

27. DACH-Epidemiologietagung

„Epidemiologie in der ökologischen Landwirtschaft“

Gemeinsame Tagung

des Forums für Epidemiologie und Tiergesundheit Schweiz
der DVG-Fachgruppe „Epidemiologie und Dokumentation“
Institut für Öffentliches Veterinärwesen der Vetmeduni Wien

in Verbindung mit
der Vetsuisse Fakultät der Universität Bern

1. bis 3. September 2021

Tagungsort:

Universität Bern
Vetsuisse-Fakultät
Länggassstrasse 120
3012 Bern

<https://www.vetsuisse.unibe.ch/>

Wissenschaftliche Tagungsleitung:

Ass. Prof. Salome Dürr,
Prof. Gertraud Schüpbach
Veterinary Public Health Institut

Veranstalter:

Veterinary Public Health Institut
Schwarzenburgstr. 161
CH-3097 Bern-Liebefeld

Fortbildungshinweis 2021

Folgende Stunden werden ATF-anerkannt:

Workshop 1: 4 Stunden

Workshop 2: 4 Stunden

Tagung Mittwoch bis Freitag:

12 Stunden (davon 3 zur anerkannte Fortbildungsstunden nach §7 SchHaltHygV)
(aufgeschlüsselt: Mi: 4 (1), Do 5 (1), Freitag 3 (1))

Auf Grund der Programmänderung sind geringfügige Änderungen möglich.

Inhaltsverzeichnis

1	Programm der Tagung	6
2	Wissenschaftliches Komitee	10
3	Vorträge	11
	Mittwoch, 01.09.2021	11
3.1	Epidemiologie und Sozialwissenschaften	11
3.1.1	Kommunikation und Partizipation in der Tierarztpraxis im digitalen Zeitalter	11
3.1.2	„Es ist einfach Gesetz.“ – Wie entscheiden Landwirte über Schutzmaßnahmen gegen die ASP?	13
3.1.3	Participatory risk mapping of African swine fever in Europe.....	14
3.1.4	Ökonomische Evaluation des Eradikationsprogramms für Staphylococcus aureus Genotyp B in Milchviehbetrieben im Kanton Tessin, Schweiz.....	15
	Donnerstag, 02.09.2021	16
3.1.5	Fragebogen versus partizipative Methoden - same same oder doch ganz anders?.....	16
3.1.6	Twitter as a Mirror of Animal Breeders Protest in Poland in October 2020	17
3.2	Nutzung grosser Datensätze	18
3.2.1	Smart Animal Health – Gesundheitsindikatoren für Nutztiere	18
3.2.2	Sekundäre Nutzung von Daten – ein Beispiel aus der Schweizer Schweine-Branche	19
3.2.3	Harmonisierung heterogener Datenstrukturen am Beispiel Surveillance von Antibiotikaresistenzen	20
3.3	Modellierung und Netzwerke	21
3.3.1	Unravelling the complexity of Swiss pig trade to improve infectious disease surveillance and early detection: a network analysis	21
3.3.2	Epidemiologische und wirtschaftliche Auswirkung von Maßnahmen zur Bekämpfung von Maul- und Klauenseuche sowie Ressourcenschätzung in der Krisenplanung	22
3.3.3	Modell-basierte Begleitung der ASP-Bekämpfung im Wildschwein in Sachsen - Verständnissgewinn durch Gleichzeitigkeit	24
3.4	Epidemiologie bei Wildtieren	25
3.4.1	Optimierung der Früherkennung der ASP beim Wildschwein	25
3.4.2	Computer-Vision zur Detektion von Aktivität und Körperhaltung von Rotfüchsen (Vulpes vulpes).....	26
3.4.3	Flüchtige Kontaktnetzwerke erklären widersprüchliche Virusprävalenzwerte in Wildbienen	27
3.5	Risikobewertung	28
3.5.1	Neues quantitatives Risikobewertungsmodell für Campylobacter in Masthähnchen	28
	Freitag, 03.09.2021	29

3.6	Schweinekrankheiten	29
3.6.1	Resultate des Pilotprojets «ZoE-BTA» zur Förderung der Bestandsdiagnostik im Schweinebetrieb.....	29
3.6.2	Retrospektive Betrachtung der Wirksamkeit von „White Zones“ bei der Bekämpfung der ASP - Ursachen für Erfolg und Misserfolg	31
3.6.3	African Swine Fever and the role of serological positive wild boar in Estonia – epidemiological considerations	32
3.7	Diverse Themen	33
3.7.1	Veränderung braucht Problembewusstsein – Tierhalter:innen unterschätzen die Prävalenz ihrer lahmen Kühe.....	33
3.7.2	Klimaorientierte Projektion von One-Health Risiken – Was ist belastbar?	34
3.7.3	An inventory of zoonotic and food borne disease surveillance system: Expanding the One Health Knowledge Base.....	35
3.7.4	10 Jahre BVD-Bekämpfung in Deutschland	36
4	Poster	37
4.1.1	Ein iterativer frequentistischer Ansatz der latenten Klassenanalyse für die Evaluation bedingt abhängiger diagnostischer Tests	37
4.1.2	Rücklagenberechnung einer Tierseuchenkasse – Gedanken und mögliche Lösungen	38
4.1.3	Antibiotikaeinsatz in der Klinik für Kleintiere der Tierärztlichen Hochschule Hannover in den Jahren 2017 und 2018	39
4.1.4	„Spezielle“ Antibiotika bei Schweinen in Deutschland – eine longitudinale Analyse unter Berücksichtigung verschiedener internationaler Klassifikationen	40
4.1.5	Afrikanische Schweinepest: Ist die aktuelle Lage in Deutschland tatsächlich mit Tschechien oder Belgien vergleichbar?	41
4.1.6	Hunting for Answers: A Participatory Approach on Measures against African swine fever in Wild Boar in Estonia.....	42
4.1.7	Biosicherheit als Schutz vor der ASP – Wie gut sind wir vorbereitet?	43
4.1.8	Innerherdenprävalenz-Grenzwert für die Detektion von Mycobacterium avium ssp. paratuberculosis -positiven Milchviehherden mittels Antikörpernachweis in gepoolten Milchproben- eine Feldstudie	44
4.1.9	Sieben Jahre ASP im Baltikum – was bisher geschah.	45
4.1.10	Konzept eines aktiven Surveillance-Systems für Q-Fieber bei kleinen Wiederkäuern in Deutschland – Konflikte zwischen Best Practices und Machbarkeit.....	46
4.1.11	Einflussfaktoren auf den Stundenlohn von Tierärzt*innen in Deutschland.....	47
4.1.12	Shiny apps – Neue Möglichkeiten für die Epidemiologie.....	48
4.1.13	Nutzen der Integrierten Tierärztlichen Bestandsbetreuung (ITB) in deutschen Milchviehbetrieben	49
4.1.14	Statistical Learning and inductive reasoning for the identification of risk factors.....	50
4.1.15	KAbMon – Monitoring zum Antibiotikaeinsatz bei Kälbern verschiedener Aufzucht- und Haltungsformen in Deutschland.....	51
4.1.16	Phänotypische Resistenzsituation von E. coli in kälberhaltenden Betrieben in Deutschland	52
4.1.17	Automatisierte Verarbeitung von Precision Livestock Farming Daten am Beispiel von Aktivitätsdaten zur Brunsterkennung bei Milchkühen.	54
4.1.18	Systematic identification of potential risk factors for African swine fever – Conventional	

literature review versus text mining.....	55
4.1.19 BVD-Situation auf Betrieben mit hohen serologischen Werten in der Tankmilch—Einzeltiere haben einen grösseren Einfluss als bisher bekannt	56
4.1.20 New browser-based Tool for quantitative risk assessment	57
4.1.21 Modellierung der Ausbreitung des Westnilvirus in Deutschland.....	58
4.1.22 Erkennen, bewerten, verbessern? - Vergleich der Systeme des Öffentlichen Veterinärwesens und des Öffentlichen Gesundheitswesens im Umgang mit epidemisch bedeutsamen Lagen	59
4.1.23 Lameness detection in dairy cows by logistic regression model with mixed effects based on accelerometer data from six farms in Germany.....	60
4.1.24 Antibiotikaeinsatz in Mastkälberhaltungen in Deutschland.....	61
4.1.25 Ist das Alter ein Risikofaktor für eine Infektion mit dem Bovinen Herpesvirus Typ-1 (BoHV-1)?	62
4.1.26 Mögliche Anwendung eines Machine-Learning-Algorithmus zur Klassifizierung von Schweizer Rinderbetrieben.....	63
4.1.27 Molekular epidemiologische Begutachtung der Variantenverbreitung von <i>A. phagocytophilum</i> in verschiedenen Wirtsspezies in Deutschland und anderen Teilen Europas.....	64
4.1.28 Antibiotikaverbrauch im Zusammenhang mit einem regionalen <i>Staphylococcus aureus</i> Genotyp B Sanierungsprojekt im Kanton Tessin, Schweiz.....	65
4.1.29 Network analysis of free-range egg laying hens movements obtained using RFID sensors	66
4.1.30 Systematic or Scoping review? Example of the Photoactivated Chromophore for keratitis-Corneal Cross-linking (PACK-CXL) studies.....	67
4.1.31 Main risk factors for severe outcomes for COVID-19 patients hospitalized in Switzerland between February to August 2020.....	68
4.1.32 Measuring the importance of pig transport data interpretation in simulated African swine fever outbreaks in Switzerland.....	70
4.1.33 Bridging the sectors towards "0 by 30": A tool for One Health collaboration in rabies prevention, control and elimination	71

1 Programm der Tagung

1.1.1 Mittwoch, 01.09.2021

11:00 – 13:00	Registration
13:30 – 15:20	Aufhängen der Poster

08:45 – 12:00	WORKSHOP 1: Reproduzierbarkeit der Analyse von Daten
08:45 – 12:00	WORKSHOP 2: Transdisziplinarität und Kommunikation
Mittagspause	
13:30 – 13:50	Begrüssung: Gertraud Schüpbach (VPHI, Bern) und Hans Wyss (BLV, Bern)
KEYNOTE LECTURE; Chair: Gertraud Schüpbach	
13:50 – 14:40	Kathrin Heitz-Tokpa (Centre Suisse de Recherches Scientifiques en Côte d'Ivoire) Beitrag der Ethnologie zu Fragen der Veterinärepidemiologie
Epidemiologie und Sozialwissenschaften; Chair: Gertraud Schüpbach	
14:40 – 15:00	Merle, Roswitha (FU, Berlin) Kommunikation und Partizipation in der Tierarztpraxis im digitalen Zeitalter
15:00 – 15:50	Postervorstellung I
Kaffeepause	
Epidemiologie und Sozialwissenschaften; Chair: Friedrich Schmoll	
16:20 – 16:40	Klein, Leonie (TIHO, Hannover) ♀ „Es ist einfach Gesetz.“ – Wie entscheiden Landwirte über Schutzmaßnahmen gegen die ASP?
16:40 – 17:00	Hannes Bergmann (FLI, Greifswald) Participatory risk mapping of African swine fever in Europe
17:00 – 17:20	Pont, Julie (VPHI, Bern) ♀ Ökonomische Evaluation des Eradikationsprogramms für Staphylococcus aureus Genotyp B in Milchviehbetrieben im Kanton Tessin, Schweiz

