

Aus dem Friedrich-Loeffler-Institut  
eingereicht über den Fachbereich Veterinärmedizin  
der Freien Universität Berlin

**Retrospektive Analyse der Biosicherheit und  
der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten  
Übertragung von hochpathogenen aviären  
Influenzaviren zwischen putenhaltenden  
Betrieben in Nordwestdeutschland**

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

vorgelegt von  
**Christiane Lüder**  
Tierärztin aus Berlin

Berlin 2021  
Journal-Nr.: 4281







Aus dem Friedrich-Loeffler-Institut  
eingereicht über den Fachbereich Veterinärmedizin  
der Freien Universität Berlin

**Retrospektive Analyse der Biosicherheit und der  
Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von  
hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen putenhaltenden  
Betrieben in Nordwestdeutschland**

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

vorgelegt von

**Christiane Lüder**

Tierärztin

aus Berlin

Berlin 2021

Journal-Nr.: 4281

Gedruckt mit Genehmigung des Fachbereichs Veterinärmedizin  
der Freien Universität Berlin

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Uwe Rösler  
Erster Gutachter: Prof. Dr. Franz Josef Conraths  
Zweiter Gutachter: Prof. Dr. Timm Harder  
Dritter Gutachter: Prof. Dr. Benedikt Kaufer

*Deskriptoren (nach CAB-Thesaurus):*

turkeys, avian influenza, biosecurity, disease transmission, disease vectors, vector control,  
animal housing, lower saxony, germany

Tag der Promotion: 09.08.2021

Bibliografische Information der *Deutschen Nationalbibliothek*

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

ISBN: 978-3-96729-135-3

**Zugl.: Berlin, Freie Univ., Diss., 2021**

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 2021 Choriner Str. 85 - 10119 Berlin

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

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Literaturübersicht</b>	<b>2</b>
<b>2.1</b>	<b>Aviäre Influenza</b>	<b>2</b>
2.1.1	Bedeutung der aviären Influenza	2
2.1.2	Erreger der aviären Influenza	2
2.1.3	Symptomatik der AI-Viren-Infektion bei Hühnern und Puten im Herdenverband	3
2.1.4	Inkubationszeit der HPAI bei Hühnervögeln	3
2.1.5	HPAI-Virus-bedingte Mortalität bei Hühnern und Puten	4
2.1.6	Natürliches Reservoir und Übertragungswege der AI-Viren	5
<b>2.2</b>	<b>Eintragswege von AI-Viren in einen Nutzgeflügelbestand</b>	<b>5</b>
<b>2.3</b>	<b>Biosicherheit in Geflügelbetrieben</b>	<b>6</b>
2.3.1	Definition des Begriffs Biosicherheit	6
2.3.2	Risikofaktoren für den Eintrag der aviären Influenza in geflügelhaltende Betriebe	7
<b>2.4</b>	<b>Windvermittelte Übertragung von Keimen zwischen Tierhaltungen</b>	<b>9</b>
2.4.1	Bioaerosole und Staub als Übertragungsmedien	10
2.4.2	Faktoren, die die Tenazität von Mikroorganismen in der Luft beeinflussen	10
2.4.3	Faktoren, die die Menge von luftgetragenen Partikeln beeinflussen	11
2.4.4	Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von AI-Viren	12
<b>2.5</b>	<b>Gesetzliche Grundlagen</b>	<b>13</b>
<b>2.6</b>	<b>Ausgewählte amtliche Maßnahmen zur Tierseuchenbekämpfung</b>	<b>14</b>
<b>3</b>	<b>Material und Methoden</b>	<b>15</b>
<b>3.1</b>	<b>Erhebung der grundlegenden betriebsbezogenen Daten</b>	<b>15</b>
<b>3.2</b>	<b>Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben</b>	<b>17</b>
3.2.1	Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben	17
3.2.1.1	Aufbereitung der Checklisteninhalte	18
3.2.1.2	Angewandte Methoden zur deskriptiven Auswertung	19
3.2.1.3	Angewandte Methoden zur statistischen Auswertung	19

<b>3.3</b>	<b>Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben</b>	<b>21</b>
3.3.1	Grundlegende Definitionen	21
3.3.1.1	Definition „Vektor“	21
3.3.1.2	Definition „Vektordistanz“	21
3.3.1.3	Definition „Bebauung“	21
3.3.1.4	Definition „Bewaldung“	22
3.3.1.5	Definition „Risikotag“, „Risikostunde“, „Risikozeitraum 1 und 2“	22
3.3.2	Bebauung und Bewaldung in der Windschneise der Vektoren	22
3.3.3	Belegung der Betriebe im Epidemie-Zeitraum	23
3.3.4	Mortalität der H5Nx-positiven Putenherden	23
3.3.4.1	Verfügbarkeit und Aufarbeitung der Stallkarten	23
3.3.4.2	Berechnung der täglichen Herdenmortalitätsrate	23
3.3.5	Annahme einer Virus-Emission im A-Betrieb der Vektoren	24
3.3.6	Molekularbiologische Daten der HPAI-Virus-Isolate	24
3.3.7	Daten zu den Windbedingungen im Epidemie-Zeitraum	24
3.3.7.1	Aufbereitung der Winddaten: Windrichtung	26
3.3.7.2	Definition „Vektorpeilung“ und Berechnungsschritte	26
3.3.7.3	Aufbereitung der Winddaten: Windstärke	27
3.3.8	Selektionsprozess	28
3.3.8.1	Ausgangssituation und Definition „Startpool“	28
3.3.8.2	Selektionsstufen 1-2	28
3.3.8.3	Selektionsstufe 3 und Szenarien-Zuordnung	29
3.3.8.4	Selektionsstufen 4-7	29
3.3.8.5	Selektionsstufen 8-9	29
3.3.8.6	Definition „Eintragszeitraum“	30
3.3.8.7	Selektionsstufen 10-11	30
3.3.8.8	Sensitivitätsanalysen hinsichtlich der Windstärkeselektion	31
3.3.8.9	Bewertung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung	32
<b>4</b>	<b>Ergebnisse</b>	<b>34</b>
<b>4.1</b>	<b>Gewerbliche Putenhaltung im Studiengebiet</b>	<b>34</b>
4.1.1	Gewerbliche Putenhaltung im Landkreis Cloppenburg	34



---

4.1.2	Gewerbliche Putenhaltung im Landkreis Oldenburg	34
<b>4.2</b>	<b>HPAI-Epidemie 2016/2017 im Studiengebiet</b>	<b>35</b>
<b>4.3</b>	<b>Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben</b>	<b>37</b>
4.3.1	Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben	37
4.3.1.1	Überprüfungszeitpunkt der Putenbetriebe anhand der Checkliste	37
4.3.1.2	Überprüfungszeitpunkt der Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis	38
4.3.1.3	Deskriptive Analyse der Variablen im Hinblick auf Biosicherheitsdefizite	39
4.3.1.4	Statistische Analyse der Variablen	44
4.3.1.4.1	Univariable Analyse	44
4.3.1.4.1.1	Datensatz der Betriebe im Landkreis Cloppenburg	44
4.3.1.4.1.2	Datensatz der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Oldenburg	49
4.3.1.4.2	Korrelations- und Kollinearitätstests	53
4.3.1.4.2.1	Datensatz der Betriebe im Landkreis Cloppenburg	53
4.3.1.4.2.2	Datensatz der Betriebe im Landkreis Oldenburg	53
4.3.1.4.3	Multivariable Analyse mittels logistischer Regression	54
4.3.1.4.4	Modellselektion	56
<b>4.4</b>	<b>Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben</b>	<b>60</b>
4.4.1	Selektionsstufe 1: HPAI-Status des A-Betriebes	60
4.4.2	Selektionsstufe 2: Zwischenbetriebliche Distanzen	60
4.4.3	Selektionsstufe 3: Mortalität der H5Nx-positiven Putenherden	61
4.4.4	Selektionsstufe 4: HPAI-Status des B-Betriebes	63
4.4.5	Selektionsstufe 5: Molekularbiologische Daten der Virus-Isolate	63
4.4.6	Selektionsstufe 6: Bebauung	64
4.4.7	Selektionsstufe 7: Bewaldung	64
4.4.8	Selektionsstufe 8: Belegung der Putenbetriebe	64
4.4.9	Selektionsstufe 9: Überlagerung von Eintragszeitraum und potentielltem Risikotag	65
4.4.10	Selektionsstufe 10: Windrichtung	65
4.4.10.1	Distanzen zwischen Wetterstationen und Ausbruchsbetrieben	65
4.4.10.2	Windrichtung im Epidemie-Zeitraum	65
4.4.10.3	Windrichtung innerhalb der Risikozeiträume	66
4.4.11	Selektionsstufe 11: Windstärke	66

4.4.11.1	Windstärken im Epidemie-Zeitraum	66
4.4.12	Ergebnisse des Selektionsprozesses: Selektionsstufen 1-10	68
4.4.13	Ergebnisse des Selektionsprozesses: Selektionsstufe 11	69
4.4.14	Vektoren mit wahrscheinlicher und bedingt wahrscheinlicher windvermittelter HPAI-Virus-Übertragung	74
<b>5</b>	<b>Diskussion</b>	<b>79</b>
<b>5.1</b>	<b>Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben</b>	<b>89</b>
5.1.1	Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben	80
5.1.1.1	Mögliche Einflüsse auf die Güte der Checklisten-Daten	80
5.1.1.1.1	Verfügbarkeit der Checklisten	80
5.1.1.1.2	Erhebungszeitpunkt der Checklisten	80
5.1.1.2	Anzahl an interviewenden Personen	80
5.1.1.3	Deskriptive Analyse der Biosicherheitsdaten	80
5.1.1.4	Statistische Analyse der Checklisten-Variablen	81
5.1.1.4.1	Variablen der univariablen Analyse	81
5.1.1.4.1.1	Anzahl der Tierstallungen und Tierplätze	81
5.1.1.4.1.2	Haltungsnutzen (Aufzucht und Mast)	82
5.1.1.4.1.3	Rein-Raus-System je Stalleinheit	83
5.1.1.4.1.4	Haltung weiterer Tierarten auf dem Betriebsgelände	83
5.1.1.4.1.5	Aktuelle Belegung des Betriebes	84
5.1.1.4.1.6	Bedeutung der Hygieneschleuse	84
5.1.1.4.1.7	Vorhandensein eines Umkleieraumes in jedem Stall	85
5.1.1.4.1.8	Entsorgung oder Aufbereitung genutzter Schutzkleidung	85
5.1.1.4.1.9	Lagerort der Einstreumaterialien	86
5.1.1.4.1.10	Vermeidung der Kontamination von Gegenständen mit Kontakt zum Putenbestand durch AI-Virus-infizierte Wildvögel	86
5.1.1.4.1.11	Überbetriebliche Nutzung von Fahrzeugen, Maschinen oder Gerätschaften ohne erfolgende Reinigung und Desinfektion vor bzw. nach der Nutzung	87
5.1.1.4.1.12	Vorhandensein einer Auffanggrube für Waschwasser	87
5.1.1.4.1.13	Ornungsgemäße Durchführung der Schadnagerbekämpfung	87
5.1.1.4.1.14	Sicherstellung und ausführende Personen der Schadnagerbekämpfung	88
5.1.1.4.1.15	Vorhandensein separater Sammelbehälter für jede Stalleinheit	88
5.1.1.4.1.16	Stallferne Aufstellung des Kadavercontainers zur Abholung	88

5.1.1.4.1.17	Früherkennung eines Ausbruchs anhand syndromaler Erkennungsmerkmale	89
5.1.1.4.2	Finale Modelle der multivariablen Analyse	90
<b>5.2</b>	<b>Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben</b>	<b>91</b>
5.2.1	Selektionsstufe 1: HPAI-Status des A-Betriebes	91
5.2.2	Selektionsstufe 2: Eingrenzung der maximalen Distanz zwischen den Betrieben eines Vektors	91
5.2.3	Selektionsstufe 3: Ableitung der Wahrscheinlichkeit einer HPAI-Virus-Emission anhand der Mortalität der H5Nx-positiven Putenherden	93
5.2.4	Selektionsstufe 4: HPAI-Status des B-Betriebes	94
5.2.5	Selektionsstufe 5: Molekularbiologischer Datenabgleich	95
5.2.6	Selektionsstufe 6: Bebauung in den Windschneisen	95
5.2.7	Selektionsstufe 7: Bewaldung in den Windschneisen	96
5.2.8	Selektionsstufe 8: Belegung der Betriebe im Epidemie-Zeitraum	96
5.2.9	Selektionsstufe 9: Einfluss der Eingrenzung von Eintrags- und Risikozeiträumen	97
5.2.10	Selektionsstufe 10: Einteilung der Windrichtungen nach achteitiger Windrose	98
5.2.10.1	Auswahl der winddatengebenden Wetterstationen	98
5.2.10.2	Gradbereiche der Windrichtung nach achteitiger Windrose	98
5.2.10.3	Soll-Windrichtung (Vektorpeilung) vs. Ist-Windrichtung	98
5.2.11	Selektionsstufe 11 und Sensitivitätsanalyse: Einfluss der Windstärkeselektion	99
<b>5.3</b>	<b>Wahrscheinlichkeit der windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung</b>	<b>99</b>
<b>6</b>	<b>Zusammenfassung</b>	<b>104</b>
<b>7</b>	<b>Summary</b>	<b>106</b>
<b>8</b>	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>108</b>
<b>9</b>	<b>Verzeichnis der Rechtsvorschriften</b>	<b>126</b>
<b>10</b>	<b>Anhang</b>	<b>127</b>
<b>10.1</b>	<b>Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben</b>	<b>127</b>
10.1.1	Inhalt der Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben	127
10.1.2	Deskriptive Analyse der Checklisten	138
10.1.3	Modelle	141
10.1.4	Statistische Analyse der Checklisteninhalte (R-Skript)	152

<b>10.2</b>	<b>Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben</b>	<b>161</b>
10.2.1	Berechnung der Distanz zwischen zwei Koordinaten (R-Skript)	161
10.2.2	Belegungsreduzierung der B-Betriebe im 3,0 km-Radius der vektorzugehörigen A-Betriebe	162
10.2.3	Molekularbiologische Daten der Virusisolate	163
<b>11</b>	<b>Publikationsverzeichnis</b>	<b>164</b>
<b>12</b>	<b>Danksagung</b>	<b>165</b>
<b>13</b>	<b>Finanzierungsquellen</b>	<b>166</b>
<b>14</b>	<b>Selbstständigkeitserklärung</b>	<b>167</b>

## Abbildungsverzeichnis

<b>Abbildung 1:</b>	HPAI-Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln in Deutschland (A), Niedersachsen (B) und bei Puten in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg (C) sowie die räumliche Verteilung der in der vorliegenden Studie untersuchten Putenhaltungen (D)	1
<b>Abbildung 2:</b>	Schema eines Vektors	21
<b>Abbildung 3:</b>	Karte von Nordwest-Niedersachsen mit Landkreisgrenzen. Farblich hervorgehoben sind die Wetterstationen des DWD sowie die putenhaltenden Betriebe im Studiengebiet	25
<b>Abbildung 4:</b>	Tabellarische und grafische Darstellung der Gradbereiche mit zugehöriger Himmelsrichtung.	26
<b>Abbildung 5:</b>	Schematische Darstellung der Zuordnung der Vektorpeilung zur entsprechenden Himmelsrichtung nach achteiliger Windrose anhand der berechneten Gradangabe	27
<b>Abbildung 6:</b>	Prozentuale Verteilung der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Cloppenburg nach Nutzungsrichtung und gehaltenem Geschlecht	34
<b>Abbildung 7:</b>	Prozentuale Verteilung der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Oldenburg nach Nutzungsrichtung und gehaltenem Geschlecht	35
<b>Abbildung 8:</b>	Standorte der Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis nach Gemeinden der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg	35
<b>Abbildung 9:</b>	Anzahl der eingestellten Herden in den Ausbruchsbetrieben am Tag der Tötung	36
<b>Abbildung 10:</b>	Tieranzahl und Alter der eingestellten Herden in den Ausbruchsbetrieben am Kalenderdatum der Tötung	36
<b>Abbildung 11:</b>	Zeitpunkt und Anzahl der Betriebsüberprüfungen anhand der Checkliste	37
<b>Abbildung 12:</b>	Zeitpunkt und Anzahl der Überprüfungen der Putenbetriebe des Studiengebietes mit H5Nx-Ausbruch	38
<b>Abbildung 13:</b>	Anzahl an Tagen zwischen Bestandstötung und Überprüfung der Biosicherheitsmaßnahmen in den Betrieben mit H5Nx-Nachweis	39
<b>Abbildung 14:</b>	Anzahl an Biosicherheitsdefiziten je Betrieb nach Landkreisen und Vorkommen eines HPAI-Ausbruchs	40
<b>Abbildung 15:</b>	Vektoren des Studiengebietes nach HPAI-Status des A- und B-Betriebes sowie der Vektordistanz in %	60
<b>Abbildung 16:</b>	Stundenzahl der aufgezeichneten Windrichtungen der DWD-Wetterstationen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes	65
<b>Abbildung 17:</b>	Übersicht der Windrichtungen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes in % vs. Vektorpeilungen der Betriebe mit H5Nx-positivem A- und B-Betrieb und Vektordistanz $\leq 3,0$ km in %.	66

- Abbildung 18:** Erreichte Windstärken in m/s nach Werten der Wetterstationen „Friesoythe“ und „Bremen“ des DWD sowie der Anzahl an HPAI-Ausbrüchen innerhalb der Zeiträume 15.11.2016-31.01.2017 (A) und 01.02.2017-15.04.2017 (B) 67
- Abbildung 19:** Vektoren mit als „wahrscheinlich“ (Pfeil fett) und „bedingt wahrscheinlich“ eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung im räumlichen Zusammenhang 78

## Tabellenverzeichnis

<b>Tabelle 1:</b>	Anzahl verfügbarer Checklisten (fett gedruckt) vs. Anzahl der innerhalb des Epidemie-Zeitraumes amtlich gemeldeten Betriebe	18
<b>Tabelle 2:</b>	Versionen der Checklisten und Nutzung nach Landkreisen in %	18
<b>Tabelle 3:</b>	Themenkomplexe der Checklistenvariablen	19
<b>Tabelle 4:</b>	Verteilung der ermittelten Anzahl an Biosicherheitsdefiziten je Betrieb in % (n = 241)	39
<b>Tabelle 5:</b>	Biosicherheitsdefizite mit einem Anteil > 25 % je Teilgruppe	41
<b>Tabelle 6:</b>	Hinweise auf Krankheitsgeschehen mit einem Anteil > 25 % je Teilgruppe	43
<b>Tabelle 7:</b>	Ergebnisse der manuellen univariablen Analyse (Datensatz „Variablen CLP“)	46
<b>Tabelle 8:</b>	Ergebnisse der manuellen univariablen Analyse (Datensatz „Variablen OL“)	50
<b>Tabelle 9:</b>	Ergebnisse Korrelationsanalyse (Datensatz „Variablen CLP“)	53
<b>Tabelle 10:</b>	Ergebnisse Korrelationsanalyse (Datensatz „Variablen OL“)	53
<b>Tabelle 11:</b>	Ergebnisse der logistischen Regressionsanalyse (Datensatz „Variablen CLP“)	55
<b>Tabelle 12:</b>	Ergebnisse der logistischen Regressionsanalyse (Datensatz „Variablen OL“)	55
<b>Tabelle 13:</b>	Ursprungsmodell (Modell 1, full model)	57
<b>Tabelle 14:</b>	Finales Modell A-CLP	58
<b>Tabelle 15:</b>	Finales Modell B-CLP	59
<b>Tabelle 16:</b>	Tägliche Mortalität der H5Nx-positiv getesteten Putenherden mit verfügbarer Stallkarte in Prozent	62
<b>Tabelle 17:</b>	HPAI-Virus-Reassortanten der H5Nx-betroffenen Putenbestände des Studiengebietes (n = 37)	63
<b>Tabelle 18:</b>	Anzahl und prozentualer Anteil der HPAI-Virus-Reassortanten-Kombinationen bei den HPAI-positiven A- und B-Betrieben der Vektoren mit einer Vektordistanz $\leq 3,0$ km (n = 170)	64
<b>Tabelle 19:</b>	Prozentuale Verteilung der erreichten Windstärken innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (01.11.2016-30.04.2017) nach Beaufort-Skala (Deutscher Wetterdienst (DWD) 2021)	67
<b>Tabelle 20:</b>	Anzahl an Vektoren und potentiellen Risikostunden je Selektionsstufe im WCS und BCS	69
<b>Tabelle 21:</b>	Anzahl Vektoren und Risikotage der WCS- und BCS-Endpools	70

<b>Tabelle 22:</b>	Vektoren der Endpools mit Einstufung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung	71
<b>Tabelle 23:</b>	Risikotage im zeitlichen Zusammenhang (Zeitraum 24.12.2016-01.01.2017)	74
<b>Tabelle 24:</b>	Risikotage im zeitlichen Zusammenhang (Zeitraum 25.02.2017-17.03.2017)	75
<b>Tabelle 25:</b>	Risikotage im zeitlichen Zusammenhang (Zeitraum 28.02.2017-06.04.2017)	76
<b>Tabelle 26:</b>	Inhalt der Checklistenvariablen und -variablenausprägungen sowie basisgebenden Rechtsgrundlagen nach Themenkomplexen mit vorangestelltem Tabellenschema	127
<b>Tabelle 27:</b>	Anzahl und prozentualer Anteil der Betriebe je Variable und Untergruppe mit Biosicherheitsdefiziten	138
<b>Tabelle 28:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 1 (full model)	141
<b>Tabelle 29:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 2	142
<b>Tabelle 30:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 3	143
<b>Tabelle 31:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 4	144
<b>Tabelle 32:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 5 (finale Modell A)	145
<b>Tabelle 33:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 6	146
<b>Tabelle 34:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 7	147
<b>Tabelle 35:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 8	148
<b>Tabelle 36:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 9	149
<b>Tabelle 37:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 10	150
<b>Tabelle 38:</b>	Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 11 (final Modell B)	151
<b>Tabelle 39:</b>	Belegung der B-Betriebe im 3,0 km-Radius der vektorzugehörigen A-Betriebe in Prozent	162
<b>Tabelle 40:</b>	Übersicht der nachgewiesenen HPAI-Virus-Subtypen und – Reassortanten der putenhaltenden Ausbruchsbetriebe	163



## Abkürzungs- und Definitionsverzeichnis

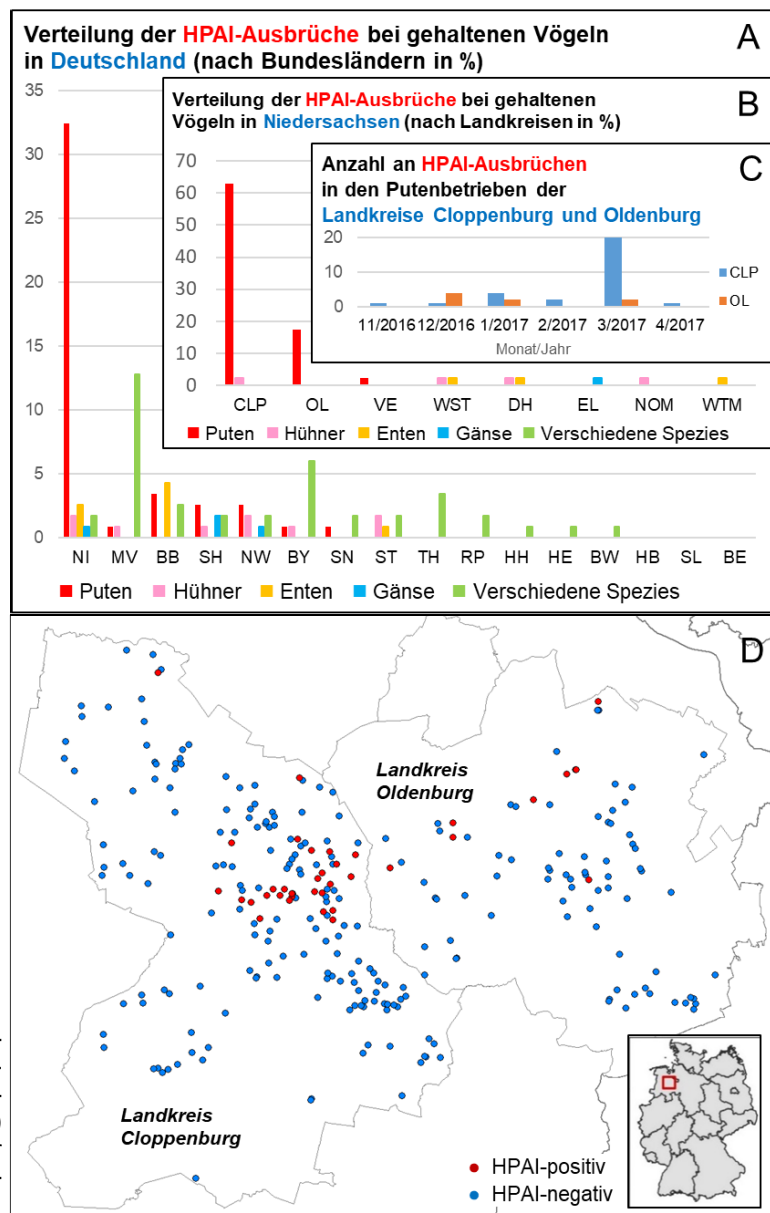
<b>AI</b>	Aviäre Influenza, Infektion von Geflügel oder in Gefangenschaft gehaltenen Vögeln anderer Spezies, verursacht durch Influzaviren Typ A, die hochpathogen oder niedrigpathogen sein können
<b>Ausbruchsbetrieb</b>	Landwirtschaftliche Anlage, in der Geflügel der Spezies <i>Meleagris gallopavo</i> Linnaeus f. <i>domestica</i> (Hastruthühner) gehalten werden und in der hochpathogenes aviäres Influzavirus nachgewiesen wurde
<b>Betrieb A</b>	Potentiell HPAI-Virus-emittierender Betrieb eines Vektors (A-Betrieb)
<b>Betrieb B</b>	Potentiell HPAI-Virus-rezipierender Betrieb eines Vektors (B-Betrieb)
<b>Betriebs_ID</b>	Betriebsidentifikationsnummer, Pseudonym der in der Studie analysierten Putenbetriebe, das aus dem Buchstabenkürzel des Landkreises („C“; „O“), in dem sich der Betriebsstandort befindet, sowie einer fortlaufenden Zahl besteht
<b>Bft</b>	Beaufort-Grad, Bereich auf der Beaufort-Skala, die als Hilfsmittel zur Schätzung der Windstärke anhand der Auswirkungen des Windes dient und von Stärke 0 (Windstille) bis Stärke 12 (Orkan) reicht
<b>CLP</b>	Landkreis Cloppenburg
<b>Emission</b>	Abgabe von potentiell HPAI-Virus-kontaminiertem Material eines Putenbetriebes in die Außenluft
<b>Epidemie-Zeitraum</b>	Für die vorliegende Studie definierter Zeitraum vom 01.11.2016 bis zum 30.06.2017
<b>HPAI</b>	Highly pathogenic avian influenza; hochpathogene aviäre Influenza; Infektion von Geflügel oder in Gefangenschaft gehaltenen Vögeln anderer Spezies, verursacht durch a) Viren der Aviären Influenza der Subtypen H5 oder H7 mit einer Genomsequenz, wie sie auch bei anderen hochpathogenen Geflügelpestviren festgestellt wird, die für multiple basische Aminosäuren im Spaltbereich des Hämagglutininmoleküls kodiert, d.h. das Hämagglutininmolekül kann von einer Wirtszell-Protease gespalten werden, oder b) Viren der Aviären Influenza mit einem intravenösen Pathogenitätsindex von über 1,2 bei sechs Wochen alten Hühnern
<b>LPAI</b>	Low pathogenic avian influenza; niedrigpathogene aviäre Influenza; Infektion von Geflügel oder in Gefangenschaft gehaltenen Vögeln anderer Spezies, verursacht durch Viren der aviären Influenza der Subtypen H5 oder H7, die nicht unter die Definition nach § 1 Satz 3 GeflPestSchV fallen
<b>OL</b>	Landkreis Oldenburg
<b>Transmission</b>	Transport von potentiell HPAI-Virus-kontaminiertem Material eines Putenbetriebes über die Außenluft in einen anderen Putenbetrieb
<b>TSN</b>	Tierseuchennachrichtensystem
<b>Vektor</b>	Betriebskonstellation, die aus Betrieb A und Betrieb B besteht
<b>VTN</b>	Verarbeitungsbetrieb für Tierische Nebenprodukte



# 1 Einleitung

Von November 2016 bis Mai 2017 ereignete sich in Deutschland die bisher (Stand Januar 2021) schwerste Epidemie der hochpathogenen aviären Influenza (Globig et al. 2017; Conraths 2017) mit mehr als 1000 H5Nx-positiven Wildvogelfunden sowie 117 HPAI-Ausbrüchen bei in Gefangenschaft gehaltenen Vögeln. Hierbei waren zum Großteil Nutztierhaltungen mit Geflügel zur Ei- und Fleischproduktion, aber auch Wildvogelhaltungen mit verschiedenen nicht domestizierten und domestizierten Arten betroffen. Reine Putenhaltungen nahmen mit 46 % den größten Anteil ein, wobei überwiegend (32 %) putenhaltende Wirtschaftsgeflügelbetriebe in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg in Niedersachsen betroffen waren (Abbildung 1 A-B) (Tierseuchennachrichtensystem (TSN) 2020). Diese stellen das Zentrum der Truthühnerhaltung in Deutschland dar (Statistisches Bundesamt (Destatis) 2017). In diesem Zeitfenster ereigneten sich in dieser Region 37 Ausbrüche mit einer Häufung im März 2017 (Abbildung 1 C). Die verhältnismäßig große Anzahl an HPAI-Ausbrüchen bei Putenhaltungen sowie deren auffällige räumliche Verteilung und zeitliche Häufung innerhalb eines kurzen Zeitraumes (Abbildung 1 D) lieferten den Anstoß zu der hier vorgestellten Arbeit. Ziel der Studie war die Durchführung einer retrospektiven Analyse der Biosicherheit in von HPAI-Ausbrüchen betroffenen und nicht betroffenen Putenmast-Betrieben sowie die Ermittlung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zwischen putenhaltenden Betrieben in dieser Region.

Abbildung 1: HPAI-Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln in Deutschland (A), Niedersachsen (B) und bei Puten in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg (C) sowie die räumliche Verteilung der in der vorliegenden Studie untersuchten Putenhaltungen (D)



## **2 Literaturübersicht**

### **2.1 Aviäre Influenza**

#### **2.1.1 Bedeutung der aviären Influenza**

Die aviäre Influenza (AI) ist eine hoch ansteckende Viruserkrankung, die mehrere Arten von zur Nahrungsmittelerzeugung genutzten Vögeln, darunter Hühner, Truthühner, Wachteln, Perlhühner, sowie Heim- und Wildvögel befällt und gelegentlich bei einigen Säugetierarten und dem Menschen zu Erkrankungen führt. Die verschiedenen AI-Virus-Stämme werden je nach Schwere der Erkrankung bei 6-10 Wochen alten Hühnern in die Kategorien niedrigpathogen (low pathogenic avian influenza, LPAI), die in der Regel wenige oder keine klinischen Symptome bei Geflügel verursachen, und hochpathogen (highly pathogenic avian influenza, HPAI), die schwere klinische Symptome und potentiell hohe Sterblichkeitsraten bei Geflügel verursachen können, eingeteilt (OIE 2021). Influenza-A-Viren zeigen dabei unterschiedliche Grade in der Wirtsanpassung, sodass AI-Virus-Infektionen je nach Vogelart unterschiedlich schwer verlaufen können (Kuiken et al. 2006). Sie führen insbesondere bei hochpathogenen Stämmen aufgrund der hohen Mortalität sowie der folgenden Bekämpfungsmaßnahmen zu enormen wirtschaftlichen Verlusten (Friedrich-Loeffler-Institut 2021).

Einige AI-Viren besitzen Zoonosepotential und können bei Menschen, die gegenüber einer hohen Infektionsdosis exponiert sind, schwere bis zu tödlich verlaufende Erkrankungen auslösen (Friedrich-Loeffler-Institut 2021). Beispielsweise verursachte der HPAI-Subtyp H5N1 erstmals 1997 und in den Jahren 2003 und 2004 während seiner Ausbreitung von Asien nach Europa und Afrika mehrere Hundert schwere Erkrankungen und Todesfälle beim Menschen. Im Zuge der Prävention einer weiteren Ausbreitung wurden Hunderte Millionen Stück Geflügel getötet. Ausbrüche in Nutzgeflügelbeständen sind aus diesen Gründen nach den Regeln der Weltorganisation für Tiergesundheit (World Organisation for Animal Health, OIE) anzeige- und bekämpfungspflichtig (OIE 2021). AI-Viren stellen einen wichtigen, jedoch schwer zu bekämpfenden Erreger bei Geflügel dar, da sich deren Hauptreservoir in wildlebenden Wasservögeln befindet, wodurch eine vollständige Eradikation verhindert wird (Suarez 2008).

#### **2.1.2 Erreger der aviären Influenza**

Der Erreger der AI gehört zur Familie der Orthomyxoviridae und in dieser zur Gattung Influenza-Virus A (Suarez 2008). Bei diesen handelt es sich um umhüllte, rundlich-pleomorphe Viren mit einer Größe von 75-120 nm, die durch ihr segmentiertes sRNS-Genom eine hohe genetische Flexibilität und Anpassungsfähigkeit an ihre Wirtsspezies aufweisen. Nach der Struktur der Oberflächenantigene Hämagglutinin (HA) und Neuraminidase (NA) werden verschiedene Subtypen unterschieden. Durch simultane Infektion einer Wirtszelle zwei oder mehrerer Influenzaviren kann es durch den Austausch von Teilen des segmentierten Genoms zur Bildung neuer Reassortanten kommen. Sind dabei das HA- und/oder NA-Segment betroffen, spricht man auch von einem Antigenshift, da insbesondere das HA-Protein das Virus antigenetisch charakterisiert. AI-Viren sind grundsätzlich pathogen, variieren jedoch stark in ihrer Virulenz. Grund dafür ist das als Vorläuferprotein HA<sub>0</sub> vorliegende Hämagglutinin (HA), das u.a. die Bindung des Virus an die Wirtszellrezeptoren vermittelt und erst durch proteolytische Enzyme der Wirtszelle gespalten werden muss, um funktionell aktiv zu sein. Erst nach HA-

Spaltung in zwei Untereinheiten wird das Virus infektiös und kann eine neue Wirtszelle produktiv infizieren. Die Aminosäuresequenz der Spaltstelle bedingt das Ausmaß der Virulenz des AI-Virus, da von ihr abhängig ist, ob das HA<sub>0</sub> ausschließlich lokal im Respirations- und Darmtrakt oder auch in anderen Organen gespalten werden kann und so grundsätzlich zu einer systemischen Infektion führt. Hoch virulente Stämme besitzen mindestens drei basische Aminosäuren im Bereich der Spaltstelle und können in zahlreichen Zellen und Organen replizieren. Durch Mutation vor allem im Bereich der Spaltstelle des HA können aus niedrigpathogenen hochpathogene AI-Viren entstehen. Alle bisher detektierten hochpathogenen Virus-Stämme gehören zu den Subtypen H5 und H7 (Rautenschlein und Ryll 2014; Werner und Kaleta 2012). Die Unterscheidung zwischen hochpathogener und niedrigpathogener aviärer Influenza unterliegt strengen Kriterien, die in der Geflügelpest-Verordnung (GeflPestSchV) in der Fassung der Bekanntmachung vom 15. Oktober 2018 (BGBl. I S. 1665, 2664) festgelegt sind.

### **2.1.3 Symptomatik der AI-Viren-Infektion bei Hühnern und Puten im Herdenverband**

Die klinischen Krankheitsanzeichen einer AI-Virus-Infektion sind äußerst variabel und hängen von vielen Faktoren ab, darunter dem Virus-Stamm, der Wirtsart, dem Alter und Geschlecht des Tieres, gleichzeitigen Infektionen, erworbener Immunität und Umweltfaktoren (Easterday et al. 1997). Einige AI-Viren verursachen bei einer Spezies eine schwere Krankheit und bei anderen eine inapparente Infektion ohne offensichtliche Krankheitsanzeichen (Alexander et al. 1986). Unter den als Haus- und Nutztieren gehaltenen Vogelarten waren Puten am häufigsten bei Ausbrüchen der AI betroffen (Easterday et al. 1997), da diese neben Hühnern unter den Nutzgeflügelarten am empfänglichsten sind (Rautenschlein und Ryll 2014). Bei Hühnern und Puten bilden die klinischen Anzeichen die Schädigung der Organsysteme ab, in denen sich das AI-Virus repliziert. Spezifische klinische Manifestationen sind dabei abhängig vom Grad der Schädigung und von der Art der betroffenen Organe oder Organsysteme. Im perakuten Stadium können Hühner und Puten versterben, bevor klinische Symptome auftreten. Nicht in kürzester Zeit versterbende Tiere zeigen verminderte Aktivität, reduzierte Futter- und Wasseraufnahme sowie eine verminderte Empfindlichkeit gegenüber Reizen, die zu einer erheblichen Reduzierung gegenüber der üblichen Geräuschkulisse gesunder Tiere führen kann. In einigen Fällen traten diese Anzeichen 24 Stunden vor Feststellung einer erhöhten Mortalität auf. Überleben die Vögel drei bis sieben Tage, können einzelne Tiere nervöse Störungen wie Kopf- und Nackenzittern, Stehunsfähigkeit, Torticollis, Opisthotonus, Nystagmus, Paresen, Lähmungen, Exzitationen, Krämpfe, rollende oder kreisende Bewegungen, Zittern und Inkoordination, Kopfschütteln, abnormales Gangbild, Flügellähmungen, Gleichgewichtsverlust, Rückenliegen mit Paddelbewegungen und Flügelschlagen sowie andere ungewöhnliche Positionen von Kopf und Extremitäten zeigen. Das Auftreten neurologischer Symptome variiert jedoch je nach Virus-Stamm und Vogelart (Swayne und Pantin-Jackwood 2008).

### **2.1.4 Inkubationszeit der HPAI bei Hühnervögeln**

Bei der Infektion von Hühnern mit HPAI-Viren reicht die Inkubationszeit, d. h. die Zeit von der Exposition bis zum Auftreten klinischer Symptome, von wenigen Stunden bei intravenös inkulierten Vögeln über 24 Stunden bei intranasal exponierten Hühnern bis zu drei und mehr

## 2. Literaturübersicht

---

Tagen bei natürlich infizierten Einzelvögeln. Allgemein zeigen sich bei Haushühnern und -puten in der Regel nach ein bis drei Tagen erste Symptome (Swayne 2008b; Easterday et al. 1997). Von der Inkubationszeit des Einzeltieres muss die Inkubationszeit innerhalb einer Herde unterschieden werden. Da sich durch die Infektionsketten von Tier zu Tier innerhalb eines Herdenverbandes nicht alle Individuen in der gleichen Infektionsphase befinden, verlängert sich der Zeitraum bis das Auftreten klinischer Symptome innerhalb einer Herde deutlich wird (Thrusfield 2007). Die Inkubationszeit bei natürlich infizierten Hühnerherden kann bis zu 14 Tage betragen (Das et al. 2008; Easterday et al. 1997).

In der symptomlosen Inkubationszeit wird AI-Virus nicht oder nur in geringen Mengen ausgeschieden. Erst nach der Virus-Vermehrung im infizierten Tier, die mit der Entwicklung starker klinischer Symptome einhergeht, kommt es zu einer vermehrten Virus-Ausscheidung und damit zur Ansteckung weiterer Tiere bzw. zur Kontamination der Umwelt (Friedrich-Loeffler-Institut 2017b)

### **2.1.5 HPAI-Virus-bedingte Mortalität bei Hühnern und Puten**

HPAI-Virus-Infektionen können in Hühner- und Putenhaltungen innerhalb weniger Tage eine hohe Mortalität von bis zu 100 % verursachen (Rautenschlein und Ryll 2014; Werner und Kaleta 2012). Diese steigt zu Beginn des HPAI-Ausbruchs exponentiell an (Hobbelen et al. 2020; Alexander und Spackman 1981). Perkins und Swayne (2001) verzeichneten nach experimenteller intranasaler Infektion von Hühnern und Puten mit dem HPAI-Virus-Subtyp H5N1 (A/chicken/Hong Kong/220/97) eine Mortalität von 100 % bei Hühnern und Puten sowie eine Mean Death Time (MDT) von nur 1,5 bis 2,0 Tagen bei Hühnern und 2,0 bis 2,5 Tagen bei Puten. Ein gut dokumentiertes Beispiel über den Verlauf der Tierverluste innerhalb einer Herde wurde von Harder et al. (2015) und Pannwitz et al. (2015) publiziert. Während eines Ausbruchs des HPAI-Virus-Subtyps H5N8, der sich Anfang November 2014 in einer Putenmastanlage im Nordosten Deutschlands ereignete, stieg die Mortalität in der hauptsächlich betroffenen Stalleinheit mit 16 Wochen alten Putenhähnen im Verlauf von 6 Tagen von 0,5 % (01.11.2014, 02.11.2014), über 18,4 % (03.11.2014) und 22,6 % (04.11.2014) auf 93,04 % am Tag der Bestandsräumung (06.11.2014) an. Die Mortalität kann besonders in Gebieten mit hoher Betriebsdichte bei hoch anfälligen Geflügelarten wie Hühnern und Puten als klinisches Frühwarnsystem zur schnellen Identifizierung potentieller Ausbrüche der Geflügelpest dienen (Swayne und Kapczynski 2008; Akey 2003). Laut § 4 Absatz 1 GeflPestSchV hat der Tierhalter in Deutschland zur Früherkennung eine Infektion des Geflügelbestandes mit anzeigepflichtigen aviären Influenzaviren durch geeignete Untersuchungen ausschließen zu lassen, sobald die Mortalitätsrate (Sterblichkeitsrate) bei einer Größe des Bestandes oder des räumlich abgegrenzten Teils von mehr als 100 Tieren innerhalb von 24 Stunden mehr als 2 % beträgt. Dies gilt für alle laut Richtlinie 2005/94/EG des Rates vom 20. Dezember 2005 mit Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der Aviären Influenza und zur Aufhebung der Richtlinie 92/40/EWG (2005) unter dem Begriff „Geflügel“ definierten Vögel, wobei für Enten- und Gänsebestände in § 4 Absatz 1 GeflPestSchV abweichende Regelungen vorgeschrieben sind. Unter der täglichen Mortalitätsrate (%) wird laut Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung (TierSchNutzV) die Zahl der an einem Tag in einem Stall verendeten sowie der an diesem Tag aufgrund von Krankheiten oder aus anderen Gründen getöteten Tiere, geteilt durch die Zahl der Tiere, die sich an diesem Tag in dem Stall befanden, multipliziert mit 100, verstanden.

Elbers et al. (2007) untersuchten die Sterblichkeit in von Legehennen-, Puten- und Masthähnchenherden während der H7N7-Epidemie in den Niederlanden im Jahr 2003. Ihre Vergleiche zwischen der erhöhten Sterblichkeit aufgrund der AI-Infektion und der normalen Basissterblichkeit pro Tag lieferten Anhaltspunkte zur Empfehlung einer Anpassung der Meldeschwellen. In Putenhaltungen sollte die Abklärung einer Infektion mit hochpathogener aviärer Influenza erfolgen, wenn die Sterblichkeit/Tag an zwei aufeinanderfolgenden Tagen bei 11 Wochen alten Tieren 0,5 % und 1,0 % bei 16 Wochen alten Tieren übersteigt.

### **2.1.6 Natürliches Reservoir und Übertragungswege der AI-Viren**

Als das wichtigste natürliche Reservoir für AI-Viren gelten wildlebende Wasservögel aus der Ordnung der Anseriformes (insbesondere Enten, Gänse und Schwäne) und der Charadriiformes (insbesondere Möwen, Seeschwalben und Watvögel) (Olsen et al. 2006). Doch obwohl bei vielen dieser Wildvogelarten AI-Viren nachgewiesen wurden, führen sie bei den betroffenen Tieren nur selten zu Erkrankungen (Werner und Kaleta 2012). Infizierte Tiere scheiden AI-Viren mit allen Se- und Exkreten sowie dem Kot aus, wobei Dauer und Ausmaß der Ausscheidung je nach viralem Pathogenitätstyp und Vogelspezies variieren (European Food Safety Authority (EFSA) 2006). Die vertikale Übertragung ist von untergeordneter Bedeutung, da Embryonen schnell an einer HPAI-Virus-Infektion sterben und auch eine Infektion mit LPAI-Viren nicht überleben (Rautenschlein und Ryll 2014). Bei Wildvögeln werden AI-Viren insbesondere durch fäkal verunreinigtes Oberflächenwasser in gemeinsam genutzten Wasserlebensräumen übertragen (Harder et al. 2009a). In diesen Lebensräumen können die Viren je nach Wassertemperatur und physikalisch-chemischen Eigenschaften über längere Zeiträume infektiös bleiben (Stallknecht und Brown 2009). Die Übertragung von AI-Viren durch Aerosole wird ebenfalls vermutet (Clauß 2020; Torremorell et al. 2016; Yee et al. 2009; Schulz 2007; Tsukamoto et al. 2007), wird jedoch als weniger wirksam gegenüber der Exposition mit kontaminiertem Material wie Kot oder direktem Kontakt eingeschätzt (European Food Safety Authority (EFSA) 2006).

## **2.2 Eintragswege von AI-Viren in einen Nutzgeflügelbestand**

Bei gehaltenen Vögeln kann die Übertragung direkt über belebte Vektoren oder indirekt durch unbelebte Vektoren erfolgen (Werner und Kaleta 2012; Swayne 2008b). Der direkte Eintrag von AI-Viren erfolgt durch unmittelbaren Kontakt zu infizierten Vögeln (freilebend oder Hausgeflügel), die über ihre Atemwegssekrete und ihren Kot große Mengen AI-Viren in die allgemeine Umwelt abgeben (v.a. Oberflächenwasser) (Markwell und Shortridge 1982; Hinshaw et al. 1979) und auf diese Weise als biologische Vektoren fungieren. Er stellt die effizienteste Art der Einschleppung dar. Indirekt kann der Eintrag in einen Nutzgeflügelbestand durch verschiedene unbelebte Vektoren erfolgen, die mit Ausscheidungen wie Atemwegssekreten oder Kot AI-Virus-infizierter Vögel kontaminiert sind. Zu den möglichen unbelebten Vektoren gehören alle Materialien, die mit den Tieren in Kontakt kommen und AI-Viren mechanisch übertragen können (Swayne 2008b). Dazu zählen beispielsweise Geräte, Fahrzeuge, Transportkisten und Eierpappen, aber auch Kleidung und Schuhe von tierbetreuenden Personen sowie von Hofbesuchern, Versorgungspersonal, Fangmannschaften oder Futterlieferanten (Halvorson 2008, 2002), die durch ihre Mobilität eine Quelle darstellen können (Swayne 2008b). Besonders in der Putenhaltung stellt der Eintrag über die Einstreu einen bedeutenden Faktor dar (Figueroa

et al. 2020; Reis et al. 2012). Bei AI-Virus-Epidemien werden die Verbringung von Vögeln, der Besucherverkehr und die Verschleppung von Infektionserregern durch Materialien als wichtigste Übertragungswege erachtet (Tiwari et al. 2006). Ebenso wird angenommen, dass AI-Viren über die Luft verbreitet werden können, wobei Staubpartikel als Trägermaterial fungieren sollen (Clauß 2020). Hierbei könnte die Ausbreitung auch über einen mehrstufigen Prozess erfolgen, bei dem AI-Viren streckenabschnittsweise durch Wind und andere Vektoren (z. B. Menschen und Fahrzeuge) von infiziertem zu naivem Geflügel transportiert werden könnten (Ssematimba et al. 2012).

### **2.3 Biosicherheit in Geflügelbetrieben**

#### **2.3.1 Definition des Begriffs Biosicherheit**

Biosicherheit wird als eine Reihe von Management- und physischen Maßnahmen definiert, die das Risiko der Einschleppung, Etablierung und Ausbreitung von Tierkrankheiten, Infektionen oder Befall in, aus und innerhalb einer Tierpopulation verringern sollen (OIE 2011). Diese präventiven, nicht-medikamentösen Maßnahmen sind für die Aufrechterhaltung der Tiergesundheit und damit auch für die Lebensmittelproduktion, die Lebensmittelsicherheit und die biologische Vielfalt von Bedeutung. Ziel der Kombination aller Biosicherheitsmaßnahmen ist es, sowohl die Einschleppung als auch die Ausbreitung von infektiösen Erregern in einer Gruppe von Tieren zu verhindern und somit den auf die Tiere ausgeübten Infektionsdruck zu verringern. Biosicherheitsmaßnahmen können auf verschiedenen Ebenen (Land, Region, Herde, Bestand, Einzeltier) durchgeführt werden (Dewulf und Immerseel 2018) und beinhalten eine Reihe von Verhaltensweisen, Verfahren und Einstellungen, die Barrieren für Krankheitserreger schaffen und bei richtiger Anwendung ein sehr wirksames und kosteneffektives Instrument zur Prävention und Kontrolle von Krankheiten darstellen (Cardona 2008). Eine wirksame Biosicherheit gilt als die Grundlage der Seuchenprävention (Dewulf und Immerseel 2018; EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare) et al. 2017). In Deutschland sind die mindestens einzuhaltenden Biosicherheitsmaßnahmen in Geflügelhaltungen auf Basis der rechtlichen Grundlagen Tiergesundheitsgesetz (TierGesG), Tierische-Nebenprodukte-Beseitigungsgesetz (TierNebG), Geflügelpest-Verordnung (GeflPestSchV) und Geflügel-Salmonellen-Verordnung (GflSalmoV) geregelt. Zu ihrer Einhaltung ist jeder Tierhalter rechtlich verpflichtet und hat laut § 3 TierGesG „dafür Sorge zu tragen, dass Tierseuchen weder in seinen Bestand eingeschleppt noch aus seinem Bestand verschleppt werden [...]“. Um Biosicherheitsmaßnahmen zur AI-Prävention in geflügelhaltenden Betrieben für die Tierhalter greifbarer zu machen, wurden Checklisten zur Selbstüberprüfung veröffentlicht, deren Empfehlungen zur Seuchenprävention über die gesetzlich vorgeschriebenen Biosicherheits- und Hygienemaßnahmen hinausgehen:

- Checkliste zur Vermeidung der Einschleppung der hochpathogenen aviären Influenza (Geflügelpest) (Friedrich-Loeffler-Institut 2017a) in Anlehnung an ein Gutachten der Europäischen Lebensmittelbehörde (EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare) et al. 2017)
- Checkliste zur Vermeidung der Einschleppung der hochpathogenen aviären Influenza (Geflügelpest) (Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) und Zentralverband der Deutschen Geflügelwirtschaft (ZDG) 2017)



- DLG kompakt: Biosicherheit - wichtiger Grundstein für den langfristigen Erfolg (Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft (DLG) 2019)
- Online-Tool zur Selbsteinschätzung der Biosicherheit in Geflügelhaltungen bezüglich aviärer Influenza, kurz „AI-Risikoampel“ (Grabkowsky et al. 2020)

Bisher gibt es keine wissenschaftlichen Belege, die Unterschiede in der Wirksamkeit der Schutzmaßnahmen bei der Einschleppung der aviären Influenza in Geflügelhaltungsbetriebe aufzeigen (EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare) et al. 2017). Demnach muss weiterhin davon ausgegangen werden, dass jede Maßnahme gleichermaßen Schutz bietet und jede Lücke im Biosicherheitskonzept einen Ein- oder Austrag von AI-Viren oder anderen Krankheitserregern begünstigt. Bisher gibt es nur sehr wenige Untersuchungen, die die Anwendung verschiedener Biosicherheitsmaßnahmen ohne Bezug auf eine bestimmte Krankheit vergleichen, was die Gewichtung oder Rangfolge der Maßnahmen kompliziert (Greening et al. 2020).

### **2.3.2 Risikofaktoren für den Eintrag der aviären Influenza in geflügelhaltende Betriebe**

Die Epidemiologie befasst sich mit der Verbreitung von Krankheiten in Populationen, wobei besonders die Verteilung und die Häufigkeit der Erkrankung, Ursache, Risikofaktoren, Pathogenese und die Übertragungswege berücksichtigt werden (Thrusfield 2007). In der Veterinärmedizin liefern epidemiologische Erkenntnisse beim Ausbruch einer Tierseuche wichtige Entscheidungshilfen, um gezielte Maßnahmen zur Bekämpfung der Ausbreitung einzuleiten (Swayne 2008a). In der Tierseuchenbekämpfung dienen epidemiologische Untersuchungen der Identifikation möglicher Eintragsursachen und der Risikobewertung bestimmter Eintragswege. Aus diesen werden in der Folge Präventivmaßnahmen zur Verhinderung eines Eintrages bzw. der Weiterverbreitung eines Tierseuchenausbruches abgeleitet. Bei Ausbruchsunter-suchungen ist der Nachweis der definitiven Eintragsursache nur selten möglich, jedoch erlauben die gesammelten Daten Einschätzungen der Wahrscheinlichkeit bestimmter Wege der Einschleppung in einen Tierbestand (Grabkowsky et al. 2020; Conraths et al. 2016). Die Biosicherheit nimmt dabei nicht nur in Geflügelbetrieben eine prominente Rolle ein (Moore et al. 2008) und die möglichen Eintragswege für Krankheitserreger wie die Erreger der aviären Influenza sind so individuell wie die betrieblichen Strukturen der Höfe selbst (Cardona 2008; Swayne 2008a).

Ssematimba et al. (2013) führten in den Niederlanden eine Querschnittsstudie in allen relevanten gewerblichen Geflügelhaltungen durch, um systematisch alle Aktivitäten in der Geflügelproduktion zu untersuchen, die möglicherweise mit der Virus-Einschleppung und -übertragung in Zusammenhang stehen könnten. Sie identifizierten als risikoreichste Kontaktart die Verbringung von Geflügel während jeglicher Aus- und Einstallung zwischen den Betrieben, bei denen die Biosicherheitsprotokolle der Betriebe nicht eingehalten wurden. Darüber hinaus ermittelten sie weitere risikoerhöhende Managementpraktiken wie den Kontakt zwischen Personen und potentiell kontaminierten Materialien ohne Berücksichtigung der Biosicherheitsprotokolle auch im Hinblick auf Nachbarbetriebe, Unzulänglichkeiten bei der Entsorgung von Abfällen („waste“) und das Vorhandensein anderer Tierarten auf den Betrieben.

## 2. Literaturübersicht

---

Conraths et al. (2016) führten epidemiologische Untersuchungen u.a. in isolierten gewerblichen Geflügelhaltungsbetrieben in Deutschland durch, die in den Jahren 2014 und 2015 von einem HPAI-Ausbruch betroffen waren, um retrospektiv potentielle Eintrittswege des Erregers über Wasser, Futtermittel, Tiere, Menschen, Einstreumaterial, andere unbelebte Vektoren wie Ausrüstung und Fahrzeuge sowie die Anwesenheit von Wildvögeln in der Nähe der betroffenen Betriebe zu bewerten. In ihrer Analyse wurde das Risiko der Einschleppung von AI-Viren durch indirekten Kontakt mit kontaminierten und auf den Höfen genutzten Materialien (z.B. Einstreumaterial, Stiefel, Räder von Fahrzeugen) als am höchsten bewertet. Das Risiko einer Einschleppung über Schadhager sowie durch Personenkontakte und Fahrzeuge ohne Betreten/Befahren des Betriebsgeländes wurde innerhalb der untersuchten Betriebe als vernachlässigbar bzw. gering eingeschätzt.

Gonzales et al. (2017) sammelten in einer systematischen Literaturrecherche Faktoren, die sowohl die Wahrscheinlichkeit der Einschleppung von AI-Viren in einen Geflügelhaltungsbetrieb als auch die Wahrscheinlichkeit der Übertragung von einem infizierten Betrieb auf andere Betriebe beeinflussen können. In den von ihnen analysierten Quellen wurden die meisten der primären Einschleppungen in Geflügelbetriebe auf den Kontakt zu Wildvögeln oder zu von Wildvögeln kontaminiertem Material zurückgeführt. Bei diesen zeigte sich bei einem Viertel der gemeldeten Ausbrüche eine hohe genetische Homologie zwischen den Virus-Isolaten des betroffenen Geflügelbestandes und den Proben aus Wildvogelfunden aus derselben Region (Bouwstra et al. 2015; Lindh et al. 2014; Therkildsen et al. 2011; Handberg et al. 2010; Cecchinato et al. 2008; Gall-Reculé et al. 2008; Terregino et al. 2007). Bei Bouwstra et al. (2015), Gall-Reculé et al. (2008) und Therkildsen et al. (2011) wurde zusätzlich zu den phylogenetischen Daten die beobachtete Anwesenheit von Wildvögeln in der Nähe der betroffenen Betriebe angeführt. Hieraus ergab sich das höhere Risiko einer Einschleppung von AI-Viren in Bestände in Freilandhaltung, da bei diesen der direkte Kontakt zu Wildvögeln bzw. zu deren Ausscheidungen wahrscheinlicher ist als bei Geflügel in reiner Stallhaltung. Bei analysierten HPAI-Ausbrüchen von Herden in reiner Stallhaltung wurde dennoch der Kontakt zu infizierten Wildvögeln oder deren Exkrementen als Eintragsquelle angenommen (Conraths et al. 2016; Bouwstra et al. 2015; Parker et al. 2012; Gall-Reculé et al. 2008). Diese Schlussfolgerung wurde aufgrund von Beobachtungen von Vogelkot auf den Böden der betroffenen Räumlichkeiten gezogen, die zu der Annahme eines Eintrages durch kontaminierte Materialien wie Schuhen, Ausrüstung oder Einstreu führte (Conraths et al. 2016; Parker et al. 2012). Des Weiteren ergab sich bei Ausbrüchen in Großbritannien (Irvine et al. 2007) und Deutschland (Harder et al. 2009b) kontaminiertes Geflügelfleisch als Ursache des Eintrags in den Tierbestand. In der Analyse von Gonzales et al. (2017) ergaben sich als weitere Risikofaktoren die unerkannte AI-Virus-Zirkulation in Hinterhofbeständen durch Handel mit infizierten lebenden Tieren innerhalb ländlicher (gemischter Freiland-)Betriebe und der Austausch von Personal oder kontaminierter Ausrüstung zwischen Betrieben eines Tierhalters (Cecchinato et al. 2008) sowie „exotische“ Eintragsursachen durch die Haltung oder den Kontakt zu infizierten Ziervögeln (Alexander et al. 2010). Bemerkenswert waren in den Recherchen von Gonzales et al. (2017) die HPAI-Ausbrüche in Hühnerzuchtbetrieben, die trotz ihres hohen Biosicherheitsstandards einen Eintrag der Geflügelpest nicht verhindern konnten (Parker et al. 2012; Probst et al. 2012; Manvell et al. 2008). Es ergaben sich bei diesen Haltungen Hinweise auf Eintragswege durch mit Wildvogelkot kontaminierte Ausrüstung oder Schuhwerk (Conraths et al. 2016;

Manvell et al. 2008).

Greening et al. (2020) führten eine fragebogenbasierte Umfrage bei gewerblichen neuseeländischen Geflügelbetrieben durch und sammelten Informationen über Farmdemografie, Kontaktmuster und Biosicherheitspraktiken. Sie ermittelten das größte Risiko bei der Bewegung von Farmpersonal zwischen den Ställen eines Betriebes, wobei sie jede Biosicherheitsmaßnahme als gleichwertig betrachteten. Des Weiteren stellten sie Unterschiede in der Anwendung der abgefragten Biosicherheitsmaßnahmen fest: Während in den Betrieben zum überwiegenden Anteil ( $\geq 85\%$ ) eine Schadnagerbekämpfung und Wildvogelvergrämung immer oder häufig durchgeführt wurde, gaben mehr als 60 % der Betriebe an, Fahrzeugdesinfektion, spezielle Stalloveralls und Schuhdesinfektion immer oder häufig zu verwenden.

Guinat et al. (2020) führten eine retrospektive Fall-Kontrollstudie an 133 Fall- und 133 Kontroll-Entenbetrieben in Frankreich durch, die in den Jahren 2016 und 2017 von einem HPAI-Ausbruch mit dem Subtyp H5N8 betroffen waren. Sie ermittelten, dass Bestände mit höherer Wahrscheinlichkeit infiziert waren, wenn der Betrieb oder eine Betriebseinheit eine unzureichende Abgrenzung aufwies. Dieses Ergebnis führten sie darauf zurück, dass Fahrzeuge und Personen, die den Betrieb ohne dekontaminierende Maßnahmen betreten und sich ungehindert den Produktionseinheiten nähern können, das Risiko der Virus-Einschleppung erhöhen, insbesondere, wenn sie zuvor Kontakt zu noch unentdeckten (subklinischen) Ausbruchsbetrieben hatten. Sie ermittelten weiterhin, dass etwa ein Viertel der Ausbruchsbetriebe einen unzureichenden Schutz des Futters und der Einrichtungen, eine unzureichende Abgrenzung des Betriebes bzw. der Betriebseinheiten sowie eine unzureichende Reinigung der Einrichtungen und der Umgebung aufwies. Ein niedrigerer Anteil der Ausbruchsbetriebe wies unbefriedigende Ergebnisse in Bezug auf das Schädlingsbekämpfungsprogramm (15,0 %), das Management der Fahrzeugbewegungen (10,9 %) und das Management toter Vögel (6,0 %) auf.

## 2.4 Windvermittelte Übertragung von Keimen zwischen Tierhaltungen

Die Übertragung von Krankheitserregern über die Luft innerhalb einer bzw. zwischen mehreren Tierproduktionsstätten ist ein multifaktorieller Prozess, bei dem pathogene Mikroorganismen aus den Sekreten, Exkreten oder Exkrementen eines infizierten Tieres in die Luft gelangen, über diese transportiert und nach Aspiration durch ein gesundes Tier bei diesem zu einer Infektion führen (Zhao et al. 2014). Für das Zustandekommen einer Infektion durch Luftübertragung von Keimen müssen im Allgemeinen fünf Voraussetzungen erfüllt sein (Sarikas 1976; Shaffer 1964):

1. Der Keim muss in die Umwelt gelangen und in die Luft verstreut werden.
2. Der Keim muss fähig sein in der Luft zu überleben und ansteckungsfähig zu bleiben bis er einen geeigneten Nährboden erreicht.
3. Der Keim muss an ein Partikel gebunden sein, das es ihm ermöglicht, in oder auf einen Wirtsorganismus zu gelangen.
4. Es muss ein für den Keim anfälliger Wirtsorganismus vorhanden sein.
5. Es muss eine ausreichende Anzahl an Keimen den Wirtsorganismus erreichen.

## 2. Literaturübersicht

---

Nach Gloster et al. (1982) müssen für einen windgetragenen Transport vitaler Viren über weite Entfernungen folgende Bedingungen vorliegen:

1. Große Menge ausgeschiedener Viren,
2. Geringe Disposition luftgetragener Viren in der Atmosphäre
3. Hohe Überlebensrate emittierter Viren
4. Große Anzahl empfänglicher Nutztierställe, die über viele Stunden exponiert sind

### **2.4.1 Bioaerosole und Staub als Übertragungsmedien**

Nach der Freisetzung durch den Wirtsorganismus sind die emittierten Mikroorganismen in der Luft zu 80 % an Partikel angelagert und bilden mit ihnen komplexe Cluster (Carpenter 1986). Diese Cluster werden auch als Bioaerosole bezeichnet, die sich aus unbelebten und belebten Bestandteilen zusammensetzen, die einen biologischen Ursprung besitzen und eine biologische Aktivität entwickeln (Seedorf und Hartung 2002). Die biologische Aktivität schließt u.a. die Infektiosität, Toxizität, Allergisierung oder pharmakologische Wirkung mit ein (Schulz 2007; Hirst 1995). Neben den emittierten Bakterien, Pilzen, Viren, Milben und Protozoen, die den belebten Anteil von Bioaerosolen bilden, ist der unbelebte Anteil insbesondere in Tierställen aus Stäuben zusammengesetzt, die durch mechanische Prozesse oder Aufwirbelung entstehen und disperse Verbindungen aus festen Stoffen und Gasen darstellen (Deutsche Forschungsgemeinschaft 2020; Seedorf und Hartung 2002). Staub entsteht in Tierställen durch Futter, Einstreu, die Tiere selbst in Form von Abschilferungen von Haut, Haaren und Federn sowie durch Fäzes, Stallinventar und Einwehungen von außerhalb (Clauß 2020; Cambra-López et al. 2010; Seedorf und Hartung 2002; Pearson und Sharples 1995; Dawson 1990). Die Staubentwicklung ist dabei abhängig von der Art des Futters und der Fütterung, der Beschaffenheit der Einstreu, der Haltung, der Belegungsdichte, der Luftgeschwindigkeit im Stall, der Tierart, der relativen Luftfeuchte im Stall, der Jahreszeit und der Stalltemperatur (Sarikas 1976; Hilliger 1966). Der größte Anteil in Stäuben in Putenställen ist dabei fäkalen Ursprungs (Seedorf und Hartung 2002; Feddes et al. 1992). Die Staubkonzentration erhöht sich durch vermehrte Tieraktivität, hohe Besatzdichte, verschüttetes Futter, schlechtes Einstreumaterial und niedrige Feuchtigkeit der Stallluft sowie mit steigendem Tieralter bzw. steigendem Tiergewicht (Clauß 2020; Bródka et al. 2012; Lonc und Plewa 2009; Oppliger et al. 2008; Vučemilo et al. 2007; 2006; 2005; Saleh et al. 2005; Schneider 2005; Takai et al. 1998; Sauter et al. 1981; Sarikas 1976).

