

Projekt «Constanze»: Erkenntnisse aus drei Jahren aviärer Influenza-Forschung im Bodenseegebiet

I. Brunhart^{1,2}, A. Baumer³, M. Reist^{1,4}, K. Stärk⁵, C. Griot³

¹Bundesamt für Veterinärwesen (BVET), Bern, ²Amt für Gesundheits- und Verbraucherschutz (AFGVS), St. Gallen, ³Institut für Viruskrankheiten und Immunprophylaxe (IVI), Mittelhäusern, ⁴Institut für Veterinary Public Health, Universität Bern, ⁵Royal Veterinary College (RVC), London

Zusammenfassung

Die hochpathogene aviäre Influenza vom Subtyp Influenza-A H5N1 erreichte das Bodenseegebiet im Februar 2006. Zu diesem Zeitpunkt war unklar, wie gross das Risiko einer Virusübertragung von Wildvögeln auf Nutzgeflügel ist. Um das Nutzgeflügel vor einem Viruseintrag durch Wildvögel zu schützen, beschlossen die Bodensee-Anrainerstaaten, die Rolle der Wildvögel im Influenzageschehen im Forschungsprogramm «Constanze» interdisziplinär zu untersuchen. Eine Auswahl der Erkenntnisse wird hier vorgestellt. In Zusammenarbeit mit Behördenvertretern ermittelten Wissenschaftler die Prävalenz von aviären Influenzaviren bei Wasservögeln, verfolgten deren Zugbewegungen mittels Telemetrie und analysierten die Effizienz der einzelnen Überwachungsstrategien. Obwohl aufgrund des Zugverhaltens ein Viruseintrag aus Gebieten östlich des Bodensees bis zum Ural denkbar schien, wurde während der 33-monatigen Datenerhebungsphase das hochpathogene Influenza-A-H5N1-Virus nie nachgewiesen. Hingegen wurde bei 2.2% der untersuchten Wildvögel niedrigpathogenes Influenzavirus aus Tupferproben isoliert. Unter den verschiedenen, im Rahmen dieses Programms verwendeten Überwachungsmethoden, erwiesen sich die sogenannten Sentinel-Anlagen als besonders wirkungsvoll.

Schlüsselwörter: aviäre Influenza, Wasservogel, Zugverhalten, Virusübertragung, Überwachungsstrategie

«Constanze»: a trinational project on avian influenza in wild birds at lake Constance

When highly pathogenic avian influenza H5N1 (HPAI H5N1) arrived at Lake Constance in February 2006, little was known about its ecology and epidemiology in wild birds. In order to prevent virus transmission from wild birds to poultry, the adjacent countries initiated the tri-national, interdisciplinary research program «Constanze» to investigate avian influenza infections in water birds at Lake Constance. In collaboration with government agencies scientists examined the prevalence of AI virus in the region of Lake Constance for a period of 33 months, compared the effectiveness of different surveillance methods and analysed the migration behaviour of water birds. Although virus introduction from regions as far as the Ural Mountains seemed possible based on the migration behaviour of certain species, no influenza A viruses of the highly pathogenic subtype H5N1 (HPAIV) was found. However, influenza A viruses of different low pathogenic subtypes were isolated in 2.2% of the sampled birds (swabs). Of the different surveillance methods utilised in the program the sampling of so called sentinel birds was particularly efficient.

Keywords: avian influenza, water birds, migration behaviour, virus transmission, surveillance methods

Einleitung

Bei der aviären Influenza (AI) handelt es sich um eine virale Infektion, die weltweit bei Vögeln und Säugetieren vorkommt und durch Influenza-A-Viren hervorgerufen wird. Diese Viren gehören der Familie Orthomyxoviridae

an. Wildvögel, vor allem Wasservogel, sind häufig symptomlose Träger von AI-Viren (AIV) und gelten als deren Reservoir (Webster et al., 1992; Shinya et al., 2010). Aufgrund der genetischen Vielfalt zweier Oberflächenproteine – des Haemagglutinins (H) und der Neuraminidase (N) – und der grossen Vielfalt von Kombinationsmöglichkeiten

