

An das  
Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft  
und Verbraucherschutz

Herrn Minister Seehofer  
Herrn Dr. Bätza  
Herrn Dr. Weinandy

Postfach 140270  
**53107 Bonn**

**WAI – Wissenschaftsforum Aviäre Influenza**

Vorstand: Dr. Johan H. Mooij  
Dr. Peter Petermann  
Klemens Steiof  
Werner Hupperich

Abteilung:

Unser Zeichen:

Sekretariat: Christina Galitzki  
Pressestelle: Karin Ulich  
Tel. +49 203 317 48 17  
Fax +49 203 317 48 28

johan.mooij@wai.netzwerk-phoenix.net  
www.wai.netzwerk-phoenix.net

01. Oktober 2008

Sehr geehrter Herr Minister Seehofer,  
sehr geehrter Herr Dr. Bätza,  
sehr geehrter Herr Dr. Weinandy,

wir danken Ihnen für Ihre späte Antwort auf unseren Offenen Brief vom 1. Mai 2008!

Leider wiederholen Sie die uns hinlänglich bekannte Darstellung des FLI ohne inhaltlich ernsthaft auf unsere Argumentation einzugehen. Wenn wir uns die Mühe machen auf Ihren eher belanglosen Antwortbrief zu reagieren, dann mit Blick auf die zuständigen Veterinärbehörden der Länder. Wir wollen diese nicht mit Ihrer in vielen Details wie in der gesamten Ausrichtung sachlich falschen Darstellung alleine lassen.

Lassen Sie uns an zwei Beispielen erläutern, warum Ihre Darstellung in entscheidenden Punkten mit der Realität nicht kompatibel ist. Entschuldigen Sie, wenn dies relativ ausführlich geschieht - wir legen Wert darauf, die Fakten in überprüfbarer Weise darzustellen. Wir wollen Sie damit in die Lage versetzen, Ihre Falschinformationen eigenständig zu bewerten, und zu einer realistischeren, kritischen Einschätzung der Zuverlässigkeit Ihrer Informationsquelle (FLI) zu gelangen.

### 1. Beispiel (detaillierte Darstellung im Anhang)

Sie schreiben:

"Das in den betroffenen Geflügelhaltungen gefundene Virus zeigte in jedem Fall engste genetische Verwandtschaft mit Viren, die in einem engen zeitlichen und räumlichen Umfeld auch bei Wildvögeln nachgewiesen worden waren."

Sofern damit gemeint ist, dass in einer nennenswerten Anzahl von Fällen infizierte Wildvögel in "einem engen zeitlichen und räumlichen Umfeld" von H5N1-Ausbrüchen bei Geflügel gefunden wurden, ist diese Aussage nachweislich falsch.

Bei fast allen Ausbrüchen von H5N1-Asia bei Geflügel in der EU (in 34 von 37 Fällen) wurden **keine** infizierten Wildvögel in "einem engen zeitlichen und räumlichen Umfeld" gefunden (Stand 18.9.08). Nur in drei Fällen wurden infizierte Wildvögel entdeckt, wobei eine Übertragung der Viren von Geflügel auf die Wildvögel in jedem Einzelfall mindestens so wahrscheinlich ist wie der

umgekehrte Weg. In diese Richtung deuten insbesondere Vergleiche der wenigen veröffentlichten Gensequenzen von H5N1-Asia-Viren.

Wir stimmen grundsätzlich der Annahme zu, dass in einem "engen zeitlichen und räumlichen Umfeld" von Ausbrüchen der Geflügelpest infizierte Wildvögel gefunden werden **müßten, wenn es zutreffen würde**, dass das Virus durch Wildvögel eingetragen wurde. Sicher wäre dies nicht in jedem Einzelfall zu erwarten, aber doch wenigstens in der Mehrzahl der Fälle.