### **2.4.2 Faktoren, die die Tenazität von Mikroorganismen in der Luft beeinflussen**

Wenn pathogene Mikroorganismen ihren Wirt verlassen und aerosoliert werden, befinden sie sich in der Luft außerhalb ihres natürlichen Lebensraumes und sind einer Vielzahl von Umweltfaktoren ausgesetzt, die je nach Tenazität des Mikroorganismus bei diesem zu einem unterschiedlichen Verlust seiner Lebens- und Reproduktionsfähigkeit führen. Zu den Faktoren, die das Überleben von Bioaerosolen beeinflussen, gehören ihr Suspensionsmedium, die Temperatur, die relative Feuchtigkeit, die Sauerstoffempfindlichkeit und die Exposition gegenüber UV- oder elektromagnetischer Strahlung (Cole und Cook 1998). Besonders Viren reagieren empfindlich auf den luftgetragenen Zustand (Seedorf und Hartung 2002). Während der Transmission in der Luft erleiden Viren einen biologischen und physikalischen Zerfall (Zhao et al.

2014). Während der biologische Zerfall hauptsächlich durch ein komplexes Zusammenspiel von Umweltfaktoren wie Feuchtigkeit, Temperatur, Strahlung und toxischen Gasen bestimmt wird, ist der physikalische Zerfall von Sedimentation und Diffusion abhängig (Zhao et al. 2014; He et al. 2005; Abadie et al. 2001). Die Tenazität eines Virus außerhalb seines Wirtsorganismus wird dabei maßgeblich durch seine Struktureigenschaften beeinflusst. Hierbei sind behüllte Viren wie der Erreger der aviären Influenza generell weniger widerstandsfähig gegenüber äußeren Einflüssen als Viren ohne lipidhaltige Hülle wie z.B. der Erreger der Maul- und Klauenseuche) (Modrow et al. 2010a, 2010b; Büttner 2002).

### **2.4.3 Faktoren, die die Menge von luftgetragenen Partikeln beeinflussen**

In die Luft gelangen die biologischen Partikel eher zufällig, z. B. durch Aufwirbelungen von Material oder dem Abstreifen von Hautschuppen oder Federfragmenten. Sind die Bioaerosolpartikel in der Luft werden sie, abhängig von ihrer Größe bzw. ihrem aerodynamischen Durchmesser (AD), über den thermischen Auftrieb der Tiere, Aufwirbelungen und die Lüftung weitergetragen und gelangen letztlich über den Abluftstrom aus den Ställen heraus in die Umwelt (Clauß 2020). Der weitaus größte Anteil der Bioaerosole (bis zu 99 %) in Nutztierställen besitzt Partikeldurchmesser von weniger als 10 µm (Schulz 2007; Schneider 2005; Seedorf und Hartung 2002) und befindet sich in der Größenordnung des Feinstaubes (0,5-10 µm) und Feinstaubes (< 0,5 µm) (Borneff und Borneff 1991). Stallluftpartikel dieser Größenordnung werden bei Windgeschwindigkeiten von 1-3 m/s aufgewirbelt (Sarikas 1976) und sinken weniger als 2 mm pro Sekunde ab (Schulz 2007; Schmitt-Pauksztat et al. 2005). Staubfraktionen, die kleiner als 5 µm sind, werden bereits durch minimale Windgeschwindigkeiten von ca. 0,001 m/s fortbewegt (Sarikas 1976; Borneff und Borneff 1971). Es wird davon ausgegangen, dass an Partikel dieser Größe gebundene Mikroorganismen über weite Entfernungen getragen werden können, sofern sie nicht durch Hindernisse wie Bäume oder Gebäude, Turbulenzen, Regen oder Agglomeration aus der Luft entfernt werden (Schulz 2007) oder sich in der Umgebung der Tierställe als Sedimentationsstaub absetzen und im Boden anreichern (Clauß 2020; Schulz et al. 2012). Infolge der Konzentrationsabnahme mit zunehmender Entfernung zur Emissionsquelle und der Einflüsse durch abiotische Faktoren wird das Potential der biologischen Wirkung von Bioaerosolen beeinflusst und es ist fraglich, in welchen Abständen zum Stall noch eine gesundheitliche Beeinträchtigung von Mensch und Tier erfolgen kann (Clauß 2020; Schulz 2007). Die Meinungen darüber, ob die Verbreitung von AI-Viren durch Winde während eines Ausbruchs tatsächlich zu Neuinfektionen führt, gehen weit auseinander, da der Mechanismus nie schlüssig nachgewiesen werden konnte (Ypma et al. 2013; Ssematimba et al. 2012; Spekrijse et al. 2011; Davis et al. 2009; Power 2005). Dies liegt u. a. an der Problematik des Nachweises von AI-Viren in der Umwelt (Schofield et al. 2005). Die direkte Messung der von Ställen ausgehenden Transmissionsströme in die Atmosphäre ist außerordentlich schwierig. Dies ist bedingt durch die Dreidimensionalität des zu untersuchenden Raumes und die sichere Unterscheidbarkeit zwischen Stallaerosol und natürlichem Umgebungsaerosol (Seedorf und Hartung 2002). Geflügelpestausbürche in Nutzgeflügelbeständen sind vergleichsweise seltene Ereignisse und die Wahl des Probenahmeortes wird durch die Ausbreitungsdynamik der Bioaerosole im dreidimensionalen Raum erschwert, da diese von vielen Parametern abhängig ist (Clauß 2020; Schofield et al. 2005). Parameter, die die Ausbreitungsdynamik von Bioaerosolen beeinflussen, sind vor allem die Windgeschwindigkeit und -richtung

## 2. Literaturübersicht

---

sowie die Geländebeschaffenheit (Clauß 2020; Schulz 2007). Die mittlere jährliche Windgeschwindigkeit beträgt in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg 4,0 - 5,0 m/s, gemessen in zehn Metern über dem Grund. Die Region gehört zur außertropischen Westwindzone, deren Klima durch den Durchzug von Tiefdruckgebieten geprägt ist, wodurch die Lagen der Tiefdruckgebiete eine Hauptwindrichtung aus Südwest bis West und die Strömung aus Hochdruckgebieten eine sekundäre Hauptwindrichtung aus Nordost bis Ost bedingen. In der Region werden Winde kaum von Erhebungen des Geländereiefs, die um- und überströmt werden müssen, beeinflusst (Kappas 2003). Die Flächen werden zum überwiegenden Anteil landwirtschaftlich genutzt (CLP: 67,4 %, OL: 65,8 %), wohingegen Waldflächen einen deutlich geringeren Anteil einnehmen (CLP: 14 %, OL: 19,1 %) (Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz 2014; Niedersächsisches Landesamt für Statistik (NLS) und Niedersächsisches Institut für Historische Regionalforschung e. V. (NIHR) 2007).

### **2.4.4 Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von AI-Viren**

In wenigen Fällen wird die Übertragung von AI-Viren durch Aerosole für sehr wahrscheinlich gehalten (Torremorell et al. 2016; Yee et al. 2009; Tsukamoto et al. 2007) und der sporadische Nachweis des AI-Virus in der Luft liefert Hinweise auf die Möglichkeit der Verbreitung über die Luft (Schofield et al. 2005). Die Auffassungen, bis zu welcher Entfernung zwischen einem infizierten und einem naiven Tierbestand noch eine Gefahr durch luftgetragene Krankheitserreger im Allgemeinen anzunehmen ist, gehen auseinander. Aus den Ventilationsöffnungen von Ställen sollen emittierte Seuchenerreger mit dem Wind nach Heider (1972) über mehrere hundert Meter weit verweht werden können. Platz (1979) sowie Müller und Wieser (1987) empfehlen eine Distanz von 200-300 m zwischen benachbarten Beständen, um potentielle Erregerübertragungen zu vermeiden. Hillinger (1991) hielt Verfrachtungsdistanzen über 200 m bei Viren nur unter besonderen Bedingungen, wie größeren Quellstärken und mäßigen aber einheitlich gerichteten atmosphärischen Luftströmungen für wahrscheinlich. Jonges et al. (2015) untersuchten die Plausibilität der Aerosolübertragung durch Sammlung von Luftproben in der Umgebung HPAI-infizierter Geflügelställe, wobei ihnen der Nachweis von AI-Virus-RNA in Stallnähe bis ca. 60 m Entfernung gelang. Schofield et al. (2005) gelang zuvor der Nachweis von AI-Virus-RNA und AI-Lebend-Virus im Stallumfeld bis zu 100 m Entfernung sowie der Nachweis von AI-Virus-RNA aus Proben, die auf offenem Feld in bis zu 800 m Entfernung zu den Stallgebäuden gewonnen wurden. Den fehlenden Nachweis von AI-Lebend-Virus in dieser Distanz erklärten sie sich mit der Inaktivierung der Viren durch Sonnenlicht, da die Probenahme während des Tages erfolgte. Ebenfalls stellten sie fest, dass die lokale Mikrometeorologie (Wechselwirkung des Windes mit Gebäuden und Bäumen rund um den Probenahmebereich) zu Windverschiebungen und zur Ablenkung der Luft aus den Ställen in eine Höhe von mindestens 5-10 m über dem Boden und von dort weit über den Einzugsbereich der Probenahmegefäße führte. Torremorell et al. (2016) gelang der Nachweis von AI-Virus-RNA in bis zu 1000 m Entfernung zu den infizierten Stallungen. Sie schlossen ebenfalls aus ihren Ergebnissen, dass ein Versagen beim Nachweis lebensfähiger Viren nicht unbedingt ein Hinweis auf deren Abwesenheit darstellt, da die Luft zur Inaktivierung des Virus beitragen könnte. Anstelle aufwändiger Messungen wurde ebenfalls versucht, die Ausbreitung von Bioaerosolen mit

Computermodellen zu simulieren. Über die Validität der verwendeten Modelle für die Ausbreitung von Mikroorganismen ist bisher aber kaum etwas bekannt (Clauß 2020), da zur Unterstützung oder Widerlegung der Theorien zur definitiven Beteiligung des Windes bei der Verbreitung innerhalb der Epidemien bisher keine Methoden verfügbar sind (Power 2005). Ssematimba et al. (2012) konnten mit Hilfe einer Modellsimulation eine Korrelation zwischen der modellierten Luftübertragung von AI-Virus und dem Auftreten von Geflügelpestausbrüchen in der Umgebung aufzeigen. Sie stellten dabei eine geringe Infektionswahrscheinlichkeit in unmittelbarer Nähe zu den Stallungen sowie jenseits einer Entfernung von 1,0 km fest, hielten jedoch den Entfernungsbereich von ca. 25 km für am relevantesten, da er der Breite des Gebietes entsprach, in dem die von ihnen untersuchten Ausbrüche von 2003 begannen (Boender et al. 2007). Innerhalb dieses Distanzbereichs schätzten sie, dass die alleinige Windroute bis zu 24 % der neuen Fälle erklären könnte, räumten jedoch anhand ihrer Ergebnisse ebenfalls ein, dass die windgetragene Route allein nicht ausreicht, um alle ihre Beobachtungen zu erklären. Ypma et al. (2013) lieferten statistische Beweise für die Korrelation zwischen Ausbreitungsrichtung der Influenza A (H7N7) und der Windrichtung zum Zeitpunkt der Bestandsinfektion. Sie schätzen den Beitrag eines möglichen windvermittelten Mechanismus zur Gesamtmenge der Ausbreitung während der von ihnen untersuchten Ausbrüche konservativ auf etwa 18 %, gaben jedoch keine Hinweise zu den Entfernungen der für sie in Frage kommenden Betriebskonstellationen. Die vorherrschende Windrichtung scheint als offensichtlicher epidemiologischer Beweis für die Erregerübertragung zwischen landwirtschaftlichen Betrieben über die Luft zu gelten (Zhao et al. 2014). Torremorell et al. (2016) gaben den Hinweis, dass Schlussfolgerungen über die Wahrscheinlichkeit der Übertragung von HPAI-Virus-Aerosolen mit unterstützenden epidemiologischen Beweisen gezogen werden sollten, um das Risiko der luftübertragenen Route bei der Ausbreitung des HPAI-Virus auf benachbarte landwirtschaftliche Betriebe umfassend zu bewerten.

## 2.5 Gesetzliche Grundlagen

Die Geflügelpest gehört zu den anzeigepflichtigen Tierseuchen (Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen, TierSeuchAnzV). Gründe dafür sind die je nach Virus-Stamm hohe Letalität und Mortalität in betroffenen Geflügelhaltungen sowie das hohe Verbreitungspotential, das Ausbrüche epidemischen Ausmaßes hervorrufen kann. Durch die hohe Wandlungsfähigkeit der AI-Viren und deren mögliche genetische Neuordnung aus verschiedenen Virus-Stämmen zu genetischen Formen, die auch beim Menschen lebensbedrohliche Erkrankungen im Rahmen einer Zoonose hervorrufen können, stellt die Infizierung eines Geflügel- oder sonstigen Vogelbestandes nicht nur eine Gefahr für die Tiere selbst, sondern auch ein nicht einschätzbares Risiko für die öffentliche Gesundheit dar (Richtlinie 2005/94/EG des Rates vom 20. Dezember 2005 mit Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der Aviären Influenza und zur Aufhebung der Richtlinie 92/40/EWG (2005)). Die vom Gesetzgeber vorgeschriebenen Maßnahmen zur Vorbeugung, Früherkennung und Tilgung der HPAI-Infektion in einem Nutzgeflügelbestand sind im Allgemeinen im Gesetz zur Vorbeugung vor und Bekämpfung von Tierseuchen (Tiergesundheitsgesetz, TierGesG) und in der Verordnung zum Schutz gegen die Verschleppung von Tierseuchen im Viehverkehr (Viehverkehrsverordnung, ViehVerkV) sowie im Speziellen in der Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest (Geflügelpest-Verordnung, GeflPestSchV) geregelt. Laut § 1 Absatz 1 Satz 1 GeflPestSchV liegt eine

Infektion im Sinne der Geflügelpest vor, wenn hochpathogenes aviäres Influenza-A-Virus der Subtypen H5 oder H7, das für multiple basische Aminosäuren im Spaltbereich des Hämagglutinin-Moleküls kodiert, durch Virus-, Antigen- oder Genomnachweis (virologische Untersuchung) oder andere als in Nummer 1 Buchstabe a genannte Influenzaviren mit einem intravenösen Pathogenitätsindex von mehr als 1,2 in sechs Wochen alten Hühnern durch virologische Untersuchung (hochpathogenes aviäres Influenza-Virus) bei einem gehaltenen Vogel nachgewiesen worden ist. Laut § 4 Absatz 1 GeflPestSchV zur Früherkennung einer Bestandserkrankung mit hochpathogener aviärer Influenza hat der Tierhalter unverzüglich durch einen Tierarzt das Vorliegen einer Infektion mit dem hochpathogenen oder niedrigpathogenen aviären Influenza-Virus durch geeignete Untersuchungen ausschließen zu lassen, wenn innerhalb von 24 Stunden in einem Bestand oder einem räumlich abgegrenzten Teil eines Bestandes Verluste von mindestens drei Tieren bei einer Größe des Bestandes von bis einschließlich 100 Tieren oder mehr als 2 vom Hundert der Tiere bei einer Größe des Bestandes von mehr als 100 Tieren auftreten. Laut § 1 Absatz 1 Satz 2 GeflPestSchV besteht der Verdacht auf Geflügelpest, wenn das Ergebnis der virologischen, serologischen, pathologisch-anatomischen oder klinischen Untersuchung den Ausbruch der Geflügelpest befürchten lässt.

### **2.6 Ausgewählte amtliche Maßnahmen zur Tierseuchenbekämpfung**

Vor der amtlichen Feststellung ordnet laut § 15 Absatz 1 GeflPestSchV „[i]m Falle des Verdachts auf Geflügelpest bei einem [...] Verdachtsbestand [...] die zuständige Behörde [...] in Bezug auf den betroffenen Verdachtsbestand Maßnahmen [...] an. Ergeben sich auf Grund einer Untersuchung [...] Anhaltspunkte für einen Ausbruch der Geflügelpest, so [...] ordnet die zuständige Behörde die Tötung und unschädliche Beseitigung der gehaltenen Vögel des Verdachtsbestands an und führt epidemiologische Nachforschungen durch. Diese Nachforschungen erstrecken sich auf den Zeitraum, in dem das hochpathogene aviäre Influenza-Virus bereits im Verdachtsbestand vorhanden gewesen sein kann, bevor der Verdacht angezeigt worden ist, die mögliche Eintragsquelle der Geflügelpest, die Ermittlung anderer Bestände, aus denen gehaltene Vögel in den Verdachtsbestand oder aus dem Verdachtsbestand in diese Bestände verbracht worden sind, Personen, Fahrzeuge, Fleisch, Eier, tierische Nebenprodukte, Futtermittel und alle sonstigen Gegenstände, mit denen das hochpathogene aviäre Influenza-Virus in den oder aus dem Verdachtsbestand verschleppt worden sein kann. [...]“. Nach amtlicher Feststellung ordnet laut § 19 Absatz 1 GeflPestSchV „die zuständige Behörde in Bezug auf den Seuchenbestand [...] die sofortige Tötung und unschädliche Beseitigung der nicht bereits nach § 15 Absatz 1 Satz 2 Nummer 1 getöteten und unschädlich beseitigten gehaltenen Vögel [...] [sowie] die Reinigung und Desinfektion der Ställe und sonstigen Standorte, in denen Vögel gehalten worden sind, und ihrer unmittelbaren Umgebung, der Einrichtungsgegenstände und Gerätschaften, die mit gehaltenen Vögeln in Berührung gekommen sein können, der Fahrzeuge, mit denen getötete oder verendete Vögel befördert worden sind [...], [und die] Desinfektion des Kotes oder benutzter Einstreu [...] nach Maßgabe der Richtlinie 2005/94/EG [...] [sowie] eine Entwesung der Ställe und sonstigen Standorte sowie ihrer unmittelbaren Umgebung [an] [...]“.



### 3 Material und Methoden

Die Erhebung und Zusammenstellung der Daten für die Teilstudien der „retrospektiven Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben“ (Teilstudie 1) sowie der „retrospektiven Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben“ (Teilstudie 2) erfolgte mit Hilfe der Ämter für Veterinärwesen der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg, des Instituts für Virusdiagnostik (IVD) des FLI sowie des Deutschen Wetterdienstes (DWD).

Die erhobenen Angaben zu jeder studienrelevanten Putenhaltung wurden für die Teilstudien in getrennten Datenformaten (Tabellenkalkulationsprogramm Microsoft Excel 2016) aufbereitet. Hierbei wurden aus den erhobenen Angaben Metadaten zur Distanz zwischen den Betrieben, Tagesmortalität H5Nx-positiver Bestände, Bebauung und Bewaldung im Studiengebiet, Belegung der Betriebe innerhalb des Epidemie-Zeitraumes sowie Windstärke und -richtung innerhalb des Epidemie-Zeitraumes generiert. Die einzelnen Vorgehensweisen sind in den entsprechenden Unterabschnitten von „Material und Methoden“ beschrieben.

#### 3.1 Erhebung der grundlegenden betriebsbezogenen Daten

Im Zeitraum von April 2018 bis Februar 2019 wurden in den Ämtern für Veterinärwesen der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg die erforderlichen Daten zu den studienrelevanten Putenhaltungen erhoben und in eigene Datenformate (Excel-Tabellen, Word-Dokumente) übertragen. Als studienrelevante Putenhaltung wurde jede Wirtschaftsgeflügelhaltung betrachtet, die innerhalb des Zeitraumes vom 01.11.2016 bis zum 30.04.2017 (Epidemie-Zeitraum) veterinärbehördlich im Landkreis Cloppenburg oder Oldenburg registriert war und in der Hausrathühner (*Meleagris gallopavo* Linnaeus *f. domestica*) zum Zweck der Aufzucht oder Mast gehalten wurden. Die Identifikation erfolgte mit Hilfe des Softwaresystems BALVI iP durch Selektion der registrierten Tierhaltungen nach den Parametern „Zeitraum“, „gehaltene Tierart“ und „Nutzungsrichtung“.

Es wurden in den Veterinärämtern folgende Datenquellen genutzt:

- BALVI iP: Softwaresystem zur veterinärbehördlichen Überwachung, in dem alle zum Zuständigkeitsbereich der jeweiligen Veterinärbehörde gehörenden und nach §§ 12 bis 14 Viehverkehrsverordnung (ViehverkV) zugelassenen Viehhandelsunternehmen unter einer nach § 15 Absatz 1 ViehverkV individuell zugewiesenen Registriernummer erfasst werden.
- Tierseuchennachrichtensystem (TSN): Datenbank aller anzeigepflichtigen Tierseuchenausbrüche in Deutschland
- „Fallakten“: Dokumentation des Veterinäramtes aller den Tierseuchenausbruch betreffenden Daten, welche eine Grundlage bei der Entscheidung der Tierseuchenkasse über Entschädigungsleistungen nach den Vorschriften des Tiergesundheitsgesetzes (TierGesG) bilden.
- „Einsatztagebuch“: Aufzeichnungen des Veterinäramtes zum HPAI-Seuchengeschehen
- „Stallkarten“/Fallzahlendokumentationen der Ausbruchsbetriebe: Aufzeichnungen der Tierhalter zur Bestandsüberwachung und Gesundheitskontrolle ihrer Putenherden mit

### 3. Material und Methoden

---

- Dokumentation der täglichen Tierverluste („Fallzahlen“)
- „Schlachtgeflügeluntersuchung“: Dokumentation der amtlichen Schlachtgeflügeluntersuchung (SGU)
- „Mästerstatistik“: Aufzeichnungen der Putenschlachthöfe Heidemark GmbH (Standort Ahlhorn) und Geestland Putenspezialitäten GmbH & Co. KG (Standort Wildeshausen) zur Rückverfolgbarkeit der geschlachteten Tiere
- „Checkliste zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben“: Aufzeichnung der amtlichen Überprüfung betriebshygienischer Aspekte
- „Checkliste zu Tierschutzaspekten in geflügelhaltenden Betrieben“: Aufzeichnung der amtlichen Überprüfung tierschutzrelevanter Aspekte

Es wurden folgende Angaben für jede studienrelevante Putenhaltung übernommen:

- Betriebsregistriernummer nach ViehverkV
- Tierhalter
- Betriebsregistriernummer nach ViehverkV weiterer Betriebsstätten des Tierhalters
- Geographische Koordinaten des Standortes der Stallanlagen des Betriebes
- Kalenderdaten zu Einstellungen von Putenherden innerhalb des Epidemie-Zeitraumes
- Anzahl, Alter und Geschlecht der eingestellten Puten
- Kalenderdaten zur Ausstallung von Putenherden innerhalb des Epidemie-Zeitraumes
- Anzahl, Alter und Geschlecht der ausgestallten Puten
- Kalenderdaten zu Schlachtungen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes
- Anzahl, Alter und Geschlecht der geschlachteten Puten

Es wurden zusätzlich folgende Angaben für jede studienrelevante Putenhaltung mit H5Nx-Nachweis übernommen:

- Bezeichnungen der Stallgebäude
- Bezeichnungen der Stallgebäude mit H5Nx-Nachweis
- Kalenderdatum des Schlupfes der zum Ausbruchzeitpunkt eingestellten Putenherde(n)
- Kalenderdatum der Einstellung der zum Ausbruchzeitpunkt eingestellten Putenherde(n) sowie deren Anzahl, Geschlecht und Alter am Kalenderdatum der Einstellung
- Nutzungsrichtung der zum Ausbruchzeitpunkt eingestellten Putenherde(n)
- Kalenderdatum der Tötung der zum Ausbruchzeitpunkt eingestellten Putenherde(n) sowie deren Anzahl, Geschlecht und Alter am Kalenderdatum der Tötung
- Kalenderdatum der Anzeige des Verdachtes des Ausbruchs der Geflügelpest auf dem Betrieb durch Tierhalter, Tierarzt oder Veterinärlabor
- Kalenderdatum des amtlichen Verdachtes des Ausbruchs der Geflügelpest auf dem Betrieb
- Kalenderdatum der amtlichen Feststellung des Ausbruchs der Geflügelpest auf dem Betrieb
- Kalenderdatum der Kadaverentsorgung
- Kalenderdaten der Entmistung des Stallgebäudes/der Stallgebäude des Betriebes sofern vorhanden

Aus den verfügbaren „Stallkarten“ der H5Nx-positiven Putenbetriebe wurden zusätzlich folgende Angaben übernommen:

- Betriebsregistriernummer nach ViehverkV
- Bezeichnungen der Stallgebäude
- Kalenderdatum der Einstellung sowie Anzahl, Geschlecht und Alter der eingestellten Puten
- Anzahl der Tierverluste pro Tag (gestorbene und gemerzte Puten summiert)
- Tägliche Bestandsgröße (Tieranzahl)

Aus den verfügbaren „Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben“ wurde der handschriftlich vorliegende Inhalt vollständig und wortgetreu übernommen und in eine Excel-Tabelle eingepflegt.

Übernommene personenbezogene Daten wurden unter Verwendung einer individuellen Betriebsidentifikationsnummer (Betriebs-ID) in den eigenen Aufzeichnungen pseudonymisiert. Diese setzt sich aus dem Buchstaben des Landkreises („C“; „O“) und einer fortlaufenden Nummer zusammen.

## **3.2 Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben**

### **3.2.1 Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben**

Die „Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben“ (im Folgenden „Checklisten“) wurden durch das Niedersächsische Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES) (2021) erstellt und ggf. mit einigen Modifikationen (Tabelle 2) in den Folgemonaten der HPAI-Epidemie 2016/2017 durch Mitarbeitende der Veterinärämter genutzt, um bei Bestandsbesuchen die biosicherheitsrelevanten Maßnahmen in den geflügelhaltenden Betrieben systematisch zu kontrollieren und Defizite festzustellen. Insgesamt waren 34 amtlich tätige Tierärzte aus sieben niedersächsischen Veterinärbehörden (Cloppenburg, Diepholz, Emsland, Grafschaft Bentheim, Oldenburg, Osnabrück und Vechta) an der Überprüfung betriebshygienischer Aspekte mit der Checkliste beteiligt. Im Landkreis Cloppenburg wurden 45 % (86 von 190) der Überprüfungen durch einen amtlichen Tierarzt aus einem anderen Zuständigkeitsbereich (Landkreis) im Rahmen der Amtshilfe durchgeführt. Im Landkreis Oldenburg waren bei allen Erhebungen ausschließlich amtliche Tierärzte des eigenen Zuständigkeitsbereiches beteiligt.

Die Überprüfungen erfolgten in den Folgemonaten der Epidemie, wobei die Erhebung der Checkliste bei den Betrieben mit H5Nx-Nachweis bis zu 386 Tage nach dem H5Nx-Ausbruch (Feststellungsdatum) erfolgte. Eine detaillierte Übersicht zu den Erhebungszeitpunkten der Checklisten auf den Betrieben ist in den Abschnitten 4.3.1.1 und 4.3.1.2 dargestellt.

Die einzelnen Punkte der Checklisten basieren auf den mindestens vom Tierhalter einzuhaltenden gesetzlichen Grundlagen zur Seuchenprävention in Geflügelhaltungen:

- Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest (Geflügelpestverordnung, GeflügelpestSchV)

### 3. Material und Methoden

- Verordnung zum Schutz gegen bestimmte Salmonelleninfektionen beim Haushuhn und bei Puten (Geflügel-Salmonellen-Verordnung, GeflSalmoV)
- Tierische Nebenprodukte-Beseitigungsgesetz (TierNebG)
- sowie auf Empfehlungen der Veterinärämter.

Insgesamt lagen der Studie die Checklisten von 276 (96,16 %) der insgesamt 287 innerhalb des Epidemie-Zeitraumes registrierten putenhaltenden Wirtschaftsgeflügelbetriebe zur Analyse vor. Eine Übersicht der Anzahl an Betrieben und verfügbaren Checklisten je Landkreis ist in Tabelle 1 dargestellt.

Tabelle 1: Anzahl verfügbarer Checklisten (fett gedruckt) vs. Anzahl der innerhalb des Epidemie-Zeitraumes amtlich gemeldeten Betriebe

HPAI-Ausbruch	Landkreis Cloppenburg	Landkreis Oldenburg	Gesamt
nein	<b>163</b> von 171	<b>78</b> von 80	<b>241</b> von 251
ja	<b>27</b> von 28	<b>8</b> von 8	<b>35</b> von 36
	<b>190</b> von 199	<b>86</b> von 88	<b>276</b> von 287

Im Verlauf der Erhebungen wurden mehrere Checklisten-Versionen verwendet, deren Inhalte sich geringfügig unterschieden. Unterschiede bestanden im Vorkommen bzw. in der Wortwahl einiger Fragen. Während bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg acht Versionen der Checkliste genutzt wurden, wurde in den Betrieben im Landkreis Oldenburg nur eine Version eingesetzt (Tabelle 2).

Tabelle 2: Versionen der Checklisten und Nutzung nach Landkreisen in %

Titel der Checkliste laut Originalvorlage	Anteil in %	
	LK CLP (n = 199)	LK OL (n = 88)
Checkliste Pute Version 1.1 vom 28.03.2017	34,2	0,0
Checkliste Pute Version 1.2 vom 28.03.2017, geprüft am 06.04.2017	56,8	100,0
Checkliste nach der Geflügelpest-VO plus Biosicherheit Pute Version 1.0 vom 10.06.2010 MFP-05-1280-VEC	0,5	0,0
MFP-05-1280-PU Version 1.0 vom 28.03.2017	2,6	0,0
Kontrolle einer Geflügelhaltung durch den Landkreis Cloppenburg MFP-05-2351-CLP Version 1.0	0,5	0,0
Kontrolle einer Geflügelhaltung durch den Landkreis Cloppenburg MFP-05-079-CLP Version 1.1	1,1	0,0
Kontrolle einer Geflügelhaltung durch den Landkreis Cloppenburg MFP-05-220-CLP Version 3.0	1,1	0,0
Kontrolle einer Geflügelhaltung durch den LK CLP	1,6	0,0
Version unbekannt	1,6	0,0

#### 3.2.1.1 Aufbereitung der Checklisteninhalte

Die in den Checklistenversionen auftretenden Fragestellungen wurden in das eigene tabellarische Format übernommen und zu einem Gesamtkatalog mit 74 Fragen (Variablen) in neun

Themenkomplexen (Tabelle 3) aufgearbeitet. Jede Variable erhielt zur besseren Übersicht zusätzlich eine Variablennummer (VNr.). Die in den Checklisten auftretenden Antworten lagen handschriftlich mit den Werten „ja“, „nein“ oder „k.A.“ (keine Angabe) sowie ggf. zusätzlich mit einem Kommentar vor. Alle Antwortangaben wurden in eindeutige Variablenausprägungen (numerisch oder kategorial 0, 1, n) umgewandelt. Nicht verfügbare Antworten erhielten die Variablenausprägung „NA“ (not available). Die Zielvariable „HPAI-Ausbruch ja/nein“ (Frage: „Wurde im Bestand des Betriebes innerhalb des Epidemie-Zeitraumes hochpathogenes aviäres Influenza-Virus nachgewiesen?“) mit den möglichen Variablenausprägungen „0“ (nein) und „1“ (ja) wurde hinzugefügt. Die aufgearbeiteten 74 Variablen der Checklisten sind im Anhang in Abschnitt 10.1.1 in Tabelle 26 einsehbar.

Tabelle 3: Themenkomplexe der Checklistenvariablen

Themenkomplex	
A Betriebsstruktur	F Schutz vor Keimeintrag
B Gesundheitskontrolle und Früherkennung	G Fahrzeuge
C GeflüPestSchV § 4 AI-Verdacht	H Schädnerbekämpfung
D Vorraum/Hygieneschleuse	I Kadavermanagement
E Schutzkleidung	

### 3.2.1.2 Angewandte Methoden zur deskriptiven Auswertung

Um mögliche Defizite in den betrieblichen Biosicherheitsmaßnahmen zu ermitteln, wurde der prozentuale Anteil der Variablenausprägungen, die mit einem rechtsgrundlagen- bzw. empfehlungswidrigen Sachverhalt gleichzusetzen waren, für jede Variable ausgehend von der Anzahl an Betrieben mit verfügbarer Checkliste ( $n = 276$ ) berechnet. Um zusätzlich zu analysieren, ob Defizite, die sich bei der Untersuchung der Gesamtbetriebsanzahl ( $n = 276$ ) ermittelten ließen, bei Betrieben mit und ohne HPAI-Ausbruch bzw. auf Landkreisebene unterschieden, wurde der prozentuale Anteil jeder Teilgruppe (H5Nx-negative Betriebe im Landkreis Cloppenburg, H5Nx-positive Betriebe im Landkreis Cloppenburg, H5Nx-negative Betriebe im Landkreis Oldenburg, H5Nx-positive Betriebe im Landkreis Oldenburg) in Prozent berechnet. Um mögliche Anhaltspunkte zu ermitteln, die auf ein Krankheitsgeschehen in den Putenbeständen der Betriebe hindeuten, wurde bei den Variablen des Themenkomplexes „GeflüPestSchV § 4 AI-Verdacht“ ausgehend von der Anzahl an Betrieben mit verfügbarer Checkliste ( $n = 276$ ) der prozentuale Anteil der Betriebe berechnet, deren Variablenausprägungen auf Abweichungen in der Herdengesundheit hinwiesen.

### 3.2.1.3 Angewandte Methoden zur statistischen Auswertung

Aufgrund der Verwendung unterschiedlicher Checklisten-Versionen in den beiden Landkreisen und den daraus resultierenden Unterschieden in der Verfügbarkeit der Antworten wurden die Daten nach der Aufbereitung und Plausibilitätsprüfung in zwei getrennten Datensätzen („Variablen CLP“ und „Variablen OL“) erfasst. Die statistische Auswertung erfolgte mit Hilfe der Statistiksoftware RStudio (Version 1.3.959 © 2009-2020 RStudio, PBC). Verwendet wurden neben den Basis-Packages die Packages (Libraries): „epiDisplay“, „MASS“, „Presence-Absence“ und „car“. Der genutzte R-Code ist im Anhang im Abschnitt 10.1.4 einsehbar.

Um aus der Anzahl an Variablen in den Datensätzen diejenigen zu ermitteln, die die Zielvariable „HPAI-Ausbruch ja/nein“ innerhalb eines Modells am besten beschreiben, wurde eine

### 3. Material und Methoden

---

Variablenselektion nach folgendem Ablauf durchgeführt (Kreienbrock et al. 2012a):

1. Im ersten Schritt nach der Aufarbeitung der Daten erfolgte eine univariable Analyse der 74 Variablen mit Bestimmung der  $p$ -Werte durch geeignete statistische Tests je nach Variablenausprägung (Kreienbrock et al. 2012a). Es wurden der Fisher-Exakt-Test bei Variablenausprägungen von  $2 \times 2$  und  $2 \times 3$ , der Chi<sup>2</sup>-Test (Pearson 1900) bei einer Variablenausprägung von  $2 \times > 3$  sowie der Wilcoxon-Test (Wilcoxon 1945) bei einer numerischen Variablenausprägung (Zahl) verwendet. Die 74 Variablen der Checklisten wurden dabei mit der Zielvariable „HPAI Ausbruch ja/nein“ getestet. Die univariable Analyse erfolgte in zwei Durchläufen, in denen die Datengrundlagen „Variablen CLP“ und „Variablen OL“ getrennt voneinander getestet wurden. Im Folgenden wurden die Variablen der zwei Datensätze mit einem  $p$ -Wert  $\leq 0,2$  selektiert (Kreienbrock et al. 2012a).
2. Im zweiten Schritt wurden die selektierten Variablen der zwei Datensätze auf das Vorliegen von Korrelation und Kollinearität geprüft. Um die Variablenanzahl für die im dritten Schritt erfolgenden Regressionsanalyse weiter einzugrenzen, wurden von den zuvor ermittelten Variablen mit statistisch signifikanten Werten ( $p \leq 0,2$ ) der Datensätze „Variablen CLP“ und „Variablen OL“ diejenigen geprüft, bei denen das Vorliegen von Korrelation und Kollinearität plausibel erschien. Das Signifikanzniveau wurde hierbei auf  $p \leq 0,2$  festgelegt. Bei den sich ergebenden Variablenpaaren wurden durch geeignete statistische Tests die  $p$ -Werte bestimmt. Es wurden je nach Variablenausprägung der Fisher-Exakt-Test und die Spearman Rangkorrelation verwendet. Bei den Variablenpaaren, bei denen sich statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,02$ ) ergaben, wurden im Folgenden die sich zuvor in der univariablen Analyse ergebenden Werte der paarbildenden Variablen verglichen. Die Variable, die den größeren  $p$ -Wert aufwies, wurde von der weiteren Analyse ausgeschlossen.
3. Im dritten Schritt wurden die selektierten Variablen der zwei Datensätze einer multivariablen Analyse mittels logistischer Regression unterzogen und die Variablen mit einem statistisch signifikanten  $p$ -Wert selektiert. Das Signifikanzniveau wurde hierbei auf  $p \leq 0,1$  herabgesetzt. Zur Berechnung wurde innerhalb der Statistiksoftware RStudio (Version 1.3.959 © 2009-2020 RStudio, PBC) die Funktion glm() (GLM - Generalisierte lineare Modelle) verwendet. Hierbei wurden kategoriale Variablen mit mehr als zwei Kategorien in einen Faktor umgewandelt, wobei entsprechende Dummy-Variablen erstellt wurden. Es ergaben sich bei diesen Variablen zwei berechnete  $p$ -Werte (glm1 und glm2), die zur Bewertung genutzt wurden.
4. Im vierten Schritt wurden die selektierten Variablen der Datensätze „Variablen CLP“ und „Variablen OL“ einer multivariablen Analyse zur Modellselektion unterzogen. Hierbei wurden die Variablenkombinationen schrittweise selektiert. Modell 1 (full model) enthielt alle Variablen, die im dritten Schritt  $p \leq 0,1$  aufwiesen. In den folgenden Modellen (Modell 2-6) wurde jeweils schrittweise die Variable mit dem höchsten  $p$ -Wert verworfen und aus dem Modell entfernt. Ab Modell 7 wurde zu den verbliebenen Variablen aus Modell 6 je eine der bereits verworfenen Variablen wieder hinzugenommen,

sodass in Modell 7-10 je drei Variablen getestet wurden. In Modell 11 wurden zwei zusätzliche Variablen des Modell 1 (full model) zu den verbliebenen Variablen aus Modell 6 eingefügt. Die Selektion der finalen Modelle erfolgte mittels AIC-Wert (Kreienbrock et al. 2012a).

### 3.3 Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben

Um den möglichen Zusammenhang zwischen den HPAI-Infektionen der putenhaltenden Betriebe und den Windverhältnissen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes untersuchen zu können, wurde ein Selektionsprozess entwickelt. Dieser prüfte die putenhaltenden Betriebe des Studienggebietes in elf Selektionsstufen auf das Vorliegen der Bedingungen, die als Voraussetzungen für eine windübertragene Verschleppung von HPAI-Viren von einem infizierten zu einem exponierten Betrieb festgelegt wurden. Dafür wurden zeitliche, räumliche, virusgenetische und den Wind betreffende Faktoren analysiert und in entsprechenden Metadaten aufgearbeitet. Die Erarbeitung der Metadaten und die Stufen des Selektionsprozesses werden in den folgenden Unterabschnitten erläutert.

#### 3.3.1 Grundlegende Definitionen

##### 3.3.1.1 Definition „Vektor“

Als Vektor wird im Folgenden jede im Studienggebiet mögliche Kombination aus zwei Putenbetrieben bezeichnet. Ein Vektor besteht somit aus dem potentiell AI-Viren-emittierenden Betrieb A (A-Betrieb/Emittent) und dem potentiell AI-Viren-empfangenden Betrieb B (B-Betrieb/Rezipient) (Abbildung 2). Jedem möglichen Vektor wurde ein eindeutiger Vektornamen (Vektor-ID) zugewiesen, da sowohl die angenommene Übertragungsrichtung Betrieb „1“ → Betrieb „2“ und Betrieb „2“ → Betrieb „1“ (Gegenvektor) untersucht wurde.

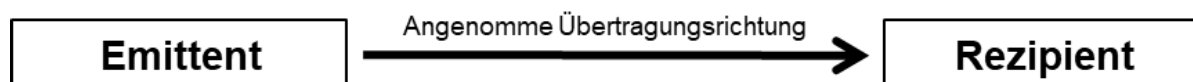


Abbildung 2: Schema eines Vektors

##### Definition „Vektordistanz“

Als Vektordistanz wird die kürzeste Entfernung zwischen zwei Betrieben eines Vektors bezeichnet. Die Vektordistanz jedes Vektors wurde ausgehend von den geographischen Koordinaten (Bezugssystem: UTM 32, ETRS 89) der jeweiligen Betriebe A und B berechnet. Die Berechnungsschritte sind im Anhang in Abschnitt 10.2.1 einzusehen.

##### 3.3.1.2 Definition „Bebauung“

Als Bebauung werden im Folgenden alle Gebäude definiert, die in geschlossener Front stehen. Einfamilienhäuser in vereinzelter Lage wurden dabei ausgeschlossen.

### 3. Material und Methoden

---

#### 3.3.1.3 Definition „Bewaldung“

Als Bewaldung wird jede dicht mit Bäumen bestandene Fläche definiert, die eine Höhe von mindestens 10 Metern über dem Erdniveau erreicht.

#### 3.3.1.4 Definition „Risikotag“, „Risikostunde“, „Risikozeitraum 1 und 2“

Als potentiell HPAI-Virus-freisetzende Materialien wurden in einem Ausbruchsbetrieb die lebenden infizierten Puten, die Kadaver sowie das gesamte Kot-Einstreu-Gemisch angenommen. Jedes Kalenderdatum, an dem die Anwesenheit mindestens eines dieser Materialien im Betrieb angenommen werden konnte, wurde als potentieller **Risikotag** analysiert. Jeder potentielle Risikotag untergliederte sich in 24 potentielle **Risikostunden** beginnend bei 00:00 Uhr.

Aufgrund der unterschiedlichen Annahme der Anwesenheit von lebendem Geflügel, Geflügelkadavern sowie des Kot-Einstreu-Gemisches wurden bei jedem Vektor zwei Risikozeiträume definiert. **Risikozeitraum 1** erstreckt sich über die Zeitspanne von zehn Tagen vor dem Datum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb bis zum Datum des Abschlusses der Kadaverräumung im A-Betrieb. In diesem Zeitraum wurde die Anwesenheit von lebenden Puten, Kadavern oder Kot-Einstreu-Gemisch angenommen, die durch ihre Anwesenheit oder Bewegung während der Tötung, Kadaverentsorgung bzw. Entmistung potentiell HPAI-Virus freisetzen können. **Risikozeitraum 2** beinhaltet jedes Kalenderdatum, an dem das Verbringen des Kot-Einstreu-Gemisches aus den Stallgebäuden des A-Betriebes angenommen wurde. Hierbei lag bei allen Ausbruchsbetrieben das Kalenderdatum der Abschlussdesinfektion der angelegten Mistmiete vor, das als Endzeitpunkt der Entmistung interpretiert wurde. Nur bei wenigen Ausbruchsbetrieben war den Unterlagen der Veterinärämter das Kalenderdatum des Beginns der Entmistung zu entnehmen. Bei diesen Betrieben wurde jeder Kalendertag zwischen dem Abschluss der Kadaverentsorgung und dem Kalenderdatum der Abschlussdesinfektion der angelegten Mistmiete als Risikozeitraum 2 definiert. In diesem Zeitraum wurde die Anwesenheit des Kot-Einstreu-Gemisches angenommen, das durch seine Anwesenheit bzw. Bewegung bei der Entmistung potentiell HPAI-Viren hätte freisetzen können.

#### 3.3.2 Bebauung und Bewaldung in der Windschneise der Vektoren

Um relevante Bebauung und Bewaldung in den Windschneisen der Vektoren identifizieren zu können, wurden zunächst alle Vektoren identifiziert, deren Vektordistanz maximal 3,0 km betrug. Es ergaben sich 170 Vektoren, die sich aus 30 Betrieben zusammensetzten. Um jeden der 30 identifizierten Betriebe wurden vier kreisförmige Zonen mit den Radien 0,5 km, 1,0 km, 2,0 km und 3,0 km festgelegt. Im Folgenden wurde der prozentuale Anteil an bebauter bzw. bewaldeter Fläche jeder der 120 gebildeten Zonen ( $120 = 30 \times 4$ ) mit Hilfe des Programmes ArcGIS.10.5.1 (ESRI, Redlands, CA, USA) und dem DLM (Digitales Landschaftsmodell des Bundesamtes für Kartographie und Geodäsie (BKG); ©GeoBasis-DE/BKG (2020), Nutzungsbedingungen: [http://sg.geodatenzentrum.de/web\\_public/nutzungsbedingungen.pdf](http://sg.geodatenzentrum.de/web_public/nutzungsbedingungen.pdf)) berechnet. Die Layer „Wohnbaufläche“, „gemischte Nutzung“, „Industrie und Gewerbe“, „Besondere funktionale Prägung“, „Platz“, „Friedhof“ und „Sport/Freizeit/Erholung“ wurden als Bebauung sowie die Layer „Wald“ und „Gehölz“ als Bewaldung summiert und als prozentualer



Anteil für Bebauung bzw. Bewaldung der dazugehörigen Zone in das eigene Datenformat eingepflegt. Jedem der zuvor 170 Vektoren wurde im Folgenden der prozentuale Anteil an Bebauung bzw. Bewaldung der zum Betrieb A des Vektors gehörenden Zone mit dem kleinsten Radius zugeordnet, die den Vektor vollständig enthielt. Anschließend erfolgte die Einstufung der Bebauung bzw. Bewaldung in der Windschneise der Vektoren in „Wind hemmend“ oder „Wind nicht hemmend“. Dabei wurde die sich innerhalb des jeweiligen Kreises ermittelte Fläche an Bebauung bzw. Bewaldung bei einem prozentualen Anteil von  $\leq 20\%$  pauschal als „Wind nicht hemmend“ eingestuft. Bei einem Anteil von  $> 20\%$  wurden die Windschneisen der Vektoren individuell mit Hilfe des Programmes ArcGIS.10.5.1 (ESRI, Redlands, CA, USA) und dem DLM (Digitales Landschaftsmodell des Bundesamtes für Kartographie und Geodäsie (BKG); ©GeoBasis-DE/BKG (2020), Nutzungsbedingungen: [http://sg.geodatenzentrum.de/web\\_public/nutzungsbedingungen.pdf](http://sg.geodatenzentrum.de/web_public/nutzungsbedingungen.pdf)) betrachtet und als „Wind hemmend“ oder „Wind nicht hemmend“ eingestuft.

#### **3.3.3 Belegung der Betriebe im Epidemie-Zeitraum**

Aus den Daten zur Einnistung, Ausnistung bzw. Schlachtung wurden durch Abgleichen der Einzelangaben die Belegung der einzelnen Betriebsstandorte im Epidemie-Zeitraum ermittelt. Wenn das genaue Einnistungsdatum der Herde nicht verfügbar war, wurde das vermutliche Einnistungsdatum anhand des Alters der Puten am Tag der Schlachtung berechnet. Dabei wurde pauschal davon ausgegangen, dass das Einnisten der Puten an einem Tag erfolgte. Lagen für das Alter der Tiere am Tag der Schlachtung keine Angaben vor, wurde vom üblichen Schlachtag ausgegangen (Moorgut Kartzfehn 2016). Ein Betrieb wurde als „belegt“ eingestuft, wenn an einem bestimmten „Tag X“ im Epidemie-Zeitraum die Anwesenheit von Puten in einem Bestand angenommen werden konnte. Ein Betrieb wurde als „nicht belegt“ eingestuft, wenn angenommen werden konnte, dass an einem bestimmten „Tag X“ keine Puten in dem Bestand waren oder wenn für diesen Tag keine Information über die Belegung vorhanden war.

#### **3.3.4 Mortalität der H5Nx-positiven Putenherden**

##### **3.3.4.1 Verfügbarkeit und Aufarbeitung der Stallkarten**

Innerhalb des Epidemie-Zeitraumes waren 37 Putenbetriebe von einem H5Nx-Ausbruch betroffen. Bei vier Betrieben wurden ein bis zwei zur gleichen Zeit eingestellte Putenherden H5Nx-positiv getestet. Insgesamt ergaben sich somit 44 H5Nx-positiv getestete Putenherden innerhalb des Epidemie-Zeitraumes. Für die vorliegende Studie standen die Stallkarten von 29 (65,9 %) der insgesamt 44 H5Nx-positiv getesteten Putenherden zur Verfügung. Bei elf Putenbetrieben aus dem Landkreis Cloppenburg, die zusammen 14 H5Nx-positiv getestete Putenherden eingestallt hatten, waren keine Stallkarten verfügbar. Die Anzahl der gestorbenen und gemerzten Puten wurde als Tierverlust pro Tag und Herde aus den Stallkarten jedes Betriebes übernommen.

##### **3.3.4.2 Berechnung der täglichen Herdenmortalitätsrate**

Auf Grundlage der Tierverluste wurde die tägliche Mortalitätsrate jeder H5Nx-positiven Putenherde für jeden Tag berechnet, an dem der Betrieb mit Puten belegt war.

Unter der täglichen Mortalitätsrate (%) wird laut TierSchNutzV die Zahl der an einem Tag in

### 3. Material und Methoden

---

einem Stall verendeten sowie der an diesem Tag aufgrund von Krankheiten oder aus anderen Gründen getöteten Tiere, geteilt durch die Zahl der Tiere, die sich an diesem Tag in dem Stall befanden, multipliziert mit 100, verstanden:

$$\text{Mortalitätsrate Tag } X \text{ in } \% = \frac{\text{Anzahl Tierverluste Ende Tag } X}{\text{Herdengröße Beginn Tag } X} \times 100$$

#### **3.3.5 Annahme einer Virus-Emission im A-Betrieb der Vektoren**

Die berechnete tägliche Mortalitätsrate der 29 H5Nx-positiven Putenherden mit verfügbarer Stallkarte (vgl. Abschnitt 3.3.4.1) wurde im Folgenden im Hinblick auf die zu erwartende Wahrscheinlichkeit einer AI-Virus-Emission in die Stallumgebung der jeweiligen Putenherde bewertet. Betrachtet wurde die berechneten Werte der täglichen Mortalitätsrate jeder H5Nx-positiven Putenherde im Zeitraum von zehn Tagen vor dem Datum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest bis zum Datum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im Betrieb. Erreichte die tägliche Mortalitätsrate der Herde den Wert  $\geq 2\%$  (§ 4 Absatz 1 GeflügelpestSchV) an mehr als einem Tag, wurde die Wahrscheinlichkeit der AI-Virus-Emission in die Stallumgebung mit „gegeben“ bewertet. Eine Virus-Emission des A-Betriebes wurde an allen Tagen der vektorindividuellen Risikozeiträume 1 und 2 angenommen. Jeder Vektor erhielt somit die Information „AI-Virus-Emission des A-Betriebes innerhalb des Risikozeitraumes 1 und 2 angenommen“ oder „AI-Virus-Emission des A-Betriebes innerhalb des Risikozeitraumes 1 und 2 nicht angenommen“.

#### **3.3.6 Molekularbiologische Daten der HPAI-Virus-Isolate**

Im Institut für Virusdiagnostik des FLI wurde 2020 eine Studie zum Thema „Dynamics and Genetic Connections of Highly Pathogenic Avian Influenza Outbreaks in Poultry during the 2016 – 2017 Epidemic in Germany“ (King 2020) durchgeführt, in der die bei der Beprobung von Hausgeflügelbeständen während der Epidemie der hochpathogenen aviären Influenza 2016/2017 in Deutschland gewonnenen Isolate molekularbiologisch untersucht wurden. Dabei wurde die zuvor im Nationalen Referenzlabor (NRL) für Aviäre Influenza auf den HPAI-Virus-Subtyp H5Nx positiv getestete virale RNA extrahiert und unter Verwendung spezifischer Primer mit Hilfe der Endpunkt-Reverse-Transkription-Polymerase-Kettenreaktion (End-RT-PCR) amplifiziert. Die nachfolgende Sequenzierung erfolgte durch Sanger- oder Next-Generation-Sequenzierung (NGS). Um Verwandtschaftsbeziehungen der in den Ausbruchsbetrieben nachgewiesenen HPAI-Erreger im Hinblick auf die Offenlegung möglicher Übertragungswege von einem Betrieb zum anderen prüfen zu können, wurden die Bezeichnungen der ermittelten HPAI-Virus-Reassortanten in den Rahmen der hier vorliegenden Studie übernommen.

#### **3.3.7 Daten zu den Windbedingungen im Epidemie-Zeitraum**

Aufgrund einer Empfehlung des Deutschen Wetterdienstes (DWD) – Abteilung Agrarmeteorologie (Janssen 2020) wurden für das Studienvorhaben die Daten der hauptamtlichen Wetterstationen der Standorte „Friesoythe“, „Bremen“ und „Diepholz“, gefolgt von „Emden“, „Lingen“ und „Wittmundhafen“ (Abbildung 3) genutzt, da diese dem Studiengebiet am nächsten lagen (Deutscher Wetterdienst (DWD) 2016). Aus den historischen stündlichen Stationsmessungen

der Windgeschwindigkeit und Windrichtung für Deutschland (DWD Climate Data Center (CDC) 2018) wurden die Standorte (geographische Koordinaten, Bezugssystem: UTM 32, ETRS 89) und Messwerte der Wetterstationen „Bremen“, „Diepholz“, „Emden“, „Friesoythe“, „Lingen“ und „Wittmundhafen“ für den Zeitraum vom 01.11.2016 00:00 Uhr bis zum 30.06.2017 23:00 Uhr übernommen. Diese umfassten bei den Parametern Windrichtung D und Windstärke F für jedes Kalenderdatum 24 stündliche Einzelwerte. Die Werte zur Windrichtung D in Grad lagen für den Bereich von Null bis 360 in Zehnerschritten vor. Die Werte 10 bis 360 entsprachen dabei einem Ausschlag des Messgerätes aufgrund windbedingter Einwirkung, der Wert Null einem Ausbleiben, das mit Windstille interpretiert wurde. Die Werte zur Windstärke F in m/s lagen auf eine Kommastelle gerundet vor.

Ausgehend von den geographischen Koordinaten der Wetterstationen und der H5Nx-betroffenen Betriebe wurde die Wetterstation berechnet, deren Distanz zum Betrieb am geringsten ist. Die Berechnung der Distanz Wetterstation – Betrieb erfolgte analog zur Vorgehensweise zur Berechnung der Vektordistanzen und ist im Anhang in Abschnitt 10.2.1 einzusehen.

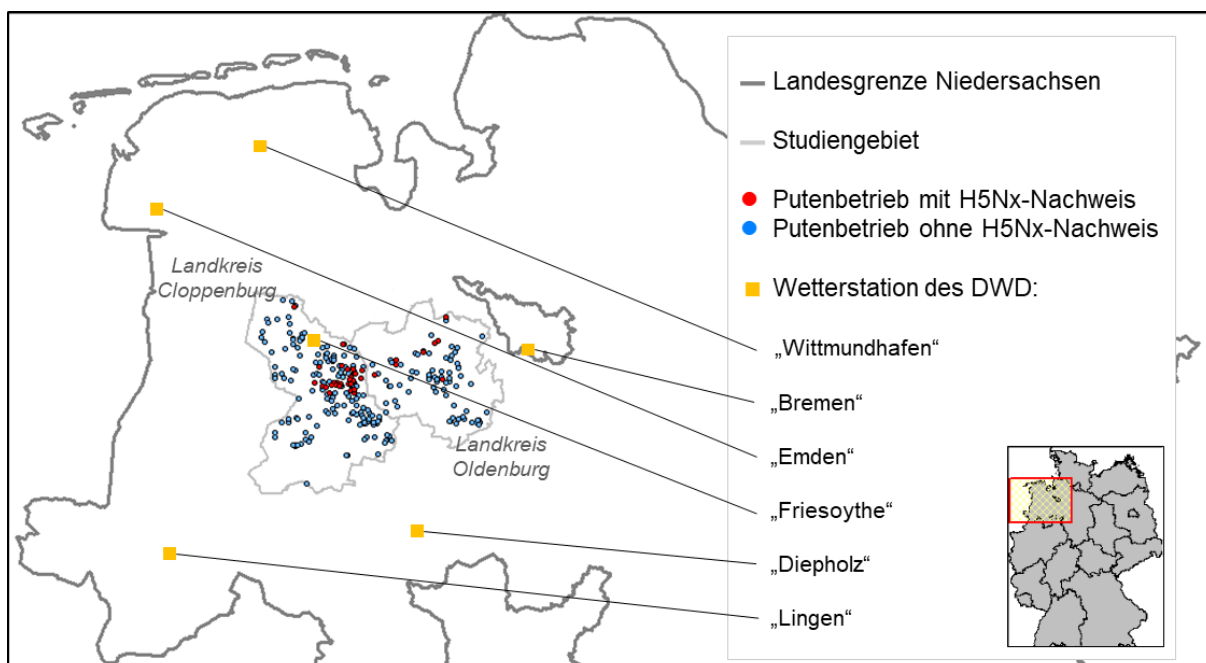


Abbildung 3: Karte von Nordwest-Niedersachsen mit Landkreisgrenzen. Farblich hervorgehoben sind die Wetterstationen des DWD sowie die putenhaltenden Betriebe im Studiengebiet

### 3. Material und Methoden

#### 3.3.7.1 Aufbereitung der Winddaten: Windrichtung

Für jedes Kalenderdatum innerhalb des Epidemie-Zeitraumes wurde der Tagesmedian der Windrichtung  $D$  in Grad aus den vorliegenden 24 Tageseinzelnwerten der Wetterstation berechnet, deren Distanz zu dem zum Vektor gehörenden Betrieb A am geringsten war. Dazu wurden alle Werte eines Kalenderdatums in aufsteigender Reihenfolge geordnet und das arithmetische Mittel der beiden mittleren Werte berechnet. Die berechneten Tagesmedianwerte sowie die grundlegenden 24 Stundenwerte jedes Kalenderdatums wurden im Folgenden der entsprechenden Himmelsrichtung nach achteufliger Windrose („Nord“, „Nordost“, „Ost“, „Südost“, „Süd“, „Südwest“, „West“ und „Nordwest“) bzw. dem Wert „windstill“ zugeordnet. (Abbildung 4).

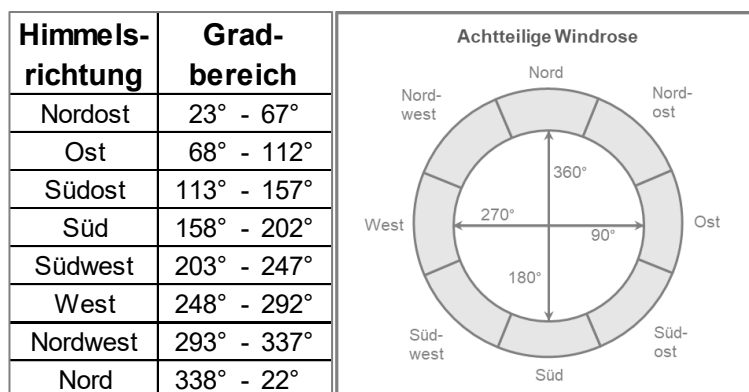


Abbildung 4: Tabellarische und grafische Darstellung der Gradbereiche mit zugehöriger Himmelsrichtung.

#### 3.3.7.2 Definition „Vektorpeilung“ und Berechnungsschritte

Als „Vektorpeilung“ wird im Folgenden der Richtungswinkel zwischen Punkt A (hier A-Betrieb des Vektors) und Punkt B (hier B-Betrieb des Vektors) verstanden. Dieser wurde ausgehend von den Standortkoordinaten der putenhaltenden Betriebe (Bezugssystem: UTM 32, ETRS 89) mit Hilfe des Tabellenkalkulationsprogrammes Microsoft-Excel Version 2016 unter Verwendung der nachfolgenden Schritte berechnet (Herrmann 2020):

Schritt 1a und 1b: Berechnung des Breitengrades  $Lat_1$  ( $x_{1a}$ ) und des Längengrades  $Long_1$  ( $x_{1b}$ ) des ersten Standortes mit anschließender Umrechnung in das Bogenmaß.

$$x_{1a} = Lat_1 * PI() / 180$$

$$x_{1b} = Long_1 * PI() * 180$$

Schritt 1c und 1d: Berechnung des Breitengrades  $Lat_2$  ( $x_{1c}$ ) und des Längengrades  $Long_2$  ( $x_{1d}$ ) des zweiten Standortes mit anschließender Umrechnung in das Bogenmaß.

$$x_{1c} = Lat_2 * PI() / 180$$

$$x_{1d} = Long_2 * PI() * 180$$

Schritt 2:

$$x_2 = \frac{\sin(\text{Lat}_1 * \text{PI})}{180} * \frac{\sin(\text{Lat}_2 * \text{PI})}{180} + \frac{\cos(\text{Lat}_1 * \text{PI})}{180} * \frac{\cos(\text{Lat}_2 * \text{PI})}{180} * \frac{\cos((\text{Long}_1 - \text{Long}_2 * \text{PI})}{180}$$

$$x_2 = 1 \text{ oder } x_2 < 1$$

Schritt 3: Überprüfung, ob  $x_2=1$  oder  $x_2<1$  mit Hilfe der Funktion  $\text{WENN}(\text{Long}_1 - \text{Long}_2 < 0; 0; 360)$ ,  $x_3=0$  wenn  $x_2=1$ ;  $x_3=360$  wenn  $x_2<1$

Schritt 4: Berechnung des Richtungswinkels in Grad.

$$x_4 = \text{ABS}(\text{ARCCOS}(\text{SIN}(x_{1c})/\text{SIN}(\text{ARCCOS}(x_2)))/\text{COS}(x_{1a}) - \text{TAN}(x_{1a})/\text{TAN}(\text{ARCCOS}(x_2))) * 180/\text{PI}() - x_3$$

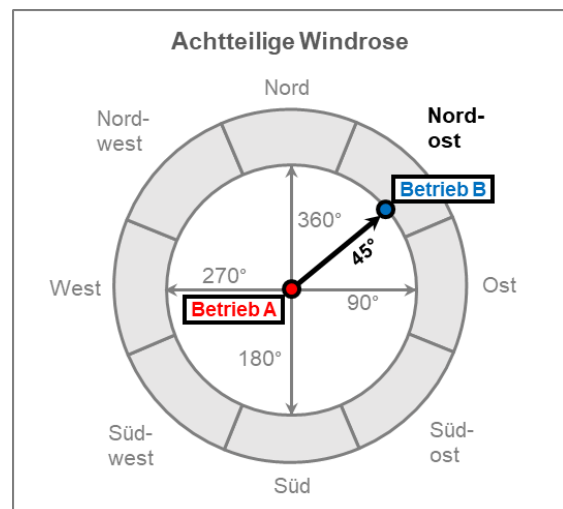
Runden der Richtungswinkel in Grad ohne Kommastelle.

Schritt 5: Zuordnung der Richtungswinkel in Grad zur entsprechenden Himmelsrichtung nach achteiliger Windrose mit Hilfe der SVERWEIS-Funktion.

Die ermittelten Vektorpeilungen können jeden Wert zwischen  $1^\circ$  und  $360^\circ$  annehmen. Sie wurden einem der acht Gradbereiche der achteiligen Windrose zugeordnet.

Abbildung 5 zeigt beispielhaft die Zuordnung der Vektorpeilung von Betrieb A zu Betrieb B von  $45^\circ$  zur Himmelsrichtung „Nordost“.

Abbildung 5: Schematische Darstellung der Zuordnung der Vektorpeilung zur entsprechenden Himmelsrichtung nach achteiliger Windrose anhand der berechneten Gradangabe



### 3.3.7.3 Aufbereitung der Winddaten: Windstärke

Für jedes Kalenderdatum innerhalb des Epidemie-Zeitraumes wurde der Tagesmedian der Windgeschwindigkeit  $F$  in m/s aus den vorliegenden 24 Einzelwerten der Wetterstation berechnet, deren Distanz zu dem zum Vektor gehörenden Betrieb A am geringsten war. Dazu wurden alle Werte eines Kalenderdatums in aufsteigender Reihenfolge geordnet und das arithmetische Mittel der beiden mittleren Zahlen berechnet. Im Folgenden wurden die Tagesmedianwerte sowie die grundlegenden Stundenwerte jedes Kalenderdatums einem der zwölf Windstärkegrade nach Beaufort (Deutscher Wetterdienst (DWD) 2021) zugeordnet.

