

Wildvogelaufkommen als Risikofaktor für das Auftreten von Geflügelpest in großen Nutzgeflügelbeständen – eine Fall-Kontroll-Studie in Mecklenburg- Vorpommern

DR. JEANNINE GRUSE
TÄ NELE LOOCK
DR. KLIM HÜTTNER

*Epidemiologischer/Tierseuchenbekämpfungsdienst (TSBD)
des Landesamtes für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit
und Fischerei MV, www.LALLF.de*

Stichworte:

Hochpathogene Aviäre
Influenza (HPAI),
Fall-Kontroll-Studie,
Risikofaktoren

Während der Herbst- und Wintersaison 2020/2021 kam es in ganz Europa zu zahlreichen Ausbrüchen von Hochpathogener Aviärer Influenza (HPAI) sowohl in der Wildvogelpopulation als auch bei gehaltenem Geflügel. Allein in Mecklenburg-Vorpommern (MV) wurden im Rahmen der Seuchenbekämpfung über 326.000 gehaltene Vögel gekeult. Epidemiologische Ermittlungen zeigen in den seltensten Fällen konkrete Eintragsursachen auf, weisen jedoch häufig auf Wildvogelkontakte in Ausbruchsbetrieben hin. Als landwirtschaftlich geprägtes Küstenland entlang der großen Wildvogel-Migrationsrouten ist MV für zahlreiche Zugvogelspezies attraktiv. Um den Einfluss der Wildvogeldichte, des Habitats sowie der betrieblichen und geografischen Gegebenheiten auf die Ausbruchswahrscheinlichkeit von HPAI in gewerblichen Geflügelhaltungsbetrieben zu ermitteln, wurde in dreizehn Ausbruchs- und 51 Kontrollbetrieben eine Fall-Kontroll-Studie durchgeführt. Im Ergebnis wurde speziesübergreifend ein signifikanter Zusammenhang zwischen dem Vorhandensein von Wildvogelansammlungen, insbesondere von migrierenden Wasservögeln, zu HPAI-Ausbrüchen in gewerblichen Betrieben hergestellt. Für Putenhaltungen konnte außerdem gezeigt werden, dass mehr Ausbruchs- als Kontrollbetriebe eigene Biogasanlagen oder offene Futtersilos im Umkreis von einem Kilometer aufwiesen. Eine zusammenfassende Darstellung relevanter Risikoparameter wird in einem explorativen Modell visualisiert.

Hintergrund

Die Geflügelpest-Epidemie in 2020/2021 gilt bis dato mit insgesamt 1.247 Seuchenausbrüchen bei Nutzgeflügel, 22,4 Millionen betroffenen Vögeln und 2.243 Nachweisen bei Wildvögeln als eine der verheerendsten HPAI-Seuchenzüge, die

je in Europa auftraten (EFSA, 2021). Die gemeldeten Fallzahlen bei Wildvögeln waren in Deutschland am höchsten, gefolgt von Dänemark, den Niederlanden und dem Vereinigten Königreich. Von HPAI-Ausbrüchen bei Nutzgeflügel waren Polen, Frankreich und Deutschland in Europa am schwersten betroffen.

Nach Daten der Weltorganisation für Tiergesundheit (WOAH) folgte die HPAI-Inzidenz in Europa bisher einem saisonalen Trend, charakterisiert durch ansteigende Fallzahlen ab Oktober mit Maximalwerten im Februar und anschließendem Abflauen der epidemischen Kurve. Zugvögel, insbesondere

ziehende Wasservögel, sind als Reservoir für Inflenzaviren bekannt (Blagodatski et al., 2021) und spielen somit sowohl als Ursprungsherd als auch als Verbreiter des Erregers in Europa eine wichtige Rolle (Webster et al., 1992; EFSA 2020). Einmal in eine Region eingetragen wird die Verbreitung des Virus nicht nur durch Wildvogelbewegungen, sondern auch durch Geflügelhaltung und -handel aufrechterhalten und hängt dabei wesentlich von den implementierten Biosicherheitsmaßnahmen ab.