Donnerstag, 02.09.2021

Epidemiologie und Sozialwissenschaften (kont.)	
08:40 – 09:00	Schulz, Katja (FLI, Greifswald) Fragebogen versus partizipative Methoden - same same oder doch ganz anders?
09:00 – 09:20	Jarynowski, Andrzej (FU, Berlin)  Twitter as a Mirror of Animal Breeders Protest in Poland in October 2020
Nutzung grosser Datensätze	
09:20 – 09:40	Thomann, Beat (VPHI, Bern) Smart Animal Health – Gesundheitsindikatoren für Nutztiere
09:40 – 10:00	Friker, Brian (VPHI, Bern)  Sekundäre Nutzung von Daten – ein Beispiel aus der Schweizer Schweine-Branche
10:00 – 10:20	Bleischwitz, Sinja (TIHO, Hannover)  Harmonisierung heterogener Datenstrukturen am Beispiel Surveillance von Antibiotikaresistenzen
Kaffeepause	
Modellierung und Netzwerke	
10:50 – 11:10	Perrit-Gentil, Saskia (VPHI, Bern)  Unravelling the complexity of Swiss pig trade to improve infectious disease surveillance and early detection: a network analysis
11:10 – 11:30	Marschik, Tatiana (Vetmeduni, Wien)  Epidemiologische und wirtschaftliche Auswirkung von Maßnahmen zur Bekämpfung von Maul- und Klauenseuche sowie Ressourcenschätzung in der Krisenplanung
11:30 – 11:50	Jeuk, Jakob (UFZ, Leipzig)  Modell-basierte Begleitung der ASP-Bekämpfung im Wildschwein in Sachsen - Verständnissgewinn durch Gleichzeitigkeit
Mittagspause	
Epidemiologie bei Wildtieren	
13:30 – 13:50	Rogoll, Lisa (FLI, Greifswald)  : Optimierung der Früherkennung der ASP beim Wildschwein
13:50 – 14:10	Schütz, Anne (FLI, Greifswald)  Computer-Vision zur Detektion von Aktivität und Körperhaltung von Rotfüchsen (<i>Vulpes vulpes</i>)
14:10 – 14:30	Reichold, Adam (UFZ, Leipzig) Flüchtige Kontaktnetzwerke erklären widersprüchliche Virusprävalenzwerte in Wildbienen

Risikobewertung	
14:30 – 14:50	Ben Romdhane, Racem (FU, Berlin) * Neues quantitatives Risikobewertungsmodell für Campylobacter in Masthähnchen
14:50 – 15:40	Postervorstellung II
Kaffeepause	
16:10 – 17:40	Mitgliederversammlung der DVG-Fachgruppe „Epidemiologie und Dokumentation“
ca. 18:00 – 19:30	Ralley Tierpark Dählhölzli
19:30 – 23:00	Konferenzdinner

Freitag, 03.09.2021

KEYNOTE LECTURE	
09:00 – 09:50	Griot, Christian (Vetsuisse, Bern) Emerging Infectious Diseases: Gestern, Heute und Morgen
Schweinekrankheiten	
09:50 – 10:10	Nathues, Christina (BLV, Bern) Resultate des Pilotprojets «ZoE-BTA» zur Förderung der Bestandsdiagnostik im Schweinebetrieb
10:10 – 10:30	Lange, Martin (UFZ, Leipzig) Retrospektive Betrachtung der Wirksamkeit von „White Zones“ bei der Bekämpfung der ASP - Ursachen für Erfolg und Misserfolg
10:30– 10:50	Schulz, Jana (FLI, Greifswald) African Swine Fever and the role of serological positive wild boar in Estonia – epidemiological considerations
Kaffeepause	
Diverse Themen	
11:20 – 11:40	Jensen, Charlotte (FU, Berlin) Veränderung braucht Problembewusstsein – Tierhalter:innen unterschätzen die Prävalenz ihrer lahmen Kühe
11:40 – 12:00	Nolzen, Henning (UFZ, Leipzig) Klimaorientierte Projektion von One-Health Risiken – Was ist belastbar?
12:00 – 12:20	Dups-Bergmann, Johanna (FLI, Greifswald) An inventory of zoonotic and food borne disease surveillance system: Expanding the One Health Knowledge Base
12:20 – 12:40	Gethmann, Jörn (FLI, Greifswald) 10 Jahre BVD-Bekämpfung in Deutschland

12:40 – 12:50	Schlusswort der Tagung und Verabschiedung Salome Dürr (VPHI, Bern) und Roswitha Merle (FU, Berlin)
---------------	---

🎤 Bewerber*innen um den Nachwuchspreis

2 Wissenschaftliches Komitee

Vorsitz: Gertraud Schüpbach, Bern (CH)

Katharina Brugger, Wien (AT)

Franz Conraths, Greifswald (D)

Salome Dürr, Bern (CH)

Klemens Fuchs, Graz (AT)

Daniela Hadorn, Bern (CH)

Sonja Hartnack, Zürich (CH)

Annemarie Käsbohrer, Wien (AT)

Lothar Kreienbrock, Hannover (D)

Roswitha Merle, Berlin (D)

Martin Pfeffer, Hannover (D)

Carola Sauter-Louis, Greifswald (D)

Thomas Selhorst, Berlin (D)

Katharina Stärk, Bern (CH)

Jakob Zinsstag, Basel (CH)

3 Vorträge

Mittwoch, 01.09.2021

3.1 Epidemiologie und Sozialwissenschaften

3.1.1 Kommunikation und Partizipation in der Tierarztpraxis im digitalen Zeitalter

Autoren Roswitha Merle, Alina Küper

Institutionen Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; roswitha.merle@fu-berlin.de

Einleitung

Die Beziehung zwischen Medizinern und Heilsuchenden ist eine der komplexesten zwischenmenschlichen Beziehungen überhaupt. In ihr treten sich – in der Regel mehr oder weniger unfreiwillig – einander fremde Menschen mit unterschiedlichen Weltanschauungen unter asymmetrischen Machtverhältnissen in häufig emotionalen Grenzsituationen gegenüber und werden dabei zu einer engen Zusammenarbeit gezwungen. Diese Erkenntnis lässt sich vor dem Hintergrund der wachsenden emotionalen Bindung zwischen Menschen und Haustieren in den westlichen Nationen auf die tierärztliche Versorgung übertragen.

Daher war es das Ziel der Arbeit, die im tiermedizinischen Praxisalltag vorherrschende Art der Kommunikation zwischen Tierärzten und Tierbesitzern sowie die präferierten Entscheidungsfindungsmodelle zu beschreiben. Der wahrgenommene Grad der Partizipation im Entscheidungsfindungsprozess wurde sowohl aus Sicht der Tierärzte als auch der Patientenbesitzer erfasst, um eine vergleichende Auswertung zu ermöglichen.

Material und Methoden

In den Jahren 2016/2017 wurden nacheinander jeweils eine Umfrage unter Tierbesitzern und Tierärzten durchgeführt. Teilweise analog gestellte Fragen in der Tierärzte- bzw. Patientenbesitzerbefragung ermöglichten eine vergleichende Auswertung der Ergebnisse. Die Fragebögen wurden jeweils in einem zweistufigen Pretestverfahren (kognitiver Pretest + quantitativer Pretest) auf Stimmigkeit, Verständlichkeit und Logik überprüft.

Die Daten wurden mithilfe von Strukturgleichungsmodellen sowie mehrfaktoriellen Regressionsanalysen mit der Software SAS Version 9.4 ausgewertet.

Ergebnisse und Ausblick

Die meisten der 1270 teilnehmenden Tierhalter (74,2 %) bevorzugten das Modell der partizipativen Entscheidungsfindung (PEF). Partnerschaftlich ausgerichtete Kommunikation und die Anwendung von PEF konnten das Bedürfnis nach weiteren Informationen (z.B. aus dem Internet) und nach alternativen Heilmethoden (z.B. Homöopathie) reduzieren. Positiven Einfluss hat es, wenn Tierärzte nach den Sorgen und Ängsten der Tierbesitzer fragen, die Vor- und Nachteile von diagnostischen und therapeutischen Optionen erklären und genügend Informationen zur Verfügung stellen.

Auch unter den Tierärzten befürwortete der größte Teil der 585 Teilnehmer (83,6 %) das Prinzip der PEF. Beinahe alle Tierärzte berichteten, dass der Anteil selbstinformierter Tierhalter in den letzten Jahren gestiegen sei. Die Einstellung zu dieser Entwicklung variierte unter den Teilnehmern. Als positiv wurde bewertet, dass die Teilnahmebereitschaft selbstinformierter Patientenbesitzer bezüglich der veterinärmedizinischen Versorgung und Folgeuntersuchungen besser ist. Die meisten Bedenken wurden hinsichtlich der Tierarzt-Tierhalter-Beziehung sowie höherer Ansprüche selbstinformierter Patientenbesitzer geäußert. Viele Teilnehmer sorgten sich außerdem, dass ungefilterte Vorinformationen Tierbesitzer verunsichern könnten und gaben an, Selbstinformation deshalb nicht zu empfehlen.

Im Strukturgleichungsmodell konnte bestätigt werden, dass eine positive Einstellung gegenüber PEF, empathisches Verhalten und die Beurteilung von Selbstinformation miteinander assoziiert waren. Daraus kann geschlossen werden, dass Tierärzte trotz der potenziellen Vorteile der Einbindung des Internets als zusätzlicher Informationsquelle skeptisch gegenüberstehen. Hier besteht Aufklärungs- und Schulungsbedarf für praktizierende Tierärzte.

3.1.2 „Es ist einfach Gesetz.“ – Wie entscheiden Landwirte über Schutzmaßnahmen gegen die ASP?

Autoren Leonie Klein, Amely Campe, Elisabeth große Beilage

Institutionen Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland;
leonie.klein@tiho-hannover.de

Mängel in der Biosicherheit gelten als Hauptursache für den Eintrag von Afrikanischer Schweinepest (ASP) in Schweine haltende Betriebe. Trotz gesetzlicher Regelung der Biosicherheitsmaßnahmen durch die Schweinehaltungshygieneverordnung und zahlreicher Informations- und Fortbildungsangebote für Landwirte ist zu vermuten, dass nicht jeder Schweinehalter diese Maßnahmen im eigenen Bestand umsetzt.

Ziel der Studie ist es, Erklärungsmöglichkeiten für eine fehlende Umsetzung von Biosicherheitsmaßnahmen zu liefern und mögliche Defizite in der Kommunikation mit den Landwirten im Rahmen der Tierseuchenprävention zu identifizieren. Zu diesem Zweck wurden 81 Schweinehalter in Niedersachsen in offenen strukturierten Interviews zu ihren Einstellungen und Entscheidungen bezüglich Schutzmaßnahmen gegen die ASP befragt.

Für die qualitative Inhaltsanalyse der Interviews wurde unter Berücksichtigung verschiedener Theorien aus der Verhaltensforschung ein theoretisches Rahmenmodell entwickelt, welches unterschiedliche Faktoren, die Landwirte bei der Umsetzung von Biosicherheitsmaßnahmen beeinflussen können, miteinander verbindet.

Die Ergebnisse zeigen, dass Schweinehalter das Risiko, von der ASP betroffen zu sein, gegen den zu erwartenden Nutzen und die Kosten entsprechender Schutzmaßnahmen abwägen. Dieser Entscheidungsprozess wird durch eigenes Wissen über die Epidemiologie der ASP, soziale Komponenten, wie Hinweise von Beratern oder die erwartete Wirkung in der Öffentlichkeit, und die Einschätzung der eigenen Fähigkeit, die Maßnahmen adäquat umzusetzen, beeinflusst. Das Wissen um diese Einflussfaktoren und Entscheidungskonzepte kann Beratern künftig helfen, Landwirte gezielter und effizienter zum Thema Biosicherheit zu beraten.

Im Vortrag werden das theoretische Modell vorgestellt, hinsichtlich der qualitativen Inhaltsanalyse diskutiert sowie die Ergebnisse der Interviews dargestellt.

