



31. DACH Epidemiologie- Tagung 2024

Epidemiologie und One Health

4. – 6. September 2024 | Salzburg, Österreich

Tagungsband



Greens87/Shutterstock.com

**31. Tagung der DVG-Fachgruppe
Epidemiologie & Dokumentation
“Epidemiologie und One Health”
4. – 6. September 2024 | Salzburg**

**Wissenschaftliche Leitung der Tagung
Herausgeberinnen und Editorinnen des Tagungsbands**

Annette Nigsch, AGES - Österreichische Agentur für
Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH und
Annemarie Käsbohrer, Veterinärmedizinische Universität Wien

Eigentümer und Verleger des Tagungsbands

AGES - Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH

In Kooperation mit

AGES - Österreichische Agentur für
Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH
Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz
Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft
Land Salzburg
Veterinärmedizinische Universität Wien
Vet-Austria

Tagungsort

Paris-Lodron-Universität Salzburg, Unipark Nonntal,
Erzabt-Klotz-Straße 1, 5020 Salzburg, Österreich

Lokale Organisation

Annette Nigsch (fachliche Leitung), Philipp Hofer (organisatorische Leitung), Christoph Unger, Claudia Schreyer, Elisabeth Heuberger, Emanuela Hauer, Fritz Schmoll, Karin Nistler, Katrin Buchinger, Katrin Portele, Klemens Fuchs, Krisztina Herz, AGES - Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH

Annemarie Käsbohrer, Veterinärmedizinische Universität Wien

Peter Schiefer, Anna Rottinger, Elisabeth Kattwinkel, Ruben Deutinger, Amt der Salzburger Landesregierung

Inhaltlich unterstützt durch:

Andrea Höflechner-Pörtl, BMSGPK, Österreich

Katharina Stärk, BLV, Schweiz

Wissenschaftliches Komitee

Annemarie Käsbohrer (Leitung), Vetmeduni, Österreich und BfR, Deutschland

Andrea Höflechner, BMSGPK, Österreich

Beat Thomann, Unibe, Schweiz

Carola Sauter-Louis, FLI, Deutschland

Jörg Hiesel, Land Steiermark, Österreich

Katharina Brugger, GÖG, Österreich

Katharina Stärk, BLV, Schweiz

Klemens Fuchs, AGES, Österreich

Lothar Kreienbrock, Tiho, Deutschland

Martin Pfeffer, Uni Leipzig, Deutschland

Roswitha Merle, FU Berlin, Deutschland

Salome Dürr, Unibe, Schweiz

Sonja Hartnack, UZH, Schweiz

Tatiana Marschik, Vetmeduni, Österreich

Fortbildungshinweis

Für diese Veranstaltung werden Bildungsstunden (**ÖTK** und **ATF**) anerkannt:

Das Hauptprogramm (04.-06.09.2024) wird mit 12 Stunden anerkannt.

Die drei Workshops (04.09.2024) erhalten jeweils 3 Stunden.

Dieser Tagungsband erscheint ausschließlich in digitaler Version.

E-mail: akademie@ages.at, Web: www.ages.at

Inhalt

Programm.....	7
Posterverzeichnis	13
Workshops	17
DACH - Podiumsdiskussion.....	21
Vorträge Mittwoch - Abstracts.....	23
Vorträge Donnerstag - Abstracts	29
Vorträge Freitag - Abstracts	51
Poster - Abstracts	63

Bitte beachten Sie: Für die Erstellung des Tagungsbandes wurden die von den Referenten:innen eingesandten Manuskripte verwendet. Bei der Übernahme der Dateien kann es passieren, dass Sonderzeichen durch andere Zeichen ersetzt werden. Des Weiteren können Schriftformatierungen bzw. -arten abweichen. Wir bitten um Ihr Verständnis.

Programm



Vorträge, die sich für den Nachwuchspreis qualifizieren

Bei den im Inhaltsverzeichnis aufgeführten Personen handelt es sich um die Vortragenden. Weitere Autor:innen sind in den Abstracts aufgeführt.

Mittwoch, 4. September 2024		Seite
08:00 - 13:00	Anmeldung	
09:00 - 12:00	Workshop 1: Risikobasierte Ansätze in der veterinärmedizinischen Surveillance (<i>Ian Kopacka, AGES, AT</i>)	18
09:00 - 12:00	Workshop 2: One Health in der Praxis: Herausforderungen in Synergien umwandeln (<i>Elena-Lucia Sassu und Barbara Kovács, AGES, AT</i>)	19
08:30 - 12:00	Workshop 3: Ökonomische Aspekte der Tierseuchen- und Zoonosenbekämpfung (<i>Tatiana Marschik, Vetmeduni, AT und Jörn Gethmann, FLI, DE</i>)	20
12:00 - 13:00	Mittagspause & Poster Viewing	
13:00 - 13:30	Begrüßung & Grußworte: Johannes Pleiner-Duxneuner (AGES, AT), Roswitha Merle (DVG und FU Berlin, DE), Peter Schiefer (Land Salzburg, AT) und Ulrich Herzog (BMSGPK, AT)	
13:30 - 15:00	DACH-Podiumsdiskussion: Podiumsgäste: Thomas C. Mettenleiter (OHHLEP und FLI, DE), Ulrich Herzog (BMSGPK, AT), Katharina Stärk (BLV, CH). Moderation: Annette Nigsch (AGES, AT)	21
15:00 - 15:30	Pause & Posterausstellung	
	Session 1: Afrikanische Schweinepest und Blauzungenkrankheit Moderation: Fritz Schmoll, AGES, AT	
15:30 - 15:50	Risk factors for African swine fever in Lithuanian wild boar (<i>Carola Sauter-Louis, FLI, DE</i>)	24
15:50 - 16:10	Quo vadis ASP? Strategische Perspektiven von Stakeholdern und ExpertInnen zur langfristigen Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest (<i>Lisa Rogoll, FLI, DE</i>)	25

16:10 - 16:30	Interessen vereinen: Partizipative Modellierung als Werkzeug für eine effektive Vorbereitung auf die Kontrolle der Afrikanischen Schweinepest bei Wildschweinen (<i>Janine Miesch, UniBe, CH</i>)	26	
16:30 – 17:10	Aktuelle Situation der Blauzungenkrankheit und der Afrikanischen Schweinepest in Deutschland (<i>Jörn Gethmann und Carola Sauter-Louis, FLI, DE</i>)	28	
ab 19:00	Gemeinsames Abendessen (zu Selbstkosten) im Augustiner Braugasthof <u>Krimpelstätter</u> , bei Schönwetter im Gastgarten		

Donnerstag, 5. September 2024		Seite
09:00 - 09:05	Begrüßung Tag 2	
	Session 2: Antibiotika und Resistenzen Moderation: Klemens Fuchs, AGES, AT	
09:05 - 09:50	Keynote Lecture: Antibiotikaresistenzen verstehen und begrenzen – eine Zeitreise (<i>Annemarie Käsbohrer, Vetmeduni, AT und BfR, DE</i>)	30
09:50 - 10:10	Modellierung des Antibiotikaeinsatzes in der Tiermedizin – was beeinflusst das Ob und was das Wieviel? (<i>Clarissa Bonzelett, TiHo, DE</i>)	32
10:10 - 10:30	Zusammenhang zwischen Tiergesundheitsindikatoren, Antibiotikaverbrauch und Antibiotikaresistenzen bei Schweizer Milchviehbetrieben (<i>Adrian Minnig, UniBe, CH</i>)	33
10:30 - 10:50	Arzneimittleinsatz bei Nutztieren in Deutschland: Eine One Health Betrachtung (<i>Mies Abdallah, Uni Gießen, DE</i>)	34
10:50 - 11:20	Pause & Posterausstellung	
	Session 3: Andere Krankheiten Moderation: Roswitha Merle, FU Berlin DE	
11:20 - 11:40	Source Attribution of <i>Mycobacterium caprae</i> in Western Austria (<i>Elena Kleiter, Boku, AT</i>)	35
11:40 - 12:00	Krankheitseffekte und wirtschaftliche Folgen von Paratuberkulose beim Schweizer Milchvieh und mögliche Kontrollszenarien (<i>Silja Griss, UniBe, CH</i>)	37
12:00 - 12:20	Scrapie-Bekämpfung in Island (<i>Lina Spieß, FLI, DE</i>)	39
12:20 - 13:10	Mittagspause & Posterausstellung	
	Session 4: Andere Krankheiten Moderation: Katharina Stärk, BLV, CH	
13:10 - 13:30	Triangulated spatio-temporal analysis of A/H5N1 spillover in mammals (<i>Vitaly Belik, FU Berlin, DE</i>)	40
13:30 - 13:50	Untersuchungen zum Vorkommen des Virus der Bornaschen Krankheit bei Füchsen in einzelnen österreichischen Bundesländern (<i>Walter Glawischnig, AGES, AT</i>)	42



13:50 - 14:10	A comparative study of the tools for integrated surveillance of rabies in Uganda (<i>Rabina Ghimire, UZH, CH</i>)	43	
14:10 - 14:30	Epidemiological studies on the detection and prevalence of <i>Salmonella</i> Dublin in Austrian dairy farms (<i>Kerstin Hofer, AGES, AT</i>)	45	
14:30 - 15:00	Pause & Posterausstellung		
	Session 5: Diverse Themen Moderation: Sonja Hartnack, UZH, CH		
15:00 - 15:20	Landnutzung hat einen Einfluss auf die Prävalenz und die Genodiversität von <i>Borrelia burgdorferi</i> s.l. bei Zecken aus Mitteldeutschland (<i>Martin Pfeffer, Uni Leipzig, DE</i>)	46	
15:20 - 15:40	Den Durchblick über bestehende Habitatmodelle gewinnen: Eine systematische Literaturstudie am Beispiel der Mückenart <i>Aedes vexans</i> (Diptera: <i>Culicidae</i>) (<i>Peter Pothmann, UFZ, DE</i>)	48	
15:40 - 16:00	Systematic mapping of methodology applied to epidemiological studies of animal populations (<i>Oneida Baxhia, BfR, DE</i>)	49	
16:00 – 16:15	Vorstellung zukünftiger Tagungen		
16:20 - 17:30	Mitgliederversammlung der DVG-Fachgruppe Epidemiologie & Dokumentation		
17:30	Stadtführung		
19:00	Social Dinner inkl. Nachwuchspreis und Posterprämierung im <u>Sternbräu</u>		

Freitag, 6. September 2024		Seite
09:00 - 09:05	Begrüßung Tag 3	
	Session 6: Methodische Studien Moderation: Martin Pfeffer, Uni Leipzig, DE	
09:05 - 09:25	Entwicklung eines Instruments für die Analyse des Verzerrungsrisikos von epidemiologischen Tierstudien (raRoB-vet) <i>(Anselm Hornbacher, BfR, DE)</i>	52
09:25 - 09:45	Entwicklung einer ressourcenoptimierten Methode zur Beurteilung von Tiergesundheit und Tierwohl auf Schweizer Milchvieh- und Schweinebetrieben <i>(Beat Thomann, UniBe, CH)</i>	54
09:45 - 10:05	Quantile regression of energy-corrected milk yield (ECM) in Holstein and Fleckvieh dairy cattle from Germany uncovers new insights about high-yielding and low-yielding cows <i>(Yury Zablotski, LMU, DE)</i>	55
10:05 - 10:25	Happy Chicken – Belastungserkennung bei Hühnern mit Computer Vision <i>(Larissa Schlegel und Robert Opitz, BfR, DE)</i>	56
10:25 - 11:00	Pause & Posterausstellung	
	Session 7: Antibiotika und Resistenzen Moderation: Annemarie Käsbohrer, Vetmeduni, AT und BfR, DE	
11:00 - 11:20	Vorhersagemodell zum zielgerichteten antibiotischen Trockenstellen von Milchkühen <i>(Sabrina Kuchling, AGES, AT)</i>	57
11:20 - 11:40	Antibiotikaresistenzen bei Schweinen – Analyse des Einflusses des Antibiotikaeinsatzes mit Hilfe von Zeitreihenmodellen <i>(Lothar Kreienbrock, TiHo, DE)</i>	59
11:40 - 12:00	Screening for extended-spectrum β -lactamase-producing <i>Enterobacteriaceae</i> in Viennese dogs reveals presence of high-risk international clones of <i>Escherichia coli</i> from sequence types ST38, ST131 and ST141 <i>(Olga Makarova, Vetmeduni, AT)</i>	60
12:00 - 12:20	Studie zum Antibiotikaeinsatz bei Hunden, Katzen und Pferden in 400 Tierarztpraxen in Deutschland <i>(Roswitha Merle, FU Berlin, DE)</i>	62
12:20	Schlussworte und Verabschiedung	

Posterverzeichnis

 Poster, die sich für den Nachwuchspreis qualifizieren

Bei den im Inhaltsverzeichnis aufgeführten Personen handelt es sich um die Referent:innen, die das Poster vorstellen. Weitere Autor:innen sind in den Abstracts aufgeführt.

Poster-nummer	Titel (Referent:in)	Seite	
P01	PhytoKI – Künstliche Intelligenz zur Klassifizierung von Arzneidroge <i>(Anne K. Schütz, FLI, DE)</i>	64	
P02	Satellitenbasierte Kartierung von Feldfrüchten zur Unterstützung von epidemiologischen Risikobewertungen <i>(Yichin Flora Chiu, FLI, DE)</i>	65	
P03	Reinforcement Learning - Anwendung in der Human- und Veterinärepidemiologie <i>(Deliah Tamsyn Winterfeld, FLI, DE)</i>	66	
P04	Dense oder average? Auswirkungen verschiedener Ranking-Methoden am Beispiel eines Gesundheits-Scores für Milchkuhherden <i>(Katharina Charlotte Jensen, FU Berlin und TiHo Hannover, DE)</i>	67	
P05	Betrachtungen zur Stichprobenuntersuchung für den Nachweis von Infektion in der Tierseuchenüberwachung <i>(Nicolai Denzin, FLI, DE)</i>	69	
P06	Ein Blick hinter die Ku(h)lissen – Computer Vision zur Überwachung des Verhaltens von Rindern <i>(Sarah Jahn, FLI, DE)</i>	71	
P07	Analyse der Tierwohl-Indikatoren Fußballen- und Fersenveränderungen bei Masthühnern in Österreich Statistische Herausforderungen in der Exploration potenzieller Einflussfaktoren aus dem Poultry Health Data System <i>(Karin Weyermair, AGES, AT)</i>	72	
P08	Auslaufnutzung von Legehennen in Freilandhaltung auf zwei Ausläufen mit unterschiedlich stark ausgeprägter Deckung bietender Vegetation <i>(Sabrina Kuchling, AGES, AT)</i>	74	
P09	Investigating the impact of free-range hens mobility and contact patterns on egg production <i>(Vitaly Belik, FU Berlin, DE)</i>	75	
P10	Tracing Farmers' Protests Online: Insights from a Veterinary Perspective <i>(Vitaly Belik, FU Berlin, DE)</i>	76	
P11	Exploring socio-economic aspects in Dog Population Management systems: A scoping review <i>(Rabina Ghimire, Vetsuisse Zürich, CH)</i>	77	

P12	Mapping review of previous and current cohort research programs in cats and dogs (<i>Jessica Irene Landolt, Vetsuisse Zürich, CH</i>)	79	
P13	Finanzielle Auswirkungen im Zusammenhang mit Infektionen des West-Nil-Virus (<i>Isabel Suckau, FLI, DE</i>)	81	
P14	Erstes österreichweites West-Nil-Virus Monitoring in Stechmücken – One Health SURVector (<i>Anna-Margarita Schötta, AGES, AT</i>)	82	
P15	Nationales Zeckenmonitoring in Österreich – One Health SURVector (<i>Anna-Margarita Schötta, AGES, AT</i>)	83	
P16	Epidemiological impact of Farm Management Practices on Tick Infestation in Punjab's Livestock (<i>Muhammad Husnain Ali Alvi, FLI, DE</i>)	84	
P17	Lyssavirus surveillance in bats in Austria 2006-2023 (<i>Zoltán Bagó, AGES, AT</i>)	86	
P18	Risikofaktoren für die BHV-1 Einschleppung in Deutschland (<i>Jörn Gethmann, FLI, DE</i>)	88	
P19	Epidemiologische Ausbruchsuntersuchung und Vollgenomanalyse von <i>Salmonella</i> Dublin Infektionen beim Rind in Bayern im Zeitraum von 2017 bis 2021 (<i>Nelly Scuda, LGL Bayern, DE</i>)	89	
P20	Exploring the impact of B cell responses on influenza virus epidemiology in pigs - A rule-based simulation model (<i>Hannes Bergmann, FLI, DE</i>)	90	
P21	Identifikation verhaltensbedingter Ursachen für Ausbrüche der aviären Influenza in niedersächsischen Geflügelbeständen (<i>Janet Held, FLI, DE</i>)	91	
P22	Welche Biosicherheits- und Hygienemaßnahmen werden in der praktischen Schweinehaltung umgesetzt? – Ergebnisse einer Onlineumfrage unter deutschen Schweinehaltern und Schweinehalterinnen (<i>Natalie Wischnewski, FLI, DE</i>)	92	
P23	Biosicherheit: Betreten und Verlassen eines Betriebes, in dem eine anzeigepflichtige Tierseuche vermutet wird oder nachgewiesen wurde (<i>Elena-Lucia Sassu, AGES, AT</i>)	93	
P24	Tierseuchenradar Österreich – Das Wichtigste auf dem Schirm (<i>Elena-Lucia Sassu, AGES, AT</i>)	94	
P25	ASP-Kadaversuche in Baden-Württemberg (<i>Christina Jehle, TCRH, DE</i>)	95	
P26	Übergreifende Auswertung von Daten zur Tiergesundheit und Haltung im Bereich der Mastputenhaltung (<i>Betty Rehberg, TiHo Hannover, DE</i>)	96	
P27	Antimicrobial usage in poultry farms in Zambia (<i>Lothar Kreienbrock, TiHo Hannover, DE</i>)	97	

P28	Extended-Spectrum β -Lactamase-produzieren Escherichia coli in Legehennen- und Mastbetrieb <i>(Judith Wedemeyer und Nele Lechleiter, FLI, DE)</i>	98	
P29	AMR and Parasites at the wildlife-livestock interface <i>(Nele Lechleiter, FLI, DE)</i>	99	
P30	AMR im Mikrobiom von Pferden <i>(Judith Wedemeyer, FLI, DE)</i>	100	
P31	Monitoring der Tierarzneimittelsicherheit – für Tier, Mensch und Umwelt <i>(Sabine Tannert, BVL, DE)</i>	101	
P32	„Knowledge, Attitudes and Practices“ (KAP) österreichischer Tierärzt:innen in Bezug auf Antibiotika: Ergebnisse einer Online-Befragung <i>(Clair Firth, Vetmeduni, AT)</i>	102	
P33	The GIFTS-AMR global research agenda Strategies & natural medicinal products to prevent and treat infections to reduce antimicrobial resistance with the primary focus on health promotion <i>(Weiermayer Petra, Vetmeduni, AT)</i>	103	

31. DACh-Epidemiologie-Tagung 2024
Epidemiologie und One Health

Workshops

Workshop 1: Risikobasierte Ansätze in der veterinärmedizinischen Surveillance

Klassische statistische Ansätze beruhen auf repräsentativen Zufallsstichproben. In der amtlichen Tierseuchen-Überwachung werden aber häufig risikobasierte Kontrollprogramme verwendet. Für die Planung und Nutzung von Daten aus solchen Monitoringprogrammen ergeben sich zahlreiche Fragen. Die Kolleg:innen der AGES/Statistik beschäftigen sich seit vielen Jahren mit der komplexen Beziehung zwischen risikobasierten Daten und repräsentativen Zielsetzungen. In diesem Workshop werden u.a. folgende Fragen behandelt?