**Tatsächlich ist es in keinem einzigen Fall gelungen, durch intensive Nachsuche im Umfeld von H5N1-Ausbrüchen bei Geflügel oder Zootieren infizierte Wildvögel zu finden.** Die einzige schlüssige Erklärung dafür ist, dass eben nicht Wildvögel die Viren eingeschleppt haben, sondern dass die Einträge aus anderen Geflügelbeständen erfolgt sind, durch legalen oder illegalen Handel. Tatsächlich ist in zahlreichen Fällen eine Weiterverbreitung der Viren zwischen Geflügelbeständen mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit belegt, und wird auch von den zuständigen Behörden der betroffenen Länder in diesen Fällen nicht abgestritten (siehe das folgende 2. Beispiel).

## 2. Beispiel

Sie schreiben:

"Das FLI kommt bereits in seiner Risikobewertung vom 15. Oktober 2005 zu dem Ergebnis, dass das Risiko einer Einschleppung über den *legalen* Handel grundsätzlich als vernachlässigbar gering eingestuft werden könne."

Das FLI hat diese Vermutung in seinen Risikoanalysen stets wiederholt, zuletzt am 24.4.2008 (FLI "Bewertung des Risikos..." vom 24.4.08), ohne dass zu ihrer Begründung überprüfbare Fakten angeführt werden, oder dass neue Erkenntnisse seit 2005 berücksichtigt wurden.

Das **nachweisbare** Risiko durch **legalen Handel** ergibt sich aus folgenden Tatsachen:

- Einer der schwersten Ausbrüche bei Geflügel, in einem Putenbestand des Unternehmens Bernard Matthews in Suffolk (UK) wurde nach Feststellung der zuständigen Behörde DEFRA mit größter Wahrscheinlichkeit durch **legale** Geflügeltransporte aus Ungarn verursacht (DEFRA 2007). Damit zusammenhängende Ausbrüche in Ungarn wurden erst **nach** den Transporten entdeckt, die deswegen legal und unkontrolliert stattfinden konnten (OIE-Bericht 4627 vom 24.1.07), übrigens auch durch Deutschland.
- **Legal**er Handel mit Geflügelprodukten war nach Feststellung des FLI mit großer Wahrscheinlichkeit schuld an drei H5N1-Asia-Ausbrüchen in kleinen Geflügelhaltungen in Brandenburg im Dezember 2007 (FLI Epidemiol. Bull. 1/2008 vom 8.1.08). Unklar ist bis heute, ob die gleichzeitige Ausbruchsserie im benachbarten Polen (10 Fälle; OIE-Bericht 6742 vom 31.1.08) dieselbe Ursache hatte. Aufschluss darüber könnten die Gensequenzen der H5N1-Viren aus Brandenburg (oder Bayern) geben, die vom FLI bis heute nicht veröffentlicht wurden (anders als Gensequenzen von Wildvögeln).
- Klare Indizien sprechen ferner dafür, dass der folgenschwere Ausbruch von H5N1-Asia in fränkischen Mastentenbetrieben im Sommer 2008 (OIE-Bericht 6175 vom 12.9.07) durch **legale Importe** von Schlachthühnern aus Tschechien ausgelöst wurde, auch wenn die Behörden seinerzeit die Gelegenheit verpasst haben, diese Einschleppung frühzeitig zu erkennen (BAYERISCHES LANDESAMT ... 2007). Unbestreitbar ist jedenfalls das **Risiko** durch solche unkontrollierten Transporte, die nachweislich stattgefunden haben.

- Unbestritten ist auch die Weiterverbreitung der Viren zwischen betrieblich verbundenen Geflügelbeständen bei Ausbrüchen in Tschechien (Juni 2007), Deutschland (August 2007), England (November 2007), usw. (siehe dazu auch SHARKEY et al. 2008).

Zusammenfassend ist festzuhalten, dass einige der folgenschwersten H5N1-Asia-Ausbrüche bei Geflügel in Europa mit großer bis sehr großer Wahrscheinlichkeit durch **legalen Geflügelhandel** ausgelöst wurden. Dies zu "vernachlässigen", wie das **FLI** seit Jahren in seinen "**Risikobewertungen**" empfiehlt, ist folglich **unseriös und unverantwortlich**.