3.1.3 Participatory risk mapping of African swine fever in Europe

Autoren Hannes Bergmann, Jörn Gethmann, Patrick Wysocki, Hartmut H. Lentz, Nicolai Denzin, Franz J. Conraths, Carola Sauter-Louis

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland; hannes.bergmann@fli.de

African swine fever [ASF] is an internationally spreading, viral pig disease that severely damages agricultural pork production and is difficult to control. Accurate identification of regions with a high risk of ASF entry will be critical for timely and spatially informed allocation of resources in order to prevent disease outbreaks. However, our knowledge of classifying disease risk factors is incomplete, complex and uncertain, thus defying rational approaches of discerning high-risk regions by strictly statistical or logical means alone.

Here we present a novel participatory mapping system (Participatory risk mapping network for animal diseases, PRMNAD) to assess the risk of ASF spread in Europe by potentially exploiting efficient cognitive decision-making processes, known as heuristics. During a PRMNAD pilot study, users were asked to evaluate map-based risk information and the monthly status of regional ASF spread in Europe, to then choose currently ASF-free 10 x 10 km regions that were in their opinion at high risk of getting the disease during the next month. The users were also asked to list the risk factors that influenced their decision for each selected high-risk region. At the end of each assessment period, user selections were validated against the true disease status that emerged. We then modelled the PRMNAD system to compare its performance with stochastic identification of high-risk regions for ASF spread. We found that person-based PRMNAD selection of ASF high-risk regions outperformed an entirely random selection model by about 167-fold (geo.-mean, range 58 – 333-fold) and a distance-to-disease informed model by about 26-fold (geo.-mean, range 9 – 58-fold), suggesting that PRMNAD yielded potential disease classifiers during this study.

PRMNAD explores regionally and timely explicit disease classification methods at the interface of social sciences and epidemiology. PRMNAD provides accessible expert opinion, facilitates the identification of disease risk factors and examines efficient heuristic disease spread classification strategies to inform modelling of complex animal disease spread.

This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 773701.

3.1.4 Ökonomische Evaluation des Eradikationsprogramms für *Staphylococcus aureus* Genotyp B in Milchviehbetrieben im Kanton Tessin, Schweiz

Autoren Julie Pont¹, Gertraud Schüpbach-Regula¹, Lorenzo Sesso², Michael Vaccani², Adrian Steiner², Hans Ulrich Graber³, Michèle Bodmer², Beat Thomann¹

Institutionen ¹Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz; ²Wiederkäuerklinik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz; ³Agroscope, Mikrobiologische Lebensmittelsicherheit, Liebefeld, Schweiz; julie.pont@vetsuisse.unibe.ch

Staphylococcus aureus Genotyp B (SAGB) verursacht ansteckende Mastitiden bei Milchkühen und führt zu erheblichen wirtschaftlichen Verlusten in den betroffenen Milchviehbetrieben. Eine Pilotstudie im Jahr 2016 zeigte eine SAGB-Herdenprävalenz von 35.2% im Kanton Tessin. 2018 startete ein kantonales Sanierungsprogramm auf freiwilliger Basis, an welchem 86% der Tessiner Milchviehbetriebe teilnahmen. Das Ziel der vorliegenden Studie war es, in einer Kosten-Nutzen-Analyse die Wirtschaftlichkeit dieser regionalen SAGB Sanierung zu evaluieren. Die Ergebnisse sollen für die Planung eines nationalen Sanierungsprogramms verwendet werden.

Es wurden Daten von 87 Milchviehbetrieben mit einer mittleren Herdengrösse von 19 Kühen im Zeitraum von 2017 bis 2020 ausgewertet. Der Effekt der Sanierung auf Antibiotikaeinsatz, Milchleistung und Zellzahlen wurde mit multilevel mixed-effects Modellen ausgewertet. In einem zweiten Schritt wurden basierend auf Produktionsmodellen Gross Margin Analysen durchgeführt, um den finanziellen Benefit der Sanierung in SAGB-freien Herden im Vergleich zu SAGB-positiven Herden zu quantifizieren. Abschliessend wurden in einer Kosten-Nutzen-Analyse die kumulativen Sanierungskosten und finanziellen Benefits verglichen. Dazu wurde eine stochastische Simulierung für eine Zeitdauer von 10 Jahren (2018-2028) in @Risk für Excel durchgeführt. Als Grundlage für die Analysen und Modellierungen dienten Gesundheits-, Produktions- und ökonomische Daten von den teilnehmenden Landwirten, ihren Tierärztinnen und Tierärzten, dem Zuchtverband sowie Literaturquellen und Agrarstatistiken.

Epidemiologische Auswertungen zeigen, dass das Sanierungsprogramm sehr effektiv war. Die gegenwärtige Herdenprävalenz beläuft sich auf 0% und SAGB Infektionen konnten erfolgreich von Tessiner Milchviehbetrieben eliminiert werden. Die Sanierungskosten waren niedriger als ursprünglich geplant. Die Nutzenanalyse ist noch nicht abgeschlossen. Vollständige ökonomische Auswertungen und Kennzahlen der Kosten-Nutzen-Analyse werden an der Tagung vorgestellt.

Donnerstag, 02.09.2021

3.1.5 Fragebogen versus partizipative Methoden - same same oder doch ganz anders?

Autoren Katja Schulz, Franz J. Conraths, Carola Sauter-Louis

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland; katja.schulz@fli.de

In der Tiermedizin werden Fragebögen seit vielen Jahren dazu genutzt, Daten zu erfassen. Dabei werden Informationen bei den Studienteilnehmern strukturiert abgefragt. Methoden der partizipativen Epidemiologie (PE) zeichnen sich durch die Abfrage qualitativer Daten aus. Sie geben den Studienteilnehmern Raum, eigene Ansichten zum Ausdruck zu bringen. In der Tiermedizin werden partizipative Methoden seltener eingesetzt. Der zunehmende Gebrauch dieser Methoden wirft die Frage auf, wie groß der Unterschied zwischen einem herkömmlichen Fragebogen und PE ist, welche Vor- und Nachteile die neueren Methoden mit sich bringen und ob der zusätzliche logistische Aufwand gerechtfertigt ist, zum Beispiel durch einen Erkenntnisgewinn.

Eine erfolgreiche Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest (ASP) in Wildschweinepopulationen ist ohne die Unterstützung der Jäger kaum vorstellbar. Es ist wichtig, Ansichten der Jäger in die Planung möglicher Bekämpfungsstrategien miteinzubeziehen. In Estland und Lettland kommt die ASP seit 2014 bei Wildschweinen vor. Um die Akzeptanz von ASP-Bekämpfungsmaßnahmen bei Jägern zu untersuchen, wurden Methoden der PE eingesetzt. Es wurden Fokusgruppen-Diskussionen durchgeführt. Zusätzlich kamen verschiedene Ranking- und Visualisierungswerkzeuge zum Einsatz, um Diskussionen anzuregen und die Wahrnehmungen der Jäger darzustellen.

Auch Litauen ist seit 2014 von der ASP betroffen. Dort sind die Jäger ebenfalls stark in die Bekämpfung eingebunden. Hier wurde ein klassischer Fragebogen eingesetzt, um die Einstellungen der Jäger hinsichtlich der ASP zu erfassen. Es wurden hauptsächlich geschlossene Fragen gestellt und Rating-Skalen eingesetzt. Bei einigen Fragen war die Möglichkeit gegeben, eine Begründung für die gewählte Option als Freitext hinzuzufügen.

Trotz der unterschiedlichen Methoden waren die Ergebnisse der Studien in den Ländern ähnlich. Der Grundtenor bezüglich der Bekämpfungsmaßnahmen stimmte oft überein und die Argumente bezüglich bestimmter Maßnahmen waren vergleichbar. Der Aufwand, einen Fragebogen zu entwerfen, zu verteilen und auszuwerten ist geringer als der für die Durchführung einer partizipativen Studie benötigte. Mit einem Fragebogen werden mehr Teilnehmer erreicht und die Ergebnisse sind eher repräsentativ. Die Möglichkeit, in einer Gruppendiskussion auf das Gesagte eingehen und nachfragen zu können sowie Aspekte zu beleuchten, die vorher nicht bedacht wurden, fehlt bei einem Standardfragebogen. Ein weiterer wichtiger Vorteil der PE ist die aktive Beteiligung der Teilnehmer. Das direkte Gespräch mit den Betroffenen ist oft schon der erste Schritt, um eine Zusammenarbeit zu verbessern und die Akzeptanz bestimmter Maßnahmen zu erhöhen. Beide Methoden haben ihre Vor- und Nachteile. Dementsprechend erscheint es sinnvoll, die Methoden zu kombinieren, um eine partizipative Studie mit Hilfe der Ergebnisse einer vorangegangenen, breit gestreuten Umfrage zielgerichteter planen zu können. So kann der Erkenntnisgewinn erhöht und eine Zusammenarbeit weiter verbessert werden.

3.1.6 Twitter as a Mirror of Animal Breeders Protest in Poland in October 2020

Autoren Andrzej Jarynowski^{1,2}, Alexander Semenov³, Monika Wojta-Kempa⁴, Vitaly Belik¹

Institutionen ¹Freie Universität Berlin, Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Berlin, Deutschland; ²Interdisciplinary Research Institute, Breslau, Polen; ³Herbert Wertheim College of Engineering, University of Florida, FL, USA; ⁴Wrocław Medical University, Breslau, Polen; a.jarynowski@fu-berlin.de

Aim: In September 2020, the governing party (Law and Justice) proposed the so-called "Five for Animals" which attempted to extend animal rights, but at the same time it impacted a number of sectors of Polish agriculture. Moreover, the feeling of abandonment (by the state) and powerlessness (for instance due to ongoing outbreaks of ASF and HPAI) and accumulated social tensions due to COVID-19 pandemic warmed up conflicts within various social groups of interest which led to protest distributed over 1000 locations across the country in October 2020 with biggest protests on 7th, 13th and 21st of October. We investigated different kinds of agents and topics in conflict between animal breeders and animal activists as well as journalists, public administration, politicians and veterinary services.

Material and Methods: We have collected 9 739 tweets from 1st to 31st October 2020 in Polish language with hashtag #ProtestRolników (farmers protest). We primarily applied Social Network Analysis (SNA) of the Internet media users connected via their tweets sharing activities. 2 812 users were engaged in discourse, while 2 595 retweeted or were retweeted at least once. Moreover, our investigation was extended by time series analysis as well as NLP techniques such as sentiment analysis and topic modeling .

Results and Conclusions: Animal breeders protest communication has highly modular and hierarchical structure with clear boundaries between communities and opinion leaders. Anti-protest communities(25% of all users) constituted by 1) the mainstream opposition with representation of "green" and animal right defenders (12%); 2) Law and Justice supporters (13%). Pro-protest communities are constituted by: 1) farmers and agricultural organisations (26%); 2) right-wing and catholic organisations (16%); 3) protestants (6%); 4) the agricultural party PSL (6%). Tweeting activity concentrates around late mornings (the time after post sunrise grooming of animals). Very low coverage of tweets from Eastern Poland could suggest that Twitter is not popular there among farmers. Twitter in Poland has relatively low popularity in comparison to Facebook/Youtube (1.5 million active users which correspond to 5% of the literate population), however the analysis of commentary patterns on animal health breeders protest revealed a meaningful structure of the underlying social system, which is of great importance for veterinary epidemiology.