- Was bringt ein risikobasierter Ansatz für den Seuchenfreiheitsnachweis?
- Wie lassen sich risikobasierte Daten für repräsentative Aussagen verwenden?
- Was sind geeignete Risikofaktoren? Wie können diese festgelegt werden?

In einem interaktiven Workshop werden diese Punkte eingehend und kreativ erörtert.

Zielgruppe: Das Programm richtet sich an alle, die mit dem Design und der Planung risikobasierter Überwachungsprogramme oder mit der Datenauswertung aus solchen Surveillance-Aktivitäten zu tun haben.

Dauer: 3 Stunden (09:00 – 12:00 Uhr)

Teilnehmendenzahl: Max. 15-20 Teilnehmer:innen

Workshopverantwortlicher: Ian Kopacka (AGES DSR)

Korrespondenzadresse:

E-Mail: ian.kopacka@ages.at

Workshop 2: One Health in der Praxis: Herausforderungen in Synergien umwandeln

In den letzten Jahren wird das Gesundheitskonzept One Health immer wichtiger. Es wird in verschiedenen Bereichen diskutiert und vorangetrieben, sowohl national als auch international. One Health bedeutet, die Gesundheit von Menschen, Tieren und der Umwelt im Zusammenhang zu behandeln, um besser mit den vielen Gesundheitsproblemen des 21. Jahrhunderts umgehen zu können. Aber wie man das konkret umsetzt und welche Probleme dabei auftreten können, bleibt oft unklar, besonders auf lokaler Ebene.

Das Ziel dieses Workshops ist es, dass die Teilnehmer:innen verstehen, was One Health ausmacht und wie es in die Praxis umgesetzt werden kann. Der Workshop gibt die Möglichkeit, durch Praxisbeispiele in die Welt von One Health einzutauchen und über die Herausforderungen und Chancen dieses Ansatzes zu reflektieren. Die Teilnehmer:innen werden dazu angehalten, selbst Ideen zu entwickeln und sich an konstruktiven Gruppendiskussionen zu beteiligen. Der Workshop beinhaltet kurze Vorträge zu wichtigen Themen von One Health und bietet interaktive Übungen in Kleingruppen, um gemeinsam Strategien zu erarbeiten. Am Ende sollen die Ergebnisse in einem Bericht gesammelt werden und alle mit Ideen und einem Handwerkskoffer zur Umsetzung ausgestattet sein.

Zielgruppe: Personen mit und ohne One Health-Vorkenntnissen sind willkommen, die Bereitschaft zum Austausch und Mitmachen mitbringen um den größtmöglichen Output des Workshops zu erreichen.

Dauer: 3 Stunden (09:00 – 12:00 Uhr)

Teilnehmendenzahl: Max. 15-20 Teilnehmer:innen

Workshopverantwortliche: Elena-Lucia Sassu (AGES VET), Barbara Kovács (AGES MED)

Korrespondenzadresse:

E-Mail: elena-lucia.sassu@ages.at und barbara.kovacs@ages.at

Workshop 3: Ökonomische Aspekte der Tierseuchen- und Zoonosenbekämpfung

Die Tiergesundheitsökonomie gewann aufgrund schwerwiegender Seuchenzüge in den letzten Jahrzehnten zunehmend an Bedeutung. Sie verbindet Veterinärmedizin und Wirtschaftswissenschaften, um die finanziellen Schäden von Krankheitsausbrüchen durch ihre Instrumente und Methoden zu mindern.

In diesem Workshop werden nicht nur die grundlegenden Konzepte der Tiergesundheitsökonomie, sondern auch spezifische Methoden zur Bewertung von Maßnahmen im Tierseuchen- und Zoonosenbereich vorgestellt. Dazu gehören u.a. Kosten-Nutzen-Analysen, Simulationsmodelle und Kosten-Effektivitäts-Analysen. Des Weiteren werden die Teilnehmer:innen mit fortgeschrittenen Ansätzen, wie der Integration von QALYs und DALYs vertraut gemacht, um die Last der humanen Erkrankungen im Zoonosenbereich quantifizieren zu können.

Durch interaktive Diskussionen und Fallstudien zu schwerwiegenden Tierseuchen erhalten die Teilnehmer:innen die Möglichkeit, das erlernte Wissen anzuwenden und die praktische Anwendung dieser Konzepte zu verstehen.

Zielgruppe: Dieser Workshop richtet sich an Teilnehmer:innen, die sich im Bereich der Tierseuchen- und Zoonosenbekämpfung für ökonomische Aspekte interessieren und ihr Verständnis für die Instrumente der Tiergesundheitsökonomie vertiefen möchten. Teilnehmer:innen aller Gruppen sind herzlich willkommen, darunter Dissertanten:innen, akademisches Personal, Vertreter:innen von Veterinärbehörden und praktizierende Tierärzt:innen. Wirtschaftliche Vorkenntnisse sind nicht erforderlich.

Dauer: 3,5 Stunden (08:30 – 12:00 Uhr)

Teilnehmendenzahl: Max. 15-20 Teilnehmer:innen

Workshopverantwortliche: Tatiana Marschik (Vetmeduni Wien), Jörn Gethmann (FLI)

Korrespondenzadresse:

E-Mail: tatiana.marschik@vetmeduni.ac.at und Joern.Gethmann@fli.de

31. DACH-Epidemiologie-Tagung 2024
Epidemiologie und One Health

DACH - Podiumsdiskussion

Podiumsgäste: Thomas C. Mettenleiter (OHHLEP und FLI, DE), Ulrich Herzog (BMSGPK, AT), Katharina Stärk (BLV, CH).

Moderation: Annette Nigsch (AGES, AT)

Themenmäßig möchten wir in der Podiumsdiskussion eine kritische Perspektive auf die Zukunft der „klassischen“ Tiergesundheit, bzw. den öffentlichen Auftrag in Bezug auf „reine“ Tierseuchen werfen. Es stellt sich die Frage: was soll der Veterinärdienst in Zukunft verstärkt tun / bzw. nicht mehr tun? Sich umtaufen in One Health-Dienst und nur noch Zoonosen bearbeiten?

Und welche Rolle soll in diesem Zusammenhang die Epidemiologie spielen? Oder breiter gefasst: wie verändert sich unser Beruf durch eine Zuwendung zu One Health und welches Personalprofil sollen Epidemiolog:innen / Fachexpert:innen in Zukunft aufweisen?

Korrespondenzadresse:

E-Mail: annette.nigsch@ages.at

31. DACh-Epidemiologie-Tagung 2024
Epidemiologie und One Health

Vorträge Mittwoch - Abstracts

Risk factors for African swine fever in Lithuanian wild boar

Gabija Džiaugienė^a, Katja Schulz^b, Alvydas Malakauskas^a, Carola Sauter-Louis^b

^a Department of Veterinary Pathobiology, Veterinary Academy, Lithuanian University of Health Sciences, Kaunas, Litauen

^b Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald - Insel Riems, Deutschland

Since 2014, Lithuania has been impacted by African swine fever (ASF), with varying levels of prevalence across its municipalities. This study aimed to identify the risk factors influencing ASF prevalence in wild boar populations across Lithuania's municipalities. Municipalities were classified into three groups: endemic, non-endemic, and ASF-free. A municipality was considered endemic, if ASF cases were reported for three consecutive years between 2014 and 2022. Data analyses included municipality size, numbers of hunted and found dead boars, ASF case seasonality, pig cases, proximity to borders, and river distribution. These variables were compared to ASF case counts over the study period. The analysis revealed significant differences ($p < 0.007$) between endemic and non-endemic municipalities in ASF cases and between endemic and ASF-free municipalities in the number of found dead wild boar ($p = 0.002$). Seasonal onset of ASF showed a significant association, with the highest relative risk in summer (RR=2.78; CI: 0.37–21.03). A positive correlation was found between ASF cases and hunted boars from 2018 to 2022, though only from 2018 to 2020 in endemic areas. This study underscores the importance of detecting carcasses and suggests that increased hunting correlates with more ASF cases. Further research is needed to explore additional risk factors and gather more comprehensive data.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: katja.schulz@fli.de

Quo vadis ASP? Strategische Perspektiven von Stakeholdern und ExpertInnen zur langfristigen Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest

Lisa Rogoll^a, Katja Schulz^a, Jana Schulz^a, Jonas Brock^{b,c}, Hans-Herrmann Thulke^b

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b PG Ökologische Epidemiologie (EcoEpi), Helmholtz Zentrum für Umweltforschung GmbH - UFZ, Leipzig, Deutschland

^c Animal Health Ireland, Carrick-on-Shannon, Co. Leitrim, Ireland

Die ASP wird in Teilen Deutschlands seit Jahren im Krisenmodus bekämpft. Es zeichnet sich ab, dass in einigen Wildschweinpopulationen mit einer langfristigen Präsenz des Virus zu rechnen ist. Diese unerwartete Situation hat erhebliche Auswirkungen auf betroffene Interessengruppen. Im Rahmen eines World-Café-Workshops wurde die Diskussion mit einem epidemiologischen Expertenpanel initiiert, um unterschiedliche Sichtweisen auf die Problematik zusammenzutragen und das jeweilige Konfliktpotential zu verstehen. Die Diskussion zeigte, dass die Probleme u.a. aus dem Versuch resultieren, eine Krisenstrategie mit rigiden Maßnahmen auf unbestimmte Zeit fortzusetzen. Dies führt zu einem finanziellen und personellen Aufwand, zu einer emotionalen Belastung für beteiligte Akteure und negativen Auswirkungen auf das Tierwohl. Als Folge sinkt die Akzeptanz für und das Engagement bei Bekämpfungsmaßnahmen, was die Viruspräsenz erneut verlängert. Wir zeigen auf, wie die Teilnehmer aufgeworfene Konfliktpunkte untersetzt bzw. relativiert haben. Angedachte Visionen von Lösungen setzen ein Umdenken hinsichtlich der Langfristigkeit der Bekämpfung voraus. Sie beinhalteten z.B. die Bereitschaft, Prioritäten anzupassen, risikobasierte Ansätze zu verwenden und rechtliche Änderungen zu erwägen. Die Perspektiven des Expertenpanels zeigen, dass eine umfassende, transdisziplinäre Betrachtung möglicher Zukunftsstrategien unabdingbar ist, um einen langfristigen Umgang mit der ASP konfliktärmer zu gestalten.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: lisa.rogoll@fli.de

Interessen vereinen: Partizipative Modellierung als Werkzeug für eine effektive Vorbereitung auf die Kontrolle der Afrikanischen Schweinepest bei Wildschweinen

Janine Miesch^a, Jana Schulz^b, Barbara Thür^c, Katja Schulz^b, Annika Frahsa^d, Salome Dürr^a

^a Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Liebefeld, Schweiz

^b Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^c Kantonstierärztin, Amt für Verbraucherschutz Veterinärdienst, Aarau, Schweiz

^d Institute of Social and Preventive Medicine (ISPM), Faculty of Medicine, Universität Bern, Schweiz

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) breitet sich in Europa aus und stellt auch für die Schweiz eine Bedrohung dar. ASP-Bekämpfung bei Wildschweinen ist komplex und betrifft verschiedene Interessengruppen mit unterschiedlichen Anliegen, Erwartungen und Bedenken. Um diese komplexe Situation zu erfassen und die Umsetzbarkeit von Interventionsmöglichkeiten zu evaluieren, nutzen wir partizipative Modellierung. Interessengruppen wurden mittels Stakeholder-Analyse (Assessment und Mapping), Experteninterviews (n=14) und Gruppeninterviews (n=4) identifiziert. Zur partizipativen Modellierung eines Modells wurden vier Workshops (WS) durchgeführt: WS I zur Sammlung von Bekämpfungsmassnahmen, mit sechs Oberthemen (Kadaversuche und Entsorgung, Reduktion der Wildschweinepopulation, Bewegungsrestriktion der Wildschweine, Kommunikation und Koordination, Schutz der Hausschweinebetriebe und Überwachung des Seuchenstatus); WS II zur Definition beeinflussender Faktoren und Folgen einzelner Interventionen, WS III zur Gewichtung der Beziehungen im Modell auf Stärke und Dauer zueinander. Weiter soll das Modell mit den Stakeholdern evaluiert und semiquantitative Schlussfolgerungen zu Bekämpfungsmassnahmen mit der besten Kosten-Nutzen-Effizienz gezogen werden. Mit dem Projekt wird eine Grundlage für eine gemeinsame Strategie geschaffen, um einen ASP-Ausbruch bei Wildschweinen effektiv und breit akzeptiert kontrollieren zu können.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: janine.miesch@unibe.ch

Aktuelle Situation der Blauzungenkrankheit und der Afrikanischen Schweinepest in Deutschland

Jörn Gethmann^a, Katja Schulz^a, Christoph Staubach^a, Lisa Rogoll^a, Timo Homeier-Bachmann^a, Nicolai Denzin^a, Carola Sauter-Louis^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland

Die Blauzungenkrankheit (BT) und die Afrikanische Schweinepest (ASP) halten Deutschlands Veterinärbehörden momentan auf Trab.

Nachdem Deutschland am 05.06.2023 wieder den Status frei von BTV erlangt hatte, wurde im September 2023 in den Niederlanden der erste Fall von BTV-3 entdeckt. Bis Ende 2023 wurden auch in Deutschland 25 Ausbrüche bei Rindern und Schafen gemeldet. Wie befürchtet, werden seit Juni 2024 wieder vermehrt Infektionen gemeldet, und BTV breitet sich massiv aus. Bis jetzt sind über 4500 Ausbrüche gemeldet und ganz Deutschland ist betroffen. Auch die klinischen Symptome, die beobachtet werden, sind deutlich ausgeprägter, als bei BTV-8. Deutschland hat eine Impfung mit noch nicht EU-zugelassenen Impfstoffen gestattet.

Die ASP trat im September 2020 zum ersten Mal in Deutschland, damals an der deutsch-polnischen Grenze auf. Die Bekämpfungsmaßnahmen in Brandenburg und Sachsen haben sehr gute Erfolge erzielt und die ASP auf einzelne Gebiete zurückgedrängt. Unabhängig vom Geschehen in Ostdeutschland wurde die ASP im Juni 2024 in Hessen entdeckt und wurde dort vermutlich im April oder Mai 2024 eingetragen. Seither entwickelte sich ein sehr dynamisches Geschehen mit über 150 ASP-positiven Wildschweinen und 9 positiven Hausschweinebeständen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: joern.gethmann@fli.de

31. DACH-Epidemiologie-Tagung 2024
Epidemiologie und One Health

Vorträge Donnerstag - Abstracts

Keynote Lecture: Antibiotikaresistenzen verstehen und begrenzen – eine Zeitreise

Annemarie Käsbohrer^{a,b}

^a Zentrum für Lebensmittelwissenschaften und öffentliches Veterinärwesen,
Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

^b Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

Die Vermeidung von Resistenzentwicklung und -ausbreitung erfordert, dass Tierarzneimittel stets mit Umsicht angewendet werden. Hierbei sollen auch die Angaben in der Packungsbeilage beachtet werden. Das Arzneimittelgesetz (AMG) schuf in Deutschland im Jahre 1978 erstmalig eine Zulassungspflicht für alle Arzneimittel, bereits auf dem Markt befindliche Präparate wurden damals fiktiv zugelassen. Bedeutende Einschnitte waren das Verbot des Einsatzes von Antibiotika als Leistungsförderer sowie in jüngster Vergangenheit die starke Einschränkung der Anwendung von Antibiotika für prophylaktische Zwecke.

Die Erfassung der Verkaufsmengen war ein erster wichtiger Schritt, um die Situation einschätzen zu können. Um für die einzelnen Tierarten und Nutzungsrichtungen eine Übersicht über die Antibiotikaaanwendung zu bekommen, sind Erfassungssysteme und Indikatoren erforderlich, die über Europäische Anforderungen hinausgehen. In einem Benchmarking-System müssen Betriebe mit hohem Antibiotikaeinsatz gezielt identifiziert und maßgeschneiderte Maßnahmen eingefordert werden. Zudem muss für die einzelnen Nutztierarten, Betriebstypen und jeweiligen Haltungssystemen im Detail analysiert werden, welche Faktoren zu einem gehäuften Antibiotikaeinsatz und/oder einem Eintrag und einer Ausbreitung von resistenten Keimen bzw. Resistenzeigenschaften führen.

Antibiotikaresistenzen stellen ein Problem bei der Therapie erkrankter Tiere ebenso wie bei Infektionen des Menschen dar. Das Verständnis der komplexen Wege der Resistenzübertragung stellt eine Herausforderung dar, und wird gerne als mangelnder Beleg für einen Zusammenhang missinterpretiert. Besonders herausfordernd ist die Quantifizierung des Beitrags einzelner Faktoren ebenso wie der Relevanz einzelner Resistenztypen, wie z.B. MRSA, ESBL bildende *E. coli* oder auch Carbapenem-Resistenzen. Heute wissen wir, dass es keine einfachen Antworten gibt. Es besteht weitgehend Konsens, dass nicht gegenseitige Schuldzuweisungen, sondern

ein gemeinsamer Ansatz - also ein One Health Ansatz - gewählt werden muss.
Integrierte Überwachungssysteme müssen etabliert und die Risiken kontinuierlich bewertet werden.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Annemarie.Kaesbohrer@vetmeduni.ac.at

Modellierung des Antibiotikaeinsatzes in der Tiermedizin – was beeinflusst das Ob und was das Wieviel?

Clarissa Bonzelett^a; Richard Dabitz^a; Betty Rehberg^a; Lothar Kreienbrock^a; Fritjof Freise^a

^a Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung (IBEI), Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland

Antibiotikaresistenzen stellen nach wie vor eine große Bedrohung für die Gesundheit von Menschen und Tieren dar, was insbesondere auf den Einsatz von Antibiotika in allen Sektoren zurückzuführen ist.

Ausgehend von diversen gesetzlichen Maßnahmen sinken die bundesweiten Verkaufszahlen in der Tiermedizin seit Jahren. Dieser Trend lässt sich auch im Antibiotikaeinsatz innerhalb landwirtschaftlicher Betriebe beobachten, die an dem wissenschaftlichen Projekt "Veterinary Consumption of Antibiotics – Sentinel" (VetCAB-S) teilnehmen. Zusätzlich zu reduzierten Therapiehäufigkeiten steigt die Zahl an Betrieben, die in einem Halbjahr gar keine Antibiotika mehr einsetzen.