### 3. Material und Methoden

---

#### 3.3.8 Selektionsprozess

##### 3.3.8.1 Ausgangssituation und Definition „Startpool“

Es wurden zunächst alle innerhalb des Epidemie-Zeitraumes ermittelten Vektoren zusammengetragen. Im Studiengebiet waren innerhalb des Epidemie-Zeitraumes insgesamt 287 Wirtschaftsgeflügelbetriebe bei der zuständigen Veterinärbehörde als putenhaltend gemeldet, von denen 35 Betriebe einen und ein Betrieb (C-158) zweimal im Abstand von mehreren Monaten einen H5Nx-Ausbruch erlitten. Der Betrieb C-158 wurde für jeden einzelnen HPAI-Ausbruch in die Analyse aufgenommen (C-158-1 und C-158-2), da aufgrund des großen zeitlichen Abstandes ein ursächlicher Zusammenhang zwischen den beiden Infektionen als nicht gegeben angenommen wurde. Innerhalb des Infektionsgeschehens ergaben sich auf diese Weise 37 Ausbruchsbetriebe. Weiterhin wurde angenommen, dass sich ein Putenbetrieb innerhalb eines Ausbruchgeschehens auf dem Betrieb nicht durch die im eigenen Putenbestand replizierten HPAI-Viren reinfizieren kann. Vektoren mit identischem Betrieb A und B wurden deshalb nicht berücksichtigt. Aufgrund des zweifachen Vorkommens von Ausbruchsbetrieb C-158 und des Ausschlusses von Vektoren mit identischem A- und B-Betrieb ergaben sich 288 Betriebe, die  $82.656 (288 \times 288 - 288 = 82.656)$  Vektoren bilden. Sie bilden den **Startpool** an Vektoren. Die Abfrage der Vektoren in den Selektionsstufen erfolgte mit Hilfe einer dynamischen Tabelle (Microsoft Excel 2016), in der die Vektoren je Selektionsstufe auf „Selektionsstufe erfüllt“ oder „Selektionsstufe nicht erfüllt“ geprüft wurden.

##### 3.3.8.2 Selektionsstufen 1-2

Der Startpool wurde in den folgenden zwei Stufen vorselektiert:

**Selektionsstufe 1:** Im Betrieb A des Vektors war innerhalb des Epidemie-Zeitraumes ein Putenbestand eingestallt, der H5Nx-positiv getestet wurde.

**Selektionsstufe 2:** Die maximale Distanz zwischen Betrieb A und Betrieb B des Vektors beträgt 3,0 km.

Die 3,0 km-Distanz entspricht dem nach § 21 Absatz 1 GefIPestSchV definierten Sperrgebiet, das von der zuständigen Behörde nach Feststellung der Geflügelpest um den Seuchenbestand festzulegen ist. Die Eingrenzung auf diesen Entfernungsbereich wurde auf Grundlage der angenommenen Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren vorgenommen. Diese basiert auf dem bis zu einer Entfernung von 100 m von betroffenen Stallgebäuden erfolgreichen Nachweis von infektiösen HPAI-Viren (Schofield et al. 2005) sowie dem Nachweis von HPAI-Virus-RNA bis zu einer Entfernung von 1000 m (Scoizec et al. 2018; Torremorell et al. 2016; Jonges et al. 2015; Schofield et al. 2005), der in weiteren Studien festgestellten Konzentrationsabnahme von stallassozierten Keimen mit zunehmender Entfernung zu den emittierenden Stallgebäuden (Schulz 2007; Schmidt und Hoy 1996; Hartung 1992; Hillinger 1991; Müller und Wieser 1987) sowie dem Zerfall von HPAI-Viren durch abiotische Faktoren während der Transmission über die Luft, der die Wahrscheinlichkeit der Erhaltung der Infektiosität erheblich beeinflusst (Zhao et al. 2014).

### 3.3.8.3 Selektionsstufe 3 und Szenarien-Zuordnung

Die durch die Selektionsstufen 1-2 vorselektierten Vektoren wurden in Selektionsstufe 3 mit Hilfe der bei jedem Vektor vorliegenden Information zur angenommenen HPAI-Virus-Emission im A-Betrieb zwei Szenarien zugeordnet.

In das **negative Extrem-Szenario (Worst-Case-Szenario, WCS)** wurden alle Vektoren unabhängig von der Annahme einer HPAI-Virus-Emission im A-Betrieb eingeordnet. Das negative Extrem des WCS bestand in der Annahme, dass bei jedem Ausbruchsbetrieb gleichermaßen eine relevante HPAI-Virus-Freisetzung durch vorhandene infizierte Puten und Kadaver zu jeder Zeit des Risikozeitraumes 1 sowie durch vorhandenes Kot-Einstreu-Gemisch zu jeder Zeit des Risikozeitraumes 2 vorlag. Alle Vektoren des WCS werden als **WCS-Pool** bezeichnet.

In das **positive Extrem-Szenario (Best-Case-Szenario, BCS)** wurden nur die Vektoren eingeordnet, bei denen auf Basis der berechneten Mortalitätsrate die Annahme einer HPAI-Virus-Emission im A-Betrieb vorlag. Das positive Extrem des BCS bestand in der Annahme, dass nur aus den Ausbruchsbetrieben eine relevante HPAI-Virus-Freisetzung durch vorhandene infizierte Puten und Kadaver zu jeder Zeit des Risikozeitraumes 1 sowie durch vorhandenes Kot-Einstreu-Gemisch zu jeder Zeit des Risikozeitraumes 2 erfolgte, bei denen aufgrund der Herdenmortalitätsraten eine Virus-Emission angenommen werden konnte. Alle Vektoren des BCS werden im Folgenden als **BCS-Pool** bezeichnet.

Im weiteren Selektionsprozess wurden die Vektoren auf räumliche, zeitliche, virusgenetische sowie den Wind betreffende Expositionsbedingungen geprüft.

### 3.3.8.4 Selektionsstufen 4-7

Die vorselektierten Vektoren des WCS- bzw. BCS-Pools wurden in den Selektionsstufen 4-7 auf folgende Expositionsbedingungen geprüft:

**Selektionsstufe 4:** Im Betrieb B des Vektors war innerhalb des Epidemie-Zeitraumes ein Putenbestand eingestallt, der H5Nx-positiv getestet wurde.

**Selektionsstufe 5:** Die im Betrieb A und B des Vektors nachgewiesene H5Nx-Virus-Isolat-Reassortante ist gleich.

**Selektionsstufe 6:** In der Windschneise zwischen Betrieb A und B des Vektors befindet sich keine den Wind hemmende Bebauung.

**Selektionsstufe 7:** In der Windschneise zwischen Betrieb A und B des Vektors befindet sich keine den Wind hemmende Bewaldung.

### 3.3.8.5 Selektionsstufen 8-9

In den Selektionsstufen 8-9 wurden die Risikozeiträume 1 und 2 jedes bis zu dieser Selektionsstufe noch verbliebenen Vektors tagesindividuell untersucht.

### 3. Material und Methoden

---

Jeder Tag innerhalb des Risikozeitraumes 1 und 2, der die erforderlichen Expositionsbedingungen der Selektionsstufen 1-7 erfüllte, wurde im Folgenden als potentieller Risikotag verstanden. Jeder potentielle Risikotag wurde in den Selektionsstufen 8-9 auf folgende Expositionsbedingungen geprüft:

**Selektionsstufe 8:** Der Betrieb B des Vektors war während des potentiellen Risikotages mit Puten belegt.

**Selektionsstufe 9:** Der Eintragszeitraum des B-Betriebes überlagert sich mit dem potentiellen Risikotag.

#### 3.3.8.6 Definition „Eintragszeitraum“

Als Eintragszeitraum wurde die Zeitspanne von zehn Tagen vor dem Kalenderdatum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im B-Betrieb bis zum Kalenderdatum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im B-Betrieb definiert.

#### 3.3.8.7 Selektionsstufen 10-11

Jeder potentielle Risikotag innerhalb des Risikozeitraumes 1 und 2 wurde in den Selektionsstufen 10-11 mit zwei Methoden auf den Wind betreffende Expositionsbedingungen geprüft.

In den Selektionsstufen 10-11 der Methode A (im Folgenden 10 A und 11 A ( $\geq 4$  Bft)) wurden die Risikozeiträume 1 und 2 jedes bis zu dieser Selektionsstufe noch verbliebenen Vektors des Worst-Case- bzw. Best-Case-Szenarios tagesindividuell mit Hilfe der Medianwerte untersucht.

**Selektionsstufe 10 A:** Die Windrichtung des potentiellen Risikotages im Median entspricht der Vektorpeilung.

**Selektionsstufe 11 A ( $\geq 4$  Bft):** Die Windstärke des potentiellen Risikotages im Median beträgt  $\geq$  Grad 4 nach Beaufort-Skala.

Alle in Methode A ermittelten potentiellen Risikotage eines Vektors, die die Selektionsstufen (1-11 A ( $\geq 4$  Bft)) erfüllten, wurden im Endergebnis A ( $\geq 4$  Bft) zusammengefasst. Es ergaben sich mit Methode A Vektoren mit einem bis mehreren Risikotagen auf Basis des Tagesmedian in den Selektionsstufen 10 A und 11 A ( $\geq 4$  Bft). Sie wurden als **WCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft)** und **BSC-Endpool A ( $\geq 4$  Bft)** zusammengefasst.

In den Selektionsstufen 10-11 der Methode B (im Folgenden 10 B und 11 B ( $\geq 4$  Bft)) wurden die Risikozeiträume 1 und 2 eines jeden bis nach Selektionsstufe 9 verbliebenen Vektors des Worst-Case- bzw. Best-Case-Szenarios stundenindividuell auf Basis der 24 Tageseinzelnwerte untersucht. Jede Stunde innerhalb des Risikozeitraumes 1 und 2, die die erforderlichen Expositionsbedingungen der Selektionsstufen 1-11 ( $\geq 4$  Bft) erfüllte, wurde im Folgenden als potentielle Risikostunde verstanden. Jede potentielle Risikostunde innerhalb der potentiellen Risikotage des Risikozeitraumes 1 und 2 wurde in Selektionsstufe 10 B und 11 B ( $\geq 4$  Bft) auf folgende den Wind betreffende Expositionsbedingungen geprüft:



**Selektionsstufe 10 B:** Die Windrichtung der potentiellen Risikostunde entspricht der Vektorpeilung.

**Selektionsstufe 11 B ( $\geq 4$  Bft):** Die Windstärke der potentiellen Risikostunde beträgt  $\geq$  Grad 4 nach Beaufort-Skala.

Jeder potentielle Risikotag innerhalb der Risikozeiträume 1 oder 2 eines Vektors, der (auf Basis der 24 Tageesinzelwerte zur Windrichtung und -stärke) mindestens eine potentielle Risikostunde aufwies, in der alle Selektionsbedingungen erfüllt wurden, wurde im **WCS-Endpool B ( $\geq 4$  Bft)** und **BCS-Endpool B ( $\geq 4$  Bft)** zusammengefasst. Die potentiellen Risikotage der Vektoren des **WCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft)**, **BCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft)**, **WCS-Endpool B ( $\geq 4$  Bft)** und **BCS-Endpool B ( $\geq 4$  Bft)** wurden im Folgenden im Hinblick auf die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung bewertet. Diese wird in Abschnitt 3.3.8.9 erläutert.

### 3.3.8.8 Sensitivitätsanalysen hinsichtlich der Windstärkeselektion

Um die Selektionsstufe 11 B hinsichtlich ihres Einflusses auf das Ergebnis des Selektionsprozesses zu überprüfen, wurden die Vektoren aus Selektionsstufe 10 B in drei zusätzlichen Durchläufen je Szenario untersucht. Hierbei wurde untersucht, welche Vektoren, die alle Expositionsbedingungen der Selektionsstufen 1-10 erfüllen, sich zusätzlich ergeben, wenn Windstärken von 3 Bft, 2 Bft oder 1 Bft vorlagen.

Die Expositionsbedingungen lauteten wie folgt:

**Selektionsstufe 11 B (3 Bft):** Die Windstärke der potentiellen Risikostunde beträgt Grad 3 nach Beaufort-Skala.

**Selektionsstufe 11 B (2 Bft):** Die Windstärke der potentiellen Risikostunde beträgt Grad 2 nach Beaufort-Skala.

**Selektionsstufe 11 B (1 Bft):** Die Windstärke der potentiellen Risikostunde beträgt Grad 1 nach Beaufort-Skala.

Jeder potentielle Risikotag innerhalb der Risikozeiträume 1 oder 2 eines Vektors, der (auf Basis der 24 Tageesinzelwerte zur Windrichtung und -stärke) mindestens eine potentielle Risikostunde aufwies, in der alle Selektionsbedingungen der Sensitivitätsanalysen erfüllt wurden, wurde im Endergebnis **WCS-Endpool B (3 Bft)**, **BCS-Endpool B (3 Bft)**, **WCS-Endpool B (2 Bft)**, **BCS-Endpool B (2 Bft)**, **WCS-Endpool B (1 Bft)** und **BCS-Endpool B (1 Bft)** zusammengefasst.

Die potentiellen Risikotage der Vektoren des Endpool B (3 Bft), Endpool B (2 Bft) und Endpool B (1 Bft) des WCS bzw. BCS wurden im Folgenden im Hinblick auf die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung bewertet. Diese wird im Abschnitt 3.3.8.9 erläutert.

### 3. Material und Methoden

---

#### 3.3.8.9 Bewertung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung

Bei jedem Vektor, der sich im Endpool A ( $\geq 4$  Bft), Endpool B ( $\geq 4$  Bft), Endpool B (3 Bft), Endpool B (2 Bft) und Endpool B (1 Bft) des WCS bzw. BSC ergab, wurden zunächst folgende Werte berechnet:

- Differenz in Tagen zwischen dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im B-Betrieb und dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im A-Betrieb
- Differenz in Tagen zwischen den ermittelten potentiellen Risikotagen und dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im B-Betrieb

Anhand der berechneten Werte wurde im nächsten Schritt jedem Vektor die Information „trifft zu“ („ja“) und „trifft nicht zu“ („nein“) auf folgende Fragen zugewiesen:

- Bestand der amtliche Verdacht auf Geflügelpest im A-Betrieb vor dem amtlichen Verdacht auf Geflügelpest im B-Betrieb?
- Ist mindestens ein potentieller Risikotag vorhanden, bei dem die Differenz zwischen dem potentiellen Risikotag und dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im B-Betrieb 1-3 Tage beträgt?
- Ist mindestens ein potentieller Risikotag vorhanden, bei dem die Differenz zwischen dem potentiellen Risikotag und dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im B-Betrieb 4-5 Tage beträgt?
- Wird im Best-Case-Szenario eine Virus-Emission im Betrieb A angenommen?

Anhand der Kombination der im vorherigen Schritt zugewiesenen Informationen wurde im Folgenden jeder Vektor hinsichtlich der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren bewertet.

Eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B der Vektoren wurde mit „**wahrscheinlich**“ („+“) bewertet, wenn folgende Punkte erfüllt wurden:

- Der amtliche Verdacht auf Geflügelpest im B-Betrieb bestand nach dem HPAI-Verdacht im A-Betrieb und
- es ist mindestens ein potentieller Risikotag mit einer Differenz von 1-3 oder 4-5 Tagen zwischen dem potentiellen Risikotag und dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im B-Betrieb vorhanden, der vor dem amtlichen Verdacht auf Geflügelpest im B-Betrieb lag und
- im A-Betrieb wird im Best-Case-Szenario eine HPAI-Virus-Emission angenommen.

Eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B der Vektoren wurde mit „**bedingt wahrscheinlich**“ („(+)“) bewertet, wenn folgende Punkte erfüllt wurden:

- Der amtliche Verdacht auf Geflügelpest im B-Betrieb bestand nach dem HPAI-Verdacht im A-Betrieb und
- es ist mindestens ein potentieller Risikotag mit einer Differenz von 1-3 oder 4-5 Tagen zwischen dem potentiellen Risikotag und dem Tag des amtlichen Verdachtes auf Geflügelpest im B-Betrieb vorhanden, der vor dem amtlichen Verdacht auf Geflügelpest

- im B-Betrieb lag und
- im A-Betrieb wird im Best-Case-Szenario keine Virus-Emission angenommen.

Eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B der Vektoren wurde mit „**unwahrscheinlich**“ („-“) bewertet, wenn einer der folgenden Punkte zutrif:

- Der Tag des Verdachtes der Geflügelpest bestand im B-Betrieb vor dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb oder
- der Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb bestand nach dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb, jedoch wurde kein Risikotag ermittelt, der maximal 1-5 Tage vor dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb lag.

## 4 Ergebnisse

### 4.1 Gewerbliche Putenhaltung im Studiengebiet

In dieser Studie wurden alle veterinärämlich registrierten putenhaltenden Wirtschaftsgeflügelbestände der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg betrachtet, die innerhalb des Epidemie-Zeitraumes der Produktionsstufe Mast angehörten. Diese lässt sich unterteilen in reine Aufzucht- und Mastbetriebe, sowie in kombinierte Betriebe, in denen die Truthühner während ihrer gesamten Lebensdauer (erster Lebenstag bis letzter Masttag) gehalten werden. Die ebenfalls im Studiengebiet ansässigen Betriebe zur Kükenerzeugung (Elterntierbestände, Brütereien) wurden in der Studie nicht berücksichtigt.

#### 4.1.1 Gewerbliche Putenhaltung im Landkreis Cloppenburg

Im Landkreis Cloppenburg waren innerhalb des Epidemie-Zeitraumes 199 putenhaltende Wirtschaftsgeflügelbetriebe beim Veterinäramt gemeldet. Die Puten wurden überwiegend in reinen Mastbetrieben (77 %) gehalten, während 13 % auf reine Aufzuchtbetriebe entfielen und 15 % der Betriebe die Puten über deren gesamte Lebensdauer hielten (Abbildung 6). Insgesamt waren im Landkreis Cloppenburg in Betrieben, die in dieser Studie betrachteten wurden, 79 % männliche Puten eingestallt. 6 % entfielen auf Betriebe, die nur weibliche Puten hielten und 10 % auf Betriebe, die beide Geschlechter eingestallt hatten.

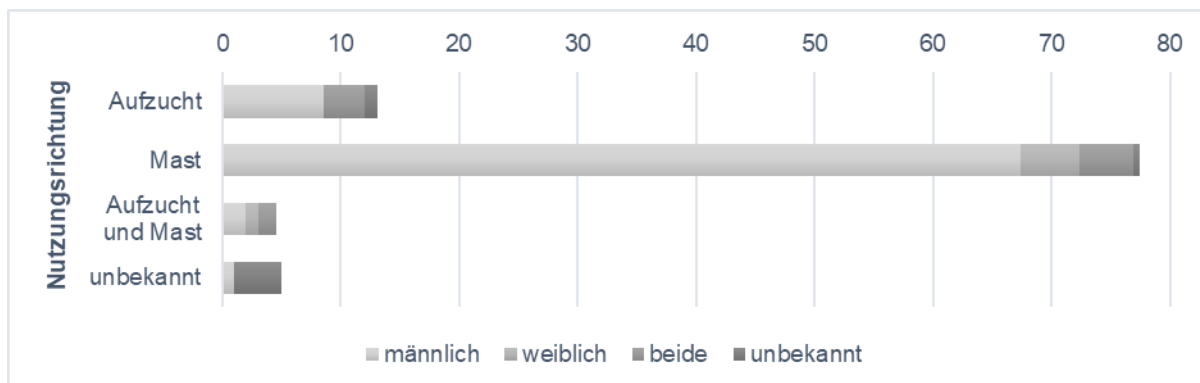


Abbildung 6: Prozentuale Verteilung der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Cloppenburg nach Nutzungsrichtung und gehaltenem Geschlecht

Die meisten putenhaltenden Betriebe waren zum Zeitpunkt der Erhebung in der Gemeinde Garrel (30 %) angesiedelt, gefolgt von den Gemeinden Friesoythe (18 %), Emstek (16 %) und Bösel (14 %).

#### 4.1.2 Gewerbliche Putenhaltung im Landkreis Oldenburg

Im Landkreis Oldenburg waren innerhalb des Epidemie-Zeitraumes 88 mastputenhaltende Wirtschaftsgeflügelbetriebe beim Veterinäramt gemeldet. Insgesamt waren im Landkreis Oldenburg in den in dieser Studie betrachteten Betrieben zu 72 % männliche Puten eingestallt. 8 % entfielen auf Betriebe, die nur weibliche Puten hielten und 18 % der Betriebe hatten beide Geschlechter eingestallt. Die Puten wurden zum überwiegenden Anteil in reinen Mastbetrieben (77 %) gehalten, während 13 % auf reine Aufzuchtbetriebe entfielen und 15 % die Puten

über deren gesamte Lebensdauer hielten (Abbildung 7).

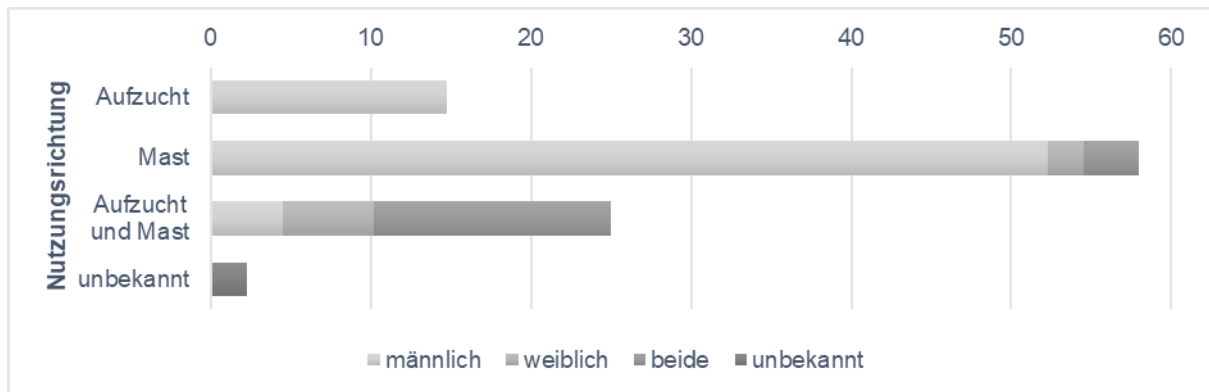
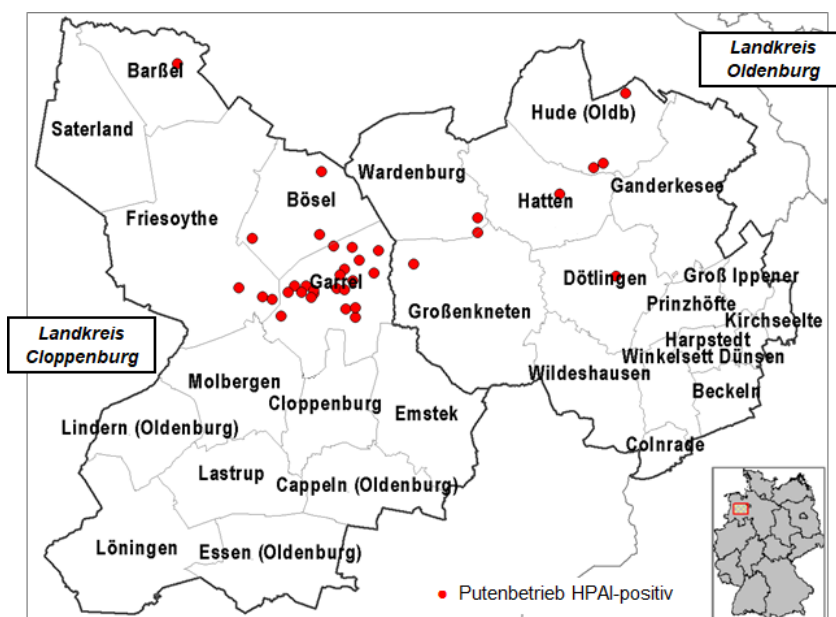


Abbildung 7: Prozentuale Verteilung der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Oldenburg nach Nutzungsrichtung und gehaltenem Geschlecht

Die meisten putenhaltenden Betriebe waren zum Zeitpunkt der Erhebung in der Gemeinde Dötlingen angesiedelt, gefolgt von den Gemeinden Großenkneten (19 %), Ganderkesee (15 %), Beckeln, Hatten, Hude und Winkelsett (jeweils 8 %).

## 4.2 HPAI-Epidemie 2016/2017 im Studiengebiet

Im Landkreis Cloppenburg ereigneten sich 29 Ausbrüche hochpathogener aviärer Influenza in 28 Betrieben, die Puten zu Mastzwecken hielten. Zwischen den beiden Infektionen eines zweimal betroffenen Betriebes lag aufgrund des großen zeitlichen Abstandes von mehreren Monaten kein epidemiologischer Zusammenhang vor. Die meisten Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis gehörten zur Gemeinde Garrel (23 Ausbrüche), gefolgt von der Gemeinden Friesoythe und Bösel (jeweils drei Ausbrüche). In der Gemeinde Barßel ereignete sich ein Ausbruch hochpathogener aviärer Influenza bei einem Putenbetrieb (Abbildung 8).



Im Landkreis Oldenburg wurden acht Ausbrüche hochpathogener aviärer Influenza in acht Betrieben festgestellt, die Puten zu Mastzwecken hielten. Drei Putenbetriebe gehörten zur Gemeinde Hude, zwei zur Gemeinde Großenkneten und jeweils ein Betrieb zu den Gemeinden Dötlingen, Hatten und Wardenburg (Abbildung 8).

Abbildung 8: Standorte der Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis nach Gemeinden der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg

#### 4. Ergebnisse

Insgesamt wurde H5Nx-Virus in den beiden Landkreisen in 44 Putenherden nachgewiesen. In den betroffenen Betrieben waren zum Zeitpunkt der Tötung bis zu fünf Herden eingestallt, bei denen bei ein bis drei Herden eine Infektion mit H5Nx festgestellt wurde (Abbildung 9).

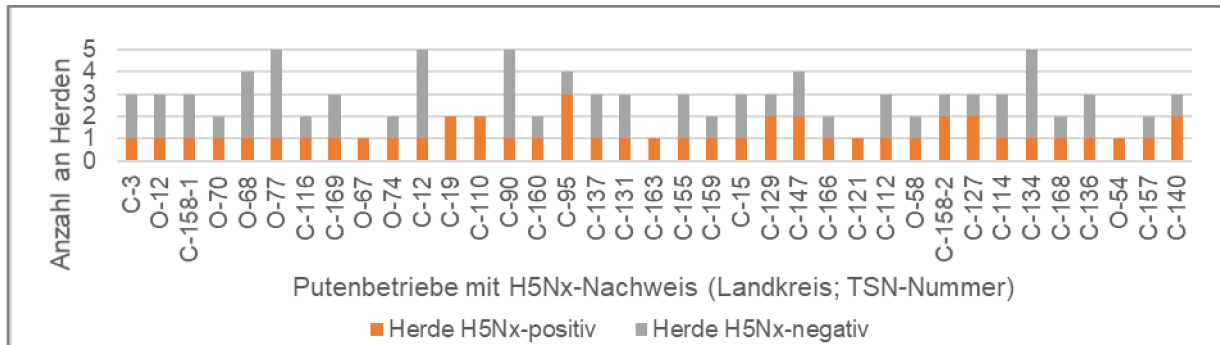


Abbildung 9: Anzahl der eingestellten Herden in den Ausbruchsbetrieben am Tag der Tötung

Die HPAI-positiven Herden waren zum Zeitpunkt der Tötung durchschnittlich 14,5 Wochen alt (Median 14,5 Wochen), dabei waren die jüngsten Herden 6,0 Wochen und die ältesten 22,3 Wochen alt (Abbildung 10). Sie umfassten zum Zeitpunkt der Tötung ca. 12.000 Tiere pro Betrieb (Median ca. 11.000), wobei die kleinste Herde ca. 1.000 Tiere aufwies und die größte ca. 29.000 Tiere (Abbildung 10).

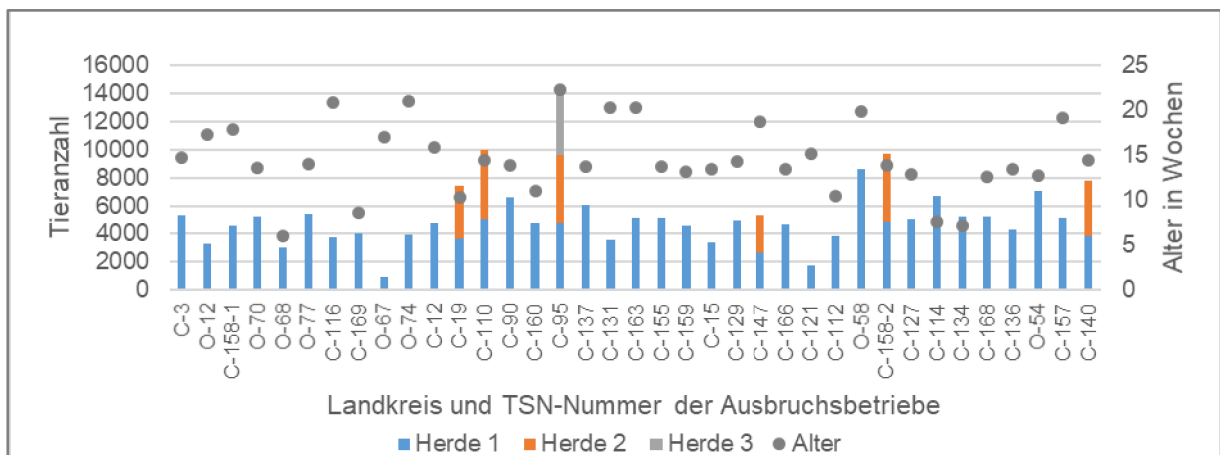


Abbildung 10: Tieranzahl und Alter der eingestellten Herden in den Ausbruchsbetrieben am Kalenderdatum der Tötung

Der Großteil der Herden mit H5Nx-Nachweis (39 von 44) bestand aus männlichen Tieren. Fünf Herden waren weiblich.

### 4.3 Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben

#### 4.3.1 Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben

##### 4.3.1.1 Überprüfungszeitpunkt der Putenbetriebe anhand der Checkliste

Abbildung 11 zeigt die Anzahl an durchgeführten Überprüfungen pro Monat in den Putenbetrieben, die innerhalb des Epidemie-Zeitraumes amtlich gemeldet waren.

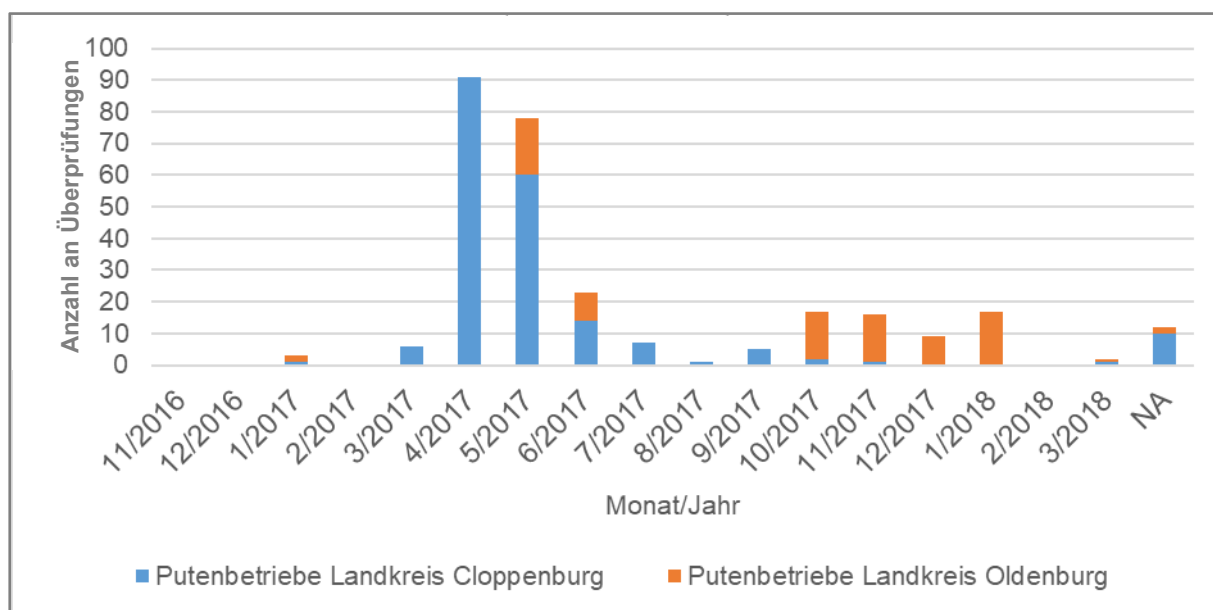


Abbildung 11: Zeitpunkt und Anzahl der Betriebsüberprüfungen anhand der Checkliste

Erste Überprüfungen wurden in beiden Landkreisen vereinzelt im Januar 2017 durchgeführt und pausierten im Februar 2017. In den folgenden Monaten unterscheiden sich die Überprüfungszeiträume in den beiden Landkreisen. Der überwiegende Anteil der Putenbetriebe im Landkreis Cloppenburg wurde von März bis Juni 2017 kontrolliert. Vereinzelte Überprüfungen fanden in den darauffolgenden Monaten von Juli bis November 2017 statt und pausierten von Dezember 2017 bis Februar 2018. Letzte Überprüfungen wurden im März 2018 durchgeführt. Die Überprüfungen der Putenbetriebe im Landkreis Oldenburg wurden anteilig ähnlich in den Monaten Mai bis Juni 2017 sowie Oktober 2017 bis Januar 2018 durchgeführt. Von Juli bis September 2017 und im Februar 2018 fanden keine Überprüfungen dieser Art statt. Letzte Überprüfungen wurden März 2018 durchgeführt. Bei zwölf amtlich im Epidemie-Zeitraum gemeldeten Putenbetrieben stand keine Checkliste zur Verfügung (NA).

## 4. Ergebnisse

### 4.3.1.2 Überprüfungszeitpunkt der Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis

Abbildung 12 zeigt die Anzahl an durchgeführten Überprüfungen pro Monat in den Putenbetrieben mit H5Nx-Nachweis.

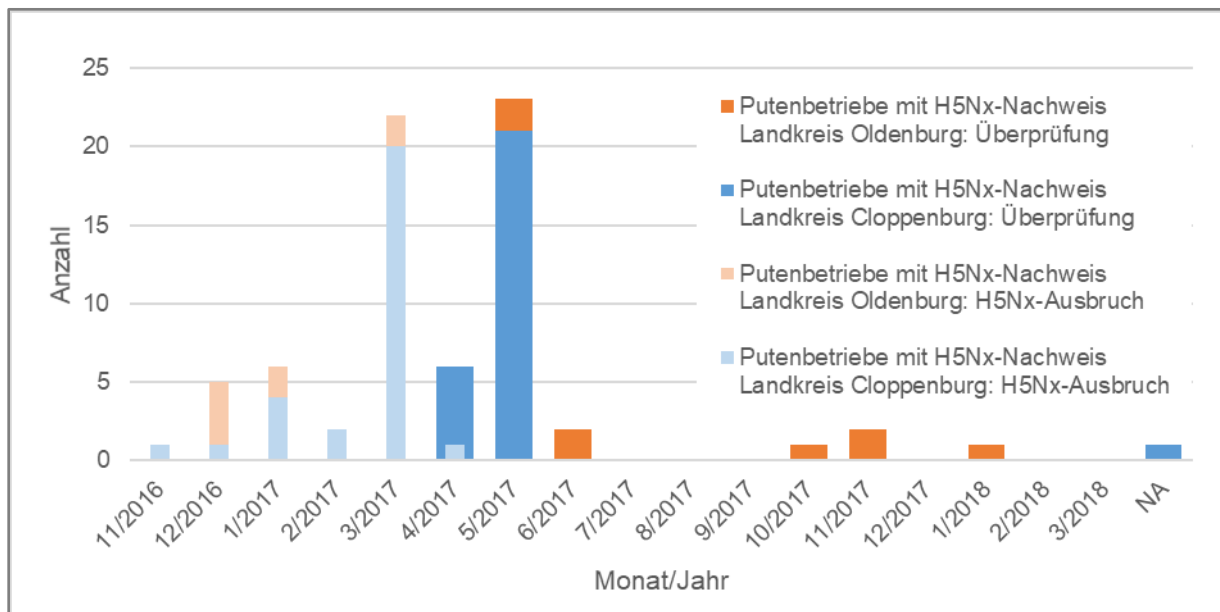


Abbildung 12: Zeitpunkt und Anzahl der Überprüfungen der Putenbetriebe des Studiengebietes mit H5Nx-Ausbruch

Die Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis im Landkreis Cloppenburg wurden im April und Mai 2017 im direkten Anschluss an das Haupt-HPAI-Geschehen im März 2017 in ihrem Landkreis überprüft. In einem Ausbruchsbetrieb wurde aufgrund der Aufgabe der Putenhaltung unmittelbar nach dem Seuchenfall keine Checkliste zur Biosicherheit ausgefüllt. Die Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis im Landkreis Oldenburg wurden anteilig ähnlich in den Monaten Mai, Juni, Oktober und November 2017 überprüft. Letzte Erhebungen fanden im Januar 2018 statt. Von Juli bis September sowie im Dezember 2017 und Februar bis März 2018 fanden keine Überprüfungen dieser Art statt. Abbildung 13 zeigt die Anzahl an Tagen zwischen der Bestandstötung und der Überprüfung der Biosicherheitsmaßnahmen in den Putenbetrieben mit H5Nx-Nachweis. Die zeitlichen Abstände zwischen HPAI-Ausbruch und Überprüfung des betroffenen Betriebes unterschieden sich im Landkreis Oldenburg (Abbildung 13, orange) deutlich von denen im Landkreis Cloppenburg (Abbildung 13, blau). Bei der Analyse der Zeitspanne in Tagen zwischen der Tötung des H5Nx-betroffenen Bestandes und der Überprüfung der Biosicherheitsmaßnahmen betrug dieser im Landkreis Cloppenburg im Minimum 31 Tage, im Median 55,5 Tage, im Mittel 65,5 Tage und im Maximum 138 Tage. Im Landkreis Oldenburg betrug der Abstand im Minimum 56 Tage, im Median 230 Tage, im Mittel 219,4 Tage und im Maximum 386 Tage. Die Putenbetriebe mit H5Nx-Nachweis wurden im Landkreis Oldenburg also mit deutlich größerem Abstand zur HPAI-bedingten Bestandstötung überprüft als im Landkreis Cloppenburg.



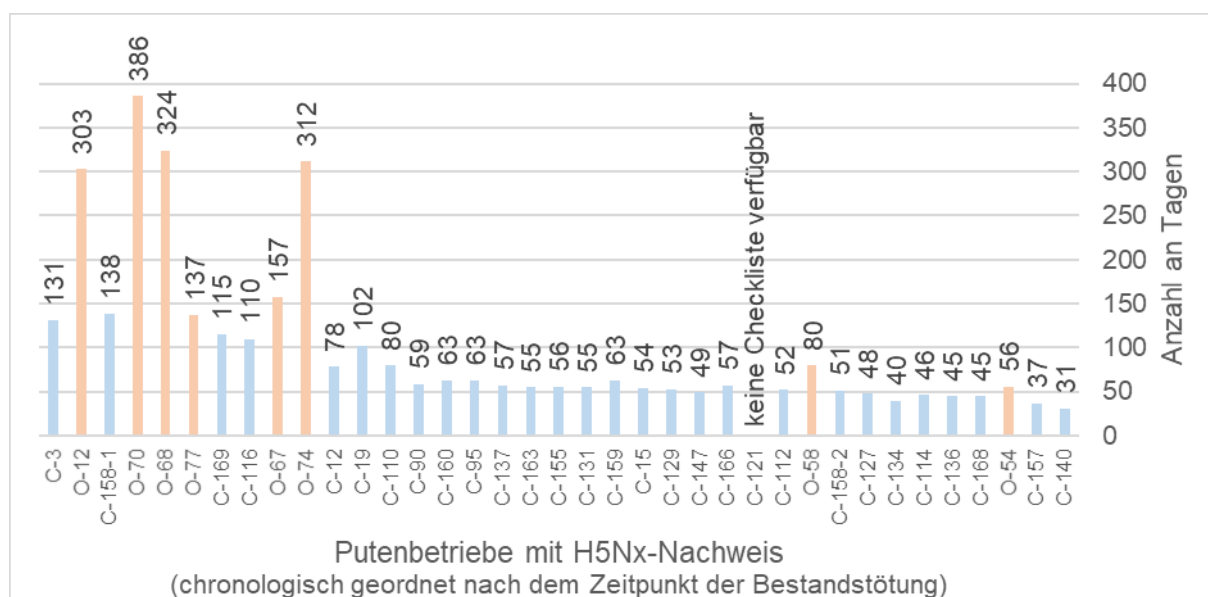


Abbildung 13: Anzahl an Tagen zwischen Bestandstötung und Überprüfung der Biosicherheitsmaßnahmen in den Betrieben mit H5Nx-Nachweis

#### 4.3.1.3 Deskriptive Analyse der Variablen im Hinblick auf Biosicherheitsdefizite

Bei der deskriptiven Auswertung der Checklisten ließen sich bei allen Betrieben ( $n = 241$ ) durchschnittlich sechs Kontrollpunkte ermitteln, die Hinweise auf Biosicherheitsdefizite gaben. Insgesamt ergaben sich Null bis 14 Kontrollpunkte je Betrieb, die nicht den rechtlichen Vorgaben oder den Empfehlungen entsprachen. Die Mehrheit der Betriebe (33 %) wiesen fünf (17,8 %) oder sechs (15,2 %) Mängel auf. Tabelle 4 zeigt die Verteilung der ermittelten Anzahl an Biosicherheitsdefiziten je Betrieb in %.

Tabelle 4: Verteilung der ermittelten Anzahl an Biosicherheitsdefiziten je Betrieb in % ( $n = 241$ )

Anzahl der Biosicherheitsdefizite je Betrieb	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Anzahl Betriebe ( $n = 276$ )	1	9	11	32	28	49	42	33	30	20	9	6	2	1	3
Anteil in %	0,4	3,3	4,0	11,6	10,1	17,8	15,2	12,0	10,9	7,2	3,3	2,2	0,7	0,4	1,1

Bei der weiteren deskriptiven Analyse zeigten sich Unterschiede in der Anzahl der ermittelten Biosicherheitsdefizite zwischen den Betrieben in Bezug auf deren Landkreiszugehörigkeit und dem Vorkommen eines HPAI-Ausbruches (Abbildung 14).

## 4. Ergebnisse

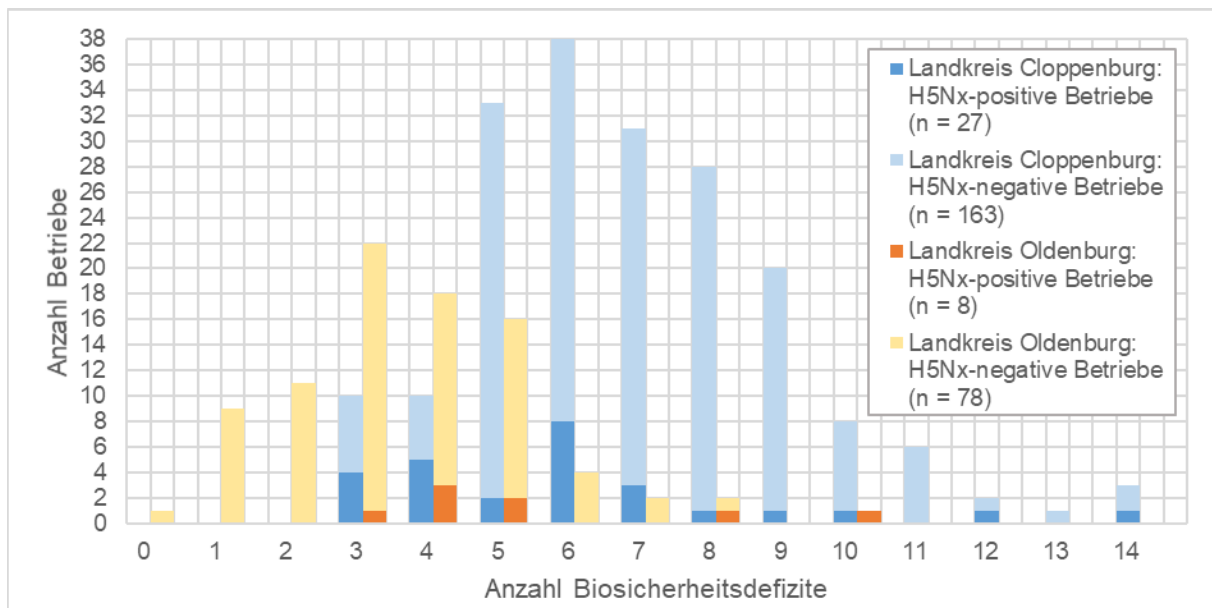


Abbildung 14: Anzahl an Biosicherheitsdefiziten je Betrieb nach Landkreisen und Vorkommen eines HPAI-Ausbruchs

Die Betriebe im Landkreis Cloppenburg ohne HPAI-Ausbruch wiesen im Vergleich zu den Betrieben im Landkreis Oldenburg ohne HPAI-Ausbruch mehr Biosicherheitsdefizite auf. (CLP HPAI negativ: 5-9 Mängel je Betrieb, im Mittel 7 Mängel je Betrieb; OL HPAI negativ: 2-5 Mängel je Betrieb, im Mittel 3 Mängel je Betrieb). Dem gegenüber ergab sich bei den Ausbruchsbetrieben im Landkreis Cloppenburg im Vergleich zu denen im Landkreis Oldenburg eine annähernd gleiche Anzahl von Biosicherheitsdefiziten (CLP HPAI positiv: 3-4 und 6-7 Mängel je Betrieb, im Mittel 6 Mängel je Betrieb; OL HPAI positiv: 3-5, 8 und 10 Mängel je Betrieb, im Mittel 5 Mängel je Betrieb).

In allen Betrieben mit verfügbarer Checkliste (beide Landkreise) wurde unabhängig von einem HPAI-Ausbruch ein Bestandsregister geführt. Die Leerzeiten zwischen zwei Durchgängen (Einstallungsperioden) wurden stets eingehalten. Jeder Stall verfügte über einen Vorraum mit integrierter Hygieneschleuse. Der Stallzutritt erfolgte mit Schutzkleidung, die vom Betrieb selbst oder einer entsprechenden Fremdfirma gestellt wurde. Schutzkleidung wurde, sofern von den Fremdfirmen gestellt, durch diese nach der Nutzung entsorgt oder gereinigt und desinfiziert. In allen Betrieben wurde eine Schadnagerbekämpfung durchgeführt.

Es ergaben sich bei den Teilgruppen (HPAI-negative Betriebe im Landkreis Cloppenburg, HPAI-positive Betriebe im Landkreis Cloppenburg, HPAI-negative Betriebe im Landkreis Oldenburg, HPAI-positive Betriebe im Landkreis Oldenburg) insgesamt 16 Checklistenpunkte mit Hinweisen auf Biosicherheitsmängel, die gehäuft, d.h. bei > 25 % der untersuchten Betriebe je Teilgruppe, festgestellt wurden. Diese sind in Tabelle 5 dargestellt.

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg bestanden die Biosicherheitsdefizite bis auf einen in denselben Kontrollpunkten. Bei allen Betrieben wurden die Biosicherheitsdefizite „kein Rein-Raus-System je Stalleinheit“ (VNr. 23), „Einstreu nicht wildvogelsicher gelagert“ (VNr. 5), „Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich genutzt, keine R+D danach“ (VNr. 56), „Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich genutzt, keine R+D davor“ (VNr. 57)

und „keine R+D des Kadavercontainers nach der Abholung“ (VNr. 68) festgestellt. Nur bei den HPAI-positiven Betrieben ergab sich das Biosicherheitsdefizit „gleichzeitige Haltung weiteren Viehs“ (VNr. 2).

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg waren die Unterschiede in den Kontrollpunkten deutlicher. Bei allen Betrieben wurden die Biosicherheitsdefizite „gleichzeitige Haltung weiteren Viehs“ (VNr. 2), „Abluftschächte nicht senkrecht gegittert“ (VNr. 22) und „Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich genutzt“ (VNr. 58) festgestellt. Nur bei den HPAI-negativen Betrieben ergab sich das Biosicherheitsdefizit „keine R+D des Kadavercontainers nach der Abholung“ (VNr. 68). Lediglich bei den HPAI-positiven Betrieben ergaben sich die Biosicherheitsdefizite „Gegenstände mit Geflügelkontakt nicht wildvogelsicher gelagert“ (VNr. 13), „Einstreu nicht wildvogelsicher gelagert“ (VNr. 5), „nicht ausreichend Köderboxen vorhanden“ (VNr. 65), „Kadavercontainer ohne Kühlung“ (VNr. 69), „Kadavercontainerstellplatz nicht stallfern“ (VNr. 70) und „kein Sammelbehälter je Stall vorhanden“ (VNr. 72).

Tabelle 5: Biosicherheitsdefizite mit einem Anteil > 25 % je Teilgruppe

Themenkomplex	VNr. Variablenname	n =			
		HPAI-negative Betriebe im Landkreis Cloppenburg	HPAI-positive Betriebe im Landkreis Cloppenburg	HPAI-negative Betriebe im Landkreis Oldenburg	HPAI-positive Betriebe im Landkreis Oldenburg
Betriebsstruktur	2 gleichzeitige Haltung weiteren Viehs	-	29,63	26,92	25,00
Betriebsstruktur	23 kein Rein-Raus-System je Stalleinheit	74,85	96,30	-	-
Vorraum/ Hygieneschleuse	41 kein Umkleideraum je Stall vorhanden	-	-	52,56	62,50
Schutz vor Keimeintrag	13 Gegenstände mit Geflügelkontakt nicht wildvogelsicher gelagert	-	-	-	25,00
Schutz vor Keimeintrag	22 Abluftschächte nicht senkrecht gegittert	-	-	34,62	37,50
Schutz vor Keimeintrag	5 Einstreu nicht wildvogelsicher gelagert	36,81	33,33	-	25,00
Fahrzeuge	58 Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetriebl. genutzt	71,78	59,26	-	-
Fahrzeuge	56 Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetriebl. genutzt, keine R+D danach	55,83	25,93	-	-
Fahrzeuge	57 Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetriebl. genutzt, keine R+D davor	-	-	29,49	25,00
Schadnagerbekämpfung	61 keine Schadnagerbekämpfung durch Fachfirma	-	-	-	25,00
Schadnagerbekämpfung	62 keine Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	77,30	66,67	69,23	75,00
Schadnagerbekämpfung	65 nicht ausreichend Köderboxen vorhanden	-	-	-	25,00
Kadavermanagement	68 keine R+D des Kadavercontainers nach der Abholung	32,52	37,04	25,64	-

#### 4. Ergebnisse

Kadavermanagement	69 Kadavercontainer ohne Kühlung	-	-	-	25,00
Kadavermanagement	70 Kadavercontainerstellplatz nicht stallfern	-	-	-	50,00
Kadavermanagement	72 kein Sammelbehälter je Stall vorhanden	-	-	-	37,50

Einfärbung der Prozentangaben mit Farbverlaufsskala: niedrigster Wert (25,00 %), höchster Wert (100,00 %)

Bei den HPAI-positiven Betrieben im Landkreis Oldenburg wurden somit mehr (n = 9) Kontrollpunkte mit Hinweisen auf Biosicherheitsdefizite ermittelt als bei den HPAI-positiven Betrieben im Landkreis Cloppenburg (n = 6).

Zwei Kontrollpunkte ließen sich in den Ausbruchsbetrieben beider Landkreise ermitteln: „Gleichzeitige Haltung weiteren Viehs“ (VNr. 2) mit 29,63 % im Landkreis Cloppenburg und 25,00 % im Landkreis Oldenburg sowie „Einstreu nicht wildvogelsicher gelagert“ (VNr. 5) mit 33,33 % im Landkreis Cloppenburg und 25,00 % im Landkreis Oldenburg.

Nicht als Biosicherheitsdefizit bewertet wurde die Variable „kein Umkleideraum je Stall vorhanden“ (VNr. 41), da alle untersuchten Betriebe je Stall über einen Vorraum mit integrierter Hygieneschleuse verfügten. Als „Umkleideraum“ wurde im Rahmen der Auswertung eine zusätzlich zum Vorraum verfügbare separate Räumlichkeit verstanden, die zum Kleidungs- und Schuhwechsel genutzt werden kann. Da in allen Betrieben ein gesonderter Raum vorhanden war, der Außenbereich und Tierbereich trennte, wurde das Fehlen eines gesonderten Umkleideraumes nicht als Biosicherheitsmangel eingestuft.

Ebenfalls nicht als Biosicherheitsdefizit bewertet wurden die Variablen „keine Schädnerbekämpfung durch Fachfirma“ (VNr. 61) sowie „keine Schädnerbekämpfung durch Tierhalter“ (VNr. 62), da alle untersuchten Betriebe eine Schädnerbekämpfung durchführten (VNr. 63). Diese wurde überwiegend durch eine beauftragte Fachfirma umgesetzt. Auf wenigen Betrieben war der Tierhalter selbstständig tätig oder unterstützte die Fachfirma bei der Durchführung. Da in allen Betrieben eine Schädnerbekämpfung grundsätzlich sichergestellt war, wurde die Art der Umsetzung (Tierhalter oder Fachfirma) als vernachlässigbar eingestuft.

Die Checklistenpunkte des Themenkomplexes „GeflPestSchV § 4 AI-Verdacht“ nehmen in dieser Auswertung eine Sonderrolle ein, da hier in den Variablenausprägungen nach Auffälligkeiten gesucht wurden, die Hinweise auf ein Krankheitsgeschehen in den Betrieben liefern konnten. Die Kontrollpunkte (Variablen) dieses Themenkomplexes basieren auf § 4 GeflPestSchV, wonach der Tierhalter unverzüglich durch einen Tierarzt das Vorliegen einer Infektion mit dem hochpathogenen oder niedrigpathogenen aviären Influenza-Virus durch geeignete Untersuchungen ausschließen zu lassen hat, wenn innerhalb von 24 Stunden in einem Bestand oder einem räumlich abgegrenzten Teil eines Bestandes Verluste von mindestens drei Tieren bei einer Größe des Bestandes oder des räumlich abgegrenzten Teils des Bestandes von bis einschließlich 100 Tieren oder mehr als 2 vom Hundert der Tiere bei einer Größe des Bestandes oder des räumlich abgegrenzten Teils des Bestandes von mehr als 100 Tieren auftreten oder es zu einer Abnahme der durchschnittlichen Gewichtszunahme von jeweils mehr als 5 vom Hundert kommt.

Bei den Teilgruppen (HPAI-negative Betriebe im Landkreis Cloppenburg, HPAI-positive Betriebe im Landkreis Cloppenburg, HPAI-negative Betriebe im Landkreis Oldenburg, HPAI-positive Betriebe im Landkreis Oldenburg) traten die Kontrollpunkte, die Hinweise auf ein Krankheitsgeschehen in den Betrieben geben können, sehr unterschiedlich auf (Tabelle 6).

Tabelle 6: Hinweise auf Krankheitsgeschehen mit einem Anteil > 25 % je Teilgruppe

Themenkomplex	VNr. Variablenname	n =			
		241 HPAI-negative Betriebe im Landkreis Cloppenburg	35 HPAI-positive Betriebe im Landkreis Cloppenburg	27 HPAI-negative Betriebe im Landkreis Oldenburg	8 HPAI-positive Betriebe im Landkreis Oldenburg
GeflPestSchV § 4 AI-Verdacht	26 US nach GeflPestSchV § 4 war erforderlich	13,50	25,93	12,82	0,00
	27 US nach GeflPestSchV § 4 wurde durchgeführt	22,70	40,74	12,82	12,50
	29 Probennahme erfolgte durch Tierarzt	61,35	59,26	96,15	100,00
	33 Verluste > 2 % / 24 h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden	14,72	25,93	2,56	0,00
	34 Verluste > 3 Tiere / 24 h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	9,20	37,04	2,56	0,00
	38 erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme vorhanden	9,82	25,93	1,28	0,00

Einfärbung der Prozentangaben mit Farbverlaufsskala: niedrigster Wert (0,00-25,00 %), höchster Wert (100 %)

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg wurden deutlich mehr Auffälligkeiten im Hinblick auf ein mögliches Krankheitsgeschehen im Rahmen der Checklisten festgestellt als bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg.

Im Landkreis Cloppenburg wurde bei allen Betrieben (HPAI-positiv und HPAI-negativ) angegeben, dass Untersuchungen nach GeflPestSchV § 4 erforderlich waren (VNr. 26) und durchgeführt wurden (VNr. 27), die Probennahme durch den ermächtigten Tierarzt erfolgte, es zu Verlusten von > 2 % in 24 h bei einem Bestand ab 100 Tieren (VNr. 33) und zu Verlusten von > 3 Tiere in 24 h bei einem Bestand bis 100 Tieren (VNr. 34) kam und eine erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme der Tiere (VNr. 38) bemerkt wurde. Dagegen wurden diese Punkte in den Betrieben im Landkreis Oldenburg bis auf zwei Ausnahmen laut Checkliste ausschließlich bei den HPAI-negativen Betrieben festgestellt. Die Ausnahmen bestanden hier in den Punkten „Probennahme erfolgte durch Tierarzt“ (VNr. 29) und „US nach GeflPestSchV § 4 wurde durchgeführt“ (VNr. 27), die auch bei den HPAI-positiven Betrieben festgestellt wurden.

Ca. 25 % der Checklisten wurden während des Septembers 2017 oder in den Folgemonaten ausgefüllt. Spätestens ab September 2017 kann es sich bei Putenhähnen mit einer durch-

## 4. Ergebnisse

---

schnittlichen Mastdauer von 148 Tagen zum Zeitpunkt der Checklistenenerhebung auf dem jeweiligen Betrieb jedoch nicht mehr um Tiere gehandelt haben, die bereits innerhalb des Epidemie-Zeitraumes eingestallt waren. In den Daten einiger Checklisten gab es Hinweise auf den Bezug zum vorhergehenden Mastdurchgang hinsichtlich der Beantwortung der Fragen des Themenkomplexes „GeflPestSchV § 4 AI-Verdacht“, weshalb nicht mit Sicherheit gesagt werden kann, auf welchen Mastdurchgang sich die Beantwortung der Fragen in diesem Themenkomplex bezog.

Alle aus den Checklisten-Daten ermittelten prozentualen Anteile an den Betrieben je Teilgruppe, die Hinweise auf Biosicherheitsdefizite bzw. Krankheitsgeschehen gaben, sind im Anhang in Abschnitt 10.1.2 Tabelle 27 einzusehen.

### 4.3.1.4 Statistische Analyse der Variablen

#### 4.3.1.4.1 Univariable Analyse

##### 4.3.1.4.1.1 Datensatz der Betriebe im Landkreis Cloppenburg

In der univariablen Analyse der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Cloppenburg (Datensatz „Variablen CLP“), ließen sich bei 17 Variablen statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,2$ ) bezüglich einer Assoziation mit der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ ermitteln. Tabelle 7 zeigt eine Übersicht der ermittelten Werte aller Variablen der Betriebe im Landkreis Cloppenburg in der univariablen Analyse. Dargestellt ist weiterhin, welche Variablenausprägung („0“, „1“, „2“, „3“, „4“ und „NA“) je Variable vorlagen, welcher statistische Test angewendet und welche Werte ermittelt wurden.

Es ergaben sich statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,2$ ) für die folgenden 17 Variablen:

- „Haltung sonstiges Vieh“ (VNr. 2)
- „Auffanggrube für Waschwasser vorhanden“ (VNr. 9)
- „Anzahl Tierstallungen“ (VNr. 10)
- „Anzahl Tierplätze (numerisch)“ (VNr. 11)
- „Rein-Raus-System je Stalleinheit“ (VNr. 23)
- „US nach GeflPestSchV § 4 erforderlich“ (VNr. 26)
- „US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt“ (VNr. 27)
- „Belegung aktuell“ (VNr. 31)
- „Verluste >2%/24h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden“ (VNr. 33)
- „Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden“ (VNr. 34)
- „Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden“ (VNr. 38)
- „Umkleideraum je Stall vorhanden“ (VNr. 41)
- „Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung“ (VNr. 56)
- „Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D vor Nutzung“ (VNr. 57)
- „Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter“ (VNr. 62)
- „Kadavercontainerstellplatz stallfern“ (VNr. 70)
- „Sammelbehälter je Stall vorhanden“ (VNr. 72)

Für die verbliebenen Variablen der Betriebe im Landkreis Cloppenburg ergaben sich Werte ohne statistische Signifikanz ( $p > 0,2$ ). Die Variablen wurden von der weiteren Analyse ausgeschlossen.