3.2 Nutzung grosser Datensätze

3.2.1 Smart Animal Health – Gesundheitsindikatoren für Nutztiere

Autoren **Beat Thomann¹, Hanno Würbel¹, Thibault Kuntzer², Beat Wechsler³, Christina Umstätter⁴, Gertraud Schüpbach-Regula¹**

Institutionen ¹Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz; ²Identitas AG, Bern, Schweiz; ³Zentrum für tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine, Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen, Tänikon, Schweiz; ⁴Agroscope, Tänikon, Schweiz; beat.thomann@vetsuisse.unibe.ch

Tiergesundheit und Tierschutz sind wichtige Themen in der modernen Nutztierhaltung und Lebensmittelproduktion. Das Ziel dieses Projekts war es, eine Methode zur Bewertung der Tiergesundheit und des Tierwohls für verschiedene Nutztierarten in der Schweiz zu entwickeln. Dabei lag der Schwerpunkt auf tierbasierten Indikatoren sowie datengesteuerten Messgrößen, welche als Hilfsgrößen (sog. Proxies) für den Tiergesundheits- und Tierwohlstatus eines bestimmten Betriebs dienen können. Die Indikatoren sollen es ermöglichen, den Status der Tiergesundheit und des Tierwohls auf der Ebene einzelner Betriebe, Gruppen von Betrieben und der Schweizer Nutztierpopulation als Ganzes zu beurteilen.

In einem ersten Schritt wurde die wissenschaftliche Literatur systematisch gesichtet, um mögliche Indikatoren zur Bewertung der Tiergesundheit von Rindern, Schafen, Ziegen, Schweinen und Geflügel zu identifizieren. Basierend auf dem Feedback von relevanten Interessengruppen aus der Praxis wurden diese Indikatoren in einem zweiten Schritt in vier Kategorien eingeteilt: Haltung und Ernährung; Tiergesundheit; artgemässes Verhalten; Schmerzen, Leiden, Schäden und Angst. Schliesslich wurde die Methode in einer Machbarkeitsstudie für verschiedene Betriebstypen angewendet, wobei die Indikatoren mit den Ergebnissen von Erhebungen mit dem Welfare Quality® Protocol auf diesen Betrieben verglichen wurden. Um datengesteuerte Messgrößen und deren Eignung als Proxy zu untersuchen, wurden verschiedene Datenbanken und nationale Register, welche demografische Betriebsangaben sowie Informationen betreffend Tieridentität, Rückverfolgbarkeit, Diagnoseergebnisse und Tierschutzkontrollen enthalten, pseudonymisiert und miteinander verknüpft. Anschliessend wurde mit Hilfe von supervised machine learning Methoden der Tiergesundheits- und Tierwohlstatus der Betriebe modelliert mit dem Ziel, Betriebe für risikobasierte Kontrollen zu identifizieren.

Die entwickelte Methode wird es zukünftig ermöglichen (i) Veränderungen im Tiergesundheitsstatus eines Bestands über einen längeren Zeitraum zu beobachten, (ii) die Wirksamkeit von Maßnahmen zur Verbesserung der Tiergesundheit und des Tierwohls zu überprüfen, (iii) Betriebe mit besonders guter Tiergesundheit zu erkennen und allenfalls mit finanziellen Anreizen zu fördern sowie (iv) risikobasierte Kontrollen durchzuführen. Das Forschungsprojekt wird zum Zeitpunkt der Konferenz abgeschlossen sein und die Ergebnisse werden zur Präsentation bereitstehen.

3.2.2 Sekundäre Nutzung von Daten – ein Beispiel aus der Schweizer Schweine-Branche

Autoren **Brian Friker¹, John Berezowski¹, Heiko Nathues², Céline Faverjon¹, Luis Pedro Carmo¹**

Institutionen ¹Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Switzerland; ²Clinic for Swine, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Switzerland; brian.friker@vetsuisse.unibe.ch

An vielen Stellen der Lebensmittelproduktionskette werden Daten erhoben. Ausgewertet werden diese, wenn überhaupt, oft nur von jedem Akteur einzeln und nicht im Kontext der ganzen Produktionskette. Im Rahmen des «Pig Data»-Projekts haben verschiedene Akteure der Schweinebranche ihre Daten zur Verfügung gestellt mit dem Ziel, durch eine sekundäre Nutzung und gemeinsame Analyse der Daten neue Erkenntnisse zu gewinnen, welche durch die Analyse der einzelnen Datensätze nicht möglich wären.

Eine Fragestellung aus dem Projekt wird als Beispiel verwendet, um das Potential der sekundären Nutzung von Daten zu diskutieren. In dieser Beispiel-Studie wurde die folgende Fragestellung der Datenlieferanten untersucht: «Welche Zusammenhänge gibt es zwischen Fütterung, Mastleistung und Fleischqualität?».

Zwei Datensätze konnten anhand der Tierverkehrsdatenbank-ID zusammengeführt werden: Die Daten der Mastbetriebe enthielten Informationen zu Fütterung und Mastleistung und die Daten vom Schlachthof Informationen über die Fleischqualität. Leider gab es viele fehlende Daten und die Überschneidung der Datensätze war klein (184 Einträge von 83 Betrieben). Um den Datenlieferanten trotzdem eine aussagekräftige Antwort auf die Fragestellung geben zu können, wurden schlussendlich nur die Daten der Mastbetriebe verwendet, da so eine grössere Stichprobe benutzt werden konnte (1'011 Einträge von 473 Betrieben).

Durchschnittliche Tageszunahmen waren assoziiert mit der Anzahl Tieren auf dem Betrieb (negative Assoziation, $p = 0.046$) und dem Fütterungssystem (bei Flüssigfütterung tiefer als bei Trockenfutter, $p < 0.001$). Die Mortalitätsrate war assoziiert mit dem Futtertyp (höher bei Zugabe von Molke, $p \leq 0.015$) und der durchschnittlichen Tageszunahme (negative Assoziation, $p = 0.049$). Der Magerfleischanteil war tiefer bei Betrieben mit höheren durchschnittlichen Tageszunahmen ($p < 0.001$). Der Anteil an mehrfach ungesättigten Fettsäuren war tiefer in Betrieben mit Expander-Futter ($p < 0.001$) und höheren durchschnittlichen Tageszunahmen ($p = 0.001$).

Einige dieser Resultate wurden bereits in anderen Studien beschrieben, z.B. der Zusammenhang von höheren durchschnittlichen Tageszunahmen und tieferem Magerfleischanteil.

Dieses Beispiel soll das Bewusstsein für sekundäre Datennutzung stärken, d.h. dass auch Daten für wissenschaftliche Zwecke genutzt werden können, die nicht primär zu diesem Zweck gesammelt wurden. Die rapide Entwicklung der Digitalisierung und das Aufkommen von «Big Data» deuten ebenfalls auf das Potential sekundärer Datennutzung hin. Immer mehr Daten werden immer schneller erfasst. Auch für zukünftige wissenschaftliche Studien könnte es eine Option sein, diese bereits vorhandenen Daten zu nutzen, anstatt viele Ressourcen in die Erhebung neuer Daten zu investieren.

3.2.3 Harmonisierung heterogener Datenstrukturen am Beispiel Surveillance von Antibiotikaresistenzen

Autoren Sinja Bleischwitz¹, Jens-Andre Hammerl², Yvonne Pfeifer³, Niels Pfennigwerth⁴, Bernd Neumann³, Jörg Hans⁴, Sören Gatermann⁴, Guido Werner³, Annemarie Käsbohrer², Lothar Kreienbrock¹

Institutionen ¹Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; ²Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland; ³Robert-Koch-Institut, Wenigerrode, Deutschland; ⁴Nationales Referenzzentrum, Ruhruniversität Bochum, Bochum, Deutschland; sinja.bleischwitz@tiho-hannover.de

Mit der fortschreitenden Digitalisierung wird auch das Bedürfnis nach der gemeinsamen Nutzung bestehender Datenstrukturen für epidemiologische Untersuchungen immer häufiger artikuliert. Große Mengen vereinigter Daten sollen aussagekräftige Analysen ermöglichen, jedoch kommen diese häufig aus den unterschiedlichsten Datenursprüngen, was ihre Zusammenführung und Auswertung zu einem komplexen Vorgang macht. Der Umgang mit solchen Daten, vor allem hinsichtlich der Zusammenführung und Harmonisierung aus sehr heterogenen Quellen, wird hier am Beispiel der Entwicklung eines molekularen Surveillanceprogramms für multiresistente Keime vorgestellt.

Im Beitrag zeigen wir die notwendige Vorarbeit mit den Rohdaten. Bei der Erstellung einer Sammlung aus Isolaten zur Verarbeitung und Auswertung von Resistenzdaten werden Materialien aus verschiedenen Quellen bezogen, die in den unterschiedlichsten Strukturen aufgebaut sind. Dabei gibt es eine Vielfalt an Dokumentationssystemen und verwendeten Labormethoden. Dies gilt vor allem im One-Health-Kontext, denn die Verwendung von humanen Proben aus Krankenhäusern oder der Ambulanz, aus der Lebensmittelüberwachung bis hin zu Tierproben aus veterinärmedizinischen Untersuchungen benötigen die Erstellung einer gemeinsamen Basis, auf welcher sie ausgewertet werden können. Die sich kontinuierlich erweiternden Techniken zur Genomsequenzierung und Bestimmung der Resistenzen, und vor diesem Hintergrund sich permanent weiter entwickelnde Datenstrukturen, erfordern eine Vereinheitlichung dieser.

Deshalb wird hier der Fokus auf die Harmonisierung der Rohdaten und der Entwicklung übergreifender Analysen gelegt. Dafür werden zunächst diejenigen Datenstrukturen selektiert, die für gemeinsame Auswertungen in Frage kommen. Übertragbare Variablen werden identifiziert und Schnittstellen definiert, auf welchen sie gemeinsam ausgewertet werden können. Im Zuge dessen wird ein Metadatenkatalog erstellt. Der Katalog dient nicht nur zur Hilfe bei der Selektion der Daten, sondern erleichtert auch die Harmonisierung dieser. Zuletzt werden mögliche Evaluationen gezeigt und diskutiert.

Damit wird exemplarisch demonstriert, wie ein Datenmanagement bei der Vereinheitlichung heterogener Strukturen vorbereitet werden kann und wie mit dem Informationsverlust bei der Harmonisierung umgegangen werden kann.

3.3 Modellierung und Netzwerke

3.3.1 Unravelling the complexity of Swiss pig trade to improve infectious disease surveillance and early detection: a network analysis

Autoren **Francesco Galli¹, Saskia Perret-Gentil², Dima Farra¹, Antoine Champetier¹, Hartmut Lentz³, Vitaly Belik⁴, Salome Dürr¹**

Institutionen ¹Universität Bern, Veterinary Public Health Institute, Schweiz; ²Universität Bern, Interfaculty Bioinformatics Unit, Schweiz; ³Friedrich-Loeffler-Institut, Institute of Epidemiology, Deutschland; ⁴Freie Universität Berlin, Institute of Veterinary Epidemiology and Biostatistics, Deutschland;
francesco.galli@vetsuisse.unibe.ch

Trade of live pigs is one of the most critical transmission pathways of porcine infectious diseases. Different types of holdings along the production chain may be more or less exposed to disease incursion and transmission. Swiss pig farming is less standardized than in other European countries and has specific sub-structures, such as shared piglet production rings (AFP) usually consisting of one central holding where sows are inseminated, and holdings where delivery, nursing and weaning take place.

The Swiss animal transport database (TVD) reports all transactions between pig holdings but without information on the production type of each holding.

The aim of our work was to 1) build and analyze a comprehensive trade network of Swiss pig holdings by clustering them by production type, and 2) identify candidate holdings to put under surveillance for early detection of infectious diseases.