Diese Entwicklungen haben zur Folge, dass die Modellierung der Therapiehäufigkeiten einzelner Wirkstoffgruppen vor dem Problem der Nullinflation steht und die Modellierung erschwert, wenn nicht gar unmöglich wird. Um diesem Problem zu begegnen, wurde im Rahmen des Projekts eine Aufteilung der Therapiehäufigkeiten in ein Zwei-Komponenten-Modell mit einem binären (Einsatz ja/nein) und einem stetigen Teil (Einsatz >0) vorgenommen.

Der Beitrag präsentiert exemplarisch mehrere Regressionsmodelle für den Antibiotikaeinsatz bei Schweinen für ausgewählte Wirkstoffgruppen. Dabei soll der Fokus auf der Bestimmung von Faktoren liegen, die die Modellierung beeinflussen sowie auf der Evaluierung der Eignung der Modelle für das unterschiedliche Maß an Nullinflation der verschiedenen Nutzungsrichtungs-Wirkstoffkombinationen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Clarissa.bonzelett@tiho-hannover.de

Zusammenhang zwischen Tiergesundheitsindikatoren, Antibiotikaverbrauch und Antibiotikaresistenzen bei Schweizer Milchviehbetrieben

Adrian Minnig^a, Silja Griss^a, Véronique Bernier-Gosselin^b, Gertraud Schüpbach-Regula^a, Mireille Meylan^b, Beat Thomann^a

^a Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Liebefeld, Schweiz

^b Wiederkäuerklinik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz

Tiergesundheit, Antibiotikaverbrauch (ABV) und das Auftreten von Antibiotikaresistenzen (AR) sind aktuelle Themen sowohl in der Landwirtschaft als auch bei Konsumenten/innen. Das Ziel dieser Studie war es, die Zusammenhänge zwischen Tiergesundheitsindikatoren (TGI), ABV und AR-Mustern auf Herdenebene zu untersuchen. Die Tiergesundheit wurde mithilfe von bereits validierten TGI auf 50 Milchviehbetrieben zwischen Februar- und September 2023 erhoben. Mithilfe des betriebsspezifischen Tierbehandlungsindex aus dem Informationssystem zum ABV in der Schweiz wurden Betriebe ausgewählt und nach tiefem ABV (n=28) und hohem ABV (n=22) gruppiert. Pro Betrieb wurden *Escherichia (E.) coli* Isolate aus Kotproben von Kühen (n=15) und Kälbern (n=5) auf ihre Sensibilität gegenüber 15 antibiotischen Wirkstoffen getestet.

Verschiedene TGI wie Lahmheit und Mastitis mit durchschnittlichen Betriebsprävalenzen von 3.7% bzw. 7.7% wiesen auf eine gute Tiergesundheit hin. Über beide Tierkategorien gesehen waren die untersuchten *E. coli* Isolate (n=200) am häufigsten resistent gegenüber Tetracyclinen, gefolgt von Ampicillin und Sulfamethoxazol. Resistente Isolate kamen bei Kälbern (40%) häufiger vor als bei Milchkühen (4%). Zwischenergebnisse zeigten bisher keinen Unterschied bezüglich der ABV-Gruppe (tiefer vs. hoher ABV) und dem Auftreten von AR. Der Vergleich zwischen TGI und ABV-Gruppe zeigte für Indikatoren wie Lahmheit (3.2% vs. 4.5%) und Mastitis (8.8% vs. 6.1%) einen komplexen Zusammenhang auf.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: adrian.minnig@unibe.ch

Arzneimittleinsatz bei Nutztieren in Deutschland: Eine One Health Betrachtung

Mies Abdallah^a, Jenny Bethäuser^b, Felix Tettenborn^c, Arne Hein^d, Melanie Hamann^a

^a Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Fachbereich Tiermedizin Justus-Liebig-Universität, Gießen, Deutschland

^b Professur für Statistik und Ökonometrie, Fachbereich Wirtschaftswissenschaften, Justus-Liebig-Universität, Gießen, Deutschland

^c Fraunhofer-Institut für System- und Innovationsforschung, Karlsruhe, Deutschland

^d Umweltbundesamt, Dessau-Rosslau, Deutschland

Der Einsatz von Arzneimitteln in der Human- und Veterinärmedizin leistet einen wichtigen Beitrag zum gesellschaftlichen Wohlergehen. Aber der Einfluss auf die Umwelt gibt zunehmend Anlass zur Sorge. In Deutschland aber auch weltweit steigen die Nachweise in der Umwelt. Bis 2020 verzeichnet die Datenbank des Umweltbundesamtes 414 Wirkstoffe. Aber es besteht eine erhebliche Wissenslücke zu deren Verwendung. Unsere Studie beleuchtet den Einsatz von Tierarzneimitteln auf 129 landwirtschaftlichen Betrieben in Deutschland und liefert eine nationale Anwendungsschätzung. In unserer Studie wurden im Jahr 2020 insgesamt 1368 t Wirkstoff auf deutschen Betrieben angewendet, wobei Antibiotika, Elektrolyte und Antiphlogistika am häufigsten zum Einsatz kamen. Ein Vergleich mit dem Einsatz von Humanarzneimitteln zeigt deutliche Unterschiede in der Häufigkeit von Substanzen und in den Anwendungsmustern. Diese Erkenntnisse tragen zur Einordnung der Umweltfunde in Deutschland bei. Zusätzlich zeigt unsere Umweltrisikooanalyse für Tierarzneimittel erhebliche Unterschiede in der Risikobewertung selbst innerhalb derselben Substanzklasse. Die Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit einer ganzheitlichen Betrachtung der Umweltauswirkungen von Arzneimittelrückständen und damit die Bedeutung des One-Health-Ansatzes. Darüber hinaus wird die Dringlichkeit betont, zukünftig detaillierte Daten bereitzustellen, um fundierte Entscheidungen treffen und effektive Umweltmanagementstrategien entwickeln zu können.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Mies.Abdallah@vetmed.uni-giessen.de

Source Attribution of *Mycobacterium caprae* in Western Austria

Elena Kleiter^a, Krisztina Herz^b, Norbert Greber^c, Johannes Fritz^d, Paul Ortner^e, Daniel Polzer^f, Barbara Pohl^g, Christoph Leth^h, Michaela Stätter^h, Anna Stögerⁱ, Adriana Cabal Roselⁱ, Tadej Zerak^j, Annika Allinger^g, Friedrich Schmoll^f und Annette Nigsch^k

^a Institut für Wildbiologie und Jagdwirtschaft, Universität für Bodenkultur, Wien, Österreich

^b Biosicherheit und Referenzlabor Koordination, Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

^c Abt. Veterinärangelegenheiten, Amt der Vorarlberger Landesregierung, Österreich

^d Abt. Veterinärwesen, Bezirkshauptmannschaft Reutte, Österreich

^e Landesveterinärdirektion, Amt der Tiroler Landesregierung, Österreich

^f Geschäftsfeld Tiergesundheit, AGES, Österreich

^g Pathologiezentrum und Bakteriologie, Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

^h Molekularbiologie, Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

ⁱ Klinische Molekularbiologie, Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien, AGES, Österreich

^j Fachbereich Integrierte Risikobewertung, Daten und Statistik, AGES, Österreich

^k Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Innsbruck, AGES, Österreich

Austria has been officially tuberculosis (TB) free since 1999, however, since 2008 there has been an increase in bovine TB in red deer and cattle in western Austria. This study focuses on *Mycobacterium caprae* which together with *M. bovis* is the causative agent of bovine TB. Red deer has been identified as a maintenance host of *M. caprae* in certain alpine regions and is thought to transmit it to cattle through direct or indirect contact, but little is known about the actual transmission pathways. By implementing an explorative data analysis, this study aims to investigate whether it is possible to identify the most likely time and place of infection for potential transmission between deer and cattle. For this purpose, a collection of 311 red deer (n=248) and cattle samples (n=63) were selected from the surveillance years of 2008-2023. Whole Genome Sequencing (WGS) was performed on the isolates and bioinformatical analysis was conducted using the Ridom SeqSphere+ program. For the epidemiological factor, spatial and temporal data were incorporated to improve the understanding of transmission dynamics. As a result, the study was able to identify the most likely time and place of infection for 50 out of the 63 cattle isolates by using

genomic and epidemiological data. These results provide a good basis for further investigations into the transmission pathways of *M. caprae* in western Austria.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: elli.kleiter@gmail.com

Krankheitseffekte und wirtschaftliche Folgen von Paratuberkulose beim Schweizer Milchvieh und mögliche Kontrollszenarien

Silja Griss^a, Gertraud Schüpbach-Regula^a, Luís Pedro Carmo^b, Raquel Ferreira^a,
Tanja Knific^c, Mireille Meylan^d, Martina Ottardi^d, Beat Thomann^a

^a Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz

^b Norwegisches Veterinärinstitut, Ås, Norwegen

^c Veterinärmedizinische Fakultät, Institut für Lebensmittelsicherheit, Futtermittel und Umwelt, Universität Ljubljana, Ljubljana, Slowenien

^d Wiederkäuerklinik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz

Paratuberkulose (PTB), verursacht durch *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP), führt weltweit zu erheblichen wirtschaftlichen Verlusten in der Milchwirtschaft. Ziel dieser Studie war es, die Auswirkungen der PTB in der Schweizer (CH) Milchviehpopulation, sowie Kosten und Nutzen verschiedener Kontrollszenarien abzuschätzen.

Um relevante Faktoren zur Abschätzung wirtschaftlicher Auswirkungen zu identifizieren, wurde eine Scoping Review durchgeführt. Danach wurden in einer Fall-Kontroll-Studie verschiedene Produktionsparameter zwischen MAP-positiven und -negativen Herden (n=62) mittels Regressionsanalyse (RA) verglichen. Die Bruttomargen sowie die durch die PTB verursachten Produktionsverluste und Ausgaben wurden mittels stochastischen Simulationsmodellen geschätzt. Die RA zeigten keine signifikanten Unterschiede. Tiere in Fallbetrieben produzierten 0.07 kg/Tag (p=0.94) weniger Milch als Tiere aus MAP negativen Herden. Positive Herden hatten eine höhere Tankzellzahl (p=0.08). Bei der Mastitisprävalenz (OR=1.02) und den Fruchtbarkeitskennzahlen wurden ebenfalls keine signifikanten Unterschiede gefunden.

Die jährlichen finanziellen Verluste pro Kuh in einer MAP-infizierten Herde wurden auf 37 CHF (90%CR: 26–46 CHF) geschätzt. Auf nationaler Ebene zeigen Schätzungen jährliche Verluste von 671'773 CHF (90%CR: 477'761–861'640 CHF) für die CH-Milchproduktion.

Drei verschiedene Kontrollszenarien wurden entworfen und momentan in einer Kosten-Nutzen-Analyse evaluiert.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: silja.griss@unibe.ch

Scrapie-Bekämpfung in Island

Lina Spieß^{a,b}, Christine Fast^a, Sigurborg Daða^c, Sigurbjörg Ólöf Bergsdóttir^d, Jörn Gethmann^b

^a Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^c Ministry of Food, Agriculture and Fisheries , Reykjavík, Island

^d Icelandic Food And Veterinary Authority, Selfoss, Island

Scrapie, eine durch Prionen verursachte Erkrankung, wurde im Jahr 1878 mit einem infizierten Bock nach Island eingeschleppt. Die massiven Anstiege an Scrapie-Ausbrüchen in den siebziger Jahren, mit mehr als 100 betroffenen Höfen zu Beginn des Auftretens von Scrapie 1978, sowie 19-42 Ausbrüchen in den Jahren 1978-1986, führten 1986 zum Beginn eines Eradikationsprogrammes zur Bekämpfung der sich ausbreitenden Erkrankung. Neben der Tötung aller Tiere in den betroffenen Beständen mit umfangreichen Biosicherheitsmaßnahmen und anschließenden Wartezeiten bis zur Wiederbelegung der Farmen wurden Handelsrestriktionen zwischen neu definierten Risikogebieten in Island eingeführt. Die Maßnahmen wurden über die Jahre immer wieder angepasst. Seit 2023 ist nun die Möglichkeit einer Zucht auf Scrapie resistente Genotypen hinzugekommen.

Die vorliegende Studie beleuchtet die im Laufe der Zeit durchgeführten Maßnahmen, deren Bekämpfungserfolg sowie die Probleme in Island.

Dazu wurden die Verordnungen analysiert, betroffene Schafhalter befragt und die Maßnahmen mit den zuständigen Behörden besprochen.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Ausbrüche durch die Tötung der Tiere in den Beständen und die eingeführten Biosicherheitsmaßnahmen stark reduziert werden konnten, es aber dennoch in einigen Gebieten, insbesondere im Nordwesten weiter zu Ausbrüchen kommt. Nachdem im Jahr 2022 erstmals resistente Schafgenotypen gefunden wurden, konnte das Eradikationsprogramm um eine genetische Auswahl ergänzt werden.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: lina.spiess@fli.de

Triangulated spatio-temporal analysis of A/H5N1 spillover in mammals

Andrzej Jarynowski^{a,b}, Alisa Sergeeva^a, Vitaly Belik^a

^a AG Systemmodellierung, Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Freie Universität Berlin, Deutschland

^b Polish Hygiene Society, Wroclaw, Polen

Background: A/H5N1 epizootic in cats in Poland in Spring-Summer 2023 was investigated.

Methods: Data and methods triangulation were applied based on: 1) 30 (positive) and 27 (negative) cases from WOAHA reference lab, 2) 87 suspected cases submitted by animal owners (participatory epidemiology), 3) daily time series of: i) Google queries for Avian Influenza (AI), cats disease and cats deaths, as well as ii) mentions of cat/cats and AI in social and traditional media. 4) 19 RNA sequences of viruses from WOAHA. Other factors such as distance to water or abundance/migration of birds is considered.

Results: Positive cases form chain structure both on bird migration paths and close to high abundance of nesting sites of waterbirds (verified by comparison of average nearest neighbor distance and betweenness clustering of positive case vs. controls); the A/H5N1 was already probably circulating in cats in the second half of May in regions bordering with Ukraine (a month before first confirmed case);

There are at least 2 (eastern and western Poland) separate introductions of viruses (according to k-mean and DBScan clustering).

Conclusions: We recommend active monitoring (serology) of water birds (those overwintering for some reasons), rodents and cats in Pomerania and selected sites in Western Poland (as maybe some low viral pressure were still there in July). Common outbreak investigation of veterinary and sanitary inspection revealed multiple gaps in emerging new zoonotic threats. Veterinarians in the USA, coping with a similar spillover (April 2024), knew (because of Polish experience among others) that cats can be a sentinel of avian influenza in mammals, as well what kind of obstacles can appear in investigation and infection control duties. Thus, use of unconventional data and infodemic management should be incorporated into surveillance and risk assessment as similar events might happen in Europe in the future.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: vitaly.belik@fu-berlin.de

Untersuchungen zum Vorkommen des Virus der Bornaschen Krankheit bei Füchsen in einzelnen österreichischen Bundesländern

Juliane Schrott^a, Dennis Rubbenstroth^b, Zoltán Bagó^c, Sandra Revilla-Fernández^c,
Walter Glawischnig^a

^a Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Innsbruck, AGES, Österreich

^b Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^c Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

Die Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon*) ist der Reservoirwirt des Borna disease virus 1 (BoDV-1), dem Erreger der Bornaschen Krankheit, welche als Zoonose eingestuft ist und in bestimmten endemischen Regionen in Mitteleuropa vorkommt. In Österreich sind in der Vergangenheit einzelne Fälle von Bornascher Krankheit bei Tieren aus Vorarlberg, Oberösterreich und der Steiermark aufgetreten. Ziel dieser Studie war es, Füchse aus diesen Bundesländern auf eine mögliche BoDV-Infektion zu untersuchen. 365 Gehirnproben wurden mittels zwei verschiedener RT-qPCR Tests und 271 Serumproben wurden mittels Indirektem Immunfluoreszenztest (IFAT) untersucht. Proben mit positiven Testreaktionen wurden in einem modifiziertem IFAT ein weiteres Mal getestet.

Alle Gehirnproben wurden in der RT-qPCR mit negativem Ergebnis getestet. Drei Serumproben (1,1 %) waren im Screeningtest auf BoDV-1-infizierten Verzellen positiv, bei diesen Proben wurde der Test mittels modifiziertem IFAT auf SK-6 Zellen wiederholt und es konnte nur bei einer Probe das serologische Ergebnis bestätigt werden. Da im Gehirn des betreffenden Tieres keine virusspezifische RNA nachgewiesen werden konnte, muss die ermittelte Seroreaktivität als wahrscheinlich unspezifisch gewertet werden.

Die Ergebnisse lassen vermuten, dass die Prävalenz von Bornavirusinfektionen bei Füchsen allenfalls sehr gering ist, auch in österreichischen Regionen, aus denen Fälle von BoDV-1 oder BoDV-2 bekannt sind.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: walter.glawischnig@ages.at

A comparative study of the tools for integrated surveillance of rabies in Uganda

Rabina Ghimire^a, Samuel Okech^b, Terence Odoch^b, Frederic Lohr^c, Dickson Akankwatsa^d, Flavia Nakanjako^c, Clovice Kankya^b, Salome Dürr^f, Sonja Hartnack^a

^a Section of Epidemiology, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Zurich, Switzerland

^b College of Veterinary Medicine, Animal Resources, and Biosecurity, Makerere University, Kampala, Uganda

^c Mission Rabies, Cranborne, United Kingdom

^d Infectious Disease Institute, Kampala, Uganda

^e Ministry of Agriculture, Animal Industry and Fisheries, Entebbe, Uganda

^f Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland

Rabies, despite being one of the major public health concerns in Uganda, is under-prioritized due to the lack of adequate data and robust data collection systems. To address this, workshops have been conducted with the involvement of the eRabies team in collaboration with SEEG (GIZ) engaging stakeholders from human and animal health authorities at district and national level, academia and NGOs to assess the current data collection methods and identify gaps in the surveillance process and rabies control. A particular focus was on IBCM (integrated bite case management). These discussions led us to frame a comparison for existing surveillance tools for rabies like EMAi and IDI forms with the REACT App from Mission Rabies, focusing e.g on capturing information on bite incidents, bite victim and biting animal, follow-up and laboratory diagnostics. The findings indicated that the REACT App, being specifically designed for rabies gathers all relevant information for integrated bite case management. In contrast, EMAi, which is tailored for livestock disease monitoring lacks aspects of the bite-victim. Also, the paper-based form used by IDI, compared to REACT App's electronic format emphasizes the need for digital data accessibility. These results informed a SWOT analysis highlighting the thematic areas: 1) Governance, coordination & risk communication, 2) Rabies prevention & control, 3) Surveillance & data management, and 4) Training & operational research which will be presented.