Tabelle 7: Ergebnisse der manuellen univariablen Analyse (Datensatz „Variablen CLP“)

Datensatz Variablen CLP

VNr	Variablenkurzbezeichnung	∑ Antwort						Test	p-Wert	OR	ORu95	ORo95	Verwendung für weitere Analyse
		"0"	"1"	"2"	"3"	"4"	NA						
1	Rein-Raus-System Betrieb	11	178	-	-	-	10	Fisher Exakt 2x2	1,0000	1,7064	0,2251	77,0287	nein
2	Haltung sonstiges Vieh	151	38	-	-	-	10	Fisher Exakt 2x2	0,1980	1,8459	0,6368	4,9480	ja
3	Haltung Enten/Gänse	186	3	-	-	-	10	Fisher Exakt 2x2	0,3602	3,1914	0,0525	63,4970	nein
4	Lagerung Futter wildvogelsicher	2	179	-	-	-	18	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0325	Inf	nein
5	Lagerung Einstreu wildvogelsicher	69	100	14	-	-	16	Fisher Exakt 2x3	0,6533	NA	NA	NA	nein
6	Lagerung Einstreu Ort	-	104	16	8	4	67	Chi <sup>2</sup> 2x>3	0,9324	NA	NA	NA	nein
7	Art der Einstreu	-	39	22	-	-	138	Fisher Exakt 2x2	0,7309	0,6166	0,0938	2,9905	nein
8	Verladeplatz R+D nach Ein-/Ausstellung	1	187	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0043	Inf	nein
9	Auffanggrube Waschwasser vorhanden	1	5	-	-	-	193	Fisher Exakt 2x2	0,1667	0,0000	0,0000	7,8000	ja
10	Anzahl Tierstallungen	-	-	-	-	-	7	Wilcoxon	0,0128	NA	NA	NA	ja
11	Anzahl Tierplätze (numerisch)	-	-	-	-	-	68	Wilcoxon	0,1835	NA	NA	NA	ja
12	Anzahl Tierplätze (kategorial)	-	-	-	-	-	68	Chi <sup>2</sup> 2x>3	0,2749	NA	NA	NA	nein
13	Lagerung Gegenstände mit Geflügelkontakt wildvogelsicher	23	156	-	-	-	20	Fisher Exakt 2x2	0,7560	0,8224	0,2414	3,6246	nein
14	Geräte R+D nach Ein-/Ausstellung	4	184	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	0,4650	0,4960	0,0381	26,9023	nein
15	Haltungsart	-	131	0	1	-	67	Fisher Exakt 2x3	1,0000	0,0000	0,0000	246,0542	nein
16	Haltungsnutzen	-	26	153	9	-	11	Fisher Exakt 2x3	0,9131	NA	NA	NA	nein
17	Waschplatz für R+D Fahrzeuge befestigt	2	167	-	-	-	30	Fisher Exakt 2x2	0,2948	0,1872	0,0023	15,0272	nein
18	Betriebsstätten weitere vorhanden	49	141	-	-	-	9	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,9348	0,3451	2,8230	nein
19	Betriebsstätten weitere Anzahl (numerisch)	-	-	-	-	-	9	Wilcoxon	0,9449	NA	NA	NA	nein
20	Betriebsstätten weitere Anzahl (kategorial)	49	56	25	21	-	9	Chi <sup>2</sup> 2x>3	0,6671	0,7038	NA	NA	nein
21	Betrieb Zugehörigkeit RWS	160	39	-	-	-	0	Fisher Exakt 2x2	0,6092	0,6489	0,1537	2,0680	nein
22	Abluftschächte Gitterung senkrecht	3	5	-	-	-	191	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	Inf	nein
23	Rein-Raus-System Stalleinheit	148	38	-	-	-	13	Fisher Exakt 2x2	0,0188	0,1277	0,0030	0,8333	ja
24	Sicherung Ein-/Ausgänge	2	186	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0311	Inf	nein
25	Stallungen und Geräte R+D nach Ein-/Ausstellung	2	187	-	-	-	10	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0309	Inf	nein

Farblgende: p-Wert ≤ 0,2 &gt; 0,2



## 4. Ergebnisse

Datensatz Variablen CLP

VNr	Variablenkurzbezeichnung	∑ Antwort						Test	p-Wert	OR	ORu95	ORo95	Verwendung für weitere Analyse
		"0"	"1"	"2"	"3"	"4"	NA						
26	US nach GeflPestSchV § 4 erforderlich	88	29	-	-	-	82	Fisher Exakt 2x2	0,0094	5,1855	1,2785	22,8856	ja
27	US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	61	48	-	-	-	90	Fisher Exakt 2x2	0,0022	8,6073	1,7359	84,3946	ja
28	Eigenkontrollen Durchführung	12	127	-	-	-	60	Fisher Exakt 2x2	1,0000	1,8100	0,2352	82,4490	nein
29	Probennahme durch Tierarzt	12	116	-	-	-	71	Fisher Exakt 2x2	0,3854	0,4834	0,1048	3,0670	nein
30	Verluste je Tag eingetragen	3	172	-	-	-	24	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0549	Inf	nein
31	Belegung aktuell	59	130	-	-	-	10	Fisher Exakt 2x2	0,0000	0,0507	0,0120	0,1613	ja
32	Leerzeiteinhaltung vorhanden	0	187	-	-	-	12	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
33	Verluste >2%/24h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden	98	31	-	-	-	70	Fisher Exakt 2x2	0,0080	5,3326	1,3262	23,3302	ja
34	Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	64	25	-	-	-	110	Fisher Exakt 2x2	0,0000	Inf	8,1314	Inf	ja
35	Stallkarte vorhanden	1	176	-	-	-	22	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0037	Inf	nein
36	Bestandsregister vorhanden	0	183	-	-	-	16	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
37	Geschlecht aktueller Bestand	-	157	12	19	-	11	Fisher Exakt 2x3	1,0000	NA	NA	NA	nein
38	Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	96	23	-	-	-	80	Fisher Exakt 2x2	0,0018	7,7546	1,8642	35,2031	ja
39	Vorraum je Stall vorhanden	0	16	-	-	-	183	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
40	Hygieneschleuse R+D möglich	4	166	18	-	-	11	Fisher Exakt 2x3	0,6208	NA	NA	NA	nein
41	Umkleideraum je Stall vorhanden	15	164	-	-	-	20	Fisher Exakt 2x2	0,1317	Inf	0,6557	Inf	ja
42	Trennung schwarz-weiss	0	2	-	-	-	197	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
43	Einrichtung Händereinigung vorhanden	0	188	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
44	Einrichtung Schuhdesinfektion vorhanden	1	186	-	-	-	12	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0043	Inf	nein
45	Desinfektionsmittel AIV-wirksam	17	165	-	-	-	17	Fisher Exakt 2x2	0,4738	2,8453	0,4048	124,4843	nein
46	Hygieneschleuse je Stall vorhanden	0	11	-	-	-	188	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
47	Schutzkleidung Entsorgung/R+D nach Nutzung	0	179	-	-	-	20	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
48	Stallzutritt nur mit Schutzkleidung durch Betrieb gestellt	0	179	-	-	-	20	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
49	Schutzkleidung durch Betrieb gestellt	2	185	-	-	-	12	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0313	Inf	nein
50	Schutzkleidung durch Fremdfirma entsorgt/R+D	0	165	2	-	-	32	Fisher Exakt 2x3	1,0000	0,0000	0,0000	29,2377	nein
51	Schutzkleidung durch Fremdfirma gestellt und genutzt	0	166	2	-	-	31	Fisher Exakt 2x3	1,0000	0,0000	0,0000	29,4473	nein

Farblgende: p-Wert ≤ 0,2 &gt; 0,2

Datensatz Variablen CLP

VNr	Variablenkurzbezeichnung	∑ Antwort						Test	p-Wert	OR	ORu95	ORo95	Verwendung für weitere Analyse
		"0"	"1"	"2"	"3"	"4"	NA						
52	Sicherstellung Tierhalter Stallzutritt mit Schutzkleidung	27	139	-	-	-	33	Fisher Exakt 2x2	0,3761	2,4676	0,5481	22,9577	nein
53	Sicherstellung Tierhalter R+D Schutzkleidung nach Ausstellung	25	125	-	-	-	49	Fisher Exakt 2x2	0,2533	2,5801	0,5673	24,1400	nein
54	Fahrzeuge R+D nach Transport	12	144	-	-	-	43	Fisher Exakt 2x2	1,0000	1,0501	0,2046	10,4391	nein
55	Nutzung Fahrzeuge betriebseigen	36	142	-	-	-	21	Fisher Exakt 2x2	0,7964	0,8685	0,3033	2,8647	nein
56	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	133	45	-	-	-	21	Fisher Exakt 2x2	0,1403	2,0796	0,7704	5,4004	ja
57	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D vor Nutzung	98	52	-	-	-	49	Fisher Exakt 2x2	0,0044	4,2860	1,4583	13,7254	ja
58	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich	1	0	-	-	-	198	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
59	Fahrzeuge R+D durch Dritte	102	41	0	-	-	56	Fisher Exakt 2x3	0,8064	1,1058	0,3523	3,1577	nein
60	Schadnagerbekämpfung dokumentiert	2	186	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0311	Inf	nein
61	Schadnagerbekämpfung durch Fachfirma	13	176	-	-	-	10	Fisher Exakt 2x2	0,6968	2,0736	0,2834	92,2582	nein
62	Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	144	34	-	-	-	21	Fisher Exakt 2x2	0,0599	2,5043	0,8859	6,7157	ja
63	Schadnagerbekämpfung vorhanden	1	1	-	-	-	197	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
64	Köderboxen regelmäßig kontrolliert	0	190	-	-	-	9	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0046	Inf	nein
65	Köderboxen ausreichend vorhanden	1	178	-	-	-	20	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0044	Inf	nein
66	Köderboxen ausreichend beschickt	1	185	-	-	-	13	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0317	Inf	nein
67	Schadnagerbefall ersichtlich	2	183	-	-	-	14	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	Inf	nein
68	Kadavercontainer R+D nach Abholung	63	121	-	-	-	15	Fisher Exakt 2x2	0,6588	0,8086	0,3191	2,1393	nein
69	Kadavercontainer mit Kühlung vorhanden	21	167	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,9585	0,2494	5,4768	nein
70	Kadavercontainerstellplatz stallfern	20	157	11	-	-	11	Fisher Exakt 2x3	0,1847	NA	NA	NA	ja
71	Kadavercontainer geschlossen und auslaufsicher	6	182	-	-	-	11	Fisher Exakt 2x2	0,2068	0,3212	0,0434	3,7253	nein
72	Sammelbehälter je Stall vorhanden	36	113	36	-	-	14	Fisher Exakt 2x3	0,0490	NA	NA	NA	ja
73	Kadaverentfernung nicht durch Hygieneraum	5	8	-	-	-	186	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	Inf	nein
74	Sicherung Auslauf	2	3	-	-	-	194	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	Inf	nein

Farblgende: p-Wert ≤ 0,2 &gt; 0,2

#### 4.3.1.4.1.2 Datensatz der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Oldenburg

In der univariablen Analyse der putenhaltenden Betriebe im Landkreis Oldenburg (Datensatz „Variablen OL“), wurden für zwölf Variablen statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,2$ ) bezüglich einer Assoziation mit der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ ermittelt. Tabelle 8 zeigt eine Übersicht der ermittelten Werte aller Variablen der Betriebe im Landkreis Oldenburg in der univariablen Analyse. Weiterhin ist dargestellt, welche Variablenausprägung („0“, „1“, „2“, „3“, „4“ und „NA“) je Variable vorlag, welcher statistische Test angewendet wurde und welche Werte ermittelt wurden.

Es ergaben sich statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,2$ ) für die folgenden zwölf Variablen:

- „Lagerung Einstreu Ort“ (VNr. 6)
- „Lagerung Gegenstände mit Geflügelkontakt wildvogelsicher“ (VNr. 13)
- „Haltungsnutzen“ (VNr. 16)
- „Hygieneschleuse R+D möglich“ (VNr. 40)
- „Einrichtung Händereinigung vorhanden“ (VNr. 43)
- „Einrichtung Schuhdesinfektion vorhanden“ (VNr. 44)
- „Schutzkleidung Entsorgung/R+D nach Nutzung“ (VNr. 47)
- „Köderboxen regelmäßig kontrolliert“ (VNr. 64)
- „Köderboxen ausreichend vorhanden“ (VNr. 65)
- „Köderboxen ausreichend beschickt“ (VNr. 66)
- „Kadavercontainerstellplatz stallfern“ (VNr. 70)
- „Sammelbehälter je Stall vorhanden“ (VNr. 72)

Für die verbliebenen Variablen der Betriebe im Landkreis Oldenburg ergaben sich Werte ohne statistische Signifikanz ( $p > 0,2$ ). Die Variablen wurden von der weiteren Analyse ausgeschlossen.

Tabelle 8: Ergebnisse der manuellen univariablen Analyse (Datensatz „Variablen OL“)

Datensatz Variablen OL

VNr	Variablenkurzbezeichnung						= NA	Test	p-Wert	OR	ORu95	ORo95	Verwendung für weitere Analyse
		"0"	"1"	"2"	"3"	"4"							
1	Rein-Raus-System Betrieb	0	69	-	-	-	19	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
2	Haltung sonstiges Vieh	3	23	-	-	-	62	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0213	Inf	nein
3	Haltung Enten/Gänse	6	0	-	-	-	82	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
4	Lagerung Futter wildvogelsicher	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
5	Lagerung Einstreu wildvogelsicher	11	71	0	-	-	6	Fisher Exakt 2x3	0,2911	0,4211	0,0615	4,8814	nein
6	Lagerung Einstreu Ort	-	11	0	0	0	77	Chi²	0,0348	NA	NA	NA	ja
7	Art der Einstreu	-	7	0	-	-	81	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
8	Verladeplatz R+D nach Ein-/Ausstallung	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
9	Auffanggrube Waschwasser vorhanden	0	0	-	-	-	88	NA	NA	NA	NA	NA	nein
10	Anzahl Tierstallungen	-	-	-	-	-	4	Wilcoxon	0,9747	NA	NA	NA	nein
11	Anzahl Tierplätze (numerisch)	-	-	-	-	-	7	Wilcoxon	0,7098	NA	NA	NA	nein
12	Anzahl Tierplätze (kategorial)	-	-	-	-	-	7	Chi² 2x>3	0,3119	NA	NA	NA	nein
13	Lagerung Gegenstände mit Geflügelkontakt wildvogelsicher	2	82	-	-	-	4	Fisher Exakt 2x2	0,0080	0,0000	0,0000	0,5215	ja
14	Geräte R+D nach Ein-/Ausstallung	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
15	Haltungsart	-	69	1	0	-	18	Fisher Exakt 2x3	1,0000	0,0000	0,0000	349,0909	nein
16	Haltungsnutzen	-	13	51	22	-	2	Fisher Exakt 2x3	0,0646	NA	NA	NA	ja
17	Waschplatz für R+D Fahrzeuge befestigt	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
18	Betriebsstätten weitere vorhanden	28	60	-	-	-	0	Fisher Exakt 2x2	1,0000	1,4388	0,2358	15,5309	nein
19	Betriebsstätten weitere Anzahl (numerisch)	-	-	-	-	-	0	Wilcoxon	0,8217	NA	NA	NA	nein
20	Betriebsstätten weitere Anzahl (kategorial)	28	47	12	1	-	0	Chi² 2x>3	0,9457	NA	NA	NA	nein
21	Betrieb Zugehörigkeit RWS	88	0	-	-	-	0	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
22	Abluftschächte Gitterung senkrecht	30	0	-	-	-	58	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
23	Rein-Raus-System Stalleinheit	1	72	-	-	-	14	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0027	Inf	nein
24	Sicherung Ein-/Ausgänge	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
25	Stallungen und Geräte R+D nach Ein- /Ausstallung	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein

Farblgende: p-Wert ≤ 0,2 &gt; 0,2

Datensatz Variablen OL

VNr	Variablenkurzbezeichnung						= NA	Test	p-Wert	OR	ORu95	ORo95	Verwendung für weitere Analyse
		"0"	"1"	"2"	"3"	"4"							
26	US nach GeflPestSchV § 4 erforderlich	62	10	-	-	-	16	Fisher Exakt 2x2	0,5858	0,0000	0,0000	5,5715	nein
27	US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	37	11	-	-	-	40	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,8282	0,0153	9,7476	nein
28	Eigenkontrollen Durchführung	0	83	-	-	-	5	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
29	Probennahme durch Tierarzt	0	83	-	-	-	5	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
30	Verluste je Tag eingetragen	0	83	-	-	-	5	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
31	Belegung aktuell	16	71	-	-	-	1	Fisher Exakt 2x2	0,6359	0,6498	0,1014	7,2363	nein
32	Leerzeiteinhaltung vorhanden	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
33	Verluste >2%/24h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden	69	2	-	-	-	17	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	61,6541	nein
34	Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	69	2	-	-	-	17	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	61,6541	nein
35	Stallkarte vorhanden	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
36	Bestandsregister vorhanden	0	86	-	-	-	2	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
37	Geschlecht aktueller Bestand	-	63	7	16	-	2	Fisher Exakt 2x3	0,3506	NA	NA	NA	nein
38	Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	61	1	-	-	-	26	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	441,5396	nein
39	Vorraum je Stall vorhanden	0	3	-	-	-	85	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
40	Hygieneschleuse R+D möglich	1	84	0	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,0941	0,0000	0,0000	4,0519	ja
41	Umkleideraum je Stall vorhanden	46	39	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,7211	0,6863	0,0996	3,8145	nein
42	Trennung schwarz-weiss	1	1	-	-	-	86	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,0000	0,0000	Inf	nein
43	Einrichtung Händereinigung vorhanden	2	83	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,1804	0,0978	0,0012	8,2557	ja
44	Einrichtung Schuhdesinfektion vorhanden	3	82	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,1804	Inf	0,0397	Inf	ja
45	Desinfektionsmittel AIV-wirksam	1	84	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0027	Inf	nein
46	Hygieneschleuse je Stall vorhanden	0	1	-	-	-	87	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
47	Schutzkleidung Entsorgung/R+D nach Nutzung	1	84	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,0941	0,0000	0,0000	4,0519	ja
48	Stallzutritt nur mit Schutzkleidung durch Betrieb gestellt	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
49	Schutzkleidung durch Betrieb gestellt	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
50	Schutzkleidung durch Fremdfirma entsorgt/R+D	0	81	1	-	-	6	Fisher Exakt 2x3	1,0000	0,0000	0,0000	415,1531	nein
51	Schutzkleidung durch Fremdfirma gestellt und genutzt	0	82	1	-	-	5	Fisher Exakt 2x3	1,0000	0,0000	0,0000	420,6521	nein

Farblgende: p-Wert ≤ 0,2 &gt; 0,2

Datensatz Variablen OL

VNr	Variablenkurzbezeichnung						= NA	Test	p-Wert	OR	ORu95	ORo95	Verwendung für weitere Analyse
		"0"	"1"	"2"	"3"	"4"							
52	Sicherstellung Tierhalter Stallzutritt mit Schutzkleidung	0	84	-	-	-	4	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
53	Sicherstellung Tierhalter R+D Schutzkleidung nach Ausstallung	1	83	-	-	-	4	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0023	Inf	nein
54	Fahrzeuge R+D nach Transport	0	84	-	-	-	4	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
55	Nutzung Fahrzeuge betriebseigen	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
56	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	4	29	-	-	-	55	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0485	Inf	nein
57	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D vor Nutzung	0	0	-	-	-	88	NA	NA	NA	NA	NA	nein
58	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich	60	25	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,7847	0,0723	4,8264	nein
59	Fahrzeuge R+D durch Dritte	52	21	12	-	-	3	Fisher Exakt 2x3	0,5787	NA	NA	NA	nein
60	Schadnagerbekämpfung dokumentiert	0	83	-	-	-	5	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
61	Schadnagerbekämpfung durch Fachfirma	21	64	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,9830	0,1578	10,7559	nein
62	Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	60	25	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	1,0000	0,7847	0,0723	4,8264	nein
63	Schadnagerbekämpfung vorhanden	0	85	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein
64	Köderboxen regelmäßig kontrolliert	1	84	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,0941	0,0000	0,0000	4,0519	ja
65	Köderboxen ausreichend vorhanden	5	80	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,0676	0,1277	0,0119	1,7999	ja
66	Köderboxen ausreichend beschickt	1	84	-	-	-	3	Fisher Exakt 2x2	0,0941	0,0000	0,0000	4,0519	ja
67	Schadnagerbefall ersichtlich	0	0	-	-	-	88	NA	NA	NA	NA	NA	nein
68	Kadavercontainer R+D nach Abholung	21	61	-	-	-	6	Fisher Exakt 2x2	0,6728	2,5684	0,2982	122,5360	nein
69	Kadavercontainer mit Kühlung vorhanden	15	69	-	-	-	4	Fisher Exakt 2x2	0,6288	0,6230	0,0963	6,9816	nein
70	Kadavercontainerstellplatz stallfern	9	75	0	-	-	4	Fisher Exakt 2x3	0,0037	0,0752	0,0101	0,5254	ja
71	Kadavercontainer geschlossen und auslaufsicher	2	82	-	-	-	4	Fisher Exakt 2x2	1,0000	Inf	0,0161	Inf	nein
72	Sammelbehälter je Stall vorhanden	6	79	1	-	-	2	Fisher Exakt 2x3	0,0159	NA	NA	NA	ja
73	Kadaverentfernung nicht durch Hygieneraum	0	0	-	-	-	88	NA	NA	NA	NA	NA	nein
74	Sicherung Auslauf	0	1	-	-	-	87	Fisher Exakt 2x2	NA	NA	NA	NA	nein

Farblgende: p-Wert ≤ 0,2 &gt; 0,2

## 4.3.1.4.2 Korrelations- und Kollinearitätstests

## 4.3.1.4.2.1 Datensatz der Betriebe im Landkreis Cloppenburg

Im Datensatz „Variablen CLP“ ergaben sich unter den zuvor 17 ermittelten signifikanten Variablen fünf Variablenpaare, die auf das Vorliegen von Korrelation und Kollinearität geprüft wurden. In Tabelle 9 sind diese Variablenpaare mit „Variable 1“ und „Variable 2“ dargestellt. Es ergaben sich für zwei Variablenpaare signifikante Werte ( $p \leq 0,2$ ). Die Ergebnisse der Korrelationsanalyse der Variablen des Datensatzes „Variablen CLP“ sind in Tabelle 9 dargestellt.

Tabelle 9: Ergebnisse Korrelationsanalyse (Datensatz „Variablen CLP“)

Datensatz "Variablen CLP"					
Variable 1		Variable 2		Korrelationsanalyse	
VNr	Variablenname	VNr	Variablenname	Test	p-Wert
10	Anzahl Tierstallungen	11	Anzahl Tierplätze (numerisch)	Spearman's rank correlation	0,2896
26	US nach GeflPestSchV § 4 erforderlich	27	US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	Fisher Exakt 2x2	0,0000
33	Verluste >2%/24h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden	34	Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	Fisher Exakt 2x2	0,0000
56	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	57	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D vor Nutzung	Fisher Exakt 2x2	< 2,2e-16
70	Kadavercontainerstellplatz stallfern	72	Sammelbehälter je Stall vorhanden	Fisher Exakt 2x3	0,6105

Farbliegende p-Werte: ≤ 0,2 > 0,2

Insgesamt ergab sich eine Anzahl von elf Variablen im Datensatz „Variablen CLP“, die die Bedingungen, um in der folgenden Regressionsanalyse verwendet zu werden, erfüllten.

## 4.3.1.4.2.2 Datensatz der Betriebe im Landkreis Oldenburg

Im Datensatz „Variablen OL“ ergaben sich von den zuvor zwölf ermittelten signifikanten Variablen zwei Variablenpaare, die auf das Vorliegen von Korrelation und Kollinearität geprüft wurden. In Tabelle 10 sind diese Variablenpaare mit „Variable 1“ und „Variable 2“ dargestellt. Es ergaben sich für die beiden Variablenpaare statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,2$ ). Die Ergebnisse der Korrelationsanalyse der Variablen des Datensatzes „Variablen OL“ sind in Tabelle 10 dargestellt.

Tabelle 10: Ergebnisse Korrelationsanalyse (Datensatz „Variablen OL“)

Datensatz "Variablen OL"					
Variable 1		Variable 2		Korrelationsanalyse	
VNr	Variablenname	VNr	Variablenname	Test	p-Wert
65	Köderboxen ausreichend vorhanden	66	Köderboxen ausreichend beschickt	Fisher Exakt 2x3	0,1862
70	Kadavercontainerstellplatz stallfern	72	Sammelbehälter je Stall vorhanden	Fisher Exakt 2x2	0,0588

Farbliegende p-Werte: ≤ 0,2 > 0,2

Insgesamt ergab sich eine Anzahl von vier Variablen im Datensatz „Variablen OL“, die die Bedingungen, um in der folgenden Regressionsanalyse verwendet zu werden, erfüllten.

## 4. Ergebnisse

---

### 4.3.1.4.3 Multivariable Analyse mittels logistischer Regression

Aus den Datensätzen „Variablen CLP“ und „Variablen OL“ wurden die zuvor ermittelten elf bzw. vier Variablen mit statistisch signifikanten Werten ( $p \leq 0,1$ ) in die logistische Regressionsanalyse eingebracht. Jede Variable wurde separat mit der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ modelliert und in Bezug auf ihren Eigenbeitrag zur Erklärung der Zielvariablen untersucht. Die Ergebnisse sind in Tabelle 11 und 12 dargestellt. Mittels der Maximum-Likelihood-Methode wurde eine Schätzung des Einflusses der einzelnen Variablen auf das Modell durchgeführt.

Im Datensatz „Variablen CLP“ ergaben sich statistisch signifikante Werte ( $p \leq 0,1$ ) für die folgenden sieben Variablen:

- „Anzahl Tierstallungen“ (VNr. 10)
- „Rein-Raus-System je Stalleinheit“ (VNr. 23)
- „US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt“ (VNr. 27)
- „Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden“ (VNr. 34)
- „Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden“ (VNr. 38)
- „Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung“ (VNr. 56)
- „Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter“ (VNr. 62)

Die mit Hilfe der Funktion glm() (GLM - Generalisierte lineare Modelle), berechneten Werte sind mit „\*“ und „\*\*\*“ gekennzeichnet.

Im Datensatz „Variablen OL“ ergab sich nur für die Variable „Sammelbehälter je Stall vorhanden“ ein statistisch signifikanter Wert ( $p \leq 0,1$ ). In die folgende multivariable Analyse zur Modellselektion wurden nur die sieben selektierten Variablen des Datensatzes „Variablen CLP“ eingebracht.



Tabelle 11: Ergebnisse der logistischen Regressionsanalyse (Datensatz „Variablen CLP“)

## Datensatz Variablen CLP

VNr	Selektierte Variablen Variablenkurzbezeichnung	Estimate	p-Wert	OR (95% CI)	ORu95	ORo95	Verwendung für Modell
2	Haltung sonstiges Vieh	0,6166	0,1870	1,8500	0,7400	4,6300	nein
10	Anzahl Tierstallungen	0,3632	0,0342	1,4400	1,0300	2,0100	ja
11	Anzahl Tierplätze (numerisch)	0,0000	0,1740	1,0000	1,1000	1,0001	nein
23	Rein-Raus-System je Stalleinheit	-2,0650	0,0463	0,1300	0,0200	0,9700	ja
27	US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,1714	0,0064	8,7700	1,8400	41,8100	ja
34	Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,6910	0,0072	5,4200	1,5800	18,6000	ja
38	Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	2,0747	0,0013	7,9600	2,2500	28,2000	ja
56	Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	0,7368	0,0991	2,0900	0,8700	5,0200	ja
62	Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	0,9243	0,0460	2,5200	1,0200	6,2500	ja
70	Kadavercontainerstellplatz stallfern*	1,3270	0,2054	3,7700	0,4800	29,4200	nein
70	Kadavercontainerstellplatz stallfern**	-14,6220	0,9902	0,0000	0,0000	Inf	nein
72	Sammelbehälter je Stall vorhanden*	0,3473	0,5195	1,4200	0,4900	4,0700	nein
72	Sammelbehälter je Stall vorhanden**	-1,7308	0,1232	0,1800	0,0200	1,6000	nein

Farblegende p-Werte: ≤ 0,1 &gt; 0,1

Tabelle 12: Ergebnisse der logistischen Regressionsanalyse (Datensatz „Variablen OL“)

## Datensatz Variablen OL

VNr	Selektierte Variablen Variablenkurzbezeichnung	Estimate	p-Wert	OR (95% CI)	ORu95	ORo95	Verwendung für Modell
13	Lagerung Gegenstände mit Geflügelkontakt wildvogelsicher	-20,1100	0,9940	0,0000	0,0000	Inf	nein
66	Köderboxen ausreichend beschickt	-18,9600	0,9940	0,0000	0,0000	Inf	nein
72	Sammelbehälter je Stall vorhanden*	-2,6946	0,0041	0,0700	0,0100	0,4200	nein
72	Sammelbehälter je Stall vorhanden**	-16,5661	0,9945	0,0000	0,0000	Inf	nein

Farblegende p-Werte: ≤ 0,1 &gt; 0,1

## 4. Ergebnisse

---

### 4.3.1.4.4 Modellselektion

Die sieben selektierten Variablen des Datensatzes „Variablen CLP“ wurden in die multivariable Analyse als Ursprungsmodell (full model, Tabelle 13) eingebracht. Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ließen sich die finalen Modelle A-CLP (Tabelle 14) und B-CLP (Tabelle 15) ermitteln, deren Variablen im logistischen Regressionsmodell den größten Erklärungsbeitrag zur Zielvariable („HPAI-Ausbruch ja/nein“) leisteten. Im Modell A-CLP zeigte die Kombination der Variablen „US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt“, „Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden“ und „Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung“, angewendet auf die Daten der Betriebe im Landkreis Cloppenburg (Datensatz „Variablen CLP“), den niedrigsten AIC-Wert (51,75), der als Gütekriterium eines Modelles herangezogen wird. Die Güte eines Modelles ist umso höher einzuschätzen, je niedriger der AIC-Wert ausfällt. Im Modell B-CLP zeigte die Kombination der Variablen „US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt“, „Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden“, „Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung“ und „Anzahl Tierstallungen“, angewendet auf die Daten der Betriebe im Landkreis Cloppenburg (Datensatz „Variablen CLP“), den zweitniedrigsten AIC-Wert (52,95).

Alle weiteren Modelle, die als Zwischenschritte in der hier vorgelegten Analyse betrachtet werden können, sind im Anhang in Abschnitt 10.1.3 Tabellen 28-38 dargestellt.

Tabelle 13: Ursprungsmodell (Modell 1, full model)

Full model Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	P (Wald's Test) P(LR-Test)
Länge des Datensatzes: 84											
Intercept	-5,6244	2,1831	-2,5760	0,0100							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	-30,2753	4061,3396	-0,0070	0,9941	0,0000	0,0000	Inf	0,0000	0,0000	Inf	0,9940
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	1,7062	1,3017	1,3110	0,1899	14,2200	1,6900	119,8600	5,5100	0,4300	70,6300	0,1900
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	16,0916	2884,4510	0,0060	0,9956	14,6700	3,1100	69,1700	9738444,2000	0,0000	Inf	0,9960
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	-14,4798	288,4510	-0,0050	0,9960	16,7500	3,4900	80,3300	0,0000	0,0000	Inf	0,9960
Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	0,9795	0,9267	1,0570	0,2905	6,8200	1,5400	30,2000	2,6600	0,4300	16,3800	0,2910
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	0,9491	1,0293	0,9220	0,6265	5,4500	1,2900	22,9300	2,5800	0,3400	19,4200	0,3560
Anzahl Tierstallungen	0,4879	0,5610	0,9640	0,3350	1,0900	0,6100	1,9800	1,6800	0,6000	4,3900	0,3350
Nullabweichung	57,2040 bei 83 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	34,5240 bei 76 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>50,5243</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	19										
Log-likelihood	-17,2622										
Nummer der Beobachtungen	84										

Tabelle 14: Finales Modell A-CLP

Modell A-CLP	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR- Test)	
					crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95		
Länge des Datensatzes: 97												
Intercept	-4,9440	1,1417	-4,3300	0,0000								
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,1572	1,1424	1,8880	0,0590	14,7300	1,7800	121,5500	8,6500	0,9200	81,1600	0,0590	
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,6346	0,8241	1,9840	0,0473	10,3500	2,4100	44,4600	5,1300	1,0200	25,7800	0,0470	
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,5992	0,7905	2,0230	0,0431	5,3700	1,3700	20,9900	4,9500	1,0500	23,3000	0,0430	
Nullabweichung	64,3740 bei 96 Freiheitsgraden											
Residualabweichung	43,7490 bei 93 Freiheitsgraden											
<b>AIC-Wert</b>	<b>51,7485</b>											
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	7											
Log-likelihood	-21,8743											
Nummer der Beobachtungen	97											
<b>AUC-Wert</b>	<b>0,8718</b>											

Tabelle 15: Finales Modell B-CLP

Modell B-CLP	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR- Test)
					crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 97											
Intercept	-5,9934	1,7356	-3,4530	0,0006							
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,1296	1,1393	1,8690	0,0616	14,7300	1,7800	121,5500	8,4100	0,9000	78,4500	0,0620
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,8063	0,8590	2,1030	0,0355	10,3500	2,4100	44,4600	6,0900	1,1300	32,7800	0,0350
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,6335	0,8010	2,0390	0,0414	5,3700	1,3700	20,9900	5,1200	1,0700	24,6100	0,0410
Anzahl Tierstallungen	0,3660	0,4084	0,8960	0,3701	1,1500	0,6600	2,0000	1,4400	0,6500	3,2100	0,3700
Nullabweichung	64,3740 bei 96 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	42,9490 bei 93 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>52,9493</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	7										
Log-likelihood	-21,4746										
Nummer der Beobachtungen	97										
<b>AUC-Wert</b>	<b>0,8793</b>										

## 4. Ergebnisse

### 4.4 Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben

#### 4.4.1 Selektionsstufe 1: HPAI-Status des A-Betriebes

Von den ursprünglich 82.656 ( $288 \times 288 - 288 = 82.656$ ) im Studiengebiet möglichen Vektoren erfüllten 10.619 ( $37 \times 288 - 37 = 10.619$ ) Vektoren die in Selektionsstufe 1 gesetzte Bedingung eines im Betrieb A eingestellten Putenbestandes, der innerhalb des Epidemie-Zeitraumes H5Nx-positiv getestet wurde. Dies entspricht einem prozentualen Anteil von 12,8 %.

#### 4.4.2 Selektionsstufe 2: Zwischenbetriebliche Distanzen

Von den nach Selektionsstufe 1 verbliebenen 10.619 Vektoren erfüllten 498 Vektoren des Weiteren die in Selektionsstufe 2 gesetzte Bedingung einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km (Abbildung 15, rot und dunkelgrün). Hierbei erfüllten 170 Vektoren zusätzlich die in Selektionsstufe 4 (vgl. Abschnitt 4.4.4) gesetzte Bedingung eines im Betrieb B eingestellten Putenbestandes, der innerhalb des Epidemie-Zeitraumes H5Nx-positiv getestet wurde (Abbildung 15, rot).

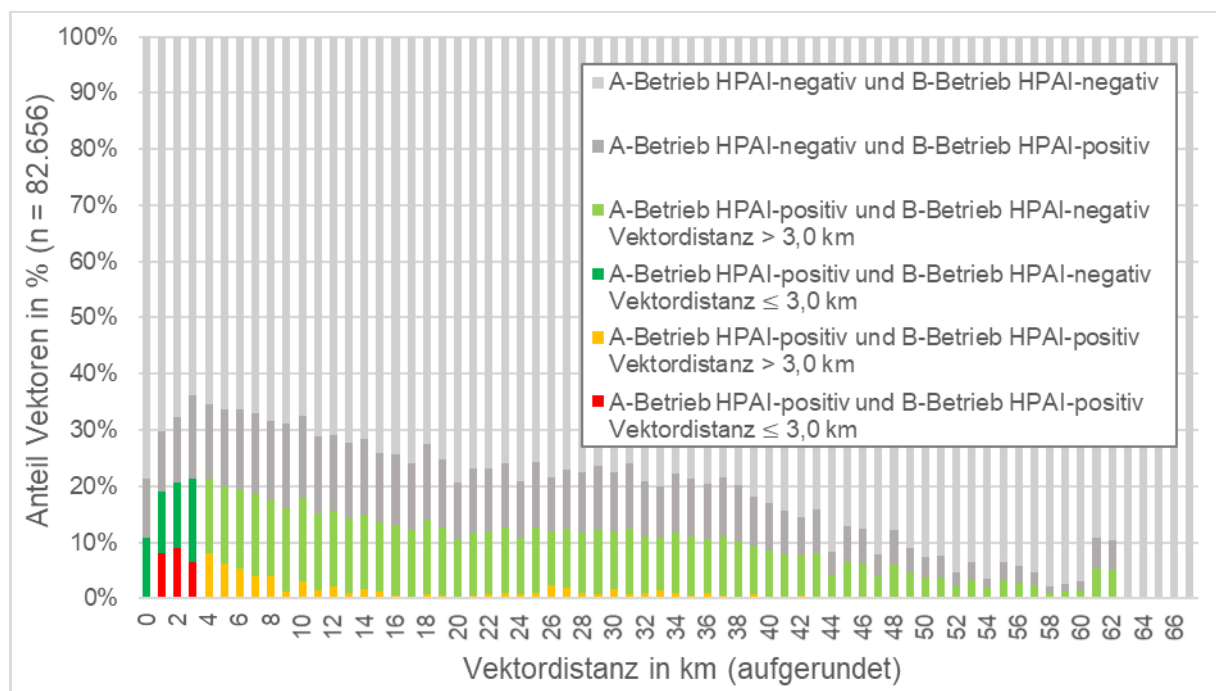


Abbildung 15: Vektoren des Studiengebietes nach HPAI-Status des A- und B-Betriebes sowie der Vektordistanz in %

#### **4.4.3 Selektionsstufe 3: Mortalität der H5Nx-positiven Putenherden**

Es lagen Stallkartendaten bei 29 von 44 (65,9 %) Putenherden mit H5Nx-Nachweis vor. Die Mortalitätsraten jeder H5Nx-positiv getesteten Putenherde mit verfügbarer Stallkarte wurden für den Zeitraum von zehn Tagen bis zum Kalenderdatum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im Betrieb (Tag 0) berechnet. Bei 27 von 29 (93,1 %) der untersuchten Herden erreichte die tägliche Mortalitätsrate Werte unter 0,5 %. Eine Ausnahme bildete die Putenherde in Stall „1“ des Betriebes C-140. Diese überschritt mit einem Wert von 2,017 % geringfügig die laut § 4 GeflügelpestSchV gesetzte Grenze von 2,0 %. Bei deren Übertreten hat der Tierhalter die Pflicht, durch Veranlassung geeigneter Untersuchungen eine Infektion des Bestandes mit AIViren ausschließen zu lassen. Eine weitere Ausnahme stellte der Stall „2“ des Betriebes O-67 dar. Hier erhöhte sich die tägliche Mortalitätsrate vergleichsweise rapide von 0,3 % an Tag -3, auf 1,5 % an Tag -2 und auf 3,7 % an Tag -1, dem Tag vor der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im Bestand. Tabelle 16 zeigt eine Übersicht der täglichen Mortalitätsraten der 29 H5Nx-positiv getesteten Putenherden, für die eine Stallkarte verfügbar war.

Tabelle 16: Tägliche Mortalität der H5Nx-positiv getesteten Putenherden mit verfügbarer Stallkarte in Prozent

Betriebs-ID	Stall mit H5Nx-Nachweis	Tägliche Mortalität laut Stallkarten (Tag 0 = amtliche Feststellung der Geflügelpest im Betrieb)															
		-10	-9	-8	-7	-6	-5	-4	-3	-2	-1	0	+1				
C-19	"1+2"	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1	-	0,0	V	0,9	F,T	-	-
C-90	"V"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	-	0,0	V	-	F,T	-	-
C-110	"1+2"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,3	0,2	-	0,1	V,T	-	F	-	-
C-112	"3"	0,0	0,2	0,3	0,2	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	-	0,1	V	0,3	F,T	-	-
C-121	"1"	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,3	-	0,3	V	-	F,T	-	-
C-129	"2"	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	-	0,1	V	-	F,T	-	-
C-131	"2"	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	-	0,0	V	-	F,T	-	-
C-134	"K8"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	-	0,0	V	-	F,T	-	T
C-136	"9"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	0,1	0,1	0,0	0,5	-	0,0	V	-	F,T	-	T
C-137	"1"	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	-	0,0	V,T	-	F	-	-
C-140	"1"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,6	-	2,0	V	-	F	-	T
	"2"	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,1	-	0,0	-	-	-	-	-
C-155	"2"	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	-	0,0	V	-	F,T	-	-
C-158-1	"2"	0,2	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,1	0,2	-	0,5	V	-	F,T	-	T
C-158-2	"1"	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	-	0,0	V	-	F,T	-	-
	"2"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	-	0,0	-	-	-	-	-
C-159	"1"	0,0	0,1	0,3	0,0	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	-	0,3	V	-	F,T	-	-
C-160	"1"	0,2	0,2	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	-	0,2	V	0,1	F,T	-	-
C-163	"1"	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	-	0,1	V	-	F,T	-	-
C-166	"2"	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,1	0,1	0,3	-	0,7	V	-	F,T	-	-
O-12	"3"	0,0	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,2	0,0	V	0,0	-	-	F,T	-	-
O-54	"2"	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,1	0,0	0,1	0,4	-	0,3	V	-	F,T	-	-
O-58	"2"	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	-	0,0	V	-	F,T	-	-
O-67	"2"	0,3	0,3	0,7	0,8	1,2	0,3	0,3	0,3	1,5	-	3,7	-	-	V,F,T	-	-
O-68	"3"	0,1	0,3	0,1	0,1	0,1	0,1	0,3	0,3	0,3	-	0,8	V	0,6	F,T	-	-
O-70	"6"	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,1	0,0	-	0,0	V	-	F,T	-	-
O-74	"2+4"	0,1	0,1	0,2	0,2	0,1	0,0	0,2	0,1	0,1	-	0,0	V	-	F,T	-	-
	"1+3"	0,2	0,2	0,1	0,3	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	-	0,0	-	-	-	-	-
O-77	"11"+"12"	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	-	0,1	V	-	F,T	-	-

Einfärbung der Prozentangaben mit Farbverlaufsskala: niedrigster Wert (0,0 %), höchster Wert (3,7 %)

V = Verdacht auf Geflügelpest; F = Feststellung der Geflügelpest; T = Tötung des Putenbestandes



#### 4.4.4 Selektionsstufe 4: HPAI-Status des B-Betriebes

Von den ursprünglich 82.656 ( $288 \times 288 - 288 = 82.656$ ) im Studiengebiet möglichen Vektoren erfüllten 10.619 ( $37 \times 288 - 37 = 10.619$ ) Vektoren die in Selektionsstufe 1 gesetzte Bedingung eines im Betrieb A eingestellten Putenbestandes, der innerhalb des Epidemie-Zeitraumes H5Nx-positiv getestet wurde. Von diesen erfüllten 478 Vektoren des Weiteren die in Selektionsstufe 2 gesetzte Bedingung einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und 170 Vektoren die in Selektionsstufe 4 gesetzte Bedingung eines im Betrieb B eingestellten Putenbestandes, der innerhalb des Epidemie-Zeitraumes H5Nx-positiv getestet wurde. Somit wurden 12,8 % aller Vektoren mit HPAI-positivem A- und B-Betrieb ( $n = 1332 = 37 \times 37 - 37$ ) innerhalb der vorgestellten Studie hinsichtlich der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zwischen zwei Putenbetrieben analysiert.

#### 4.4.5 Selektionsstufe 5: Molekularbiologische Daten der Virus-Isolate

Ein Aspekt einer im Institut für Virusdiagnostik des FLI durchgeführten Studie war die molekulare Charakterisierung der HPAI-Virus-Reassortanten aus Ausbruchsbetrieben in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg (King 2020). Hierbei wurde in 30 Putenbetrieben (81,08 %,  $n = 37$ ) die H5N8-Reassortante Ger-12-16.2 nachgewiesen. In drei Betrieben (8,11 %) ergab sich die H5N8-Reassortante Ger-11-16. In einem Putenbetrieb (2,70 %) wurde der HPAI-Virus-Subtyp H5N1 ohne weitere Charakterisierung ermittelt. In drei Putenbetrieben (8,11 %) mit positivem HPAI-Nachweis war das vorliegende Probenmaterial nicht für eine Auswertung durch Sequenzierung geeignet. Tabelle 17 zeigt die prozentualen Anteile der nachgewiesenen HPAI-Virus-Reassortanten innerhalb der Putenbetriebe des eigenen Studiengebietes. Eine vollständige Übersicht ist im Anhang in Abschnitt 10.2.3 Tabelle 40 einzusehen.

Tabelle 17: HPAI-Virus-Reassortanten der H5Nx-betroffenen Putenbestände des Studiengebietes ( $n = 37$ )

Anzahl (Anteil in %)	Virus	Subtyp	Reassortant
3 (8,11 %)	HPAI	H5N8	Ger-11-16
30 (81,08 %)	HPAI	H5N8	Ger-12-16.2
1 (2,70 %)	HPAI	H5N1	nicht verfügbar
3 (8,11 %)	Probe nicht auswertbar*	nicht verfügbar	nicht verfügbar

\* Probenmaterial für Sequenzierung nicht geeignet

Bei den Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und HPAI-positivem A- und B-Betrieb ( $n = 170$ ) wurde am häufigsten (69,41 %) die HPAI-Virus-H5N8-Reassortante Ger-12-16.2 in den Betrieben eines Vektors nachgewiesen (Tabelle 18). Bei 27,06 % der Vektoren ( $n = 170$ ) lag bei einem oder beiden HPAI-positiven Betrieben eines Vektors keine genauere Bestimmung der HPAI-Virus-H5Nx-Reassortante vor. Deutlich geringere prozentuale Anteile (3,52 %,  $n = 170$ ) entfielen auf Vektoren, bei denen in den A- und B-Betrieben verschiedene HPAI-Virus-Subtypen nachgewiesen wurden.

## 4. Ergebnisse

Tabelle 18: Anzahl und prozentualer Anteil der HPAI-Virus-Reassortanten-Kombinationen bei den HPAI-positiven A- und B-Betrieben der Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km (n = 170)

<b>B-Betrieb</b> <b>A-Betrieb</b>	HPAI-Virus H5N8 Ger-11-16	HPAI-Virus H5N8 Ger-12-16.2	HPAI-Virus H5N1	Probe nicht auswertbar*
HPAI-Virus H5N8 Ger-11-16	0 (0,00 %)	0 (0,00 %)	0 (0,00 %)	0 (0,00 %)
HPAI-Virus H5N8 Ger-12-16.2	0 (0,00 %)	118 (69,41 %)	3 (1,76 %)	22 (12,94 %)
HPAI-Virus H5N1	0 (0,00 %)	3 (1,76 %)	0 (0,00 %)	0 (0,00 %)
Probe nicht auswertbar*	0 (0,00 %)	22 (12,94 %)	0 (0,00 %)	2 (1,18 %)

\* Probenmaterial für Sequenzierung nicht geeignet

### 4.4.6 Selektionsstufe 6: Bebauung

Bei keinem der Vektoren (Vektordistanz  $\leq 3,0$  km, A- und B-Betrieb HPAI-positiv, 0,00 %, n = 170), wurde der prozentuale Anteil an Bebauung als „Wind hemmend“ eingestuft.

### 4.4.7 Selektionsstufe 7: Bewaldung

Bei zehn Vektoren (Vektordistanz  $\leq 3,0$  km, A- und B-Betrieb HPAI-positiv, 5,9 %, n = 170) wurde die Bewaldung als „Wind hemmend“ eingestuft.

### 4.4.8 Selektionsstufe 8: Belegung der Putenbetriebe

Innerhalb des jeweiligen 3,0 km-Radius der A-Betriebe befanden sich 2-24 B-Betriebe. Bei der Analyse dieser B-Betriebe hinsichtlich ihrer Belegung, d.h. des Vorhandenseins eines potentiell exponierten (Virus-empfangenden) Putenbestandes, lies sich eine deutliche Reduzierung im Verlauf des Zeitraumes von zehn Tagen vor der amtlichen Feststellung der Geflügelpest in den jeweiligen A-Betrieben bis 24 Tage nach diesem Zeitpunkt beobachten. Im elftägigen Zeitraum vor der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (Tag „-10“ bis „Tag 0“, wobei jeweils an „Tag 0“ die Geflügelpest im A-Betrieb amtlich festgestellt wurde), betrug die maximale Reduzierung belegter B-Betriebe im 3,0 km-Radius 90 %, wobei eine Häufung im Bereich von 41-50 % Reduzierung beobachtet wurde. Im 24-tägigen Zeitraum nach dem Tag der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (Tag „+1“ bis Tag „+27“) betrug die maximale Reduzierung belegter B-Betriebe im 3,0 km-Radius 100 %, wobei eine Häufung im Bereich 71-100 % beobachtet wurde. Das bedeutet, dass bereits vor der amtlichen Feststellung der Geflügelpest in einem Ausbruchsbetrieb ein erheblicher Anteil der B-Betriebe im Umkreis von 3,0 km bereits nicht mehr mit potentiell gefährdeten Puten belegt war, also einen Leerstand aufwies. Nach der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb waren im Umkreis von 3,0 km um die Ausbruchsbetriebe nur noch sehr wenige, in einigen Fällen sogar keine B-Betriebe mehr mit Puten belegt. Hieraus lässt sich schlussfolgern, dass eine erhebliche Anzahl an Vektoren aufgrund des Leerstands in den B-Betrieben nicht mehr für eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren in Frage kamen und aus dem Selektionsprozess ausgeschieden. Die ermittelte Reduzierung belegter B-Betriebe im 3,0 km-Radius jedes A-Betriebes im Zeitraum von zehn Tagen vor der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb bis 27 Tage nach diesem Zeitpunkt ist im Anhang in Abschnitt 10.2.2 Tabelle 39 einzusehen.

#### 4.4.9 Selektionsstufe 9: Überlagerung von Eintragszeitraum und potentielltem Risiko- tag

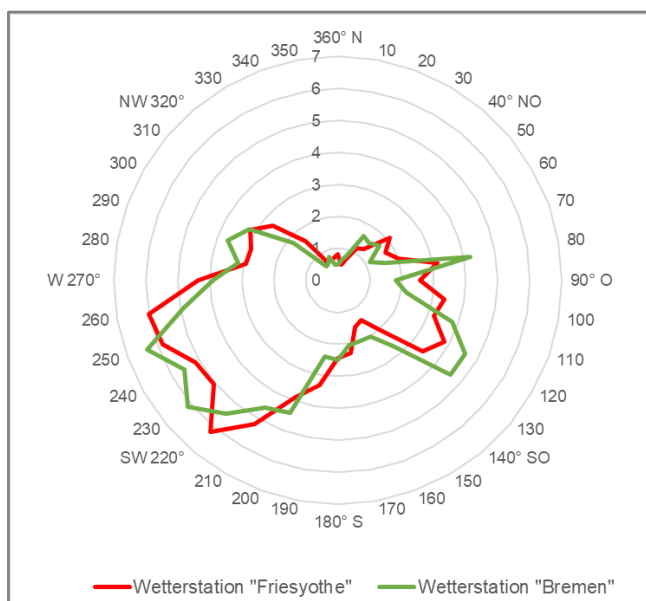
Bei 63 Vektoren mit HPAI-positivem A- und B-Betrieb sowie einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km ergaben sich ein bis elf Kalendertage, die sowohl im Risikozeitraum 1 oder 2 des A-Betriebes als auch im Eintragszeitraum des B-Betriebes lagen. Dies entspricht einem prozentualen Anteil von 37,1 % (n = 170).

#### 4.4.10 Selektionsstufe 10: Windrichtung

##### 4.4.10.1 Distanzen zwischen Wetterstationen und Ausbruchsbetrieben

Die Wetterstation „Friesoythe“ wurde für 31 von 36 Putenbetrieben (86,1 %) mit H5Nx-Nachweis als die nächstgelegene Station ermittelt. Die Entfernung der Wetterstation von den HPAI-Ausbruchsbetrieben betrug 7,3 km im Minimum, 14,6 km im Mittel und 23,6 km im Maximum. Die Wetterstation „Bremen“ wurde für 5 von 36 Putenbetrieben (13,8 %) mit H5Nx-Nachweis als die nächstgelegene ermittelt. Ihre Entfernung von den HPAI-Ausbruchsbetrieben betrug 25,1 km im Minimum, 26,5 km im Mittel und 29,6 km im Maximum. Die Wetterstationen „Diepholz“, „Emden“, „Lingen“ und „Wittmundhafen“ lagen weiter von den Ausbruchsbetrieben entfernt und wurden bei der weiteren Analyse nicht berücksichtigt.

##### 4.4.10.2 Windrichtung im Epidemie-Zeitraum



## 4. Ergebnisse

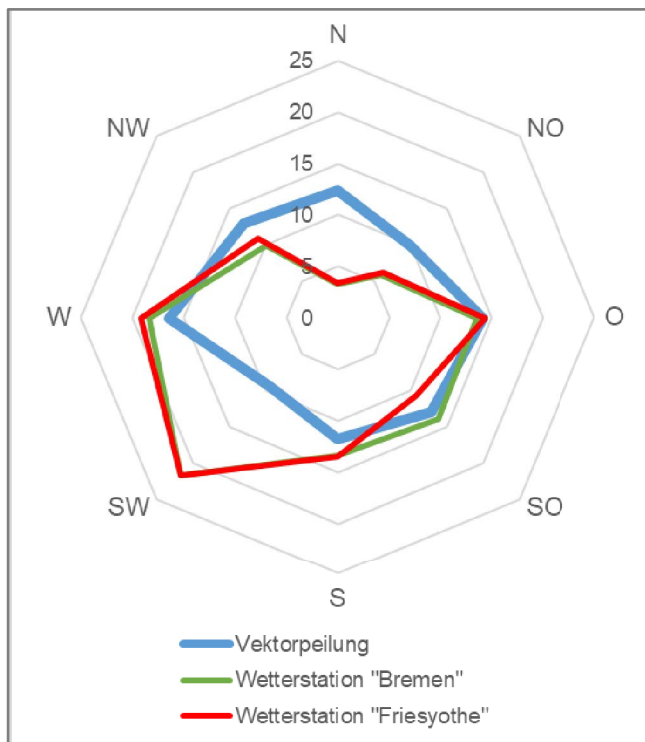


Abbildung 17 zeigt die Anzahl an Stunden in % (100 % = 4344 Stunden) jeder Windrichtung in Grad nach achteiliger Windrose innerhalb des Epidemie-Zeitraumes auf Basis der Daten zur Windrichtung der Wetterstationen „Friesoythe“ und „Bremen“ sowie die Vektorpeilungen der Vektoren mit H5Nx-positiven A- und B-Betrieben innerhalb des Epidemie-Zeitraumes und einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km in % (100 % = 170 Vektoren).

Abbildung 17: Übersicht der Windrichtungen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes in % vs. Vektorpeilungen der Betriebe mit H5Nx-positivem A- und B-Betrieb und Vektordistanz  $\leq 3,0$  km in %.

Wie in Abbildung 17 ersichtlich ist, bestätigt die Aufbereitung der Windrichtungen von Grad in Gradbereiche nach Beaufort, dass die Hauptwindrichtungen „Südwest“ bis „West“ im Studiengebiet vorherrschen. Hierbei waren die anhand der Messdaten der Wetterstationen abgeleiteten Windrichtungen nahezu deckungsgleich. Die ermittelten Vektorpeilungen zeigen dagegen eine homogenere Verteilung, wobei sich die Richtung „Südwest“ weniger häufig als die anderen ergab.

### 4.4.10.3 Windrichtung innerhalb der Risikozeiträume

Innerhalb der vektorindividuellen Zeiträume von zehn Tagen vor der Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (Tag 0) bis 27 Tage nach diesem Zeitpunkt wiesen im Mittel 57,48 % der Vektoren ( $n = 478$ ) keinen Tag auf, an dem die Windrichtung für mindestens eine Stunde der Vektorpeilung entsprach.

### 4.4.11 Selektionsstufe 11: Windstärke

#### 4.4.11.1 Windstärken im Epidemie-Zeitraum

Innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (01.11.2016 – 30.04.2017) wurden an den Wetterstationen „Friesoythe“ und „Bremen“ vorwiegend (ca. 60 %) Windstärken von 2 bis 3 Bft gemessen. Werte von 4 Bft wurden in ca. 19 % der Gesamtstundenanzahl erreicht. Windstärken von  $\geq 5$  Bft nahmen den geringsten Anteil neben windstillen Stunden (0 Bft) ein (Tabelle 19).

Tabelle 19: Prozentuale Verteilung der erreichten Windstärken innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (01.11.2016-30.04.2017) nach Beaufort-Skala (Deutscher Wetterdienst (DWD) 2021)

Beaufort-Skala der Windstärke				Wetterstation	
Grad Bft	m/s	Bezeichnung	Beispiele für die Auswirkungen des Windes im Binnenland	„Friesoythe“ %	„Bremen“ %
0	0,0-0,2	Windstille	Rauch steigt senkrecht auf	0,05	0,07
1	0,3-1,5	Leiser Zug	Windrichtung angezeigt durch den Zug des Rauches	11,58	12,87
2	1,6-3,3	Leichte Brise	Wind im Gesicht spürbar, Blätter und Windfahnen bewegen sich	28,68	26,98
3	3,4-5,4	Schwache Brise, schwacher Wind	Wind bewegt dünne Zweige und streckt Wimpel	32,87	32,02
4	5,5-7,9	Mäßige Brise, mäßiger Wind	Wind bewegt Zweige und dünnere Äste, hebt Staub und loses Papier	18,67	18,90
5	8,0-10,7	Frische Brise, mäßiger Wind	Kleine Laubbäume beginnen zu schwanken, Schaumkronen bilden sich auf Seen	7,11	7,85
6	10,8-13,8	Starker Wind	Starke Äste schwanken, Regenschirme sind nur schwer zu halten, Telegrafleitungen pfeifen im Wind	0,99	1,29
7	13,9-14,8	Steifer Wind	Fühlbare Hemmungen beim Gehen gegen den Wind, ganze Bäume bewegen sich	0,05	0,02
8	17,8-20,7	Stürmischer Wind	Fühlbare Hemmungen beim Gehen gegen den Wind, ganze Bäume bewegen sich	0,00	0,00
9	20,8-24,4	Sturm	Äste brechen von Bäumen, kleinere Schäden an Häusern (Dachziegel oder Rauchhauben abgehoben)	0,00	0,00
10	24,5-28,4	Schwerer Sturm	Wind bricht Bäume, größere Schäden an Häusern	0,00	0,00
11	28,5-32,6	Orkanartiger Sturm	Wind entwirzelt Bäume, verbreitet Sturmschäden	0,00	0,00
12	ab 32,7	Orkan	Schwere Verwüstungen	0,00	0,00

Abbildung 18 zeigt eine Übersicht der erreichten Windstärken an den Wetterstationen „Friesoythe“ und „Bremen“ in m/s sowie die Zeitpunkte der Feststellung der Geflügelpest in den Ausbruchsbetrieben innerhalb des Zeitraumes 15.11.2016-15.04.2017.

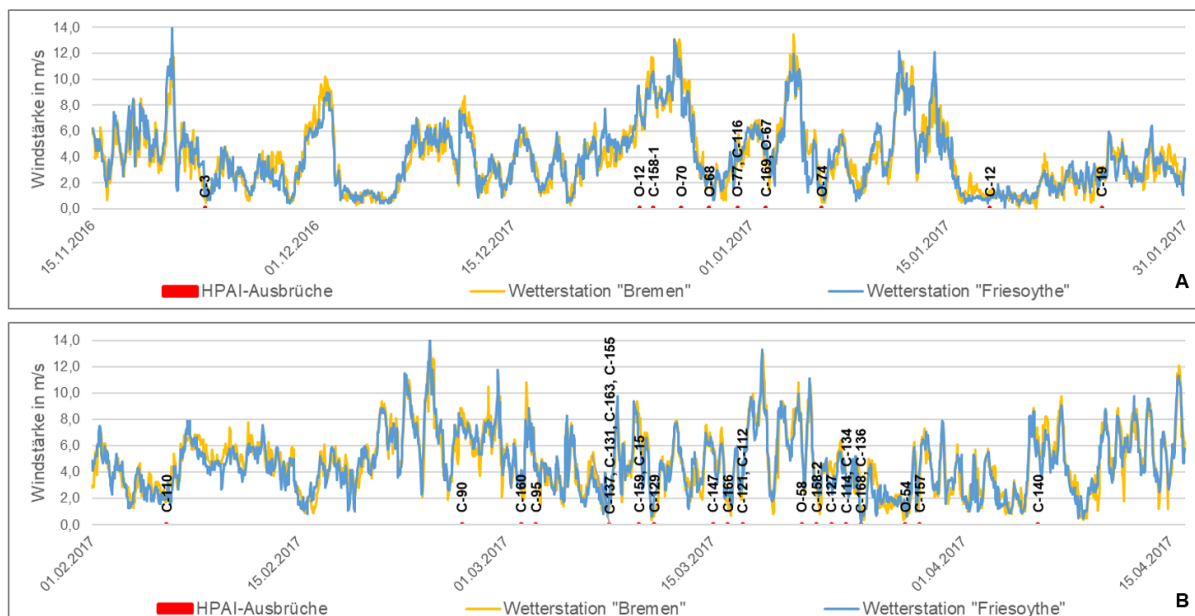


Abbildung 18: Erreichte Windstärken in m/s nach Werten der Wetterstationen „Friesoythe“ und „Bremen“ des DWD sowie der Anzahl an HPAI-Ausbrüchen innerhalb der Zeiträume 15.11.2016-31.01.2017 (A) und 01.02.2017-15.04.2017 (B)

### **4.4.12 Ergebnisse des Selektionsprozesses: Selektionsstufen 1-10**

Der **Startpool** umfasste 82.656 Vektoren, die innerhalb des Selektionsprozesses auf das Vorliegen der elf Expositionsbedingungen geprüft wurden. Nach Verwerfen der Vektoren, deren Betrieb A innerhalb des Epidemie-Zeitraumes keinen Putenbestand eingestallt hatte, der H5Nx-positiv getestet wurde, reduzierte sich die Anzahl an Vektoren nach der **Selektionsstufe 1** um über 87 % auf 10.619. Nach weiterer Selektion der Vektoren, deren Distanz zwischen Betrieb A und Betrieb B  $\geq 3,0$  km betrug, reduzierte sich die Anzahl an Vektoren nach der **Selektionsstufe 2** auf 478. Mittels der **Selektionsstufe 3** wurden die Vektoren nach der angenommenen Virus-Emission im Betrieb A während der Risikozeiträume 1 und 2 dem Worst-Case-Szenario- (WCS-)Pool oder Best-Case-Szenario- (BCS-)Pool zugeteilt. Der WCS-Pool verblieb bei 478 Vektoren, da von allen A-Betrieben mit positivem H5Nx-Nachweis von einer Virus-Last in der Stallumgebung ausgegangen wurde. Der BCS-Pool reduzierte sich auf 146 Vektoren, da von insgesamt 37 Putenbetrieben, die von einem HPAI-Ausbruch betroffen waren, bei elf A-Betrieben keine Fallzahlendokumentation in Form einer Stallkarte vorlag, sodass für diese Betriebe aufgrund der möglicherweise erreichten täglichen Mortalitätsrate von  $\geq 2$  % eine Virus-Emission angenommen wurde. In der **Selektionsstufe 4** wurden die Vektoren der beiden Szenarien daraufhin geprüft, ob im Betrieb B des Vektors innerhalb des Epidemie-Zeitraumes ein Putenbestand eingestallt war, der H5Nx-positiv getestet wurde. Die Anzahl an Vektoren reduzierte sich bei diesem Schritt im WCS auf 170 Vektoren und im BCS auf 44 Vektoren. Nach weiterem Verwurf der Vektoren, bei denen die H5Nx-Virus-Reassortante im Betrieb A und Betrieb B nicht übereinstimmten, verringerte sich die Anzahl an Vektoren in der **Selektionsstufe 5** im WCS auf 102 und im BCS auf 26 Vektoren. In den **Selektionsstufen 6 und 7** wurde die Windschneise zwischen den A-Betrieben und B-Betrieben der Vektoren daraufhin geprüft, ob eine Bebauung bzw. Bewaldung vorhanden waren, welche eine mögliche Windübertragung beeinträchtigen konnte. In beiden Szenarien reduzierte sich die Anzahl an Vektoren aufgrund der Bebauung nicht. Im WCS verringerte sich die Anzahl der Vektoren durch eine als beeinflussend bewertete Bewaldung von 102 auf 93 Vektoren und im BCS von 26 auf 22 Vektoren. In den **Selektionsstufen 8 und 9** wurden die Vektoren tagesindividuell auf das Vorhandensein der Expositionsbedingungen geprüft. Bei jedem potentiellen Risikotag innerhalb der vektorindividuellen Risikozeiträume 1 und 2 wurde im Betrieb B festgestellt, ob zu diesem Zeitpunkt ein Putenbestand eingestallt war (Selektionsstufe 8) bzw. ob sich der Eintragszeitraum des B-Betriebes mit dem Risikozeitraum 1 oder 2 des A-Betriebes überschneidet (Selektionsstufe 9). Hierbei reduzierte sich die Anzahl an Vektoren im WCS auf 76 (Selektionsstufe 8) bzw. 58 (Selektionsstufe 9) und im BCS auf 19 (Selektionsstufe 8) bzw. 13 (Selektionsstufe 9). In der **Selektionsstufe 10** wurden die Vektoren unter Verwendung von Methode A tagesindividuell und unter Verwendung von Methode B stundenindividuell auf das Vorhandensein der Expositionsbedingung geprüft. In Methode A wurde mit Hilfe des Tagesmedianwertes untersucht, ob die Windrichtung des potentiellen Risikotages der Vektorpeilung entsprach (Selektionsstufe 10 A) und in Methode B mit Hilfe der stündlich gemessenen Werte der Windrichtung (Selektionsstufe 10 B). Hierbei reduzierte sich die Anzahl an Vektoren im WCS auf 29 (Selektionsstufe 10 A) und im BCS auf 6 (Selektionsstufe 10 B). Tabelle 20 zeigt die Ergebnisse des Selektionsprozesses im Verlauf der Selektionsstufen 1-10 A bzw. 10 B im WCS und BCS.

Tabelle 20: Anzahl an Vektoren und potentiellen Risikostunden je Selektionsstufe im WCS und BCS

Worst-Case-Szenario			Best-Case-Szenario		
	Anzahl Vektoren	Anzahl Risikotage		Anzahl Vektoren	Anzahl Risikotage
Startpool	82.656	-	Startpool	82.656	-
Selektionsstufe 1	10.619	-	Selektionsstufe 1	10.619	-
Selektionsstufe 2	478	-	Selektionsstufe 2	478	-
Selektionsstufe 3	478	-	Selektionsstufe 3	146	-
Selektionsstufe 4	170	-	Selektionsstufe 4	44	-
Selektionsstufe 5	102	-	Selektionsstufe 5	26	-
Selektionsstufe 6	102	-	Selektionsstufe 6	26	-
Selektionsstufe 7	93	-	Selektionsstufe 7	22	-
Selektionsstufe 8	76	812	Selektionsstufe 8	19	163
Selektionsstufe 9	58	348	Selektionsstufe 9	13	83
Selektionsstufe 10 A	29	48	Selektionsstufe 10 A	6	7
Selektionsstufe 10 B	45	138	Selektionsstufe 10 B	10	26

#### 4.4.13 Ergebnisse des Selektionsprozesses: Selektionsstufe 11

In der **Selektionsstufe 11** wurden bis hierhin verbliebene Vektoren unter Verwendung von Methode A tagesindividuell und unter Verwendung von Methode B stundenindividuell auf das Vorhandensein einer bestimmten Windstärke geprüft. Die Vektoren aus Selektionsstufe 10 A wurden in **Selektionsstufe 11 A ( $\geq 4$  Bft)** mit Hilfe des Tagesmedianwertes hinsichtlich einer Übereinstimmung mit der Windstärke  $\geq 4$  Bft untersucht. Hierbei ergaben sich als WCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft) 12 Vektoren mit insgesamt 23 potentiellen Risikotagen und als BCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft) 2 Vektoren mit insgesamt 3 potentiellen Risikotagen. Die Vektoren aus Selektionsstufe 10 B wurden in **Selektionsstufe 11 B ( $\geq 4$  Bft)** mit Hilfe der stundenindividuellen Werte hinsichtlich einer Übereinstimmung mit der Windstärke  $\geq 4$  Bft untersucht. Hierbei ergaben sich als WCS-Endpool B ( $\geq 4$  Bft) im WCS 24 Vektoren mit insgesamt 68 potentiellen Risikotagen und als BCS-Endpool B ( $\geq 4$  Bft) 6 Vektoren mit insgesamt 13 potentiellen Risikotagen. Die Vektoren aus Selektionsstufe 10 B wurden des Weiteren im Rahmen der Sensitivitätsanalyse in **Selektionsstufe 11 B (3 Bft)**, **Selektionsstufe 11 B (2 Bft)** und **Selektionsstufe 11 B (1 Bft)** mit Hilfe der stundenindividuellen Werte hinsichtlich einer Übereinstimmung mit der Windstärke = 3 Bft, = 2 Bft bzw. = 1 Bft untersucht. Hierbei ergaben sich als WCS-Endpool B (3 Bft) im WCS 35 Vektoren mit insgesamt 87 potentiellen Risikotagen und als BCS-Endpool B (3 Bft) 8 Vektoren mit insgesamt 20 potentiellen Risikotagen. Als WCS-Endpool B (2 Bft) im WCS 37 Vektoren mit insgesamt 76 potentiellen Risikotagen und als BCS-Endpool B (2 Bft) sechs Vektoren mit insgesamt 15 potentiellen Risikotagen. Schließlich ergaben sich als WCS-Endpool B (1 Bft) im WCS 14 Vektoren mit insgesamt 15 potentiellen Risikotagen und als BCS-Endpool B (1 Bft) zwei Vektoren mit insgesamt zwei potentiellen Risikotagen. Die ermittelten Summen an Vektoren im Endpool A ( $\geq 4$  Bft) und Endpool B ( $\geq 4$  Bft) des WCS bzw. BCS sowie im Endpool B (3 Bft), Endpool B (2 Bft) und Endpool B (1 Bft) des WCS bzw. BCS im Rahmen der Sensitivitätsanalyse (vgl. Abschnitt 3.3.8.8.) sind einschließlich der ermittelten Gesamtsummen an potentiellen Risikotagen in Tabelle 21 dargestellt. Hierbei ergaben sich die ermittelten Vektoren im BCS bei gleicher Expositionsbedingung in Selektionsstufe 11 ebenfalls im WCS. Die ermittelten Vektoren des BCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft) ergaben sich ebenfalls im WCS-Endpool A ( $\geq 4$  Bft).