Weltweit wird ein grundlegender Wandel hinsichtlich der Geflügelpestbekämpfung mit dem Fokus auf flexible Impf- und Surveillancestrategien gefordert (Klemm 2022; Sims 2022). Entgegen der beschriebenen Saisonalität wird seit einigen Jahren ein Trend zu HPAI-Viruslasten innerhalb Europas beobachtet, der die Geflügelpestvorsorge und -bekämpfung vor neue Herausforderungen stellt (EFSA, 2021). Die epidemiologische und genotypische Verknüpfung von HPAI-Viren in Nutzgeflügel und Wildvögeln ist unstrittig (King et al., 2022). Da im Ausbruchsbetrieb jedoch kaum ein kausaler Eintrag aus der Wildvogelpopulation belegt werden kann, bleibt dieser Zusammenhang in der Regel eine Vermutung. Studien in Deutschland, die betriebliche Risikofaktoren für HPAIV-Eintragsursachen definieren, sind rar. Dies war Anlass, eine Analyse der Eintragsursachen für HPAI-Viren in gewerblichen Betrieben für die Epidemie 2020/21 in MV durchzuführen (Hüttner et al., 2022).

Innerhalb Deutschlands war MV als Küstenland neben Schleswig-Holstein und Niedersachsen besonders schwer von der HPAI Epidemie 2020/21 betroffen. Wildgänse, Wildenten, Schwäne und Möwenvögel wurden in den Küstenregionen massenhaft verendet geborgen. Zwischen Oktober 2020 und April 2021 meldete MV 131 nachgewiesene HPAI-Fälle bei Wildvögeln und 25 HPAI-Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln und Nutzgeflügel, davon dreizehn Fälle in gewerblichen Betrieben. Die unmittelbar auf die Seuchenfeststellung folgenden epidemiologischen Ermittlungen in allen gewerblichen Ausbruchsbetrieben konnten wie zuvor erwähnt, keine ein-

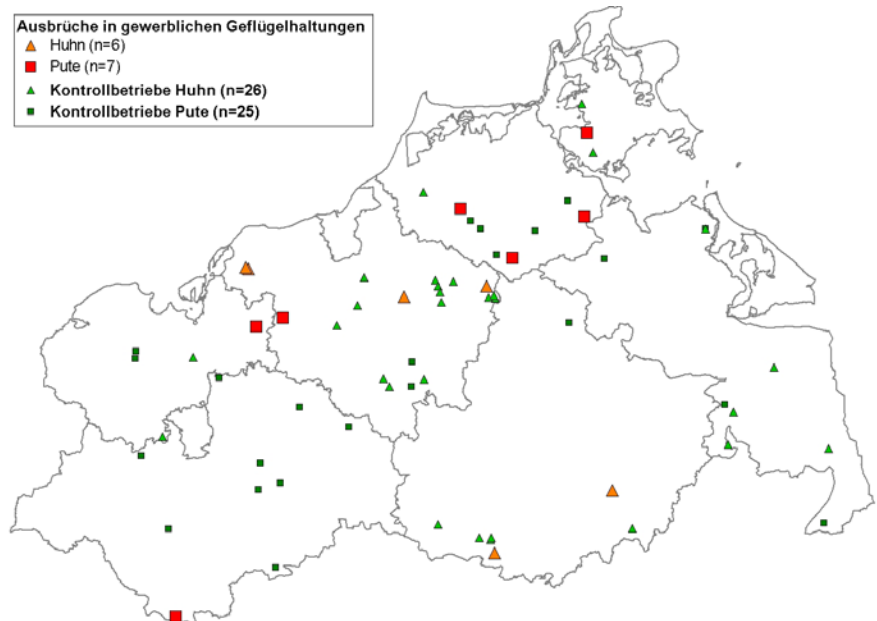


Abb. 1 Räumliche Verteilung der Ausbruchs- und Kontrollbetriebe im Rahmen der Fall-Kontroll-Studie 2020/21 auf dem Landesgebiet

deutige Ursache für die Viruseinträge festmachen.