508 Originalarbeiten

der 16 verschiedenen H- und 9 verschiedenen N-Proteine lassen sich zahlreiche Subtypen des Influenza-A-Virus unterscheiden (WHO, 2006). Klinisch stehen zwei Verlaufsformen im Vordergrund, wobei Infektionen mit sogenannten niedrigpathogenen Virusstämmen (LPAIV) wenig bis keine Symptome hervorrufen und unbemerkt in der Vogelpopulation zirkulieren können. Sogenannt hochpathogene Virusstämmen (HPAIV) sind verantwortlich für die «klassische Geflügelpest». Die Mortalität von HPAI liegt bei annähernd 100% (OIE, 2009). HPAI wird ausschliesslich von den Subtypen H5 und H7 verursacht (Alexander, 2007). Hochpathogene Stämme können durch spontane Mutationen im H-Gen aus niedrigpathogenen Vorläufern entstehen (CFSPH, 2007). Zwischen 1996 und 2005 gab es in Südostasien vereinzelte HPAI-H5N1-Ausbrüche (Li et al., 2004) und dieses Virus wurde 1997 zum ersten Mal als neue Zoonose erkannt (Shortridge et al., 1998; Yen und Webster, 2009). Das HPAI H5N1 wurde im Frühjahr 2005 am westchinesischen Quinhai-See in Streifengänsen nachgewiesen (Chen et al., 2005). Im Oktober 2005 breitete sich das Virus westwärts über Eurasien aus und wurde bei Ausbrüchen in der Türkei, Rumänien und der Ukraine isoliert (Starick et al., 2008; Kim et al., 2009). Mit dem Kälteeinbruch im Winter 2005/2006 in der Gegend des Schwarzen Meeres bewegten sich Zugvögel Richtung Westeuropa, das zuvor keine Ausbrüche von HPAI H5N1 zu verzeichnen hatte (Starick et al., 2008). In den ersten Monaten des Jahres 2006 wurde das AIV bei Höckerschwänen und anderen Wasservögeln in Westeuropa gefunden, so auch in 86 Wasservögeln am Bodensee (Hofmann et al., 2008), der zu den bedeutendsten Vogelhabitaten im deutschsprachigen Raum gezählt wird (Happold et al., 2008). Aus Mangel an Wissen über die Dynamik des Virus in Wildvogelpopulationen, den Infektionsverlauf bei Wildvögeln und die Ansteckungswege konnten die Behörden die Entwicklung der Lage und das damit verbundene Risiko für Nutzgeflügel in Europa nicht abschätzen. Im September 2006 initiierten die Veterinärbehörden der Bodensee-Anrainerstaaten das interdisziplinäre Forschungsprogramm «Constance». Dessen

Ziel war es, mit verschiedenen Überwachungsmethoden den Verlauf des Infektionsstatus von AIV bei Wildvögeln am Bodensee zu verfolgen. Zudem sollten die «Wanderwege» relevanter AI-Virenträger näher erforscht werden, um damit künftige Ausbrüche in Wildvogelbeständen besser verstehen und vorhersagen zu können. Schliesslich wurden Stärken und Schwächen der verschiedenen Überwachungsmethoden im Hinblick auf zukünftige Überwachungsprogramme analysiert. Ausgewählte Erkenntnisse aus dem Projekt werden hier vorgestellt (Brunhart et al., 2010).

Material und Methoden

Monitoring

Das Monitoring setzte sich aus verschiedenen Überwachungskomponenten zusammen. Drei sogenannte Sentinel-Anlagen wurden nach dem Protokoll von Sinnecker et al. (1982) an Standorten mit einer ganzjährig hohen Wildvogeldichte eingerichtet: in Radolfzell (Deutschland), in der Fussacher Bucht (Österreich; Abb. 1) und in Altenrhein (Schweiz). Die Anlagen waren umzäunt und gegen oben offen. Wildenten konnten leicht ins Gehege einfliegen. Die Anlagen wurden mit je 10–15 flugunfähigen Stockenten, sogenannten Sentinel-Enten bestückt. Ihr negativer AI-Status wurde vor Studienbeginn virologisch und serologisch bestätigt. Während der Studiendauer vom September 2006 bis Mai 2009 wurden den Sentinel-Enten alle zwei Wochen Rachen- und Kloakentupferproben und alle vier Wochen Blutproben entnommen.

Zur Ermittlung der Prävalenz von AIV in verschiedenen Vogelarten sowie ihrer jahreszeitlichen Verteilung wurde anlässlich der ordentlichen Wasservogeljagd bei erlegten Wasservögeln kombinierte Rachen- und Kloakentupferproben entnommen. Weitere Proben stammten von Wasservögeln verschiedenster Arten (vor allem Enten, Möwen und Rallen), die mit ganzjährig betriebenen Schwimmreusen in Radolfzell (Deutschland) und Kreuzlingen (Schweiz; Abb. 2) sowie mobilen Fangeinrichtungen



Abbildung 1: Sentinel-Anlage in der Fussacher Bucht.



Abbildung 2: Reuse in Kreuzlingen.