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 21: Anzahl Vektoren und Risikotage der WCS- und BCS-Endpools

Worst-Case-Szenario			Best-Case-Szenario		
	Anzahl Vektoren	Anzahl Risikotage		Anzahl Vektoren	Anzahl Risikotage
WCS-Endpool A ( $\geq 4$ Bft)	12	23	BCS-Endpool A ( $\geq 4$ Bft)	2	3
WCS-Endpool B ( $\geq 4$ Bft)	24	68	BCS-Endpool B ( $\geq 4$ Bft)	6	13
WCS-Endpool B (3 Bft)	35	87	BCS-Endpool B (3 Bft)	8	20
WCS-Endpool B (2 Bft)	37	76	BCS-Endpool B (2 Bft)	6	15
WCS-Endpool B (1 Bft)	14	15	BCS-Endpool B (1 Bft)	2	2

Tabelle 22 zeigt alle ermittelten Vektoren der Endpools. Hierbei benennt der in Spalte „Windstärke in Bft der Selektionsstufe 11“ genannte Wert den Endpool, in dem der Vektor ermittelt wurde. Da innerhalb der Selektionsstufe 11 alle vorkommenden Windstärken überprüft wurden, konnte ein bestimmter Vektor in mehreren Endpools vertreten sein. Alle in der Tabelle aufgeführten Vektoren waren Teil des jeweiligen WCS-Endpools. Alle in der Tabelle aufgeführten Vektoren, die in der Tabellenspalte „Virus-Emission im BCS laut Stallkartenanalyse im Betrieb A angenommen“ die Eintragung „ja“ (erfüllt) zeigen, wurden im jeweiligen BCS-Endpool ermittelt. Dargestellt sind in weiteren Spalten die potentiellen Risikotage jedes ermittelten Vektors in Relation zum Tag der Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (Tag 0) sowie die Differenz zwischen den ermittelten potentiellen Risikotagen und dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb (1-3 Tage bzw. 4-5 Tage), die Annahme einer Virus-Emission laut BCS im A-Betrieb und die abgeleitete Einstufung der „Wahrscheinlichkeit der windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B“.



4. Ergebnisse

Tabelle 22: Vektoren der Endpools mit Einstufung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung

Vektor_ID	Vektordistanz im km	Windstärke in Bft der Selektionsstufe 11	Potentielle Risikotage des Vektors	Differenz Verdacht Betrieb B - Verdacht Betrieb A in Tagen	HPAI-Verdacht B-Betrieb bestand nach HPAI-Verdacht A-Betrieb	≥ 1 Risikotag mit Differenz Risikotag minus HPAI-Verdacht B-Betrieb = 1-3 Tage vorhanden	≥ 1 Risikotag mit Differenz Risikotag minus HPAI-Verdacht B-Betrieb = 4-5 Tage vorhanden	Virus-Emission im BCS laut Stallkartenanalyse im Betrieb A angenommen	Wahrscheinlichkeit der windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B
C-127_C-136	2,1	≥4	0 NA NA NA NA NA NA	2	ja	ja	nein	ja	+
		=3	-1 0 1 NA NA NA NA	2	ja	ja	nein	ja	+
		=2	-1 0 1 NA NA NA NA	2	ja	ja	nein	ja	+
C-95_C-137	2,5	=3	3 4 NA NA NA NA NA	4	ja	ja	nein	ja	+
		=2	1 3 4 NA NA NA NA	4	ja	ja	nein	ja	+
C-129_C-121	1,1	≥4	1 NA NA NA NA NA NA	6	ja	nein	ja	nein	(+)
		=3	0 1 NA NA NA NA NA	6	ja	nein	ja	nein	(+)
C-136_C-157	1,8	=2	0 NA NA NA NA NA NA	4	ja	ja	nein	nein	(+)
		=1	0 NA NA NA NA NA NA	4	ja	ja	nein	nein	(+)
C-137_C-129	1,1	=2	-4 -2 -1 NA NA NA NA	4	ja	nein	ja	nein	(+)
		=1	3 -1 NA NA NA NA NA	4	ja	nein	ja	nein	(+)
C-137_C-159	1,9	=3	-5 -4 -3 NA NA NA NA	2	ja	nein	ja	nein	(+)
		=2	-4 -3 -2 -1 0 NA NA	2	ja	ja	ja	nein	(+)
C-158-1_C-169	2,2	=1	4 NA NA NA NA NA NA	7	ja	ja	nein	nein	(+)
C-158-2_C-127	1,4	=3	-2 1 NA NA NA NA NA	1	ja	ja	nein	nein	(+)
		=2	-8 -2 NA NA NA NA NA	1	ja	ja	nein	nein	(+)
C-158-2_C-136	2,8	≥4	2 NA NA NA NA NA NA	3	ja	ja	nein	nein	(+)
		=3	1 2 NA NA NA NA NA	3	ja	ja	nein	nein	(+)
		=2	1 2 NA NA NA NA NA	3	ja	ja	nein	nein	(+)
C-158-2_C-140	2,4	=1	14 NA NA NA NA NA NA	16	ja	ja	nein	nein	(+)
C-158-2_C-157	1,6	=3	2 NA NA NA NA NA NA	7	ja	nein	ja	nein	(+)
		=2	2 NA NA NA NA NA NA	7	ja	nein	ja	nein	(+)
C-159_C-129	1,2	≥4	-2 -1 0 NA NA NA NA	2	ja	ja	nein	nein	(+)
		=3	-1 0 NA NA NA NA NA	2	ja	ja	nein	nein	(+)
		=2	0 NA NA NA NA NA NA	2	ja	ja	nein	nein	(+)
C-160_C-129	1,8	=2	2 4 NA NA NA NA NA	9	ja	nein	ja	nein	(+)
		=1	4 NA NA NA NA NA NA	9	ja	nein	ja	nein	(+)
C-160_C-137	0,9	=3	4 NA NA NA NA NA NA	5	ja	ja	nein	nein	(+)
		=2	2 4 NA NA NA NA NA	5	ja	ja	nein	nein	(+)
C-160_C-159	2,2	=3	1 2 NA NA NA NA NA	7	ja	nein	ja	nein	(+)
		=2	2 4 NA NA NA NA NA	7	ja	ja	ja	nein	(+)
		=1	4 NA NA NA NA NA NA	7	ja	ja	nein	nein	(+)
C-160_C-95	1,7	≥4	-8 -7 -5 -4 -3 -2 -1	1	ja	ja	ja	nein	(+)
		=3	-9 -7 -5 -2 -1 0 1	1	ja	ja	nein	nein	(+)
		=2	-7 -5 -1 0 NA NA NA	1	ja	ja	nein	nein	(+)

#### 4. Ergebnisse

C-163_C-112	1,8	=2 =1	0 5	5 NA	8 NA	NA NA	NA NA	NA NA	9 9	ja ja	ja nein	ja ja	nein nein	(+) (+)
C-163_C-121	2,9	≥4 =3 =2	1 0 2	6 1 5	7 2 7	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	9 9 9	ja ja ja	ja ja ja	nein nein ja	nein nein nein	(+) (+) (+)
C-112_C-163	1,8	=2	-10	NA	NA	NA	NA	NA	-9	nein	ja	nein	nein	-
C-114_C-112	1,2	≥4 =3 =2	-9 -9 -9	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	-6 -6 -6	nein nein nein	ja ja ja	nein nein nein	ja ja ja	- - -
C-121_C-129	1,1	≥4 =3 =2	-9 -8 2	-8 -7 NA	-7 NA NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	-6 -6 -6	nein nein nein	ja ja nein	nein nein nein	nein nein nein	- - -
C-121_C-159	0,4	≥4 =3 =2	-8 -8 -9	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	-8 -8 -8	nein nein nein	nein nein ja	nein nein nein	nein nein nein	- - -
C-121_C-163	2,9	=2 =1	-10 -10	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	-9 -9	nein nein	ja ja	nein nein	nein nein	- -
C-127_C-112	2,7	=2 =1	-10 -10	-7 NA	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	-5 -5	nein nein	ja nein	ja ja	ja ja	- -
C-127_C-158-2	1,4	≥4 =3 =2	-10 -10 -8	-8 -8 NA	-5 -5 NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	-1 -1 -1	nein nein nein	ja ja nein	nein ja nein	ja ja ja	- - -
C-129_C-121	1,1	=2	-4	-3	0	NA	NA	NA	6	ja	nein	nein	nein	-
C-129_C-137	1,1	≥4 =3	-10 -10	-9 -9	-6 NA	NA NA	NA NA	NA NA	-4 -4	nein nein	ja nein	ja ja	nein nein	- -
C-129_C-159	1,2	=3 =2	-8 -7	-7 -6	-6 -5	NA -4	NA -3	NA NA	-2 -2	nein nein	nein ja	ja ja	nein nein	- -
C-129_C-160	1,8	≥4 =3	-10 -10	-9 -9	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	-9 -9	nein nein	ja ja	nein nein	nein nein	- -
C-134_C-121	0,3	=2	-10	-8	NA	NA	NA	NA	-6	nein	ja	nein	nein	-
C-136_C-127	2,1	≥4 =3 =2	-10 -10 -10	-8 -8 -8	-7 -7 -7	-6 -4 NA	-5 NA NA	-4 NA NA	-2 -2 -2	nein nein nein	ja ja nein	ja ja ja	nein nein nein	- - -
C-136_C-158-2	2,8	≥4 =3 =2	-10 -10 -10	-8 -8 -8	-7 -7 -7	-6 -4 NA	-5 NA NA	-4 NA NA	-3 -3 -3	nein nein nein	ja ja ja	ja ja ja	nein nein nein	- - -
C-137_C-121	2,0	=2 =1	-1 -1	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	10 10	ja ja	nein nein	nein nein	nein nein	- -
C-137_C-129	1,1	=3	-5	-4	NA	NA	NA	NA	4	ja	nein	nein	nein	-
C-137_C-160	0,9	≥4 =3 =2	-10 -8 -7	-9 -7 -6	-8 -6 NA	-7 NA NA	NA NA NA	NA NA NA	-5 -5 -5	nein nein nein	ja ja ja	ja nein nein	nein nein nein	- - -
C-137_C-95	2,5	≥4 =3 =2	-10 -8 -7	-9 -7 -6	-8 -6 NA	-7 -5 NA	NA NA NA	NA NA NA	-4 -4 -4	nein nein nein	ja ja ja	ja nein nein	nein nein nein	- - -
C-140_C-157	2,8	=2 =1	-10 -10	NA -9	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	-9 -9	nein nein	ja ja	nein nein	nein nein	- -
C-157_C-127	2,0	=3 =2	-10 -10	-7 -7	NA NA	NA NA	NA NA	NA NA	-6 -6	nein nein	ja ja	nein nein	ja ja	- -
C-157_C-136	1,8	=3 =2	-10 -10	-7 NA	-5 NA	NA NA	NA NA	NA NA	-4 -4	nein nein	ja nein	ja ja	ja ja	- -
C-157_C-158-2	1,6	≥4 =3 =2	-10 -9 -10	-9 -8 -8	-8 NA NA	NA NA NA	NA NA NA	NA NA NA	-7 -7 -7	nein nein nein	ja ja ja	nein nein nein	ja ja ja	- - -
C-158-2_C-127	1,4	=1	-8	NA	NA	NA	NA	NA	1	ja	nein	nein	nein	-

#### 4. Ergebnisse

C-159_C-121	0,4	=3	-3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	8	ja	nein	nein	nein	-
		=2	-3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	8	ja	nein	nein	nein	-
		=1	-2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	8	ja	nein	nein	nein	-
C-159_C-160	2,2	≥4	-9	-8	NA	NA	NA	NA	NA	-7	nein	ja	nein	nein	-
		=3	-9	-8	NA	NA	NA	NA	NA	-7	nein	ja	nein	nein	-
C-160_C-129	1,8	=3	1	2	NA	NA	NA	NA	NA	9	ja	nein	nein	nein	-
C-160_C-147	2,4	≥4	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	12	ja	nein	nein	nein	-
		=3	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	12	ja	nein	nein	nein	-
		=2	3	4	NA	NA	NA	NA	NA	12	ja	nein	nein	nein	-
C-160_C-90	2,5	≥4	-10	-9	-8	-7	-6	NA	NA	-5	nein	ja	ja	nein	-
		=3	-10	-9	-7	-6	-5	NA	NA	-5	nein	ja	ja	nein	-
C-163_C-112	1,8	≥4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA	9	ja	nein	nein	nein	-
		=3	0	1	NA	NA	NA	NA	NA	9	ja	nein	nein	nein	-
C-163_C-134	2,9	≥4	6	7	NA	NA	NA	NA	NA	15	ja	nein	nein	nein	-
		=3	7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	15	ja	nein	nein	nein	-
C-163_C-134	2,9	=2	7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	15	ja	nein	nein	nein	-
C-169_C-158-1	2,2	≥4	-9	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-7	nein	ja	nein	ja	-
C-95_C-137	2,5	=1	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	4	ja	nein	nein	ja	-
C-95_C-90	0,9	≥4	-10	-9	-8	-7	NA	NA	NA	-6	nein	ja	ja	ja	-
		=3	-10	-8	-7	-6	NA	NA	NA	-6	nein	ja	ja	ja	-

■	Der HPAI-Verdacht im B-Betrieb bestand vor dem potentiellen Risikotag
■	0 Tage Differenz zwischen Risikotag und Verdacht B-Betrieb
■	1-3 Tage Differenz zwischen Risikotag und Verdacht B-Betrieb
■	4-5 Tage Differenz zwischen Risikotag und Verdacht B-Betrieb
■	≥ 6 Tage Differenz zwischen Risikotag und Verdacht B-Betrieb
rot	Der potentielle Risikotag ergab sich ebenfalls im WCS-Endpool A (≥ 4 Bft)
+	Windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „wahrscheinlich“ eingestuft
(+)	Windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „bedingt wahrscheinlich“ eingestuft
-	Windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „unwahrscheinlich“ eingestuft

Insgesamt ergaben sich 45 Vektoren, die sich aus 19 Betrieben zusammensetzten und bei denen sich 1-7 potentielle Risikotage ermittelten ließen, die alle Expositionsbedingungen der der Selektionsstufen 1-10 erfüllten und eine Windstärke  $\geq 1$  Bft aufwiesen.

Zwei dieser 45 Vektoren wurden mit „+“ bewertet: C-127\_C-136 und C-95\_C-137. Bei diesen wurde die windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „wahrscheinlich“ eingestuft, da der Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb nach dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb bestand, mindestens ein Risikotag maximal 1-5 Tage vor dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb lag und eine Virus-Emission im A-Betrieb angenommen wurde, weil keine Information zur Herdenmortalität vorlag (BSC).

Insgesamt wurden 16 Vektoren mit „(+“ bewertet: C-129\_C-121, C-136\_C-157, C-137\_C-129, C-137\_C-159, C-158-1\_C-169, C-158-2\_C-127, C-158-2\_C-136, C-158-2\_C-140, C-158-2\_C-157, C-159\_C-129, C-160\_C-129, C-160\_C-137, C-160\_C-159, C-160\_C-95, C-163\_C-112 und C-163\_C-121. Bei diesen wurde die windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „bedingt wahrscheinlich“ eingestuft, da der Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb nach dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb bestand, mindestens ein Risikotag ermittelt werden konnte, der maximal 1-5 Tage vor dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb lag, jedoch keine Virus-Emission

#### 4. Ergebnisse

nach Analyse der Mortalitätsrate im A-Betrieb (BCS) angenommen wurde.

Die verbliebenen 33 Vektoren (C-112\_C-163, C-114\_C-112, C-121\_C-129, C-121\_C-159, C-121\_C-163, C-127\_C-112, C-127\_C-158-2, C-129\_C-121, C-129\_C-137, C-129\_C-159, C-129\_C-160, C-134\_C-121, C-136\_C-127, C-136\_C-158-2, C-137\_C-121, C-137\_C-129, C-137\_C-160, C-137\_C-95, C-140\_C-157, C-157\_C-127, C-157\_C-136, C-157\_C-158-2, C-158-2\_C-127, C-159\_C-121, C-159\_C-160, C-160\_C-129, C-160\_C-147, C-160\_C-90, C-163\_C-112, C-163\_C-134, C-169\_C-158-1, C-95\_C-137 und C-95\_C-90) wurden mit „-“ bewertet. Bei diesen wurde die windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B unabhängig von der angenommenen Virus-Emission im A-Betrieb als „unwahrscheinlich“ eingestuft, da der Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb vor dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb bestand oder der Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb nach dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb bestand, jedoch kein Risikotag ermittelt wurde, der maximal 1-5 Tage vor dem Tag des Verdachtes der Geflügelpest im B-Betrieb lag.

#### **4.4.14 Vektoren mit wahrscheinlicher und bedingt wahrscheinlicher windvermittelter HPAI-Virus-Übertragung**

Es ergaben sich zwei Vektoren, bei denen die windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „wahrscheinlich“ und 16 Vektoren, bei denen dies als „bedingt wahrscheinlich“ eingestuft wurde. Diese sind gemeinsam in den Tabellen 23, 24 und 25 im Zusammenhang mit den ermittelten Risikotagen innerhalb einer Zeitachse dargestellt. Zusätzlich eingefügt sind je Vektor der Risikozeitraum 1 und 2 des A-Betriebes, der Eintragszeitraum des B-Betriebes sowie der Tag der ersten klinisch auffälligen Symptomatik der HPAI-positiven Herde(n), des amtlichen Verdachtes und Feststellung der Geflügelpest, der Tötung und Entsorgung der Kadaver und der Tage der Entmistung.

A-Betrieb		C-158-1		Legende:
Vektor		C-158-1_C-169		
Sa	24.12.2016	0	SV	S Symptomatik
So	25.12.2016	0	FT	V Verdacht
Mo	26.12.2016	0	K	F Feststellung
Di	27.12.2016	0	E	T Tötung
Mi	28.12.2016	0	E	K Kadaverentsorgung
Do	29.12.2016	1	E	E Entmistung
Fr	30.12.2016	0		Risikozeitraum 1 bzw. 2 des A-Betriebes
Sa	31.12.2016	0	SV	Risikotag im Risikozeitraum 1 bzw. 2
So	01.01.2017	0	F	Eintragszeitraum des B-Betriebes

Tabelle 23: Risikotage im zeitlichen Zusammenhang (Zeitraum 24.12.2016-01.01.2017)

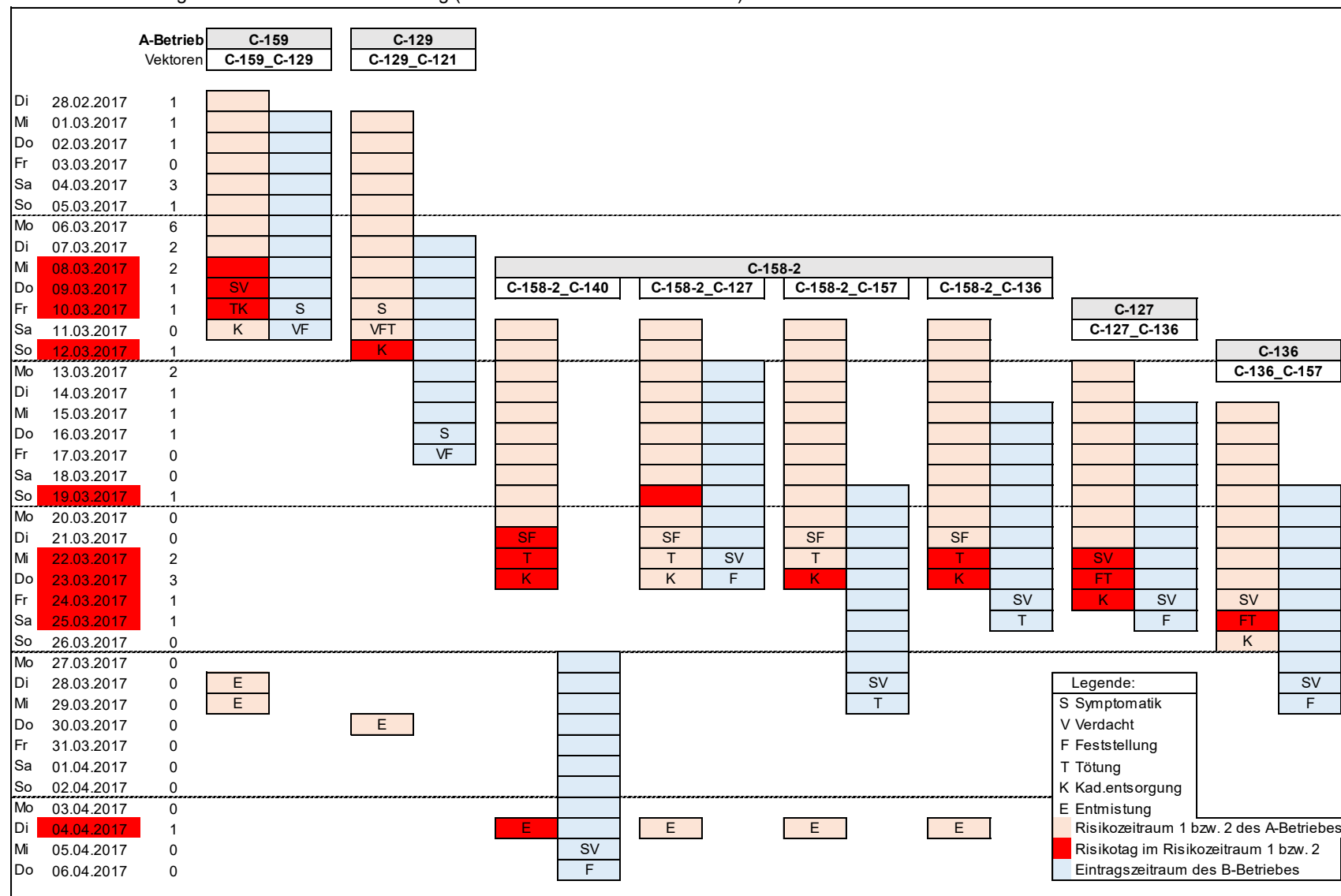
Tabelle 24: Risikotage im zeitlichen Zusammenhang (Zeitraum 25.02.2017-17.03.2017)

		A-Betrieb				C-160		C-95	C-137		C-163	
		C-160_C-137		C-160_C-129	C-160_C-159	C-160_C-95	C-95_C-137	C-137_C-129	C-137_C-159	C-163_C-112	C-163_C-121	
Sa	25.02.2017	1										
So	26.02.2017	1										
Mo	27.02.2017	1										
Di	28.02.2017	1										
Mi	01.03.2017	1	S		S		S					
Do	02.03.2017	1	VFTK		VFTK		VFTK	S				
Fr	03.03.2017	0	E		E		E	VF				
Sa	04.03.2017	3	E		E		E		K			
So	05.03.2017	1	E		E		E					
Mo	06.03.2017	6	E		E		E		E			
Di	07.03.2017	2		SV					SV		S	
Mi	08.03.2017	2		F					F		SVT	
Do	09.03.2017	1							FK		SVT	
Fr	10.03.2017	1								S		SV
Sa	11.03.2017	0								VF		F
So	12.03.2017	1										
Mo	13.03.2017	2									E	
Di	14.03.2017	1									E	
Mi	15.03.2017	1									E	
Do	16.03.2017	1									E	S
Fr	17.03.2017	0									VF	VF

Legende:		
S Symptomatik	T Tötung	Risikozeitraum 1 bzw. 2 des A-Betriebes
V Verdacht	K Kad.entsorgung	Risikotag im Risikozeitraum 1 bzw. 2
F Feststellung	E Entmistung	Eintragszeitraum des B-Betriebes

Tabelle 25: Risikotage im zeitlichen Zusammenhang (Zeitraum 28.02.2017-06.04.2017)



Es ergaben sich 25 Kalendertage, die für 1-6 verschiedene Vektoren als Risikotag ermittelt wurden. Diese befinden sich bis auf zwei solitär liegende Tage (29.12.2016 und 04.04.2017) innerhalb eines vierwöchigen Zeitraumes (25.02.2017-25.03.2017).

Die ermittelten Risikotage der Vektoren mit wahrscheinlicher und bedingt wahrscheinlicher windvermittelter HPAI-Virus-Übertragung befanden sich:

- An Kalenderdaten innerhalb des Risikozeitraumes 1 bevor erste klinische Symptomatik auffällig wurde (9 Risikotage),
- am Kalenderdatum, an dem erste klinisch auffällige Symptomatik in den Beständen bemerkt wurde (5 Risikotage),
- am Kalenderdatum des amtlichen Verdachtes der Geflügelpest im A-Betrieb (5 Risikotage),
- am Kalenderdatum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (5 Risikotage),
- am Kalenderdatum der Tötung im A-Betrieb (6 Risikotage),
- am Kalenderdatum der Kadaverentsorgung im A-Betrieb (7 Risikotage) oder
- an Kalenderdaten, an denen die Entmistung in den A-Betrieben angenommen wurde (13 Risikotage).

Die ermittelten zwei bzw. 16 Vektoren, bei denen eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „wahrscheinlich“ bzw. „bedingt wahrscheinlich“ eingestuft wurde, wurden von 15 Ausbruchsbetrieben gebildet. Von diesen traten zehn Ausbruchsbetriebe in 1-4 Vektoren als potentiell HPAI-Virus-emittierender A-Betrieb und elf Ausbruchsbetriebe in 1-3 Vektoren als potentiell HPAI-Virus-empfangender B-Betrieb auf. Abbildung 19 zeigt die 18 Vektoren mit als „wahrscheinlich“ bzw. „bedingt wahrscheinlich“ eingestufteter windvermittelter HPAI-Virus-Übertragung im räumlichen Zusammenhang.

Im Ergebnis wurden mit Hilfe des in dieser Studie vorgestellten Selektionsprozesses für zwei HPAI-Ausbrüche (Betrieb C-136 und C-137) 1-3 Risikotage mit als "wahrscheinlich" eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung ermittelt. Dies entspricht 5,4 % aller HPAI-Ausbrüche in putenhaltenden Wirtschaftsgeflügelbetrieben im untersuchten Studiengebiet innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (n = 37). Des Weiteren wurden für neun HPAI-Ausbrüche (Betrieb C-95, C-112, C-121, C-127, C-129, C-140, C-157, C-159 und C-169) 1-5 Risikotage mit als "bedingt wahrscheinlich" eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung ermittelt. Dies entspricht 24,3 % aller HPAI-Ausbrüche in putenhaltenden Wirtschaftsgeflügelbetrieben im untersuchten Studiengebiet innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (n = 37).

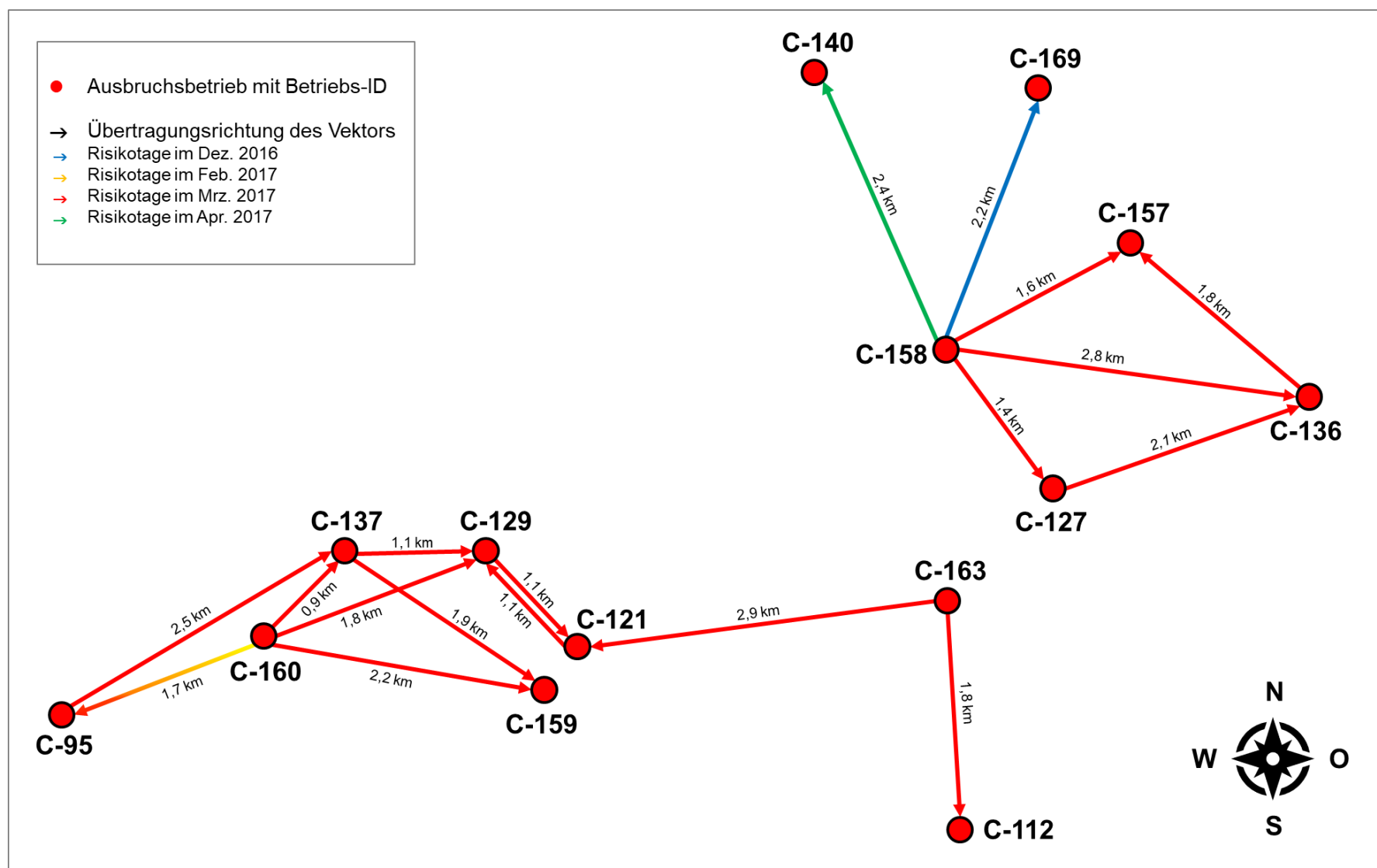


Abbildung 19: Vektoren mit als „wahrscheinlich“ (Pfeil fett) und „bedingt wahrscheinlich“ eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung im räumlichen Zusammenhang



## 5 Diskussion

In der vorliegenden Arbeit wurden mögliche Eintragsursachen der hochpathogenen aviären Influenza in putenhaltende Wirtschaftsgeflügelbetriebe in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg während der Geflügelpest-Epidemie 2016/2017 analysiert.

Hierfür wurden die Biosicherheitsmaßnahmen aller Betriebe untersucht, die innerhalb des Epidemie-Zeitraumes vom 01.11.2016 bis zum 30.04.2017 als putenhaltend amtlich registriert waren. Für die Analyse wurden die Inhalte der niedersächsischen Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben verwendet, die im Rahmen der amtlichen Überprüfung betriebshygienischer Aspekte auf den Putenbetrieben genutzt wurden (Tabelle 2). Die mit Hilfe der Checklisten erhobenen Daten wurden deskriptiv im Hinblick auf unzureichende Ausführungen der gesetzlich vorgeschriebenen bzw. empfohlenen Maßnahmen und der potentiellen Eintragsursachen sowie statistisch hinsichtlich der Risikofaktoren für das Auftreten einer Infektion mit HPAI-Viren bei Putenbetrieben bewertet. Es ergaben sich für die Betriebe im Landkreis Cloppenburg zwei Modelle, die gut geeignet sind, um bei einem Betrieb in diesem Landkreis anhand der Biosicherheitsdaten zwischen Betrieben mit einem Geflügelpest-Ausbruch („HPAI-Ausbruch ja“) und Betrieben ohne Geflügelpest-Ausbruch („HPAI-Ausbruch nein“) zu unterscheiden, obwohl die Beurteilung der Biosicherheit nach der Epidemie erfolgte. Dies bedeutet, dass viele Betriebe, die einen Ausbruch erlitten hatten, zum Zeitpunkt der Beurteilung der Biosicherheit anhand der Checkliste noch Defizite in der Biosicherheit aufwiesen.

Ebenfalls untersucht wurde die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zwischen den Putenbetrieben innerhalb der beiden Landkreise. Hierfür wurde ein Selektionsprozess entwickelt, der alle Betriebskonstellationen des Studiengebietes auf die grundlegenden Bedingungen prüft, die für eine direkte durch Windbewegungen erfolgende Übertragung als erforderlich angenommen wurden. Aus den Ergebnissen wurde die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zwischen den Betrieben abgeleitet. Es ergab sich, dass eine windvermittelte Übertragung der hochpathogenen aviären Influenza in zwei Fällen wahrscheinlich und in 16 Fällen bedingt wahrscheinlich war.

Im Folgenden werden die Ergebnisse der beiden Teilstudien im Detail diskutiert.

### 5.1 Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben

#### 5.1.1 Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben

##### 5.1.1.1 Mögliche Einflüsse auf die Güte der Checklisten-Daten

###### 5.1.1.1.1 Verfügbarkeit der Checklisten

Bei 276 der 287 im Epidemie-Zeitraum amtlich registrierten Putenhaltungen waren mit Hilfe einer Checkliste zur Biosicherheit erhobene Daten verfügbar. Dies entspricht 96,16 % der im Studiengebiet registrierten Betrieben, die Puten zu Aufzucht- oder Mastzwecken hielten und ermöglicht einen nahezu vollständigen Einblick in die betriebsindividuellen Biosicherheitsmaßnahmen zum Zeitpunkt der Überprüfungen.

###### 5.1.1.1.2 Erhebungszeitpunkt der Checklisten

Die Überprüfungen der Putenhaltungen mit Hilfe der Checkliste begannen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes, wurden auf den einzelnen Ausbruchsbetrieben jedoch frühestens 31 Tage nach der Bestandstötung auf dem jeweiligen Betrieb durchgeführt. Die Überprüfungen der Putenhaltungen im Landkreis Cloppenburg erfolgten dabei deutlich eher und mit geringerem zeitlichem Abstand zum Tag der Bestandstötung im jeweiligen Betrieb als die der Putenhaltungen im Landkreis Oldenburg. Bei vier von 37 Betrieben mit HPAI-Nachweis (10,8 %) fand die Überprüfung > 300 Tage nach dem Seuchenausbruch auf dem jeweiligen Betrieb statt. Dies könnte zu einer Verzerrung der Anzahl an Biosicherheitsdefiziten geführt haben, die anhand der Checklisten-Daten bestimmt wurden. Die Daten würden somit nicht den Status quo widerspiegeln, der zur Zeit des Ausbruches auf den Betrieben bestand. Allerdings ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass Biosicherheitsmaßnahmen, die auch noch in großem zeitlichem Abstand zum Geflügelpestausbuch auf den Betrieben nicht den rechtlichen Vorgaben oder Empfehlungen entsprachen, zum Zeitpunkt des HPAI-Ausbruchs ebenfalls nicht erfüllt wurden. Es ist anzunehmen, dass die Umsetzung der gesetzlich geforderten bzw. empfohlenen Biosicherheitsmaßnahmen nicht auf jedem Betrieb innerhalb kürzester Zeit möglich war, insbesondere, wenn es sich um kostenintensive bauliche Neuerungen oder Großanschaffungen handelte.

###### 5.1.1.2 Anzahl an interviewenden Personen

An den Überprüfungen der betrieblichen Biosicherheitsmaßnahmen mit Hilfe der Checklisten waren innerhalb der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg unterschiedlich viele amtlich tätige Tierärzte beteiligt (34 und 2). Dies könnte zu Unterschieden in der Beantwortung der Checklisten-Fragen im Sinne des sogenannten „Interviewer-Bias“ (Kreienbrock et al. 2012b) geführt haben, da sowohl fragende (amtliche Tierärzte) als auch befragte Personen (Tierhalter, Tierbetreuer) die Fragestellungen eventuell unterschiedlich interpretierten. Die Originaldaten (handschriftlich ausgefüllte Fragebögen) enthielten Hinweise, die darauf hindeuten, dass der Interviewer-Bias eine gewisse Rolle gespielt hat.

###### 5.1.1.3 Deskriptive Analyse der Biosicherheitsdaten

Bei der deskriptiven Auswertung der Biosicherheitsdaten, die aus den Erhebungen mit den

Checklisten resultierten, ergaben sich bei allen Betrieben ( $n = 241$ ) in den beiden Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg Null bis 14 Kontrollpunkte je Betrieb, die nicht den rechtlichen Vorgaben oder den Empfehlungen entsprachen. Hierbei ergaben sich Unterschiede hinsichtlich der Landkreiszugehörigkeit und dem Vorkommen eines HPAI-Ausbruchs auf dem Betrieb.

Insgesamt wiesen die Betriebe im Landkreis Cloppenburg mehr Biosicherheitsdefizite auf als die Betriebe im Landkreis Oldenburg. Dies könnte auf die zeitliche Verzögerung zurückzuführen sein, die zwischen den beiden Wellen verging, in denen die HPAI in der Region auftrat und die Überprüfungen anhand der Checkliste durchgeführt wurden. Im Landkreis Cloppenburg wurden die Checklistenenerhebungen deutlich eher durchgeführt als im Landkreis Oldenburg. Sofern die in den Checklisten ermittelten Mängel bereits während des Epidemie-Geschehens bestanden, hatten die Betriebe, die später überprüft wurden, mehr Zeit um Optimierungen in der Biosicherheit vorzunehmen, die sich im Datensatz im Sinne einer besseren Biosicherheit auswirken konnten. Eine andere mögliche Erklärung wäre eine von vornherein geringere Mängeldichte in den Betrieben im Landkreis Oldenburg, die nach der Epidemie unverändert blieb und in den Checklisten entsprechend dokumentiert wurde. Beides könnte zu Verzerrungen der Ergebnisse in der hier vorgestellten Studie hinsichtlich der festgestellten Mängel in den Betrieben der Landkreise geführt und in der Folge die Bewertung des Risikos möglicher eintragsverursachender Biosicherheitslücken beeinflusst haben.

Bei der detaillierten Analyse der Ausbruchsbetriebe in den beiden Landkreisen ergab sich pro Betrieb eine annähernd gleiche Anzahl an Biosicherheitslücken. Sofern hier ähnliche Gründe vorlagen, unterschieden sich die Betriebe hinsichtlich des Bewusstseins der Farmverantwortlichen bezüglich bestehender Mängel nur geringfügig.

Insgesamt wurden 16 Biosicherheitsmängel ermittelt, die bei  $> 25\%$  der untersuchten Teilgruppen (HPAI-negative Betriebe im Landkreis Cloppenburg, HPAI-positive Betriebe im Landkreis Cloppenburg, HPAI-negative Betriebe im Landkreis Oldenburg, HPAI-positive Betriebe im Landkreis Oldenburg) festgestellt worden waren. Hierbei waren die mangelnde Reinigung und Desinfektion überbetrieblich genutzter Fahrzeuge sowie die Haltung weiteren Viehs auffällig häufig vertreten. Des Weiteren ergaben sich Häufungen im nicht ordnungsgemäßen Kadavermanagement sowie bei der nicht wildvogelsicheren Lagerung von Einstreu und Gegenständen mit Geflügelkontakt.

### 5.1.1.4 Statistische Analyse der Checklisten-Variablen

#### 5.1.1.4.1 Variablen der univariablen Analyse

##### 5.1.1.4.1.1 Anzahl der Tierstallungen und Tierplätze

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ergaben sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Wie viele Ställe gehören zum Betrieb?“ (VNr. 10,  $p$ -Wert 0,01) sowie zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Wie viele Tiere können maximal im Betrieb gehalten werden? (numerisch)“ (VNr. 11,  $p$ -Wert 0,18) statistisch signifikante Assoziationen. Marangon et al. (2005) identifizierten bei der retrospektiven Analyse der HPAI-Epidemie in Italien 1999/2000 ebenfalls die Größe der Herde als einen Risikofaktor für das Auftreten der Geflügelpest in einem Betrieb, da sich größere Herden als stärker gefährdet erwiesen. Bei der Haltung von Puten sollte gemäß den

„Empfehlungen der Bundeseinheitlichen Eckwerte für eine Vereinbarung zur Haltung von Mastputen“ (Verband Deutscher Putenerzeuger 2013) die Besatzdichte so geplant werden, „dass auch in der Endphase der Mastperiode bei Putenhennen 45 kg Lebendgewicht pro m<sup>2</sup> nutzbarer Stallgrundfläche und bei Putenhähnen 50 kg Lebendgewicht pro m<sup>2</sup> nutzbarer Stallgrundfläche nicht überschritten werden“. Je mehr Puten gehalten werden, desto mehr Platz wird für ihre Unterbringung benötigt, die in der Nutzung mehrerer Stallgebäude resultiert. Die erhöhte Wahrscheinlichkeit eines HPAI-Ausbruches bei Betrieben mit einer großen Anzahl an Tieren bzw. Stallungen kann darauf zurückgeführt werden, dass eine hohe Besatzdichte die Widerstandsfähigkeit der Puten gegenüber Krankheitserregern reduziert, den Keimdruck erhöht und auf diese Weise Infektionen begünstigt (Rautenschlein und Ryll 2014; Flüchten 2006). Des Weiteren erfordert die Versorgung mehrerer Putenbestände einen hohen und konsequent aufrechterhaltenen Biosicherheitsstandard, da beispielsweise das manuelle oder maschinelle Einbringen von Einstreu oder das Betreten des Tierbereichs im Rahmen der Kontrollgänge in jede Putenherde separat erfolgt und durch das Befahren oder Betreten des Außenbereichs unterbrochen wird. Jeder Zutritt birgt das Risiko des Eintragens von Krankheitserregern in den Bestand (Guinat et al. 2020; Cardona 2008).

### 5.1.1.4.1.2 Haltungsnutzen (Aufzucht und Mast)

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Zu welchem Nutzen werden die Tiere gehalten (Elterntiere, Aufzucht, Mast)?“ (VNr. 16), *p*-Wert 0,06) eine statistisch signifikante Assoziation. Während der Epidemie der hochpathogenen aviären Influenza 2016/2017 waren im Landkreis Oldenburg ausschließlich Putenmastbestände von einem Ausbruch betroffen. Die Tiere waren zum Zeitpunkt der Tötung im Mittel 15,2 Wochen alt, wobei der jüngste Bestand 6,0 Wochen und der älteste 21,0 Wochen alt war. Ein Zusammenhang zwischen dem erhöhten Risiko eines HPAI-Ausbruches und dem Haltungsnutzen eines Putenbetriebes lässt sich mit dem Haltingsmanagement begründen, das sich zwischen der Aufzucht- und Mastphase unterscheidet. Putenküken bis zum Alter von 4-5 Wochen stellen besondere Anforderungen an das Stallklima (Moorgut Kartzfehn 2016; Verband Deutscher Putenerzeuger 2013). Besonders hervorzuheben ist hierbei eine trockene und staubarme Einstreu, die Krankheitserregern keinen Nährboden bietet. Für Puten werden standardmäßig Zellulosematerialien wie Stroh, Holzspäne oder Getreideschalen in ursprünglicher oder verarbeiteter Form als Einstreu verwendet, die im Verlauf des Einstellungszeitraumes bei Bedarf neu in den Tierbereich eingebracht wird, ohne dabei die Tiere umzustallen oder großflächig verschmutztes Material zu entfernen. Während die im Tierbereich vorhandene Einstreu in den ersten Lebenswochen der Putenküken umgewälzt und somit durchmischt wird, ist es mit deren fortschreitendem Alter erforderlich, die notwendigen Strohmengen in den Tierbereich einzubringen. In Deutschland ist es weithin üblich, das Stroh maschinell von außerhalb, d.h. aus einem Strohlager, in die Putenställe zu transportieren. Die Abstände, in denen eine Nachstreuung erforderlich ist, verkürzen sich dabei mit zunehmendem Alter der Puten, da die oberflächlichen Streuschichten durch den anfallenden Kot schneller durchfeuchten. Bei jedem Einstreuvorgang befahren die verwendeten Maschinen zwischen Einstreulagerort und Tierbereich potentiell AI-Virus-kontaminierte Flächen. Laut § 6 Absatz 1 GeflüPestSchV besteht für den Tierhalter die Pflicht, die Reinigung und Desinfektion von „Fahrzeuge[n], Maschinen und sonstige[n] Gerätschaften, die in der Geflügelhaltung

eingesetzt und in mehreren Ställen oder von mehreren Betrieben gemeinsam benutzt werden“ sicherzustellen. Die Reinigung und Desinfektion von innerbetrieblich verwendeten Fahrzeugen, die Einstreu in die Produktionszone (Tierställe etc.) transportieren, ist gesetzlich nicht vorgeschrieben, wird jedoch zur AI-Prävention vor der Einfahrt in den Tierbereich empfohlen (Friedrich-Loeffler-Institut 2017a). In einer von Conraths et al. (2016) durchgeführten retrospektiven Studie in von HPAI-betroffenen deutschen Geflügelhaltungsbetrieben wurde das Risiko der Einschleppung von AI-Virus durch indirekten Kontakt mit kontaminierten und auf den Höfen genutzten Materialien (z.B. Einstreumaterial, Stiefel, Räder von Fahrzeugen) als am höchsten bewertet. Eine mögliche Alternative zu der in Deutschland üblichen Einstreupraxis könnte darin bestehen, die gesamte für einen Mastdurchgang benötigte Einstreumenge zu Beginn des Durchgangs in den Stall zu bringen und mit Maschinen und Gerätschaften zu verteilen, die den Stall während des Mastdurchgangs möglichst nicht verlassen.

#### 5.1.1.4.1.3 Rein-Raus-System je Stalleinheit

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Wird je Stalleinheit nach dem Rein-Raus-System verfahren?“ (VNr. 23,  $p$ -Wert 0,02) eine statistisch signifikante Assoziation. Betriebe, die Puten zu Mastzwecken halten, wenden unterschiedliche Wochen-Rhythmen an, um die betrieblichen Strukturen optimal ausnutzen zu können. Diese richten sich nach der verfügbaren nutzbaren Stallfläche sowie nach dem Geschlecht der eingestellten Puten (Moorgut Kartzfehn 2016). Da Putenhennen einige Wochen vor den Putenhähnen das bestmögliche Schlachtgewicht erreichen, ergeben sich unterschiedliche Ausstellungszeitpunkte mit einigen Wochen Abstand (Moorgut Kartzfehn 2016). Zu diesen werden die Tiere durch externes Fachpersonal in Transportfahrzeuge verladen und die Stallungen danach entweder für den nächsten Durchgang vorbereitet (Reinigung und Desinfektion) oder den darüber hinaus auf dem Betrieb verbleibenden Putenhähnen zur Verfügung gestellt (Moorgut Kartzfehn 2016). Durch die bei der Ausstellung erforderlichen Arbeitsabläufe (z.B. Befahren des Betriebsgeländes durch das Transportfahrzeug, Öffnen des Stallgebäudes, Betreten des Tierbereiches durch externe Personen) entsteht ein zusätzliches Risiko der direkten oder indirekten Einschleppung von Krankheitserregern in den Tierbestand. Marangon et al. (2005) konnten bei der retrospektiven Analyse der HPAI-Epidemie in Italien 1999/2000 den Ursprung der Infektion u.a. auf die Verbringung von Tieren (1,0 %) sowie auf indirekte Kontakte zum Zeitpunkt der Verladung zur Schlachtung weiblicher Puten (8,5 %) zurückführen. Conraths et al. (2016) maßen bei den epidemiologischen Untersuchungen in von HPAI betroffenen deutschen Geflügelhaltungsbetrieben dem Risiko der Einschleppung von AI-Virus durch indirekten Kontakt mit kontaminierten Materialien die größte Bedeutung bei. Um dieses Risiko zu minimieren wird empfohlen, das Herdenmanagement nach dem „Rein-Raus-Prinzip“, vorzugsweise auf Betriebsebene, durchzuführen (Friedrich-Loeffler-Institut 2017a; Moorgut Kartzfehn 2016).

#### 5.1.1.4.1.4 Haltung weiterer Tierarten auf dem Betriebsgelände

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Werden/wird sonstige/sonstiges Tiere/Vieh gehalten?“ (VNr. 2,  $p$ -Wert 0,20) eine statistisch signifikante Assoziation. Laut Tierschutzgesetz (TierSchG) hat jeder, der ein „Tier hält, betreut oder zu betreuen hat, [dieses] seiner Art und

## 5. Diskussion

---

seinen Bedürfnissen entsprechend angemessen [zu] ernähren, pflegen und verhaltensgerecht unter[zubringen] [...]“. Daraus ergibt sich für die jeweilige zusätzlich auf dem Betriebsgelände gehaltene Spezies eine an diese Art angepasste Umsetzung der erforderlichen Haltungsbedingungen. In den Checklisten-Daten fanden sich Angaben zur Haltung von ein bis zwei weiteren Spezies auf den Betriebsgeländen, wobei anteilig absteigend Schweine, Pferde, Rinder, Schafe und Ziegen gehalten wurden. Besteht eine räumliche Nähe zwischen dem Putenbestand und den zusätzlich gehaltenen Tierarten bzw. der für ihre Haltung genutzten Ressourcen (Einstreu, Futtermittel, Gebrauchsgegenstände, Fahrzeuge, etc.) auf dem Betriebsgelände, können beispielsweise sich kreuzende Wege, für Wildvögel oder Schädlinge zugängliche Futtertische oder gemeinsam genutzte Fahrzeuge und Maschinen das Risiko bergen, dass Krankheitserreger in den Putenbestand des Betriebes eingetragen werden. Ssematimba et al. (2013) ermittelten in ihrer Querschnittsstudie ebenfalls das Vorhandensein anderer Tierarten auf den Betrieben als potentiell mit der Virus-Einschleppung und -übertragung in Zusammenhang stehenden Risikofaktor.

### 5.1.1.4.1.5 Aktuelle Belegung des Betriebes

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Ist der Bestand belegt?“ (VNr. 31,  $p$ -Wert  $< 0,001$ ) eine statistisch signifikante Assoziation. Dieses Ergebnis muss jedoch mit Vorsicht gewertet werden, da die Checklisten-Daten zur Überprüfung der Biosicherheitsmaßnahmen nicht unmittelbar während und kurz nach den Ausbrüchen, sondern mit ein bis ca. 13 Monaten Verzögerung auf den jeweiligen Betrieben erhoben wurden. Es kann nicht mit Sicherheit gesagt werden, auf welchen Bestand sich bei der Beantwortung des Fragebogens bezogen wurde. Bei der Angabe „nicht belegt“ könnte der Betrieb nach der amtlich angeordneten Tötung noch nicht wiederbelegt worden sein oder sich zum Zeitpunkt der Erhebung zwischen zwei Durchgängen, in der sogenannten „Serviceperiode“ zur Reinigung und Desinfektion der Stallgebäude, befunden haben. Bei der Angabe „belegt“ könnte es sich um einen der nach dem Ausbruch eingestellten Putenbestände der nachfolgenden Durchgänge handeln. Die Antwort „nicht belegt“ oder „belegt“ lässt sich demnach nicht plausibel mit dem Risiko eines HPAI-Ausbruches in Verbindung bringen.

### 5.1.1.4.1.6 Bedeutung der Hygieneschleuse

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Kann die Hygieneschleuse nass gereinigt und desinfiziert werden?“ (VNr. 40,  $p$ -Wert 0,09) eine statistisch signifikante Assoziation. Laut § 6 Absatz 1 GeflPestSchV „hat der Tierhalter sicherzustellen, dass [...] eine betriebsbereite Einrichtung zum Waschen der Hände sowie eine Einrichtung zum Wechseln und Ablegen der Kleidung und zur Desinfektion der Schuhe vorgehalten wird“. In putenhaltenden Betrieben wird dies in der Regel gemeinsam in einem sich zwischen dem Außenbereich des Betriebsgeländes und dem Tierbereich befindenden abgetrennten Raum, der „Hygieneschleuse“, umgesetzt. Diese Stallvorräume dienen jedoch oftmals nicht nur dem hygienischen Übertritt in den Tierbereich, sondern können an den Wänden verlaufende elektrische oder wasserführende Leitungen oder Behälter für Wasserzusatzpräparate enthalten oder zur Unterstellung von Gerätschaften genutzt werden. Hierdurch werden jedoch die Reinigung und Desinfektion dieser Räumlichkeit

erschwert oder sogar verhindert. Diese ist nicht gesetzlich vorgeschrieben, es wird jedoch empfohlen, mindestens im Rahmen der „Serviceperiode“, der Leerzeit ohne Tierbestand, die zur Grundreinigung und Desinfektion genutzt wird, zur Erhaltung der Betriebshygiene eine regelmäßige Durchführung sicherzustellen. Als mindestens einmal täglich genutzter Zugang zum Tierbestand stellt die Hygieneschleuse einen kritischen Bereich hinsichtlich der Seuchenprävention dar (Moorgut Kartzfehn 2016). Guinat et al. (2020) stellten in ihrer retrospektiven Fall-Kontrollstudie in 2016/2017 von HPAI-betroffenen französischen Entenbetrieben fest, dass etwa ein Viertel der Ausbruchsbetriebe eine unzureichende Reinigung der betrieblichen Einrichtungen aufwies.

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergaben sich weiterhin zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Ist eine betriebsbereite Einrichtung zum Waschen der Hände vorhanden?“ (VNr. 43,  $p$ -Wert 0,18) sowie zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Ist eine Einrichtung zur Desinfektion der Schuhe ist vorhanden?“ (VNr. 44,  $p$ -Wert 0,18) eine statistisch signifikante Assoziation. Wie bereits erwähnt ist die Verfügbarkeit einer Möglichkeit zur Händereinigung und Schuhdesinfektion gesetzlich vorgeschrieben. Begründet ist dies mit dem hohen Risiko eines Eintrages von Krankheitserregern durch kontaminierte Personen, die infektiöses Material, dass an Haut und Kleidung haftet, in den Tierbestand einschleppen können (Fichtner 1987; Eckroade und Silverman Bachin 1986). Die genannten Autoren benennen u.a. AI-Virus-kontaminierte Kleidung und Schuhe als eine der Haupteintragswege der hochpathogenen aviären Influenza in Nutzgeflügelbestände.

#### 5.1.1.4.1.7 Vorhandensein eines Umkleideraumes in jedem Stall

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ergaben sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und dem Vorhandensein eines Umkleideraumes („Ist ein Umkleideraum vorhanden?“ (VNr. 41,  $p$ -Wert 0,13) eine statistisch signifikante Assoziation. Wenn Betriebe nicht über einen Umkleideraum verfügten, wurde dies im Rahmen der Checklistenauswertung nicht als Biosicherheitsdefizit bewertet, da alle untersuchten Betriebe je Stall einen Vorraum mit integrierter Hygieneschleuse aufwiesen. Als „Umkleideraum“ wurde eine zusätzlich zum Vorraum verfügbare separate Räumlichkeit verstanden, die zum Kleidungs- und Schuhwechsel genutzt werden kann. Da in allen Betrieben ein gesonderter Raum vorhanden war, der Außenbereich und Tierbereich trennt, wurde das Fehlen eines gesonderten Umkleideraumes nicht als Biosicherheitsmangel eingestuft.

#### 5.1.1.4.1.8 Entsorgung oder Aufbereitung genutzter Schutzkleidung

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Wird die Schutzkleidung nach dem Gebrauch umgehend gereinigt und desinfiziert und genutzte Einwegkleidung über die schwarze Mülltonne entsorgt?“ (VNr. 47,  $p$ -Wert 0,09) eine statistisch signifikante Assoziation. Laut § 5 GeflüPestSchV hat der Tierhalter sicherzustellen, „dass die Schutzkleidung unverzüglich nach Gebrauch abgelegt, gereinigt und desinfiziert oder, im Falle von Einwegschutzkleidung, unverzüglich unschädlich beseitigt wird.“ Hierbei wird sich auf die getragene Schutzkleidung aller Personen bezogen, die die Geflügelhaltung betreten und bei denen durch ihre Tätigkeit Kontakte zu wei-

## 5. Diskussion

---

teren Geflügelherden anzunehmen sind. Die hygienische Aufbereitung oder unschädliche Beseitigung dient dabei der Vermeidung der Ein- oder Verschleppung von Krankheitserregern, insbesondere von hoch- bzw. niedrigpathogenen aviären Influenzaviren. Fichtner (1986) und Eckroade und Silverman Bachin (1986) führten die Ausbreitung zahlreicher Ausbrüche von LPAI u.a. auf kontaminierte Personen (Kleidung und Schuhe) und Geräte zurück, wobei insbesondere Risiken durch Futterlieferanten, Impfteams, Servicepersonal, Mechaniker und Verwandte, die auf anderen Betrieben arbeiteten, identifiziert wurden.

### 5.1.1.4.1.9 Lagerort der Einstreumaterialien

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und dem Lagerort der Einstreu (VNr. 6,  $p$ -Wert 0,03) eine statistisch signifikante Assoziation. In Mastputenhaltungen wird Stroh standardmäßig als Einstreu verwendet und in der Regel in großen Mengen auf dem Betriebsgelände vorgehalten, da durch das häufige Nachstreuen ein großer Verbrauch entsteht (Moorgut Kartzfehn 2016). Laut § 3 GeflPestSchV hat, „[w]er Geflügel hält, [...] sicherzustellen, dass [...] Einstreu [...] für Wildvögel unzugänglich aufbewahrt [wird]“. Dies kann in allseitig geschlossenen Räumen wie Scheunen oder Stallbereichen gewährleistet werden. Demgegenüber ist die Lagerung in Strohmieten nicht für die Lagerung geeignet, da die verwendeten Planen die aufgestapelten Ballen oft nicht vollständig umschließen, verweht werden oder einreißen können. Hierbei besteht das Risiko, dass das freiliegende Einstreumaterial durch den Kot AI-infizierter Wildvögel kontaminiert wird. Da AI-Viren auch in bereits getrockneten Exkrementen infektiös bleiben (Zhao et al. 2014; Webster et al. 1978), kommt der sicheren Lagerung der Einstreu große Bedeutung zu. Conraths und Mitarbeiter (2016) bewerteten in ihrer Analyse das Risiko der Einschleppung von AI-Virus in einen Putenbestand durch Kontakt mit kontaminierter Einstreu als hoch.

### 5.1.1.4.1.10 Vermeidung der Kontamination von Gegenständen mit Kontakt zum Putenbestand durch AI-Virus-infizierte Wildvögel

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Werden die Gegenstände, mit denen Geflügel in Berührung kommen kann, wildvogelsicher gelagert (Treibhilfen, Einstreumaschinen, Krankenstallgitter)?“ (VNr. 13,  $p$ -Wert 0,01) eine statistisch signifikante Assoziation. Laut § 3 der GeflPestSchV hat „[...] wer Geflügel hält, [...] sicherzustellen, dass [...] Gegenstände, mit denen Geflügel in Berührung kommen kann, für Wildvögel unzugänglich aufbewahrt werden.“ Da infizierte Vögel AI-Virus mit allen Se- und Exkreten sowie dem Kot ausscheiden (European Food Safety Authority (EFSA) 2006), kommt der Vermeidung einer Verunreinigung von im Tierbereich genutzten Materialien eine große Bedeutung zu, da AI-Viren auch in getrockneten Exkrementen infektiös bleiben (Zhao et al. 2014; Webster et al. 1978) und durch Nutzung der kontaminierten Materialien im Tierbereich zu einem Ausbruch der Aviären Influenza führen können (Swayne 2008a).



#### 5.1.1.4.1.11 Überbetriebliche Nutzung von Fahrzeugen, Maschinen oder Gerätschaften ohne erfolgende Reinigung und Desinfektion vor bzw. nach der Nutzung

Bei den Putenbetrieben im Landkreis Cloppenburg wurde ein statistisch signifikanter Zusammenhang zwischen der Reinigung und Desinfektion überbetrieblich genutzter Fahrzeuge vor bzw. nach der Nutzung (VNr. 57,  $p$ -Wert 0,004 bzw. VNr. 56,  $p$ -Wert 0,14) und dem Risiko eines HPAI-Ausbruches festgestellt. § 6 Absatz 1 der Geflügelpestverordnung (Geflügelpestverordnung) fordert vom Tierhalter die Sicherstellung, „dass [...] Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Gerätschaften, die in der Geflügelhaltung eingesetzt und in mehreren Ställen oder von mehreren Betrieben gemeinsam benutzt werden, jeweils vor der Benutzung in einem anderen Stall oder im abgebenden Betrieb vor der Abgabe gereinigt und desinfiziert werden [...]“. Gonzales et al. (2017), Probst et al. (2012), Alexander et al. (2010), Cecchinato et al. (2008) und Manvell et al. (2008) identifizierten ebenfalls die gemeinsame Nutzung von Personal und Ausrüstung als bedeutsam für die primäre Einschleppung von AI-Virus in einen Geflügelbestand. Bestätigt wird dies ebenfalls von Guinat et al. (2020), die eine höhere Wahrscheinlichkeit für einen HPAI-Ausbruch ermittelten, wenn Fahrzeuge und Personen den Betrieb ohne dekontaminierende Maßnahmen befuhrten oder betreten, insbesondere, wenn diese zuvor Kontakt zu noch unentdeckten (subklinischen) Ausbruchsbetrieben hatten.

#### 5.1.1.4.1.12 Vorhandensein einer Auffanggrube für Waschwasser

Bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg ergab sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und der Variablen „Ist eine Auffanggrube für Waschwasser vorhanden?“ (VNr. 9,  $p$ -Wert 0,17) eine statistisch signifikante Assoziation. Laut § 6 Absatz 1 der Geflügelpestverordnung ist der Tierhalter dazu verpflichtet, betriebseigene Fahrzeuge sowie Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Gerätschaften, die in der Geflügelhaltung eingesetzt und in mehreren Ställen oder von mehreren Betrieben gemeinsam benutzt werden, auf einem befestigten Platz zu reinigen und zu desinfizieren. Es wird davon ausgegangen, dass die Vorgabe eines befestigten Waschplatzes das Verhindern des Abfließens von Waschwasser beinhaltet, obwohl eine Auffanggrube in der Geflügelpestverordnung nicht explizit gefordert wird. Das bei der Reinigung anfallende Schmutzwasser kann mit AI-Viren oder anderen Krankheitserregern kontaminiert sein, die im Wasser persistieren. AI-Viren bleiben je nach Virus-Stamm und Salzgehalt, pH-Wert und Temperatur des Wassers bei 17°C bis zu 207 Tage und bei 4°C auch darüber hinaus infektiös (Stallknecht et al. 1990a; Stallknecht et al. 1990b). Bei der Nassreinigung von Fahrzeugen o.ä. entstehende AI-Virus-kontaminierte Wasseransammlungen (Pfützen) stellen für Wildvögel ein direktes Infektionsrisiko dar und können durch Bewegung von Personen, Geräten und Fahrzeugen in den Tierbereich eingetragen werden und dort zu einem Krankheitsausbruch führen (Swayne 2008b).