Keywords: rabies, surveillance, REACT, IBCM, intersectoral collaboration

Korrespondenzadresse:

E-Mail: rabina.ghimire@uzh.ch

Epidemiological studies on the detection and prevalence of *Salmonella* Dublin in Austrian dairy farms

Kerstin Hofer^a, Eva Sodoma^a, Michael Dünser^a, Thomas Wittek^b

^a Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Linz, AGES, Österreich

^b Universitätsklinik für Wiederkäuer, Veterinärmedizinische Universität Wien, Wien, Österreich

Due to its increasing occurrence in cattle farms in different countries, leading to significant economic losses in affected livestock, *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serovar Dublin (*S. Dublin*) has become a highly investigated pathogen in cattle production. In Austria, there have been occasional human cases of *S. Dublin* as well as an increase in laboratory-confirmed cases in cattle, indicating the need for a current screening programme to determine the status in Austria.

A total of 6,973 dairy farms were tested through serological bulk milk screening, resulting in an average seroprevalence of 16.5%. At an individual animal level, 205 (11.3%) animals tested positive for shedding of *S. Dublin* in the faeces through microbiological detection, and 268 (17.0%) animals had positive values (ct value ≤ 38) following qPCR.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: kerstin.hofer@ages.at

Landnutzung hat einen Einfluss auf die Prävalenz und die Genodiversität von *Borrelia burgdorferi* s.l. bei Zecken aus Mitteldeutschland

Suscha Nicolina Lassen^a, Christian Imholt^b, Nina Król^a, Leonard Gothe^{a,c}, Lara Maas^a, Martin Pfeffer^a, Anna Obiegala^a

^a Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, Leipzig, Deutschland

^b Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Julius Kühn-Institut, Münster, Deutschland

^c Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Leipzig, Deutschland

Zecken sind wichtige Vektoren für viele Zoonoseerreger. In Europa kommt dabei *Ixodes ricinus* die größte Rolle zu, da sie die am häufigsten vorkommende Art in Europa ist und an einer Vielzahl von Wirbeltierarten Blut saugt, die als Reservoir für durch Zecken übertragene Pathogene dienen. Darunter auch Bakterien aus der *Borrelia burgdorferi* s.l. Gruppe, dem Erreger der Lyme-Borreliose, die einen Komplex aus über zwanzig Genospezies darstellt. Sowohl der Vektor als auch der Reservoirwirt von *Borrelia burgdorferi* s.l. sind stark von ihrer Habitatstruktur abhängig, die wiederum anthropogen durch die Intensität der Landnutzung beeinflusst wird. Diese Studie hatte zum Ziel, die Prävalenz von *Borrelia burgdorferi* s.l. und ihre Genodiversität bei Zecken entlang eines Landnutzungsgradienten in einem Nationalpark in Mitteldeutschland zu analysieren. Insgesamt wurden 1896 Zecken von 25 Gras- und 25 Waldstandorten gesammelt. Nach Bestimmung von Art und Alter wurden sie auf *B. burgdorferi* s.l.-DNA mittels real-time-PCR getestet. Bei 184 Proben wurde eine Multilokus-Sequenztypisierung (MLST) zur Bestimmung der Genospezies und Sequenztypen (ST) von *B. burgdorferi* s.l. durchgeführt. Drei Zeckenarten, *Ixodes ricinus*, *Ixodes frontalis* und *Dermacentor reticulatus*, wurden gefunden. *Borrelia*-DNA wurde in 210 von 1896 getesteten Zecken (11,08%) nachgewiesen. Alle *B. burgdorferi* s.l.-positiven Proben stammten von *I. ricinus*-Zecken. Die Prävalenz bei *I. ricinus*-Zecken war bei weiblichen Adulten (48/156; 30,77%) und männlichen Adulten (44/143; 30,77%) identisch und im Vergleich am niedrigsten bei Nymphen (118/1152; 10,24%). *I. ricinus*-Zecken, die von Grasländern gesammelt wurden, waren signifikant häufiger infiziert (29,36%) als von Waldgebieten

(6,43%). Es wurden vier verschiedene *B. burgdorferi*-Genospezies nachgewiesen. Die am häufigsten gefundene Art war *B. afzelii* (65,76%), gefolgt von *B. garinii* (17,93%), *B. valaisiana* (13,59%) und *B. burgdorferi* s.s. (2,72%). Darüber hinaus wurden 59 bekannte und 41 bisher unbekannte verschiedene Sequenztypen (ST) in 181 Proben nachgewiesen. Mit 100 verschiedenen STs war die festgestellte Variabilität in der Genodiversität extrem hoch. Auf Grund von Studien zur unterschiedlichen Virulenz verschiedener, bereits bekannter STs, legt dies nahe, dass *B. burgdorferi* s.l. nicht nur inter-, sondern auch intraspezifisch unterschiedliche Infektionseigenschaften aufweist. Außerdem zeigen *Borrelia burgdorferi*-Genotypen eine variable Wirtanpassung an verschiedene Reservoirwirte, was eine hohe intraspezifische Pathogendiversität zu fördern scheint. Die daraus resultierende breitere Wirtspalette erhöht die Populationspersistenz des Pathogens. Die Waldnutzung und -bewirtschaftung spielten eine wichtige Rolle in Bezug auf die Borrelienprävalenz, während die Landnutzung einen Einfluss auf die Zeckendichte hatte. Es lassen sich Trends identifizieren, die darauf hinweisen, dass eine erhöhte Land- und Waldnutzung die allgemeine Biodiversität reduziert, die Borrelienprävalenz und -diversität jedoch erhöht.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: pfeffer@vetmed.uni-leipzig.de

Den Durchblick über bestehende Habitatmodelle gewinnen: Eine systematische Literaturstudie am Beispiel der Mückenart *Aedes vexans* (Diptera: *Culicidae*)

Peter Pothmann^{a,b}, Doreen Werner^a, Helge Kampen^c, Hans-Hermann Thulke^b

^a AG Biodiversität aquatischer und semiaquatischer Landschaftselemente, Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V., Müncheberg, Deutschland

^b PG Ökologische Epidemiologie (EcoEpi), Helmholtz Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ, Leipzig, Deutschland

^c Institut für Infektionsmedizin, Friedrich-Loeffler Institut, Greifswald - Insel Riems, Deutschland

Die vegetationsreiche Überflutungsgebiete präferierende Stechmücke *Aedes vexans* (Diptera: *Culicidae*) zeichnet sich durch Vektorkompetenz für einige gefährliche Krankheitserreger aus. Daher ist es von Interesse, ihre Lebensräume mittels Modellierung zu beschreiben und Risikogebiete für die Erregerübertragung durch diese Spezies auszuweisen. Jedoch existieren viele Modelltypen und -konfigurationen. Lässt sich diese Vielfalt auf ein einheitliches Strukturbild verdichten?

Wir stellen eine systematische Literaturrecherche vor (gem. PRISMA), die einen Überblick über alle Habitatmodelle für *Ae. vexans* gibt. Die Metastudie zeigt, dass korrelative Habitatmodelle für *Ae. vexans* vor allem auf Landbedeckung und Wassermenge basieren. Dies passt zur Fähigkeit der Mücken, geeignete Eiablageplätze in regelmäßig überfluteten Zonen zu finden. Unsere Analyse zeigt jedoch, dass die Modelle die Anpassung der Mücke an ephemere Lebensräume nicht ausreichend berücksichtigen. Die langjährige Überlebensfähigkeit der Eier ermöglicht auch nach langen Trockenphasen Massenaufreten adulter Mücken nach Überflutungen. Um diese Dynamik zu erfassen, sind langfristige Daten und dynamische Modelle erforderlich.

Wir stellen eine hierarchische Charakterisierung aller Parameter vor, die uns strukturelle Vergleiche ermöglicht und gut auf Metastudien zu anderen Arten übertragbar ist.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: peter.pothmann@ufz.de

Systematic mapping of methodology applied to epidemiological studies of animal populations

Oneida Baxhia^a, Matthias Greiner^b, Anselm Hornbacher^a, Christine Müller-Graf^a, Narges Ghoreishi^a

^a Unit of Epidemiology, Statistics and Exposure modelling, Department of Exposure, German Federal Institute for Risk Assessment (BfR), Germany

^b Department of Exposure, German Federal Institute for Risk Assessment (BfR) and Veterinary University Hannover, Germany

Epidemiological study designs have been utilized in various fields to investigate animal populations. Although in principle, all observational study designs are applicable to animal populations, we expect a trend in practice of using certain designs for certain populations, exposures, or outcomes. Our aim was to summarize the design characteristics of observational studies of animal populations.

For the purpose of this review, we initially drafted a study protocol and submitted it to the [Open Science Framework database](#). All observational studies of animal populations were included. We utilized natural language processing (NLP) methods to optimize our search strategy. Our naive search strategy generated 29,914 articles on Scopus. After optimizing with NLP, the number of hits decreased to 20,065. We used artificial intelligence software to validate our screening process. A Support Vector Machine was then used to extract information on the animal Population, Exposure, Comparison and Outcome (PECO), plus study design.

The results from our review could be used to understand the association between certain methods for specific exposures or outcome assessments in veterinary research. The results illustrate the methodological trends in veterinary epidemiology over time. Our systematic mapping of methodology could serve as a basis for the use of NLP methods and machine learning models to optimize processes such as search strategy, data extraction, and analysis in systematic reviews for veterinary epidemiology.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Oneida.baxhia@bfr.bund.de

31. DACH-Epidemiologie-Tagung 2024
Epidemiologie und One Health

Vorträge Freitag - Abstracts

Entwicklung eines Instruments für die Analyse des Verzerrungsrisikos von epidemiologischen Tierstudien (raRoB-vet)

Anselm Hornbacher^a, Matthias Greiner^b, Kristina Plate^c, Christine Müller-Graf^d, Narges Ghoreishi^e

^a Fachgruppe Epidemiologie, Statistik und Expositionsmodellierung, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

^b Abteilung Exposition, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

^c Fachgruppe Chemikalienexposition und Transport gefährlicher Güter, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

^d Fachgruppe Epidemiologie, Statistik und Expositionsmodellierung, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

^e Fachgruppe Epidemiologie, Statistik und Expositionsmodellierung, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

Aufgrund der Vielzahl an epidemiologischen Studiendesigns und dem Mangel an verfügbaren Instrumenten kann die Analyse des Verzerrungsrisikos von epidemiologischen Tierstudien eine Herausforderung darstellen. Wir haben ein ursprünglich für Humanstudien entwickeltes Instrument modifiziert, um es für die Analyse des Verzerrungsrisikos von epidemiologischen Beobachtungsstudien an Tieren nutzbar zu machen und Anwendern eine systematische, standardisierte und reproduzierbare Bewertung des Bias zu ermöglichen.

Für eine konsensorientierte Entwicklung des Instruments wurde eine dreistufige Delphi Studie durchgeführt: 1) Festlegung des Anwendungsbereichs und der Gesamtstruktur 2) Festlegung des wordings und Signalfragen 3) Testung auf Handhabbarkeit und Nutzerfreundlichkeit. Insgesamt wurden 20 Experten aus den Bereichen der Veterinärepidemiologie, Messtheorie und Instrumentenentwicklung rekrutiert. Ein Prototyp wurde in einer Pilotstudie getestet und die daraus entwickelte Version des Instruments anschließend als shiny-webapp programmiert. In einer weiteren Testung wurde das Instrument auf dessen technische Fehler und Benutzerfreundlichkeit getestet. Die Ergebnisse der Testphase wurden in die webbasierte und finale Version des Tools implementiert. raRoB-vet ermöglicht die transparente, standardisierte und reproduzierbare Analyse des Bias von epidemiologischen Tierstudien. Weitere Anwendungen des Instruments auf epidemiologische Beobachtungsstudien an Tieren bieten sich an.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Anselm.Hornbacher@bfr.bund.de

Entwicklung einer ressourcenoptimierten Methode zur Beurteilung von Tiergesundheit und Tierwohl auf Schweizer Milchvieh- und Schweinebetrieben

Beat Thomann^a, Adrian Minnig^a, Laura Cunha Silva^a, Jelscha Trümpler^b, Thomas Echtermann^b, Gertraud Schüpbach-Regula^a

^a Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz

^b Abteilung für Schweinemedizin, Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich, Zürich, Schweiz

In letzter Zeit ist ein zunehmender Trend zu datengestützter Schätzung von Tiergesundheit und Tierwohl als Ersatz für ressourcenintensive on-farm Erhebungsprotokolle zu erkennen. Um eine ausreichende Validität zu erreichen, ist jedoch eine Kombination aus datenbasierten Indikatoren und Erhebungen auf Betrieben (on-farm) erforderlich. Ziel dieses Projekts war es, mit Hilfe von Eisberg-Indikatoren eine ressourcenoptimierte Methode zur Beurteilung von Tiergesundheit und Tierwohl auf Schweizer Milchvieh- und Schweinebetrieben zu entwickeln. Die initialen Indikatorensets, welche sowohl datenbasierte als auch on-farm Indikatoren umfassen, wurden in einem systematischen, mehrstufigen Prozess entwickelt und anschliessend im Feld durch Tierärzte mit einem digitalen Erhebungsbogen auf jeweils 100 Milchvieh- bzw. Schweinebetrieben erhoben. Basierend auf Regressionsmodellen und dem Variance Inflation Factor (VIF) wurden aussagekräftige Eisberg-Indikatoren mit einer hohen Vorhersagegenauigkeit ermittelt.

Insbesondere innerhalb der Kategorien Qualitative Behaviour Assessment (QBA), Sauberkeit, Lahmheit und Ausweichdistanz wiesen einzelne Indikatoren erhöhte Multikollinearität ($VIF > 10$) auf und konnten, unter Beibehaltung einer angemessenen Validität, entfernt werden.

Das optimierte Indikatorenset, mit einer reduzierten Anzahl on-farm Indikatoren, erlaubt eine verbesserte Praktikabilität, was eine ressourcenoptimierte Erfassung von Tiergesundheit und Tierwohl auf Populationsebene ermöglicht.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: beat.thomann@unibe.ch

Quantile regression of energy-corrected milk yield (ECM) in Holstein and Fleckvieh dairy cattle from Germany uncovers new insights about high-yielding and low-yielding cows

Yury Zablotski^c, Martina Hoedemaker^b, Gabriela Knubben-Schweizer^c, Amely Campe^b, Kerstin E. Müller^a, Andreas Oehm, Roswitha Merle^a, Katja Voigt^c

^a Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Fachbereich Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Deutschland

^b Arbeitsbereich Bestandstiermedizin, Klinik für Rinder, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland

^c Klinik für Wiederkäuer mit Ambulanz und Bestandsbetreuung Sonnenstraße 16, Oberschleißheim, Deutschland

This study employed quantile regression to examine the factors influencing energy-corrected milk yield (ECM) across the yield distribution in high- and low-yielding Holstein and Fleckvieh dairy cows from Germany. While traditional linear regression focuses on mean ECM, quantile regression offers insights into how the ECM-predictor relationship varies at different quantiles (e.g., median, high, low) of the ECM distribution. The analysis revealed significant differences in the predictors of ECM between high- and low-yielding cows, suggesting potential breed-specific metabolic profiles. Additionally, breed-specific sets of predictors were identified for different quantiles of ECM (median, high, low). These findings not only confirm breed differences in ECM but also suggest that high-yielding cows may have distinct metabolic characteristics compared to their lower-yielding counterparts. This highlights the potential for developing tailored management strategies to optimize both milk production and composition based on breed and individual cow yield.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Y.Zablotski@med.vetmed.uni-muenchen.de

Happy Chicken – Belastungserkennung bei Hühnern mit Computer Vision

Larissa Schlegel^{a,b}, Robert Opitz^c

^a Abteilung 9, FG95 Tierhaltung, Aquakultur und Referenzmaterial, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

^b Nutztierklinik – Abt. Geflügel, Abt. für Zier- und Rassegeflügel, Freie Universität zu Berlin, Berlin, Deutschland

^c Abt. 3, FG 33 Epidemiologie, Statistik und Expositionsmodellierung, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland

Belastungserkennung bei Tieren, insbesondere Versuchstieren, wurden für viele Säugetiere beschrieben und nutzen dabei meist Facial Action Units. Das sind definierte Bereiche des Gesichtes, die sich beim Ausdruck bestimmter Emotionen verändern. Vögel haben aber eine andere Anatomie des Gesichtes als Säugetiere, mit einer scheinbar weniger stark ausgeprägten Mimik. Es wurde hier zwar auch hier versucht Facial Action Units einzuführen, diese sind aber nur bedingt für Bewertung geeignet. Hühner sind außerdem Fluchttiere, die versuchen Stresssymptome zu verstecken. Larissa Schlegel entwickelte ein Bewertungsschema, die die Gesamterscheinung des Huhnes nach bestimmten Merkmalen bewertet, anhand denen dann die Belastung des Tieres ermittelt werden kann. Es wurde dann versucht, die Ergebnisse von Larissas Arbeit auf den Rechner zu übertragen. Dabei wurden verschiedene ComputerVision-Modelle trainiert, getestet und validiert. Es wurde darüber hinaus auch versucht zu verstehen, welche Teile des Bildes der Computer für seine Entscheidung herangezogen hatte, und ob diese mit Larissas Bewertungsschema parallel laufen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: robert.opitz@bfr.bund.de

Vorhersagemodell zum zielgerichteten antibiotischen Trockenstellen von Milchkühen

Sabrina Kuchling^a, Walter Obritzhauser^b, Oliver Alber^a, Corina Schleicher^a, Clair Firth^b, Klemens Fuchs^a, Christa Egger-Danner^c

^a Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, AGES, Graz, Österreich

^b Zentrum für Lebensmittelwissenschaften und öffentliches Veterinärwesen,
Veterinärmedizinische Universität Wien, Wien, Österreich

^c ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Wien, Österreich

Antibiotisches Trockenstellen von Kühen zählt zur gängigen landwirtschaftlichen Praxis. Das vermehrte Auftreten von Resistenzen und die damit verbundenen Bestrebungen den Antibiotikaeinsatz zu reduzieren, machen eine Evaluierung dieser Vorgangsweise notwendig.

Im Rahmen des COMET K-Projektes D4Dairy¹ wurden Richtlinien für den zielgerichteten Einsatz von Antibiotika zum Trockenstellen anhand einer Kohortenstudie analysiert. Dabei sollten Parameter identifiziert werden, die mit einer erhöhten Anzahl an positiven Befunden der bakteriologischen Milchuntersuchung (BU) zusammenhängen und somit für eine Prognose des Risikos für Euterinfektionen verwendet werden können. Ein Random Forest Modell lieferte diesbezüglich die besten Ergebnisse. Anhand der Prognose sollen Kühe zielgerichtet für eine antibiotische Behandlung ausgewählt und damit der Antibiotikaeinsatz reduziert werden können.

Mit dem Ziel der Verwendung dieses Ansatzes in der Praxis wurden Ergebnisse aus Routineaufzeichnungen des österreichischen Rinderdatenverbands für eine Weiterentwicklung des Modells verwendet. Dabei wurden 18 810 BU-Ergebnisse zum Zeitpunkt des Trockenstellens als Zielgröße und Ergebnisse aus routinemäßig durchgeführten Milchleistungsprüfungen, sowie weitere tier- und herdenspezifische Parameter als Einflussfaktoren herangezogen.

