung, erste eisfreie Stellen
06.04.2010	zahlreiche Enten, wenig Fischfresser wegen geringem Nahrungsangebot	Stockente, Tafelente, Reiherente, Blessralle, Höckerschwan, Zwergtaucher	Stockente	Erwärmung
19.04.2010	Löffel- und Schnatterente mit Maximum	Schellente, Schnatterente, Blessralle, Höckerschwan		trocken und warm
03.05.2010	Graugänse und Blessrallen bei der Brut, zahlreiche Tauchenten und Lappentaucher	Stockente, Blessralle, Höckerschwan	Stockente	nass und kühl
17.05.2010	Lachmöwenzug	Schellente, Schnatterente, Blessralle, Höckerschwan		wechselhaft, Oderhochwasser
31.05.2010	Mauersegler und Schwalben jagen nach Nahrung (Insekten) über dem See	Schellente, Schnatterente, Blessralle, Höckerschwan		
14.06.2010	Ansteigen bei Enten, Lappentauchern und Fischfressern, Brut- und Mauserverhalten	Schellente, Schnatterente, Blessralle, Höckerschwan	Wasserralle	sehr warm und trocken
28.06.2010	Zunahme an Höckerschwänen und Blessrallen, Brut- und Mauserverhalten	Stockente, Blessralle		Temperaturen > 30°C
12.07.2010	Ende der Brut, auffälliges Mauserverhalten (Sammeln vor Ort, Zug zu Mauserplätzen)	Stockente, Tafelente, Höckerschwan, Schwarzhalstaucher		
<b>26.07.2010</b>	Zunahme von Graugänsen, Lappentauchern Enten, Blessrallen und Fischfressern	Stockente, Blessralle, Silberreiher		
<b>09.08.2010</b>	Graugänse mit Rastmaximum	Stockente, Löffelente, Schnatterente, Blessralle, Kormoran, Graureiher		kalt und extrem nass

Probenahmedatum	allgemeine Ereignis in der Vogelpopulation	Auftreten von Vögeln am Gehege	Vögel im Gehege	Wetterereignisse
23.08.2010	Blessrallen mit Höchstwert, zahlreiche Limikolen (rasten jedoch auf Ackerflächen)	Stockente, Tafelente, Blessralle, Zwergtaucher, Graureiher	Graureiher	Hochwasserstand
06.09.2010	Graugänse weiterhin mit Rastmaximum	Blessralle		kühl
20.09.2010	reichlich Seeschwalben, Möwen und Limikolen	Löffelente, Blessralle, Wasserralle, Zwergtaucher, Graugans		weiterhin Hochwasserstand
04.10.2010	steigende Zahlen von Saat- und Blessgänsen	Saatgans, Blessgans, Graugans, Höckerschwan, Silberreiher		kalt und trocken
18.10.2010	erste Gänse- und Zwergsäger	Wasserralle, Graureiher, Silberreiher		erste Nachfröste

### 10.9 Im HAH verwendete Referenz-Antigene

**Tabelle 36:** Im HAH verwendete Referenz-Antigene (H1-H4, H6, H8-11, H13 und H16 bereitgestellt vom NRL des FLI).

Referenz-Antigen	Charakteristik	Kennzeichnung
H1	A/Duck/Germersheim/R30/2006 (H1N1)	K-4210, ID-368, HA 1:32
H2	A/Mallard/Germany/R1727/2007 (H2N3)	K-4809, ID-542, HA 1:128
H3	nicht eindeutig zuordenbar	
H4	A/Mallard/Germany/R33/06 (H4N6)	
H5	Firma CC Pro, Oberdorla	
H6	A/turkey/Germany/R04/99 (H6N2)	
H7	Firma CC Pro, Oberdorla	
H8	A/Anser spec./Germany/R44/2006 (H8N3)	K-4354, ID-439, HA 1:64
H9	A/Duck/Germany/R113/1995 (H9N2)	K-4050, ID-345, HA 1:512
H10	A/Eurasian Coot/Germany/411	
H11	A/duck/Germany/R3349/09 (H11N9)	
H13	A/gull/Stralsund/WV1136-40/03 (H13N6)	K-362, HA 1:32
H16	A/herring gull/Mukran/R2788/06 (H16N3)	K-3662, HA 1:16

## 11 Danksagung

Herrn Univ.-Prof. Dr. L. H. Wieler danke ich für die Überlassung des Themas sowie die Unterstützung und Hilfestellung bei der Anfertigung dieser Arbeit.