Wir hoffen, Ihnen mit diesen wenigen Beispielen - denen wir gerne weitere anfügen können - den Zugang zu einer realistischeren, kritischen Einstellung gegenüber Ihrer Informationsquelle FLI erleichtert zu haben.

Insbesondere ergibt sich aus den dargestellten Tatsachen (und anderen), dass die Einschätzungen des FLI zu Risiken der Freilandhaltung von Geflügel durch die Ereignisse der letzten Jahre widerlegt sind und keinerlei wissenschaftliches Fundament haben. Wir müssen Ihnen nicht erklären, dass Zwangsmaßnahmen gegen Geflügelhalter aufgrund von willkürlichen, wissenschaftlich unqualifizierten Mutmaßungen von einzelnen Behördenvertretern rechtsstaatlich außerordentlich problematisch sind.

Wir bitten Sie dringend, die überfälligen Schlußfolgerungen zu ziehen, und insbesondere die gesetzlichen Grundlagen für ein endgültiges Ende der allgemeinen Stallpflicht zu schaffen (= Änderung der Geflügelpest-VO).

Mit freundlichen Grüßen,

Dr. Johan H. Mooij  
Dr. Peter Petermann  
Klemens Steiof  
Werner Hupperich

## Anhang 1

### **Zusammenhang zwischen Ausbrüchen der Geflügelpest H5N1 Asia in Ländern der Europäischen Gemeinschaft und Funden infizierter Wildvögel**

Berücksichtigt sind alle bei der OIE zwischen 2006 und dem 18.9.2008 gemeldeten Ausbrüche in Geflügel (*Poultry*) in Ländern der EU ([http://www.oie.int/download/AVIAN\\_INFLUENZA/Graph\\_HPAI/graphs\\_HPAI\\_18\\_09\\_2008.pdf](http://www.oie.int/download/AVIAN_INFLUENZA/Graph_HPAI/graphs_HPAI_18_09_2008.pdf)).

Fall #	EU-Land	Region	Beginn der Ausbrüche (lt OIE)	betroffene Geflügelbestände	gleichzeitig Nachweise bei Wildvögeln?*
1	Frankreich	Ain (Rhône)	23.02.06	1	ja, mögliche Sekundärinfektionen***
2	Schweden	Kalmar	24.02.06	1	ja, mögliche Sekundärinfektionen***
3	Deutschland	Wermsdorf / SN	04.04.06	1	nein, > 100 km entfernt
4	Dänemark	Funen	18.05.06	1	ja, sichere Sekundärinfektion***
5	Ungarn	Bacs-Kiskun	4.-10.06.06	7	nein
6	Deutschland	SN (Dresden)	03.08.06	(1)*	nein
7	Ungarn	Csongrad	19.01.07	2	nein
8	UK	Suffolk (Holton)	27.01.07	1	nein
9	Tschechien	Pardubický	19.06.-11.07.07	4	nein, > 150 km entfernt
10	Deutschland	TH (Saalfeld)	06.07.07	1	nein, > 80 km entfernt
11	Deutschland	BY (Wachenroth)	25.08.-10.09.07	2	(nein), > 50 km entfernt
12	UK	Suffolk (Redgrave)	11./14.11.07	2	nein
13	Rumänien	Tulcea	27.11.07	1	nein
14	Polen	NO-Polen (Zuromin)	30.11.-22.12.07	10	nein
15	Deutschland	BB	14.-25.12.07	3	nein
16	UK	Dorset	27.12.07-7.3.08	(2)*	nein

\* diese Ausbrüche wurden als "Wildvögel" gemeldet. In beiden Fällen handelt es sich tatsächlich um gehaltene Zoo- bzw. Parktiere.

\*\* bezieht sich immer auf das gesamte betroffene Land, wenn nicht anders vermerkt.