Diskutiert werden die Vor- und Nachteile komplexer Vorhersagemodelle, sowie Herausforderungen bei der praktischen Umsetzung für Routinevorhersagen.

¹ <https://D4dairy.com/de/>

Korrespondenzadresse:

E-Mail: sabrina.kuchling@ages.at

Antibiotikaresistenzen bei Schweinen – Analyse des Einflusses des Antibiotikaeinsatzes mit Hilfe von Zeitreihenmodellen

Mers Fiona^a; Rehberg Betty^b; Bonzelett Clarissa^b; Tug Timur^a; Ickstadt Katja^a;
Kreienbrock Lothar^b

¹ Fakultät für Statistik, Technische Universität Dortmund, Deutschland

² Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung (IBEI), Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland

Antibiotikaresistenz zählt zu den wichtigsten Bedrohungen der heutigen Zeit und ist vor allem durch den Einsatz von Antibiotika bedingt. Seit Jahren wird der Antibiotikaeinsatz auf Betriebsebene erhoben, Antibiotikaresistenz jedoch nur sporadisch, so dass der Zusammenhang auf Populationsebene unzureichend beschrieben ist.

Im Rahmen des Projektes "Veterinary Antimicrobial Usage and Resistance (VetAmUR)" werden Antibiotikaeinsatz und -resistenz gemeinsam in landwirtschaftlichen Betrieben erfasst, um den Zusammenhang unmittelbar in einer Population zu modellieren. Dabei tritt ein "Missverhältnis" zwischen den Einsatz- und Resistenzdaten auf (pro Betrieb im Median 7 Anwendungen und 1 Resistenztest pro Jahr für die Tierart Schwein).

Deshalb ist es derzeit kaum möglich präzise Modellierungen auf Betriebsebene durchzuführen. Somit soll in einem ersten Schritt zunächst eine aggregierte Auswertung vorgenommen werden.

Da ein wesentliches Interesse der Modellierung auch in zeitlichen Entwicklungen und Prognosen der Resistenzreduktion besteht, soll in diesem Beitrag die Frage nach Modellierungsmöglichkeiten anhand von Zeitreihenmodellen erörtert werden. Die Ergebnisse umfassen u.a. lineare Regression, ARMA und ARMAX, sowie eine Prognose mit klassischen Maximum-Likelihood- und Bayes-Methoden. Hierbei soll neben methodischen Restriktionen auch diskutiert werden, welche Modelle sich für welche Nutzungsrichtungs-Wirkstoffgruppen-Kombinationen eignen und welche nicht.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: lothar.kreienbrock@tiho-hannover.de

Screening for extended-spectrum β -lactamase-producing *Enterobacteriaceae* in Viennese dogs reveals presence of high-risk international clones of *Escherichia coli* from sequence types ST38, ST131 and ST141

Pia Saria^a, Pavlos G. Doulidis^b, Amélie Desvars-Larrive^{a,c}, Iwan A. Burgener^b,
Alexandro Rodríguez-Rojas^b, Olga Makarova^a

^a Centre for Food Science and Veterinary Public Health, Clinical Department for Farm Animals and Food Systems Science, University of Veterinary Medicine Vienna, Vienna, Austria

^b Clinical Centre for Small Animal Health and Research, Clinical Department for Small Animals and Horses, University of Veterinary Medicine Vienna, Vienna, Austria

^c Complexity Science Hub, Vienna, Austria

Companion animals, such as dogs, are at the focal point of One Health, as they are in frequent contact with their human owners, other animals and the environment, and therefore may act as reservoirs and spreaders of antimicrobial resistance. In this study, we screened the dogs visiting the small animal hospital at the University of Veterinary Medicine of Vienna for the presence of Extended-Spectrum β -Lactamase-producing (ESBL) *Enterobacteriaceae*. For this, 88 faecal samples were collected, streaked on selective media (MacConkey agar containing 2 μ g/ml cefotaxime), identified to a species level by MALDI-TOF, phenotypically tested for resistance via the combination disc test and VITEK[®] 2 according to EUCAST standards and whole genome-sequenced. Thirteen ESBL-producing *E. coli* were isolated, reaching a prevalence of 14.8 % (95% CI = [8.1 - 23.9]). The β -lactam antibiotic resistant genes most often identified were *bla*_{CTX-M-1} and *bla*_{CTX-M-15}. No carbapenem resistance was detected. 54 % of ESBL isolates were classified genotypically as multi-drug resistant. Two extraintestinal pathogenic *E. coli* (ExPEC) isolates belonging to the high-risk international clonal lineage sequence types ST38 and ST131, as well as emerging UTI-associated clone ST141 were identified. This study demonstrates that a sizable proportion of Viennese dogs carries ESBL *E. coli*, including the high-risk clones, and therefore may pose a transmission risk to humans, other animals, and the environment.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: olga.makarova@vetmeduni.ac.at

Studie zum Antibiotikaeinsatz bei Hunden, Katzen und Pferden in 400 Tierarztpraxen in Deutschland

Roswitha Merle^{a,b}, Leonie Feuer^c, Katharina Frenzer^{a,b}, Jan-Lukas Plenio^{a,b}, Astrid Bethe^{d,b}, Nunzio Sarnino^{a,b}, Antina Lübke-Becker^{d,b}, Wolfgang Bäumer^c ...

^a Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Freie Universität Berlin, Deutschland

^b Tiermedizinisches Zentrum für Resistenzforschung, Freie Universität Berlin, Deutschland

^c Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Freie Universität Berlin, Deutschland

^d Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen, Freie Universität Berlin, Deutschland

Der Antibiotikaeinsatz bei Tieren wird intensiv diskutiert und seit 2014 bei Masttieren systematisch erfasst. Die EU-Verordnung (EU) 2019/6 fordert ab 2029 eine zentrale Erfassung des Antibiotikaverbrauchs für Hunde, Katzen und Pferde, während Deutschland bereits ab Januar 2026 Meldungen für Hunde und Katzen verlangt. Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) beauftragte die Freie Universität Berlin mit der Entwicklung eines Meldekonzpts. Daten von 400 Tierarztpraxen wurden analysiert: Von 2018 bis 2023 wurden 414.765 Behandlungen durchgeführt, wobei 17,3 % Antibiotika erhielten. Katzen wurden am häufigsten behandelt (28,7 %), gefolgt von Hunden (14,0 %) und Pferden (9,9 %). Beta-Laktame waren bei Hunden und Katzen am häufigsten (52,4 % bzw. 72,4 %), bei Pferden wurden am meisten Sulfonamide eingesetzt (60,8 %).

Aminoglykoside wurden oft verwendet, jedoch in geringen Mengen. Cephalosporine machten fast 10 % der Mengen aus, wurden aber nur in 2 % der Behandlungen und an 4 % der Behandlungstage eingesetzt. Die Zuordnung von Behandlungen und Wirkstoffen zu Diagnosen wird im Vortrag ebenfalls vorgestellt und diskutiert.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: roswitha.merle@fu-berlin.de

31. DACh-Epidemiologie-Tagung 2024
Epidemiologie und One Health

Poster - Abstracts

PhytoKI – Künstliche Intelligenz zur Klassifizierung von Arzneidrogen

Anne K. Schütz^a, Steffen Albrecht^a, Clarissa Rudloff^b, Gina-Marie Janz^b, Sebastian Günther^b, Timo Homeier-Bachmann^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Institut für Pharmazie, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland

Arzneidrogen, die aus unterschiedlichen Pflanzenteilen bestehen und oft getrocknet, ganz oder zerkleinert vorliegen, sind für die Herstellung von Phytopharmaka unerlässlich. Ihre korrekte Klassifizierung ist eine Herausforderung in der Pharmazie, da wertvolle Drogen häufig gefälscht oder gestreckt werden. Dies erfordert eine genaue Prüfung, wie sie das Europäische Arzneibuch (PhEur) vorschreibt. Wir untersuchten die Möglichkeit, Künstliche Intelligenz (KI) zur Unterstützung bei dieser Klassifizierung einzusetzen. In unserem Projekt wurde eine umfangreiche Bildmenge von 121 klassischen Arzneidrogen erstellt, die in verschiedenen Anordnungen und Blickwinkeln fotografiert wurden. Diese Daten dienen dazu, den Algorithmus YOLOv8 speziell für diese Aufgabe zu trainieren. Er erreichte auf der initialen Testmenge eine Genauigkeit von 98 %. Um die Robustheit zu überprüfen, haben wir ihn auf weiteren Bildmengen mit Aufnahmen anderer Fotografen und Drogen-Chargen getestet, wobei er niedrigere Genauigkeiten zeigte. Dies betont die Herausforderungen, die sich aus unterschiedlichen Aufnahmewinkeln, Farbabweichungen und der fehlenden Einbeziehung sensorischer Daten ergeben. Der Einsatz von KI kann die manuelle Klassifizierung effektiv ergänzen, sollte jedoch aufgrund der genannten Einschränkungen nicht als alleinige Methode verwendet werden. Es bleibt essentiell, die KI-Systeme kontinuierlich weiterzuentwickeln und an die variablen Bedingungen der Arzneidrogenprüfung anzupassen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: anne.schuetz@fli.de

Satellitenbasierte Kartierung von Feldfrüchten zur Unterstützung von epidemiologischen Risikobewertungen

Yichin Flora Chiu^a, Lisa Rogoll^a, Annett Frick^b, Patrick Wysocki^a, Ronald Schröder^a, Carola Sauter-Louis^a, Timo Homeier-Bachmann^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b LUP – Luftbild Umwelt Planung GmbH, Potsdam, Deutschland

Eine wirksame Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest (ASP) erfordert die schnelle Identifizierung lokaler Risikofaktoren, die die Wildschweindichte und damit das ASP-Risiko beeinflussen können. Dazu gehört unter anderem der Anbau bestimmter Feldfrüchte (z.B. Mais und Raps). Aus diesem Grund soll in dieser Studie untersucht werden, ob aktuelle Kartendaten zur Feldfruchtverteilung basierend auf Satellitendaten die Lokalisierung von Wildschweinaufenthaltsorten und damit ASP-Hochrisikogebieten ermöglichen können. Es konnte bereits gezeigt werden, dass Fernerkundungsmethoden eine zeitnahe Klassifikation von Feldfrüchten in landwirtschaftlichen Schlägen anhand von Satellitendaten (Sentinel, Landsat) ermöglichen. Mithilfe eines Random Forest Algorithmus konnte basierend auf Trainingsdaten (InVeKos) aus 2022 eine rückwirkende bildbasierte Klassifikation von Feldfrüchten in Lettland für frühere Jahre erfolgreich durchgeführt werden. Diese Daten sollen genutzt werden um in der EURL-Datenbank dokumentierte Jagd- und Fundorte von ASP-positiven und negativen Wildschweinen bzw. Wildschweinkadavern in Lettland hinsichtlich der Zusammensetzung der Feldfrüchte in ihrer Umgebung GIS-gestützt zu analysieren. Damit soll gezeigt werden, dass die fernerkundungsgestützte Kartierung von Feldfrüchten zukünftig epidemiologische Risikoeinschätzungen unterstützen und eine gezielte, ressourcenschonende Reaktion auf potenzielle ASP-Ausbrüche ermöglichen kann.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: lisa.rogoll@fli.de

Reinforcement Learning - Anwendung in der Human- und Veterinärepidemiologie

Deliah Tamsyn Winterfeld^a, Jana Schulz^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

Künstliche Intelligenz hat in den letzten Jahren einen deutlichen Aufschwung erlebt. Reinforcement Learning (RL) gewinnt dabei auch in Human- und Veterinärepidemiologie an Bedeutung. RL ist eine Form des maschinellen Lernens, bei dem ein Agent durch Interaktion mit seiner Umgebung lernt, Strategien zur Kostenminimierung zu optimieren.

Dieses Projekt beabsichtigt, mittels eines systematischen Reviews zum Thema RL in der Human- und Veterinärepidemiologie den Stand der Forschung zu beleuchten.

Dabei sollen bereits angewendete RL-Algorithmen, ihre Vor- und Nachteile sowie eventuelle Anwendungslücken untersucht werden, um potenzielle Anwendungsbeispiele für die nächste Studienphase zu identifizieren.

Eine Vorstudie untersuchte zwei RL-Methoden in einer vereinfachten epidemiologischen Umgebung, konnte jedoch keine Strategie identifizieren, die im Vergleich zu einer manuell erstellten besser war. Ziel ist es daher auch, die Gründe dafür zu untersuchen. Hierfür soll die epidemiologische Umgebung realitätsnäher verändert werden, um mithilfe von RL eine optimierte Bekämpfungsstrategie zu ermitteln. Dabei wird der Fokus auf die Definition der Kosten-Funktion als auch auf die Auswahl von Hyperparametern der RL-Algorithmen gelegt.

Das Projekt zielt darauf ab, Erkenntnisse aus der Veterinär- und Humanepidemiologie mit dem RL zu kombinieren, um Überwachungs- und Bekämpfungsstrategien zu optimieren und damit den Ausbruch von Krankheitserregern, einschließlich Zoonosen, einzudämmen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Deliah.Winterfeld@fli.de

Dense oder average? Auswirkungen verschiedener Ranking-Methoden am Beispiel eines Gesundheits-Scores für Milchkuhherden

Katharina Charlotte Jensen^{a,b}, Yury Zablotski^c, Svenja Woudstra^d, Martina Hoedemaker^b, Roswitha Merle^a

^a Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Fachbereich Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Deutschland

^b Arbeitsbereich Bestandstiermedizin, Klinik für Rinder, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland

^c Klinik für Wiederkäuer mit Ambulanz und Bestandsbetreuung, Oberschleißheim, Deutschland

^d Department of Veterinary and Animal Sciences, University of Copenhagen, Dänemark

Wenn man Betriebe miteinander vergleichen möchte, bietet es sich an, stetige Werte durch Ränge zu ersetzen. Dadurch wird auf den ersten Blick sichtbar, wer innerhalb des Vergleichs gut abschneidet. Ränge werden zudem häufig genutzt, wenn Daten nicht normalverteilt sind. Für das Ranking können verschiedene Methoden verwendet werden. Die geläufigsten Methoden sind „dense“ und „average“. Wir möchten anhand eines Beispiels zeigen, dass die Methode des Rankings erheblichen Einfluss auf die nachfolgenden Ergebnisse haben kann.

Im Rahmen der PraeRi-Studie wurden in 702 Milchkuhbetrieben Daten zu den Bereichen Reproduktion, Technopathien, Stoffwechsel-, Gliedmaßen-, Kälber- und Eutergesundheit jeweils ein bis acht Indikatoren erhoben. Diese Indikatoren wurden jeweils nach „dense“ wie auch „average“ gerankt und zu einem Score pro Bereich aufsummiert.

Die Anzahl der Indikatoren pro Bereich hatte einen geringeren Einfluss auf die Übereinstimmung der Methoden als die Verteilung der Daten. So ergab sich für den Bereich Kälber (vier Indikatoren, z.T. Nullinflation) ein Konkordanz-Korrelations-Koeffizient nach Lin (CCC) von 0,11 (KI: 0,10-0,12). Im Bereich der Eutergesundheit (acht Indikatoren) war die Übereinstimmung hingegen mittelmäßig (CCC=0,67 [0,65-0,69]) und im Bereich der Gliedmaßengesundheit (ein Indikator) gut (CCC=0,88 [0,87-0,89]).

Die Ergebnisse zeigen, dass die Übereinstimmung der Ergebnisse teilweise sehr gering ist. Gründe, Lösungen und Alternativen werden diskutiert.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Charlotte.Jensen@fu-berlin.de

Betrachtungen zur Stichprobenuntersuchung für den Nachweis von Infektion in der Tierseuchenüberwachung

Nicolai Denzin^a, Susanne Amler^b, Jörg Fritze^c

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^c Veterinärdienst für Landkreis und Stadt Osnabrück, Landkreis Osnabrück, Osnabrück, Deutschland

Im Rahmen der Tierseuchenbekämpfung bzw. -überwachung wird für den Krankheitsnachweis häufig auf empirische Stichprobenuntersuchungen in Beständen zurückgegriffen. Die für die Berechnung des Stichprobenumfangs angenommenen Parameter, u.a. die erwartete Prävalenz der Erkrankung im Bestand und die Zuverlässigkeit der Aussage, müssen fachlich fundiert definiert werden und die Auswahl der Individuen in die Stichprobe sollte repräsentativ für den gesamten Bestand sein, um einen Selektionsbias zu vermeiden oder zumindest zu minimieren. Um einen umfassenden Überblick auf die praktische Umsetzung der Stichprobenziehung unter möglichst realen Bedingungen zu erhalten, werden verschiedene Simulationsszenarien erstellt. Dabei liegt der Fokus auf der Untersuchung der Auswirkungen von verteilungsspezifischen Faktoren (zufällige vs. geklumpfte Verteilung) und auswahlspezifischen Faktoren der zu beprobenden Individuen (einfache Zufallswahl vs. stratifizierte Auswahl vs. nicht zufällige „Bequemlichkeitsauswahl“) in Bezug auf die Nachweissicherheit der Infektion im Bestand. Weiter wird auf den Einfluss einer risikobasierten Auswahl der zu beprobenden Individuen auf die Nachweissicherheit eingegangen. Eine definierte Nachweissicherheit kann auch für größere Populationen (Bestände) mit relativ kleinen Stichprobenumfängen gewährleistet werden, wenn eine konsequente Zufallsauswahl der zu beprobenden Individuen erfolgt. Die Nachweissicherheit lässt sich durch eine stratifizierte Beprobung auch noch steigern. Eine nicht zufällige Beprobung („Bequemlichkeitsprobe“) führt insbesondere bei inhomogener Verteilung der infizierten Individuen im Bestand, von der bei Infektionskrankheiten auszugehen ist, zu einer drastischen Reduktion der Nachweissicherheit. Eine gezielte Beprobung von Risikotieren führt zu einer Verbesserung der Nachweissicherheit in Abhängigkeit von dem Faktor, um welchen

die Auswahlwahrscheinlichkeit eines infizierten Individuums relativ zu einem nicht infizierten gesteigert werden kann.

Nach Darstellung der aus den Simulationen gewonnenen Erkenntnisse wird darauf eingegangen, wie diese im Kontext der statistischen Vorgaben zu bewerten sind.

Abschließend werden mögliche Risiken und Limitationen der Aussagekraft von Stichprobenuntersuchungen erläutert und konkrete Anforderungen und Empfehlungen für den praktischen Anwender in unterschiedlichen Ausgangssituationen erörtert.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Nicolai.Denzin@fli.de

Ein Blick hinter die Ku(h)lissen – Computer Vision zur Überwachung des Verhaltens von Rindern

Sarah Jahn^a, Gabriel Schmidt^b, Lisa Bachmann^b, Timo Homeier-Bachmann^a, Anne K. Schütz^a

^a Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Hochschule Neubrandenburg, Neubrandenburg, Deutschland

Aktivität und Verhalten sind Indikatoren zur Beurteilung der Gesundheit und des Wohls von Kühen.