(Klappfallen, Kleinreusen, Netzen) vorübergehend gefangen und mit Rachen- und Kloakenabstrichen auf die Ausscheidung von AIV untersucht wurden. Eine weitere Überwachungskomponente stellte die punktuelle Erfassung des Infektionsstatus bei Höckerschwänen dar. Diese wurden in drei aufeinander folgenden Jahren (2006 bis 2008) in der Mauserzeit rund um den Bodensee von Hand vorübergehend gefangen und sowohl serologisch als auch auf AI untersucht. Schliesslich wurden auch Enten, die in Fischernetze getaucht und ertrunken waren, und somit bei Berufsfischern als Beifang anfielen, in die Untersuchungen miteinbezogen.

Diagnostik

Die Proben wurden zur Diagnostik in das für das jeweilige Staatsgebiet zuständige Labor eingeschickt. Für die Schweiz war dies das Institut für Viruskrankheiten und Immunprophylaxe (IVI), Mittelhäusern, für Österreich die Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES), Mödling, und für Deutschland das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Riems, für alle Serumproben sowie die Tupferproben aus den Sentinel-Anlagen. Das Chemische und Veterinäruntersuchungsamt (CVUA), Stuttgart, war für die Analyse der Tupferproben von Wildvogelbeprobungen zuständig. Der Virusgenom-Nachweis wurde mittels real-time RT-PCR durchgeführt. Alle Proben wurden zuerst mit einer allgemeinen Influenza-A-PCR getestet (Spackman et al., 2002). Influenza-A-positive Proben wurden anschliessend zur Subtypenbestimmung sequenziert (Hofmann et al., 2008). Die Serumproben wurden mittels kommerziell erhältlichen ELISA's und mit dem Hämagglutinationshemmtest (HHT) auf AI-spezifische Antikörper getestet. Zur einheitlichen, standardisierten Erfassung der Daten aus dem Wildvogelmonitoring erstellte das FLI Wusterhausen auf einer geschützten Internetseite eine Datenbank. Diese enthielt neben den Datensätzen aus der Wildvogelüberwachung von «Constanze» auch Daten aus weiteren, nationalen Überwachungsprogrammen der drei Bodensee-Anrainerstaaten.

Ornithologie

Die Vogelwarten Radolfzell (Deutschland) und Sempach (Schweiz) haben das Zuggeschehen der Wasservögel aus dem Bodenseegebiet durch die Analyse bislang nicht ausgewerteter oder nicht zusammengeführter Wiederfunddaten beringter Individuen untersucht. Hierfür wurden die verfügbaren Wiederfunde markierter Wasservögel aus den Datenbanken der beiden Vogelwarten sowie aus dem EURING-Datenpool analysiert und bereits vorhandene Auswertungen einer Metaanalyse unterzogen. Zur Untersuchung des Bewegungsverhaltens relevanter Wasservogelarten wurden satellitentelemetrische Untersuchungen durchgeführt. Bei dieser Methode wurden 30 Vögeln verschiedener Arten (Stock-, Pfeif-, Kolbenenten,

Rostgänsen, Blässhühnern) bis 30 g schwere (bei kleineren Arten leichtere) Rucksacksender aufgeschnallt. Diese bestimmten über Satellitensysteme ihre Position und übermittelten die Daten an eine Bodenstation, was die individuelle Verfolgung von Einzelvögeln ermöglichte.

Modellierung und Risikoabschätzung

Das Schweizerische Tropen- und Public Health-Institut in Basel untersuchte die Übertragungsdynamik des AI-Ausbruchs 2005/2006 unter Wildvögeln am Bodensee, indem es mittels mathematischer Modelle die Basisreproduktionsraten für das Ausbruchsgeschehen berechnete. Ausserdem wurden die Risikofaktoren für ein Auftreten der AI in Nutzgeflügelbeständen untersucht. Geflügelhalter wurden dazu mittels Fragebogen und standardisierten Interviews befragt.

Scenario-Tree-Analysen

Mittels Scenario-Tree-Analyse nach Martin et al. (2007) wurden die Entdeckungswahrscheinlichkeit der AI-H5N1-Infektion in Wildvögeln und die Kosten der verschiedenen Überwachungsmethoden untersucht. Für jede der Komponenten (Totfunde, Sentinel-Anlagen, Wasservogeljagd, Untersuchung von Schwänen während der Mauser, Untersuchung von Wildvögeln aus Reusen) wurde ein sogenannter Scenario-Tree entwickelt und die Entdeckungswahrscheinlichkeit von AI-H5N1-positiven Wildvögeln bei einer angenommenen Prävalenz von 1% geprüft. Das Modell ermöglichte eine Priorisierung der Überwachungsmethoden bezüglich Entdeckungswahrscheinlichkeit und Kosten.