#### 5.1.1.4.1.13 Ordnungsgemäße Durchführung der Schädnerbekämpfung

Bei den Betrieben im Landkreis Oldenburg ergaben sich zwischen der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ und den Variablen „Sind ausreichend Köderboxen vorhanden?“ (VNr. 65,  $p$ -Wert 0,07), „Werden die Köderboxen regelmäßig kontrolliert?“ (VNr. 64,  $p$ -Wert 0,09) und „Sind die Köderboxen mit Ködern beschickt?“ (VNr. 66,  $p$ -Wert 0,09) statistisch signifikante Assoziationen. Laut § 6 Absatz 1 Geflügelpestverordnung „[...] hat der Tierhalter sicherzustellen, dass

## 5. Diskussion

---

[...] eine ordnungsgemäße Schadnagerbekämpfung durchgeführt wird [...]“. Diese beinhaltet ein Fallenmanagement, dass die Besiedlung des Betriebsgeländes mit Schadnagern unterbindet. Ratten und Mäuse kommen in der Nähe von landwirtschaftlichen Anlagen häufig vor und können leicht zwischen dem Lebensraum potentiell infizierter Wildvögel und den Innenräumen der Stallungen wechseln. Als mechanische Vektoren können sie bei der Übertragung von AI-Viren auf naives Geflügel eine Rolle spielen (Velkers et al. 2017).

### 5.1.1.4.1.14 Sicherstellung und ausführende Personen der Schadnagerbekämpfung

Für die Variable „keine Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter“ (VNr. 62) ergab sich bei den Betrieben im Landkreis Cloppenburg eine statistisch signifikante Assoziation mit der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ ( $p$ -Wert 0,06). Dieses Ergebnis muss unter Berücksichtigung der Variablen „Wird eine Schadnagerbekämpfung durchgeführt?“ (VNr. 63), die keine statistische Signifikanz erreichte, bewertet werden. In allen untersuchten Betrieben war die Schadnagerbekämpfung grundsätzlich sichergestellt. Ausführende Kräfte waren dabei spezielle Fachfirmen oder die Tierhalter selbst, die auf einigen Betrieben die Firmen unterstützten. Im Rahmen dieser Studie wurde es nicht als Biosicherheitsdefizit gewertet, wenn die Schadnagerbekämpfung nicht ausschließlich durch den Tierhalter erfolgte, da die laut § 6 Absatz 1 GeflPestSchV geregelte Pflicht zur Durchführung einer Schadnagerbekämpfung erfüllt wurde.

### 5.1.1.4.1.15 Vorhandensein separater Sammelbehälter für jede Stalleinheit

In der vorliegenden Studie ergab sich sowohl bei den Putenbetrieben im Landkreis Cloppenburg als auch bei denen im Landkreis Oldenburg ein statistisch signifikanter Zusammenhang zwischen der Variablen „Sind separate Sammelbehälter für Kadaver für jede Stalleinheit (z.B. Schubkarre) vorhanden?“ (VNr. 72) und dem Vorkommen eines HPAI-Ausbruchs (Datensatz „Variablen CLP“:  $p$ -Wert 0,05, Datensatz „Variablen OL“:  $p$ -Wert 0,02). Laut § 4 Absatz 1 TierSchNutzTV hat, „[w]er Nutztiere hält, [...] sicherzustellen, dass [...] das Befinden der Tiere mindestens einmal täglich durch direkte Inaugenscheinnahme von einer für die Fütterung und Pflege verantwortlichen Person überprüft wird und dabei vorgefundene tote Tiere entfernt werden [...]“. Dabei dürfen die verwendeten Sammelbehälter (Schubkarren, Eimer, sonstige Behälter) den Tierbereich nicht verlassen. Eine strikte Trennung zwischen dem Stallinnen- und Stallaußenbereich gewährleistet, dass potentiell mit Krankheitserregern kontaminierte Gegenstände nicht in den Stall verbracht bzw. aus diesem herausgetragen werden (Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES) 2020).

### 5.1.1.4.1.16 Stallferne Aufstellung des Kadavercontainers zur Abholung

In der vorliegenden Studie ergab sich sowohl bei den Putenbetrieben im Landkreis Cloppenburg als auch bei denen im Landkreis Oldenburg ein statistisch signifikanter Zusammenhang zwischen der Variablen „Liegt der Kadavercontainerstellplatz stallfern, sodass das VTN-Fahrzeug weder auf den Hof noch in Stallnähe fahren muss?“ (VNr. 70) und dem Vorkommen eines HPAI-Ausbruchs, wobei in beiden Datensätzen der  $p$ -Wert 0,18 ermittelt wurde. Das Risiko einer stallnahen Platzierung des Kadavercontainers besteht einerseits in der potentiellen In-

fektiosität AI-Virus-kontaminierter Kadaver (Harder et al. 2009b; Swayne 2008b) und andererseits in der Verschleppung von AI-Viren durch die Entsorgungsfahrzeuge selbst, die mehrere Betriebe anfahren, um die Ladungskapazität optimal auszunutzen und (Teil-)Leerfahrten zu vermeiden. Hierbei können die VTN-Fahrzeuge den Aus- und Eintrag von Geflügelpestergern ermöglichen, wenn beim Überqueren der Grenze des Betriebsgeländes auf eine Reinigung und Desinfizierung verzichtet wird (Walz et al. 2018).

#### 5.1.1.4.1.17 Früherkennung eines Ausbruchs anhand syndromaler Erkennungsmerkmale

Bei den Putenbetrieben im Landkreis Cloppenburg wurde ein signifikanter Zusammenhang zwischen Variablen zur Gesundheitskontrolle und Früherkennung von Krankheitsgeschehen im Tierbestand und der Zielvariablen „HPAI-Ausbruch ja/nein“ festgestellt. Beteiligt waren hier die Fragen, ob Untersuchungen nach § 4 GeflPestSchV erforderlich waren (VNr. 26,  $p$ -Wert 0,01) und geeignete Untersuchungen (serologische/virologische) nach § 4 GeflPestSchV durchgeführt wurden (VNr. 27,  $p$ -Wert 0,002). Des Weiteren war von Bedeutung, ob innerhalb von 24 Stunden Verluste von mehr als 2 % bei einem Bestand bis zu 100 Tieren (VNr. 34) ( $p$ -Wert 0,00) bzw. ab 100 Tieren (VNr. 33,  $p$ -Wert 0,01) zu verzeichnen waren und ob eine erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme (VNr. 38,  $p$ -Wert 0,00) festgestellt wurde. Diese Kontrollpunkte sollen der tierbetreuenden Person Hinweise auf ein Krankheitsgeschehen im Tierbestand geben, bei dem eine Infektion mit hoch oder niedrigpathogenen aviären Influenzaviren abgeklärt werden muss. Besonders in HPAI-betroffenen Gebieten mit hoher Betriebsdichte dient die Mortalität bei hoch anfälligen Geflügelarten wie Hühnern und Puten als klinisches Frühwarnsystem zur schnellen Identifizierung potentieller Ausbrüche der Geflügelpest (Swayne und Kapczynski 2008). Die negative Veränderung der Gewichtszunahme bei Mastgeflügel, der Legeleistung bei Geflügel zur Eierproduktion sowie die Anzahl an Tierverlusten in der Herde sind neben der Futter- und Wasseraufnahme sowie dem Allgemeinbefinden der Herde Indizien für Bestandserkrankungen (Moorgut Kartzfehn 2016; Redmann 2012; Suarez 2008).

Bei den im Rahmen dieser Studie untersuchten Putenbetrieben fiel auf, dass die Haltungen im Landkreis Cloppenburg, die von einem HPAI-Ausbruch betroffen waren, zu 25,9 %, 37,0 % bzw. 25,9 % Auffälligkeiten bei den Variablen zu Tierverlusten > 2 % bei einem Bestand bis zu 100 Tieren (VNr. 34) bzw. ab 100 Tieren (VNr. 33) sowie zur erheblichen Veränderung der Gewichtszunahme (VNr. 38) aufwiesen. Bei den Haltungen im Landkreis Oldenburg, die von einem HPAI-Ausbruch betroffen waren, wurde dagegen bei keinem der Betriebe Auffälligkeiten in diesen Punkten festgestellt. Auffällig war ebenfalls, dass die Haltungen im Landkreis Cloppenburg zu 14,7 %, 9,2 % bzw. 9,8 % bei den Variablen zu Tierverlusten > 2 % bei einem Bestand bis zu 100 Tieren (VNr. 34) bzw. ab 100 Tieren (VNr. 33) sowie zur erheblichen Veränderung der Gewichtszunahme (VNr. 38) bei den Betrieben aufwiesen, die nicht von einem HPAI-Ausbruch betroffen waren. Bei den Haltungen im Landkreis Oldenburg, die nicht von einem HPAI-Ausbruch betroffen waren, zeigten sich dagegen nur zu 2,6 %, 2,6 % bzw. 1,3 % Betriebe mit Auffälligkeiten in diesen Punkten. Eine mögliche Erklärung hierfür könnten die unterschiedlichen Erhebungszeitpunkte der Checklisten auf den Betrieben sein. Im Rahmen der Auswertung konnte nicht bei jedem Betrieb festgestellt werden, auf welchen Mastdurchgang sich bei der Beantwortung der Fragen bezogen wurde und in welchem Ausmaß dadurch

## 5. Diskussion

---

Verzerrungen in den Daten entstanden. Je nachdem, in welchem zeitlichen Abstand die Betriebe zum Geflügelpestgeschehen auf dem eigenen Hof bzw. in der Region überprüft wurden, könnten sich die Informationen auf den Tierbestand beziehen, der von einem HPAI-Ausbruch betroffen war oder auf den, der danach eingestallt wurde. Sollten sich die Angaben jedoch auf den aktuellen Tierbestand zum Zeitpunkt der Checklistenenerhebung beziehen, der in jedem Falle HPAI-negativ war, deuten die Informationen zu den Variablen „Tierverluste“ (VNr. 34, VNr. 33) und „Gewichtsabnahme“ (VNr. 38) auf Problematiken in den Betrieben hin, die sich negativ auf die Gesundheit der eingestellten Puten auswirken.

### 5.1.1.4.2 Finale Modelle der multivariablen Analyse

Bei der multivariablen Analyse mittels logistischer Regression ergaben sich zwei finale Modelle, deren Variablen ebenfalls in der univariablen Analyse ermittelt worden waren und einen erheblichen Erklärungsbeitrag zur Zielvariablen („HPAI-Ausbruch ja/nein“) leisteten. Nach schrittweise ausgeführter manueller Selektion wurde das Modell A-CLP aus den Variablen „Wurden geeignete Untersuchungen (serologische/virologische) nach Geflügelpestverordnung § 4 durchgeführt?“ (VNr. 27), „Gab es innerhalb von 24 Stunden Verluste von mehr als drei Tieren (bis 100 Tiere)?“ (VNr. 34) und „Werden Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Gerätschaften überbetrieblich eingesetzt, jedoch nach jeder Benutzung gereinigt und desinfiziert?“ (VNr. 56) zusammengesetzt. Im Modell B-CLP ergab sich zusätzlich die Variable „Wie viele Ställe gehören zum Betrieb?“ (VNr. 10). Die Kombination der aufgeführten Variablen ergab Modelle, die einen HPAI-Ausbruch auf einem Putenbetrieb im Landkreis Cloppenburg gut vorhersagen können. Bei hoch anfälligen Geflügelarten wie Hühnern und Puten kann die sensible Beobachtung der Herdenmortalität besonders in HPAI-betroffenen Gebieten mit hoher Betriebsdichte ein gutes Frühwarnsystem zur schnellen Identifizierung potentieller Ausbrüche der Geflügelpest darstellen (Swayne und Kapczynski 2008). Das Risiko eines HPAI-Eintrages durch die überbetriebliche Nutzung von Fahrzeugen, die vor bzw. nach dem Gebrauch nicht oder unzureichend gereinigt und desinfiziert wurden, ergab sich auch in einer Reihe von Studien (Guinat et al. 2020; Gonzales et al. 2017; Conraths et al. 2016; Probst et al. 2012; Abbas 2011; Alexander et al. 2010; Cecchinato et al. 2008; Manvell et al. 2008; Nishiguchi et al. 2007). Die Größe des Geflügelbestandes wurde von Busani et al. (2009) und Marangon et al. (2005) ebenfalls als risikoe erhöhend für einen Geflügelpestausbruch benannt.

## **5.2 Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben**

In den folgenden Unterabschnitten werden die in den einzelnen Selektionsstufen durchgeführten Metaanalysen diskutiert und hinsichtlich der Auswirkungen auf das Endergebnis des Selektionsprozesses bewertet.

### **5.2.1 Selektionsstufe 1: HPAI-Status des A-Betriebes**

Um die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren von einem Putenbetrieb zum anderen analysieren zu können, ist die Eingrenzung der im Studiengebiet möglichen Vektoren auf diejenigen, bei denen eine solche Übertragung bereits zu Beginn der Analyse als nicht gegeben betrachtet werden kann, notwendig. Dies war im Rahmen dieser Studie bei allen Vektoren der Fall, deren A-Betrieb innerhalb des Epidemie-Zeitraumes nicht von einem HPAI-Ausbruch betroffen war. Aufgrund der bei Truthühnern nach der Erreger-Exposition zeitnah einsetzenden auffälligen klinischen Symptomatik (Rautenschlein und Ryll 2014; Swayne und Pantin-Jackwood 2008; Easterday et al. 1997) und besonders zu Beginn der Erkrankung stark zunehmenden Mortalität (Hobbelen et al. 2020; Alexander und Spackman 1981), die die Abklärung einer Infektion mit HPAI-Viren (§ 4 Absatz 1 GeflPestSchV) sowie die Verdachtsanzeige beim zuständigen Veterinäramt (§ 4 TierGesG) erfordern, ist die ausbleibende Detektion HPAI-infizierter gewerblich gehaltener Putenbestände äußerst unwahrscheinlich. Am Ende der Mastperiode gewährleistet zusätzlich die laut Anhang I Kapitel V Abschnitt A der Verordnung (EG) Nr. 854/2004 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 29. April 2004 im Herkunftsbetrieb durch das zuständige Veterinäramt durchgeführte Schlachtgeflügeluntersuchung die Freiheit des zur Schlachtung bestimmten Geflügels von Erkrankungen oder Rückständen, die eine Gefahr für Mensch oder Tier darstellen können. Sollte dennoch ein HPAI-infizierter Putenbestand bis zum Zeitpunkt der Schlachtung nicht hinsichtlich einer HPAI-Infektion auffällig geworden und in der Folge laut Anhang I Kapitel V Abschnitt A der Verordnung (EG) Nr. 854/2004 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 29. April 2004 im schlachtenden Betrieb im Anschluss an die Normalschlachtungen getötet worden sein, kann davon ausgegangen werden, dass sich die Infektion dieses Putenbestandes in einer sehr frühen Phase befand und aufgrund dessen keine ausreichende Kontamination potentiell verwehbarer Materialien (Geflügel- und Fäkalstaub, Federn, Einstreuteile) im Ursprungsbetrieb vorgelegen haben kann, die für eine windvermittelte Übertragung ausreichend hätte gewesen sein können (vgl. Abschnitt 2.1.4 und Abschnitt 5.2.3). Hieraus lässt sich ableiten, dass der Ausschluss der Vektoren, bei deren A-Betrieb während des Epidemie-Zeitraumes eine Infektion mit HPAI nicht amtlich festgestellt wurde, zu keinen Auswirkungen auf die Aussagekraft der Ergebnisse geführt hat.

### **5.2.2 Selektionsstufe 2: Eingrenzung der maximalen Distanz zwischen den Betrieben eines Vektors**

Ssematimba et al. 2012 stellten in ihrer modellbasierten Studie eine Korrelation zwischen der Luftübertragung von AI-Viren und dem Auftreten von Geflügelpestausbüchen in der Umge-

bung fest. Laut ihren Erkenntnissen ist die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren in Stallnähe bis zu wenigen Kilometern als gering zu bewerten, während Entfernungen von ca. 25 km als am bedeutsamsten eingeschätzt wurden. Diese Entfernung entsprach dem Distanzbereich, in dem die von ihnen untersuchten Ausbrüche im Jahr 2003 begannen (Boender et al. 2007). Sie schlussfolgerten, dass die durch Winde verursachte Transmission der Krankheitserreger die Ursache für einen Anteil von bis zu 24 % der Ausbrüche gewesen sein könnte. Chen et al. (2010) sahen in ihrer Studie zur Influenza-A-Virus-Konzentration in der Außenluft sogar Hinweise auf die Möglichkeit eines weiträumigen Transports von Influenzaviren über mehrere hundert Kilometer hinweg. Sie stellten die Hypothese auf, dass Ausbrüche der hochpathogenen aviären Influenza (Subtyp H5N1) in Japan und Südkorea im Jahr 2006 durch deren Lage im Windschatten der Asiatischen Staubstürme erklärt werden könnten. In einer zuvor publizierten Studie von Kilpatrick et al. (2006) wurden für diese beiden Länder die Eintragswege über Geflügelhandel oder Zugvogelbewegungen ausgeschlossen.

Nicht nur bei historischen Krankheitsausbrüchen in Tierhaltungen wurde die Übertragung über die Luft nur dann als möglicher Übertragungsweg in Betracht gezogen, wenn die Ausbrüche nicht auf andere bekannte Wege wie direkte Kontaktübertragung oder fäkal-orale Übertragung zurückgeführt werden konnten (Zhao et al. 2014; Gloster et al. 2003; Elbers et al. 2001). Die Theorie der Übertragung von AI-Viren durch Aerosole wird in einigen Studien für sehr wahrscheinlich gehalten (Torremorell et al. 2016; Yee et al. 2009; Tsukamoto et al. 2007) und durch den sporadischen Nachweis des Erregers oder seines Genoms in der Luft unterstützt. Hierbei konnten lebensfähige, d.h. infektiöse HPAI-Viren, die für eine Infektion notwendig sind, bisher jedoch nur bis zu Entfernungen von 100 m von den Stallgebäuden (Schofield et al. 2005) nachgewiesen werden. Der Beweis für die Anwesenheit von HPAI-Viren in der Umgebung der Stallungen gelang durch den Nachweis von HPAI-Virus-RNA bis 100 m (Scoizec et al. 2018; Jonges et al. 2015; Schofield et al. 2005) und in Ausnahmen auch in 1000 m (Torremorell et al. 2016). Insgesamt zeigte sich bei diesen Versuchen eine signifikante Abnahme der Konzentration in den genommenen Luftproben bereits nach wenigen Hundert Metern zu den Stallgebäuden. Infolge der Konzentrationsabnahme mit zunehmender Entfernung zur Emissionsquelle und des Zerfalls durch abiotische Faktoren wird das Potential der biologischen Wirkung von Bioaerosolen beeinflusst (Zhao et al. 2014) und es ist fraglich, in welchem Abstand zum Ausbruchsbetrieb noch eine Infektion erfolgen kann (Clauß 2020; Schulz 2007). Die Meinungen darüber, ob die Verbreitung von AI-Viren durch Winde während eines Ausbruchs tatsächlich zu Neuinfektionen führen kann, gehen weit auseinander, da der Mechanismus nie schlüssig nachgewiesen werden konnte (Ypma et al. 2013; Ssematimba et al. 2012; Spekrijse et al. 2011; Davis et al. 2009; Sedlmaier et al. 2009; Power 2005).

Die Eingrenzung der Vektoren auf eine Entfernung von maximal 3,0 km zwischen dem A- und B-Betrieb entspricht dem im § 21 Absatz 1 GeflügelpestSchV vorgeschriebenen Sperrbezirk, der von der zuständigen Behörde nach Feststellung der Geflügelpest um den Seuchenbestand festgelegt wird. In diesem gelten Verbringungsverbote für Geflügel und von Geflügel stammenden Erzeugnissen, von denen die zuständige Behörde unter bestimmten Voraussetzungen Ausnahmen zulassen kann. Diese können beispielsweise für klinisch unauffälliges und

serologisch negativ getestetes Geflügel gewährt werden, das der Schlachtung zugeführt werden soll.

Von den insgesamt 1260 ( $36 \times 36 - 36 = 1260$ ) im Studiengebiet möglichen Vektoren mit HPAI-positivem A- und B-Betrieb wurden 12,2 % in der hier vorgestellten Studie hinsichtlich einer windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung zwischen den Betrieben analysiert. Der Großteil (87 %) der möglichen Betriebskonstellationen weist eine Entfernung  $> 3,0$  km auf, wobei eine Häufung zwischen 4,0 km und 8,0 km vorlag. Diese Eingrenzung beeinflusste das Ergebnis des Selektionsprozesses erheblich, bot jedoch die Möglichkeit zur Ermittlung jeder potentiellen windvermittelten Übertragung innerhalb eines Radius um die potentiell HPAI-Virus-emitierenden Ausbruchsbetriebe, bei dem die Wahrscheinlichkeit eines plausiblen Zusammenhangs zwischen den Infektionen zu Betrieben im näheren Umkreis als am höchsten angenommen werden kann.

### **5.2.3 Selektionsstufe 3: Ableitung der Wahrscheinlichkeit einer HPAI-Virus-Emission anhand der Mortalität der H5Nx-positiven Putenherden**

In einem Fallbericht über den Ausbruch von HPAI-Virus Subtyp H5N8 in einem Putenmastbestand in Mecklenburg-Vorpommern im Jahr 2014 wurden die im Rahmen der epidemiologischen Ermittlungen berechneten täglichen Mortalitätsraten der betroffenen Herden aufgezeigt und den festgestellten klinischen Symptomen gegenübergestellt (Pannwitz et al. 2015). Die tägliche Mortalität stieg in der bei diesem Ausbruch hauptsächlich betroffenen Stalleinheit mit 16 Wochen alten Mastputenhähnen im Verlauf von sechs Tagen von 0,5 % (01.11.2014, 02.11.2014), über 18,4 % (03.11.2014) und 22,6 % (04.11.2014) auf 93,04 % am Tag der Bestandsräumung (06.11.2014). Die zweite betroffene Stalleinheit zeigte einen ähnlichen Verlauf mit drei Tagen Verzögerung (Harder et al. 2015; Pannwitz et al. 2015). Bei einer täglichen Mortalitätsrate von ca. 0,5 % zeigten die Putenhähne in beiden Stalleinheiten erste leichte klinische Erscheinungen, die sich jeweils zwei Tage später bei einer täglichen Mortalitätsrate von ca. 20 % zu schwerer Symptomatik steigerten (Pannwitz et al. 2015). Die täglichen Mortalitätsraten der 29 H5Nx-positiv getesteten Putenherden mit verfügbarer Stallkarte in dieser Arbeit vorgestellten Studie erreichten die oben beschriebenen Werte nicht. Dies ist auf die frühe Identifizierung HPAI-verdächtiger Geflügelbestände zurückzuführen. Durch die zur Früherkennung durchgeführten kontinuierlichen und im Rahmen der Umgebungsuntersuchungen von Ausbruchsbetrieben durchgeführten Beprobungen aller „Falltiere“ in geflügelhaltenden Betrieben in den Sperrbezirken und Beobachtungsgebieten wurde die Geflügelpest in H5Nx-infizierten Herden deutlich vor dem Erreichen der nach § 4 Absatz 1 GeflPestSchV festgelegten 2 %-Grenze für Beständen mit mehr als 100 Stück Geflügel festgestellt. Die täglichen Mortalitätsraten lagen bis zum Tag der amtlichen Feststellung der Geflügelpest bei unter 0,5 %. Ausnahmen bildeten zwei Herden in unterschiedlichen Betrieben, die einen Tag vor der amtlichen Feststellung der Geflügelpest mit 2,017 % sowie 3,7 % die gesetzlich festgelegte Grenze von 2,0 % (§ 4 Absatz 1 GeflPestSchV) bei Beständen mit über 100 Stück Geflügel kurzzeitig überschritten. Aus dem Vergleich der Mortalitätsverläufe der bereits erwähnten im Jahr 2014 erkrankten Putenherden (Pannwitz et al. 2015) mit denen der hier vorgestellten Studie lässt sich schlussfolgern, dass die H5Nx-Infektion der Herden in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg sehr früh detektiert wurden. Ermöglicht wurde dies durch die Sensibilität der her-

denbetreuenden Personen bereits für geringste Anstiege der Mortalität und den durch die Veterinärämter durchgeführten Beprobungen verdächtiger Bestände im Rahmen von Früherkennungsmaßnahmen. So wurde bei 88,5 % der Ausbruchsbetriebe mit verfügbarer Stallkarte innerhalb eines Tages die Geflügelpest amtlich festgestellt und der Tierbestand der Betriebe gemäß § 19 Absatz 1 GeflPestSchV getötet und unschädlich beseitigt. Da bei keinem der untersuchten Bestände mit verfügbarer Stallkarte eine Mortalitätsrate von deutlich über der laut § 4 Absatz 1 GeflPestSchV festgelegten Grenze festgestellt werden konnte, wurde die Schlussfolgerung gezogen, dass bei diesen Herden keine für die windvermittelte Übertragung ausreichende Kontamination potentiell verwehbarer Materialien (Staub, Federn, Einstreuteile) vorgelegen haben kann, die für eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren ausreichend war. Um diese These zu prüfen wurden die aufgearbeiteten Fallzahlendokumentationen Herrn Professor Dr. Timm Harder, Leiter des O.I.E. und Nationalen Referenzlabors für Aviäre Influenza am Institut für Virusdiagnostik des Friedrich-Loeffler-Institutes, zur Einschätzung der anzunehmenden HPAI-Virus-Belastung im näheren Stallumfeld des H5Nx-positiven Putenbestandes vorgelegt. Er bestätigte die Annahme, dass bei den Putenbeständen mit verfügbarer Stallkarte aufgrund der geringen Mortalitätsraten die Anzahl an infizierten lebenden Tieren als zu gering für eine nennenswerte Kontamination von Materialien mit HPAI-Viren anzusehen sei, die hätten verweht werden können (Harder 2020). Von einer Gefährdung der unmittelbaren Stallumgebung durch die Entfernung von Kadavern oder des Kot-Einstreu-Gemisches im Rahmen der Bestandsräumungsmaßnahmen sei demzufolge nicht auszugehen. Die Bestände befanden sich zum Zeitpunkt der Feststellung der Erkrankung in der frühen Phase der Herdendurchseuchung und können nur in den wenigsten Fällen durch klinische Symptomatik auffällig geworden sein. Des Weiteren wird angenommen, dass bei den Putenbeständen, in denen keine Stallkarte für die vorliegende Studie verfügbar war, eine Mortalität von  $\geq 30\%$  vorgelegen haben könnte. Diese Annahme entspricht einem „Worst-Case-Szenario“, das konservative Schätzungen begünstigt. In diesem Fall wäre eine Durchseuchung der Herden bei bis zu 100 % mit nennenswerter Virus-Ausscheidung und einem Austrag in die Umwelt von bis zu zehn Tagen vor dem Tag der amtlichen Feststellung der Erkrankung im Bestand annehmbar. Eine Gefährdung der näheren Umwelt durch die Entfernung von Kadavern oder des Kot-Einstreu-Gemisches im Rahmen der Bestandsräumungsmaßnahmen wäre bei diesen Beständen anzunehmen (Harder 2020).

### **5.2.4 Selektionsstufe 4: HPAI-Status des B-Betriebes**

Um die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren von einem Putenbetrieb zum anderen analysieren zu können, ist die Eingrenzung der im Studiengebiet möglichen Vektoren auf diejenigen, bei denen eine solche Übertragung bereits zu Beginn der Analyse als nicht gegeben betrachtet werden kann, notwendig. Dies war im Rahmen dieser Studie bei allen Vektoren der Fall, deren B-Betrieb innerhalb des Epidemie-Zeitraumes nicht von einem HPAI-Ausbruch betroffen war. Aufgrund der bereits in Abschnitt 2.1.4 und Abschnitt 5.2.1 erwähnten Charakteristika einer HPAI-Infektion bei Truthühnern sowie der Gewährleistungskontrollen eines für die Gesundheit von Mensch und Tier unbedenklichen Schlachtgeflügels, ist es äußerst unwahrscheinlich, dass in einem Betrieb zur gewerblichen Mast von Truthühnern eine für die Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren relevanten Bestandsinfektion mit HPAI-Viren nicht festgestellt wird. Hieraus lässt sich



schlussfolgern, dass der Ausschluss der Vektoren, bei deren B-Betrieb während des Epidemie-Zeitraumes keine Infektion mit HPAI amtlich festgestellt wurde, zu keinen Auswirkungen auf die Aussagekraft der Ergebnisse geführt hat.

### **5.2.5 Selektionsstufe 5: Molekularbiologischer Datenabgleich**

Die verfügbaren HPAI-Virus-Reassortanten der Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und innerhalb des Epidemie-Zeitraumes HPAI-positivem A- und B-Betrieb wurden hinsichtlich einer Übereinstimmung abgeglichen, weil bei einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Virus davon auszugehen ist, dass die Virus-Reassortante im A-Betrieb (Infektionsquelle) mit der im B-Betrieb (Empfänger) übereinstimmt.

Bei 3,52 % ( $n = 170$ ) der Vektoren wurden unterschiedliche HPAI-Subtypen (H5N8 und H5N1) nachgewiesen. Die hiervon betroffenen sechs Vektoren setzten sich aus vier Ausbruchsbetrieben zusammen. Das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren wurde durch das Verwerfen der Vektoren mit unterschiedlichen HPAI-Virus-Subtypen nicht beeinflusst, da die Erfüllung der übrigen Expositionsbedingungen unerheblich ist, wenn das nachgewiesene genetische Virus-Material einen Zusammenhang zwischen den Ausbrüchen des A- und B-Betriebes ausschließt. Da die Replikation bei Influenza-A-Viren nur innerhalb einer Wirtszelle erfolgen kann, ist eine derartige genetische Veränderung des Virus-Genoms nicht während eines rein mechanischen Transportes wie bei einer windvermittelten Übertragung möglich (Dou et al. 2018).

Bei 27,05 % ( $n = 170$ ) der Vektoren konnte der HPAI-Virus-Subtyp oder -Reassortant des A- oder B-Betriebes innerhalb der Analysen von King (2020) aufgrund ungeeignetem Probenmaterial nicht nachgewiesen werden und stand für die vorliegende Studie nicht zur Verfügung. Das Verwerfen dieser Vektoren in Selektionsstufe 5 beeinflusste das Endergebnis der Analyse zur Wahrscheinlichkeit der windvermittelten Übertragung nur in geringem Maße, da von den betroffenen 46 Vektoren, nur zwei Vektoren den Selektionsprozess ohne weiteren Verwurfsgrund durchlaufen hätten, wenn das genetische Material der HPAI-Viren zwischen den A- und B-Betrieben übereingestimmt hätte.

### **5.2.6 Selektionsstufe 6: Bebauung in den Windschneisen**

Die Windschneisen der Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und innerhalb des Epidemie-Zeitraumes HPAI-positivem A- und B-Betrieb wurden hinsichtlich einer für die windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren relevante, d.h. den Wind hemmende Bebauung und Bewaldung analysiert. Dabei ergab sich keine bebaute Fläche, bei der im Rahmen dieser Studie eine transmissionshemmende Wirkung zwischen den Betrieben angenommen wurde. Bei 13,9 % der Ausbruchsbetriebe ( $n = 36$ ) betrug die als bebaut definierte Fläche im 3,0 km-Radius  $> 20$  %. Dies spiegelt den geringen Anteil der Siedlungsfläche wider, der laut Statistischem Bundesamt im Landkreis Cloppenburg 7,2 % und im Landkreis Oldenburg 7,5 % beträgt (Niedersächsisches Landesamt für Statistik 2007). Die Region der beiden Landkreise ist durch ein mosaikähnliches Kulturlandschaftsmuster gekennzeichnet, dass aus kleinräumigen, sich abwechselnden Streusiedlungen sowie Wiesen, Weiden, Äckern und einzelnen Waldstücken besteht (Niedersächsisches Landesamt für Statistik (NLS) und Niedersächsisches Institut für

## 5. Diskussion

---

Historische Regionalforschung e. V. (NIHR) 2007). Letztere nehmen im Landkreis Cloppenburg insgesamt 12,0 % und im Landkreis Oldenburg 17,5 % ein (Niedersächsisches Landesamt für Statistik 2007). Dies spiegelt den ermittelten Anteil der als bewaldet definierten Fläche wider, die im Rahmen der Studie bei 16,7 % der Ausbruchsbetriebe (n = 36) im 3,0 km-Radius > 20 % betrug.

### **5.2.7 Selektionsstufe 7: Bewaldung in den Windschneisen**

Insgesamt wurden aufgrund als „Wind hemmend“ eingestufte bewaldete Flächen zehn Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und innerhalb des Epidemie-Zeitraumes HPAI-positivem A- und B-Betrieb im Selektionsprozess im Worst-Case-Szenario verworfen (2,09 %, n = 478). Diese bestanden aus acht Betrieben, von denen nur bei zwei A-Betrieben im Rahmen des Best-Case-Szenarios eine Virus-Emission angenommen wurde. Selbst wenn diese zehn (WCS) bzw. fünf (BCS) Vektoren im Selektionsprozess die Expositionsbedingungen der Selektionsstufen 8 bis 11 erfüllt hätten, kann dennoch geschlussfolgert werden, dass Selektionsstufe 7 (in der Windschneise zwischen Betrieb A und B des Vektors befindet sich keine den Wind hemmende Bewaldung) auf das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren nur geringen Einfluss gehabt hätte. Die Anzahl an Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und innerhalb des Epidemie-Zeitraumes HPAI-positivem A- und B-Betrieb (n = 478), die nach Ablauf der Selektionsstufen 1 und 2 den Selektionsprozess weiter durchlaufen, wurde durch Übergehen der Selektionsstufe 7 nur unwesentlich beeinflusst.

### **5.2.8 Selektionsstufe 8: Belegung der Betriebe im Epidemie-Zeitraum**

Laut § 27 Absatz 1 GeflPestSchV wird nach amtlicher Feststellung der Geflügelpest bei einem gehaltenen Vogel von der zuständigen Behörde um den Seuchenbestand zusätzlich ein den Sperrbezirk umgebendes Beobachtungsgebiet festgelegt, dessen Radius gemeinsam mit dem Sperrbezirk mindestens zehn Kilometer beträgt. In diesem gilt ein Verbringungsverbot von gehaltenen Vögeln, frischem Fleisch von Geflügel und Federwild, Eiern sowie von Geflügel und Federwild stammenden sonstigen Erzeugnissen sowie tierischen Nebenprodukten von Geflügel, die ohne amtliche Genehmigung weder in noch aus einem Bestand verbracht werden dürfen. Laut § 28 Absatz 1 und 2 GeflPestSchV kann die zuständige Behörde Ausnahmen vom Verbringungsverbot für Geflügel genehmigen, wenn dieses „unmittelbar zur Schlachtung in eine von der zuständigen Behörde bezeichnete Schlachtstätte im Beobachtungsgebiet [...] verbracht wird [und] innerhalb von 24 Stunden vor dem Versand zur Schlachtung [...] klinisch mit negativem Ergebnis auf Geflügelpest untersucht worden ist [...]“. Insbesondere als Folge der Anwendung dieser Vorschriften war ab dem Tag der Feststellung der Geflügelpest in den A-Betrieben eine deutliche Reduzierung der Belegungsdichte in den B-Betrieben, die maximal 3,0 km von den zugehörigen A-Betrieben entfernt lagen, ermittelbar. Vektoren mit einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km und HPAI-positivem oder HPAI-negativem B-Betrieb (n = 478) wiesen einen B-Betrieb auf, der innerhalb der Risikozeiträume 1 und 2 zu 24,68 % nicht, zu 46,23 % teilweise und nur zu 29,08 % durchgehend mit Puten belegt war. Innerhalb des 3,0 km-Radius um die H5Nx-positiven Betriebe war somit eine deutlich verminderte Anzahl an Putenbeständen vorhanden, die dem potentiellen Risiko einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren ausgesetzt waren. Die Anzahl an Vektoren wurde durch das Verwerfen der Vektoren mit

unbelegtem B-Betrieb in Selektionsstufe 8 deutlich reduziert. Das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren wurde dadurch jedoch nicht nachteilig beeinflusst, da die Belegung des B-Betriebes eine der Grundvoraussetzungen für eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung darstellt.

Aus den Ergebnissen der Analyse zur Belegung der Betriebe innerhalb des Epidemie-Zeitraumes kann geschlussfolgert werden, dass die massive Reduzierung potentiell exponierter Putenbestände im Umkreis der Ausbruchsbetriebe von 3,0 km im Rahmen der Tierseuchenbekämpfungsmaßnahmen zu einer bedeutenden Verminderung der Wahrscheinlichkeit einer möglichen windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren geführt hat.

### **5.2.9 Selektionsstufe 9: Einfluss der Eingrenzung von Eintrags- und Risikozeiträumen**

Die Inkubationszeit (Zeit von der Infektion bis zum Auftreten klinischer Symptome bzw. dem Tod des Tieres) beträgt bei infizierten Puten in der Regel 1 bis maximal 3 Tage (Friedrich-Loeffler-Institut 2017b). Die Virus-Ausscheidung erfolgt beim Einzeltier über einen Zeitraum von 7 bis 10 Tagen (Swayne 2008b), wobei in der symptomlosen Inkubationszeit AI-Virus nicht oder nur in geringen Mengen ausgeschieden wird. Erst nach der Virus-Vermehrung im infizierten Tier, die mit der Entwicklung starker klinischer Symptome einhergeht, kommt es zu einer vermehrten Virus-Ausscheidung und damit zur Ansteckung weiterer Tiere bzw. zur Kontamination der Umwelt (Friedrich-Loeffler-Institut 2017b). In gewerblichen geflügelhaltenden Betrieben, die eine große Population – und insbesondere im Falle von Truthühnern - hoch empfänglicher Vögel auf kleinem Raum beherbergen, wird eine schnelle Ausbreitung des HPAI-Virus innerhalb der Herde ermöglicht, sodass innerhalb weniger Tage eine Herdendurchseuchung von bis zu 100 % erfolgen kann, wobei die Mortalität und Letalität ebenfalls bis zu 100 % betragen können. Die Tötung des Bestandes beendet die Virus-Vermehrung, für die das lebende Tier notwendig ist. Aufgrund der unterschiedlichen Annahmen zur Anwesenheit von infiziertem lebendem Geflügel, Geflügelkadavern sowie des Kot-Einstreu-Gemisches bei jedem Vektor wurden zwei Risikozeiträume definiert. Diese erfassen alle Tage, an denen eine Virus-Belastung der Umwelt durch infiziertes Lebendgeflügel sowie die Bewegung von Kadavern oder des Kot-Einstreu-Gemisches auf den Betrieben angenommen werden kann. Beide Risikozeiträume erfassen somit die Tage, an denen die Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Verbreitung angenommen werden kann, wobei das Risiko an Tagen, an denen sich Tiere mit erkennbarer Klinik im Bestand befanden, als höher eingeschätzt wird.

Als Eintragszeitraum wurde die Zeitspanne von zehn Tagen vor dem Kalenderdatum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im B-Betrieb bis zum Kalenderdatum der amtlichen Feststellung der Geflügelpest im B-Betrieb definiert. Die Schätzungen der Inkubationszeit bei natürlichen Bestandsinfektionen reichen bei Hühnern und Puten von üblicherweise 1-3 Tagen bis zu einem Zeitraum von einer Woche (Stallknecht und Brown 2008). Der in dieser Studie definierte Eintragszeitraum von zehn Tagen umfasst einen weiteren zeitlichen Umfang, um die größtmögliche Erfassung an potentiellen Risikotagen für eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren und somit eine konservative Schätzung zu ermöglichen.

### **5.2.10 Selektionsstufe 10: Einteilung der Windrichtungen nach achteiliger Windrose**

#### 5.2.10.1 Auswahl der winddatengebenden Wetterstationen

Als Basisdaten für Windrichtung und –stärke standen fünf Wetterstationen zur Verfügung, die zum hauptamtlichen Messnetz des Deutschen Wetterdienstes gehören. Von diesen wurde, anhand der berechneten Entfernung, die Wetterstation, die dem jeweiligen Ausbruchsbetrieb am nächsten lag, für die Datenübernahme ausgewählt. Im Mittel stand die nächste Wetterstation in einer Entfernung von 16,2 km zum jeweiligen Ausbruchsbetrieb, wobei die geringste Distanz 7,3 km und die größte Distanz 29,6 km betrug. Lediglich bei einem Ausbruchsbetrieb lag die zweitnächste Wetterstation nur 0,9 km weiter von den Stallungen entfernt. Bei allen übrigen Betrieben mit H5Nx-Nachweis war die zweitnächste Wetterstation mindestens 7,1 km weiter entfernt als die am nächsten gelegene.

#### 5.2.10.2 Gradbereiche der Windrichtung nach achteiliger Windrose

Die von den Wetterstationen übernommenen stündlich gemessenen Daten zur Windrichtung lagen als Werte von 10 bis 360 Grad in Zehnerschritten vor. Um innerhalb des Selektionsprozesses den Abgleich von Windrichtung und Vektorpeilung zu vereinfachen und um die Wahrscheinlichkeit übereinstimmender Angaben zu erhöhen, wurden die ursprünglich vorliegenden Werte in Grad in die Gradbereiche der achteiligen Windrose umgewandelt. Diese stellt im Vergleich zur 16- bzw. 32-teiligen Windrose eine eher grobe Einteilung der Himmelsrichtungen dar. Die auf diese Weise erfolgte Zuordnung der Gradangaben in Gradbereiche könnte zu fehlenden Übereinstimmungen in der Selektionsstufe 10 und somit zum ungewollten Ausschluss der betroffenen Vektoren geführt haben. Um den Einfluss auf das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zu bestimmen, könnten alternativ Gradbereiche angewendet werden, die individuell für jede Gradangabe definiert werden. Diese Variationsbreite könnte ausgehend von der Vektorpeilung und angelehnt an die achteilige Windrose beispielsweise 15 Grad betragen. Eine Überprüfung des Einflusses dieser Methode auf das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren ist im Rahmen der hier vorgestellten Studie mangels fehlender Ressourcen nicht erfolgt.

#### 5.2.10.3 Soll-Windrichtung (Vektorpeilung) vs. Ist-Windrichtung

Die vom DWD übernommenen Werte der stündlichen Windrichtung innerhalb des Epidemie-Zeitraumes wurden vor dem Einbringen in den Selektionsprozess auf Plausibilität hinsichtlich der zu erwartenden Hauptwindrichtung untersucht. Dabei entsprachen die Ergebnisse den in der untersuchten Region typischen Windrichtungen mit primärer Hauptwindrichtung aus Südwest-West (Kappas 2003). Des Weiteren wurden die prozentualen Anteile der bereits den Gradbereichen nach Beaufort zugeordneten Windrichtungen innerhalb des gesamten Epidemie-Zeitraumes den Peilungen aller Vektoren mit H5Nx-positiven A- und B Betrieben und einer Vektordistanz  $\leq 3,0$  km gegenübergestellt (Abschnitt 4.4.7.2 Abbildung 17). Hierbei ergab sich eine Diskrepanz zwischen der Richtung des Windes, die für den Transport vom A- zum B-Betrieb eines Vektors erforderlich war (Soll-Windrichtung) und der Richtung des Windes, die

tatsächlich gemessen wurde (Ist-Windrichtung). Durch Analyse der vektorindividuellen Zeiträume von -10 Tagen vor der Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (Tag 0) bis +27 Tage nach Feststellung der Geflügelpest im A-Betrieb (Tag 0) ergab sich, dass im Mittel 57,48 % der Vektoren (n = 478) keinen Tag aufwiesen, der über mindestens eine Stunde verfügte, in der die Windrichtung der Vektorpeilung entsprach. Hieraus ergibt sich die Schlussfolgerung, dass auf Basis der zu Grunde liegenden Winddaten über die Hälfte der möglichen Übertragungen von einem Ausbruchsbetrieb zu einem anderen Putenbetrieb innerhalb des 3,0 km-Radius nicht durch den windbedingten Eintrag von HPAI-Viren verursacht werden konnte.

Die Abschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren von einem Betrieb zum anderen hinsichtlich kurzfristiger Windrichtungsänderungen (Böen) war mit der in dieser Studie angewandten Methode nicht möglich, da die zur Analyse genutzten Daten der Wetterstationen nur in stündlichen Zeitabständen vorlagen.

### **5.2.11 Selektionsstufe 11 und Sensitivitätsanalyse: Einfluss der Windstärkeselektion**

Die von den Wetterstationen übernommenen stündlich gemessenen Daten zur Windstärke lagen mit einem Bereich von 0,0 m/s bis 14,7 m/s vor. Um innerhalb des Selektionsprozesses den Abgleich der Windstärke zu vereinfachen und um die Wahrscheinlichkeit übereinstimmender Angaben zu erhöhen, wurden die ursprünglich vorliegenden Werte in m/s in die Gradbereiche nach Beaufort umgewandelt. Diese stellen im Vergleich zur den Einzelwerten in m/s eine grobe Einteilung der Windstärke dar, da sie auf beobachtbaren Auswirkungen des Windes basieren (Deutscher Wetterdienst (DWD) 2021; Fry 1967). Die auf diese Weise erfolgte Zuteilung in Gradbereiche könnte zu fehlenden Übereinstimmungen in Selektionsstufe 11 und somit zum ungewollten Ausschluss der betroffenen Vektoren geführt haben.

Um den Einfluss auf das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zu bestimmen, wurden Sensitivitätsanalysen durchgeführt, in denen die Vektoren während des Selektionsprozesses in Selektionsstufe 11 anhand geringerer Windstärken als  $\geq 4$  Bft selektiert wurden. Hierbei ergab sich nur ein unwesentlicher Einfluss auf das Endergebnis zur Einschätzung der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren.

## **5.3 Wahrscheinlichkeit der windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung**

Insgesamt wurden 16 Vektoren mit als „bedingt wahrscheinlich“ eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B ermittelt. Bei diesen Vektoren wurden die A-Betriebe aus den acht Ausbruchsbetrieben **C-129, C-136, C-137, C-158-1, C-158-2, C-159, C-160 und C-163** gebildet. Die Einstufung der windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung in „bedingt wahrscheinlich“ beruhte auf der angenommenen HPAI-Viren-Freisetzung in den beteiligten A-Betrieben durch infizierte Puten, deren Kadaver und das Kot-Einstreu-Gemisch. Da die aus den Stallkarten ermittelten Mortalitätsraten der HPAI-positiven Herde(n) (n = 9) am Tag der Feststellung der Geflügelpest im Mittel bei 0,1 % (Minimum 0,0 %, Maximum 0,5 %) lagen, wurde eine für die windvermittelte Übertragung ausreichende HPAI-Viren-Freisetzung nicht angenommen. Die Tötung der Putenbestände erfolgte bei 7 von 8 dieser A-Betriebe noch

## 5. Diskussion

---

am selben Tag wie die amtliche Feststellung der Geflügelpest und bei einem A-Betrieb bereits einen Tag zuvor. Eine Steigerung der Mortalität um das Vielfache in diesen acht Betrieben innerhalb der Stunden zwischen der letzten Kadaverzählung am Tag vor der Tötung bis zur Tötung ist unwahrscheinlich. Das Risiko einer windvermittelten Übertragung von durch infizierte Puten, Kadaver oder das Kot-Einstreu-Gemisch freigesetzten HPAI-Viren an den ermittelten Risikotagen wird als möglich, aber wenig wahrscheinlich abgeleitet.

Insgesamt wurden zwei Vektoren mit als „**wahrscheinlich**“ eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B ermittelt. Bei diesen Vektoren wurden die A-Betriebe aus den zwei Ausbruchsbetrieben **C-95** und **C-127** gebildet. Die Einstufung der windvermittelten HPAI-Virus-Übertragung in „wahrscheinlich“ beruhte auf der Annahme einer Mortalitätsrate, die auf eine Durchseuchung der Herden und einer Kontamination der Kadaver und des Kot-Einstreu-Gemisches schließen ließ, das zu einem Risiko hinsichtlich einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren geführt haben könnte. Hierfür lagen jedoch keine Stallkarten vor, auf deren Grundlage eine Herdenmortalität hätte berechnet werden können. Es bleibt somit offen, ob tatsächlich ausreichend Virus freigesetzt wurde, um den B-Betrieb zu infizieren, auch wenn alle übrigen Voraussetzungen für eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung erfüllt waren. Bei **A-Betrieb C-95** wurden zwei Risikotage ermittelt, die alle Bedingungen erfüllten. Diese fielen auf die Tage der Kadaverentsorgung sowie der Entfernung des Kot-Einstreu-Gemisches aus den Stallungen. An beiden ermittelten Risikotagen wurden Risikostunden mit Windstärken von 2-3 Bft erreicht. Sollte die Freisetzung von HPAI-Viren während der Kadaverentfernung aus den Stallungen sowie während der Entmistung ausreichend und die windvermittelte Verdriftung der HPAI-Viren in den Putenbestand des **B-Betriebes C-137** erfolgreich verlaufen sein, so ist ein Zusammenhang zwischen den Infektionsgeschehen dieser beiden Betriebe denkbar. Bei **A-Betrieb C-127** wurden drei Risikotage ermittelt, die alle Bedingungen erfüllten. Am ersten Risikotag wurde durch den bestandsbetreuenden Tierarzt der Verdacht einer Erkrankung mit hochpathogener aviärer Influenza geäußert, da die Putenherde in der zum späteren Zeitpunkt H5Nx-betroffenen Stalleinheit drei verendete und sechs kopfverdrehende Tiere zeigte und insgesamt ruhiger als gewohnt wirkte. Am zweiten ermittelten Risikotag wurde die Geflügelpest amtlich festgestellt und der Putenbestand des Betriebes der amtlichen Anordnung folgend getötet. Am dritten ermittelten Risikotag wurden die Kadaver unschädlich beseitigt. Am ersten und dritten der ermittelten Risikotage wurden Risikostunden mit Windstärken von 2-3 -Bft erreicht, während am zweiten ermittelten Risikotag zusätzlich auch Windstärken von  $\geq 4$  Bft gemessen wurden. Sollte die Freisetzung von HPAI-Viren durch die noch eingestellten Puten oder während der Tötung und Kadaverentfernung ablaufenden Prozesse ausreichend hoch und die windvermittelte Verdriftung der HPAI-Viren in den Putenbestand des **B-Betriebes C-136** erfolgreich verlaufen sein, so ist ein Zusammenhang zwischen den Infektionsgeschehen dieser beiden Betriebe denkbar.

Zusammengefasst wurde im Rahmen dieser Studie für zwei der untersuchten Betriebskonstellationen mit einer maximalen Entfernung von 3,0 km zueinander eine direkte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung von Betrieb A zu Betrieb B als „**wahrscheinlich**“ und für 16 Betriebskonstellationen als „**bedingt wahrscheinlich**“ eingestuft. Die in diesen Vektoren enthaltenen 15 Ausbruchsbetriebe traten unterschiedlich häufig als A-Betrieb oder B-Betrieb auf.

Das bedeutet, dass Betriebe innerhalb der ermittelten möglichen windvermittelten Infektionszusammenhänge (18 Vektoren) ausschließlich als potentieller Emittent, ausschließlich als potentieller Rezipient oder als potentieller Emittent und als potentieller Rezipient beteiligt gewesen sein könnten, sofern tatsächlich eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren vorgelegen hat.

Im Ergebnis wurden für zwei HPAI-Ausbruchsbetriebe (C-136 und C-137) 1-3 Risikotage mit als "wahrscheinlich" eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung ermittelt. Dies entspricht 5,4 % aller HPAI-Ausbrüche in putenhaltenden Wirtschaftsgeflügelbetrieben im untersuchten Studiengebiet innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (n = 37). An den ermittelten Kalendertagen wurden alle Voraussetzungen für eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung erfüllt. Das Ausmaß der möglichen HPAI-Virus-Emission in den potentiell HPAI-Virus-emittierenden Betrieben (C-95 und C-127) ist jedoch fraglich, da zur Einschätzung der Herdendurchseuchung keine Information in Form einer Stallkarte vorlag, aus der eine Mortalität hätte abgeleitet werden können. Des Weiteren wurden für neun HPAI-Ausbruchsbetriebe (C-95, C-112, C-121, C-127, C-129, C-140, C-157, C-159 und C-169) 1-5 Risikotage mit als "bedingt wahrscheinlich" eingestufte windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung ermittelt. Dies entspricht 24,3 % aller HPAI-Ausbrüche in putenhaltenden Wirtschaftsgeflügelbetrieben im untersuchten Studiengebiet innerhalb des Epidemie-Zeitraumes (n = 37). An den ermittelten Kalendertagen waren alle Voraussetzungen für eine windvermittelte HPAI-Virus-Übertragung erfüllt. Bei den hierbei beteiligten A-Betrieben (C-129, C-136, C-137, C-158-1, C-158-2, C-159, C-160 und C-163) ist allerdings fraglich, ob genügend HPAI-Virus durch infizierte Puten, Kadaver oder das Kot-Einstreu-Gemisch freigesetzt wurde, um ein Risiko für eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren darzustellen.

Dies entspräche den Ergebnissen der modellbasierten Studien von Ypma et al. (2013) und Ssematimba et al. (2012). Ypma et al. (2013) schätzen den Beitrag eines möglichen windvermittelten Mechanismus zur Gesamtmenge der Ausbreitung während der von ihnen untersuchten Ausbrüche konservativ auf etwa 18 % und lieferten statistische Belege für die Korrelation zwischen Ausbreitungsrichtung der Influenza A (H7N7) und der Windrichtung zum Zeitpunkt der Bestandsinfektion. Sie gaben jedoch keine Hinweise zu den Entfernungen der für sie in Frage kommenden Betriebskonstellationen. Ssematimba et al. (2012) stellten in ihrer modellbasierten Analyse der Geflügelpestausrüche in den Niederlanden im Jahr 2003 einen alleinigen windvermittelten Zusammenhang bei 24 % der Bestandsinfektionen her. Der von ihnen untersuchte Distanzbereich von 25 km übersteigt den in dieser Studie analysierten maximalen Radius der Ausbruchsbetriebe von 3,0 km um ein Vielfaches. Die Anzahl an Betriebskonstellationen mit potentiellen Risikotagen für eine windvermittelte Übertragung könnte bei Verzicht auf eine Eingrenzung der Distanz zwischen den potentiell zusammenhängenden Betrieben höher ausfallen. Allerdings ist damit zu rechnen, dass die Infektiosität der luftgetragenen HPAI-Viren mit zunehmender Wegstrecke durch den Einfluss von Umweltfaktoren (Temperatur, relativer Luftfeuchte, UV-Strahlung, etc.) abnimmt (Cole und Cook 1998). Infolge der Konzentrationsabnahme mit zunehmender Entfernung zur Emissionsquelle (Schulz 2007; Schmidt und Hoy 1996; Hartung 1992; Hillinger 1991; Müller und Wieser 1987) und der Einflüsse durch abiotische Faktoren wird das Potential der biologischen Wirkung von Bioaerosolen beeinflusst und es ist fraglich, in welchen Abständen zum Stall noch eine Infektion erfolgen kann (Clauß

2020; Schulz 2007).

Dass HPAI-Viren oder ihr Genom im unmittelbaren Umfeld betroffener Geflügelhaltungen nachweisbar sind, wurde in zahlreichen Studien belegt (Scoizec et al. 2018; Torremorell et al. 2016; Jonges et al. 2015; Schofield et al. 2005). HPAI-Virus-RNA wurde dabei bis zu 1000 m von den Stallungen gefunden (Torremorell et al. 2016). Der Nachweis von lebensfähigem, d.h. infektiösem Virus konnte dagegen nur bis zu einer Entfernung von 100 m von den Stallungen erbracht werden (Schofield et al. 2005). Eine statistisch signifikante Abnahme der HPAI-Virus-Konzentration in den Luftproben zeigte sich bei den Versuchen bereits nach wenigen Hundert Metern Entfernung von den Stallgebäuden (Scoizec et al. 2018; Torremorell et al. 2016; Jonges et al. 2015). Der Ausbreitung von in der Abluft von Ställen vorhandenen potentiell mit HPAI-Virus-kontaminierten Staubpartikeln ist von deren Eigensinkgeschwindigkeit abhängig, die durch ihre Größe bestimmt wird (Gross 1998). Dabei begünstigen geringe Windstärken die zeitnahe Ablagerung und Anreicherung am Boden und höhere Windgeschwindigkeiten den Abtransport auch über weitere Strecken, der jedoch mit einer Vermischung mit „sauberen“ Luftschichten und einer dadurch bedingten Konzentrationsverdünnung einhergeht (Gross 1998). Jede Art von „Unregelmäßigkeit“ im Gelände (Gebäude, Bäume, Hecken o.ä.) beeinflusst dabei zusätzlich die Strömungsrichtung der Luftmasse in Bodennähe (Gross 1998). Die Dauer des windgestützten Transports, die zurückgelegte Entfernung sowie die Überlebensfähigkeit und Infektiosität der transportierten Erreger wird u.a. beeinflusst von der Zusammensetzung und Größe der mit HPAI-Virus-kontaminierten Partikel (Fäkalstaub, Federn, Einstreumaterial) (Torremorell et al. 2016; Zuo et al. 2013; Stilianakis und Drossinos 2010; Xie et al. 2007; Austin et al. 1979). Torremorell et al. (2016) lieferten bei ihren Untersuchungen zur Plausibilität der Aerosolübertragung des HPAI-Virus H5N2 während der Frühjahrsausbrüche 2015 im Mittleren Westen der USA Belege für die Ablagerung von HPAI-Viren auf den Oberflächen in der Umgebung infizierter Stallungen. Sie stellten die Hypothese auf, dass die Abluft HPAI-infizierter Ställe möglicherweise eine relevante Quelle für die Kontamination der Oberflächenumgebung sein könnte, die die Verbreitung zwischen den Ställen oder Farmen begünstigt. Sie schlussfolgerten, dass Gegenstände wie Schuhe, Kleidung, Fahrzeuge und andere Materialien, die durch die Ablagerung von HPAI-Virus-kontaminierten Partikeln verunreinigt und zwischen den Betrieben ausgetauscht werden, zur regionalen Verbreitung der Viren beigetragen haben könnten. Die gemeinsame Nutzung von Personal und Ausrüstung zwischen Betrieben wurde in zahlreichen Studien als bedeutsam für die primäre Einschleppung der HPAI in einen Geflügelbestand identifiziert (Guinat et al. 2020; Gonzales et al. 2017; Probst et al. 2012; Alexander et al. 2010; Cecchinato et al. 2008; Manvell et al. 2008).

In der hier vorgestellten Studie lagen auf Grundlage der Checklisten zur Überprüfung der Biosicherheit bei den beteiligten Betrieben unter den Vektoren, deren windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren als „wahrscheinlich“ bzw. „bedingt wahrscheinlich“ bewertet wurde, Hinweise auf Lücken in den Biosicherheitsmaßnahmen vor, die neben der Windroute ebenfalls die Einträge in die Bestände erklären könnten. Die deskriptive sowie statistische Analyse der „Checklisten zur Biosicherheit“ ergab bei den Ausbruchsbetrieben Hinweise auf das erhöhte Risiko eines HPAI-Eintrages, wenn Fahrzeuge, Maschinen oder Gegenstände überbetrieblich genutzt und nicht oder unzureichend vor bzw. nach der Nutzung gereinigt und desinfiziert wur-



den. Des Weiteren wurden bei mindestens einem Viertel der HPAI-positiven Betriebe die Haltung weiteren Viehs auf dem Betriebsgelände, Mängel in der nicht wildvogelsicheren Lagerung von Einstreu und Gegenständen mit Geflügelkontakt sowie im Kadavermanagement hinsichtlich der Schwarz-Weiß-Trennung festgestellt. Die insgesamt in der Checkliste festgestellten Mängel unterschieden sich hinsichtlich der Landkreiszugehörigkeit und des Vorkommens eines HPAI-Ausbruches in den Betrieben. Hierbei ergaben sich die Mängel in allen Bereichen mit unterschiedlichen Häufungen. „Die“ einzelne gesetzlich vorgeschriebene oder empfohlene Biosicherheitsmaßnahme, deren Missachtung den Großteil der Ausbrüche erklären könnte, konnte im Rahmen der hier vorgestellten Studie nicht ermittelt werden. Daraus ergibt sich die Annahme, dass die Eintragsursachen der hochpathogenen aviären Influenza in die Betriebe so divers waren wie die betrieblichen Strukturen selbst (Swayne 2008b).

## 6 Zusammenfassung

### Retrospektive Analyse der Biosicherheit und der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen putenhaltenden Betrieben in Nordwestdeutschland

Während der Epidemie der hochpathogenen aviären Influenza (HPAI) waren in Deutschland 2016/2017 auffällig häufig mastputenhaltende Wirtschaftsgeflügelbetriebe in den niedersächsischen Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg betroffen. In diesen Landkreisen ist die Dichte der Putenhaltungen besonders hoch. Aufgrund der auffälligen räumlichen und zeitlichen Häufung der Ausbrüche wurde eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren zwischen betroffenen putenhaltenden Betrieben als mögliche Einschleppungsursache diskutiert.

Im Rahmen dieser Studie wurde die Biosicherheit der Betriebe hinsichtlich möglicher Zusammenhänge zum Seuchenausbruch und die mögliche HPAI-Virus-Verbreitung durch windvermittelte Übertragung zwischen betroffenen Putenbetrieben in den Landkreisen Cloppenburg und Oldenburg während der Geflügelpest-Epidemie 2016/2017 untersucht.

Von allen innerhalb des Epidemie-Zeitraumes registrierten Putenhaltungen wurden veterinärämtlich erhobene Daten aufgearbeitet und analysiert, die mit Hilfe der niedersächsischen „Checkliste zur Biosicherheit Pute“ von den zuständigen Veterinärämtern erhoben worden waren. Es erfolgte eine univariable Analyse, wobei das Vorkommen von HPAI im Betrieb mit anderen die Biosicherheit betreffenden Variablen getestet wurde. Nach der Überprüfung auf Korrelation untereinander erfolgte eine multivariable Analyse mittels logistischer Regression. Dabei wurden als Risikofaktoren Aspekte im Betriebsmanagement ermittelt, die mit dem Auftreten der Geflügelpest im Bestand assoziiert waren. Diese beziehen sich auf die Art und Häufigkeit der Gesundheitskontrollen des Tierbestandes sowie auf den Einsatz von landwirtschaftlichen Nutzfahrzeugen auf mehreren Betriebsstandorten und die Anzahl der Putenställe pro Betrieb. Einige der ermittelten Risikofaktoren in den Biosicherheitsmaßnahmen bestanden auch noch nach dem Ende der Epidemie.

Zur Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren wurde jede mögliche Konstellation zwischen den Betrieben, bestehend aus dem potentiell HPAI-Virus-emittierenden und dem potentiell HPAI-Virus-empfangenden Betrieb, in mehreren Selektionsschritten auf räumliche, zeitliche, virusgenetische und die Windverhältnisse betreffende Bedingungen geprüft. Für jede Betriebskonstellation wurden individuelle Worst- und Best-Case-Szenarien betrachtet. Diese unterschieden sich bezüglich der angenommenen Virus-Emission im potentiell Virus-emittierenden Betrieb. Es wurden alle betriebsindividuellen Risikotage, an denen potentiell HPAI-infizierte Puten, deren Kadaver oder potentiell HPAI-Virus-kontaminiertes Einstreugemisch in den Betrieben vorhanden war, die die Quelle einer Virus-Emission hätten darstellen können. In einem Worst-Case-Szenario wurde in allen potentiell Virus-emittierenden Betrieben an allen potentiellen Risikotagen von maximaler HPAI-Virus-Emission ausgegangen, in einem Best-Case-Szenario nur bei denjenigen, die aufgrund der Fallzahlenanalyse der HPAI-positiven Herden als HPAI-Virus-emittierend eingestuft wurden. Im Ergebnis wurde bei zwei (5,4%) der 37 HPAI-Ausbrüche eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Virus als „wahrscheinlich“ und bei neun (24,3%) HPAI-Ausbrüchen als „bedingt

wahrscheinlich“ eingestuft. Die Ergebnisse lassen die Schlussfolgerung zu, dass in 29,3 % der Fälle im untersuchten Gebiet eine windvermittelte Übertragung von HPAI-Viren zwischen betroffenen Putenhaltungen möglich war.

Die Ergebnisse der Studie zeigen, dass die Windübertragung als alleinige Ursache für das Geflügelpestgeschehen in putenhaltenden Betrieben der Landkreise Cloppenburg und Oldenburg in den Jahren 2016/2017 ausscheidet. Dagegen waren bestimmte Defizite in den Biosicherheitssystemen in Ausbruchsbetrieben auch nach dem Ende der Epidemie statistisch signifikant häufiger nachweisbar als in Betrieben ohne Ausbruch.

