



Aviäre Influenza - wird aus einer Epidemie eine Endemie?

Das LGL wies 2021 und 2022 in Bayern mehrere Fälle von hochpathogener Aviärer Influenza (HPAI; Geflügelpest) nach. Das Auftreten von HPAI hat sich in Deutschland und Europa nicht nur saisonal verschoben, auch der zeitliche Abstand zwischen den Ausbrüchen hat sich verringert.

Wasservögel gelten als wichtiges Reservoir für aviäre Influenzaviren.

Während der Sommermonate 2022 kam es in Deutschland und Europa zu vielen Geflügelpestausrüchen bei Wildvögeln und gehaltenen Vögeln. Im Gegensatz zu den Vorjahren beruhigte sich das Seuchengeschehen auch über die Sommermonate hinweg nicht. Bislang galt die Zeit vom Spätherbst bis in den Frühling als typische Geflügelpestsaison, da sich die Influenzaviren vor allem durch den herbstlichen Vogelzug von wildlebendem Wassergeflügel, wie etwa Enten, Gänsen und Schwänen, in der Wildvogelpopulation ausbreiten und in der kälteren Jahreszeit eine höhere Überlebensfähigkeit in der Umwelt besitzen. Bei direktem oder indirektem Kontakt zwischen Wildvögeln und Hausgeflügel besteht die Gefahr der Seucheneinschleppung in die Geflügelbestände.

Monitoring am LGL

Das LGL führt in Bayern Monitoring-Untersuchungen bei Wildvögeln und bei Hausgeflügel durch. Dabei untersucht das LGL sowohl klinisch gesunde Vögel (aktives Monitoring) als auch erkrankte oder

tot aufgefundene Vögel (passives Monitoring). Das LGL wies 2021 und 2022 HPAI bei Wildvögeln in 88 Fällen, bei gehaltenen Vögeln in 23 Fällen (Betrieben) nach. Die Monitoring-Untersuchungen sind wesentlich, um das Auftreten von HPAI rechtzeitig zu erkennen und risikoorientiert bei gehaltenen Vögeln geeignete Maßnahmen zum Schutz der Tierbestände ergreifen zu können. Die Befürchtung wächst, dass sich die HPAI in Europa von einer in mehrjährigen Abständen auftretenden epidemischen Seuche zu einer endemischen Tierseuche entwickelt.

2021 und 2022 geringes Risiko für den Menschen

Bestimmte Influenza-A-Viren können wechselseitig zwischen Mensch und Tier übertragen werden, sie besitzen grundsätzlich zoonotisches Potenzial. Sie sind genetisch sehr variabel. Von den 2021 und 2022 aufgetretenen Varianten der Subtypen H5N1 und H5N8 ging nur ein geringes Risiko für Menschen aus.