Die Relevanz des internen Betriebsmanagements und der betrieblichen Biosicherheit zum Schutz des Bestandes vor HPAI-Einträgen ist vielfach untersucht und allgemein bekannt. In unserer Studie wurde die Annahme zu Grunde gelegt, dass HPAI-Ausbrüche in gewerblichen Nutzgeflügelhaltungen auch durch das Betriebsumfeld, die geografische Struktur und deren Attraktivität für Wildvögel beeinflusst werden. Ziel war es, mögliche belastbare Risikofaktoren abzuleiten, um durch weitere Sensibilisierung der Tierhalter HPAI-Ausbrüche reduzieren zu helfen.

Studiendesign und Fragebogen

Fall-Kontroll-Studien erlauben einen retrospektiven Vergleich von Expositionsfaktoren in den zu untersuchenden Gruppen. Insgesamt wurden dreizehn Ausbruchs- und 51 Kontrollbetriebe im gesamten Bundesland in die Studie einbezogen.

Als Ausbruchsbetriebe wurden sechs Legehennenbetriebe (davon zwei Aufzuchten) und sieben Putenmastbetriebe mit bestätigtem H5N8-Ausbruch zwischen November 2020 und März 2021 um Kooperation gebeten. Als Kontroll-

betriebe dienten 26 Hühnerbetriebe und 25 Mastputenhaltungen, die jeweils mindestens 1.000 Hühner bzw. Puten hielten und die sich freiwillig zur Teilnahme an der Studie bereit erklärten. Die Verteilung der eingebundenen Betriebe im Land ist in Abbildung 1 dargestellt. Alle Betriebe hielten zwischen November 2020 und April 2021 Geflügel ausschließlich im Stall ohne Zugang zum Freigelände. Da es in MV im Betrachtungszeitraum keine HPAI-Ausbrüche in Masthühnerbeständen gab, wurden solche Betriebe von der Betrachtung ausgeschlossen.

Die Datenerhebung erfolgte vor Ort mit den jeweiligen Betriebsmitarbeitern, die durch vier geschulte Tierärzte des Tierseuchenbekämpfungsdienstes durch einen strukturierten Fragebogen geführt wurden. Der dafür entwickelte zweiseitige Fragebogen wurde in die Themenblöcke Nutzung, Baulichkeit, Abläufe, Betriebsumfeld/Habitat, Mitarbeiter und Hygiene gegliedert. Es wurden über 60 Einzelfaktoren erhoben. Parameter zur Betriebsstruktur umfassten beispielsweise Nutzungsart und Tierzahlen der gehaltenen Geflügelspezies, Lüftungsart, Zustand der Stallgebäude sowie deren frühere Nutzung. Hinsichtlich des Betriebsmanagements wurden unter anderem die Lagerung von Futter und Ein-