Bei Herrn Prof. Dr. T. C. Harder bedanke ich mich ganz herzlich für die allumfassende wissenschaftliche Betreuung und die vielen wertvollen Hinweise bei der Umsetzung der Thematik.

Gedankt sei Herrn Dr. K. Reimer für die intensive Motivation, das Thema für eine Dissertation aufzugreifen.

Ich bedanke mich bei Frau Dr. C. Possardt für die Möglichkeit der Anfertigung dieser Dissertation am Landesamt für Umwelt, Gesundheit und Verbraucherschutz des Landes Brandenburg.

Bedanken möchte ich mich bei allen Mitarbeitern des diagnostischen Bereiches des Landeslabors Berlin-Brandenburg für die Bereitstellung und Interpretation der Labordaten. Hierbei seien insbesondere das große Engagement von Herrn Dr. A. Hlinak und Frau D. Hübner genannt, die mir unermüdlich mit Ihrer Unterstützung zur Seite standen.

Ich danke allen Mitarbeitern des NRL für AIV des FLI unter Leitung von Herrn Prof. Dr. T. C. Harder für die Untersuchung von weiter abzuklärendem Probenmaterial und die Bereitstellung der diagnostischen Daten für die Arbeit.

Ein besonderer Dank gilt Herrn Dr. C. Staubach, der mich bei den sehr umfangreichen statistischen Auswertungen und der Interpretation der Daten unterstützt hat.

Ein großes Dankeschön gilt allen Probennehmern, vor allem den Mitarbeitern der Vogelschutzwarte Buckow bei Nennhausen, die bei der Organisation und Dokumentation von Wildvogelproben unermüdlich im Einsatz waren. Eine besonders Lob gilt hierbei Frau B. Block.

Bei Herrn U. Kraatz möchte ich mich ganz herzlich für die sehr kompetente Betreuung der Sentinelanlage am Felchowsee bedanken. Durch sein außerordentliches Engagement konnte die Einrichtung durchgängig betrieben werden. Er versorgte die Stockenten mit viel Liebe, unterstützte mich bei der Probennahme, bei den Vogelbeobachtungen bzw. –zählungen und bei der Auswertung der ornithologischen Daten.

Herrn S. Kowalczyk und Herrn L. Bensch danke ich insbesondere für die Unterstützung bei der Datenerfassung und –bearbeitung in der Wildvogeldatenbank.

Ich danke Herrn Dr. U. Köppen für die Beratung zu ornithologischen und geographischen Fragestellungen.

Gedankt sei allen Kollegen der Task Force des Landesamtes für Umwelt, Gesundheit und Verbraucherschutz und vielen noch nicht genannten Mitarbeitern des LLBB und FLI, die fachlich zum Gelingen der Arbeit beigetragen haben. Insbesondere danke ich Herrn Dr. U. Klaaß, Frau Dr. A. Globig, Frau V. Damrau, Herrn Dr. H. Wilking und Herrn Dr. D. Höreth-Böntgen.

Meiner Familie, vor allem meinem Ehemann Holger, und meinen Freunden danke ich für die moralische Unterstützung, die oft notwendige Geduld sowie das entgegengebrachte Verständnis. Ganz besonders möchte ich mich bei meinen Söhnen Marco und Steve bedanken, die mich in vielerlei Hinsicht unterstützt und motiviert haben.

**12 Selbständigkeitserklärung**

Hiermit bestätige ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbständig angefertigt habe. Ich versichere, dass ich ausschließlich die angegebenen Quellen und Hilfen in Anspruch genommen habe.

Werder, den 30.09.2011

Kerstin Albrecht