

# Fischseuchen in der Aquakultur

## Molekulare Rückverfolgung der Erreger

In Deutschland beträgt der jährliche Pro-Kopf-Konsum von Fisch und Fischereierzeugnissen durchschnittlich etwa 14 Kilogramm Fanggewicht. Nur zu einem Viertel wird der Bedarf aus eigener Produktion gedeckt. Aufgrund der zunehmenden Überfischung der Meere gewinnt die Aquakultur, d. h. die kontrollierte Aufzucht von Karpfen, Forellen und zahlreichen anderen Arten wie Muscheln verstärkt an Bedeutung. Damit verbunden sind leider auch Erkrankungen der Fische, die zu ökonomischen Verlusten in der Aquakultur führen. Das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) untersucht virale Erreger anzeigepflichtiger Fischseuchen.

In Deutschland handelt es sich bei den Fischhaltungsbetrieben vorrangig um kleinere bis mittlere Betriebe, die teilweise im Nebenerwerb bewirtschaftet werden. 2013 wurden insgesamt 6.119 Aquakulturbetriebe mit einer Gesamtproduktion von ca. 25.500 Tonnen registriert. Dabei dominieren Betriebe mit Produktion und Aufzucht von Karpfen und Regenbogenforellen. Laut einer EU-Datenerhebung wurden 2013 in Deutschland 5.324 Teichwirtschaften mit der Haltung von Lachsartigen (Salmoniden) gemeldet; der überwiegende Teil davon produziert Forellen. In 15 Anlagen wurden Lachse und in ca. 1.200 Aquakulturbetrieben andere Salmoniden, meist Saiblinge, gehalten. Die Regenbogenforelle ist mit ca. 8.300 Tonnen die ertragsstärkste Art, gefolgt vom Gemeinen Karpfen mit ca. 5.700 Tonnen (Abb. 1).

Virale Fischseuchen, die durch kontaminierte Fischeier und/oder Fische verschleppt werden, führen zu erheblichen Verlusten in der Aquakultur. Zum Erhalt einer gesunden Aquakultur wurden gesetzliche Rahmenbedingungen auf nationaler und internationaler Ebene geschaffen:

#### In Aquakultur erzeugte Mengen in Tonnen

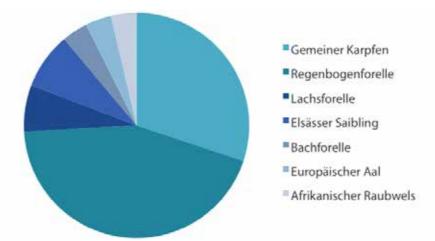


Abbildung 1: In deutscher Aquakultur erzeugte Menge Fisch in Tonnen

Tiergesundheitsgesetz, Fischseuchenverordnung, Richtlinie 2006/88 EG und deren Verordnungen. Eine Maßnahme ist die Melde- und Anzeigepflicht hochansteckender viraler Erkrankungen wie die Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS), die Infektiöse Hämatopoetische Nekrose (IHN) und die Koi-Herpesvirus Infektion (KHV-I).

#### Bundesregierung fördert Forschungsvorhaben

Um das Wissen über die Verbreitung der viralen Erreger zu erhöhen und Möglichkeiten der Prävention und Kontrolle zu definieren, wird von der EU und dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft ein Verbundprojekt zur molekularen Rückverfolgbarkeit viraler Krankheitserreger in der Aquakultur gefördert. Sieben Forschungsgruppen aus Dänemark, Norwegen, Frankreich und Deutschland analysieren fünf verschiedene virale Erreger aus unterschiedlichen Ausbruchsgeschehen innerhalb Europas. In einer europäischen Datenbank werden sowohl die genetischen als auch die epidemiologischen Parameter erfasst. Basierend auf genetischen Merkmalen sollen sowohl die Phylogenese (Verwandtschaft) der Erreger als auch deren Evolution (Veränderung) untersucht werden. Die genetischen und epidemiologischen Daten werden in Simulationsmodellen eingefügt, um deren Einfluss auf verschiedene Kontrollstrategien zu beurteilen. Das FLI beschäftigt sich im Rahmen dieses Projektes vorrangig mit der Analyse der Erreger der IHN und VHS.

#### Fischseuchen IHN und VHS

Die VHS, durch das erstmalige Auftreten in dem dänischen Dorf Egtved auch Egtved-Erkrankung genannt, ist eine meist akut verlaufende Virus-Infektion in den

Fischzuchtanlagen Europas. Seit 1937 trat die Erkrankung seuchenhaft in Forellenfarmen in Deutschland, Polen, Frankreich, Dänemark und der Schweiz auf. Bisher wurde dieser Erreger in fast allen europäischen Ländern mit Forellenzucht nachgewiesen, er kommt aber auch in Nordamerika, Japan und Südkorea vor. Es gibt Hinweise, dass die VHS ursprünglich eine marine Fischseuche war und erst durch die Verfütterung von marinen Fischprodukten auf Süßwasserfischanlagen übertragen wurde.