Durch die Anwendung von Computervision-Methoden kann zwischen liegender und stehender Körperhaltung automatisiert unterschieden werden. Eine tierindividuelle Bestimmung des Aktivitätslevels ist ebenfalls möglich.

Aus Videos von 3 Gruppen mit je 5 Kühen wurden zur Klassifizierung der Körperhaltung 860 Bilder extrahiert und mit den Labeln „stehen“ oder „liegen“ versehen. Die Bildmenge wurde in eine Trainings- und eine Testmenge geteilt. Ein neuronales Netz wurde als Detektor angepasst und mit der Trainingsmenge trainiert. Die Testmenge diente zur Validierung der Genauigkeit des Körperhaltungsdetektors. Für die individuelle Tiererkennung wurden 200 Bilder aus Videos einer Kuhgruppe extrahiert und ein weiterer Detektor trainiert. Jede Kuh erhielt beim Labeln eine eigene Nummer und wurde in der Bildmenge entsprechend gekennzeichnet. Das neuronale Netz wurde erneut adaptiert, trainiert und validiert. Anhand der „Bounding Boxes“ der detektierten Kühe konnte über deren Bewegung zusätzlich das Aktivitätslevel (aktiv, inaktiv) bestimmt werden.

Der Körperhaltungsdetektor erreichte eine Genauigkeit von 99,54 %, der Individuendetektor eine von 99,19 %. Der Körperhaltungsdetektor liefert eine herdenbasierte Übersicht zur Körperhaltung, der Individuendetektor gibt die tierindividuellen Aktivitäten aus.

In Kombination können beide Detektoren eine detaillierte Verhaltensübersicht der Kühe erstellen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Sarah.Jahn@fli.de

Analyse der Tierwohl-Indikatoren Fußballen- und Fersenveränderungen bei Masthühnern in Österreich

Statistische Herausforderungen in der Exploration potenzieller Einflussfaktoren aus dem Poultry Health Data System

Karin Weyermair^a, Antonia Griesbacher^a, Peter Mitsch^{b,c}, Christian Obsil^c, Elisabeth Reitbauer^a, Harald Schließnig^c, Janja Sirovnik^d

^a Statistik und analytische Epidemiologie, Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, AGES, Graz, Österreich

^b Tierarzt GmbH Dr Mitsch, Wien, Österreich

^c Österreichische Qualitätsgeflügelvereinigung (QGV), Tulln, Österreich

^d Klinisches Department für Nutztiere und Sicherheit von Lebensmittelsystemen, Zentrum für Tierernährung und Tierschutzwissenschaften, Veterinärmedizinische Universität Wien, Wien, Österreich

Fußballen- und Fersenveränderungen dienen als Indikatoren für das Wohlergehen bei Masthühnern. Dazu werden Fußballen und Fersen am Schlachthof von amtlichen Tierärzten nach einem österreichspezifischen 10-stufigen Scoring-System beurteilt. In dieser Analyse wurden verfügbare Daten aus dem Poultry Health Data (PHD) – System vom Zeitraum 01.01.2020-31.12.2022 genutzt, um potenzielle Einflussfaktoren zu identifizieren und mittels statistischer Modellierung zu bewerten. Der Datensatz mit verfügbaren Scoring-Werten umfasst 20.836 Chargen von 13.670 Masthuhnherden aus 709 österreichischen Betrieben.

Untersucht werden Zusammenhänge der Scoringwerte von Schlachtchargen mit den Variablen Schlachtag, Jahreszeit, Herdengröße, Haltungsform (biologisch/konventionell) und weiteren Herdeninformationen wie z.B. Behandlungen, Impfungen, Teilschlachtungen, Elterntierherden, Einstreu. Außerdem werden mögliche Jahres-, Schlachthof-, Herkunftsbundesland- und Beurteilungseffekte ausgewertet.

Methodische Herausforderungen stellen die unvollständige Datenlage in einigen der potenziellen Einflussvariablen und teilweise starke Abhängigkeiten untereinander dar. Mit umfassenden deskriptiven Auswertungen und Datenvalidierung, sowie der Gegenüberstellung der Variablenselektion in logistischen Regressionsmodellen bzw. der sogenannten „*Feature Importance*“ in Klassifikationsbäumen wird ein Gesamtbild der Zusammenhänge erstellt und interpretiert

Korrespondenzadresse:

E-Mail: karin.weyermaid@ages.at

Auslaufnutzung von Legehennen in Freilandhaltung auf zwei Ausläufen mit unterschiedlich stark ausgeprägter Deckung bietender Vegetation

Sabrina Kuchling^a, Markus Deutsch^{b,c}, Kristina Sefc^c, Ida Kathinka Dalseg^c, Elfriede Kalcher-Sommersguter^c

^a Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, AGES, Graz, Österreich

^b Institut für Tierernährung, Tierische Lebensmittel und Ernährungsphysiologie (TTE), Universität für Bodenkultur, Österreich

^c Institut für Biologie, Universität Graz, Graz, Österreich

Die Freilandhaltung von Legehennen gilt als tierfreundliche Haltungsform. Ausläufe ohne Vegetation in Form von Bäumen und Sträuchern können jedoch dazu führen, dass Hennen nur den Bereich in Stallnähe nutzen. Nachdem die Stammform des Haushuhns in dichten Wäldern lebt, ist davon auszugehen, dass auch Haushühner strukturierte Ausläufe mit Deckung bietender Vegetation bevorzugen.

Um diese Annahme zu untersuchen, wurde auf zwei Ausläufen, die sich hinsichtlich des Ausmaßes an Deckung stark unterschieden, ein 15x15m Gitter am Boden ausgebracht. Von jedem der Quadranten wurde alle zehn Minuten ein Foto über einen Zeitraum von insgesamt drei ganzen Sommertagen aufgenommen (219 Aufnahmen/Quadrant). Mithilfe von Generalisierten Additiven Modellen (GAM) wurde der Einfluss der Vegetationsbedeckung auf die Anzahl der Hennen pro Quadrant und damit auf die Flächennutzung untersucht.

Die Zahl der Hennen nahm auf beiden Ausläufen mit zunehmender Entfernung zum Stall ab, wobei die Verteilung auf dem Auslauf mit dichter Vegetation gleichmäßiger war als auf dem spärlich bedeckten Auslauf. Während auf beiden Ausläufen mit zunehmender Temperatur die Zahl der Hennen auf Quadranten ohne Deckung abnahm, zeigte sich auf Quadranten mit Deckung kein solcher Effekt.

Diese Ergebnisse zeigen wie wichtig Deckung bietende Ausläufe für eine gleichmäßigere Flächennutzung und das natürliche Verhalten der Tiere sind, insbesondere in Hinblick auf den zu erwartenden klimawandelbedingten Temperaturanstieg.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: sabrina.kuchling@ages.at

Investigating the impact of free-range hens mobility and contact patterns on egg production

Vitaly Belik^a, Andrzej Jarynowski^{a,b}, Candas Turan^a, Senadin Radas^a, Mitchell Welch^c, Isabelle Ruhnke^a

^a Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland

^b Polish Hygiene Society, Wroclaw, Polen

^c University of New England, Australien

This study investigates the factors influencing short-term egg production in free-range hens, with a focus on weather conditions and mobility/contact patterns. Data from 117 days of observations across a pen populated with 772 hens in a single farm were analyzed to identify the impact of daily feed, water intake, temperature, humidity as well as the mobility and contact network structures on the laying rate. We used RFID sensors to build a daily network of contact in a pen: each contact of every 2 individual hens (animals as nodes) which are in the range of a given antenna with duration longer than 2 minutes. Using generalized linear models (GLM) and a graph neural network (GNN) our results highlight the strong explanatory power of contract structure on productivity (MSE < 5%). Moreover, the findings suggest that fluctuations in temperature and water intake significantly correlate with production disruptions. The study underscores the importance of consistent management practices in mitigating risks associated with variable environmental conditions, thereby supporting sustainable poultry production.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: vitaly.belik@fu-berlin.de

Tracing Farmers' Protests Online: Insights from a Veterinary Perspective

Andrzej Jarynowski^{a,b}, [Vitaly Belik](#)^a

^a Freie Universität Berlin, Deutschland

^b Polish Hygiene Society, Wroclaw, Polen

Background: The EU Green Deal (including From Farm to Fork) flagship projects, which are expected to have a significant impact on livestock production, have encouraged the formation of protest alliances between livestock farmers, far-right groups, agricultural parties and religious organizations.

Data and Methods: We collected and analyzed (using Brand24 tool) media discourse 15.12.2023-30.04.2024 referring to online representation of a series of farmers (but not only) protests that took place across countries and languages: 29890 mentions with #Bauernproteste for DACH (in German language); 29890 mentions with keywords protest/protesty/strajk rolników/rolnicze (different versions of farmers protests in Poland); 5072 mentions with #boerenprotest for Benelux (in Flemish language).

Results: Only 5% of traditional media versus 17% in social media contain animal related content. In the great majority, animal issues are marginal to the main topic in the agenda setting of traditional media with small share of phrases such as milk and meat product prices, costs of production. On the other hand, on social media, a higher diversity of animal producers (cattle, poultry, pig, beekeepers, fur and fishery farming), products (eggs, milk, meat, honey) and concepts (animal warfare, HPAI) are discussed.

Conclusion: Veterinary issues play a minor role by traditional media during the protests, probably due to the absence of interest in this aspect in general. On the other hand, farmers paid more attention to animal topics from their perspective, although those were not a primary topic as well. Thus, media monitoring activity during such kinds of events is an important part of veterinary public health.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: vitaly.belik@fu-berlin.de

Exploring socio-economic aspects in Dog Population Management systems: A scoping review

Rabina Ghimire^a, Parimala Mohanty^b, Elly Hiby^c, Andrew Larkins^{d,e}, Paul Torgerson^a,
Salome Duerr^f and Sonja Hartnack^a

^a Section of Epidemiology, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Zurich, Switzerland

^b DBT Wellcome Trust India Alliance Project, Indian Institute of Technology Guwahati (IITG), Assam, India

^c International Companion Animal Management (ICAM) Coalition, Cambridge, UK

^d School of Medical, Molecular and Forensic Sciences, Murdoch University, Perth, Australia

^e Centre for Biosecurity and One Health, Harry Butler Institute, Murdoch University, Perth, Australia

^f Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland

Among many challenges in the effective implementation of Dog Population Management (DPM) systems, understanding the socio-economic impact is often overlooked with limited evidence and reviews available. Thus, this scoping review is conducted to identify, map, and summarize the published data in the socio-economic aspect of the DPM system following the PRISMA-ScR guidelines. The key outcome is to determine the types of data needed and the methodology applied for conducting future socio-economic assessments. The research questions are directed towards i) type of DPM services, ii) parameters and data (qualitative, quantitative, and monetized), iii) methodological approach (cost-benefit analysis, cost-effectiveness analysis, or others), iv) non-monetary values attributed to dog's health, and v) gaps and challenges identified. The search strategy was applied to databases like PubMed, Embase, Scopus, and Web of Science retrieving 15476 references. After deduplication, 7259 papers were screened for titles and abstracts in Rayyan software, 89 were selected for full-text review, and 25 were included in the final review corpus. Our analysis reflects a variety of economic methodologies and inherent heterogeneity with a broad range of socio-economic terms. The findings give crucial insights into cost-effective DPM services, also considering the geographical and social variations of the setting. In addition, challenges and limitations in these assessments are identified, offering potential mitigation strategies. Hence, this review will be beneficial

to guide the planning of sustainable and cost-effective DPM interventions aligned with government policies, facilitating better-informed decisions for future initiatives.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: rabina.ghimire@uzh.ch

Mapping review of previous and current cohort research programs in cats and dogs

Jessica Irene Landolt^a, Dan G O'Neill^b, Stefan Unterer^a, Sonja Hartnack^c, Malwina Ewa Kowalska^c

^a Clinic for Small Animal Internal Medicine, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Zurich, Switzerland

^b Pathobiology and Population Sciences, The Royal Veterinary College, Hatfield, UK

^c Section of Veterinary Epidemiology, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Switzerland

Cohort programmes follow individuals over time to enable study of effects from various factors on many health on other outcomes. To date, global distribution of cohort programmes in dogs and cats has not been mapped, and a comprehensive synthesis of their methodological characteristics is lacking. This limits improved methods and broader adaptation of cohort programmes in veterinary medicine. A mapping review methodology was used to summarise existing cohort research. The protocol aligned with the JBI Manual for Evidence Synthesis. Electronic databases were searched (Embase, MEDLINE, Scopus, Web of Science) to identify eligible papers, followed by a two-step selection process (title and abstract screening, full text screening) for paper inclusion. Information extracted at the individual cohort programme level included: (1) location and veterinary specialty; (2) study design; (3) risk factors; (4) collected data; (5) recruitment and retention strategies.

Database searches yielded 5,967 unique papers, 68 of which met the inclusion criteria. Nineteen cohort programmes were identified, predominantly involving dogs (n=16), located either in the USA or UK (n=12), and focusing on preventative medicine (n=10). Animal demographics were the most considered risk factor (n=13). The biggest reporting gaps were identified in the study planning phase, design, and programme management. Consequently, the information retrievable from the programmes was insufficient to create useful learning opportunities for researchers planning future cohort programmes.

The study protocol was preregistered on the 27th of December 2023 (<https://osf.io/wkg53/>).

Korrespondenzadresse:

E-Mail: jessica.landolt@uzh.ch

Finanzielle Auswirkungen im Zusammenhang mit Infektionen des West-Nil-Viruses

Isabel Suckau^a, Jörn Gethmann^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, , Riems-Greifswald – Insel Riems, Deutschland

Das West-Nil-Virus (WNV) ist ein stechmückenübertragenes Virus das Menschen, Pferde und Vögel infizieren kann. Je nach Spezies erkranken 10-20% klinisch, in einigen Fällen sogar neuroinvasiv mit evtl. Todesfolge. Eine Therapie erfolgt nur symptomatisch. Die Prävention erfolgt vor allem durch Vektorbekämpfung und, aktuell nur bei Pferden, Impfungen. Ziel dieser Studie war eine Zusammenfassung der finanziellen Auswirkungen von WNV Infektionen und den Bekämpfungsmaßnahmen. Zu diesem Zweck wurde eine Literaturrecherche mit den Suchwörtern „West Nile Virus“ und „economic“ durchgeführt. Die 78 gefundenen Publikationen wurden auf Hinsicht der finanziellen Auswirkungen von Therapiekosten und Bekämpfungsmaßnahmen untersucht. Der größte Teil betrachtet diese Kosten bei Menschen, nur 21 beleuchten sie bei Pferden oder für Bekämpfungsmaßnahmen. Die Kosten im Humanbereich variieren stark, für die Diagnostik 21-74 €, und für eine stationäre Behandlung einer neuroinvasiven Infektion bis zu 396.000 €. Je nach Studie wurden auch assoziierte Kosten wie z.B. die herabgesetzte Produktivität der Personen berücksichtigt. In Studien die Präventionsmaßnahmen betreffend werden verschiedene Verfahren betrachtet und die Kosten z.B. in Kosten pro Fläche oder geschütztem Haus angegeben. Zusammenfassend geben die Studien einen Einblick auf mögliche Kosten, diese sind aber durch verschiedene Gesundheitssysteme und verschiedene Gebietseinheiten nicht direkt auf Deutschland übertragbar und müssen angepasst werden.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: IsabelLuzia.Suckau@fli.de

Erstes österreichweites West-Nil-Virus Monitoring in Stechmücken – One Health SURVector

Barbara Seebacher^a, Karin Bakran-Lebl^a, Julia Reichl^a, Severin Falk^a, Anna-Margarita Schötta^a, Mateusz Markowicz^a, Annette Nigsch^b

^a Abteilung für Vector-Borne Diseases, Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien, AGES, Österreich

^b Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Innsbruck, AGES, Österreich

Das West-Nil-Virus kann über Stechmücken, besonders aus der Gattung Culex, übertragen werden. Als natürliches Reservoir fungieren Vögel, aber auch Säugetiere wie Pferde oder Menschen können infiziert werden. Um die Verbreitung von West-Nil-Viren in Stechmücken zu überwachen, findet erstmals im Zuge des Projektes OH SURVector (EU Projekt Nr. #101132974) ein solches österreichweites Monitoring statt, dass in Kooperation mit den Landessanitätsdirektionen durchgeführt wird. Dabei werden in allen NUTS3 Einheiten Österreichs Stechmücken mithilfe von BG-Sentinel Fallen gefangen. Die Fallen werden von Mai bis Oktober zweimal pro Monat für jeweils 24h aufgestellt. Die erhaltenen Stechmücken werden möglichst zeitnah morphologisch identifiziert und nach Art und Geschlecht gepoolt mittels PCR auf West-Nil-Virus analysiert. Eine Analyse auf weitere Pathogene (z.B. Usutu-Virus) der so erhaltenen Proben kann in Zukunft im Zuge weiterer Projekte durchgeführt werden.

Mit Stand 31.07.2024 wurden 4158 Stechmücken aus ganz Österreich identifiziert und analysiert. Die mit Abstand häufigsten Arten davon waren Cx.pipiens/torrentium (71,7%), an zweiter Stelle folgte Ae.vexans (5,6%). Die hohe Fangquote von Cx.pipiens/torrentium ist für das Projekt vorteilhaft, da diese Arten die Hauptüberträger des West-Nil-Virus sind. Die bis Ende Juli gefangenen Stechmücken wurden alle negativ auf West-Nil-Virus getestet.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: barbara.seebacher@ages.at

Nationales Zeckenmonitoring in Österreich – One Health SURVector

Anna-Margarita Schötta^a, Julia Reichl^a, Karin Bakran-Lebl^a, Barbara Seebacher^a, Georg G. Duscher^b, Lisa Winkelmayr^b, Annette Nigsch^c, Mateusz Markowicz^a

^a Abteilung für Vector-Borne Diseases, Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien, AGES, Österreich

^b Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

^c Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Innsbruck, AGES, Österreich

Zecken sind Überträger einer Vielzahl an Pathogenen. Die häufigste Vektoren-assoziierte Krankheit in Europa ist die Lyme-Borreliose, deren Erreger von heimischen Schildzecken übertragen werden.

Zusätzlich zu endemischen Zecken werden auch immer öfter eingeschleppte Zecken der Gattung *Hyalomma* gefunden, welche das gefährliche Krim-Kongo-Fieber Virus oder *Rickettsien* übertragen können.

Das Zeckenmonitoring der AGES wurde dieses Jahr im Zuge des Projektes OH SURVector (EU Projekt Nr. #101132974) gestartet. Ziel ist es, Zecken aus möglichst vielen verschiedenen Regionen in Österreich zu identifizieren, um festzustellen, wo welche Vektoren vorkommen und einen Teil der Zecken auf die oben genannten Krankheitserreger zu testen. Wesentlich beteiligt sind hierbei sogenannte Citizen Scientists, welche gefundene Zecken bei AGES-Standorten abgeben können.