\*\*\*Hier: Die Infektion der Wildvögel als Folge des Ausbruchs bei Wirtschaftsgeflügel

### Beispiele aus nicht-EU-Ländern

17	Israel	16.-30.03.06	10	nein
18	Israel	28.12.07	1	nein
19	Süd-Korea	1.4.-12.5.08	33	nein

### Ergänzende und erläuternde Kommentare

Ausbrüche in Ländern, in denen im relevanten Zeitraum **keine** Fälle bei Wildvögeln gefunden wurden, werden hier nicht kommentiert. Details zu Ausbrüchen stammen, wenn nicht anders vermerkt, aus den entsprechenden Berichten der OIE, teilweise mit Ergänzungen aus den Epidemiologischen Berichten des FLI. Diese Berichte sind im Internet frei zugänglich ([http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a\\_dsum.htm](http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a_dsum.htm); <http://www.fli.bund.de/>). Angaben zu H5N1-Virengensequenzen beziehen sich immer auf das HA-Gen.

#### 1. Frankreich

Zehn Tage vor dem Ausbruch in einer Putenfarm (23.2.06) wurden tote Enten in einem nahegelegenen Teich gefunden (13.2.06). Die H5N1-Asia-Viren, die aus einer toten Tafelente isoliert wurden, unterscheiden sich jedoch genetisch eindeutig von den Viren, die später aus den Puten isoliert wurden (GALL-RECUÉ et al. 2008; A/common pochard/France/06167-2.1/2006 [GenBank Accession: AM498628] vs. A/turkey/France/06222-1.1/2006 [AM498629]).

Die Nachricht vom ersten H5N1-Asia-Nachweis in Frankreich führte zeitweise zu einem Ansturm von Pressevertretern und anderen Besuchern (Presseberichte). Wenige Tage später wurden an mehreren Teichen der Region tote Höckerschwäne gefunden, bei denen erstmals derselbe Virentyp nachgewiesen wurde, der kurz darauf auch im Putenbestand gefunden wurde. Inwieweit die vorausgegangenen Ereignisse den Ablauf beeinflusst haben bleibt bis heute unklar. Ebenso ist nicht zu klären, ob die Viren zuerst im Putenbestand oder im Freiland bei Schwänen erschienen. Alle Virenisolate aus Schwänen weisen einzelne Mutationen auf, die den Viren aus dem Putenbestand fehlen - ein Indiz für eine Freisetzung der Viren aus dem Putenbestand, aber kein eindeutiger Beweis (A/turkey/France/ 06222-1.1/2006 [AM498629] vs. z.B. A/mute swan/France/06631a/2006 [AM498632]).

#### 2. Schweden

Der erste schwedische H5N1-Asia-Fall, ein Ausbruch in einer "game bird holding" an der Ostsee, wurde entdeckt, nachdem in unmittelbarer Nähe im Meer zwei tote, H5N1-positive Reiherenten (Wildvögel) gefunden worden waren (24.2.06). Durch Stichproben im Geflügelbestand wurde eine asymptomatisch infizierte Stockente entdeckt. Weder von der Stockente noch von den Reiherenten wurden bisher Gensequenzen veröffentlicht. Es ist unbekannt, wie lange die Stockente infiziert war. Es ist in jedem Fall wahrscheinlicher, dass die Reiherenten durch Viren aus der "game bird holding" infiziert wurden (Abwässer, Abfälle), als dass sie Kontakt zu der Stockente gehabt haben.

Anscheinend ist niemand die Brisanz aufgefallen, die eine asymptomatische Zirkulation von H5N1-Asia-Viren in "game bird holdings" bedeutet. Immerhin werden aus solchen Betrieben jährlich Abertausende Stockenten an der Ostsee (v.a. in Dänemark und Schweden) ausgewildert. Eine unentdeckte Zirkulation von H5N1-Asia in einer oder mehreren "game bird holdings" vor der Auswilderung wäre eine plausible Erklärung für das Ausbruchsgeschehen in der Ostsee im Winter 2005/2006.