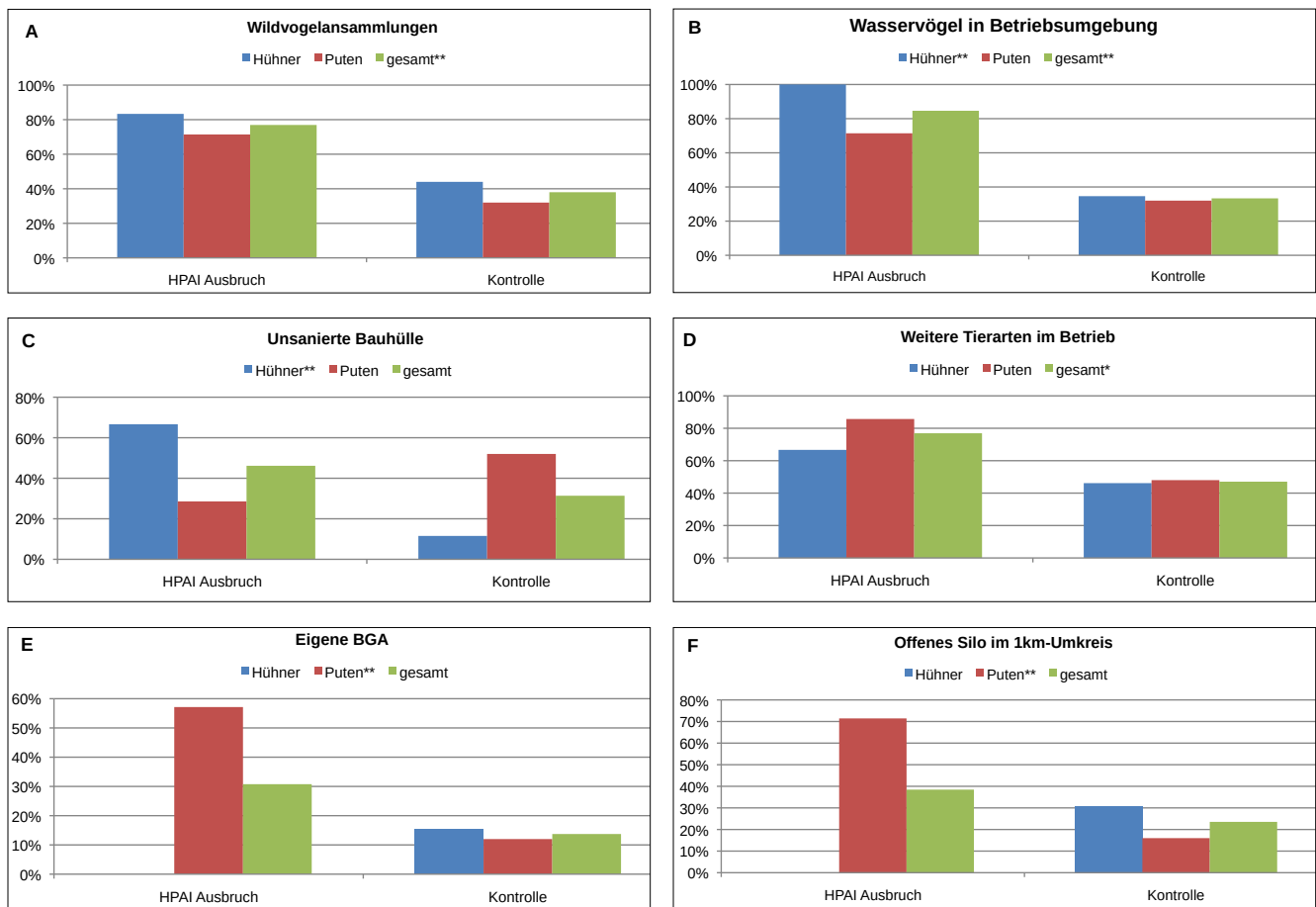


Abb. 2 Faktoren, deren Auftreten sich statistisch zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben unterscheiden. Prozentuale Angaben beziehen sich auf den Anteil Tiere innerhalb der jeweiligen Fallgruppe und Spezies. Mit ** gekennzeichnete Balken zeigen einen signifikanten Unterschied innerhalb der jeweiligen Tiergruppe ($p < 0,05$), * deutet auf eine Tendenz hin ($0,05 < p < 0,07$).

streumaterial, das Einstreumanagement, der Fahrzeug- und Personenverkehr auf dem Betriebsgelände sowie die Haltung weiterer Tierarten berücksichtigt. Fragen zur Betriebsumgebung fokussierten auf Faktoren, welche die Attraktivität für Wildvögel beeinflussen können, wie z.B. das Vorhandensein von Biogasanlagen (BGA), offenen Futter-/Fahrsilos oder offenen Wasserflächen in der Umgebung. Die angebauten Feldfrüchte im unmittelbaren Umfeld wurden ebenfalls berücksichtigt. Das Betriebspersonal wurde zu Anzahl und Art der Wildvogelspezies befragt, wobei der Fokus auf Risikospezies gelegt wurde (Risikoeinschätzung FLI vom 26.04.2021).

Alle Antworten wurden numerisch kodiert, teils nach angenommenem Risikokategorisiert und gewichtet. Antworten zu umgebenden Still- und Fließgewäs-

sern, BGA und Silos wurden mithilfe von Geodaten und Einträgen aus dem Veterinärverwaltungsprogramm Balvi iP überprüft und ergänzt.

Die uni- und multivariate Analyse wurde mit SPSS für Windows Version 22 (SPSS Inc., Chicago, Illinois, USA) sowie Statistica Version 14.0.1.25 (TIBCO Software Inc.) durchgeführt, um die Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben zu untersuchen. Lediglich signifikante ($p < 0,05$) bzw. marginal signifikante ($0,05 < p < 0,07$) Unterschiede zwischen den Fallgruppen wurden berücksichtigt. Zur Analyse wurden Pearsons χ^2 und Fishers-Exakt-Test verwendet. Die Multikorrespondenzanalyse ausgewählter Risikofaktoren erfolgte abhängig von ermittelten Signifikanzen sowohl speziesunabhängig als auch ausschließlich für Putenbetriebe.