Ergebnisse

Monitoring

Zwischen September 2006 und April 2009 wurden Wildvögeln im Raum Bodensee insgesamt 2379 Tupferproben entnommen und auf Influenza-A-Viren untersucht. 58 dieser Proben wurden wegen eines unvollständigen Datensatzes von der Auswertung ausgeschlossen. Bei 52 Proben wurden AIV verschiedener niedrigpathogener Subtypen festgestellt. HPAIV vom Subtyp H5N1 wurde im Untersuchungszeitraum in keiner Probe nachgewiesen. Die LPAIV-positiven Proben stammten von Höckerschwänen, Blesshühnern, Stock-, Pfeif- und Krickenten sowie von «Wildenten», deren Art nicht genauer spezifiziert worden ist. Die Prävalenz von LPAIV bei den während der Projektphase beprobten Wildvögeln betrug 2.2%. Die höchste Prävalenz von LPAIV lag zwischen August und November 2007 (Abb. 3). Den Sentinel-Enten wurden im Untersuchungszeitraum je nach Anlage zwischen 63 und 73 Tupfer- und zwischen 32 und 46 Serumproben entnommen. Virologisch und serologisch wurden in Altenrhein 5, in

510 Originalarbeiten

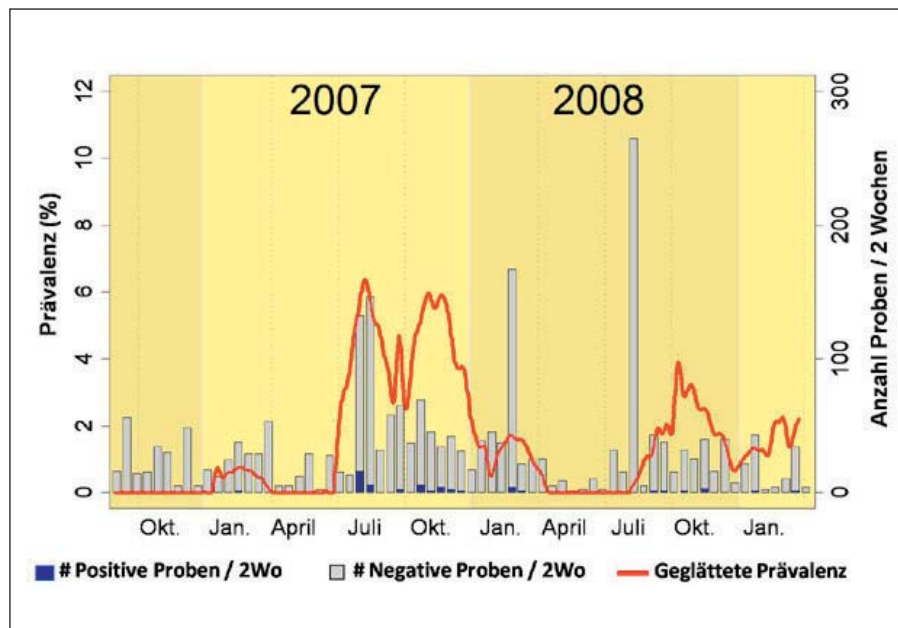


Abbildung 3: Zeitlicher Verlauf der LPAI-positiven Tupferproben.

Radolfzell 14 und in der Fussacher Bucht 16 LPAIV-Infektionen nachgewiesen (Globig et al, 2009). Die Serumproben, die den Höckerschwänen und den Wasservögeln aus dem Reusenmonitoring entnommen wurden, liessen sich kaum interpretieren, da positive ELISA-Ergebnisse nicht in allen Fällen mit Westernblot bestätigt werden konnten.

Ornithologie

Die Ringfundauswertung bei Wasservögeln hat gezeigt, dass der Bodenseeraum mit anderen Gebieten Europas und in einem geringeren Ausmass auch mit West- und Ostafrika beziehungsweise Ägypten räumlich verknüpft wird. Die bedeutendsten Zugbewegungen bestehen in einer Abwanderung der Brutvögel in westlicher und südwestlicher Richtung (bei wenigen Arten in nördlicher Richtung) und in einer Zuwanderung von Mausergästen, Durchzügler und Wintergästen aus östlicher und nordöstlicher Richtung (bei wenigen Arten aus südöstlicher Richtung). Tiefe Temperaturen scheinen diese grossräumigen Bewegungen zu begünstigen. Die Auswertung des EURING-Datensatzes zeigte: In harten Wintern legten Stock- und Tafelenten grössere Distanzen zurück.