Each transport in the TVD was classified by transported pig type: breeding boars, breeding sows, AFP sows, piglets, rearing pigs, fattened pigs and old breeding pigs. A random forest algorithm was trained for this classification using datasets obtained from two Swiss pig traders, overlapping with 15% of the TVD data. Subsequently, annual frequency of incoming and outgoing shipments by pig type was used to cluster holdings with the Partitioning Around Medoids (PAM) algorithm. Finally, temporal network centrality metrics (ingoing and outgoing contact chains) stratified by cluster were calculated.

The 9 674 holdings active at least once in 2019 were classified into eleven clusters overlapping with the Swiss pig production types. The smallest cluster consists of 33 holdings identified as nucleus herds, while small fattening farms represent the biggest cluster with 3 715 units. Three clusters with a total of 125 holdings showed the biggest weekly outgoing contact chains. These are identifiable as nucleus herds, multiplier herds and central AFP holdings. The latter (N= 47) were also the only cluster with a large weekly ingoing contact chain.

The clustering and network analyses allowed us to identify good candidates for active surveillance aimed at early detection. If introduced into an AFP ring, an infectious disease may spread rapidly among many holdings. Nucleus and multiplier herds have none to little incoming transports, however disease introduction via alternative pathways could still result in spreading infection to a large number of farms. These findings are being further validated via infectious disease modelling, in order to understand the specific role of holdings in disease transmission under different scenarios.

3.3.2 Epidemiologische und wirtschaftliche Auswirkung von Maßnahmen zur Bekämpfung von Maul- und Klauenseuche sowie Ressourcenschätzung in der Krisenplanung

Autoren Tatiana Marschik^{1,4}, Ian Kopacka², Simon Stockreiter³, Friedrich Schmoll^{1,4}, Andrea Höflechner-Pörtl³, Jörg Hiesel⁵, Annemarie Käsbohrer¹, Beate Conrady^{1,6,7}

Institutionen ¹Institut für Lebensmittelsicherheit, Lebensmitteltechnologie und Öffentliches Gesundheitswesen in der Veterinärmedizin, Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich; ²Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES), Fachbereich Integrierte Risikobewertung, Daten und Statistik, Österreich; ³Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz, Sektion Verbrauchergesundheit und Veterinärwesen, Österreich; ⁴Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES), Geschäftsfeld Tiergesundheit, Österreich; ⁵Amt der Steiermärkischen Landesregierung, Veterinärdirektion/Öffentliches Veterinärwesen, Österreich; ⁶Institut für Veterinär- und Tierwissenschaften, Fakultät für Gesundheits- und Medizinwissenschaften, Universität Kopenhagen, Dänemark; ⁷Complexity Science Hub Vienna CSH, Österreich; tatiana.marschik@vetmeduni.ac.at

Die Maul- und Klauenseuche (MKS) gilt weltweit als eine der meist gefürchtetsten Tierseuchen, deren Ausbrüche in betroffenen Ländern ein hohes Schadenspotential aufweisen. Im Falle eines Ausbruchs werden strenge Sperr-, Kontroll- und Keulungsmaßnahmen implementiert. Tierverluste sowie langanhaltende Handelsrestriktionen führen zu hohen wirtschaftlichen Einbußen. Für eine rasche Bekämpfung der Seuche ist eine bestmögliche Vorbereitung notwendig. Dazu zählt u.a. die Bewertung von verschiedenen Bekämpfungsstrategien sowie die Abschätzung der notwendigen Personalressourcen zur Umsetzung der Maßnahmen.

Ziel der vorliegenden Arbeit war die Entwicklung eines epidemiologisch-ökonomischen Modells, das ermöglicht (i) auf Basis von epidemiologischen Simulationsdaten das mögliche Ausmaß der Kosten verschiedener Bekämpfungsstrategien eines MKS-Ausbruchs in Österreich zu berechnen und (ii) die notwendigen personellen Ressourcen zur Umsetzung der Maßnahmen abzuschätzen.

Die Ausbreitung von MKS unter Berücksichtigung verschiedener Bekämpfungsmaßnahmen wurden mittels des Simulationsmodells EuFMDiS (The European Foot-and-Mouth Disease Spread Model) durchgeführt. Das Ausbruchsgeschehen wurde in zwei verschiedenen Regionen Österreichs verglichen, die sich maßgeblich in der Tierdichte und Herdengröße unterscheiden. Die Ausbreitung wurde in beiden Regionen ausgehend von einem Milchviehbetrieb verfolgt und es wurde angenommen, dass der Eintrag drei Wochen lang unentdeckt blieb. Für die Bekämpfungsphase des Ausbruchs wurden für beide Regionen fünf verschiedene Bekämpfungsszenarien auf Basis von Variationen der Keulungs- und Impfpolitik und des präventiven Tilgungsprogramms implementiert. Die Auswirkungen auf die österreichische Wirtschaft wurden anhand eines Modells bewertet, das die wirtschaftlichen Ergebnisse von EuFMDiS mit eigenen Kostenberechnungen kombiniert. Die direkten Kosten im Zusammenhang mit der Umsetzung der Bekämpfungsmaßnahmen sowie die indirekten Kosten, die durch Handelsbeschränkungen und Produktionsverluste entstehen, wurden berechnet. Der Einsatz der personellen Ressourcen im Rahmen der operativen Tätigkeiten wie Überwachung, Keulung oder Dekontamination wurde in Anlehnung an die Ressourcenverfügbarkeit ebenfalls analysiert.

Die Ergebnisse zeigten, dass ein MKS-Ausbruch in Österreich etwa Gesamtkosten in Höhe zwischen 270 und 580 Millionen Euro verursachen würde. Das Ausmaß dieses Schadens hängt stark von der betroffenen Region, den gewählten Kontrollmaßnahmen und dem Umfang der verfügbaren personellen Ressourcen ab. Die Umsetzung zusätzlicher, gemäß der EU-

Rechtsvorschriften in Ausnahmefällen erlaubter Kontrollmaßnahmen, wie z.B. Impfung oder präventive Tilgung, wäre nur dann notwendig, wenn die Epidemie in einem Gebiet mit hoher Tierdichte beginnen würde. Ebenfalls zeigen die Studienergebnisse, dass eine gezielte Erhöhung von personellen Ressourcen, insbesondere im Bereich der Überwachung, die Größe und Folgen des Ausbruchs maßgeblich reduzieren kann.

Die gegenwärtige Studie belegt nicht nur die Wichtigkeit der schnellen und effizienten Bekämpfung, sondern auch die Notwendigkeit der Bereitstellung der erforderlichen personellen Ressourcen, um im Bedarfsfall die negativen epidemiologischen und wirtschaftlichen Auswirkungen eines MKS-Ausbruchs in Österreich zu verringern.

3.3.3 Modell-basierte Begleitung der ASP-Bekämpfung im Wildschwein in Sachsen - Verständnisgewinn durch Gleichzeitigkeit

Autoren Jakob Jeuk^{1,2}, Martin Lange¹, Adam Reichold¹, Hans-Hermann Thulke¹

Institutionen ¹Helmholtz Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ, Leipzig, Deutschland;

²Carl von Ossietzky Universität Oldenburg, Deutschland; jakob.jeuk@ufz.de

Mit dem ersten nachgewiesenen Fall am 27. Oktober 2020 erreichte die Afrikanische Schweinepest (ASP) Sachsen. Mittlerweile ist die Seuche an verschiedenen Punkten aus Polen nach Sachsen übergetreten und das Bekämpfungsschema mehrfach angepasst worden. Mittels eines international etablierten Modells zur Ausbreitung der ASP in Wildschweinebeständen wird unterstützend zu kritischen Entscheidungsfragen beigetragen.

Fragestellung: Wie wirken sich reaktiv eingesetzte Bekämpfungsmaßnahmen wie Zäune, die Entfernung von Kadavern und verstärkte Bejagung in der konkreten sächsischen Geographie auf das Ausbreitungsgeschehen aus?

Die Modellparametrisierung wurde gemeinsam mit dem Freistaat Sachsen und dem Landkreis Görlitz erarbeitet. Dabei wurde das räumlich-explizite individuen-basierte Modell (SwiCoIBM) von Wildschweinepopulationen an die sächsische Lage angepasst. Die Wildschweinepopulation wurde aus der gemeindebasierten sächsischen Jagdstrecke (2013-2019) und Habitatmodellierungen (5km x 5km; Pittiglio et al. 2018) auf beiden Seiten der Landesgrenze rekonstruiert. In dieser Modellpopulation wird die Seuche im zeitlichen Ablauf der amtlichen Meldedaten der angrenzenden Woiwodschaften bis Herbst 2020 (ADNS) initialisiert und die weitere Ausbreitung stochastisch simuliert. Bereits umgesetzte und geplante Bekämpfungsmaßnahmen werden in ihrer zeitlichen Abfolge im Modell reproduziert.

Die sächsischen experten-basierten Populationsschätzungen und dokumentierten Jagddaten konnten plausibel im Modell rekonstruiert werden. Die quantitative Übereinstimmung wird demonstriert. Detaillierte Analysen haben dabei ein besseres Verständnis für den nicht-linearen Zusammenhang zwischen Populationsgröße und Zuwachs vermittelt und die gebräuchliche Rechenvorschrift in den ökologischen Kontext gestellt.

Die Verzögerung der Ausbreitung durch verschiedene Zaunformen wurde im Modell gemessen und verglichen. Die simulierte Zaunstruktur kann auch ohne weitere Maßnahme und trotz realistischer Fehlerquote die Ausbreitung erheblich verlangsamen. Die Ausbreitung nur mittels Bezäunung zu stoppen erfordert unrealistische Annahmen zur Effektivität der Barrieren.

Da es unser Ziel ist, die sich weiterhin dynamisch entwickelnde epidemiologische Situation modelltechnisch zu begleiten, werden wir bis September jeweils aktualisierte Szenarien berechnen. Wir werden zeigen, inwieweit die Gleichzeitigkeit von Bekämpfungsmaßnahmen und Simulationskampagne zum Verständnis der Lage beigetragen hat.

Literatur:

Pittiglio, C, Khomenko, S und Beltran-Alcrudo, D (2018).
doi.org/10.1371/journal.pone.0193295.

3.4 Epidemiologie bei Wildtieren

3.4.1 Optimierung der Früherkennung der ASP beim Wildschwein

Autoren Lisa Rogoll, Christina Schwenk, Katja Schulz, Christoph Staubach, Franz J. Conraths, Carola Sauter-Louis

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland; lisa.rogoll@fli.de

Die Ausbreitung der Afrikanischen Schweinepest (ASP) bedroht Wildschwein- und Hausschweinbestände weltweit. In Deutschland traten im Jahr 2020 erste ASP-Fälle bei Wildschweinen auf. Als eine effektive Maßnahme zur Bekämpfung der Tierseuche gilt die möglichst frühe Entdeckung und schnelle Entfernung von Wildschweinkadavern, da diese eine wesentliche Infektionsquelle für Artgenossen darstellen. Mit der Auswertung von Funddaten toter Wildschweine im Baltikum werden Prädilektionsstellen für das Auffinden von Kadavern identifiziert. Die Ergebnisse sollen eine Optimierung der ASP-Überwachung hinsichtlich der möglichst frühen Entdeckung eines Neueintrags sowie eine Anpassung der Surveillance-Methoden an das Infektionsgeschehen ermöglichen.