### 3. Deutschland / Wermersdorf (SN)

Deutschland gehört mit sieben Ausbrüchen bei Geflügel und zwei Ausbruchsserien unter Wildvögeln zu den am stärksten betroffenen Ländern in Europa.

Beim ersten H5N1-Asia-Ausbruch im April 2006 in einem Putenbestand in Wermersdorf (SN) wurden keine infizierten Wildvögel in der Umgebung (>100 km) gefunden. Der wichtigste Risikofaktor für den Bestand in Wermersdorf ist zweifellos ein nahegelegener großer Puten-Schlachtbetrieb. Welche Rolle er bei dem Ausbruch gespielt haben könnte wurde nie ernsthaft untersucht. Schlachtbetriebe haben auch bei den Ausbrüchen in Suffolk (Fa. Bernard Matthews) und Wachenroth (Fa. Wichmann) eine zentrale Rolle gespielt (siehe Fälle #8 und #11), die jedoch auch in diesen Fällen nicht in der gebotenen Gründlichkeit aufgeklärt wurde.

### 4. Dänemark

In einem gemischten Geflügelbestand wurden am 16. Mai 2006 47 tote Vögel gefunden. Die (bis heute) letzten H5N1-positiven Wildvogelfunde in Dänemark lagen zu diesem Zeitpunkt vier Wochen zurück (28.4.06). Ein paar Tage später wurde eine Elster in dem inzwischen geräumten Betrieb gefunden. Es besteht kein vernünftiger Zweifel daran, dass sie sich bei dem infizierten Geflügel angesteckt hatte.

### 6. Deutschland / Zoo Dresden (SN)

Im Zoo Dresden wurde am 3. August 2006 ein toter, junger Trauerschwan aus Nachzucht im Zoo entdeckt. Der Fall wurde der OIE als "Wildvogel" ("wildlife") gemeldet, und fehlt deswegen der OIE-Statistik. In der näheren Umgebung wurde intensiv nach infizierten Wildvögeln gesucht, jedoch erfolglos (FLI Risiko-Bewertung vom 5. September 2006: S. 3). In Deutschland wurden zwischen Mai 2006 und Juni 2007 keine Fälle von H5N1 Asia bei Wildvögeln entdeckt (FLI Epidemiol. Bull. Nr. 03/2007 vom 28. Juni 2007).

### 7. Ungarn

Zwei Ausbrüche im Januar 2007 erfolgten, ohne dass in dieser Zeit irgendwelche infizierten Wildvögel in Ungarn entdeckt wurden. Sie führten durch **legale** Transporte zwischen Schlachtbetrieben in Ungarn und England zum ersten und bisher größten Ausbruch in Großbritannien (siehe #8).

### 8. United Kingdom / Suffolk

Nach Erkenntnissen des DEFRA (englisches Landwirtschaftsministerium) wurde Ende Januar 2007 H5N1-Asia-Virus mit Geflügelfleischtransporten aus Ungarn nach England (Suffolk) verschleppt, wo es dadurch zu dem bis dahin folgenschwersten Ausbruch in einem Geflügelbetrieb in Europa kam (DEFRA 2007). Im UK wurde bis heute (20.09.2008) nur ein H5N1-Asia-positiver Wildvogel gefunden (am 30.3.2006 in Schottland). Ausbrüche in Dorset im Winter 2007/08 betrafen ausschließlich im Freiland gehaltene, kommerziell genutzte Parkvögel (siehe Fall #12).