Die satellitentelemetrischen Untersuchungen zeigten, dass die markierten Vögel mit wenigen Ausnahmen kleinräumige Bewegungen im Bodenseeraum vornahmten. Dabei fielen vor allem jene der Stockenten auf: Sie suchten einerseits vermutlich zur Nahrungssuche kleinere Gewässer auf (unter 5 km) und zogen andererseits während der Brutzeit regelmässig ins Seehinterland (bis über 25 km). Grossräumige Bewegungen wurden bei 2 weit nach Nordosten ziehenden Stockentenerpeln verzeichnet. Beide

Vögel wurden im Winter am Bodenseeufer gefangen und folgten dann wahrscheinlich einem Weibchen in die Brutgebiete in Westrussland beziehungsweise dem litauisch-weissrussischen Grenzgebiet. Dieses Verhalten zeigten 2 von 3 mit Sendern ausgestattete männliche Stockenten. Bemerkenswert ist zudem, dass beide Vögel bereits beim Einsetzen der Gefiedermauser Anfang Juli am Bodensee zurück waren. Eine derart frühe Zuwanderung aus dem nordöstlichen Europa war bislang nicht belegt. Ebenfalls durch die telemetrische Verfolgung gelang es, bei der Rostgans beachtliche Flüge festzustellen (Strecken von mindestens 70 km zwischen verschiedenen

Gewässern im nördlichen Alpenvorraum). Die Rostgans als Neozoon ist am Bodensee Brutvogel und ganzjährig anwesend. Eine am westlichen Bodensee-Ende besenderte Rostgans entfernte sich in der Nachbrutzeit mehrmals vom Bodensee und wurde einmal davon am etwa 60 km entfernten Klingnauer Stausee (Kanton Aargau) gepeilt. Diese bisher wenig bekannten, bereits im Hochsommer einsetzenden Wanderbewegungen von Wasservögeln könnten somit die Verbreitung von AI begünstigen.

Modellierung und Risikoabschätzung

Die Basisreproduktionsrate von HPAI H5N1 in Wildvögeln in der Bodenseeregion während des AI-Ausbruchs 2005/2006 wurde auf ungefähr 1.6 berechnet. Dies bedeutet, dass ein infizierter Vogel durchschnittlich 1.6 andere Vögel ansteckte.

Durch die Überprüfung der Risikofaktoren für eine Übertragung von AI auf Nutzgeflügel mittels Befragungen von Geflügelhaltern konnten weder eindeutige Risikobetriebe, noch Risikojahreszeiten oder Risikogebiete festgelegt werden. Es lässt sich jedoch festhalten, dass das Risiko einer Übertragung steigt, je mehr Risikofaktoren gleichzeitig wirken. Zu den Risikofaktoren gehören der Kontakt zwischen Wildvögeln und Nutzgeflügel, die gemeinsame Haltung von Enten und Hühnern, die Betriebshygiene, der Kontakt zwischen Geflügelhaltungen, beispielsweise durch Handel und Ausstellungen, sowie ein geringer Wissensstand und eine geringe Risikowahrnehmung der Geflügelhalter zu AI. Die Überprüfung des Risikofaktors Kontakt zwischen wilden Wasservögeln und Nutzgeflügel in Freilandhaltung zeigte:

Dieser Faktor ist weniger bedeutend als zuvor angenommen, denn solche Kontakte sind selten. (Saurina et al., 2010).

Scenario-Tree-Analysen

Die Ergebnisse der Scenario-Tree-Analysen zeigen, dass die Sentinel-Überwachung und die Untersuchung tot aufgefundener Vögel eine ähnliche Wahrscheinlichkeit zur Entdeckung infizierter Wildvögel ermöglichten. Die Entdeckungswahrscheinlichkeit lag bei beiden Methoden zwischen 30 % und 70 % pro Monat. Die Sentinel-Anlage erwies sich als kosteneffiziente Methode, auch wenn sie teurer war als die Untersuchung der Totfunde. Letztere hat den Nachteil, dass sie sich nur für Influenza-A-Viren mit hoher Mortalität eignet. Da sie zudem von der Mitarbeit der Öffentlichkeit abhängt, kann sie nur zu Zeiten hoher Sensibilisierung von Spaziergängern und anderer Personen zuverlässige Daten liefern.