Die Daten stammen aus der EURL CSF/ASF-Datenbank und beinhalten eine zufällige Auswahl von Wildschwein-Kadavern, für die exakte GPS-Koordinaten des Fundortes vorliegen. Weitere Informationen beinhalten Alter, Geschlecht und den ASP-Infektionsstatus. Die Auswertungen wurden für drei Gruppen durchgeführt: ASP-positive Kadaver, ASP-negative Kadaver und ASP-negative erlegte Wildschweine. Die Distanzen zu Gewässern, Straßen und Siedlungen wurden gemessen sowie unterschiedliche Umweltvariablen (u.a. Landschaftstyp, Wasservorkommen, Klimaparameter) einbezogen, um die Fundorte der Wildschweine möglichst genau zu charakterisieren. Die Untersuchung der Positionen erfolgte mit Google Earth, um manuelle Messungen durchzuführen, und mit ArcGIS zur Automatisierung der Datenerhebung. Um Zusammenhänge und Unterschiede zwischen den Gruppen zu untersuchen, wurde eine statistische Analyse, u.a. mit dem Kruskal-Wallis-Test, in R (<https://www.R-project.org/>) durchgeführt.

Nach den vorläufigen Ergebnissen aus Lettland wurden dort 81,2% der ASP-positiven Kadaver und 55,4% der ASP-negativen Kadaver in Wäldern bzw. Wald-Wiesen-Übergängen gefunden. Die durchschnittliche Distanz der Kadaver zum nächsten Gewässer betrug ca. 800 m, wobei es keinen statistisch signifikanten Unterschied zwischen ASP-positiven und ASP-negativen Tieren gab. Erlegte Tiere wurden in statistisch signifikant größerer durchschnittlicher Distanz (ca. 1000 m) zum nächsten Wasserkörper gefunden. In den durchschnittlichen Distanzen zur nächsten Straße und zur nächsten Siedlung ergaben sich statistisch signifikante Unterschiede zwischen den ASP-positiven (1769 m bzw. 856 m) und ASP-negativen (1350 m bzw. 572 m) Kadavern sowie zwischen den ASP-negativen gefundenen und erlegten Tieren (1782 m bzw. 838 m).

Die Auswertung von Funddaten toter Wildschweine ermöglicht es, Empfehlungen für eine Anpassung bzw. Optimierung der ASP-Überwachung abzuleiten. Insbesondere vor dem Hintergrund des aktuellen Infektionsgeschehens in Deutschland ist eine zielgerichtete Kadaversuche essentiell für die effektive Eindämmung und Bekämpfung der Tierseuche.

3.4.2 Computer-Vision zur Detektion von Aktivität und Körperhaltung von Rotfüchsen (*Vulpes vulpes*)

Autoren Anne K. Schütz, Franz J. Conraths, Hartmut H.K. Lentz, Timo Homeier-Bachmann

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Greifswald, Deutschland; anne.schuetz@fli.de

Die Aktivität und das Verhalten sind wichtige Indikatoren für das Tierwohl und den Gesundheitszustand von Tieren. Um diese zu ermitteln, ist eine kontinuierliche Beobachtung der Tiere wichtig. Die Videoüberwachung ermöglicht eine unverzerrte Beobachtung von Tieren, da diese in Gegenwart von Menschen oft ihr Verhalten ändern. Die manuelle Videoauswertung ist allerdings zeit- und kostenintensiv. Aus diesem Grund ist die automatische Erkennung und Beobachtung von Tieren in Gefangenschaft von Interesse, um die Tieraktivität zu bewerten und Veränderungen, die auf Krankheiten und Tierwohlprobleme hinweisen können, frühzeitig zu erkennen.

Wir zeigen, dass die Anwendung von Methoden des Maschinellen Lernens eine lückenlose Überwachung von Rotfüchsen in einer Laborumgebung ermöglicht, einschließlich der Erkennung von Körperpositionen und Bestimmung des Aktivitätslevels. Ein Detektor erkennt die Füchse und ermittelt ihre Körperhaltung (z.B. stehen, sitzen, liegen). Die „Bounding Boxes“ der detektierten Füchse werden verwendet, um die Bewegung der Tiere und damit das Aktivitätslevel zu messen.

Dabei wird Computer Vision als nicht-invasive Methode (keine Ausstattung der Tiere mit Sensoren) für die automatische Überwachung von Tieren angewandt. Der bestehende Algorithmus YOLOv4 (Bochkovskiy et al.) wurde trainiert, um Füchse zu erkennen. Der trainierte Klassifikator wurde auf Videodaten eines Experiments mit Füchsen angewendet. Die Computerauswertung ist sowohl der manuellen als auch der Bewegungsdetektorauswertung überlegen.

Das System kann auch zur Erkennung verschiedener Bewegungsmuster genutzt werden, die ihrerseits zur Analyse des Verhaltens der Tiere und damit zur Tierwohlüberwachung verwendet werden können. Beispielsweise kann durch die Auswertung des Bewegungsmusters über eine Zeitspanne Pacing, ein stereotypes Verhalten, ermittelt werden. Die Bestimmung eines Verhaltens kann durch die Kombination des Aktivitätslevels und der Körperhaltung bestimmt werden, zum Beispiel: „hochaktiv“ + „stehen“ = „laufen“.

Es ist zu erwarten, dass sich die etablierte Methode nach entsprechendem Trainieren des Algorithmus auch bei anderen Tierarten (z.B. Geflügel, Schweine, Kühe) anwenden und für die Tierüberwachung in Echtzeit unter Versuchsbedingungen oder in anderen Bereichen der Tierhaltung einsetzen lässt.

3.4.3 Flüchtige Kontaktnetzwerke erklären widersprüchliche Virusprävalenzwerte in Wildbienen

Autoren Adam Reichold, Martin Lange, Hans-Herman Thulke

Institutionen Helmholtz Zentrum für Umweltforschung, Leipzig, Deutschland;
adam.reichold@ufz.de

Verglichen mit Nutztierkrankheiten steckt unser epidemiologisches Verständnis für Wirt-Erreger-Gemeinschaften in Populationen von wilden Bestäuberinsekten noch in seinen Kinderschuhen. Dieses System ist charakterisiert durch vielfältige Interaktionen zwischen mehreren Insekten-, Pflanzen- und Virus-Arten.

Krankheiten bei Wildbienen werden meist indirekt über kontaminierte Blüten übertragen. Außerhalb eines Wirts überdauern die Erreger nur kurz, wodurch zeitabhängige Übertragungsnetzwerke mit geringer Kontaktloyalität entstehen.

Viele Bestäuber nutzen die breite Vielfalt der Pflanzen einer Landschaft zur Nahrungsaufnahme (Generalist, z.B. Honigbiene). Andere Insektenarten derselben Gemeinschaft sind spezialisiert auf ganz bestimmte Nahrungspflanzen (Spezialist, z.B. Mauerbiene). Aus Sicht der Krankheitserreger überlappen also die Übertragungsnetze zwischen den Arten nicht vollständig.

Wir werden zeigen, welchen unerwarteten Effekt diese Spezialisierung auf das Netzwerk der Übertragungswege hat und wie sich dadurch die (artspezifische) Virusprävalenz innerhalb der Gemeinschaft verändert.

Wir haben ein zeitlich hochauflösendes, räumlich-explizites, individuen-basiertes Modell der Virusübertragung unter ca. 10.000 Bestäuberinsekten entwickelt. Die Kontakte zwischen Insekten und Blüten ergeben sich während der Simulation aus der Nektarproduktion der Pflanzen, dem Suchverhalten der Insekten und ihren spezifischen Präferenzen. Die Ansteckung ergibt sich stochastisch durch Viruskontamination einzelner Blüten und die mögliche Infektion der Insekten die anschließend diese Blüte besuchen.

Der individuen-basierte Ansatz des Modells ermöglicht es dabei, detailliert nach zu verfolgen wie sich einzelne Insekten infizieren, auf welcher Pflanze dies stattfindet und durch welche Insekten diese zuvor kontaminiert wurde. Spezialisierung lässt sich in diesem Modell erfassen, indem ausgewählte Insektenarten alle Blüten der nicht-präferierten Pflanzenarten ignorieren, d.h. an ihnen vorbei fliegen.

Spezialist und Generalist tauschen ihre Rollen als Treiber der Krankheitsausbreitung; und zwar abhängig von der Nektarverfügbarkeit in der Landschaft. Die Prävalenz innerhalb der Spezialisten ist hoch, wenn ausreichend Nektar in der Landschaft auffindbar ist. Dem gegenüber wird die Prävalenz innerhalb der Spezialisten klein (und damit die Generalisten zu Treibern der Infektion), wenn Nektar nur begrenzt verfügbar ist.

Mittels Kontaktanalyse zeigen wir die Ursache auf. Bei ausreichendem Nektarvorkommen hat der Spezialist mehr Blütenkontakte weil die gleiche Anzahl von Insekten auf weniger Blüten sammelt, da nicht präferierte Pflanzen ignoriert werden. Derselbe Mechanismus hat bei knappem Nektarvorkommen den gegenteiligen Effekt, da hier die Zeit für die Suche nach dem nächsten Pflanzenpatch das Geschehen dominiert.

Dieses Verständnis zum Zustandekommen von Virusprävalenzen bei Insektengemeinschaften ist relevant, weil die derzeitige Änderung der Landschaftsstruktur durch den Agrarwandel zur Änderung der Ressourcen-Nutzung unter den Bestäuberinsekten führt und so die dominanten Verbreitungswege der Krankheiten verschoben werden.

3.5 Risikobewertung

3.5.1 Neues quantitatives Risikobewertungsmodell für Campylobacter in Masthähnchen

Autoren **Racem Ben Romdhane, Roswitha Merle**

Institutionen Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; racem.ben.romdhane@fu-berlin.de

Einleitung

Campylobakteriose ist eine der häufigsten lebensmittelgetragenen bakteriellen Zoonoseerkrankungen und kann schwere Verläufe haben. Zusätzlich entstehen dadurch erhebliche wirtschaftliche Verluste in der Geflügelfleischproduktion. Obwohl einige Maßnahmen zur Vermeidung der Übertragung von Campylobacter aus Masthähnchen auf den Menschen ergriffen werden, sind die Erfolge überschaubar.

Das Ziel der Studie ist es, entlang der Lebensmittelkette Einflussfaktoren für die Übertragung auf den Menschen zu identifizieren und den Erfolg von Interventionsmaßnahmen zu validieren.

Material und Methoden

Datenmodelle sind ein gutes Werkzeug, um die Komplexität der Geflügelfleischproduktion und die Verbreitung von Campylobacter abzubilden. Ein quantitatives Risikobewertungsmodell für Campylobacter in Masthähnchen wurde erstellt. Dieses Modell berücksichtigt fünf Module, die die einzelnen Schritte der Hähnchenfleischproduktion, -verarbeitung und des Verzehrs von Hähnchenfleisch abbildet, die Campylobacteriose bei Menschen beeinflussen. Dabei handelt es sich um die Module „Mastbetrieb“, „Schlachtbetrieb“, „Transformation und Einzelhandel“, „Zubereitung von Hähnchenfleisch in Haushalten“ und „Infektion bei Menschen“. Um den Effekt von Interventionsmaßnahmen bewerten zu können, wurde ein Modell basierend auf Individuen verwendet: Jedes Tier pro Betrieb, jede Karkasse bzw. jedes Fleischstück und jeder Haushalt werden im Modell einzeln modelliert. Es wurde ein stochastischer, mechanistischer Ansatz gewählt, um verschiedene Prozesse simulieren zu können. Für stabile Ergebnisse war ein Monte-Carlo-Ansatz mit multiplen Wiederholungen notwendig.

Dieses Modell ermöglicht die Schätzung einer jährlichen Prävalenz in Hähnchen und Herden sowie der Inzidenz bei Menschen, aber auch die Bedeutung der Exposition von Menschen.

Für das Modell wurden Daten zur deutschen Geflügelfleischproduktion, zur Bevölkerungsstruktur und zu Verzehrsgewohnheiten von Deutschen verwendet.