### 9. Tschechien

Vier Ausbrüche in unmittelbarer Nachbarschaft im Nordosten der tschechischen Republik wurden ab 19. Juni 2007 entdeckt, wobei in drei Fällen (2 Brütereien, 1 Broilerbestand) keine Krankheitssymptome bei dem betroffenen Geflügel festgestellt wurde. Eine Woche nach dem ersten Ausbruch (26.6.2007) wurde etwa 150 km entfernt ein infizierter, toter Höckerschwan (Parkvogel) gefunden. Der Vergleich der Gensequenzen der Viren zeigt, dass die Viren in allen Fällen aus derselben Quelle stammen, die im Umfeld der Ausbrüche in Geflügelbeständen zu suchen ist. Die Viren des Höckerschwans kommen aufgrund von zusätzlichen Mutationen als Verursacher der Ausbrüche bei Geflügel nicht in Frage (vgl.: A/turkey/Czech Republic/10309-3/07 [GenBank Accession: EU443554]; A/chicken/Czech Republic/11242-38/07 [EU443553]; A/Cygnus olor/Czech Republic/10732/07 [EU443555]).

## 10. Deutschland / Saalfeld

Der Nachweis von H5N1-Asia-Viren bei einer toten Hausgans aus einer Behinderteneinrichtung, gilt - anders als der Fall des Dresdner Zooschwans - als Ausbruch bei "Geflügel". Die willkürlich unterschiedliche Behandlung gleichgelagerter Fälle hatte schwerwiegende Folgen: in Saalfeld wurde in einer Nacht-und-Nebel-Aktion in einem mehr als 3 km umfassenden Umkreis alle gehaltenen Vögel getötet. Dies wäre bei einer Einstufung der H5N1-positiven "Streichelgans" als "Zootier" oder "Wildvogel" nicht zulässig gewesen (Wildvogel-Geflügelpestschutzverordnung in der Fassung vom 8.9.2006).

Weitere infizierte Vögel wurden jedoch weder in der Behinderteneinrichtung, noch im weiteren Umfeld gefunden. Allerdings gab es in dieser Zeit in etwa 90 km Entfernung am Stausee Kelbra einen Ausbruch von H5N1-Asia bei Wasservögeln. Ein Vergleich der Viren in diesen beiden Fällen ist nicht möglich - das FLI hat Viren-Gensequenzen aus dem Ausbruch bei Saalfeld nicht veröffentlicht.

Es bestehen jedoch begründete Zweifel daran, dass in Saalfeld tatsächlich ein Ausbruch von H5N1-Asia vorlag. Die Laborergebnisse - soweit bekanntgeworden - sind unklar und widersprüchlich. Auch die Tatsache, dass andere zusammen mit der Gans gehaltene Vögel offenbar nicht infiziert waren ist ein starkes Indiz gegen die angebliche Infektion mit dem "hochansteckenden" H5N1 Asia.

Informationen aus dem FLI lassen eine nachträgliche Kontamination der toten Gans im Labor möglich erscheinen. Unter anderem sind Fotos aus dem FLI-Labor bekannt, die zeigen, wie mehrere untersuchte Vogelkadaver nebeneinander auf Sektionstischen liegen. Unter solchen Umständen ist eine gegenseitige Kontamination der Proben kaum zu vermeiden.



Foto: Stern 2006

## 11. Deutschland / Oberfranken

In einem bayrischen Mastentenbetrieb wurden am 25. August 2008 infizierte tote Tiere gefunden. In größerer Entfernung zu diesem Betrieb wurden zuletzt am 12.7.07 bei Nürnberg (~ 50 km entfernt) tote Wildvögel gefunden und am 3.8.07 bei München (> 150 km entfernt). Allerdings ist bekannt, dass H5N1-Asia-Viren in bayrischen Mastentenbeständen bereits etliche Wochen vor der Entdeckung Ende August zirkulierten (FLI Epidemiol. Bull. 08/2007 vom 17.09.08). Die zeitliche Distanz zu den Funden infizierter Wildvögel ist damit unklar, so dass die Ausbrüche bei Geflügel als wahrscheinliche Virenquelle für die Infektion von Wildvögeln in Frage kommen.

Ein genetischer Vergleich der Viren aus diesen Ausbrüchen ist derzeit nicht möglich - einerseits werden die Gensequenzen aus den Geflügelausbrüchen geheimgehalten, andererseits zeigen die vom FLI und dem Bayerischen Landesamt veröffentlichten Gensequenzen von Wildvögeln aus der Ausbruchsserie erhebliche Differenzen (vgl. A/mallard/Bavaria/ 10/2007 [GenBank Accession: FJ183472] vs. A/mute swan/Germany/R1349/07 [AM749442]).

