

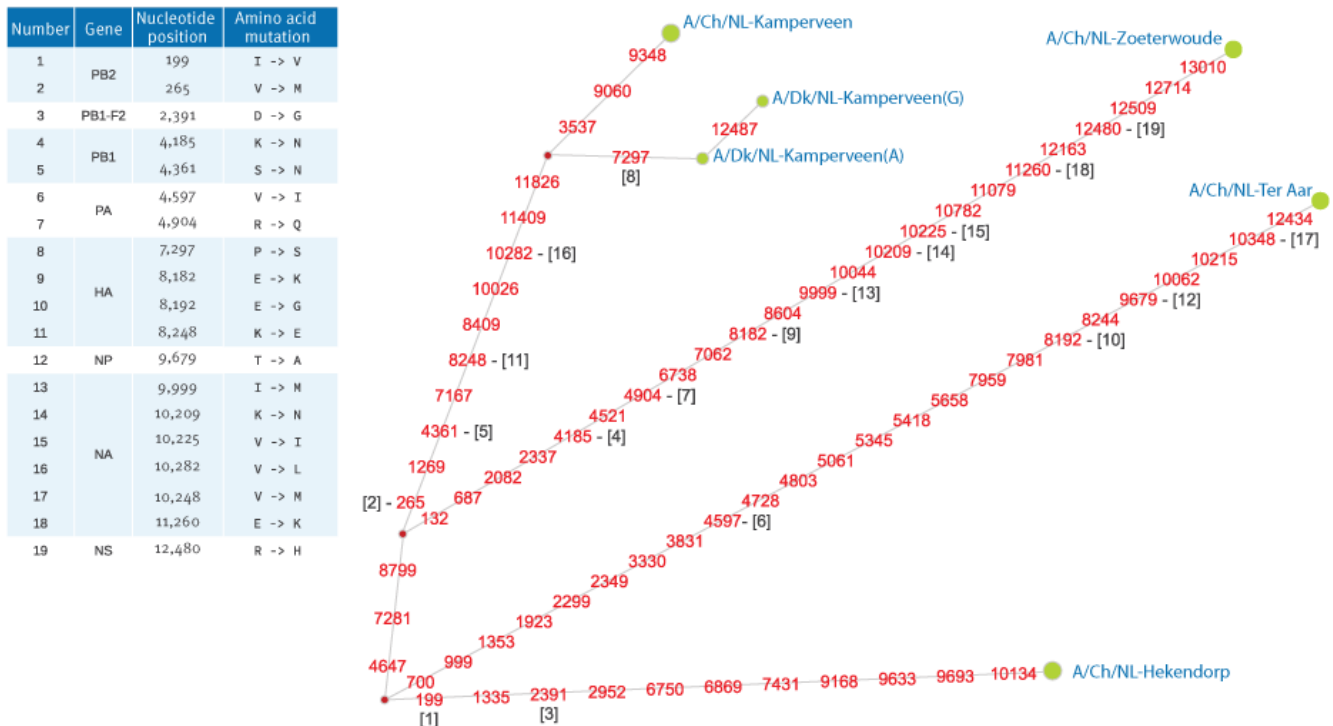
# H5N8 in Niederlande: Eine Stall-zu-Stall-Übertragung

Von: Jörg Held

Veröffentlicht am: 4. Juli 2015

**FIGURE 2**

Median-joining network analyses of five highly pathogenic avian influenza A(H5N8) sequences, the Netherlands, November 2014



The median-joining network was constructed from the combined sequence of eight gene segments data. This network included all the most parsimonious trees linking the sequences.

Each unique sequence genotype is represented by a yellow circle sized relative to its frequency in the dataset. Numbers refer to the position of the mutation within the combined sequences. Red circles represent median vectors. The sequence detected in samples from the duck farm in Kamperveen (Outbreak 4) was heterogeneous at position 12,486 (A or G).

Mit [Genanalysen haben die Niederländer](#) die fünf Ausbrüche hochansteckender Geflügelgrippe im letzten Jahr aufgearbeitet: Alle Ausbrüche sind demnach auf einen gemeinsamen Ursprungsvirus zurückzuführen. Die Mutationsstufen zwischen den Ausbrüchen lassen aber nur einmal den Schluss zu, dass die Übertragung von Stall zu Stall erfolgte. Der holländische Strang ist auch mit dem [ersten deutschen H5N8-Ausbruch](#) verwandt.

Für die Niederlande sind Wildvögel als Virusträger für die Verbreitung des H5N8-Virus von Asien über Sibirien nach Europa und auch im Land verantwortlich. Das schließen sie aus den Gen-Analysen. Alle europäischen Ausbrüche in [Deutschland](#), [England](#), [den Niederlanden](#) und Italien sowie zweien in Japan seien eng verwandt.

## Mutationsstufen identifizieren Wildvögel als Virusträger

Die Wildvogel-Verbreitungstheorie begründen die Holländer mit den Mutationsstufen (*siehe Grafik*) ausgehend von einem gemeinsamen Punkt. Wären die Viren von Stall zu Stall übertragen worden, hätte man (bei den Zeiträumen zwischen den Ausbrüchen) nur zwischen drei und sechs Mutationen finden sollen. Das zeige sich bei den

---

Ausbrüchen 3 und 4 in Kamperveen (*links oben in der Grafik*), die in in nur 500 Meter voneinander entfernten Ställen erfolgten. In diesem Fall sei eine Stall-zu-Stall-Übertragung erfolgt.

[Die Ergebnisse der Genanalysen](#) schlossen auch aus, dass das Virus unerkannt in Wirtschafts-Geflügelbeständen habe zirkulieren können.

## Ursprung in Asien

Genetisch konnten die Niederlande "ihren" H5N8-Virus bis nach China zurückverfolgen. Von dort hatte er sich über Wildvögel nach Japan und auch Südkorea ausgebreitet. In sibirischen Brutplätzen hätten Wasservögel, die jeweils die Ost-Atlantische- und Asiatisch-Australische-Vogelflugroute nutzen, die Viren untereinander ausgetauscht.

## Mensch für Eintrag in Ställe verantwortlich

Für die Niederländer haben also Wildvögel das H5N8-Virus nach Europa gebracht und im Land verbreitet. Der Eintrag in Ställe aber ist wahrscheinlich über Menschen erfolgt, die Viren an Kleidung/Schuhen trugen oder sie über Material oder Futter in die Ställe eingeschleppt haben. Die Wissenschaftler mahnen deshalb an, der Biosicherheit und Hygiene mehr Aufmerksamkeit zu schenken.

Dies hatte auch schon ein [EFSA-Bericht Ende 2014](#) gefordert.

### Quellen:

[Eurosurveillance-Bericht über die niederländischen Genanalysen \(2. Juli 2015\)](#)

[EFSA-Einschätzung zu Mängel in der Biosicherheit \(12/2014\)](#)