Der Erreger der IHN wurde erstmals 1957 in Lachsen entlang der pazifischen

Küste Nordamerikas nachgewiesen. Der Erreger breitete sich weiter in Kanada und den Vereinigten Staaten aus. Mit der Intensivierung der Aquakultur verursachte der Erreger inzwischen auch erhebliche Verluste in Populationen der Süßwasserfische. 1976 wurde das Virus erstmals in Japan isoliert. Wenige Jahre später erschienen Berichte über das Auftreten der IHN in weiteren asiatischen (Taiwan, China und Korea) als auch europäischen Staaten (Frankreich, Italien, Schweiz und Belgien). Das IHN-Virus wurde 1992 erstmals in Deutschland nachgewiesen.

IHN- und VHS-Viren gehören zur Familie der *Rhabdoviridae*. Aufgrund klinischer und pathologisch-anatomischer Symptomatik lassen sich VHS und IHN nicht unterscheiden. Die auffälligsten Symptome der IHN und VHS sind:

- die Absonderung der Fische vom Schwarm,
- Lethargie und sporadische Hyperaktivität,
- Dunkelfärbung der Haut,
- das Hervortreten des Augapfels aus der Augenhöhle,
- Blutarmut,
- Auftreiben des Leibes,
- Blutungen vorrangig an den Flossenansätzen aber auch in Organen wie Milz und Niere,
- Entzündung der Darmschleimhaut sowie
- lange weißliche aus dem Rektum heraushängende Auswürfe.

Die klinischen Symptome werden unter natürlichen Bedingungen bei Wassertemperaturen von 4 bis 15 Grad Celsius ausgebildet. Die Inkubationszeit beträgt ein bis zwei Wochen und ist abhängig vom Alter der Fische, der Wassertemperatur, der Infektionsdosis und der Virulenz des Erregers.

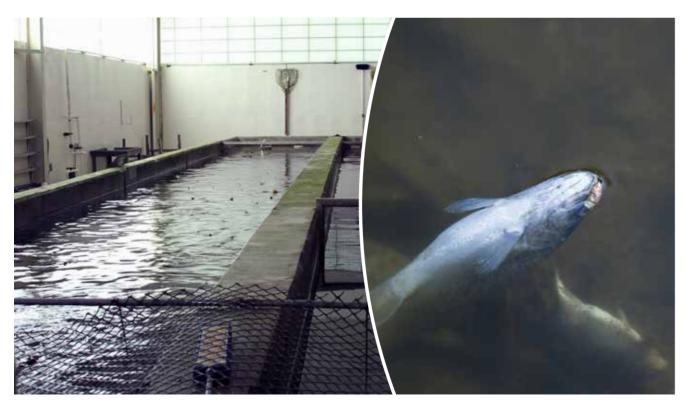


Abbildung 2 und 3: Fischseuchen treten auch in kleineren Zuchtbetrieben auf

Das Virus der VHS wurde inzwischen aus mehr als 80 Fischarten des Süß- und Salzwassers isoliert. Betroffen sind verschiedene Arten, insbesondere die Lachsartigen aber auch der Hecht, Hering, Dorsch und Plattfisch.

Das Spektrum IHN-Virus empfänglicher Arten umfasst hauptsächlich Pazifische Lachse, Atlantische Lachse sowie Regenbogenforellen.

Jährlich werden immer wieder Neuausbrüche von IHN und VHS gemeldet. Die Verbreitung der Viren in Deutsch-

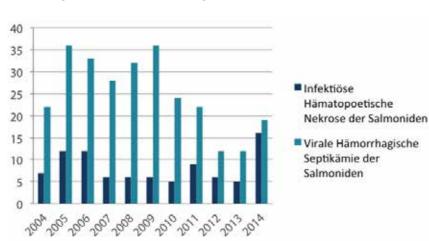


Abbildung 4: Jahresstatistik Infektiöse Hämatopoetische Nekrose und Virale Hämorrhagische Septikämie in Deutschland von 2004 bis 2014 (Quelle: Tierseuchennachrichtensystem Deutschland)

land erfolgt in den meisten Fällen durch den Handel mit infizierten Fischen. Neuausbrüche anzeige- und meldepflichtiger Tierseuchen werden in den Tierseuchen-Nachrichten (TSN) erfasst. Abbildung 4 gibt einen Überblick über die Zahl der IHN und VHS Neu-Feststellungen in Deutschland der letzten zehn Jahre.