## 7 Summary

### Retrospective analysis of biosecurity and the likelihood of wind-mediated transmission of highly pathogenic avian influenza viruses between turkey farms in north-west Germany

During the epidemic of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in Germany in 2016/2017, commercial turkey farms in the districts of Cloppenburg and Oldenburg in Lower Saxony were affected with striking frequency. The density of turkey farms is particularly high in these districts. Due to the conspicuous spatial and temporal accumulation of HPAI outbreaks, wind-mediated transmission of HPAI viruses between affected turkey farms was discussed as a possible cause of introduction.

In this study, the biosecurity of the farms was investigated with regard to possible links to the disease outbreak and the possible HPAI virus spread by wind-mediated transmission between affected turkey farms in the districts of Cloppenburg and Oldenburg during the 2016/17 avian influenza epidemic analysed.

Data recorded from all turkey farms registered within the epidemic period were processed and analysed. The data had been collected by the responsible veterinary officials with the help of the "Checklist for turkey biosecurity" of the German federal state of Lower Saxony. A univariable analysis was carried out, whereby the occurrence of HPAI on the farm was tested for an association with biosecurity-related variables. After checking for correlation, a multivariable analysis using logistic regression was performed. This identified aspects of farm management, which were associated with the incidence of avian influenza in the flocks, as potential risk factors. These relate to the type and frequency of health checks of the livestock and the use of farm vehicles on several farm sites and the number of stables per holding. Some of the identified risk factors in the biosecurity measures persisted after the end of the epidemic.

To analyse the probability of wind-mediated transmission of HPAI viruses, each possible constellation between farms, consisting of the potential HPAI virus-emitting and the potential HPAI virus-receiving farm, was tested in several selection steps for spatial, temporal, virus-genetic and wind conditions. For each farm constellation, individual worst- and best-case scenarios were considered. These differed with regard to the assumed HPAI virus emission in the potentially HPAI-virus-emitting farm. All farm-specific risk days were examined, on which potentially HPAI-infected turkeys, their carcasses or potentially HPAI virus-contaminated litter mixture were present on the farms, which could have been the source of virus emission. In a worst-case scenario, maximum virus emission was assumed in all potentially HPAI virus-emitting farms on all potential risk days, in a best-case scenario only for those farms that were classified as HPAI virus-emitting based on the case number analysis of the HPAI-positive flocks. As a result, wind-mediated transmission of HPAI virus was classified as "likely" in two (5.4%) of the 37 HPAI outbreaks and "conditionally likely" in nine (24.3%) HPAI outbreaks. The results allow the conclusion that wind-mediated transmission of HPAI virus between affected turkey holdings was possible in 29.3% of the cases in the area studied.

The results of the study show that wind transmission can be ruled out as the sole cause of epidemiologically linked HPAI outbreaks in turkey farms in the districts of Cloppenburg and Oldenburg in 2016/2017. In contrast, certain deficits in the biosecurity systems were statistically significantly more frequently detectable in outbreak farms than in farms without an outbreak, even after the end of the epidemic.

## 8 Literaturverzeichnis

**Abadie M, Limam K, Allard F (2001):**

Indoor particle pollution: effect of wall textures on particle deposition.

Build Environ 36 (7), 821–827.

DOI: 10.1016/S0360-1323(01)00007-5

**Abbas T (2011):**

Studies on potential risk factors for introduction and spread of avian influenza in domestic poultry of Pakistan.

Freie Univ. Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin. Berlin: Mensch und Buch-Verlag

ISBN 9783863870317

**Akey B L (2003):**

Low-Pathogenicity H7N2 Avian Influenza Outbreak in Virginia During 2002.

Avian Dis 47 (3 Suppl), 1099–1103.

DOI: 10.1637/0005-2086-47

**Alexander D J, Parsons G, Manvell R J (1986):**

Experimental assessment of the pathogenicity of eight avian influenza A viruses of H5 subtype for chickens, turkeys, ducks and quail.

Avian Pathol 15 (4), 647–662.

DOI: 10.1080/03079458608436328

**Alexander D J, Spackman D (1981):**

Characterisation of influenza A viruses isolated from turkeys in England during March-May 1979.

Avian Pathol 10 (3), 281–293.

DOI: 10.1080/03079458108418477

**Alexander D J, Manvell R J, Irvine R, Londt B Z, Cox B, Ceeraz V, Banks J, Brown I H, (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.

DOI: 10.1637/8833-040209-Reg.1

**Austin E, Brock J, Wissler E (1979):**

A model for deposition of stable and unstable aerosols in the human respiratory tract.

Am Ind Hyg Assoc J 40 (12), 1055–1066.

DOI: 10.1080/15298667991430703

**Boender G J, Hagenaars T J, Bouma A, Nodelijk G, Elbers A R W, de Jong M C M, van Boven M (2007):**

Risk maps for the spread of highly pathogenic avian influenza in poultry.

PLoS Computational Biology 3 (4), e71.

DOI: 10.1371/journal.pcbi.0030071

**Borneff J, Borneff M (1971):**

Hygiene. Ein Leitfaden für Studenten und Ärzte. 30 Abbildungen. 19 Tabellen.

1. Auflage, Stuttgart, New York: Georg Thieme Verlag

**Borneff J, Borneff M (1991):**

Hygiene. Ein Leitfaden für Studenten und Ärzte. 91 Abbildungen. 110 Tabellen.  
5., neu bearbeitete und erweiterte Auflage, Stuttgart, New York: Georg Thieme Verlag  
ISBN: 3-13-467905-1

**Bouwstra R J, Koch G, Heutink R, Harders F, van der Spek A, Elbers A R, Bossers A (2015):**

Phylogenetic analysis of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus outbreak strains provides evidence for four separate introductions and one between-poultry farm transmission in the Netherlands, November 2014.

Euro Surveill 20 (26).

DOI: 10.2807/1560-7917.es2015.20.26.21174

**Bródka K, Kozajda A, Buczyńska A, Szadkowska-Stańczyk I (2012):**

The variability of bacterial aerosol in poultry houses depending on selected factor.

IJOMEH 25 (3), 281–293.

DOI: 10.2478/S13382-012-0032-8

**Busani L, Valsecchi M G, Rossi E, Toson M, Ferrè N, Pozza M D, Marangon S (2009):**

Risk factors for highly pathogenic H7N1 avian influenza virus infection in poultry during the 1999-2000 epidemic in Italy.

Vet J (London, England: 1997) 181 (2), 171–177.

DOI: 10.1016/j.tvjl.2008.02.013

**Büttner M (2002):**

Allgemeine Virologie: Widerstandsfähigkeit, Inaktivierung, Desinfektion

In: Medizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre. Rolle M, Mayr A, Büttner M (Hrsg.). 7., völlig neu bearbeitete Auflage, Stuttgart: Enke. 83-85.

ISBN: 3-7773-1795-0

**Cambra-López M, Aarnink A J A, Zhao Y, Calvet S, Torres A G (2010):**

Airborne particulate matter from livestock production systems: a review of an air pollution problem.

Eviron Pollut (Barking, Essex: 1987) 158 (1), 1–17.

DOI: 10.1016/j.envpol.2009.07.011

**Cardona C J (2008):**

Farm and regional biosecurity practice.

In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.). 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 353-367.

ISBN: 9780813820477

**Carpenter G A (1986):**

Dust in livestock buildings - Review of some aspect.

J Agric Eng Res 33 (4), 227–241.

DOI: 10.1016/S0021-8634(86)80038-5

**Cecchinato M, Bonfanti L, Marangon S, Terregino C, Monne I, Luppi A (2008):**

Low pathogenic avian influenza in Italy.

Vet Rec 162 (2), 64.

DOI: 10.1136/vr.162.2.64

## 8. Literaturverzeichnis

---

**Chen P-S, Tsai F T, Lin C K, Yang C-Y, Chan C-C, Young C-Y, Lee C-H (2010):**  
Ambient influenza and avian influenza virus during dust storm days and background day.  
Environ Health Perspect 118 (9), 1211–1216.  
DOI: 10.1289/ehp.0901782

**Clauß M (2020):**  
Emission von Bioaerosolen aus Tierhaltungsanlagen - Methoden und Ergebnisse verfügbarer Bioaerosoluntersuchungen in und um landwirtschaftliche Nutztierhaltung.  
Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, Thünen Working Paper 138.  
DOI: 10.3220/WP1578478975000

**Cole E C, Cook C E (1998):**  
Characterization of infectious aerosols in health care facilities: An aid to effective engineering controls and preventive strategie.  
Am J Infect Control (Vol 26 Issue 4), 453–464.

**Conraths F J, Sauter-Louis C, Globig A, Dietze K, Pannwitz G, Albrecht K, Höreth-Böntgen D, Beer M, Staubach C, Homeier-Bachmann T (2016):**  
Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in Germany: Outbreak Investigation.  
Transbound Emerg Dis 63 (1), 10–13.  
DOI: 10.1111/tbed.12443

**Das A, Spackman E, Thomas C, Swayne D E, Suarez D L (2008):**  
Detection of H5N1 High-Pathogenicity Avian Influenza Virus in Meat and Tracheal Samples from Experimentally Infected Chicken.  
Avian Dis 52 (1), 40–48.  
DOI: 10.1637/8093-082107-Reg

**Davis J, Garner M G, East I J (2009):**  
Analysis of local spread of equine influenza in the Park Ridge region of Queensland.  
Transbound Emerg Dis 56 (1-2), 31–38.  
DOI: 10.1111/j.1865-1682.2008.01060.x

**Dawson J R (1990):**  
Minimizing dust in livestock buildings: Possible alternatives to mechanical separation.  
J Agric Eng Res 47, 235–248.  
DOI: 10.1016/0021-8634(90)80044-U

**Deutsche Forschungsgemeinschaft (2020):**  
MAK- und BAT-Werte-Liste 2020. Maximale Arbeitsplatzkonzentrationen und biologische Arbeitsstofftoleranzwerte.  
Ständige Senatskommission zur Prüfung gesundheitsschädlicher Arbeitsstoffe vom 1. Juli 2020, Mitteilung 56.  
ISBN: 9783982200705

**Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft (DLG) (2019):**  
Biosicherheit - wichtiger Grundstein für den langfristigen Erfolg.  
DLG kompakt (6).  
Abgerufen am 24.01.2021 um 09:13 Uhr von <https://www.dlg.org/de/landwirtschaft/themen/tierhaltung/gefluegel/dlg-kompakt-06-2019>



**Deutscher Wetterdienst (DWD) (2016):**

Jahresbericht 2016.

Abgerufen am 25.01.2021 um 10:11 Uhr von [https://www.dwd.de/DE/leistungen/jahresberichte\\_dwd/jahresberichtepdf/jahresbericht\\_2016.html](https://www.dwd.de/DE/leistungen/jahresberichte_dwd/jahresberichtepdf/jahresbericht_2016.html)**Deutscher Wetterdienst (DWD) (2021):**

Wetterlexikon des DWD: Beaufort-Skala.

Abgerufen am 30.01.2021 um 14:23 Uhr von <https://www.dwd.de/DE/service/lexikon/Functions/glossar.html?lv2=100310&lv3=100390>**Dewulf J, van Immerseel F (2018):**

General principles of biosecurity in animal production and veterinary medicine.

In: Biosecurity in animal production and veterinary medicine: From principles to practice.

Dewulf J, van Immerseel F, Leuven (Hrsg.), Den Haag: Acco, 63–76.

ISBN: 9781789245684

**Dou D, Revol R, Östbye H, Wang H, Daniels R (2018):**

Influenza A Virus Cell Entry, Replication, Virion Assembly and Movement.

Frontiers in immunology, 9, 1581.

DOI: 10.3389/fimmu.2018.01581

**DWD Climate Data Center (CDC) (2018):**

Historische stündliche Stationsmessungen der Windgeschwindigkeit und Windrichtung für Deutschland.

Version v006, 2018.

Abgerufen am 23.10.2020 um 09:00 Uhr von [https://opendata.dwd.de/climate\\_environment/CDC/observations\\_germany/climate/hourly/wind/historical/](https://opendata.dwd.de/climate_environment/CDC/observations_germany/climate/hourly/wind/historical/)**Easterday B C, Hinshaw V S, Halvorson D A (1997):**

Influenza.

In: Diseases of poultry. Calnek B W (Hrsg.), 10th ed., Ames, Iowa, USA: Iowa State University Press, 583–605.

ISBN: 0-8183-0429-9

**Eckroade R J, Silverman Bachin, L A (1986):**

Avian influenza in Pennsylvania the Beginning

In: Avian Dis 47, Special Issue, Second International Symposium on Avian Influenza, 1986, Proceedings, 22–32

**EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare), More S, Bicot D,**

Bøtner A, Butterworth A, Calistri P et al. (2017):

Urgent request on avian influenza.

In: EFSA Journal, European Food Safety Authority 15 (1), e04687.

DOI: 10.2903/j.efsa.2016.4687

**Elbers A R W, Holtslag J B, Bouma A, Koch G (2007):**

Within-Flock Mortality During the High-Pathogenicity Avian Influenza (H7N7) Epidemic in the Netherlands.

In: Implications for an Early Detection System. Avian Dis 51 (1 Suppl), 304–308.

DOI: 10.1637/7579-040106R.1

## 8. Literaturverzeichnis

---

**Elbers A R W, Stegeman J A, de Jong M C M (2001):**

Factors associated with the introduction of classical swine fever virus into pig herds in the central area of the 1997/98 epidemic in the Netherlands.

Vet Rec 149 (13), 377–382.

DOI: 10.1136/vr.149.13.377

**European Food Safety Authority (EFSA) (2006):**

Scientific Opinion on Migratory Birds and their Possible Role in the Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza.

EFS2 4 (5), 1-18.

DOI: 10.2903/j.efsa.2006.357

**Feddes J J R, Cook H, Zuidhof M J (1992):**

Characterisation of airborne dust particles in turkey housing.

Canadian Agricultural Engineering 34 (3), 273–280

**Fichtner G J (1986):**

Problems associated with lethal avian influenza eradication (1984).

In: Proceedings of the Second International Symposium on Avian Influenza. Easterday B C, Beard C W (Hrsg.), Georgia Center for Continuing Education, the University of Georgia, Athens, Georgia, USA, September 3–5, 1986. Symposium on Avian Influenza, US Animal Health Association: Richmond, VA, 415–420

**Fichtner G J (1987):**

The Pennsylvania/Virginia Experience in Eradication of Avian Influenza (H5N2).

Avian Dis Vol. 47, Special Issue, Second International Symposium on Avian Influenza, 1986, Proceedings (2003), 33–38.

**Figuroa A, Derksen T, Biswas S, Nazmi A, Rejmanek D, Crossley B, Pandey P, Gallardo R (2020):**

Persistence of low and highly pathogenic avian influenza virus in reused poultry litter, effects of litter amendment use, and composting temperatures.

J Appl Poult Res, 1–11.

DOI: 10.1016/j.japr.2020.09.011

**Flüchten A (2006):**

Epidemiologische Untersuchungen zum Auftreten und zu den betriebsspezifischen Faktoren der *Clostridium perfringens*-Infektion der Pute.

Hannover, Tierärztl. Hochsch., Außenstelle für Epidemiologie, Diss., 2006.

**Friedrich-Loeffler-Institut (2017a):**

Checkliste: Vermeidung der Einschleppung der hochpathogenen aviären Influenza (Geflügelpest).

Abgerufen am 01.12.2020 um 08:40 Uhr von <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=edsbas&AN=edsbas.8928CB79&site=eds-live>

**Friedrich-Loeffler-Institut (2017b):**

FAQ Hochpathogene Aviäre Influenza (HPAI, Geflügelpest, „Vogelgrippe“).

Abgerufen am 01.12.2020 um 08:45 Uhr von <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=edsbas&AN=edsbas.41FE5893&site=eds-live>

**Friedrich-Loeffler-Institut** (2021):

Aviäre Influenza (AI) / Geflügelpest.

Abgerufen am 28.01.2021 um 14:55 Uhr von <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengesehnen/aviaere-influenza-ai-gefluegelpest/>

**Friedrich-Loeffler-Institut** (FLI), Zentralverband der Deutschen Geflügelwirtschaft (ZDG) (2017):

Checkliste zur Vermeidung der Einschleppung der hochpathogenen aviären Influenza (Geflügelpest).

Abgerufen am 25.01.2021 um 22:45 Uhr von [https://lsl-rhein-main.de/wp-content/uploads/sites/2/2020/04/FLI\\_ZDG\\_Checkliste-HPAI.pdf](https://lsl-rhein-main.de/wp-content/uploads/sites/2/2020/04/FLI_ZDG_Checkliste-HPAI.pdf)

**Fry H T** (1967):

The Emergence of the Beaufort Scale.

The Mariner's Mirror 53 (4), 311–313.

DOI: 10.1080/00253359.1967.10659401

**Gall-Reculé G L**, Briand F-X, Schmitz A, Guionie O, Massin P, Jestin V (2008):

Double introduction of highly pathogenic H5N1 avian influenza virus into France in early 2006.

Avian Pathol 37 (1), 15–23.

DOI: 10.1080/03079450701774835

**Gloster J**, Champion H J, Sørensen J H, Mikkelsen T, Ryall D B, Astrup P, Alexandesen S, Donaldson A I (2003):

Airborne transmission of foot-and-mouth disease virus from Burnside Farm, Heddon-on-the-Wall, Northumberland, during the 2001 epidemic in the United Kingdom.

Vet Rec 152 (17), 525–533.

DOI: 10.1136/vr.152.17.525

**Gloster J**, Sellers R F, Donaldson A I (1982):

Long distance transport of foot-and-mouth disease virus over the sea.

Vet Rec 110 (3), 47-52.

DOI: 10.1136/vr.110.3.47

**Gonzales J L**, Elbers A R W, Beerens N (2017):

Risk factors of primary introduction of highly pathogenic and low pathogenic avian influenza virus into European poultry holdings, considering at least material contaminated by wild birds and contact with wild bird.

EFS3 14 (10), 1–24.

DOI: 10.2903/sp.efsa.2017.EN-1282

**Grabkowsky B**, Conraths F J, Globig A, Wilke A, Denzin N (2020):

A self-assessment tool to improve poultry farm biosecurity regarding avian influenza.

Ein Online-Tool zur Selbsteinschätzung der Biosicherheit in Geflügelhaltungen bezüglich aviärer Influenza.

Berl Münch Tierärztl Wochenschr 2020.

DOI: 10.2376/1439-0299-2020-17

## 8. Literaturverzeichnis

---

**Greening S S, Mulqueen K, Rawdon T G, French N P, Gates M C (2020):**  
Estimating the level of disease risk and biosecurity on commercial poultry farms in New Zealand.  
N Z Vet J 68 (5), 261–271.  
DOI: 10.1080/00480169.2020.1746208

**Gross G (1998):**  
Berechnungen der Ausbreitung von organischen Partikeln aus Tierställen und vergleichbaren Anlagen.  
Dispersion modelling of organic particles emitted from stables and other agricultural installation.  
Dtsch. Tierärztl. Wochenschr. (105), 241–243

**Guinat C, Comin A, Kratzer G, Durand B, Delesalle L, Delpont M, Guérin J-L, Paul M (2020):**  
Biosecurity risk factors for highly pathogenic avian influenza (H5N8) virus infection in duck farms, France.  
Transbound Emerg Dis 2020, 1-10.  
DOI: 10.1111/tbed.13672

**Halvorson D A (2002):**  
The control of H5 or H7 mildly pathogenic avian influenza: a role for inactivated vaccine.  
Avian Pathol 31 (1), 5–12.  
DOI: 10.1080/03079450120106570

**Halvorson D A (2008):**  
Control of Low Pathogenicity Avian Influenza.  
In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 513–536.  
ISBN: 9780813820477

**Handberg K J, Therkildsen O R, Jørgensen P H (2010):**  
Genetic analysis of avian influenza virus from wild birds and mallards reared for shooting in Denmark.  
Avian Dis 54 (1 Suppl), 420–425.  
DOI: 10.1637/8746-032709-Reg.1

**Harder T (2020):**  
Stallkartenanalyse der HPAI-H5Nx-betroffenen Stalleinheiten (Puten) 2016/2017 bezüglich deren Mortalität, abgeleiteter Herdendurchseuchung und anzunehmender AI-Viren-Freisetzung.  
Persönliche Mitteilung per E-Mail am 24.01.2020 um 10:34 Uhr

**Harder T, Grund C, Beer M, Staubach C, Schoene C, Wilking H, Conraths F J (2009a):**  
Vogelpopulationen - Brutstätten pandemischer Influenzaviren?  
Berl Münch Tierärztl Wochenschr 122 (11/12), 440–445

**Harder T, Maurer-Stroh S, Pohlmann A, Starick E, Höreth-Böntgen D, Albrecht K, Pannwitz G, Teifke J, Gunalan V, Lee R T C, Sauter-Louis C, Homeier T, Staubach C, Wolf C, Strebelow G, Höper D, Grund C, Conraths F J, Mettenleiter T C., Beer, M (2015):**  
Influenza A(H5N8) Virus Similar to Strain in Korea Causing Highly Pathogenic Avian Influenza in Germany.  
Emerg Infect Dis 21 (5), 860-863.  
DOI: 10.3201/eid2105.141897

**Harder** T C, Teuffert J, Starick E, Gethmann J, Grund C, Fereidouni S, Durban M, Bogner K H, Neubauer-Juric A, Repper R, Hlinak A, Engelhardt A, Nöckler A, Smietanka K, Minta Z, Kramer M, Globig A, Mettenleiter T C., Conraths F J., Beer M (2009b): Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in frozen duck carcasses, Germany, 2007. *Emerg Infect Dis*, Vol. 15 (2), 272-279.  
DOI: 10.3201/eid1502.080949

**Hartung** J (1992):  
Emissionen luftgetragener Stoffe aus Nutztierställen.  
Emissions of airborne substances for livestock building.  
*Pneumologie* 46 (5), 196–202

**He** C, Morawska L, Gilbert D (2005):  
Particle deposition rates in residential houses  
*Atmospheric Environment* 39 (21), 3891–3899.  
DOI: 10.1016/j.atmosenv.2005.03.016

**Heider** G (1972):  
Vorbeugender Gesundheitsschutz in der industriellen Geflügelproduktion mit 16 Tabellen.  
Jena: VEB Gustav Fischer Verlag Jena, 1972

**Herrmann** W (2020):  
Geocaching. Berechnung einer Koordinate als Projektion mit Richtung und Entfernung von einer Ausgangskoordinate sowie Berechnung der Richtung und Entfernung zwischen zwei geographischen Koordinaten.  
Abgerufen am 05.05.2020 um 11:03 Uhr auf <http://www.herrmann-w.de/Geocaching/Downloads/downloads.html>

**Hilliger** H G (1966):  
Gravimetrische Staubmessungen in Ställen.  
*Zentralbl Vet Med B* 13 (7), 698–708.  
DOI: 10.1111/j.1439-0450.1966.tb00945.x

**Hillinger** H G (1991):  
Emissionen von Staub und Keimen aus Ställen.  
Emissions of dust and microbes from animal housing.  
*Dtsch. Tierärztl. Wochenschr.* 98, 257–261.

**Hinshaw** V S, Webster R G, Turner B (1979):  
Water-Bone Transmission of Influenza A Viruses?  
*Intervirology* 11 (1), 66–68.  
DOI: 10.1159/000149014

**Hirst** J M (1995):  
Bioaerosols: Introduction, Retrospect and Prospect.  
In: *Bioaerosols Handbook*. Cox C S, Wathes C M, Boca Raton (Hrsg.), 1st Edition 1995, Imprint CRC Press.  
ISBN: 9781003070023

## 8. Literaturverzeichnis

---

**Hobbelen P H F**, Elbers A R W, Werkman M, Koch G, Velkers F C, Stegeman A, Hagenaars T J (2020):

Estimating the introduction time of highly pathogenic avian influenza into poultry flock. *Sci Rep* 10 (1), 12388.

DOI: 10.1038/s41598-020-68623-w

**Irvine R M**, Banks J, Londt B Z, Lister S A, Manvell R J, Outtrim L, Russell C, Cox W J, Ceeraz V, Shell W, Landeg F J, Wilesmith J W, Alexander D J, Brown I H (2007):

Outbreak of highly pathogenic avian influenza caused by Asian lineage H5N1 virus in turkeys in Great Britain in January 2007.

*Vet Rec* 161 (3), 100–101.

DOI: 10.1136/vr.161.3.100

**Janssen, W** (2020):

Beratung bzgl. Winddaten, geeigneter Wetterstationen, Studienansatz. Deutscher Wetterdienst, Abteilung Agrarmeteorologie.

Persönliche Mitteilung per E-Mail am 20.02.2020 um 16:45 Uhr

**Jonges M**, van Leuken J, Wouters I, Koch G, Meijer A, Koopmans M (2015):

Wind-Mediated Spread of Low-Pathogenic Avian Influenza Virus into the Environment during Outbreaks at Commercial Poultry Farm.

*PloS one* 10 (5), 1-15.

DOI: 10.1371/journal.pone.0125401

**Kappas M** (2003):

Nationalatlas Bundesrepublik Deutschland, 3: Klima, Pflanzen- und Tierwelt.

Heidelberg: Spektrum Akademischer Verlag, ISBN 978-3-8274-0956-0

**Kilpatrick A M**, Chmura A A, Gibbons D W, Fleischer R C, Marra P P, Daszak P (2006):

Predicting the global spread of H5N1 avian influenza.

*PNAS* 103 (51), 19368–19373.

DOI: 10.1073/pnas.0609227103

**King J** (2020):

Dynamics and Genetic Connections of Highly Pathogenic Avian Influenza Outbreaks in Poultry during the 2016 – 2017 Epidemic in Germany.

Unveröffentlichtes Manuskript. Friedrich-Loeffler-Institut (FLI)

**Kreienbrock L**, Pigeot I, Ahrens W (2012a):

Logistische Regression.

In: *Epidemiologische Methoden*. Kreienbrock L, Pigeot I, Ahrens W (Hrsg.), 5. Auflage, Heidelberg: Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg, 298–346.

ISBN: 9783827423337

**Kreienbrock L**, Pigeot I, Ahrens W (2012b):

Planung epidemiologischer Studien: Typen von Informationsverzerrungen.

In: *Epidemiologische Methoden*. Kreienbrock L, Pigeot I, Ahrens W (Hrsg.), 5. Auflage, Heidelberg: Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg, 166–167.

ISBN: 9783827423337

- Kuiken T**, Holmes E C, McCauley J, Rimmelzwaan G F, Williams C S, Grenfell B T (2006): Host Species Barriers to Influenza Virus Infection. *Science* 312 (5772), 394–397.  
DOI: 10.1126/science.1122818
- Lindh E**, Ek-Kommonen C, Väänänen V-M, Vaheri A, Vapalahti O, Huovilainen A (2014): Molecular epidemiology of H9N2 influenza viruses in Northern Europe. *Vet Microbiol* 172 (3-4), 548–554.  
DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.06.020
- Lonc E**, Plewa K (2009): Microbiological Air Contamination in Poultry Houses. *Polish Journal of Environmental Studies* 19 (1), 15-19.
- Manvell R J**, Londt B Z, Ceeraz V, Cox W J, Essen S, Banks J, Slomka M J, Pavlidis T, Irvine R M, Wilesmith J W, Sharpe C E, Hurst A, Alexander D J, Brown I H (2008): Low pathogenic avian influenza in domestic fowl in Norfolk, England, March and April, 2006. *Vet Rec* 162 (9), 278-280.  
DOI: 10.1136/vr.162.9.278
- Marangon S**, Capua I, Rossi E, Ferre N, Pozza M Dalla, Bonfanti L, Mannelli A (2005): The control of avian influenza in areas at risk: the Italian experience 1997-2003. In: *Avian influenza. Prevention and Control*. Schrijver S, Koch G (Hrsg.), London: Springer (Wageningen UR frontis series), 33–39  
ISBN: 1402034407
- Markwell D D**, Shortridge K F (1982): Possible Waterborne Transmission and Maintenance of Influenza Viruses in Domestic Duck. *Applied and environmental microbiology* 43 (1), 110–116.  
DOI: 10.1128/AEM.43.1.110-115.1982
- Modrow S**, Falke D, Truyen U, Schätzl H (2010a): Orthomyxoviren. In: *Molekulare Virologie*. Modrow S, Dietrich F, Truyen U, Schätzl H (Hrsg.), 3. Auflage, Heidelberg: Spektrum Akademischer Verlag, 355–384.  
ISBN: 9783827418333
- Modrow S**, Falke D, Truyen U, Schätzl H (2010b): Picornaviren. In: *Molekulare Virologie*. Modrow S, Dietrich F, Truyen U, Schätzl H (Hrsg.), 3. Auflage, Heidelberg: Spektrum Akademischer Verlag, 145–174.  
ISBN: 9783827418333
- Moore D A**, Merryman M L, Hartman M L, Klingborg D J (2008): Comparison of published recommendations regarding biosecurity practices for various production animal species and classe. *J Am Vet Med Assoc* 233 (2), 249–256.  
DOI: 10.2460/javma.233.2.249
- Moorgut Kartzfehn** (2016): Informationen zur Putenmast 2017. Moorgut Kartzfehn von Kameke GmbH & Co. KG. Abgerufen am 21.01.2021 um 09:11 Uhr auf [https://www.kartzfehn.de/files/rz\\_\\_infobroschuer\\_e\\_deutsch\\_kartzfehn\\_2016.pdf](https://www.kartzfehn.de/files/rz__infobroschuer_e_deutsch_kartzfehn_2016.pdf)

**Müller W, Wieser P (1987):**

Dust and microbial emissions from animal production.

In: Animal production and environmental health. Strauch D (Hrsg.), Amsterdam: World Animal Science B, 6, 47–89

ISBN: 9780444427311

**Niedersächsisches Landesamt für Lebensmittelsicherheit und Verbraucherschutz**

(LAVES) (2021):

NdCheckliste: „Biosicherheitsmaßnahmen in Geflügelbetrieben“

Abgerufen am 15.01.2021 um 08:15 Uhr auf [https://tierseucheninfo.niedersachsen.de/startseite/anzeigepflichtige\\_tierseuchen/geflugel/geflugelpest/geflugelpest/informations-merkblatter-und-downloads-190699.html](https://tierseucheninfo.niedersachsen.de/startseite/anzeigepflichtige_tierseuchen/geflugel/geflugelpest/geflugelpest/informations-merkblatter-und-downloads-190699.html)

**Niedersächsisches Landesamt für Lebensmittelsicherheit und Verbraucherschutz**

(LAVES) (2020):

Niedersächsischer Leitfaden zur ordnungsgemäßen Lagerung von Geflügeltierkörpern unter Berücksichtigung von Biosicherheitsaspekten.

Abgerufen am 05.02.2021 um 08:35 Uhr auf [https://tierseucheninfo.niedersachsen.de/startseite/anzeigepflichtige\\_tierseuchen/geflugel/geflugelpest/geflugelpest/informations-merkblatter-und-downloads-190699.html](https://tierseucheninfo.niedersachsen.de/startseite/anzeigepflichtige_tierseuchen/geflugel/geflugelpest/geflugelpest/informations-merkblatter-und-downloads-190699.html)

**Niedersächsisches Landesamt für Statistik (2007):**

Nutzungsarten der Bodenfläche, Flächenerhebung zum 31.12.2004.

Heft 1 Tatsächliche Nutzung, 1–108.

Abgerufen am 13.01.2021 um 10:01 Uhr auf <https://docplayer.org/54805572-Niedersachsen-statistische-berichte-niedersachsen-nutzungsarten-der-bodenflaeche-flaechenerhebung-zum-c-i-1-s-1-j-04.html>

**Niedersächsisches Landesamt für Statistik (NLS), Niedersächsisches Institut für**

Historische Regionalforschung e. V. (NIHR) (2007):

Niedersachsen - das Land und seine Regionen. Land, Bezirke, Landkreise, kreisfreie Städte. Niedersächsisches Landesamt für Statistik (NLS), Niedersächsisches Institut für Historische Regionalforschung e. V. (NIHR).

Hannover: Niedersächsisches Landesamt für Statistik 2007.

ISBN 978-3-9811438-1-2

**Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz**

(2014):

Der Wald in Niedersachsen. Ergebnisse der Bundeswaldinventur 3. 1. Auflage.

Abgerufen am 28.01.2021 um 10:01 Uhr auf [https://www.ml.niedersachsen.de/startseite/themen/wald\\_holz\\_jagd/walder\\_fur\\_niedersachsen/die-bundeswaldinventur-3-127660.html](https://www.ml.niedersachsen.de/startseite/themen/wald_holz_jagd/walder_fur_niedersachsen/die-bundeswaldinventur-3-127660.html)

**Nishiguchi A, Kobayashi S, Yamamoto T, Ouchi Y, Sugizaki T, Tsutsui T (2007):**

Risk factors for the introduction of avian influenza virus into commercial layer chicken farms during the outbreaks caused by a low-pathogenic H5N2 virus in Japan in 2005.

Zoonoses and Public Health 54 (9-10), 337–343.

DOI: 10.1111/j.1863-2378.2007.01074.x

**OIE (2011):**

Terrestrial Animal Health Code Volume 1. General provisions, 20th ed., Paris: OIE



**OIE** (2021):

OIE - World Organisation for Animal Health.

Avian Influenza Portal.

Abgerufen am 21.01.2021 um 10:30 Uhr auf <https://www.oie.int/animal-health-in-the-world/avian-influenza-portal/>

**Olsen** B, Munster V J, Wallensten A, Waldenström J, Osterhaus A D M E, Fouchier R A M (2006):

Global patterns of influenza A virus in wild birds.

Science 312 (5772), 384-388.

DOI: 10.1126/science.1122438

**Oppliger** A, Charrière N, Droz P-OI, Rinsoz T (2008):

Exposure to bioaerosols in poultry houses at different stages of fattening, use of real-time PCR for airborne bacterial quantification.

Ann Occup Hyg 52 (5), 405–412.

DOI: 10.1093/annhyg/men021

**Pannwitz** G, Albrecht K, Homeier-Bachmann T, Höreth-Böntgen D, Staubach C, Sauter-Louis C, Conraths F J (2015):

Ausbruch von HPAIV H5N8: Maßnahmen und epidemiologische Ermittlungen in einem Putenmastbestand in Mecklenburg-Vorpommern

Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle 22 (1), 41–51

**Parker** C D, Reid S M, Ball A, Cox W J, Essen S C, Hanna A et al (2012):

First reported detection of a low pathogenicity avian influenza virus subtype H9 infection in domestic fowl in England.

Veterinary Record 171 (15), 372.

DOI: 10.1136/vr.100558

**Pearson** C C, Sharples T J (1995):

Airborne Dust Concentrations in Livestock Buildings and the Effect of Feed.

J Agric Eng Res 60 (3), 145–154,

DOI: 10.1006/jaer.1995.1008

**Pearson** K (1900):

X. On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling.

Lond. Edinb. Dubl. Phil. Mag. 50 (302), 157–175.

DOI: 10.1080/14786440009463897

**Perkins** L E L, Swayne D E (2001):

Pathobiology of A/chicken/Hong Kong/220/97 (H5N1) Avian Influenza Virus in Seven Gallinaceous Species.

Vet Pathol 38 (2), 149–164.

DOI: 10.1354/vp.38-2-149

**Platz** S (1979):

Menge und Ausbreitung von aus Geflügelställen emittierten Bakterien und die durch sie verursachte Kontamination der Umwelt.

Berl Münch Tierärztl. Wochenschr. 92 (15), 297–301.

## 8. Literaturverzeichnis

---

**Power C A** (2005):

An investigation into the potential role of aerosol dispersion of dust from poultry barn.  
Bull Aquacult Assoc Canada 105 (1), 7–14.

**Probst C**, Gethmann J M, Petermann H J, Neudecker J, Jacobsen K, Conraths F J (2012):  
Low pathogenic avian influenza H7N7 in domestic poultry in Germany in 2011.

Vet Rec 171 (24), 624.

DOI: 10.1136/vr.100774

**Rautenschlein S**, Ryll M (2014):

Erkrankungen des Nutzgeflügels. Ursachen, Klinik, Pathologie, Diagnosen, Prophylaxe und Bekämpfung.

1. Auflage, Stuttgart: UTB, ISBN 978-3-8252-8568-5

**Redmann T** (2012):

Herdenüberwachung.

In: Kompendium der Geflügelkrankheiten. Siegmann O, Neumann U (Hrsg.), 7., überarbeitete Auflage. Hannover: Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Co. KG (Vet.Kolleg), 87–89

ISBN: 978-3-89993-083-2

**Reis A**, Stallknecht D, Ritz C, García M (2012):

Tenacity of low-pathogenic avian influenza viruses in different types of poultry litter.

Poultry Sci 91 (8), 1745–1750.

DOI: 10.3382/ps.2011-01625

**Saleh M**, Seedorf J, Hartung J (2005):

Influence of animal age and season on bio-aerosol concentrations in a broiler house.

ISAH - Warsaw, Poland (2).

Abgerufen am 05.01.2021 um 16:00 Uhr auf [https://www.isah-soc.org/userfiles/downloads/proceedings/2005/sections/7\\_vol\\_2.pdf](https://www.isah-soc.org/userfiles/downloads/proceedings/2005/sections/7_vol_2.pdf)

**Sarikas G** (1976):

Untersuchungen über Keim- und Staubemissionen aus Geflügelställen.

Hannover, Tierärztl. Hochsch. Hannover, Institut für Kleintierzucht der Forschungsanstalt für Landwirtschaft Braunschweig/Völkenrode, Diss., 1976

**Sauter E A**, Petersen C F, Steele E E, Parkinson J F, Dixon J E, Stroh R C (1981):

The airborne microflora of poultry house.

Poultry Sci 60 (3), 569–574.

DOI: 10.3382/ps.0600569

**Schmidt R**, Hoy S (1996):

Untersuchungen zur Staubemission aus Geflügelintensivställen.

Investigations on dust emission from chicken and layer house.

Berl Münch Tierärztl Wochenschr 109 (109), 95–100

**Schmitt-Pauksztat G**, Rosenthal E, Büscher W, Diekmann B (2005):

Sinkgeschwindigkeiten von Tierstäuben - Rückschlüsse auf die Partikeleigenschaften.

Agrartechnische Forschung 11 (5)

**Schneider F** (2005):

Charakterisierung von Aerosolpartikeln aus der Landwirtschaft.

Hohenheim, Universität Hohenheim, Fakultät für Agrarwissenschaften, Diss., 2005

**Schofield L**, Ho J, Kournikakis B, Booth T (2005):

Avian Influenza Aerosol Sampling Campaign in the British Columbia Fraser Valley, 9-19 April 2004: Sampling of rare biological event.

Defence Research and Development Canada, 1–14

**Schulz J** (2007):

Zur Charakterisierung der Ausbreitungsentfernung von Bioaerosolen aus Masthühnerställen.

Bielefeld, Universität Bielefeld, Diss., 2007

**Schulz J**, Friese A, Klees S, Tenhagen B A, Fetsch A, Rösler U, Hartung J (2012):

LA-MRSA contamination of air and soil surfaces in the vicinity of pig barns: A longitudinal study.

Appl Environ Microbiol 78 (16), 5666–5671

**Scoizec A**, Niqueux E, Thomas R, Daniel P, Schmitz A, Le Bouquin S (2018):

Airborne Detection of H5N8 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Genome in Poultry Farms, France.

Frontiers Vet Sci 5, 15.

DOI: 10.3389/fvets.2018.00015

**Sedlmaier N**, Hoppenheidt K, Krist H, Lehmann S, Lang H, Büttner M (2009):

Generation of avian influenza virus (AIV) contaminated fecal fine particulate matter (PM<sub>(2.5)</sub>): Genome and infectivity detection and calculation of immission.

Vet Microbiol 139 (1-2), 156–164.

DOI: 10.1016/j.vetmic.2009.05.005

**Seedorf J**, Hartung J (2002):

Stäube und Mikroorganismen in der Tierhaltung.

Kuratorium für Technik und Bauwesen in der Landwirtschaft. Münster-Hiltrup:

Landwirtschaftsverlag, KTBL-Schrift Band 393.

ISBN: 3784321453

**Shaffer J G** (1964):

III. Airborne Infections in Hospital.

Am J Public Health Nations Health 54 (10), 1674–1682.

DOI: 10.2105/ajph.54.10.1674

**Spekreijse D**, Bouma A, Koch G, Stegeman J A (2011):

Airborne transmission of a highly pathogenic avian influenza virus strain H5N1 between groups of chickens quantified in an experimental setting.

Vet Microbiol 152 (1-2), 88–95.

DOI: 10.1016/j.vetmic.2011.04.024

**Ssematimba A**, Hagenaars T J, de Wit J J, Ruiterkamp F, Fabri T H, Stegeman J A, de Jong M C M (2013):

Avian influenza transmission risks: Analysis of biosecurity measures and contact structure in Dutch poultry farming.

Prev Vet Med 109 (1-2), 106–115.

DOI: 10.1016/j.prevetmed.2012.09.001

## 8. Literaturverzeichnis

---

**Ssematimba** A, Hagenars T J, de Jong M C M (2012):  
Modelling the Wind-Borne Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus between Farms  
PloS one 7 (2), 2-9.  
DOI: 10.1371/journal.pone.0031114

**Stallknecht** D E, Brown J D (2009):  
Tenacity of avian influenza viruses.  
Rev Sci Tech Off Int Epiz 28 (1), 59–67.  
DOI: 10.20506/rst.28.1.1880

**Stallknecht** D E, Kearney M T, Shane S M, Zwank P J (1990a):  
Effects of pH, Temperature, and Salinity on Persistence of Avian Influenza Viruses in Water.  
Avian Dis 34 (2), 412.  
DOI: 10.2307/1591429

**Stallknecht** D E, Shane S M, Kearney M T, Zwank P J (1990b):  
Persistence of avian influenza viruses in water.  
Avian Dis 34, 406–411

**Stallknecht** D E, Brown J D (2008):  
Ecology of Avian Influenza in Wild Bird.  
In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 43–58.  
ISBN: 9780813820477

**Statistisches Bundesamt** (Destatis) (2017):  
Land und Forstwirtschaft, Fischerei. Viehhaltung der Betriebe. Agrarstrukturerhebung 2016.  
Fachserie 3 Reihe 2.1.3, Artikelnr. 2030213169004.  
Verfügbar unter: [https://www.destatis.de/DE/Themen/Branchen-Unternehmen/Landwirtschaft-Forstwirtschaft-Fischerei/Tiere-Tierische-Erzeugung/Publikationen/Downloads-Tiere-und-tierische-Erzeugung/viehhaltung-2030213169004.pdf?\\_\\_blob=publicationFile](https://www.destatis.de/DE/Themen/Branchen-Unternehmen/Landwirtschaft-Forstwirtschaft-Fischerei/Tiere-Tierische-Erzeugung/Publikationen/Downloads-Tiere-und-tierische-Erzeugung/viehhaltung-2030213169004.pdf?__blob=publicationFile)

**Stilianakis** N I, Drossinos Y (2010):  
Dynamics of infectious disease transmission by inhalable respiratory droplet.  
J R Soc Interface, 7 (50), 1355–1366.  
DOI: 10.1098/rsif.2010.0026

**Suarez** D L (2008):  
Influenza A Virus  
In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub. 3-22.  
ISBN: 9780813820477

**Swayne** D E (2008a):  
Avian Influenza Control Strategies  
In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 287-297.  
ISBN: 9780813820477

**Swayne** D E (2008b):  
Epidemiology of Avian Influenza in Agricultural and Other Man-Made System  
In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 59-85.  
ISBN: 9780813820477

**Swayne D E, Kapczynski D R (2008):**

Vaccines, Vaccination, and Immunology for Avian Influenza Viruses in Poultry.

In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 407-451.

ISBN: 9780813820477

**Swayne D E, Pantin-Jackwood M (2008):**

Pathobiology of Avian Influenza Virus Infections in Birds and Mammal

In: Avian influenza. Swayne D E (Hrsg.), 1st ed., Ames Iowa: Blackwell Pub, 87-122.

ISBN: 9780813820477

**Takai H, Pedersen S, Johnsen J O, Metz J H M, Groot Koerkamp P W G, Uenk G H, Phillips V R, Holden M R, Sneath R W, Short J L, White R P, Hartung J, Seedorf J, Schröder M, Linkert K H, Wathes C M (1998):**

Concentrations and Emissions of Airborne Dust in Livestock Buildings in Northern Europe.

J Agric Eng Res 70 (1), 59–77.

DOI: 10.1006/jaer.1997.0280

**Terregino C, de Nardi R, Guberti V, Scremin M, Raffini E, Martin A M, Cattoli G, Bonfanti L, Capua I (2007):**

Active surveillance for avian influenza viruses in wild birds and backyard flocks in Northern Italy during 2004 to 2006.

Avian Pathol 36 (4), 337–344.

DOI: 10.1080/03079450701488345

**Therkildsen O R, Jensen T H, Handberg K J, Bragstad K, Jørgensen P H (2011):**

Low pathogenic avian influenza (H7N1) transmission between wild ducks and domestic ducks.

Zoonoses and Public Health 58 (5), 312–317.

DOI: 10.1111/j.1863-2378.2010.01375.x

**Thrusfield M V (2007):**

Veterinary epidemiology.

3. überarbeitete Auflage, Oxford: Blackwell Science.

ISBN: 1405156279

**Tierseuchennachrichtensystem (TSN) (2020):**

Abfrage: Feststellung HPAI bei gehaltenen Vögeln im Zeitraum 01.11.2016-31.05.2017.

Abgerufen am 16.10.2020 um 15:00 Uhr auf <https://tsn.fli.de/Auth/Forms/Login.Aspx?ReturnUrl=%2f>

**Tiwari A, Patnayak D P, Chander Y, Parsad M, Goyal S M (2006):**

Survival of Two Avian Respiratory Viruses on Porous and Nonporous Surface.

Avian Dis 50 (2), 284–287

**Torremorell M, Alonso C, Davies P R, Raynor P C, Patnayak D, Torchetti M, McCluskey B (2016):**

Investigation into the Airborne Dissemination of H5N2 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus During the 2015 Spring Outbreaks in the Midwestern United States.

Avian Dis 60 (3), 637–643.

DOI: 10.1637/11395-021816-Reg.1

**Tsukamoto** K, Imada T, Tanimura N, Okamatsu M, Mase M (2007):  
Impact of Different Husbandry Conditions on Contact and Airborne Transmission of H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus to Chickens.  
Avian Dis 51, 129–132

**Velkers** F C, Blokhuis S J, Veldhuis Kroeze Edwin J B, Burt Sara A (2017):  
The role of rodents in avian influenza outbreaks in poultry farms: a review.  
The Vet Quart 37 (1), 182–194.  
DOI: 10.1080/01652176.2017.1325537

**Verband Deutscher Putenerzeuger** (2013):  
Bundeseinheitliche Eckwerte für eine freiwillige Vereinbarung zur Haltung von Mastputen.  
Abgerufen am 30.01.2021 um 15:00 Uhr auf [https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/\\_Tiere/Tierschutz/ZDG-Eckwerte-Haltung-Mastputen.html](https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/_Tiere/Tierschutz/ZDG-Eckwerte-Haltung-Mastputen.html)

**Vučemilo** M, Matković K, Vinković B, Jakšić S, Granić K, Mas N (2007):  
The effect of animal age on air pollutant concentration in a broiler house.  
Czech Journal of Animal Science 52 (6), 170–174.  
DOI: 10.17221/2318-CJAS

**Vučemilo** M, Vinković B, Matković K (2006):  
Influence of broilers age on airborne pollutants content in poultry house.  
Krmiva: Časopis o hranidbi životinja, proizvodnji i tehnologiji krme 48 (1), 3–6

**Vučemilo** M, Vinković B, Tofant A, Simpraga B, Pavicic Z, Matković K (2005):  
Microbiological air contamination in intensive poultry breeding.  
ISAH 2002 – Warsaw, Poland (2), 127–129

**Walz** E, Linskens E, Umber J, Culhane M R, Halvorson D, Contadini F, Cardona C (2018):  
Garbage Management: An Important Risk Factor for HPAI-Virus Infection in Commercial Poultry Flocks.  
Frontiers Vet Sci 5, 5.  
DOI: 10.3389/fvets.2018.00005

**Webster** R G, Yakhno M, Hinshaw V S, Bean W J, Murti K C (1978):  
Intestinal influenza: Replication and Characterization of Influenza Viruses in Ducks.  
Virology 84 (2), 268–278.  
DOI: 10.1016/0042-6822(78)90247-7

**Werner** O, Kaleta E F (2012):  
Orthomyxoviridae.  
In: Kompendium der Geflügelkrankheiten. Siegmann O, Neumann U (Hrsg.), 7., überarbeitete Auflage, Hannover: Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Co. KG (Vet.Kolleg), 147–154.  
ISBN: 978-3-89993-083-2

**Wilcoxon** F (1945):  
Individual Comparisons by Ranking Methods.  
Biometrics Bulletin 1 (6), 80.  
DOI: 10.2307/3001968

**Xie X**, Li Y, Chwang A T Y, Ho P L, Seto W H (2007):

How far droplets can move in indoor environments--revisiting the Wells evaporation-falling curve.

Indoor Air 17 (3), 211–225.

DOI: 10.1111/j.1600-0668.2007.00469.x

**Yee K S**, Carpenter T E, Farver T B, Cardona C J (2009):

An evaluation of transmission routes for low pathogenicity avian influenza virus among chickens sold in live bird markets.

Virology 394 (1), 19–27.

DOI: 10.1016/j.virol.2009.08.017

**Ypma R J F**, Jonges M, Bataille A, Stegeman A, Koch G, van Boven M, Koopmans M, van Ballegooijen W M, Wallinga J (2013):

Genetic Data Provide Evidence for Wind-Mediated Transmission of Highly Pathogenic Avian Influenza.

J Infect Dis 207 (5), 730–735.

DOI: 10.1093/infdis/jis757

**Zhao Y**, Aarnink A J A, de Jong M C M, Groot Koerkamp P W G (2014):

Airborne Microorganisms from Livestock Production Systems and their Relation to Dust.

Crit Rev Env Sci Tec 44 (10), 1071–1128.

DOI: 10.1080/10643389.2012.746064

**Zuo Z**, Kuehn T H, Verma H, Kumar S, Goyal S M, Appert J, Raynor P C, Ge S, Pui D Y H (2013):

Association of Airborne Virus Infectivity and Survivability with its Carrier Particle Size.

Aerosol Sci Tech 47 (4), 373–382.

DOI: 10.1080/02786826.2012.754841

## 9 Verzeichnis der Rechtsvorschriften

**Tiergesundheitsgesetz** (TierGesG): Gesetz zur Vorbeugung vor und Bekämpfung von Tierseuchen (Tiergesundheitsgesetz - TierGesG). Fassung der Bekanntmachung vom 21. November 2018. BGBl. I S. 1938

**Richtlinie 2005/94/EG** des Rates vom 20. Dezember 2005 mit Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der Aviären Influenza und zur Aufhebung der Richtlinie 92/40/EWG (2005). Amtsblatt der Europäischen Union (L 10/16-L/65)

**Tierische Nebenprodukte-Beseitigungsgesetz** (TierNebG): Tierische Nebenprodukte-Beseitigungsgesetz Fassung der Bekanntmachung vom 25. Januar 2004. BGBl. I S. 82

**Verordnung (EG) Nr. 854/2004** des Europäischen Parlaments und des Rates vom 29. April 2004 mit besonderen Verfahrensvorschriften für die amtliche Überwachung von zum menschlichen Verzehr bestimmten Erzeugnissen tierischen Ursprungs. Amtsblatt der Europäischen Union (L 139/206)

**Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen** (TierSeuchAnzV): Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen. Fassung der Bekanntmachung vom 19. Juli 2011. BGBl. I S. 1404

**Geflügel-Salmonellen-Verordnung** (GeflSalmoV): Verordnung zum Schutz gegen bestimmte Salmonelleninfektionen beim Haushuhn und bei Puten (Geflügel-Salmonellen-Verordnung - GflSalmoV). Fassung der Bekanntmachung vom 17. Januar 2014. BGBl. I S. 58

**Geflügelpest-Verordnung** (GeflPestSchV): Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest (Geflügelpest-Verordnung). Fassung der Bekanntmachung vom 15. Oktober 2018. BGBl. I S. 1665, 2664

**Viehverkehrsverordnung** (ViehVerkV): Verordnung zum Schutz gegen die Verschleppung von Tierseuchen im Viehverkehr (Viehverkehrsverordnung - ViehVerkV). Fassung der Bekanntmachung vom 26. Mai 2020. BGBl. I S. 1170

**Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung** (TierSchNutzV): Verordnung zum Schutz landwirtschaftlicher Nutztiere und anderer zur Erzeugung tierischer Produkte gehaltener Tiere bei ihrer Haltung (Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung - TierSchNutzV). Fassung der Bekanntmachung vom 22. August 2006. BGBl. I S. 2043



## 10 Anhang

### 10.1 Teilstudie 1: Retrospektive Analyse der Biosicherheit in Putenbetrieben

#### 10.1.1 Inhalt der Checklisten zur Biosicherheit in geflügelhaltenden Betrieben

Tabelle 26: Inhalt der Checklistenvariablen und -variablenausprägungen sowie basisgebenden Rechtsgrundlagen nach Themenkomplexen mit vorangestelltem Tabellenschema

<b>Themenkomplex</b>		<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
VNr.	<b>Frage ungekürzt</b>		<b>G/V/E</b>
	<b>Variablenname (VARIABLENNAME in statistischer Auswertung)</b>	*	
	Antwort (Variablenausprägung)	*	Rechtsgrundlage/Empfehlung erfüllt/nicht erfüllt
VNr. = Variablennummer			
G/V/E = Gesetz/Verordnung/Empfehlung			
A	<b>Betriebsstruktur</b>	<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
10	<b>Wie viele Ställe gehören zum Betrieb?</b>		<b>keine</b>
	<b>Anzahl Tierstallungen (FARM_SIZE_1)</b> (Zahl)		
11	<b>Wie viele Tiere können maximal im Betrieb gehalten werden? (numerisch)</b>		<b>keine</b>
	<b>Anzahl Tierplätze (numerisch) (FARM_SIZE_2)</b> (Zahl)		
12	<b>Wie viele Tiere können maximal im Betrieb gehalten werden? (kategorial)</b>		<b>keine</b>
	<b>Anzahl Tierplätze (kategorial) (FARM_SIZE_3)</b>		
	Die maximale Anzahl der Tierplätze des Betriebes beträgt: 1-1000 (1).	1	
	Die maximale Anzahl der Tierplätze des Betriebes beträgt: 1001-2000 (2).	2	
	Die maximale Anzahl der Tierplätze des Betriebes beträgt: ...-... (3-75).	3-75	
	Die maximale Anzahl der Tierplätze des Betriebes beträgt: 75001 bis 76000 (76).	76	
15	<b>In welcher Betriebsart werden die Tiere gehalten (Stall, Freiland, Sonstiges)?</b>		<b>keine</b>
	<b>Haltungsart (FARM_TYPE)</b>		
	Die eingestallten Puten werden im Stall gehalten (1).	1	
	Die eingestallten Puten werden im Stall mit anschließendem Kaltscharrraum gehalten (2).	2	
	Die eingestallten Puten werden im Stall mit anschließendem Freilandauslauf gehalten (3).	3	

16	<b>Zu welchem Nutzen werden die Tiere gehalten (Elterntiere, Aufzucht, Mast)? Haltungsnutzen (FLOCK_USE)</b> Die gehaltenen Puten werden zu Aufzuchtswzwecken gehalten (1). Die gehaltenen Puten werden zu Mastzwecken gehalten (2). Die gehaltenen Puten werden zu Aufzucht- und Mastzwecken gehalten (3).	1 2 3	<b>keine</b>
37	<b>Welches Geschlecht haben die eingestellten Tiere? Geschlecht aktueller Bestand (FLOCK_SEX)</b> Der Bestand besteht aus männlichen Puten (1). Der Bestand besteht aus weiblichen Puten (2). Der Bestand besteht aus männlichen und weiblichen Puten (3).	1 2 3	<b>keine</b>
1	<b>Wird im Betrieb nach dem Rein-Raus-System verfahren? Rein-Raus-System Betrieb (FARM_ALLIN)</b> Nein, es erfolgt kein Rein-Raus-System im Betrieb (0). Ja, es erfolgt ein Rein-Raus-System im Betrieb (1).	0 1	<b>Empfehlung</b> nicht erfüllt erfüllt
23	<b>Wird je Stalleinheit nach dem Rein-Raus-System verfahren? Rein-Raus-System je Stalleinheit (STABLE_ALLIN)</b> Nein, es erfolgt kein Rein-Raus-System je Stall (0). Ja, es erfolgt ein Rein-Raus-System je Stall (1).	0 1	<b>Empfehlung</b> nicht erfüllt erfüllt
31	<b>Ist der Bestand belegt? Belegung aktuell (FLOCK_FULL_EMPTY)</b> Der Bestand ist zum Zeitpunkt der Erfassung nicht mit Puten belegt (0). Der Bestand ist zum Zeitpunkt der Erfassung mit Puten belegt (1).	0 1	<b>keine</b>
35	<b>Ist eine Stallkarte (nach Geflügelpestverordnung § 2 Abs. 2 Nr. 3) vorhanden? Stallkarte vorhanden (FLOCK_MAP)</b> Nein, es sind keine Stallkarten vorhanden (0). Ja, es sind Stallkarten vorhanden (1).	0 1	<b>GefIPestSchV § 2</b> nicht erfüllt erfüllt
36	<b>Ist ein Bestandsregister vorhanden? Bestandsregister vorhanden (FLOCK_REGISTER)</b> Nein, es ist kein Bestandsregister vorhanden (0). Ja, es ist ein Bestandsregister vorhanden (1).	0 1	<b>GefIPestSchV § 2</b> nicht erfüllt erfüllt
24	<b>Sind die Ein- und Ausgänge zu den Stallungen gegen unbefugten Zutritt gesichert? Sicherung Ein-/Ausgänge (STABLE_ENTRY)</b> Nein, die Ein- und Ausgänge zu den Stallungen sind nicht gegen unbefugten Zutritt gesichert (0). Ja, die Ein- und Ausgänge zu den Stallungen sind gegen unbefugten Zutritt gesichert (1).	0 1	<b>GefIPestSchV § 5</b> nicht erfüllt erfüllt

	<b>Ist die Auslaufhaltung gegen das Betreten unbefugter Personen gesichert?</b>		<b>GefIPestSchV § 6 und § 13</b>
74	<b>Sicherung Auslauf (ENCLOSURE)</b> Nein, die Auslaufhaltung ist nicht gegen das Betreten unbefugter Personen gesichert (0). Ja, die Auslaufhaltung ist gegen das Betreten unbefugter Personen gesichert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden/wird sonstige/sonstiges Tiere/Vieh gehalten?</b>		<b>keine</b>
2	<b>Haltung sonstiges Vieh (FARM_ANIMALS)</b> Nein, es werden keine anderen Tiere (Vieh) auf dem Betriebsgelände gehalten (0). Ja, es werden andere Tiere (Vieh) auf dem Betriebsgelände gehalten (1).	0 1	
	<b>Werden gleichzeitig Enten und Gänse gehalten?</b>		<b>keine</b>
3	<b>Haltung Enten/Gänse (FARM_DUCKS)</b> Nein, es werden gleichzeitig keine Enten und/oder Gänse auf dem Betriebsgelände gehalten (0). Ja, es werden gleichzeitig Enten und/oder Gänse auf dem Betriebsgelände gehalten (1).	0 1	
	<b>Verfügt der Betreiber des Betriebes über weitere Betriebsstätten zum Zeitpunkt der Erhebung?</b>		<b>keine</b>
18	<b>Betriebsstätten weitere vorhanden (FARM_OWNER_BARNs_1)</b> Nein, es sind keine weiteren Betriebsstätten des Betreibers vorhanden (0). Ja, es sind weitere Betriebsstätten des Betreibers vorhanden (1).	0 1	
	<b>Über wie viele weitere Betriebsstätten verfügt der Betreiber des Betriebes zum Zeitpunkt der Erhebung noch?</b>		<b>keine</b>
19	<b>Betriebsstätten weitere Anzahl (FARM_OWNER_BARNs_2)</b> (Zahl)	Zahl	
	<b>Über wie viele weitere Betriebsstätten verfügt der Betreiber des Betriebes zum Zeitpunkt der Erhebung noch?</b>		<b>keine</b>
20	<b>Betriebsstätten weitere Anzahl (FARM_OWNER_BARNs_3)</b> Der Betreiber des Betriebes verfügt über keine weitere Betriebsstätte (0). Der Betreiber des Betriebes verfügt über eine weitere Betriebsstätte (1). Der Betreiber des Betriebes verfügt über zwei weitere Betriebsstätten (2). Der Betreiber des Betriebes verfügt über drei und mehr weitere Betriebsstätten (3).	0 1 2 3	
	<b>Gehört der in der BSC genannte Betrieb zur RWS Agrarveredlung GmbH &amp; Co KG?</b>		<b>keine</b>
21	<b>Betrieb Zugehörigkeit RWS (FARM_OWNER_BARNs_4)</b> Nein, der Betrieb gehört nicht zur RWS Agrarveredlung GmbH & Co. KG (0). Ja, der Betrieb gehört zur RWS Agrarveredlung GmbH & Co. KG (1).	0 1	

B <b>Gesundheitskontrolle und Früherkennung</b>		V.a.	Rechtsgrundlage
	<b>Werden Eigenkontrollen durchgeführt?</b>		<b>GefiSalmoV § 34a</b>
28	<b>Eigenkontrollen Durchführung (FLOCK_CONTROL)</b> Nein, Eigenkontrollen werden nicht durchgeführt (0). Ja, Eigenkontrollen werden durchgeführt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden die Verluste je Tag eingetragen?</b>		<b>GefiPestSchV § 2</b>
30	<b>Verluste je Tag eingetragen (FLOCK_DAILY_DEAD)</b> Nein, die täglichen Verluste werden nicht eingetragen (0). Ja, die täglichen Verluste werden eingetragen (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden hygienebedingte Leerzeiten eingehalten?</b>		<b>GfiSalmoV Anl. zu § 2 Abs 1</b>
32	<b>Leerzeiteinhaltung vorhanden (FLOCK_IDLE_YESNO)</b> Nein, hygienebedingte Leerzeiten werden nicht eingehalten (0). Ja, hygienebedingte Leerzeiten werden eingehalten (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
C <b>GefiPestSchV § 4 AI-Verdacht</b>		V.a.	Rechtsgrundlage
	<b>Waren Untersuchungen nach Geflügelpestverordnung § 4 erforderlich?</b>		<b>GefiPestSchV § 4</b>
26	<b>US nach GefiPestSchV § 4 erforderlich (FLOCK_GPVO4_YESNO_1)</b> Nein, Untersuchungen nach GPVO § 4 waren nicht erforderlich (0). Ja, Untersuchungen nach GPVO § 4 waren erforderlich (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Wurden geeignete Untersuchungen (serologische/virologische) nach Geflügelpestverordnung § 4 durchgeführt?</b>		<b>GefiPestSchV § 4</b>
27	<b>US nach GefiPestSchV § 4 durchgeführt (FLOCK_GPVO4_YESNO_2)</b> Nein, geeignete Untersuchungen (serologische/virologische) nach GPVO § 4 wurden nicht durchgeführt (0). Ja, geeignete Untersuchungen (serologische/virologische) nach GPVO § 4 wurden durchgeführt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden/wurden erforderliche Proben von dem ermächtigten Tierarzt genommen?</b>		<b>GefiPestSchV § 4</b>
29	<b>Probennahme durch Tierarzt (FLOCK_CONTROL_VET)</b> Nein, Probenentnahmen erfolgen/erfolgten nicht durch den ermächtigten Tierarzt (0). Ja, Probenentnahmen erfolgen/erfolgten durch den ermächtigten Tierarzt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Gab es innerhalb von 24 Stunden Verluste von mehr als zwei Prozent (ab 100 Tiere)?</b>		<b>GefiPestSchV § 4</b>
33	<b>Verluste &gt; 2 % / 24 h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden (FLOCK_LOSS_FROM100)</b> Nein, innerhalb von 24 Stunden traten keine Verluste von mehr als zwei Prozent in einem Bestand ab 100 Tieren auf (0). Ja, innerhalb von 24 Stunden traten Verluste von mehr als zwei Prozent in einem Bestand ab 100 Tieren auf (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Gab es innerhalb von 24 Stunden Verluste von mehr als drei Tieren (bis 100 Tiere)?</b>		<b>GefiPestSchV § 4</b>
34	<b>Verluste &gt; 3 Tiere / 24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden (FLOCK_LOSS_TO100)</b> Nein, Innerhalb von 24 Stunden traten keine Verluste von mehr als drei Tieren bei einem Bestand von bis zu 100 Tieren auf (0). Ja, innerhalb von 24 Stunden traten Verluste von mehr als drei Tieren bei einem Bestand von bis zu 100 Tieren auf (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt

38	<b>Zeigt sich eine erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme?</b> <b>Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden (FLOCK_WEIGHT)</b> Nein, es gab keine erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme zum Negativen. Die Tiere nehmen wie erwartet zu (0). Ja, es gab eine erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme zum Negativen. Die Tiere nehmen weniger zu als erwartet (1).	0 1	<b>GefIPestSchV § 4</b> nicht erfüllt erfüllt
D	<b>Vorraum und Hygieneschleuse</b>	<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
39	<b>Ist in jedem Stall ein Vorraum mit der Möglichkeit zum Umziehen, zum Wechseln der Schuhe, zum Hände waschen und zum Reinigen und Desinfizieren von Gerätschaften vorhanden?</b> <b>Vorraum je Stall vorhanden (ANTEROOM_YESNO)</b> Nein, es ist nicht in jedem Stall ein Vorraum mit Möglichkeit zum Umziehen, Schuhwechsel, Händewaschen und Reinigen und Desinfizieren von Gerätschaften vorhanden (0). Ja, es ist in jedem Stall ein Vorraum mit Möglichkeit zum Umziehen, Schuhwechsel, Händewaschen und Reinigen und Desinfizieren von Gerätschaften vorhanden (1).	0 1	<b>GefIPestSchV § 6</b> nicht erfüllt erfüllt
41	<b>Ist ein Umkleideraum vorhanden?</b> <b>Umkleideraum je Stall vorhanden (CHANGEROOM_CLOTHES)</b> Nein, ein Umkleideraum ist nicht vorhanden (0). Ja, ein Umkleideraum ist vorhanden (1).	0 1	<b>Empfehlung</b> nicht erfüllt erfüllt
46	<b>Ist im Betrieb eine Hygieneschleuse mit Möglichkeit um Umziehen, zum Wechseln der Schuhe, zum Hände waschen und zum Reinigen und Desinfizieren von Gerätschaften vorhanden?</b> <b>Hygieneschleuse je Stall vorhanden (CHANGEROOM_YESNO)</b> Nein, im Betrieb ist keine Hygieneschleuse mit Möglichkeit zum Umziehen, Schuhwechsel, Händewaschen sowie Reinigen und Desinfizieren von Gerätschaften vorhanden (0). Ja, im Betrieb ist eine Hygieneschleuse mit Möglichkeit zum Umziehen, Schuhwechsel, Händewaschen sowie Reinigen und Desinfizieren von Gerätschaften vorhanden (1).	0 1	<b>GfISalmoV Anl. zu § 2 Abs. 1</b> nicht erfüllt erfüllt
40	<b>Kann die Hygieneschleuse nass gereinigt und desinfiziert werden?</b> <b>Hygieneschleuse R+D möglich (CHANGEROOM_CLEANDES)</b> Nein, die Hygieneschleuse kann nicht nass gereinigt und desinfiziert werden (0). Ja, die Hygieneschleuse kann nass gereinigt und desinfiziert werden (1).	0 1	<b>GfISalmoV Anl. zu § 2 Abs. 1</b> nicht erfüllt erfüllt
42	<b>Wird die Trennung in eine reine und eine unreine Seite durch geeignete Maßnahmen (Schuhdesinfektion, eigene Schuhe und Kittel für jeden Stall, etc.) direkt vor dem Stall sichergestellt, wenn sich die Hygieneschleuse nicht direkt vor dem Zugang zum Stall befindet?</b> <b>Trennung Schwarz-Weiß (CHANGEROOM_CUT)</b> Nein, die Hygieneschleuse befindet sich nicht direkt vor dem Zugang zum Stall Die Trennung in reine und unreine Seite wird nicht durch geeignete Maßnahmen direkt vor dem Stall sichergestellt (0). Ja, die Hygieneschleuse befindet sich nicht direkt vor dem Zugang zum Stall Die Trennung in reine und unreine Seite wird durch geeignete Maßnahmen direkt vor dem Stall sichergestellt (1).	0 1	<b>GfISalmoV Anl. zu § 2 Abs. 1</b> nicht erfüllt erfüllt

	<b>Ist das vorhandene Desinfektionsmittel wirksam gegen Geflügelpestviren, geprüft, gelistet und hat das Verwendbarkeitsdatum nicht überschritten?</b>		<b>Empfehlung</b>
45	<b>Desinfektionsmittel AI-Virus-wirksam (CHANGEROOM_DESSTUFF)</b> Nein, das vorhandene Desinfektionsmittel erfüllt eine oder mehrere der folgenden Punkte nicht: Wirksam gegen Geflügelpestviren, geprüft, gelistet, Verwendbarkeitsdatum nicht überschritten (0). Ja, das vorhandene Desinfektionsmittel erfüllt alle der folgenden Punkte: Wirksam gegen Geflügelpestviren, geprüft, gelistet, Verwendbarkeitsdatum nicht überschritten (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Ist eine betriebsbereite Einrichtung zum Waschen der Hände vorhanden?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
43	<b>Einrichtung Händereinigung vorhanden (CHANGEROOM_HANDS)</b> Nein, eine betriebsbereite Einrichtung zum Waschen der Hände ist nicht vorhanden (0). Ja, eine betriebsbereite Einrichtung zum Waschen der Hände ist vorhanden (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Ist eine Einrichtung zur Desinfektion der Schuhe ist vorhanden?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
44	<b>Einrichtung Schuhdesinfektion vorhanden (CHANGEROOM_SHOES)</b> Nein, eine Einrichtung zur Desinfektion der Schuhe ist nicht vorhanden (0). Ja, eine Einrichtung zur Desinfektion der Schuhe ist vorhanden (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
E	<b>Schutzkleidung</b>	<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
	<b>Ist bestandseigene Schutzkleidung oder Einwegkleidung vorhanden?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
49	<b>Schutzkleidung durch Betrieb gestellt (PROT_WEAR_YESNO)</b> Nein, bestandseigene Schutzkleidung oder Einwegkleidung ist nicht vorhanden (0). Ja, bestandseigene Schutzkleidung oder Einwegkleidung ist vorhanden (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Betreteten betriebsfremde Personen die Stallungen nur mit betriebsinterner Schutzkleidung?</b>		<b>GefIPestSchV § 5</b>
48	<b>Stallzutritt nur mit Schutzkleidung durch Betrieb gestellt (PROT_WEAR_EX)</b> Nein, betriebsfremde Personen betreten die Stallungen nicht mit betriebsinterner Schutzkleidung (0). Ja, betriebsfremde Personen betreten die Stallungen mit betriebsinterner Schutzkleidung (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Bringen die Ausstallfirmen gereinigte und desinfizierte Schutzkleidung mit und ziehen diese im Betrieb vor der Tätigkeit an?</b>		<b>GefIPestSchV § 5</b>
51	<b>Schutzkleidung durch Fremdfirma gestellt und genutzt (WEAR_EXT_CLEANDES_BU)</b> Nein, die Mitarbeiter der Ausstallfirma bringen keine gereinigte und desinfizierte Schutzkleidung mit, die sie vor Tätigkeit im Betrieb anziehen (0). Ja, die Mitarbeiter der Ausstallfirma bringen gereinigte und desinfizierte Schutzkleidung mit, die sie vor Tätigkeit im Betrieb anziehen (1). Die Ausstallung erfolgt nicht durch eine Fremdfirma (2).	0 1	nicht erfüllt erfüllt

50	<p><b>Wird die Kleidung nach dem Ausstallen im Betrieb ausgezogen und übernimmt die Ausstallfirma die Reinigung und Desinfektion der Schutzkleidung?</b>  <b>Schutzkleidung durch Fremdfirma entsorgt/R+D (WEAR_EXT_CLEANDES_AU)</b>          Nein, die Mitarbeiter der Ausstallfirma ziehen die Kleidung im Betrieb nicht aus und die Ausstallfirma übernimmt nicht deren Reinigung und Desinfektion oder Entsorgung (0).          Ja, die Mitarbeiter der Ausstallfirma ziehen die Kleidung im Betrieb aus und die Ausstallfirma übernimmt deren Reinigung und Desinfektion oder Entsorgung (1).          Die Ausstallung erfolgt nicht durch eine Fremdfirma (2).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 5</b>          nicht erfüllt          erfüllt</p>
52	<p><b>Stellt der Tierhalter sicher, dass die Personen gereinigte und desinfizierte Kleidung tragen?</b>  <b>Sicherstellung Tierhalter Stallzutritt mit Schutzkleidung (WEAR_INT_CLEANDES)</b>          Nein, der Tierhalter stellt nicht sicher, dass die bei der Ein- und Ausstallung beteiligten Personen gereinigte und desinfizierte Kleidung tragen (0).          Ja, der Tierhalter stellt sicher, dass die bei der Ein- und Ausstallung beteiligten Personen gereinigte und desinfizierte Kleidung tragen, auch wenn eine Fremdfirma dabei beteiligt ist (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 5</b>          nicht erfüllt          erfüllt</p>
47	<p><b>Wird die Schutzkleidung nach dem Gebrauch umgehend gereinigt und desinfiziert und genutzte Einwegkleidung über die schwarze Mülltonne entsorgt?</b>  <b>Schutzkleidung Entsorgung/R+D nach Nutzung (PROT_WEAR_CLEANDES)</b>          Nein, nach dem Gebrauch wird die Schutzkleidung nicht umgehend gereinigt und desinfiziert oder über die schwarze Mülltonne entsorgt (0).          Ja, nach dem Gebrauch wird die Schutzkleidung umgehend gereinigt und desinfiziert oder über die schwarze Mülltonne entsorgt (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 5</b>          nicht erfüllt          erfüllt</p>
53	<p><b>Stellt der Tierhalter sicher, dass die Kleidung nach dem Ausstallen umgehend gereinigt und desinfiziert wird?</b>  <b>Sicherstellung Tierhalter R+D Schutzkleidung nach Ausstallung (WEAR_INT_CLEANDES_AU)</b>          Nein, der Tierhalter stellt nicht sicher, dass die Kleidung nach dem Ausstallen umgehend gereinigt und desinfiziert oder entsorgt wird (0).          Ja, der Tierhalter stellt sicher, dass die Kleidung nach dem Ausstallen umgehend gereinigt und desinfiziert oder entsorgt wird. Dies erfolgt entweder durch den Tierhalter selbst oder durch eine Fremdfirma (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 5</b>          nicht erfüllt          erfüllt</p>
F	<p><b>Schutz vor Keimeintrag</b></p>	V.a.	<p><b>Rechtsgrundlage</b></p>
4	<p><b>Wird das Futter wildvogelsicher gelagert?</b>  <b>Lagerung Futter wildvogelsicher (FARM_FOOD_BIRDSAFE)</b>          Nein, das Futter ist nicht wildvogelsicher gelagert (0).          Ja, das Futter ist wildvogelsicher gelagert (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 3</b>          nicht erfüllt          erfüllt</p>
5	<p><b>Wird die Einstreu wildvogelsicher gelagert (allseitig geschlossene Halle, durch Netze oder Planen gesicherte offene Hallenseite, Rundballenmiete mit Folie und Vogelschutznetz, Lagerung im Stall, andere: beschreiben).</b>  <b>Lagerung Einstreu wildvogelsicher (FARM_LITTER_BIRDSAFE)</b>          Nein, die Einstreu ist nicht wildvogelsicher auf dem Betriebsgelände gelagert (0).          Ja, die Einstreu ist wildvogelsicher auf dem Betriebsgelände gelagert (1).          Die Einstreu ist nicht auf diesem Betriebsgelände gelagert (2).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 3</b>          nicht erfüllt          erfüllt</p>

	<b>Werden die Gegenstände, mit denen Geflügel in Berührung kommen kann, wildvogelsicher gelagert (Treibhilfen, Einstreumaschinen, Krankenstallgitter)?</b>		<b>GefIPestSchV § 3</b>
13	<b>Lagerung Gegenstände mit Geflügelkontakt wildvogelsicher (FARM_STUFF_BIRDSAFE)</b> Nein, die Gegenstände, die mit dem Geflügel in Berührung kommen, sind nicht wildvogelsicher gelagert (0). Ja, die Gegenstände, die mit dem Geflügel in Berührung kommen, sind wildvogelsicher gelagert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden die eingesetzten Gerätschaften nach jeder Ein- und Ausstallung gereinigt und desinfiziert?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
14	<b>Geräte R+D nach Ein-/Ausstallung (FARM_STUFF_CLEANDES_USE)</b> Nein, die eingesetzten Gerätschaften werden nicht nach jeder Ein- bzw. Ausstallung gereinigt und desinfiziert (0). Ja, die eingesetzten Gerätschaften werden nach jeder Ein- bzw. Ausstallung gereinigt und desinfiziert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden die Stallungen und deren Einrichtungen nach jeder Ausstallung gereinigt und desinfiziert?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
25	<b>Stallungen und Einrichtung R+D nach Ein-/Ausstallung (STABLE_STUFF_CLEANDES_OUT)</b> Nein, die Stallungen und deren Einrichtungen werden nicht nach jeder Ausstallung gereinigt und desinfiziert (0). Ja, die Stallungen und deren Einrichtungen werden nach jeder Ausstallung gereinigt und desinfiziert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Sind die Abluftschächte von schwerkraftgelüfteten Ställen senkrecht abgegittert?</b>		<b>Empfehlung</b>
22	<b>Abluftschächte Gitterung senkrecht (STABLE_AIRVENTIDUCT)</b> Nein, Abluftschächte von schwerkraftgelüfteten Ställen sind nicht senkrecht abgegittert (0). Ja, Abluftschächte von schwerkraftgelüfteten Ställen sind senkrecht abgegittert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Wo wird die Einstreu gelagert?</b>		<b>keine</b>
6	<b>Lagerung Einstreu Ort (FARM_LITTER_PLACE)</b> Die Einstreu wird in einer Halle oder Scheune gelagert (1). Die Einstreu wird im Stall gelagert (2). Die Einstreu wird in einer Miete gelagert (3). Die Einstreu wird an einem anderen Ort als Halle, Scheune, Stall oder Miete gelagert (4).	1 2 3 4	
	<b>Welche Art der Einstreu wird verwendet?</b>		<b>keine</b>
7	<b>Art der Einstreu (FARM_LITTER_TYPE)</b> Als Einstreu wird Stroh verwendet (1). Als Einstreu wird Späne verwendet (2).	1 2	
G	<b>Fahrzeuge</b>	<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
	<b>Werden betriebseigene (Viehtransport-)Fahrzeuge eingesetzt?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
55	<b>Nutzung Fahrzeuge betriebseigen (VEC_OWN_YESNO)</b> Nein, es werden keine eigenen (Vieh-)Transportfahrzeuge eingesetzt (0). Ja, es werden eigene (Vieh-)Transportfahrzeuge eingesetzt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Gerätschaften überbetrieblich eingesetzt?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
58	<b>Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich (VEC_OVER_YESNO)</b> Nein, Fahrzeuge, Maschinen und Geräte werden nicht überbetrieblich eingesetzt (0). Ja, Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Gerätschaften werden überbetrieblich eingesetzt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt



57	<p><b>Werden überbetrieblich eingesetzte Fahrzeuge, Maschinen und Geräte vor der Abgabe an den anderen Betrieb gereinigt und desinfiziert?</b></p> <p><b>Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D vor Nutzung (VEC_OVER_CLEANDES_BU)</b>          Nein, Fahrzeuge, Maschinen und Geräte werden überbetrieblich eingesetzt und nicht vor Abgabe an den anderen Betrieb gereinigt und desinfiziert (0).          Ja, Fahrzeuge, Maschinen und Geräte werden überbetrieblich eingesetzt und vor Abgabe an den anderen Betrieb gereinigt und desinfiziert (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 6</b></p> <p>nicht erfüllt erfüllt</p>
56	<p><b>Werden Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Gerätschaften überbetrieblich eingesetzt, jedoch nach jeder Benutzung gereinigt und desinfiziert?</b></p> <p><b>Nutzung Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung (VEC_OVER_CLEANDES_AU)</b>          Nein, Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Geräte werden überbetrieblich eingesetzt und nicht nach jeder Benutzung gereinigt und desinfiziert (0).          Ja, Fahrzeuge, Maschinen und sonstige Geräte werden überbetrieblich eingesetzt und nach jeder Benutzung gereinigt und desinfiziert (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 6</b></p> <p>nicht erfüllt erfüllt</p>
54	<p><b>Werden die Fahrzeuge unmittelbar nach jedem Transport gereinigt und desinfiziert?</b></p> <p><b>Fahrzeuge R+D nach Transport (VEC_CLEANDES_ATRANS)</b>          Nein, die Fahrzeuge werden nicht unmittelbar nach jedem Transport gereinigt und desinfiziert (0).          Ja, die Fahrzeuge werden unmittelbar nach jedem Transport gereinigt und desinfiziert (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 6</b></p> <p>nicht erfüllt erfüllt</p>
17	<p><b>Ist der Waschplatz zum Reinigen und Desinfizieren der Fahrzeuge befestigt?</b></p> <p><b>Waschplatz für R+D Fahrzeuge befestigt (FARM_WASHAREA)</b>          Nein, der Waschplatz zum Reinigen und Desinfizieren der Fahrzeuge ist nicht befestigt (0).          Ja, der Waschplatz zum Reinigen und Desinfizieren der Fahrzeuge ist befestigt (1).</p>		<p><b>GefIPestSchV § 6</b></p> <p>nicht erfüllt erfüllt</p>
9	<p><b>Ist eine Auffanggrube für Waschwasser vorhanden?</b></p> <p><b>Auffanggrube für Waschwasser vorhanden (FARM_PIT_YESNO)</b>          Nein, eine Auffanggrube für Waschwasser ist nicht vorhanden (0).          Ja, eine Auffanggrube für Waschwasser ist vorhanden (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 6</b></p> <p>nicht erfüllt erfüllt</p>
59	<p><b>Erfolgen die Reinigung und Desinfektion der Fahrzeuge über Dritte?</b></p> <p><b>Fahrzeuge R+D durch Dritte (VEC_WASHER)</b>          Nein, die Reinigung und Desinfektion der Fahrzeuge erfolgt nicht über Dritte (0).          Ja, die Reinigung und Desinfektion der Fahrzeuge erfolgt über Dritte (1).          Teilweise, die Reinigung und Desinfektion der Fahrzeuge erfolgt auch über Dritte (2).</p>	0 1 2	<p><b>keine</b></p>
8	<p><b>Wird der Verladeplatz nach jeder Ein- und Ausstallung gereinigt und desinfiziert?</b></p> <p><b>Verladeplatz R+D nach Ein-/Ausstallung (FARM_LOAD_CLEANDES)</b>          Nein, der Verladeplatz wird nicht nach jeder Ein- und Ausstallung gereinigt und desinfiziert (0).          Ja, der Verladeplatz wird nach jeder Ein- und Ausstallung gereinigt und desinfiziert (1).</p>	0 1	<p><b>GefIPestSchV § 6</b></p> <p>nicht erfüllt erfüllt</p>

H	<b>Schadnagerbekämpfung</b>	<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
	<b>Wird eine Schadnagerbekämpfung durchgeführt?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
63	<b>Schadnagerbekämpfung vorhanden (ROD_ANTI_YESNO)</b> Nein, es wird keine Schadnagerbekämpfung durchgeführt (0). Ja, es wird eine Schadnagerbekämpfung durchgeführt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Wird die Schadnagerbekämpfung durch eine Fachfirma durchgeführt?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
61	<b>Schadnagerbekämpfung durch Fachfirma (ROD_ANTI_FIRM)</b> Nein, die Schadnagerbekämpfung wird nicht durch eine Fachfirma durchgeführt (0). Ja, die Schadnagerbekämpfung wird durch eine Fachfirma durchgeführt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Wird die Schadnagerbekämpfung durch den Tierhalter selbst durchgeführt?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
62	<b>Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter (ROD_ANTI_OWEN)</b> Nein, der Tierhalter führt die Schadnagerbekämpfung nicht selbst durch (0). Ja, der Tierhalter führt die Schadnagerbekämpfung selbst durch (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Wird die Schadnagerbekämpfung dokumentiert?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
60	<b>Schadnagerbekämpfung dokumentiert (ROD_ANTI_DOC)</b> Nein, die Schadnagerbekämpfung wird nicht dokumentiert (0). Ja, die Schadnagerbekämpfung wird dokumentiert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Werden die Köderboxen regelmäßig kontrolliert?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
64	<b>Köderboxen regelmäßig kontrolliert (ROD_BAIT_CONTROL)</b> Nein, die Köderboxen werden nicht regelmäßig kontrolliert (0). Ja, die Köderboxen werden regelmäßig kontrolliert (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Sind ausreichend Köderboxen vorhanden?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
65	<b>Köderboxen ausreichend vorhanden (ROD_BAIT_ENOUGH)</b> Nein, es sind nicht ausreichend Köderboxen vorhanden (0). Ja, es sind ausreichend Köderboxen vorhanden (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Sind die Köderboxen mit Ködern beschickt?</b>		<b>GefIPestSchV § 6</b>
66	<b>Köderboxen ausreichend beschickt (ROD_BAIT_FEED)</b> Nein, die Köderboxen sind nicht ausreichend mit Ködern beschickt (0). Ja, die Köderboxen sind ausreichend mit Ködern beschickt (1).	0 1	nicht erfüllt erfüllt
	<b>Ist ein Schadnagerbefall ersichtlich?</b>		<b>keine</b>
67	<b>Schadnagerbefall ersichtlich (ROD_EXIST)</b> Ja, ein Schadnagerbefall ist ersichtlich (0). Nein, Schadnagerbefall ist nicht ersichtlich (1).	0 1	

I	<b>Kadavermanagement</b>	<b>V.a.</b>	<b>Rechtsgrundlage</b>
72	<b>Sind separate Sammelbehälter für Kadaver für jede Stalleinheit (z.B. Schubkarre) vorhanden?</b> <b>Sammelbehälter je Stall vorhanden (CAD_STABLE)</b> Nein, separate Sammelbehälter für Kadaver sind nicht in jeder Stalleinheit vorhanden (0). Ja, separate Sammelbehälter für Kadaver sind in jeder Stalleinheit vorhanden (1). Es ist kein Sammelbehälter für Kadaver notwendig (2).	0 1 2	<b>GeflPestSchV § 6</b>  nicht erfüllt erfüllt erfüllt
73	<b>Werden die Kadaver "ausgeschleust", also möglichst nicht durch den Hygieneraum aus dem Tierbereich entfernt?</b> <b>Kadaverentfernung nicht durch Hygieneraum (CAD_TRANS)</b> Nein, die Kadaver werden nicht "ausgeschleust" und durch den Vorraum (Hygieneschleuse) aus dem Tierbereich verbracht (0). Ja, die Kadaver werden "ausgeschleust" und nicht durch den Vorraum (Hygieneschleuse) aus dem Tierbereich verbracht (1).	0 1	<b>Empfehlung</b>  nicht erfüllt erfüllt
70	<b>Liegt der Kadavercontainerstellplatz stallfern, sodass das VTN-Fahrzeug weder auf den Hof noch in Stallnähe fahren muss?</b> <b>Kadavercontainerstellplatz stallfern (CAD_FARAWAY)</b> Nein, der Stellplatz für den Kadavercontainer befindet sich nicht stallfern, sodass das VTN-Fahrzeug den Hof oder in die Nähe der Stallungen fahren muss (0). Ja, der Stellplatz für den Kadavercontainer befindet sich stallfern, sodass das VTN-Fahrzeug nicht auf den Hof oder in die Nähe der Stallungen fahren muss (1). Der Stellplatz für den Kadavercontainer ist nicht benannt. Der Abholplatz für den Kadavercontainer ist stallfern gelegen (2).	0 1 2	<b>GeflPestSchV § 6</b>  nicht erfüllt erfüllt erfüllt
71	<b>Ist ein geschlossener und auslaufsicherer Kadavercontainer vorhanden?</b> <b>Kadavercontainer geschlossen und auslaufsicher (CAD_SAFE)</b> Nein, ein geschlossener und auslaufsicherer Kadavercontainer ist nicht vorhanden (0). Ja, ein geschlossener und auslaufsicherer Kadavercontainer ist vorhanden (1).	0 1	<b>GeflPestSchV § 6</b>  nicht erfüllt erfüllt
69	<b>Ist eine Kühlung des Kadaverbehälters bis zur Abholung der Kadaver vorhanden?</b> <b>Kadavercontainer mit Kühlung vorhanden (CAD_COOL)</b> Nein, eine Kühlung bis zur Abholung der Kadaver ist nicht vorhanden (0). Ja, eine Kühlung bis zur Abholung der Kadaver ist vorhanden (1).	0 1	<b>GeflPestSchV § 6</b>  nicht erfüllt erfüllt
68	<b>Wird der Kadaverbehälter nach jeder Tierkörperabholung gereinigt und desinfiziert?</b> <b>Kadavercontainer R+D nach Abholung (CAD_CLEANDES)</b> Nein, der Kadavercontainer wird nicht nach jeder Tierkörperabholung gereinigt und desinfiziert (0). Ja, der Kadavercontainer wird nach jeder Tierkörperabholung gereinigt und desinfiziert (1).	0 1	<b>TierNebG § 10</b>  nicht erfüllt erfüllt

GeflPestSchV: Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest

GflSalmoV: Verordnung zum Schutz gegen bestimmte Salmonelleninfektionen beim Haushuhn und bei Puten

TierNebG: Tierische Nebenprodukte-Beseitigungsgesetz

### 10.1.2 Deskriptive Analyse der Checklisten

Tabelle 27: Anzahl und prozentualer Anteil der Betriebe je Variable und Untergruppe mit Biosicherheitsdefiziten

n =	276	163	27	78	8	276	163	27	78	8	241	35
VNr Variablenkurzbezeichnung	Anzahl der Betriebe beider Landkreise	Anzahl H5Nx-negativer Betriebe im Landkreis Cloppenburg	Anzahl H5Nx-positiver Betriebe im Landkreis Cloppenburg	Anzahl H5Nx-negativer Betriebe im Landkreis Oldenburg	Anzahl H5Nx-positiver Betriebe im Landkreis Oldenburg	Anteil der Betriebe beider Landkreise in %	Anteil H5Nx-negativer Betriebe im Landkreis Cloppenburg in %	Anteil H5Nx-positiver Betriebe im Landkreis Cloppenburg in %	Anteil H5Nx-negativer Betriebe im Landkreis Oldenburg in %	Anteil H5Nx-positiver Betriebe im Landkreis Oldenburg in %	Anteil H5Nx-negativer Betriebe beider Landkreise in %	Anteil H5Nx-positiver Betriebe beider Landkreise in %
<b>Betriebsstruktur</b>												
1 kein Rein-Raus-System je Betrieb	11	10	1	0	0	3,99	6,13	3,70	0,00	0,00	4,15	2,86
23 kein Rein-Raus-System je Stalleinheit	149	122	26	1	0	53,99	74,85	96,30	1,28	0,00	51,04	74,29
35 keine Stallkarte vorhanden	1	1	0	0	0	0,36	0,61	0,00	0,00	0,00	0,41	0,00
36 kein Bestandsregister vorhanden	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
24 keine Sicherung der Ein-/Ausgänge	2	2	0	0	0	0,72	1,23	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00
74 keine Sicherung des Auslaufs	2	2	0	0	0	0,72	1,23	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00
2 gleichzeitige Haltung weiteren Viehs	61	30	8	21	2	22,10	18,40	29,63	26,92	25,00	21,16	28,57
3 gleichzeitige Haltung Enten/Gänse	3	2	1	0	0	1,09	1,23	3,70	0,00	0,00	0,83	2,86
<b>Gesundheitskontrolle und Früherkennung</b>												
28 keine Durchführung von Eigenkontrollen	12	11	1	0	0	4,35	6,75	3,70	0,00	0,00	4,56	2,86
30 kein Eintrag der Verluste je Tag	3	3	0	0	0	1,09	1,84	0,00	0,00	0,00	1,24	0,00
32 keine Einhaltung der Leerzeiten	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>GeflPestSchV § 4 AI-Verdacht</b>												
26 US nach GeflPestSchV § 4 war erforderlich	39	22	7	10	0	14,13	13,50	25,93	12,82	0,00	13,28	20,00
27 US nach GeflPestSchV § 4 wurde durchgeführt	59	37	11	10	1	21,38	22,70	40,74	12,82	12,50	19,50	34,29

29 Probennahme erfolgte durch Tierarzt	199	100	16	75	8	72,10	61,35	59,26	96,15	100,00	72,61	68,57
33 Verluste > 2 % / 24 h (Bestand ab 100 Tiere) vorhanden	33	24	7	2	0	11,96	14,72	25,93	2,56	0,00	10,79	20,00
34 Verluste > 3 Tiere / 24 h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	27	15	10	2	0	9,78	9,20	37,04	2,56	0,00	7,05	28,57
38 erhebliche Veränderung der Gewichtszunahme vorhanden	24	16	7	1	0	8,70	9,82	25,93	1,28	0,00	7,05	20,00
<b>Vorraum/Hygienschleuse</b>												
39 kein Vorraum je Stall vorhanden	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
41 kein Umkleideraum je Stall vorhanden	61	15	0	41	5	22,10	9,20	0,00	52,56	62,50	23,24	14,29
46 keine Hygienschleuse je Stall vorhanden	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
40 keine R+D der Hygienschleuse möglich	5	4	0	0	1	1,81	2,45	0,00	0,00	12,50	1,66	2,86
42 keine „schwarz-weiß“ Trennung	1	0	0	1	0	0,36	0,00	0,00	1,28	0,00	0,41	0,00
45 Desinfektionsmittel nicht AI-Virus-wirksam	18	16	1	1	0	6,52	9,82	3,70	1,28	0,00	7,05	2,86
43 keine Einrichtung zur Händereinigung vorhanden	2	0	0	1	1	0,72	0,00	0,00	1,28	12,50	0,41	2,86
44 keine Einrichtung zur Schuhdesinfektion vorhanden	4	1	0	3	0	1,45	0,61	0,00	3,85	0,00	1,66	0,00
<b>Schutzkleidung</b>												
49 Schutzkleidung nicht durch Betrieb gestellt	2	2	0	0	0	0,72	1,23	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00
48 Stallzutritt nicht mit betriebseigener Schutzkleidung	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
51 Schutzkleidung wird nicht durch Fremdfirma gestellt und genutzt	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
50 Schutzkleidung nicht durch Fremdfirma entsorgt/R+D	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
52 keine Sicherstellung durch Tierhalter, dass Stallzutritt nur mit Schutzkleidung	27	25	2	0	0	9,78	15,34	7,41	0,00	0,00	10,37	5,71
47 keine Entsorgung/R+D der Schutzkleidung nach Nutzung	1	0	0	0	1	0,36	0,00	0,00	0,00	12,50	0,00	2,86
53 keine Sicherstellung durch Tierhalter: R+D Schutzkleidung nach Ausstallung	26	23	2	1	0	9,42	14,11	7,41	1,28	0,00	9,96	5,71
<b>Schutz vor Keimeintrag</b>												
4 Futter nicht wildvogelsicher gelagert	2	2	0	0	0	0,72	1,23	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00
5 Einstreu nicht wildvogelsicher gelagert	80	60	9	9	2	28,99	36,81	33,33	11,54	25,00	28,63	31,43
13 Gegenstände mit Geflügelkontakt nicht wildvogelsicher gelagert	25	19	4	0	2	9,06	11,66	14,81	0,00	25,00	7,88	17,14
14 keine R+D der Geräte nach jeder Ein-/Ausstallung	4	3	1	0	0	1,45	1,84	3,70	0,00	0,00	1,24	2,86
25 keine R+D der Stallungen und Einrichtung nach Ein-/Ausstallung	2	2	0	0	0	0,72	1,23	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00
22 Abluftschächte nicht senkrecht gegittert	33	3	0	27	3	11,96	1,84	0,00	34,62	37,50	12,45	8,57

<b>Fahrzeuge</b>												
55 Nutzung betriebsfremder (Viehtransport-)Fahrzeuge	36	30	6	0	0	13,04	18,40	22,22	0,00	0,00	12,45	17,14
58 Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich genutzt	25	0	0	23	2	9,06	0,00	0,00	29,49	25,00	9,54	5,71
57 Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich genutzt, keine R+D davor	98	91	7	0	0	35,51	55,83	25,93	0,00	0,00	37,76	20,00
56 Fahrzeuge/Maschinen/Gerätschaften überbetrieblich genutzt, keine R+D danach	137	117	16	4	0	49,64	71,78	59,26	5,13	0,00	50,21	45,71
54 keine R+D der Fahrzeuge nach dem Transport	12	10	2	0	0	4,35	6,13	7,41	0,00	0,00	4,15	5,71
17 Waschplatz für R+D Fahrzeuge ist nicht befestigt	2	1	1	0	0	0,72	0,61	3,70	0,00	0,00	0,41	2,86
9 Auffanggrube für Waschwasser ist nicht vorhanden	1	0	1	0	0	0,36	0,00	3,70	0,00	0,00	0,00	2,86
8 keine R+D des Verladeplatzes nach der Ein-/Ausstellung	1	1	0	0	0	0,36	0,61	0,00	0,00	0,00	0,41	0,00
<b>Schadnagerbekämpfung</b>												
63 keine Schadnagerbekämpfung	0	0	0	0	0	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
61 keine Schadnagerbekämpfung durch Fachfirma	34	12	1	19	2	12,32	7,36	3,70	24,36	25,00	12,86	8,57
62 keine Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	204	126	18	54	6	73,91	77,30	66,67	69,23	75,00	74,69	68,57
60 keine Dokumentation der Schadnagerbekämpfung	2	2	0	0	0	0,72	1,23	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00
64 keine regelmäßige Kontrolle der Köderboxen	2	1	0	0	1	0,72	0,61	0,00	0,00	12,50	0,41	2,86
65 nicht ausreichend Köderboxen vorhanden	6	1	0	3	2	2,17	0,61	0,00	3,85	25,00	1,66	5,71
67 Schadnagerbefall ersichtlich	1	1	0	0	0	0,36	0,61	0,00	0,00	0,00	0,41	0,00
66 Köderboxen nicht ausreichend beschickt	3	2	0	0	1	1,09	1,23	0,00	0,00	12,50	0,83	2,86
<b>Kadavermanagement</b>												
72 kein Sammelbehälter je Stall vorhanden	41	31	5	2	3	14,86	19,02	18,52	2,56	37,50	13,69	22,86
73 Kadaverentfernung erfolgt durch Hygieneraum	5	5	0	0	0	1,81	3,07	0,00	0,00	0,00	2,07	0,00
70 Kadavercontainerstellplatz nicht stallfern	29	19	1	5	4	10,51	11,66	3,70	6,41	50,00	9,96	14,29
71 Kadavercontainer nicht geschlossen und auslaufsicher	8	4	2	2	0	2,90	2,45	7,41	2,56	0,00	2,49	5,71
69 Kadavercontainer ohne Kühlung	36	18	3	13	2	13,04	11,04	11,11	16,67	25,00	12,86	14,29
68 keine R+D des Kadavercontainers nach der Abholung	84	53	10	20	1	30,43	32,52	37,04	25,64	12,50	30,29	31,43

## 10.1.3 Modelle

Tabelle 28: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 1 (full model)

Modell 1 (full model)	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	Logistische Regression:						
					crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	P (Wald's Test) P(LR-Test)
Länge des Datensatzes: 84											
Intercept	-5,6244	2,1831	-2,5760	0,0100							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	-30,2753	4061,3396	-0,0070	0,9941	0,0000	0,0000	Inf	0,0000	0,0000	Inf	0,9940
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	1,7062	1,3017	1,3110	0,1899	14,2200	1,6900	119,8600	5,5100	0,4300	70,6300	0,1900
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	16,0916	2884,4510	0,0060	0,9956	14,6700	3,1100	69,1700	9738444,2000	0,0000	Inf	0,9960
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	-14,4798	288,4510	-0,0050	0,9960	16,7500	3,4900	80,3300	0,0000	0,0000	Inf	0,9960
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	0,9795	0,9267	1,0570	0,2905	6,8200	1,5400	30,2000	2,6600	0,4300	16,3800	0,2910
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	0,9491	1,0293	0,9220	0,6265	5,4500	1,2900	22,9300	2,5800	0,3400	19,4200	0,3560
Anzahl Tierstallungen	0,4879	0,5610	0,9640	0,3350	1,0900	0,6100	1,9800	1,6800	0,6000	4,3900	0,3350
Nullabweichung	57,2040 bei 83 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	34,5240 bei 76 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>50,5243</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	19										
Log-likelihood	-17,2622										
Nummer der Beobachtungen	84										
											Farblegende: größter p-Wert verworfenen Variablen

Tabelle 29: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 2

Modell 2 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: NA											
Intercept	-6,4493	2,1942	-2,9390	0,0033							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	-16,1071	1885,8989	-0,0090	0,9932	0,0000	0,0000	Inf	0,0000	0,0000	Inf	0,9930
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,0982	1,0970	1,7350	0,0828	16,7100	2,0100	138,7300	8,1500	0,7600	87,2800	0,0830
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,8402	0,9816	1,8750	0,0608	12,0300	2,7500	52,6700	6,3000	0,9200	43,1200	0,0610
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	0,8186	0,9015	0,9080	0,3639	5,1700	1,3100	20,3300	2,0270	0,3900	13,2700	0,3640
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	0,9417	0,9925	0,9490	0,3427	4,7100	1,2000	18,5000	2,5600	0,3700	17,9400	0,3430
Anzahl Tierstallungen	0,6703	0,1955	1,3530	0,1761	1,1500	0,6500	2,0400	1,9500	0,7400	5,1600	0,1760
Nullabweichung	62,7900 bei 89 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	37,5900 bei 83 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>51,5902</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	18										
Log-likelihood	-18,7951										
Nummer der Beobachtungen	90										
											Farblgende: größer p-Wert verworfen Variablen



Tabelle 30: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 3

Modell 3 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 93											
Intercept	-7,0267	2,1665	-3,2430	0,0012							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,4289	1,1879	2,0450	0,0409	16,7600	2,0200	138,8500	11,3500	1,1100	116,4100	0,0410
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,8641	1,0000	1,8640	0,0623	11,5000	2,6500	49,9900	6,4500	0,9100	45,7900	0,0620
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,1063	0,8812	1,2550	0,2093	5,0500	1,2900	19,7800	3,0200	0,5400	17,0000	0,2090
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	0,9269	0,9919	0,9340	0,3501	4,9300	1,2600	19,3200	2,5300	0,3600	17,6500	0,3500
Anzahl Tierstallungen	0,6661	0,4908	1,3570	0,1748	1,1800	0,6700	2,0800	1,9500	0,7400	5,0900	0,1750
Nullabweichung	63,4840	bei 92 Freiheitsgraden									
Residualabweichung	39,6510	bei 87 Freiheitsgraden									
<b>AIC-Wert</b>	<b>51,6514</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	7										
Log-likelihood	-19,8257										
Nummer der Beobachtungen	93										
											Farblegende:
											größter p-Wert
											verworfenen Variablen

Tabelle 31: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 4

Modell 4 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 97											
Intercept	-5,9934	1,7356	-3,4530	0,0006							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,1296	1,1393	1,8690	0,0616	14,7300	1,7800	121,5500	8,4100	0,9000	78,4500	0,0620
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,8063	0,8590	2,1030	0,0355	10,3500	2,4100	44,4600	6,0900	1,1300	32,7800	0,0350
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,6335	0,8010	2,0390	0,0414	5,3700	1,3700	20,9900	5,1200	1,0700	24,6100	0,0410
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	0,3660	0,4084	0,8960	0,3701	1,1500	0,6600	2,0000	1,4400	0,6500	3,2100	0,3700
Nullabweichung	64,3740 bei 96 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	42,9490 bei 92 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>52,9493</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	7										
Log-likelihood	-21,4746										
Nummer der Beobachtungen	97										
											Farblegende:
											größter p-Wert
											verworfenen Variablen

Tabelle 32: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 5 (finale Modell A)

Modell 5 (final Modell A) Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes. 97											
Intercept	-4,9440	1,1417	-4,3300	0,0000							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflügelpestSchV § 4 durchgeführt	2,1572	1,1424	1,8880	0,0590	14,7300	1,7800	121,5500	8,6500	0,9200	81,1600	0,0590
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,6346	0,8241	1,9840	0,0473	10,3500	2,4100	44,4600	5,1300	1,0200	25,7800	0,0470
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,5992	0,7905	2,0230	0,0431	5,3700	1,3700	20,9900	4,9500	1,0500	23,3000	0,0430
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Nullabweichung	64,3740 bei 96 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	43,7490 bei 93 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>51,7485</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	7										
Log-likelihood	-21,8743										
Nummer der Beobachtungen	97										
											Farblegende:
											größter p-Wert
											verworfenen Variablen

Tabelle 33: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 6

Modell 6 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 122											
Intercept	-3,6793	0,6329	-5,8130	0,0000							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	2,0129	0,6982	2,8830	0,0039	7,5000	2,0100	27,9900	7,4800	1,9000	29,4100	0,0040
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,5773	0,6950	2,2700	0,0232	4,8500	1,3600	17,3800	4,8400	1,2400	18,9000	0,0230
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Nullabweichung	73,9120 bei 121 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	59,4530 bei 119 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>65,4532</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	6										
Log-likelihood	-29,7266										
Nummer der Beobachtungen	122										
											Farblegende: größter p-Wert verworfenen Variablen

Tabelle 34: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 7

Modell 7 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 119											
Intercept	-3,2363	0,6423	-5,0380	0,0000							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	-16,6846	1902,6962	-0,0090	0,9930	0,0000	0,0000	Inf	0,0000	0,0000	Inf	0,9930
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,7833	0,7045	2,5310	0,0114	7,7000	2,0600	2885,0000	5,9500	1,5000	23,6700	0,0110
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetriebl. R+D nach Nutzung	1,3417	0,7005	1,9150	0,0555	4,9700	1,3800	17,8600	3,8300	0,9700	15,1000	0,0550
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Nullabweichung	73,3370 bei 118 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	55,8890 bei 115 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>63,8893</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	18										
Log-likelihood	-27,9447										
Nummer der Beobachtungen	119										
											Farblegende: größer p-Wert verworfen Variablen

Tabelle 35: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 8

Modell 8 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 108											
Intercept	-3,6790	0,6590	-5,5830	0,0000							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,1141	1,9779	0,5630	0,5732	9,0000	2,2500	35,9800	3,0500	0,0600	147,0400	0,5730
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	1,1141	1,9779	0,5630	0,5732	9,0000	2,2500	35,9800	3,0500	0,0600	147,0400	0,5730
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,6043	0,7431	2,1590	0,0309	5,5000	1,4200	21,3000	4,9700	1,1600	21,3400	0,0310
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Nullabweichung	66,6350 bei 107 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	51,6590 bei 104 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>59,6590</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	6										
Log-likelihood	-25,8295										
Nummer der Beobachtungen	108										
Farblegende:											
größter p-Wert											
verworfenen Variablen											

Tabelle 36: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 9

Modell 9 Datensatz "Varialben CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 116											
Intercept	-3,6571	0,6329	-5,7790	0,0000							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,9276	0,7303	2,6390	0,0083	8,4600	2,2400	31,9500	6,8700	1,6400	28,7600	0,0080
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbetrieblich, R+D nach Nutzung	1,3328	0,7160	1,8610	0,0627	4,5300	1,2600	16,2300	3,7900	0,9300	15,4300	0,0630
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	0,6052	0,7611	0,7950	0,4265	4,0300	1,1100	14,6400	1,8300	0,4100	8,1400	0,4260
Anzahl Tierstallungen	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Nullabweichung	72,7480 bei 115 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	57,5680 bei 112 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>65,5676</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	6										
Log-likelihood	-28,7838										
Nummer der Beobachtungen	116										
											Farblegende: größter p-Wert verworfenen Variablen

Tabelle 37: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 10

Modell 10 Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 122											
Intercept	-4,4365	1,1524	-3850,0000	0,0001							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	2,0350	0,7044	2,8890	0,0039	7,5000	2,0100	27,9900	7,6500	1,9200	30,4300	0,0040
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vorhanden	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbe- trieblich, R+D nach Nutzung	1,6277	0,7027	2,3170	0,0205	4,8500	1,3600	17,3800	5,0900	1,2800	20,1800	0,0210
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	0,2854	0,3349	0,8520	0,3941	1,2000	0,7000	2,0500	1,3300	0,6900	2,5600	0,3940
Nullabweichung	73,9120 bei 121 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	58,7480 bei 118 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>66,7477</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	6										
Log-likelihood	-29,3738										
Nummer der Beobachtungen	122										
											Farblegende: größter p-Wert verworfenen Variablen



Tabelle 38: Ergebnisse der manuellen multivariablen Modellanalyse: Modell 11 (final Modell B)

Modell 11 (finales Modell B) Datensatz "Variablen CLP"					Logistische Regression:						P (Wald's Test) P(LR-Test)
	Schätzung	Standardfehler	z-Wert	Pr(> z )	crude OR	ORu95	ORo95	adj. OR	ORu95	ORo95	
Länge des Datensatzes: 97											
Intercept	-5,9934	1,7356	-3,4530	0,0006							
Rein-Raus-System je Stalleinheit	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
US nach GeflPestSchV § 4 durchgeführt	2,1296	1,1393	1,8690	0,0616	14,7300	1,7800	121,5500	8,4100	0,9000	78,4500	0,0620
Verluste >3Tiere/24h (Bestand bis 100 Tiere) vorhanden	1,8063	0,8590	2,1030	0,0355	10,3500	2,4100	44,4600	6,0900	1,1300	32,7800	0,0350
Gewichtszunahme erhebliche Veränderung vor- handen	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Fahrzeuge/Maschinen/ Gerätschaften überbe- trieblich, R+D nach Nutzung	1,6335	0,8010	2,0390	0,0414	5,3700	1,3700	20,9900	5,1200	1,0700	24,6100	0,0410
Schadnagerbekämpfung durch Tierhalter	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Anzahl Tierstallungen	0,3660	0,4084	0,8960	0,3701	1,1500	0,6600	2,0000	1,4400	0,6500	3,2100	0,3700
Nullabweichung	64,3740 bei 96 Freiheitsgraden										
Residualabweichung	42,9490 bei 93 Freiheitsgraden										
<b>AIC-Wert</b>	<b>52,9493</b>										
Anzahl der Fisher-Scoring-Iterationen	7										
Log-likelihood	-21,4746										
Nummer der Beobachtungen	97										
											Farblegende:
											größter p-Wert
											verworfenen Variablen

## 10. Anhang

---

### 10.1.4 Statistische Analyse der Checklisteninhalte (R-Skript)

```
# Analysis of HPAI data of the districts Cloppenburg and Oldenburg

# Loading the libraries
library(epiDisplay)
library(MASS)
library(rms)
# library(PresenceAbsence)
# library(car)

# Loading the data file
OL.BSC <-read.csv("OL_BSC-amt1_v16.csv",head=TRUE,sep=";",dec=",")
CLP.BSC <-read.csv("CLP_BSC-amt1_v16.csv",head=TRUE,sep=";",dec=",")

# Check the loaded data
OL.BSC[1:5,]
OL.BSC[,1:5]
OL.BSC$FARM_ID
View(OL.BSC)
des(OL.BSC)

# Summary statistics of the data
summ(OL.BSC)
codebook(OL.BSC)
tab1(OL.BSC$FARM_HPAI)
tab1(OL.BSC$VEC_OVER_YESNO)
tab1(OL.BSC$FLOCK_USE)
tab1(OL.BSC$FLOCK_SEX)
tab1(OL.BSC$FARM_LITTER_BIRDSAFE)
tab1(OL.BSC$FARM_OWNER_BARNS_2)

# Contingency tables and testing
# 2 x 2 tables and 2 x 3 tables
table(OL.BSC$VEC_OVER_YESNO, OL.BSC$FARM_HPAI)
fisher.test(table(OL.BSC$VEC_OVER_YESNO, OL.BSC$FARM_HPAI))
table(OL.BSC$FLOCK_USE, OL.BSC$FARM_HPAI)
fisher.test(table(OL.BSC$FLOCK_USE, OL.BSC$FARM_HPAI))
```

```

table(OL.BSC$FLOCK_SEX, OL.BSC$FARM_HPAI)
fisher.test(table(OL.BSC$FLOCK_SEX, OL.BSC$FARM_HPAI))
table(OL.BSC$FARM_LITTER_BIRDSAFE, OL.BSC$FARM_HPAI)
fisher.test(table(OL.BSC$FARM_LITTER_BIRDSAFE, OL.BSC$FARM_HPAI))

# factor(OL.BSC$FLOCK_SEX)
# fisher.test(table(OL.BSC$FLOCK_SEX, OL.BSC$FARM_HPAI))

# größer 2 x 3 tables
table(OL.BSC$FLOCK_USE, OL.BSC$FARM_HPAI)
chisq.test(table(OL.BSC$FLOCK_USE, OL.BSC$FARM_HPAI))
table(OL.BSC$FARM_OWNER_BARNS_2, OL.BSC$FARM_HPAI)
chisq.test(table(OL.BSC$FARM_OWNER_BARNS_2, OL.BSC$FARM_HPAI))

# Vergleich 2 x continuous variable (0 ... n)
boxplot(CLP.BSC$FARM_SIZE_2 ~ CLP.BSC$FARM_HPAI)
wilcox.test(CLP.BSC$FARM_SIZE_2 ~ CLP.BSC$FARM_HPAI) # Wilcoxon Rank Sum, Mann-
Whitney U-Test

# Zusammen CLP und OL#
ALL.FARM_HPAI <- c(CLP.BSC$FARM_HPAI, OL.BSC$FARM_HPAI)
ALL.VEC_OVER_YESNO <- c(CLP.BSC$VEC_OVER_YESNO, OL.BSC$VEC_OVER_YESNO)
table(ALL.VEC_OVER_YESNO, ALL.FARM_HPAI)
fisher.test(table(ALL.VEC_OVER_YESNO, ALL.FARM_HPAI))

# Korrelationsanalyse 2 x 2 and 2 x 3 tables
table(CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_1)
fisher.test(table(CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_1))

# Korrelationsanalyse continuous variable (0 ... n)
plot(CLP.BSC$FARM_SIZE_2, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
boxplot(CLP.BSC$FARM_SIZE_2 ~ CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
cor.test(CLP.BSC$FARM_SIZE_2, CLP.BSC$FARM_SIZE_1, method = "spearman")

# Explorative Analyse der Putenhaltungen in den Lankreisen
boxplot(CLP.BSC$FARM_SIZE_1 ~ CLP.BSC$FLOCK_USE)
boxplot(CLP.BSC$FARM_SIZE_2 ~ CLP.BSC$FLOCK_USE)
boxplot(CLP.BSC$FARM_SIZE_2[CLP.BSC$FLOCK_USE == 1])

```

## 10. Anhang

---

```
# Ordinary logistic regression modelling (generalized linear models, glm)
# logistic regression model formulation: family=binomial(link = "logit")

# Only records which have no missing values for all variables are included in the
model

# logistic.display and glmPQL are now working and give correct results
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$STABLE_ALLIN)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
STABLE_ALLIN.glm <- CLP.BSC$STABLE_ALLIN[complete.records]
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ STABLE_ALLIN.glm, family=binomial(link =
"logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_LOSS_FROM100.glm, family=binomial(link =
"logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

# Continuous variables (no modifications)
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link =
"logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FARM_SIZE_2)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
FARM_SIZE_2.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_2[complete.records]
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FARM_SIZE_2.glm, family=binomial(link =
"logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

# Categorical variables with more than 2 categories are converted to a factor and R
create the appropriate dummy variables automatically
```

```

CAD_STABLE.factor <- factor(CLP.BSC$CAD_STABLE)
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CAD_STABLE.factor)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
CAD_STABLE.glm <- CAD_STABLE.factor[complete.records]
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ CAD_STABLE.glm, family=binomial(link = "logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

# Multivariate model selection
# Only possible by hand as two groups of highly correlated, not independent variables (only one variable per group possible)
# (1. group: settletype, religion, herdtype) and (2. group: herdsiz, nosmallrum, nocameis)
# One variable should be forced in any combination as independent: vacccov
# Final model: status ~ Best variable of 1. group + Best variable of 2. group + vacccov
# Selection of variables by comparison of the following criteria for each group separately:
# 1. variable (or at least one level) must show in the multivariate model also a significant influence (p < 0.05)
# 2. smallest AIC (biggest AI reduction)
# 3. largest AUC value (ROC model; ability to predict a positive or negative result)

complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$STABLE_ALLIN,
CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2, CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$FLOCK_WEIGHT,
CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
STABLE_ALLIN.glm <- CLP.BSC$STABLE_ALLIN[complete.records]
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
FLOCK_WEIGHT.glm <- CLP.BSC$FLOCK_WEIGHT[complete.records]
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
ROD_ANTI_OWN.glm <- CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN[complete.records]
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
length(FARM_HPAI.glm)

CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ STABLE_ALLIN.glm + FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm +
FLOCK_LOSS_FROM100.glm + FLOCK_WEIGHT.glm + VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm +
ROD_ANTI_OWN.glm + FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link = "logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

```

## 10. Anhang

---

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$STABLE_ALLIN,  
CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2, CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100,  
CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
STABLE_ALLIN.glm <- CLP.BSC$STABLE_ALLIN[complete.records]
```

```
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
ROD_ANTI_OWN.glm <- CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN[complete.records]
```

```
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ STABLE_ALLIN.glm + FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm +  
FLOCK_LOSS_FROM100.glm + VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm + ROD_ANTI_OWN.glm +  
FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,  
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN,  
CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
ROD_ANTI_OWN.glm <- CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN[complete.records]
```

```
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm  
+ VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm + ROD_ANTI_OWN.glm + FARM_SIZE_1.glm, family=bino-  
mial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,  
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
+ VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm + FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
+ VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100,
CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
+ VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$STABLE_ALLIN,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
STABLE_ALLIN.glm <- CLP.BSC$STABLE_ALLIN[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ STABLE_ALLIN.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
+ VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

## 10. Anhang

---

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_WEIGHT,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_WEIGHT.glm <- CLP.BSC$FLOCK_WEIGHT[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_WEIGHT.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
ROD_ANTI_OWN.glm <- CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ ROD_ANTI_OWN.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FARM_SIZE_1,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FARM_SIZE_1.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```



```

FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
length(FARM_HPAI.glm)

CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm
+ VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm + FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link = "logit"))
summary(CLP.BSC.glm)
logistic.display(CLP.BSC.glm)

# Automatic multivariate model selection by stepAIC (MASS library)
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$STABLE_ALLIN,
CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2, CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$FLOCK_WEIGHT,
CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
STABLE_ALLIN.glm <- CLP.BSC$STABLE_ALLIN[complete.records]
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
FLOCK_WEIGHT.glm <- CLP.BSC$FLOCK_WEIGHT[complete.records]
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
ROD_ANTI_OWN.glm <- CLP.BSC$ROD_ANTI_OWN[complete.records]
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
length(FARM_HPAI.glm)

CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ STABLE_ALLIN.glm + FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm +
FLOCK_LOSS_FROM100.glm + FLOCK_WEIGHT.glm + VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm +
ROD_ANTI_OWN.glm + FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link = "logit"))
CLP.BSC.step <- stepAIC(CLP.BSC.glm, direction = "both", trace = TRUE)
summary(CLP.BSC.step)

# Multivariate final model
# 1. Final model: HPAI ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2 + FLOCK_LOSS_FROM100 +
VEC_OVER_CLEANDES_AU
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
length(FARM_HPAI.glm)

```

## 10. Anhang

---

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +  
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
lroc(CLP.BSC.glm)$auc
```

```
# 2. Final model: HPAI ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2 + FLOCK_LOSS_FROM100 +  
VEC_OVER_CLEANDES_AU + FARM_SIZE_1
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,  
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU, CLP.BSC$FARM_SIZE_1)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
FARM_SIZE_1.glm <- CLP.BSC$FARM_SIZE_1[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
CLP.BSC.glm <- glm(FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +  
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm + FARM_SIZE_1.glm, family=binomial(link = "logit"))
```

```
summary(CLP.BSC.glm)
```

```
logistic.display(CLP.BSC.glm)
```

```
lroc(CLP.BSC.glm)$auc
```

```
# Final logistic regression model with Pseudo R-square (rms library)
```

```
complete.records <- complete.cases(CLP.BSC$FARM_HPAI, CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2,  
CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100, CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU)
```

```
FARM_HPAI.glm <- CLP.BSC$FARM_HPAI[complete.records]
```

```
FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm <- CLP.BSC$FLOCK_GPV04_YESNO_2[complete.records]
```

```
FLOCK_LOSS_FROM100.glm <- CLP.BSC$FLOCK_LOSS_FROM100[complete.records]
```

```
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm <- CLP.BSC$VEC_OVER_CLEANDES_AU[complete.records]
```

```
length(FARM_HPAI.glm)
```

```
lrm(formula=FARM_HPAI.glm ~ FLOCK_GPV04_YESNO_2.glm + FLOCK_LOSS_FROM100.glm +  
VEC_OVER_CLEANDES_AU.glm)
```

## 10.2 Teilstudie 2: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen betroffenen Putenbetrieben

### 10.2.1 Berechnung der Distanz zwischen zwei Koordinaten (R-Skript)

```
# Load libraries
# library(epicalc)
library(sp)
# Read data
# zap()
data.coordinates <- read.csv("Fuchs_WGS84_subset.csv", sep = ";", dec = ",")
View(data.coordinates)
attach(data.coordinates)
plot(XWERT, YWERT)
# Calculate proximity matrix
long.lat <- cbind(XWERT, YWERT)
prox.matrix <- spDists(long.lat, long.lat, longlat=TRUE)
# longlat = TRUE -> distance in km
prox.matrix
# Write the a posteriori estimate of the beta-binomial model
write(t(prox.matrix), "proximity_matrix.txt", ncolumns=287)
#
write.table(prox.matrix, "proximity_matrix.txt", sep = "\t", row.names = FALSE)
write.csv(prox.matrix, "proximity_matrix.csv", row.names = FALSE)
```



### 10.2.3 Molekularbiologische Daten der Virusisolate

Tabelle 40: Übersicht der nachgewiesenen HPAI-Virus-Subtypen und –Reassortanten der putenhaltenden Ausbruchsbetriebe

Betriebs-ID	HPAI-Virus-Subtyp	Reassortant	Betriebs-ID	HPAI-Virus-Subtyp	Reassortant
C-3	H5N8	Ger-11-16	C-166-2	H5N8	Ger-12-16.2
C-12	H5N8	Ger-12-16.2	C-168*	NA	NA
C-15	H5N8	Ger-12-16.2	C-169	H5N8	Ger-12-16.2
C-19	H5N8	Ger-12-16.2	C-155*	NA	NA
C-90	H5N8	Ger-12-16.2	C-157	H5N8	Ger-12-16.2
C-95	H5N8	Ger-12-16.2	C-158-1	H5N8	Ger-12-16.2
C-110	H5N8	Ger-12-16.2	C-158-2	H5N8	Ger-12-16.2
C-112	H5N8	Ger-12-16.2	C-159	H5N8	Ger-12-16.2
C-114	H5N8	Ger-12-16.2	C-160	H5N8	Ger-12-16.2
C-116*	H5N1	NA	C-163	H5N8	Ger-12-16.2
C-121	H5N8	Ger-12-16.2	O-12	H5N8	Ger-11-16
C-127	H5N8	Ger-12-16.2	O-54	H5N8	Ger-12-16.2
C-129	H5N8	Ger-12-16.2	O-58	H5N8	Ger-12-16.2
C-131*	NA	NA	O-67	H5N8	Ger-12-16.2
C-134	H5N8	Ger-12-16.2	O-68	H5N8	Ger-12-16.2
C-136	H5N8	Ger-12-16.2	O-70	H5N8	Ger-11-16
C-137	H5N8	Ger-12-16.2	O-74	H5N8	Ger-12-16.2
C-140	H5N8	Ger-12-16.2	O-77	H5N8	Ger-12-16.2
C-147	H5N8	Ger-12-16.2			

\* Probe nicht auswertbar

## 11 Publikationsverzeichnis

Die vorliegende Arbeit wurde im Rahmen der folgenden **Postersession** präsentiert:

**Lüder C**, Staubach C, Dietze K (2019):

Avian Influenza 2016/2017: Retrospective analysis of potential climatic factors in the transmission of HPAI virus between German turkey holdings and their individual status of biosecurity during the time of the epidemic

Junior Scientist Symposium FLI 2019, 25.-27.09.2019, Jena

Die vorliegende Arbeit wurde im Rahmen der folgenden **Vortragsveranstaltungen** präsentiert:

**Lüder C**, Staubach C, Harder T, Pohlmann A, King J, Conraths FJ (2020):

Aviäre Influenza 2016/2017: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zwischen betroffenen niedersächsischen Putenbetrieben

Epi Days 2020 - Epidemiologie in der praktischen Anwendung 2020, 04.-06.11.2020

Greifswald – Insel Riems (Online-Veranstaltung)

**Lüder C**, Staubach C, Harder T, Pohlmann A, King J, Conraths FJ (2020):

Aviäre Influenza 2016/2017: Retrospektive Analyse der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von HPAI-Viren zwischen betroffenen niedersächsischen Putenbetrieben

98. Fachgespräch über Geflügelkrankheiten 2020, 12.-14.11.2020

Hannover (Online-Veranstaltung)

## 12 Danksagung

Auf dem Weg zur Promotion, die ich im Institut für Epidemiologie (IfE) am Friedrich-Loeffler-Institut in Greifswald - Insel Riems angefertigt habe, wurde ich von vielen Personen unterstützt, denen ich an dieser Stelle herzlich danken möchte.

Mein erster Dank gilt meinem Doktorvater, Herrn **Prof. Dr. Franz J. Conraths**. Nach der herzlichen Aufnahme in das Institut für Epidemiologie fand ich in ihm stets einen unterstützenden und Rückhalt gebenden Ansprechpartner. Des Weiteren bedanke ich mich sehr bei meinen Betreuern Herrn **Dr. Klaas Dietze** und Herrn **Dr. Christoph Staubach** für ihr großes Engagement und die vielen Stunden inspirierender Zusammenarbeit. Ebenfalls bedanken möchte ich mich bei Frau **PD Dr. Carola Sauter-Louis** für ihre fachliche Beratung in statistischen Fragen sowie bei **Frau Nicole Reimer** und Herrn **Ronald Schröder** für die Unterstützung bei kartographischen Themen. Mein Dank gilt ebenfalls Frau **Sonja Schell** für ihre stete Hilfsbereitschaft.

Meinen Dank möchte ich ebenfalls Herrn **Prof. Dr. Timm Harder**, Frau **Dr. Anne Pohlmann** und Frau **Dr. Jacqueline King** vom Institut für Virusdiagnostik (IVD) des FLI aussprechen. Vielen Dank für die gute Zusammenarbeit nicht nur im Rahmen unserer „AI-Workshops“, die mir viel Inspiration für diese Arbeit gegeben haben.

Des Weiteren danke ich den Mitarbeitern der beiden Ämter für Veterinärwesen, in denen ich Gast für so viele Monate sein durfte. Ohne Ihre Unterstützung wäre die Umsetzung dieser Studie nicht möglich gewesen. Im Besonderen möchte ich an dieser Stelle gerne meinen Dank aussprechen an Herrn **Dr. Karl-Wilhelm Paschertz**, Herrn **Dr. Hermann Seelhorst**, Herrn **Dr. Ralf Bröcker**, Herrn **Dr. Alexander Pomorgailo**, Frau **Dr. Heidi Halm** und Frau **Susanne Triebe** aus dem Amt für Veterinärwesen des Landkreises Cloppenburg sowie Herrn **Dr. Carsten Görner**, Herrn **Dr. Dirk Claussen**, Frau **Dr. Jessica Heitzhausen**, Herrn **Dr. Bodo Henning**, Herrn **Dr. Dieter Mischok** und Herrn **Kai Thienel** aus dem Amt für Veterinärwesen des Landkreises Oldenburg. Die Gelegenheit zur Teilnahme an Betriebsbesuchen in verschiedene Bereiche sowie die stete Bereitschaft zur Beantwortung aller aufkommenden Fragen haben mir nicht nur die intensive Einarbeitung in dieses Thema, sondern auch einen Einblick in die Besonderheiten der veterinärbehördlichen Betreuung von Putenhaltungen in einer der geflügelstärksten Regionen Deutschlands ermöglicht.

Ebenfalls bedanken möchte ich mich bei Herrn **Wolfgang Janssen** aus der Abteilung Agrarmeteorologie des Deutschen Wetterdienstes für seine Beratung hinsichtlich der Wetterstationsdaten.

Schließlich möchte ich mich bei meiner Familie bedanken. Ohne eure endlose Geduld, mentale Unterstützung und bisweilen äußerst fantasievolle Motivation in dieser Zeit, in der so oft nicht ihr, sondern diese Arbeit an erster Stelle stand, wäre ich nicht hier angekommen.

## **13 Finanzierungsquellen**

Die Arbeiten wurden finanziell durch einen Fond des Friedrich-Loeffler-Instituts für interne Projekte unterstützt.

Es besteht kein Interessenskonflikt durch finanzielle Unterstützung der Arbeiten.



## **14 Selbstständigkeitserklärung**

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.

Insel Riems, den 09.08.2021

Christiane Lüder











9 783967 291353

**mbv**berlin mensch und buch verlag

59,90 Euro | ISBN: 978-3-96729-135-3