Mit Stand 2.8.2024 wurden 915 Zecken aus 25 von 35 NUTS3 Einheiten Österreichs erhalten und 853 Zecken auf Pathogene analysiert. Die Mehrheit der Zecken gehörte dem Genus *Ixodes* an (91.9%) von welchen 24,5% Borrelien enthielten. Der Rest entfiel auf *Dermacentor* spp. (5.2%), *Haemaphysalis* spp. (2.0%), *H. marginatum* (0.8%) und eine Lederzecke der Spezies *A. reflexus*.

Habitats-Veränderungen (z.B. durch Klimawandel, Landwirtschaft, etc.) beeinflussen stark, wo bestimmte Vektoren und ihre assoziierten Krankheitserreger vorkommen können, weshalb eine kontinuierliche Überwachung im Zuge des One-Health-Ansatzes von großer Bedeutung ist.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: anna-margarita.schoetta@ages.at

Epidemiological impact of Farm Management Practices on Tick Infestation in Punjab's Livestock

Muhammad Husnain Ali Alvi^a, Abdul Rehman^b, Tariq Jamil^c, Aman Ullah Khan^d, Muhammad Zahid Iqbal^e, Aneela Zameer Durrani^e, Carola Sauter-Louis^a, Franz J. Conraths^a

^a Institute of Epidemiology, Friedrich-Loeffler-Institut, Insel Riems-Greifswald – Insel Riems, Germany

^b Department of Epidemiology and Public Health, University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore, Pakistan

^c Institute of Bacterial Infections and Zoonoses, Friedrich-Loeffler-Institut, Jena, Germany

^d Section of Microbiology, Department of Pathobiology, College of Veterinary and Animal Sciences, Sub-Campus University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore, Pakistan

^e Department of Veterinary Medicine, University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore, Pakistan

Livestock plays a significant role in Pakistan's economy. Ectoparasites e.g. ticks, fleas, mosquitoes and flies etc. transmit various bacterial, viral and protozoal pathogens in livestock and humans. This survey aimed to assess the relationship between various farm management practices and tick prevalence in livestock of four districts in Punjab: Lahore, Kasur, Chakwal, and Bahawalpur. Thus, a total of 96 farms were surveyed, each rearing cattle, buffaloes, goats, and sheep, between October 2021 to January 2022. High tick infestation was found in 85.4% of farms, with Bahawalpur showing a 100% infestation rate. Univariable analysis identified quarantine, type of animal sheds, farm bedding, drainage system efficiency, frequency of veterinary visits, seasonal tick occurrence, and tick treatment methods as significant factors for tick infestation. A logistic regression model identified farm bedding, quarantine areas, and the total number of animals as significant risk factors. In this scenario, longitudinal studies to understand the dynamics of tick infestation and disease transmission, identification of tick populations, the impact of climate change on tick infestation, and development of integrated tick management strategies that incorporate multiple control methods were deemed crucial. Effective tick management practices, including the use of hard bedding materials, establishment of quarantine areas, and adherence to quarantine protocols, can reduce the risk of tick

infestation. Education and awareness raising programs, as well as coordinated efforts by the livestock and public health departments, are necessary to implement tick control strategies and prevent zoonotic transmission.

Keywords: Epidemiology; Ruminants; Tick infestation; Farm management; Tick control; Pakistan

Korrespondenzadresse:

E-Mail:<mailto:husnain.alvi@fli.de>

Lyssavirus surveillance in bats in Austria 2006-2023

Zoltán Bagó^a, Sandra Revilla-Fernández^a, Boris Hartmann^a, Susanne Richter^a

^a Institute for Veterinary Disease Control Mödling, AGES, Austria

Bat monitoring in Austria has been carried out continuously since 2006. Because all European bats are classed as protected species, only passive monitoring can be carried out and the networking between bat protection organisations and diagnostic institutes plays a major role here. Between 2006 and 2023, around 1,818 bats have been analysed at the Austrian Rabies Reference Laboratory (NRL). The first (and so far only) positive case detected in autumn 2023.

It was an adult male serotine bat (*Eptesicus serotinus*), which was found in the summer, weakened and lying on the ground next to a horse stable in Lower Austria. The animal was taken to a rescue centre, where trauma was suspected as the animal showed signs of paralysis in the hind limb area. The animal died a few days later and was sent frozen to the NRL in Mödling.

The animal carcass was in a relatively good condition and showed no relevant gross morphological and histological alterations. Fluorescence antibody test (FAT) of the brain revealed clear positive results. Subsequent analyses (pan-lyssavirus-RT-qPCR, EBLV-1-RT-qPCR, classical PCR and whole genome sequencing, and virus isolation in cell culture) confirmed the first case of European Bat Lyssavirus-1 (EBLV-1) in Austria. EBLV-1 is the most common bat lyssavirus in Europe and serotine bats are the mostly involved species.

Further immunohistochemical analyses, using the ABC-method showed clear positivity in neurons, in vegetative ganglion cells and in some dermal cells, probably mechanoreceptor cells, around the hair follicles. Numerous rhabdovirus particles were detected by electron microscopy in the infected cells of the cell culture.

The discovery of the first positive case in Austria was only a question of time. The more animals that are examined as part of passive surveillance, the higher the chance of detecting further cases. Therefore, a wide area surveillance is necessary. In this regard, communication with the responsible rescue centres, the competent authorities and also with the public should be intensified. However, the focus must always be on the fact that bats are a legally protected species.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: zoltan.bago@ages.at

Risikofaktoren für die BHV-1 Einschleppung in Deutschland

Jörn Gethmann^a, Patricia König^b, Martin Beer^b, Carola Sauter-Louis^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

Einleitung: Seit dem 06.06.2017 ist ganz Deutschland gemäß Artikel 10 der Richtlinie (64/432/EWG) als frei von der Infektion mit BHV-1 anerkannt worden. Dennoch sind seitdem 59 Ausbrüche und 107 Verdachtsmeldungen im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) gemeldet worden.

Ziel dieser Studie ist es, bei Primärausbrüchen Risikofaktoren für die Einschleppung zu identifizieren und zu quantifizieren.

Methoden: In der Studie werden Daten aus verschiedenen Datenquellen miteinander verknüpft. Mit Hilfe eines Regressionsmodells wurden verschiedene Risikofaktoren, wie der Zukauf von Tieren aus EU-Mitgliedsstaaten, die Betriebsgröße und die Verweildauer von Rindern auf dem Bestand analysiert.

Ergebnis: Betriebe, die Tiere aus MS zukaufen, die nicht den Status „frei von BHV-1“ haben, weisen eine 15mal so hohe Chance auf, sich BHV1 einzuschleppen, als Betriebe, die keine Tiere aus diesen Regionen zukaufen. Auch die Betriebsgröße ist ein Risikofaktor, während die Verweildauer von Rindern ein protektiver Faktor ist.

Diskussion: Trotz der Auflagen beim Handel mit Rindern aus MS, die nicht „frei von BHV-1“ sind, zeigen die Analysen, dass diese Zukäufe ein Risiko darstellen. Deshalb sollten Betriebe, die Tiere aus diesen Regionen zukaufen sich des Risikos bewusst sein und eventuell zusätzliche Biosicherheitsmaßnahmen einführen, um eine Einschleppung zu verhindern. Relativ deutlich zeigt sich, dass eine höhere Verweildauer von Rindern in einem Betrieb das Risiko für eine BHV-1 Einschleppung reduziert.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: joern.gethmann@fli.de

Epidemiologische Ausbruchsuntersuchung und Vollgenomanalyse von *Salmonella* Dublin Infektionen beim Rind in Bayern im Zeitraum von 2017 bis 2021

Corinna Klose^a, Nelly Scuda^a, Tobias Ziegler^a, David Eisenberger^a, Matthias Hanczaruk^b, Julia M. Riehm^b

^a Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL), Erlangen, Deutschland

^b Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL), Oberschleißheim, Deutschland

In Südbayern wurden zwischen 2017 und 2021 54 *Salmonella* Dublin Ausbrüche in Tierbeständen nachgewiesen. Meist handelte es sich um Rinderbestände, allerdings waren auch zwei Schweinebestände betroffen sowie zwei Bestände anderer Boviden. Die Analyse der Daten aus der Vollgenomsequenzierung von 88 *Salmonella* Dublin Isolaten ergab 7 Cluster mit 3 unterschiedlichen MLST Sequenztypen und 16 cgMLST Komplextypen. Zudem zeigten alle über den Zeitraum von fünf Jahren untersuchten Stämme weder phänotypisch noch genotypisch Tendenzen zu antimikrobieller Resistenz.

Durch die Ergebnisse der Verwandtschaftsanalyse von drei Isolaten von Rindern unterschiedlicher Herkunft konnte im Anschluss epidemiologisch nachvollzogen werden, dass sich alle drei Tiere in kurzem Zeitabstand auf derselben Alm infiziert hatten. Mit Hilfe von epidemiologischen Untersuchungen konnten Almweiden als wahrscheinlicher Übertragungsort von *Salmonella* Dublin identifiziert werden. Oberbayern stellt hierbei ein Endemiegebiet dar.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: nelly.scuda@lgl.bayern.de

Exploring the impact of B cell responses on influenza virus epidemiology in pigs - A rule-based simulation model

Hannes Bergmann^a, Sumara Baig^a, Carola Sauter-Louis^a, Jana Schulz^a

^a Friedrich-Loeffler-Institut – Federal Research Institute for Animal Health, Institute of Epidemiology, Greifswald – Insel Riems, Germany

Influenza viruses adopt mutations as they circulate through an increasingly immune and genetically diverse pig population to maintain transmission. During infection, B cells respond to virus exposure by differentiating into effector cell subsets that are capable of generating virus-specific antibodies. The interaction between B cells and viral transmission defines the biological properties of circulating viral strains in the field. It is unknown how B cell responses in individual hosts are linked with dynamics of viral strain diversity and the resulting immunity in the host population.

Here we develop a rule-based simulation model to investigate how B cell responses to influenza virus infection in individual hosts shape viral strain evolution in pig populations. We implement one sub-model, that describes B cell differentiation processes within the individual pig in response to viral infection, including antibody-mediated virus neutralisation, viral replication and concordant B cell responses. Another sub-model handles the transmission of viral strains from one pig to the next. In combination, these models allow us to study the effects of B cell differentiation processes on viral transmission by tracking the development of immunity and virus strain phylogeny.

This work provides fundamental insights into the role of B cell development for the sustainable health of populations exposed to threats by highly variable pathogens, such as influenza virus.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: hannes.bergmann@fli.de

Identifikation verhaltensbedingter Ursachen für Ausbrüche der aviären Influenza in niedersächsischen Geflügelbeständen

Janet Held^a, Carola Sauter-Louis^a, Ursula Gerdes^b, Katja Schulz^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Niedersächsische Tierseuchenkasse, Hannover, Deutschland

Die hochpathogene aviäre Influenza (HPAI) ist inzwischen endemisch in Deutschland. Trotz ähnlicher Eintragsrisiken sind nicht alle Betriebe gleichermaßen betroffen. Viele Studien beschreiben Risikofaktoren bzgl. erhöhter Eintrittswahrscheinlichkeiten und Aspekte der Biosicherheit, aber nur wenige die zugrundeliegenden Entscheidungsmechanismen der Landwirte. Das vorgestellte Projekt besteht aus 2 Phasen. In Phase 1 wird eine Fall-Kontrollstudie durchgeführt. Mittels „KAP“-Fragebogen werden in 20 seit 2016 mehrfach von HPAI betroffenen und 40 nicht betroffenen Geflügelbetrieben Wissen, Einstellung und Durchführung bzgl. Biosicherheit des Betriebsleiters und eines Mitarbeiters erfasst. Zudem werden vorhandene Biosicherheitsmaßnahmen mittels Checkliste evaluiert. Die Daten werden semi-quantitativ ausgewertet. Auch Zusammenhänge zwischen den beurteilten Biosicherheitsmaßnahmen und den Antworten des Fragebogens werden untersucht. In Phase 2 wird in einer Querschnittsstudie das „Health belief model“ genutzt, um das Verhalten der Landwirte bzgl. der Umsetzung von Biosicherheit umfassender und überregional zu verstehen. Dies beinhaltet die Bewertung der empfundenen Gefahr durch HPAI, der eigenen Anfälligkeit, der Effektivität von Maßnahmen, Hinderungsgründe und Motivatoren. Anhand der Ergebnisse sollen Hinderungsgründe gegen eine effektive Umsetzung der Biosicherheit erkannt, Ansatzpunkte zur Beseitigung geschaffen und Geflügelbetriebe langfristig vor einem HPAI-Eintrag geschützt werden.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Janet.Held@fli.de

Welche Biosicherheits- und Hygienemaßnahmen werden in der praktischen Schweinehaltung umgesetzt? – Ergebnisse einer Onlineumfrage unter deutschen Schweinehaltern und Schweinehalterinnen

Natalie Wischnewski^{a,b} , Eva Zeiler^b, Carola Sauter-Louis^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Fakultät für nachhaltige Agrar- und Energiesysteme, Hochschule Weihenstephan-Triesdorf, Freising, Deutschland

Die Tierseuchenlage in Deutschland bleibt vor allem durch das aktuelle Ausbruchsgeschehen der Afrikanischen Schweinepest weiterhin angespannt. Der Eintrag einer anzeigepflichtigen Tierseuche in den Betrieb kann nicht nur enorme wirtschaftliche Schäden nach sich ziehen, sondern ist auch aus Sicht des Tierwohls und der Tiergesundheit kritisch zu beurteilen. Da es in Deutschland derzeit weder einen zugelassenen Impfstoff noch eine Therapie erlaubt ist, ist ein gut durchdachtes Biosicherheitskonzept Grundvoraussetzung für die Erhaltung der Tiergesundheit im Betrieb. Im Zuge dessen beschäftigt sich das ÖTiKlis-Projekt mit verschiedenen Haltungsformen von Schweinebetrieben unter dem Aspekt der Tiergesundheit und der Vorsorge im Seuchenfall. Grundvoraussetzung für ein hohes Maß an Tiergesundheit stellt ein gut durchdachtes Biosicherheits- und Hygienekonzept dar. In diesem Kontext wird zur Darstellung des aktuellen Biosicherheitsstatuts in der deutschen Schweinehaltung eine anonyme Onlineumfrage durchgeführt. Ziel ist es, Hygiene- und Biosicherheitsmaßnahmen zu ermitteln, welche auf den Betrieben bereits konsequent umgesetzt werden und wo etwaiges Verbesserungspotenzial bzw. Handlungsbedarf besteht. Durch die Umfrage unter deutschen Schweinehaltern und Schweinehalterinnen sollen Lücken in den Biosicherheitskonzepten und im Hygienemanagement aufgedeckt und passende Maßnahmen zur Schließung dieser Defizite erarbeitet werden.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: natalie.wischnewski@fli.de

Biosicherheit: Betreten und Verlassen eines Betriebes, in dem eine anzeigepflichtige Tierseuche vermutet wird oder nachgewiesen wurde

Wendy Shell^{a*}, Susanne Koethe^b

^a Biosicherheit und Referenzlabor Koordination, Institut für veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

^b Virologie, Institut für veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

* präsentiert von [Elena-Lucia Sassu](#)^a

Von der EuFMD erstellte Videoanleitungen für die biosicherheitskonformen Verfahren zum Betreten und Verlassen eines Betriebes mit Verdacht auf oder einem bestätigten Fall des Maul- und Klauenseuche Virus sind auf YouTube verfügbar. Dieses Video und zuvor veröffentlichte Fotos dienten als Grundlage für die von der AGES herausgegebenen Leitfäden für Tierärzte. Allerdings berücksichtigen die Verfahren nicht die erforderliche persönliche Schutzausrüstung (PSA) und Verfahren beim Betreten eines Betriebs, in dem eine zoonotische Krankheit vermutet oder bestätigt wird. Das EuFMD-Verfahren basiert auch auf der Verwendung von wiederverwendbaren wasserdichten Regenanzügen und spiegelt nicht die aktuelle Verwendung von Einweg-PSA wider, die getestet und zertifiziert ist. Um aktuelle und relevante Leitlinien bereitzustellen, hat AGES ein Video produziert, das auf YouTube in Deutsch und Englisch verfügbar ist und Best-Practice-Verfahren zum Betreten und Verlassen eines verdächtigen oder positiven Betriebs demonstriert. Das im Video beschriebene Verfahren mit unterstützendem Leitfaden und Checkliste stellt sicher, dass Einzelpersonen vor Zoonose-Erregern geschützt sind, und verhindert, dass der Krankheitserreger aus dem Betrieb austritt.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: wendy.shell@ages.at

Tierseuchenradar Österreich – Das Wichtigste auf dem Schirm

Christopher Prigge^a, Elena-Lucia Sassu^a, Krisztina Herz^a, Ian Kopacka^b, Romana Steinparzer^a, Friedrich Schmoll^a

^a Biosicherheit und Referenzlaborkoordination, Institut für veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, AGES, Österreich

^b Statistik und analytische Epidemiologie, Fachbereich integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, AGES, Graz, Österreich

Mit dem Tierseuchenradar veröffentlicht die AGES seit drei Jahren monatlich einen kompakten Überblick über die Situation der wichtigsten Tierseuchen in Europa. Durch die regelmäßige Auswertung verschiedener Informations- und Datenquellen (ADIS, ECDC, TSIS, EURL Avian Flu Data Portal, Euro Bird Portal, etc.) beobachten die Expert:innen der AGES die Entwicklung von Seuchengeschehen. Dargestellte Karten, Grafiken und Tabellen des Monatsberichts werden durch fundierte Hintergrundinformationen in den notwendigen Kontext gestellt und das jeweilige Risiko einer Einschleppung nach oder der Weiterverbreitung in Österreich bewertet. Mögliche Risiken können dadurch frühzeitig erkannt und kommuniziert werden. Für einen schnellen Überblick sind jedem Bericht „Radar Cards“ vorangestellt, die das Wichtigste in kompakter grafischer Form (Ausbruchszahlen, Trends, Risikoeinschätzung) enthalten. Der Tierseuchenradar ist sowohl für Desktop-Anwendungen als auch für mobile Endgeräte optimiert. Auf dem Poster soll der Tierseuchenradar vorgestellt und Hintergründe zur Erstellung veranschaulicht werden.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Christopher.Prigge@ages.at

ASP-Kadaversuche in Baden-Württemberg

Christina Jehle^a, Jürgen Schart^a

^a TCRH Training Center Retten und Helfen GmbH, ASP-Kadaversuche Projekt,
Mosbach, Deutschland

Bei einem Ausbruch der Afrikanischen Schweinepest ist die Suche nach verendeten Wildschweinen durch die hohe Virenlast in den Kadavern wichtiger Bestandteil der Tierseuchenbekämpfung. Um die Seuchenverbreitung einzuschränken, müssen die Kadaver gefunden und beseitigt werden. Dabei haben sich speziell ausgebildete Mensch-Hund- und Drohnenteams bewährt. Herausfordernd ist die Planung, Koordination und Dokumentation der Einsatzressourcen für die erforderliche Flächen- und Dauerleistung in der spezifischen sowie regelmäßigen Fallwildsuche.