Ergebnisse und Diskussion

Balkendiagramme aller signifikanten und marginal signifikanten, sowohl speziesabhängigen als auch speziesunabhängigen Effekte der univariaten Analyse finden sich in Abbildungen 2A-F.

Ausbruchsbetriebe waren signifikant häufiger von Wildvogelansammlungen im Betriebsumfeld betroffen ($p = 0,013$). Kategorisiert man diese Wildvogelarten, wurden Wasservögel (Wildgänse, Wildenten, Schwäne) signifikant häufiger um Ausbruchs- als um Kontrollbetriebe gesichtet ($p = 0,001$). Dies deckt sich mit den Untersuchungsergebnissen an 67 Wildvogelspezies des Landeslabors (LALLF M-V) im Betrachtungszeitraum zwischen Oktober 2020 und April 2021. Die Schlussfolgerung, dass die Inzidenz von HPAI-Ausbrüchen dort erhöht ist,

wo sich Geflügelhaltungen mit Wildvogelhabitaten überlappen, wird von Si et al. (Si, de Boer and Gong, 2013) bestätigt. Im Gegensatz zu Studien aus Osteuropa und den Niederlanden (Si, de Boer and Gong, 2013; Velkers et al., 2020) war in der Untersuchung in MV kein Zusammenhang von umgebenden offenen Wasserflächen zur HPAI-Ausbruchshäufigkeit erkennbar ($p>0,4$). Dies resultiert mit großer Wahrscheinlichkeit aus der räumlich starken Gewässerdichte in MV. Darüber hinaus ist zu berücksichtigen, dass temporäre Überschwemmungsflächen und Senken, die z.B. Pfeifenten und Schwänen als Rastplätze dienen, nur unzureichend in die Betrachtung einbezogen werden konnten. Das Fehlen signifikanter Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben hinsichtlich der Anbauhäufigkeit von Raps, Getreide oder Mais als geeignete Futterflächen für Wildvögel in unmittelbarer Betriebsumgebung kann gleichermaßen durch deren starke räumliche Verbreitung im Agrarland MV erklärt werden ($p>0,7$). Einige der betrachteten Faktoren zeigten lediglich innerhalb einer Speziesgruppe gesicherte Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben. So konnten wir nur innerhalb der Gruppe hühnerhaltender Betriebe zeigen, dass sich der bauliche Zustand der Ställe zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben signifikant unterscheidet ($p=0,012$) und sich die HPAI-Ausbrüche vor allem in unsanierten Stallgebäuden ereigneten. Im Gegensatz dazu waren nur innerhalb der Gruppe der Putenhaltungen die Ausbruchsbetriebe häufiger durch eine eigene BGA charakterisiert als Kontrollbetriebe ($p=0,026$). Ebenfalls nur für Putenhaltungen konnte gezeigt werden, dass im Umkreis von einem Kilometer um Ausbruchsbetriebe signifikant häufiger ein offenes Silo betrieben wurde ($p=0,01$). Speziesübergreifend hingegen wurde gezeigt, dass Ausbruchsbetriebe tendenziell häufiger als Kontrollbetriebe weitere Tierarten im Betrieb hielten ($p=0,051$).

Nicht nur offene Futtersilos selbst, sondern auch in unmittelbarer Umgebung von BGA gelagertes sog. Inputmaterial (Maissilo, Stallmist mit Futterresten etc.), wirken als potentielle Futterquelle nicht



Abb. 3 Ergebnisse der MCA für Putenbetriebe (A) und speziesübergreifend alle Betriebe (B). Kategorische (ja/nein) Ausprägungen eines Parameters wurden nach angenommenem Risiko rot bzw. grün dargestellt.

nur für Wildvögel, sondern auch für Schadinsekten attraktiv. Die Notwendigkeit, neben der Geflügelhaltung auch andere Betriebszweige zu bewirtschaften, ist mit erhöhtem Personen- und Fahrzeugverkehr und variablem Einsatz von Arbeitskräften und Arbeitsgeräten assoziiert. Das daraus resultierende erhöhte HPAI-Risiko für betroffene Geflügelhaltungen wurde in Studien aus Frankreich belegt (Ssematimba et al., 2013; Guinat et al., 2020).

Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben, die sich nur innerhalb einer Spezies, nicht jedoch speziesübergreifend darstellen ließen, sind größtenteils durch die zwischen Hühner- und Putenhaltungsbetrieben deutlich unterschiedliche Bewirtschaftung (v.a. im Einstreumanagement) sowie unterschiedliche Stallbautypen und Lüftungssysteme erklärbar. So sind Putenställe oft durch großflächig offene Stallseiten mit Gardinenlüftung charakterisiert und bieten

verhältnismäßig große Eintragsflächen. Sanierte und damit witterungsrobuste Hühnerställe hingegen bieten deutlich sicherere Barrieren gegen Windexposition und Regen wie auch gegen Schädlinge als potentielle Vektoren vor allem in wildvogelreicher Umgebung. Durch Modellierung von Luftbewegungen und räumlichen Beziehungen HPAI-infizierter Betriebe konnte durch Zhao et al. (2019) und Lüder (2021) theoretisch dargestellt werden, dass die Ausbreitung von AI-Virus durch den Wind möglich ist, obgleich dies als einzige Infektionsquelle aufgrund der geringen Erregermengen als unwahrscheinlich eingestuft wird. In diesem Zusammenhang wurde in unserer Studie auch die Ausrichtung der Ställe zur Windrichtung als potentieller Risikofaktor berücksichtigt. Obwohl die Rohdaten innerhalb der Gruppe putenhaltender Betriebe nahelegten, dass Ausbruchsbetriebe häufiger längsseitig der Hauptwindrichtung orientiert waren als Kontrollbetriebe, konnte dies statistisch nicht belegt werden. Abbildung 3 zeigt die Ergebnisse einer zusammenfassenden, explorativen Multikorrespondenzanalyse (MCA). Hier wurden alle Parameter eingebunden, die signifikante bzw. marginal signifikante Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben aufwiesen, und zueinander sowie zu den beiden Fallgruppen (Ausbruch vs. Kontrolle) räumlich und rechnerisch in Beziehung gesetzt. Aus dem Modell wird deutlich, dass sich Parameter ohne Assoziation zu einem betrieblichen HPAIV-Eintrag (grün) eher um die Kontrollbetriebe gruppieren. Analog gruppieren sich Parameter mit Assoziation zum HPAIV-Eintrag eher um die Ausbruchsbetriebe. Die sog. Inertia als Maß für die ‚Fitness‘ des Modells summiert sich in den zwei Dimensionen in beiden Fällen auf >50% und erklärt damit die Verteilung der Parameter in ausreichendem Maß. Für alle weiteren im Rahmen der Studie erhobenen Parameter konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben ermittelt werden.

Zwar konnten bei speziesübergreifender Betrachtung für verschiedene Faktoren

vor allem in Bezug auf das Betriebsmanagement keine signifikanten Unterschiede zwischen Ausbruchs- und Kontrollbetrieben gezeigt werden. Allerdings muss hierbei berücksichtigt werden, dass die bereits erwähnten signifikanten Unterschiede zwischen den beiden Spezies Huhn und Pute zu Maskierungen von Effekten aufgrund der geringen Gesamtzahl an teilnehmenden Betrieben geführt haben können. Um Einflüsse durch abweichendes Management zwischen den Spezies zu minimieren und auch Faktoren mit mehr als zwei Merkmalsausprägungen valide auswerten zu können, müsste die Gesamtzahl an teilnehmenden Betrieben erhöht werden.

Danksagung

Den beteiligten Geflügelbetrieben, den Kollegen und Kolleginnen der Veterinärämter sowie vom Institut für Epidemiologie am FLI (Riems) ein herzliches Dankeschön für die gute Kooperation und unkomplizierte Abstimmung. Außerdem gilt der Dank den Kollegen und Kolleginnen des LALLF M-V für die verlässliche und zeitnahe Untersuchung von Wildvögeln und Unterstützung bei der Datenerhebung.