Ergebnisse und Ausblick

Es konnte gezeigt werden, dass etwa 45,6 % aller Masthähnchen haltenden Betriebe mit Campylobacter belastet sind. In kontaminierten Herden sind durchschnittlich 99,1 % aller Tiere betroffen. Während des Schlachtvorgangs werden 0,96 % ursprünglich nicht kontaminierter Karkassen durch Kreuzkontamination kontaminiert und tragen bei der Kühlung etwa 2 log CFU Campylobacter.

Durch Lagerung und Tiefgefrieren wird eine Reduktion sowohl des Anteils kontaminierter Fleischstücke als auch der Bakterienkonzentration auf den Karkassen erreicht. Das Modell sagt eine jährliche Inzidenz von 911 Campylobacteriosefällen pro 100.000 Menschen voraus.

Freitag, 03.09.2021

3.6 Schweinekrankheiten

3.6.1 Resultate des Pilotprojets «ZoE-BTA» zur Förderung der Bestandsdiagnostik im Schweinebetrieb

Autoren Christina Nathues¹, Corinne Gurtner², Titus Sydler³, Heiko Nathues⁴, Xaver Sidler⁵, Jeker Vroni⁶, Daniela Hadorn¹

Institutionen ¹Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen BLV, Schweiz; ²Institut für Tierpathologie, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz; ³Institut für Veterinärpathologie, Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich, Zürich, Schweiz; ⁴Klinik für Schweine, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz; ⁵Abteilung für Schweinemedizin, Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich, Zürich, Schweiz; ⁶Nutztierpraxis Vroni Jeker, Rapperswil, Switzerland; christina.nathues@blv.admin.ch

Sowohl die nationale «Tiergesundheitsstrategie Schweiz 2010+» als auch die «Strategie Antibiotikaresistenzen StAR» sehen über die Stärkung von Prävention und Früherkennung bzw. gezielteren Einsatz von Tierarzneimitteln eine Förderung der Bestandsmedizin und der Bestandsdiagnostik vor. Eine der aussagekräftigsten Methoden dafür ist die Sektion. Sektionen von Schweinen an pathologischen Untersuchungseinrichtungen werden bereits seit 2014 im Programm PathoPig des BLV gefördert. In gewissen Fällen kann es sinnvoll sein, dass der/die Tierarzt/in direkt auf dem Betrieb tote Schweine eröffnet und Proben zur weiterführenden Diagnostik entnimmt.

Daher hat das BLV zusammen mit der Schweizerischen Vereinigung für Schweinemedizin im Januar 2019 das Pilotprojekt „ZoE-BTA“ lanciert, um die «Zielorientierte Entnahme von Proben im Schweinebestand durch den BestandsTierArzt» zu fördern. Am Pilotprojekt nahmen 13 spezifisch in der ZoE ausgebildete Tierärzte teil. Diese erhielten finanzielle Unterstützung für die Durchführung einer ZoE im Betrieb und weiterführende Laboruntersuchung der Proben. Im Gegenzug dokumentierten sie jeden Fall ausführlich in einem standardisierten Befundformular und übermittelten dieses dem BLV für übergreifende Auswertungen.

Während der Pilotphase von Januar 2019 bis Dezember 2020 wurden 221 ZoE-Fälle über ZoE-BTA abgeklärt und 374 Schweine aller Alterskategorien von 166 verschiedenen Betrieben untersucht. Bei der Mehrheit der Fälle (78%) konnte die Krankheitsursache der untersuchten Tiere identifiziert werden. In den meisten Fällen (56%) lag ein Problem am Digestionsapparat zugrunde. In 94% der Fälle setzte der Tierhalter die empfohlenen Massnahmen vollständig oder teilweise um, und bei der Nachkontrolle konnten die Tierärzte in 83% eine Verbesserung der Bestandsproblematik feststellen.

Ohne das Projekt ZoE-BTA hätten die Tierärzte laut eigenen Angaben 50% aller Fälle mittels Hofsektion untersucht, 20% mittels Sektion an einer Untersuchungseinrichtung, bei 30% wäre hingegen ohne das Projekt keine weitergehende Untersuchung erfolgt. Der häufigste Grund, warum der Fall mittels ZoE und nicht mittels Sektion in einem Labor abgeklärt wurde, waren logistische Beweggründe wie fehlende Transportmöglichkeiten (55%). Es wurden 49 Abklärungen meldepflichtiger Tierseuchen durchgeführt und dabei u.a. ein Fall von enzootischer Pneumonie in einem grossen Ferkelring frühzeitig aufgedeckt.

Das Pilotprojekt ZoE-BTA konnte seine Ziele erreichen: Gemäss der hohen Aufklärungsquote verfügten die Tierärzte über genügend Kompetenz in der ZoE und konnten in vielen Fällen eine verbesserte Bestandsgesundheit erreichen. ZoE-BTA erwies sich als sinnvolle Ergänzung zu PathoPig zur Förderung der Bestandsdiagnostik. Die zufriedenstellend hohe Untersuchungszahl ermöglichte, zusammen mit PathoPig, einen guten Einblick in die

Gesundheitssituation in Schweizer Schweinebeständen sowie die Früherkennung von Krankheitsausbrüchen. Daher soll ZoE-BTA als reguläres Programm weitergeführt werden. Angestrebt wird eine Programmkoordination zusammen mit PathoPig durch eine zentrale fachkompetente Stelle unter Mitfinanzierung der Branche.

3.6.2 Retrospektive Betrachtung der Wirksamkeit von „White Zones“ bei der Bekämpfung der ASP - Ursachen für Erfolg und Misserfolg

Autoren Martin Lange, Adam Reichold, Hans-Hermann Thulke

Institutionen Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung Leipzig - UFZ, Leipzig, Deutschland;
martin.lange@ufz.de

In der Modellierung zu Entscheidungsproblemen des Tierseuchenmanagements liegt das Hauptaugenmerk meist auf der Vorhersage der Effektivität von Maßnahmen. Nur selten wird dies retrospektiv untersucht.

Die 14-jährige Geschichte der Afrikanischen Schweinepest (ASP) in Eurasien bietet Gelegenheiten für eine rückblickende Betrachtung. Mögliche Erkenntnisse wären für die ASP-Bekämpfung im Wildschwein in Deutschland von Nutzen. Wir setzen uns daher mit den Erfahrungen anderer EU-Mitgliedsstaaten auseinander. Sogenannte „White Zone“-Ansätze zielen darauf, durch vorbeugende drastische Senkung der Wildschwein-Population in einem definierten Gebiet die Ausbreitung der ASP zu stoppen. Mittels retrospektiver Modellierung haben wir die Effektivität dieser Maßnahmen anhand vergangener Fallbeispiele bewertet.

Wir verwenden ein etabliertes Modell, mit dem die Bekämpfungspraxis auf EU-Ebene seit vielen Jahren unterstützt wird. Das Modell spiegelt die Ökologie der Wildschweine sowie die Epidemiologie der ASP auf überregionaler Ebene wider.

Wir haben verfügbare Beispiele für ASP-Bekämpfung verglichen und repräsentative Szenarien ausgewählt: Estland 2014, Lettland 2016 und Tschechische Republik 2017. Die geographischen und zeitlichen Details der Kontrollmaßnahmen haben wir im Modell nachgestellt: verstärkte Bejagung, nichtjagdlische Depopulation, Kadaverbeseitigung und Errichtung von Zäunen. Die Wirksamkeit dieser Maßnahmenbündel wurde anhand von simulierten ASP-Epidemien im Wildschwein untersucht. Die Modellläufe wurden bis zum Festlegungszeitpunkt der Zonen mit entsprechenden ADNS-Daten initialisiert. Die Ausbreitung der Infektion sowie die Auswirkungen der „White Zones“ auf diese wurden mit den tatsächlichen Verläufen verglichen.

Wir konnten rückblickend die Gründe für das Scheitern der Maßnahmen in einzelnen EU-Mitgliedsstaaten identifizieren. Für Estlands zeigt sich, dass eine Zonierung ohne aktive Maßnahmen keinen Effekt auf die Ausbreitung hat. In Lettland wird deutlich, dass die Maßnahmen der Mobilität der Wildschweine Rechnung tragen müssen. Weiter zeigt Lettland, dass die Populationsreduktion rechtzeitig beginnen muss, um beim Eintreffen des Seuchenzuges ausreichend Wirkung entfaltet zu haben. Gegebenenfalls muss der Abstand der Zone zum betroffenen Gebiet diesen zeitlichen Vorsprung ermöglichen.

Die Möglichkeit wiederholter stochastischer Simulationen eröffnet eine neue Interpretation des Eindämmungserfolges in Tschechien. Dieser stellt sich als Verkettung glücklicher Umstände dar. Die Modellergebnisse zeigen, dass der mäßige Jagddruck in der „White Zone“ nach Ausbrechen aus der Kernzone nicht imstande gewesen wäre, die Ausbreitung zu verhindern. In den meisten Modellläufen wurde der Ausbruch nicht wie in der Realität im Kerngebiet gestoppt.

Die retrospektive Betrachtung realer Situationen durch Vergleich zwischen Realität und Modellaussagen ist ein geeignetes Mittel, um das Verständnis epidemiologischer Probleme zu verbessern.

Im konkreten Fall konnten wir Ursachen für die unterschiedliche Effektivität der „White Zones“ identifizieren. Diese Erkenntnisse können in die Planung aktueller und zukünftiger Bekämpfungsmaßnahmen gegen die ASP einfließen.

3.6.3 African Swine Fever and the role of serological positive wild boar in Estonia – epidemiological considerations

Autoren Jana Schulz¹, Katja Schulz¹, Christoph Staubach¹, Imbi Nurmoja², Franz J. Conraths¹, Carola Sauter-Louis¹, Arvo Viltrop³

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut, Institute of Epidemiology, Greifswald - Insel Riems, Germany; ²Estonian Veterinary and Food Laboratory, Tartu, Estonia; ³Estonian University of Life Sciences, Institute of Veterinary Medicine and Animal Sciences, Tartu, Estonia; jana.schulz@fli.de

In Estonia, the first cases of African swine fever (ASF) were detected in wild boar (WB) in September 2014. The virus was probably introduced through migrating infected WB from northern Latvia. Due to intensive disease control and reduced WB population density, the prevalence of ASF virus (ASFV)-positive WB decreased since 2018. No ASFV-positive WB were found since February 2019. However, new ASFV cases were detected starting from August 2020. WB that had tested positive for ASFV-specific antibodies were continuously reported.

The role of serologically positive WB in the spread or maintenance of ASF is controversially discussed. There is no scientific evidence that ASF survivors serve as virus carriers and can further transmit the disease. Our study aimed to determine if (1) carriers could have played a role in maintaining ASF in Estonia, (2) there might have been undetected virus circulation or (3) new virus introductions could explain the re-occurrence of ASF in Estonia.

We estimated the confidence of freedom from disease considering surveillance data since 2018. A cluster analysis addressed the temporal and spatial relationship between serologically positive WB and the re-occurrence of ASFV-positive WB in Rapla county (August 2020) and Lääne-Viru county (December 2020).

Assuming a design prevalence of 1% in hunted WB and 60% in WB carcasses (and conservative, plausible other parameters), the confidence of freedom from disease was estimated as 88% in Rapla county and 92% in Lääne-Viru county. Six spatial clusters with a significantly higher number of serologically positive WB were identified: one covering Rapla county and two including Lääne-Viru county. A spatio-temporal connection to the periods, when the new ASFV cases had occurred, was not found.

With the current surveillance activities, undetected virus circulation cannot be excluded with 95% confidence. However, due to the usually increased numbers of WB carcasses emerging, when ASFV circulates, a continuous, undetected virus circulation seems to be unlikely. As no spatio-temporal clusters were detected, we found no evidence for a carrier state in recovered animals. However, according to the low detection probability, the study cannot prove the absence of carriers. Two spatially independent re-introductions of the virus seem to be unlikely. However, the fact that ASFV is circulating in neighbouring countries increases the risk of new virus introductions. Unfortunately, the results of the study do not provide an unambiguous explanation for the re occurrence of ASFV-positive WB in Estonia. Comprehensive data and further analyses are needed to address this question.