## 12. United Kingdom / Suffolk

Zwei epidemiologisch eng zusammenhängende Fälle erfolgten zu einer Zeit (November 2007), in der im UK keinerlei infizierte Wildvögel gefunden wurden, trotz intensiver Suche nach dem Bekanntwerden der Ausbrüche. Die Viren waren genetisch deutlich verschieden von den Viren aus dem ersten Ausbruch (#8). Wie im ersten Fall belegen die genetischen Untersuchungen angeblich eine Einschleppung aus Mitteleuropa (Ausbrüche in Tschechien!). Da bisher keine Gensequenzen veröffentlicht wurden, sind die Zusammenhänge jedoch unklar.

## 13. Rumänien

Bei einem Ausbruch an der Schwarzmeerküste (27.11.07) in einem kleinen, gemischten Geflügelbestand wurde auch eine Hauskatze infiziert (A/cat/Romania/TL/nov/2007 [GenBank Accession: EU332352]). Das legt die Vermutung nahe, dass in diesem Fall (wie in Brandenburg) verfütterte infizierte Schlachtabfälle die Ursache des Ausbruchs waren. Die drei Gensequenzen (Haushuhn, Hausente, Katze) sind identisch, und weisen zudem eine sehr nahe Verwandtschaft mit Gensequenzen von Viren aus den tschechischen Ausbrüchen auf.

## 14. Polen

Alle zehn Ausbrüche (November / Dezember 2007) erfolgten in Geflügelbeständen, in fünf kommerziellen Betrieben und in fünf kleineren Beständen. Betroffen war auch eine Auffangstation für Wildvögel. Mehrere Vögel verschiedener Arten wurden angeblich in der Station durch infiziertes Futter (Schlachtabfälle) angesteckt ([http://www.news4press.com/1/MeldungDetail.asp?Mitteilungs\\_ID=312795](http://www.news4press.com/1/MeldungDetail.asp?Mitteilungs_ID=312795)). Gerüchte, es habe in Polen freilebende, infizierte Wildvögel gegeben, beziehen sich auf diese Auffangstation, sind also falsch.

## 15. Deutschland / Brandenburg

Drei Fälle in Brandenburg (14.-25.12.07) in kleinen Hobbyhaltungen wurden nach Ansicht des FLI durch Tiefkühlgeflügel aus den Mastenten-Ausbrüchen ausgelöst (FLI Epidemiol. Bull. 02/2008 vom 19.03.08), das offenbar in krimineller Fahrlässigkeit nicht aus dem Handel zurückgerufen worden war. In Deutschland wurden seit August 2007 nirgends infizierte Wildvögel entdeckt.

## 16. United Kingdom / Dorset

Der vierte englische Ausbruch (Dezember / Januar 2008) betraf im Freiland gehaltene, kommerziell genutzte Höckerschwäne (siehe: <http://www.abbotsburytourism.co.uk/swannery/home.htm>). Er gilt offiziell als "Wildvogelausbruch". Auch in diesem Fall waren ausschließlich die gehaltenen Vögel infiziert, die dort zentral gefüttert und veterinärmedizinisch versorgt werden, Nisthilfen erhalten, und die als Touristenattraktion und Federlieferanten wirtschaftlich genutzt werden. Außer den gefütterten zahmen Vögeln (Höckerschwäne und eine Kanadagans) wurden keine infizierten Vögel entdeckt. Gensequenzen aus den letzten Ausbrüchen in England wurden bislang, entgegen der Zusagen des DEFRA, nicht veröffentlicht.