#### Molekulare Rückverfolgung von Virusisolaten

In Deutschland isolierte IHN- und VHS-Erreger sind der jeweiligen europäischen Genogruppe (M für IHN-Virus und la für VHS-Virus) zuzuordnen. Zur genetischen

> Charakterisierung wird die Sequenz des vollständigen Glykoprotein-Gens der Erreger ermittelt und mit vorhandenen Daten aus der internationalen und nationalen Datenbank verglichen. Die genetischen und epidemiologischen Parameter eines Ausbruchgeschehens werden gesammelt. Die VHS-Virus-Datenbank des FLI umfasst derzeit etwa 400 Einträge aus öffentlichen Datenbanken und 400 Isolate, die am FLI charakterisiert wurden. Enthalten sind Informationen von Erregern, die weltweit zwischen 1962 und 2014 isoliert wurden. In der IHN-Virus-Datenbank

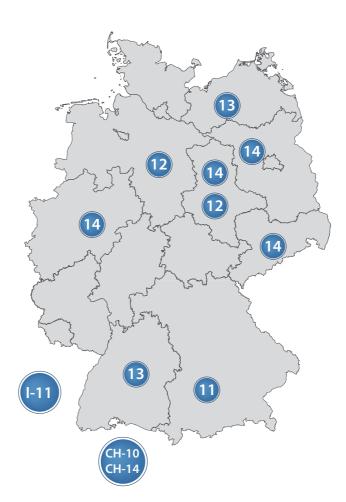


Abbildung 5: Verbreitung von genetisch eng verwandten Viralen Hämorrhagischen Septikämie-Isolaten in Deutschland, Italien und der Schweiz zwischen 2010 und 2014.

des FLI sind insgesamt ca. 250 Einträge gespeichert. Der Datensatz besteht aus etwa 130 öffentlich verfügbaren und 120 am FLI untersuchten Isolaten. Erfasst wurden IHN-Erreger, die zwischen 1987 und 2014 in Europa isoliert wurden, sowie Referenzviren aus Amerika und Asien. Die Datenbanken des FLI zeigen einen umfassenden Überblick zur Situation der IHN bzw. VHS in Deutschland, der Schweiz und den Niederlanden.

Phylogenetische Berechnungen veranschaulichen die zum Teil sehr enge Verwandtschaft von Erregern innerhalb Europas. Ebenso verdeutlichen die Analysen die Entwicklung deutscher IHN- bzw. VHS-Isolate innerhalb der entsprechenden Genogruppe. Aktuelle VHS-Isolate lassen sich im Wesentlichen in drei genetischen Untergruppen zusammenfassen. Erreger dieser Untergruppen werden seit 1999, 2004 und 2009 immer wieder in Deutschland isoliert. VHS-Isolate anderer genetischer Untergruppen wurden seit 1999, 2002 bzw. 2011 nicht mehr in Deutschland nachgewiesen und bestätigen in diesen Fällen eine erfolgreiche Bekämpfung.

Die genetischen Analysen der IHN- und VHS-Isolate verdeutlichen eine Verbreitung der Erreger innerhalb eines Bundeslandes, innerhalb Deutschlands und über die Ländergrenze hinaus (Abb. 5). So verursachen z. B. seit 2005 genetisch eng verwandte Erreger IHN-Ausbrüche in Baden-Württemberg. Im Jahr 2013 kam es zur Einschleppung eines IHN-Erregers nach Deutschland, der im selben und darauffolgenden Jahr aus Regenbogenforellen in Aquakulturbeständen Sachsen-Anhalts, Sachsens, Baden-Württembergs, Niedersachsens und Nordrhein-Westfalens isoliert wurde. Die Ergebnisse bestätigten in diesen Fällen die entsprechenden epidemiologischen Zusammenhänge.

Seit den letzten Jahren ist eine Zunahme von IHN- und VHS-Isolaten unbekannter Herkunft zu verzeichnen. Für die Entwicklung in Deutschland gelten besondere Bedingungen, da der innereuropäische Handel mit Fischen von Nord nach Süd und von Ost nach West durch Deutschland führt.

So wurden z. B. 2014 in Brandenburg zwei IHN-Geschehen gemeldet, die von unterschiedlichen Erregern unbekannter Herkunft verursacht wurden. Ungeklärt ist auch die Herkunft von IHN-Virus- und VHS-Virus-Isolaten, die im letzten Jahr für verschiedene Ausbrüche in Baden-Württemberg verantwortlich sind.

Die genetische Charakterisierung ist eine hilfreiche Methode, Isolate eindeutig zu identifizieren, Veränderungen dieser Virusstämme zu verfolgen und im Zusammenhang mit den räumlich-zeitlichen Informationen Rückschlüsse auf die Herkunft des Erregers zu ziehen. Die genetischen Analysen unterstützen somit die epidemiologischen Nachforschungen zur Abklärung von Seuchengeschehen.

### 

Dr. Heike Schütze, Dr. Michael Cieslak Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Infektionsmedizin, Greifswald – Insel Riems

E-Mail: heike.schuetze@fli.bund.de