Das TCRH Training Center Retten und Helfen wurde 2021 vom Ministerium Ländlicher Raum, Ernährung und Verbraucherschutz Baden-Württemberg mit der Ausbildung und Bereitstellung der Kadaversuchteams beauftragt. Fachliche Träger sind der Jagdgebrauchshundverband e.V. und der BRH Bundesverband Rettungshunde e.V. Inzwischen wurden 200 Mensch-Hund-Teams, 70 Drohnenteams und viele weitere Einsatzkräfte zur Kadaversuche ausgebildet. Auch wird eine Fachberatungs- und Führungsorganisation mit entsprechenden Einsatzmitteln bereitgestellt.

Viele dieser Teams sind seit dem ASP-Ausbruch im Juni 2024 in Hessen im Auftrag des hessischen Umweltministeriums im Einsatz. Ergänzend dazu ist das TCRH mit seinen Fachberatern im ASP-Krisenstab mit der Organisation, Planung und Abwicklung des gesamten Stabsbereichs „Suche“ beauftragt. Diese umfassende Leistung für Behörden im ASP-Seuchenfall ist bisher in Deutschland einmalig.

Weitere Informationen unter asp.tcrh.de.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: c.jehle@tcrh.de; asp@tcrh.de

Übergreifende Auswertung von Daten zur Tiergesundheit und Haltung im Bereich der Mastputenhaltung

Betty Rehberg^a, Sabrina Heß^b, Thomas May^b, Lothar Kreienbrock^a

^a Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, Stiftung
Tierärztliche Hochschule, Hannover

^b QS Qualität und Sicherheit GmbH, Bonn

Tierwohl und Tiergesundheit Lebensmittel liefernder Tiere rücken zunehmend in den Fokus der Gesellschaft. Um die Tiergesundheit weiter voranzutreiben, fordert die Bundestierärztekammer die Etablierung einer zentralen Tiergesundheitsdatenbank (Bundestierärztekammer, 2017).

Gesundheitsdaten werden bereits in unterschiedlichen gesetzlichen und privatwirtschaftlichen Monitoringprogrammen separat erfasst.

In diesem Projekt wurden im Rahmen einer Sekundärdatennutzung die Tiergesundheits- und Haltungsdaten der Mastputen haltenden Mitgliedbetriebe von QS aus separaten Monitoringprogrammen verknüpft, harmonisiert und übergreifend ausgewertet, um die Relevanz möglicher Einflussfaktoren sowie zeitliche Trends der Tiergesundheit beurteilen zu können.

Hierzu wurden die Schlacht- und Mortalitätsdaten mit allgemeinen Herden- und Betriebsinformationen, Informationen über den Antibiotikaeinsatz und Daten zu Tierhaltung und Biosicherheit auf Herden-/Betriebsebene verknüpft.

Besonderes Augenmerk wurde dabei auf den Antibiotikaeinsatz, die Mortalität, die Verwurfsrate und die Fußballengesundheit gelegt.

Bundestierärztekammer, 2017. Tierärztliche Bestandsbetreuung 2.0: Garant für Tiergesundheit und Tierwohl Eine Positionsbestimmung der Ad-hoc Arbeitsgruppe Bestandsbetreuung.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: betty.rehberg@tiho-hannover.de

Antimicrobial usage in poultry farms in Zambia

Isaac Silwamba^b, John Bwalya Muma^b, Geoffrey Mainda^c, Maria Hartmann^a, Sandra Brogden^a, Lothar Kreienbrock^a

^a Institute of Biometry, Epidemiology and Information Processing, University of Veterinary Medicine Hannover, Hannover, Germany

^b University of Zambia, Department of Disease Control, School of Veterinary Medicine, Lusaka, Zambia

^c Ministry of Fisheries and Livestock, Department of Veterinary Services, Central Veterinary Research Institute, Lusaka, Zambia

Antibiotics are critically important to combat bacterial infections in humans and animals. In countries of the global South, access to antibiotics is limited and antimicrobial resistance combined with a high disease burden and restricted medical care is a major challenge. In order to obtain a more appropriate use of antibiotics in animals, detailed knowledge of antimicrobial usage is crucial. The database "VetCAB-International Documentation" (VetCAB-ID) offers a monitoring system for interested parties to determine the average of antimicrobial usage of a herd or farm.

In cooperation with the University of Zambia in Lusaka, data on antimicrobial usage together with a total of 286 epidemiological characteristics were recorded from 45 small to medium-sized fattening poultry farms in Lusaka from 2021 to 2023, using the VetCAB-ID database. A total of 175 treatments were documented with fattening periods between 42 and 56 days. Antibiotics were used for prophylaxis (54.86%), respiratory tract (23.43%) and gastrointestinal tract (21.14%) diseases, mainly from the active substance class of tetracyclines (62.7%) and sulfonamides (15.7%). The median treatment frequency (TF) across all farms and flocks was 7.0.

An initial descriptive evaluation showed similar TF compared to German poultry flocks. The evaluation of the epidemiological data provides important insights into possible risk factors within the farms that can lead to the use of antibiotics.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: sandra.brogden@tiho-hannover.de

Extended-Spectrum β -Lactamase-produzieren *Escherichia coli* in Legehennen- und Mastbetrieb

Jessica Junker^{a*}, Timo Homeier-Bachmann^a

^a AG Antimikrobielle Resistenzen, Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

* präsentiert von Judith Wedemeyer^a und Nele Lechleiter^a

Eines der größten Probleme weltweit, ist die steigende Anzahl an antimikrobiellen Resistenzen (AMR), welche Behandlungen von Infektionen komplizierter machen. Diese Resistenzen sind nicht nur in der Humanmedizin relevant, auch die Veterinärmedizin steht dabei vor Herausforderungen. Um einen Überblick über die aktuelle Situation in der Geflügelhaltung zu gewinnen, erfolgt in einer Langzeitstudie über zwei Jahre ein Prävalenzmonitoring für ESBL *E. coli*. Dieser Pathogen zeigt ein hohes zoonotisches Potential. Diese Studie soll einen Einblick in die Dynamik der Prävalenz von ESBL *E. coli* in der Geflügelhaltung bieten. Dafür wird ein Legehennenbetrieb alle zwei Wochen und ein Masthühnerbetrieb jede Woche beprobt. Für einen selektiven Nachweis werden verschiedene CHROMagarTM genutzt. Jedes Isolat wird auf ihre Antibiotika-Empfindlichkeit mittels des VITEK-2-Systems untersucht. Zusätzlich wird die Fähigkeit zur Biofilmbildung untersucht, eine Gesamtsequenzierung und anschließende Analyse durchgeführt.

ESBL *E. coli* wurde in dem Legehennenbetrieb lediglich in der 62. und 74. Lebenswoche in beiden Haltungsformen gefunden. In dem Masthühnerbetrieb wurden die ESBL *E. coli* im ersten Monat nach der Einnistung nachgewiesen. Zusammen mit den Ergebnissen der Untersuchungen werden anhand von Betriebsdaten potentielle Risikofaktoren für die Entstehung und Verbreitung von AMR ermittelt.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: jessica.junker@fli.de

AMR and Parasites at the wildlife-livestock interface

Nele Lechleiter^a, Anne Schütz^a, Judith Wedemeyer^a, Julia Sehl-Ewert^b, Timo Homeier-Bachmann^a

^a AG Antimikrobielle Resistenz, Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

^b Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

When habitats of wild animals and livestock intersect, the possibility for the transmission of pathogens arises. This can be the case when cows are kept on pastures close to natural areas, since red deer (*Cervus elaphus*) occasionally use these pastures for grazing. Even if the contact arising from this is indirect, faecal-oral transmission routes can develop.

Faecal samples from sympatric red deer and cattle will be analysed through shotgun metagenomics to investigate the parasitome and resistome, as well as potential spillover between the species. In addition to the sequencing, swabs of the sampling material will be cultivated on selective media to isolate ESBL producing *E. coli*, if present. A histopathological investigation for parasites on gastrointestinal samples from both species is performed to support the metagenomic results. The samples are taken from slaughtered cows and hunted red deer.

So far, five of the 70 red deer investigated were positive for ESBL producing *E. coli* and isolates of the strains were obtained. The use of faecal metagenomics is expected to allow for the non-invasive monitoring and investigation of antimicrobial resistances and gastrointestinal parasites in sympatric animals.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: nele.lechleiter@fli.de

AMR im Mikrobiom von Pferden

Judith Wedemeyer^a, Nele Lechleiter^a, Anne Schütz^a und Timo Homeier-Bachmann^a

^a Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Deutschland

Antimikrobielle Resistenzgene (AMRG) im Mikrobiom von Pferden sind auch aus einer One Health Perspektive relevant, da Pferde als Begleittiere oft engen Kontakt zu Menschen haben. Metagenomik spielt eine zunehmend wichtige Rolle bei der Erforschung des Mikrobioms als Reservoir für AMRG. Jedoch gibt es bisher wenige metagenomische Untersuchungen hierzu bei Pferden.

In dieser Studie wurden 12 Kotproben von Pferden aus 6 Ställen in Vorpommern gesammelt und eine Shotgun-Metagenom-Sequenzierung durchgeführt. Zudem konnten aus 2 Proben ESBL-produzierende *E. coli* isoliert werden, die mittels antimikrobieller Empfindlichkeitstests und Vollgenomsequenzierung weiter profiliert wurden.

In den Metagenomdatensätzen waren Resistenzgene der Klasse Makrolide, Lincosamide und Streptogramine am häufigsten. Daneben lag der größte Anteil bei Tetracyclinen und Sulfonamiden. Insgesamt betrug die normalisierte Abundanz aller AMRG im Durchschnitt 0,0041, was im Vergleich zu Nutztieren wie Rindern und Schweinen geringer war. Die ESBL-produzierende *E. coli* trugen ein bla_{CTX-M-15} Gen und waren phänotypisch resistent gegen Gentamicin und Trimethoprim sowie gegen Cephalosporine. Im Mikrobiom waren die dominanten Phyla Pseudomonadota, Bacteroidota, Actinomycetota und Bacillota.

Diese Ergebnisse liefern wertvolle Einblicke in die AMRG Belastung des equinen Mikrobioms und ermöglichen zudem eine Beurteilung der jeweiligen Vorteile metagenomisch und kulturell basierter Ansätze für Resistomanalysen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Judith.Wedemeyer@fli.de

Monitoring der Tierarzneimittelsicherheit – für Tier, Mensch und Umwelt

Sabine Tannert^a

^a Abteilung Tierarzneimittel/ Referat 322, Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Berlin, Deutschland

Veterinärpharmakovigilanz (PhV) ist die Überwachung der Sicherheit von Tierarzneimitteln nach der Zulassung. Sie betrachtet nicht nur auf die Zieltierart, sondern auch Anwender- und Umweltsicherheit. Nach der VO (EU) 2019/6 erfolgt dies vorrangig über das sogenannte Signalmanagement. Während ein „Signal“ in der PhV definiert ist als jegliche Information, die nahelegt, dass ein Zusammenhang zwischen einer Tierarzneimittelanwendung und einem unerwünschten Ereignis näher untersucht werden sollte, beruhen standardmäßig überprüfbare Signale auf der Berechnung der Reporting Odds Ratio (ROR) aus den Spontanmeldedaten in der Europäischen Veterinär-Pharmakovigilanzdatenbank (EVVet).

Die ROR ist das Verhältnis der Chance, dass ein bestimmtes Ereignis für ein bestimmtes Tierarzneimittel berichtet wird, gegenüber der Chance, dass dieses Ereignis für alle anderen Tierarzneimittel berichtet wird. Es kommt also nicht nur darauf an, wie häufig ein Ereignis nach Anwendung eines bestimmten Tierarzneimittels auftritt, sondern auch darauf, ob es für dieses TAM mit der gleichen Wahrscheinlichkeit berichtet wird, wie für andere.

Dieser Vortrag soll einen Überblick über das europäische Spontanmeldesystem mit Schwerpunkt auf verschiedene Formen von Bias und deren Auswirkungen auf die Risikoüberwachung geben. Ziel ist es, die Wichtigkeit eines realistischen Meldeaufkommens aufzuzeigen und ggf. Diskussionen zur Optimierung dieser Datenbasis anzuregen.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: sabine.tannert@bvl.bund.de

„Knowledge, Attitudes and Practices“ (KAP) österreichischer Tierärzt:innen in Bezug auf Antibiotika: Ergebnisse einer Online-Befragung

Clair Firth^a, Patricia Mayer^a, Klemens Fuchs^b, Tanja Tripolt^b, Annemarie Käsbohrer^a

^a Zentrum für Lebensmittelwissenschaften und öffentliches Veterinärwesen,
Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

^b Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, AGES, Graz,
Österreich

Ziel dieser Studie war es, den Wissensstand der österreichischen Tierärzt:innen über Antibiotikaeinsatz und Antibiotikaresistenzen, ihre Einstellung zu diesen Faktoren und ihre tägliche Praxis im Umgang mit Antibiotika mit Hilfe eines strukturierten Online-Fragebogens zu ermitteln.

Insgesamt haben 180 Tierärzt:innen an der Umfrage teilgenommen. Die Befragten unterteilten sich in 55,6% „Companion Animal“ Tierärzt:innen (d.h. Kleintiere und/oder Pferde), 30,6% Nutztierärzt:innen und 13,9% Tierärzt:innen, die in gemischten Praxen arbeiten. Tierärzt:innen, die in der Landwirtschaft und in gemischten Praxen tätig sind, haben in den letzten fünf Jahren weitaus häufiger an Fortbildungskursen zum Thema Antibiotika teilgenommen als diejenigen mit Kleintieren und/oder Pferden arbeiten (82,5% ggü. 54,0%). Die überwiegende Mehrheit (97,2%) der österreichischen Tierärzt:innen kannte den inoffiziellen/undefinierten Begriff "Reserveantibiotika", aber nur 63% kannten den Begriff „kritische Antibiotika“. Unklarheit herrschte auch über die korrekte Einstufung von Antibiotika. So wurde z.B. das Fluorchinolon, Marbofloxacin, von nur 31,7% der Befragten korrekt als kritisches Antibiotikum eingestuft. Darüber hinaus gab es Unterschiede in der tägliche Praxisarbeit: z.B. verwendeten 60,0% der Nutztierärzt:innen immer/regelmäßig Antibiogramme, verglichen mit 45,0% der Klein-/Pferdetierärzt:innen und nur 28,0 % der Tierärzt:innen in gemischter Praxis. Weitere Studienergebnisse werden im Rahmen des Posterpräsentation gezeigt.

Korrespondenzadresse:

E-Mail: clair.firth@vetmeduni.ac.at

The GIFTS-AMR global research agenda
Strategies & natural medicinal products to prevent and treat infections
to reduce antimicrobial resistance with the
primary focus on health promotion

Baars Erik¹⁾, Emeje Martins²⁾, Fernandez Portales Maria³⁾, Frass Michael⁴⁾, Guldass Metin⁵⁾, Girgin Ersoy Zeynep⁵⁾, Hu Xiao-Yang Mio⁶⁾, Huber Roman⁷⁾, Johnson Marion⁸⁾, Katuura Esther⁹⁾, Little Paul⁶⁾, Liu Jianping¹⁰⁾, Martin David¹¹⁾, Moore Michael⁶⁾, Nicolai Ton¹²⁾, Oppong Bekoe Emelia¹³⁾, Panhofer Peter¹⁴⁾, Prakash Bangalore Nagendrappa¹⁵⁾, Sanogo Rokia¹⁶⁾, Sørheim Kirstin¹⁷⁾, Szőke Hendrik¹⁸⁾, van der Werf Esther¹⁹⁾, Vankova Desislava²⁰⁾, van Steenberg Noortje¹⁾, Veldman Liesbeth¹⁾, van Wietmarschen Hermann²¹⁾, Weiermayer Petra⁴⁾, Willcox Merlin⁶⁾, Windsley Linda⁸⁾, Yutong Fei¹⁰⁾

¹⁾ University of Applied Sciences Leiden, The Netherlands

²⁾ National Institute for Pharmaceutical Research & Development, Nigeria

³⁾ IAVH, Switzerland

⁴⁾ WissHom, Germany

⁵⁾ Uludag University, Turkey

⁶⁾ University of Southampton, School of Primary Care, Population Sciences and Medical Education, UK

⁷⁾ University Medical Centre Freiburg, Germany

⁸⁾ Organic Research Centre, UK

⁹⁾ Makerere University, Uganda

¹⁰⁾ Centre for Evidence-Based Chinese Medicine, Beijing University of Chinese Medicine, China

¹¹⁾ University of Witten-Herdecke, Germany

¹²⁾ Eurocam, Belgium

¹³⁾ University of Ghana, School of Pharmacy, Ghana

¹⁴⁾ Private Medical University, Sigmund Freud University, Austria

¹⁵⁾ The University of Trans-Disciplinary Health Sciences & Technology, India

¹⁶⁾ University of Sciences, Techniques and Bamako Technologies (USTTB), Faculty of Pharmacy, Mali

¹⁷⁾ Norwegian Centre for Organic Agriculture, Norway

¹⁸⁾ University of Pécs, Hungary

¹⁹⁾ HRI, UK

²⁰⁾ Medical University of Varna, Bulgaria

²¹⁾ Louis Bolk Institute, The Netherlands

Aim/Objectives: To describe the global research agenda on Traditional, Complementary & Integrative Healthcare (TCIH) strategies & natural medicinal products to prevent and treat infections and reduce antimicrobial resistance (AMR) primarily focusing on health/resilience promotion. In addition, to describe the connection of this agenda to two global AMR research agendas and suggested advocacy actions.

Approach/Method: The global research agenda was developed by the GIFTS-AMR (Global Initiative for Traditional Solutions to Antimicrobial Resistance) project group, a JPIAMR 10th call funded, globally organized, growing network of TCIH and AMR/infectious diseases research institutes, researchers in both human and veterinary medicine and global/regional policymakers.

Results: Four GIFTS-AMR research themes linked to 14 research priorities, prioritized research projects for the next 10 years and contributions to two global AMR research agendas are presented in a table. <https://www.b2match.com/e/research-on-tcih-strategies/components/34631/biYz4tsQRpZA>

Conclusion: The research agenda provides the strategic basis for the GIFTS-AMR network to collaborate on research proposals and funding applications and provides information on TCIH for policymakers, researchers, healthcare professionals (organizations) and patients (organizations) at national, regional and global level. One health, complementary medicine, integrative medicine, antimicrobial resistance, resilience

Korrespondenzadresse:

E-Mail: Petra.weiermayer@vetmeduni.ac.at



GESUNDHEIT FÜR MENSCH, TIER & PFLANZE

www.ages.at

AGES – Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH,
Spargelfeldstraße 191 | 1220 Wien | FN 223056z © AGES, August 2024