LITERATUR

- European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoeh, C., Fusaro, A., Gonzales, J. L., Kuiken, T., Marangon, S., ... & Baldinelli, F. (2020). Avian influenza overview August–December 2020. *Efsa Journal*, 18(12), e06379. <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2903/j.efsa.2020.6379>
- European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoeh, C., Fusaro, A., Gonzales, J. L., Kuiken, T., Marangon, S., Niqueux, É., Staubach, C., Terregino, C., Aznar, I., Guajardo, I. M., Lima, E., & Baldinelli, F. (2021). Avian influenza overview February – May 2021. *Efsa Journal*. European Food Safety Authority, 19(12), e06951. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6951>
- Friedrich-Loeffler-Institut (26.04.2021): Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00036978/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5_2021-04-26.pdf
- Blagodatski, A., Trutneva, K., Glazova, O., Mityaeva, O., Shevkova, L., Kegeles, E., Onyanov, N., Fede, K., Maznina, A., Khavina, E., Yeo, S. J., Park, H., & Volchkov, P. (2021). Avian Influenza in Wild Birds and Poultry: Dissemination Pathways, Monitoring Methods, and Virus Ecology. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 10(5), 630. <https://doi.org/10.3390/pathogens10050630>
- Guinat, C., Comin, A., Kratzer, G., Durand, B., Delesalle, L., Delpont, M., Guérin, J. L., & Paul, M. C. (2020). Biosecurity risk factors for highly pathogenic avian influenza (H5N8) virus infection in duck farms, France. *Transboundary and emerging diseases*, 67(6), 2961–2970. <https://doi.org/10.1111/tbed.13672>
- Hüttner, K., Looch, N., Gruse, J., Wendt, H., Nack, F. (2022). HPAI-Viruseinträge durch Wildvögel. Fall-Kontrollstudie in großen Geflügelbetrieben in Mecklenburg-Vorpommern. *Deutsches Tierärzteblatt*. 70(04), 466–468.
- King, J., Staubach, C., Lüder, C., Koethe, S., Günther, A., Stacker, L., Rubbenstroth, D., Dietze, K., Grund, C., Conraths, F. J., Harder, T., Beer, M., & Pohlmann, A. (2022). Connect to Protect: Dynamics and Genetic Connections of Highly Pathogenic Avian Influenza Outbreaks in Poultry from 2016 to 2021 in Germany. *Viruses*, 14(9), 1849. <https://doi.org/10.3390/v14091849>
- Klemm, M. (2022): Vaccination rules in the EU. Proceedings of the IABS-Meeting on High Pathogenicity Avian Influenza, 25–26th Oct. 2022, Paris, p.38
- Lüder, C. (2021). Retrospektive Analyse der Biosicherheit und der Wahrscheinlichkeit einer windvermittelten Übertragung von hochpathogenen aviären Influenzaviren zwischen putenhaltenden Betrieben in Nordwestdeutschland (Doctoral dissertation). <https://refubium.fu-berlin.de/handle/fub188/32993>
- Ssematimba, A., Hagenaars, T. J., de Wit, J. J., Ruiterkamp, F., Fabri, T. H., Stegeman, J. A., & de Jong, M. C. (2013). Avian influenza transmission risks: analysis of biosecurity measures and contact structure in Dutch poultry farming. *Preventive veterinary medicine*, 109(1–2), 106–115. <https://doi.org/10.1016/j.pvetmed.2012.09.001>
- Si Y, de Boer WF, Gong P (2013) Different Environmental Drivers of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Outbreaks in Poultry and Wild Birds. *PLoS ONE* 8(1): e53362. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0053362>
- Sims, L. (2022): “Factors that inhibit usage of preventive vaccination and ways to overcome them. Proceedings of the IABS-Meeting on High Pathogenicity Avian Influenza - Vaccination Strategies to prevent and control HPAI, 25–26th Oct. 2022, Paris, p.44
- Velkers, F. C., Manders, T. T. M., Vernooij, J. C. M., Stahl, J., Slaterus, R., & Stegeman, J. A. (2021). Association of wild bird densities around poultry farms with the risk of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N8 outbreaks in the Netherlands, 2016. *Transboundary and emerging diseases*, 68(1), 76–87. <https://doi.org/10.1111/tbed.13595>
- Zhao, Y., Richardson, B., Takle, E., Chai, L., Schmitt, D., & Xin, H. (2019). Airborne transmission may have played a role in the spread of 2015 highly pathogenic avian influenza outbreaks in the United States. *Scientific reports*, 9(1), 11755. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47788-z>