Diskussion

Bei 2.2 % der während der 33-monatigen Datenerhebungsphase entnommenen Tupferproben wurde LPAIV nachgewiesen. Diese Prävalenz entspricht jener, die im Rahmen von nationalen Überwachungsprogrammen in anderen europäischen Ländern ermittelt worden ist (Hesterberg et al., 2009). Die Anzahl positiver Proben war jedoch zu gering, um gewisse Vogelarten als wichtige Überträger von Influenza-A-Viren zu identifizieren. Für den deutlichen Anstieg der Infektionsrate zwischen August und November 2007 könnten Saisonalität, noch nicht weiter identifizierte Risikofaktoren oder gar «Sampling Bias» verantwortlich sein. Die serologische Untersuchung von einmalig beprobten Tieren (vor allem Schwanenfänger und Reusenmonitoring) empfehlen die beteiligten Labors nur bedingt, da die verwendeten kommerziellen Tests zu unterschiedlichen und somit schwer interpretierbaren Ergebnissen führten. Es muss beachtet werden, dass die meisten kommerziellen Tests für Hühner- und nicht für Wildvogelseren entwickelt worden sind. Die Erfahrungen zeigten zudem, dass bei der Probenentnahme getrennte Kloaken- und Rachentupferabstriche entnommen werden sollten. Die Kloakentupfer enthalten zwar häufiger Virus, können aber Hemmstoffe enthalten, die die Sensitivität der PCR negativ beeinflussen. Die Sentinel-Anlagen als geschlossene Systeme eigneten sich ausgezeichnet, um die AI-Infektionsdynamik zu untersuchen. Sowohl die Dauer einer Infektion als auch der Zeitpunkt der Serokonversion liessen sich gut ermitteln.

Die verwendete Online-Datenbank ermöglichte eine einheitliche und einfache Erfassung aller Untersuchungsergebnisse. Das Einbeziehen von zusätzlichen Daten aus dem passiven Monitoring der drei Länder ermöglichte

eine umfassende epidemiologische Auswertung aller zwischen September 2006 und April 2009 auf AIV untersuchten Proben. Eine solche Datenbank gewährleistet eine gut strukturierte Übersicht und ist für die epidemiologische Auswertung der Daten ein entsprechend wertvolles Werkzeug und aus diesem Grund wurde empfohlen, Monitoringdaten weiterhin auf diese Art zu erfassen. Wasservögel, vor allem Tafelenten und Stockenten, verknüpfen das Bodenseegebiet mit Regionen, in denen HPAI vorkam. Bei der regionalen Ausbreitung von AIV dürften am ehesten Stockenten und Rostgänse eine Rolle spielen, da sie sich rege zwischen Bodensee und dem Seehinterland bewegen. Das Risiko für das Hausgeflügel, sich bei Wildvögeln mit AIV zu infizieren, ist jedoch gering, wurden doch kaum Kontakte zwischen Wildvögeln und Hausgeflügel registriert (Fiebig et al., 2009).

Durch die intensive Auseinandersetzung mit verschiedenen Methoden der AI-Überwachung konnten die Vor- und Nachteile der einzelnen Überwachungskomponenten untersucht werden. Sowohl die Durchführbarkeit als auch der Informationsgehalt und der Kostenaufwand waren bei der Beprobung von Tieren in den Sentinel-Anlagen angemessen, so dass die Anrainerstaaten beschlossen, zur regionalen AI-Überwachung die Anlage in Österreich während dreier weiterer Jahre gemeinsam zu betreiben. Ergänzt durch die Untersuchung von Totfunden wird so nach wie vor für die kommenden Jahre eine optimale Überwachung der AI im Raum Bodensee gewährleistet.

Dank

Ein solches Projekt ist ohne die tatkräftige Unterstützung aller Beteiligten nicht durchführbar. Hier an dieser Stelle sei deshalb allen Personen gedankt, welche im Vordergrund wie auch im Hintergrund am Projekt mitgewirkt haben und so zum Erfolg beigetragen haben. Am Forschungsprogramm «Constanze» waren das IVI, die Vogelwarten Radolfzell und Sempach, das Schweizerische Tropen- und Public Health-Institut, das FLI, die AGES, das BVET und die Veterinärdienste der drei Bodensee-Anrainerstaaten beteiligt. Finanziert wurde das Programm von den drei Staaten. Die Schweizer Teilprojekte wurden von BVET (Projekt-Nummer 1.07.01) und Bundesamt für Umwelt (BAFU) finanziell unterstützt. Die gute Zusammenarbeit von Veterinärbehörden und Forschern hat wesentlich zum Gelingen des Programms beigetragen. Ebenfalls sei dem Ministerium für Ländlichen Raum Baden-Württemberg (MLR) für die Lancierung des ergänzenden Projekts «Wildvogel und Vogelgrippe» gedankt. Beide Projekte haben sich schlussendlich hervorragend ergänzt. Dank geht auch an Marlies Schlatter für die Überarbeitung und Barbara Thür für die kritische Durchsicht des Berichts.