## 17./18. Israel

In Israel wurden bisher noch nie mit H5N1-Asia infizierte Wildvögel gefunden, obwohl sich in diesem Land wie in keinem zweiten auf der Erde der Vogelzug konzentriert. Die erste

Ausbruchsserie v.a. in Putenfarmen im Negev im März 2006 hängt direkt mit Ausbrüchen in Ägypten und im Gazastreifen zusammen. Die isolierten Viren sind genetisch praktisch identisch mit Viren die in Ägypten & Gaza - und zwar weltweit nur dort! - gefunden wurden. Sie wurden mit großer Wahrscheinlichkeit durch Wanderarbeiter in der Geflügelindustrie eingeschleppt.

Ein weiterer isolierter Fall in Nord-Israel im Dezember 2007 hat ebenfalls seinen Ursprung in Ägypten, wie ein Genvergleich beweist. Die Gensequenz ist insofern bemerkenswert, als der entdeckte Virentyp vorher 7 mal in Ägypten gefunden wurde, davon 4 mal in **geimpften** Geflügelbeständen (andere endemische Viren-Genotypen wurden nur einmal in geimpftem Geflügel in Ägypten entdeckt). Das stützt die Befürchtung, dass Impfungen eine unbemerkte

Ausbreitung erheblich erleichtern (vgl.: A/chicken/Israel/1055/2008 [EU574927]; Viren aus geimpftem Geflügel: A/chicken/Egypt/07201-NLQP/2007; A/chicken/Egypt/07202-NLQP/2007; A/turkey/Egypt/07203-NLQP/2007; A/chicken/Egypt/07632S-NLQP/2007; nicht geimpft bzw. keine Angabe zu Impfungen: A/chicken/Egypt/07701S-NLQP/2007; A/chicken/Egypt/086Q-NLQP/2008; A/chicken/Egypt/088S-NLQP/2008 [GenBank Accession: EU496388-...90, ...95, ...97-...99]).

## Quellen

BAYERISCHES LANDESAMT FÜR GESUNDHEIT UND LEBENSMITTELSICHERHEIT (2007): Pressemitteilung Nr. 36 / 2007 vom 29. Juni 2007: "Kein H5N1 in Schlachtgeflügel aus Tschechien nachgewiesen".- [Erläuterung: *Eine Lieferung von Schlachthühnern aus der Ausbruchsregion in Tschechien an einen Schlachtbetrieb in Oberfranken wurde negativ getestet. Wenig später wurde in den tschechischen Legehennenbetrieben H5N1 nachgewiesen, Wochen später auch in oberfränkischen Mastentenbeständen in der Nähe des Schlachtbetriebs. Dabei wurde auch nachgewiesen, dass die H5N1-Viren bereits seit Wochen in den Beständen zirkulierten. Diese folgenreiche "Panne" wurde einer größeren Öffentlichkeit nicht bekannt.*]

DEFRA, National Emergency Epidemiology Group / Food and Farming Group (2007): Outbreak of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Suffolk in January 2007. A report of the epidemiological findings by the national emergency epidemiology group, Defra, 5 APRIL 2007 [[http://www.defra.gov.uk/animalh/diseases/notifiable/disease/ai/pdf/epid\\_findings050407.pdf](http://www.defra.gov.uk/animalh/diseases/notifiable/disease/ai/pdf/epid_findings050407.pdf)]

FLI (Friedrich-Löffler-Institut): die "Epidemiologischen Berichte" und "Risikobewertungen" sind im Internet einsehbar: <http://www.fli.bund.de/>

GALL-RECUÉ, 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

GenBank = NCBI Influenza Virus resource. Gensequenzen im Internet: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database/select.cgi>

OIE (Organisation Mondiale de la Santé Animale - Office International des Épizooties): alle Berichte sind zugänglich unter: [http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a\\_dsum.htm](http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a_dsum.htm)

SHARKEY, K.J., BOWERS, R.G., MORGAN, K.L., ROBINSON, S.E., CHRISTLEY, R.M. (2007): Epidemiological consequences of an incursion of highly pathogenic H5N1 avian influenza into the British poultry flock.- Proc. Royal Soc., B. **275**: 19-28