Dr. Jeannine Gruse

2012: Studienabschluss und Approbation an der FU Berlin

2012–2016: wissenschaftliche Mitarbeiterin am Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), Dummerstorf

2016: Promotion (Fachbereich Veterinärphysiologie, FU Berlin)

2016–2021: Amtstierärztin, Sachgebiet Tierschutz/Tierseuchen

seit 2021: Tierärztin im Epidemiologischen/Tierseuchenbekämpfungsdienst (TSBD) des Landesamtes für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei MV, www.LALLF.de



Dr. Klim Hüttner

Landeslabor M-V, Epidemiologischer/Tierseuchenbekämpfungsdienst, www.LALLF.de

bis 1990 Gemischtpraxis

bis 1992 am Tropenseminar, FU Berlin

bis 1998 Feldtierarzt in Malawi

bis 2000 MSc in vet. epidemiology & economics, Neuseeland

seit 2001 Tierseuchenüberwachung und Epidemiologie in BB und M-V

Aus der Industrie

Fortbildungsveranstaltung des FLI auf der Insel Riems

Der Förderverein des Friedrich-Loeffler-Instituts, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit (FLI), lädt zu einer wissenschaftlichen Fortbildungsveranstaltung am 06.06.2023 in das Friedrich-Loeffler-Institut, 17493 Greifswald-Insel Riems ein. Referentinnen und Referenten des Instituts werden aktuelle Arbeiten mit dem Schwerpunkt „Antimikrobielle Resistenzen“ vorstellen:

1. Prof. Dr. Thilo Fuchs

(Institut für molekulare Pathogenese)

MetaOmics als state-of-the-art Methode zur Entwicklung antibakterieller Substanzen

2. Dr. Christian Berens

(Institut für molekulare Pathogenese) Charakterisierung persistierender Fluorchinolon- und Cephalosporin-resistenter *Escherichia coli*-Stämme in der Mastschweineproduktion in Thüringer Betrieben

3. Dr. Hosny ElAdawy

(Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen)

Ganzgenomsequenzierung zur genetischen Charakterisierung der Antibiotikaresistenz von *Campylobacter jejuni*- und *Staphylococcus aureus*-Isolaten aus deutschen Nutztierbeständen

4. Dr. Gamal Wareth

(Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen)

Ganzgenomsequenzierungsbasierte Analyse von AMR und Motilität bei *Acinetobacter baumannii* im Kontext von One-Health in Deutschland

5. Dr. Timo Homeier-Bachmann

(Institut für Epidemiologie)

Prävalenz, Verteilung und Übertragung von ESBL-*E. coli* in Milchviehherden

6. Prof. Dr. Carola Sauter-Louis

(Institut für Epidemiologie)

Aktuelle Tierseuchensituation – was beschäftigt uns?

Interessenten und Gäste sind zu der Fortbildungsveranstaltung herzlich eingeladen. Die Teilnahme an der Veranstaltung ist kostenfrei. Die Anerkennung der Fortbildung mit 3 Stunden als Pflichtfortbildung durch die Landestierärztekammer Mecklenburg-Vorpommern ist beantragt.

Anmeldungen bitte an:

Frau Dr. Bianca M. Bußmann

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Südufer 10

17493 Greifswald-Insel Riems

Tel.: 038351-71895

Fax: 038351-71151

E-Mail: foerderverein@fli.de

Im Rahmen der Veranstaltung wird die Verleihung der Förderpreise 2023 des Fördervereins für am Friedrich-Loeffler-Institut angefertigte herausragende akademische Abschlussarbeiten an Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftler erfolgen.

Am Nachmittag findet die 32. ordentliche Mitgliederversammlung des Fördervereins des Friedrich-Loeffler-Institutes im Konferenzbereich, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems statt, zu der alle Mitglieder des Fördervereins herzlich eingeladen sind.