512 Originalarbeiten

Projet « Constanze » : résultats d'une recherche de trois ans sur l'Influenza aviaire dans la région du lac de Constance

L'influenza aviaire hautement pathogène de type Influenza-A H5N1 a atteint la région du lac de Constance en février 2006. L'importance du risque d'une transmission du virus des oiseaux sauvages aux oiseaux domestiques était peu claire à ce moment-là. Afin de protéger les oiseaux domestiques d'une contamination par les oiseaux sauvages, les états riverains du lac de Constance ont décidé d'étudier, dans le programme interdisciplinaire « Constanze », le rôle des oiseaux sauvages en matière d'influenza. On présente ici une sélection des constatations faites. En collaboration avec des représentants des autorités, des chercheurs ont relevé des prévalences de virus influenza chez les oiseaux d'eau, ont suivi leur migrations par télémétrie et ont analysé l'efficacité des diverses stratégies de surveillance. Bien que, sur la base des migrations, une importation du virus depuis l'est vers le lac de Constance et jusqu'à provenir de l'Oural soit pensable, on a jamais mis en évidence, durant les 33 mois de surveillance, le virus influenza A H5N1 hautement pathogène. A l'opposé, chez 2.2 % des oiseaux sauvages examinés, un virus influenza de faible pathogénicité a été isolé. Parmi les diverses méthodes de surveillances utilisées dans ce programme, les « installations sentinelles » se sont révélées comme particulièrement efficaces.

Progetto « Constanze »: risultati di tre anni di ricerca sull'influenza aviaria nella regione del Lago di Costanza

Nel febbraio 2006 l'influenza aviaria altamente patogena del sottotipo Influenza-A H5N1 ha raggiunto la regione del Lago di Costanza. A quel momento non era chiara la gravità del rischio della trasmissione del virus dagli uccelli selvatici agli uccelli da reddito. Per proteggere gli uccelli da reddito da una trasmissione del virus da parte degli uccelli selvatici è stato deciso dagli stati di Bodensee-Anrain di esaminare in modo interdisciplinare, nel progetto « Constanze », il ruolo tenuto dagli uccelli selvatici nel verificarsi dell'influenza. Qui verranno presentati una scelta dei risultati. In collaborazione con i rappresentanti delle autorità, i ricercatori hanno individuato la prevalenza del virus dell'influenza aviaria negli uccelli acquatici, hanno seguito i loro movimenti tramite telemetria e analizzato l'efficienza di ogni strategia di controllo messa in atto. Anche se sulla base dei movimenti sia possibile una introduzione del virus da Est del Lago di Costanza fino agli Urali durante la fase di raccolta dei dati, durata 33 mesi, non è mai stato trovato il virus influenzale altamente patogeno del sottotipo A H5N1. Per contro sono stati isolati dei tamponi con un virus influenzale minimamente patogeno nel 2.2 % degli uccelli selvatici esaminati. Nel quadro di questo programma i metodi di controllo utilizzati nell'impianto sentinella si sono rilevati molto efficaci.

Literatur

Alexander D.J.: An overview of the epidemiology of avian influenza. *Vaccine* 2007, 25: 5637–5644.

Brunhart I., Falk M., Greber N., Baumer A., Globig A., Fink M., Fiedler W., Sauter A., Fiebig L., Surina J., Zinsstag J., Conraths F.J., Stärk K.D.C., Griot C.: Schlussbericht Forschungsprogramm « Constanze » 2010, http://www.bvet.admin.ch/gesundheit_tiere/00276/00280/index.html

Centre for Food Security and Public Health, College for Veterinary Medicine, Iowa State University (CFSPH): Highly pathogenic avian influenza. Factsheet. Last Updated: August 7, 2007.

Chen H., Smith G.J., Zhang S.Y., Qin K., Wang J., Li K.S., Webster R.G., Peiris J.S., Guan Y.: Avian flu: H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. *Nature* 2005 436: 191–192.

Fiebig L., Smieszek T., Saurina J., Hattendorf J., Zinsstag J.: Contacts between poultry farms, their spatial dimension and their relevance for avian influenza preparedness. *Geospat. Health* 2009, 4: 79–95.

Globig A., Baumer A., Revilla-Fernández S., Beer M., Wodak E., Fink M., Greber N., Harder T.C., Wilking H., Brunhart I., Matthes

D., Kraatz U., Strunk P., Fiedler W., Fereidouni S.R., Staubach C., Conraths F.J., Griot C., Mettenleiter T.C., Stärk K.D.: Ducks as sentinels for avian influenza in wild birds. *Emerg. Infect. Dis.* 2009, 15: 1633–1636.

Happold J.R., Brunhart I., Schwermer H., Stärk K.D.C.: Surveillance of H5 avian influenza virus in wild birds found dead. *Avian Dis.* 2008, 52: 100–105.

Hesterberg U., Harris K., Stroud D., Guberti V., Busani L., Pittman M., Piazza V., Cook A., Brown I.: Avian influenza surveillance in wild birds in the European Union in 2006. *Influenza Other Respi. Viruses* 2009, 3: 1–14.

Hofmann M.A., Renzullo S., Baumer A.: Phylogenetic characterization of H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses isolated in Switzerland in 2006. *Virus Genes* 2008, 37: 407–413.

Kim J.K., Negovetich N.J., Forrest H.L., Webster R.G.: Ducks: the « Trojan horses » of H5N1 influenza. *Influenza Other Respi. Viruses* 2009, 3: 121–128.

Li K.S., Guan Y., Wang J., Smith G.J., Xu K.M., Duan L., Ra-hardjo A.P., Puthavathana P., Buranathai C., Nguyen T.D., Es-toepangestie A.T., Chaisingh A., Auewarakul P., Long H.T., Hanh N.T., Webby R.J., Poon L.L., Chen H., Shortridge K.F., Yuen K.Y., Webster R.G., Peiris J.S.: Genesis of a highly pathogenic and po-

tentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* 2004, 430: 209–213.

Martin P.A., Cameron A.R., Greiner M.: Demonstrating freedom from disease using multiple complex data sources 1: a new methodology based on scenario trees. *Prev. Vet. Med.* 2007, 79: 71–97.

OIE: OIE Terrestrial Manual 2009, chapter 2.3.4. Avian Influenza, Version Mai 2009 http://www.oie.int/eng/normes/mmanual/2008/pdf/2.03.04_AI.pdf

Saurina J., Fiebig L., Zinsstag J., Schelling E.: Disease awareness of the poultry keepers in Switzerland and their access to information concerning highly pathogenic avian influenza. *Schweiz. Arch. Tierheilk.* 2010, 152: 363–371.

Shinya K., Makino A., Kawaoka Y.: Emerging and reemerging influenza virus infections. *Vet. Pathol.* 2010, 47: 53–57.

Shorridge K.F., Zhou N.N., Guan Y., Gao P., Ito T., Kawaoka Y., Kodihalli S., Krauss S., Markwell D., Murti K.G., Norwood M., Senne D., Sims L., Takada A., Webster R.G.: Characterization of avian H5N1 influenza viruses from poultry in Hong Kong. *Virology* 1998, 252: 331–342.

Sinnecker H., Sinnecker R., Zilske E., Köhler D.: Detection of influenza A viruses and influenza epidemics in wild pelagic birds by sentinels and population studies. *Zentralbl. Bakteriol. Mikrobiol. Hyg. A.* 1982, 253: 297–304.

Spackman E., Senne D.A., Myers T.J., Bulaga L.L., Garber L.P., Perdue M.L., Lohman K., Daum L.T., Suarez D.L.: Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. *J. Clin. Microbiol.* 2002, 40: 3256–3260.

Starick E., Beer M., Hoffmann B., Staubach C., Werner O., Globig A., Strebelow G., Grund C., Durban M., Conraths F.J., Mettenleiter T., Harder T.: Phylogenetic analyses of highly pathogenic avian influenza virus isolates from Germany in 2006 and 2007 suggest at least three separate introductions of H5N1 virus. *Vet. Microbiol.* 2008, 128: 243–252.

Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., Chambers T.M., Kawaoka Y.: Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol. Rev.* 1992, 56: 152–79.

WHO: Avian Influenza, the disease in birds, 2006 http://www.who.int/mediacentre/factsheets/avian_influenza/en/

Yen H.L., Webster R.G.: Pandemic influenza as a current threat. *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 2009, 333: 3–24.

Korrespondenz

PD Dr. med. vet. C. Griot
Institut für Viruskrankheiten und Immunprophylaxe
Sensemattstrasse 293
CH-3147 Mittelhäusern
Tel.: + 41 (0)31 848 92 11
Fax: + 41 (0)31 848 92 22
E-Mail: christian.griot@ivi.admin.ch

Manuskripteingang: 1. Juni 2010
Angenommen: 29. Juni 2010