3.7 Diverse Themen

3.7.1 Veränderung braucht Problembewusstsein – Tierhalter:innen unterschätzen die Prävalenz ihrer lahmen Kühe

Autoren **K. Charlotte Jensen^{1,2}, Andreas Öhm^{3,4}, Annegret Tautenhahn⁵, Melanie Feist³, Kerstin-Elisabeth Müller⁵, Friedemann Adler⁶, Amely Campe⁶, Martina Hoedemaker¹, Roswitha Merle²**

Institutionen ¹Klinik für Rinder, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; ²Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Freie Universität Berlin, Deutschland; ³Klinik für Wiederkäuer, Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland; ⁴Klinik für Klauentiere, Universität Leipzig, Deutschland; ⁵Klinik für Klauentiere, Freie Universität Berlin, Deutschland; ⁶Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; Charlotte.Jensen@fu-berlin.de

Lahmheit bei Milchkühen stellt eine der größten Herausforderungen in der derzeitigen Milchkuhhaltung dar - mit massiven Auswirkungen auf das Tierwohl, die Fruchtbarkeit, die Lebensleistung und den ökonomischen Erfolg des Betriebes. Trotz zahlreicher Studien und Bemühungen verschiedener Seiten bleiben die Prävalenzen lahmer Kühe weiter hoch. Eine mögliche Ursache ist, dass Tierhalter:innen sich ihrer lahmen Kühe nicht bewusst sind. Ziel dieser Arbeit war es, zu untersuchen, wie gut die Einschätzung der Tierhalter:innen hinsichtlich des Anteils lahmer Kühe ist und zu erkunden, mit welchen Faktoren ein mangelndes Problembewusstsein zusammenhängt.

Im Rahmen der PraeRi-Studie wurden insgesamt 765 zufällig ausgewählte Milchkuh-Betriebe in drei strukturell unterschiedlichen Regionen Deutschlands einmalig besucht. Auf diesen Betrieben wurde durch geschulte Tierärzt:innen der Anteil lahmer Kühe bestimmt. Eine Kuh wurde dann als lahm angesehen, wenn sie mit einem Score ≥ 3 nach Sprecher et al. (1997) bewertet wurde bzw. bei Anbindehaltung ≥ 2 Kriterien des Stall Lameness Score (Leach et al., 2009) erfüllte. Zugleich wurden die Tierhalter:innen gefragt, wie viele ihrer Kühe aktuell „lahm oder nicht rund“ laufen. Darüber hinaus wurden Fragen zur Ausbildung und Einstellung der Tierhalter:innen, zur Struktur des Betriebes und zum Management gestellt. Schließlich wurden die Tierhalter:innen gebeten, einen kurzen HEXACO-Fragebogen auszufüllen.

Aus der durch die Tierhalter:innen geschätzten Prävalenz und der durch die Tierärzt:innen beobachteten wurde der Quotient gebildet (Farmers´ Detection Index; FDI). Dieser beschreibt den Anteil lahmer Kühe, dessen die Tierhalter:innen sich bewusst sind. Zusammenhänge zwischen der Betriebsstruktur, dem Klauenpflege-Management, der Einstellung und der Persönlichkeit der Tierhalter:innen mit dem FDI wurden explorativ untersucht.

Die mediane Prävalenz lahmer Kühe, die durch die Studientierärzt:innen festgestellt wurde, betrug in den drei Regionen 23,1% (Nord), 39,1% (Ost) bzw. 23,2% (Süd). Demgegenüber schätzten die Tierhalter:innen die Prävalenz auf ihren Betrieben im Median auf 9,5% (Nord), 9,5% (Ost) bzw. 7,1% (Süd). Die Tierhalter:innen waren sich nicht einmal jeder zweiten (Nord), vierten (Ost) bzw. dritten (Süd) lahmen Kuh bewusst (Median des FDI: .42,9% (Nord), 24,0% (Ost), 30,0%(Süd)). Insbesondere hinsichtlich der Betriebsstruktur und der Einstellung der Tierhalter:innen zeigten sich Zusammenhänge mit dem FDI. So hatten beispielsweise ökologisch wirtschaftende Betriebe einen signifikant höheren FDI als konventionell wirtschaftende Betriebe.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass viele Tierhalter:innen den Anteil lahrender Kühe deutlich unterschätzen. Es werden erste Ideen abgeleitet, woher das mangelnde Problembewusstsein von Tierhalter:innen stammt. Lösungsorientiert werden Möglichkeiten diskutiert, wie sich die Einschätzung verbessern lässt, um bei den Tierhalter:innen eine höhere Motivation zur Bekämpfung und Prävention von Lahmheit zu fördern.

3.7.2 Klimaorientierte Projektion von One-Health Risiken – Was ist belastbar?

Autoren Henning Nolzen, Adam Reichold, Jonas Brock, Martin Lange, Hans-Hermann Thulke

Institutionen Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ, Department für Ökologische Systemanalyse, Leipzig, Deutschland; henning.nolzen@ufz.de

Für viele epidemiologische Systeme sind die langfristigen Auswirkungen des anthropogenen Klimawandels nicht bekannt. Ein besonders relevantes Beispiel ist die zukünftige Verbreitung und Aktivität des gemeinen Holzbocks (*Ixodes ricinus*) als Überträger von Lyme-Borreliose und FSME. Prognosen zu klimabedingten Änderungen der Populationsdynamik von *I. ricinus* stellen aufgrund komplexer biotischer und abiotischer Wechselwirkungen eine Herausforderung dar. Für die bekannten Treiber Temperatur und Luftfeuchtigkeit stehen hoch aufgelöste Prognosen aus Klimamodellen zur Verfügung (~12,5 km x 12,5 km). Diese können in mechanistischen, ökologisch-epidemiologischen Modellen verwendet werden, um Aktivitätsmuster der Zecken in die Zukunft zu extrapolieren. Ziel der Studie ist, Klimaprojektionen mit ökologisch-epidemiologischen Modellen zu verknüpfen, um Aussagen über die zukünftige Aktivität von *I. ricinus* und deren Auswirkungen auf das Borreliose-Risiko abzuleiten.

Wir haben ein kohortenbasiertes, räumlich-explizites Populationsmodell für die saisonale Aktivität von *I. ricinus* in verschiedenen Habitattypen entwickelt. Die Aktivitätsdynamik der Zecken wird durch meteorologische Zeitreihen getrieben. Das Modellverhalten haben wir mit Felddaten zur Zeckenaktivität und -dichte validiert. Unter Verwendung von 13 unabhängigen Klimaprojektionen bis zum Jahr 2099 wurde die saisonale Zeckenaktivität für einen Standort in Süddeutschland simuliert. Die Auswirkung der meteorologischen Modellprädiktoren auf den saisonalen Verlauf der Aktivität der Zecken im Nymphen-Stadium stand im Fokus der Auswertung.

Unsere Extrapolation zeigt, dass bereits ein moderater Temperaturanstieg zu einer deutlichen Verschiebung der Zeckenaktivität vom zweiten ins erste Quartal führen kann. Interessanterweise passt die gefundene Langzeitprojektion (bis 2099) gut zu den Tendenzen in Beobachtungsdaten der letzten Dekade (Ist). Im Sommer ist hingegen aufgrund von Hitze und Trockenheit mit einer etwas verringerten Aktivität zu rechnen.

Die ausgesprochen starke Reaktion der Dynamik auf die meteorologischen Treiber führt uns zur Diskussion der Frage, ob die unmittelbare Extrapolation gegenwärtig beobachteter Regeln und Abläufe in eine klimatisch ferne Zukunft – so wie in epidemiologischen Vorhersagestudien weit verbreitet – sachlich angemessen ist. Die dafür implizit postulierte Weiterführung des Verhaltens von Zecken (oder Parasiten allgemein) unter heutigen Klimabedingungen in die Zukunft, setzt die Organismen einem Automaten gleich. Bei der Interpretation prognostizierter epidemiologischer Dynamiken, die auf einer Fortschreibung von Klimatreibern beruhen, ist Vorsicht geboten.

3.7.3 An inventory of zoonotic and food borne disease surveillance system: Expanding the One Health Knowledge Base

Autoren Johanna Dups-Bergmann¹, Thomas Selhorst², Carola Sauter-Louis¹, Franz J. Conraths¹, Jörn Gethmann¹

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland; ²Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Deutschland; Johanna.Dups-Bergmann@fli.de

Aim: Effective disease management decision making is often underpinned by surveillance data. For zoonotic and food-borne diseases that benefit from a One Health (OH) approach, data from multiple surveillance systems may be required. However, identifying and accessing these data can be difficult as they are often collected at different governmental levels, presented in different platforms, and published in different languages. To address this problem, we aimed to develop an accessible and searchable inventory of the zoonotic and food-borne disease surveillance systems in existence across Europe.

Methods: We created spreadsheet-based questionnaires to collect uniform data describing relevant surveillance systems from each of the following sectors: animal health, public health, and food and feed safety. The variables for inclusion were determined by consensus selection following several rounds of consultation with project members and stakeholders. Final spreadsheets were sent to all project partners for data contribution.

Results: Currently, the inventory contains 166 entries for public health, 212 for animal health and 118 for food and feed safety. The inventory is an ongoing resource and additional contributions are expected and encouraged. Data are easily accessible on an interactive web based application, (https://shiny.fli.de/ife-apps/EJPOrion_WP2Epi/), developed using R software and in combination with the “shiny” package. The application includes intuitive search functions that allow for identification and comparison of existing surveillance systems for specified pathogens, across both sectors and countries.

Conclusions: This surveillance inventory facilitates both information accessibility and exchange across sectors and countries for improved OH approaches to disease management.

Funding: This work was done as part of ORION project in collaboration with the MATRIX project, supported by funding from the European Union’s Horizon 2020 Research and Innovation programme under grant agreement No 773830: One Health European Joint Programme

3.7.4 10 Jahre BVD-Bekämpfung in Deutschland

Autoren Jörn Gethmann, Ann-Kathrin Güttner, Franz J. Conraths

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland; joern.gethmann@fli.de

Seit Januar 2011 wird die Bovine Virusdiarrhoe (BVD) in ganz Deutschland staatlich bekämpft. Ziel der Bekämpfung ist die Erkennung und Entfernung der persistent infizierten Tiere (PI-Tiere) aus der Population. Dazu werden alle Rinder, die verbracht werden sollen, auf das BVD-Virus untersucht. Die Untersuchungsergebnisse müssen in die Datenbank „Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere“ (HIT) eingetragen werden. Ziel dieser Studie ist, die in HIT hinterlegten Daten bezüglich BVD systematisch auszuwerten.

Die für die Analyse benötigten Tabellen in HIT wurden in eine SQL-Datenbank gespiegelt und mit Hilfe der Software R (R Statistical software; <https://www.R-project.org/>) in Bezug auf epidemiologisch relevante Parameter wie Prävalenzentwicklung, Altersverteilung von PI-Tieren und die Zeit zwischen dem Erkennen und dem Entfernen aus der Population analysiert. Insgesamt wurden von 2011 bis 2020 etwa 52,4 Millionen Rinder auf BVD untersucht.

Basierend auf dem Bekämpfungsschema wurden dabei 49.107 Rinder durch Testung und 382 durch einen abgeleiteten Status als PI-Tiere klassifiziert. Gemessen an den Geburten ging der Anteil an PI-Tieren von 0,5 % (2011, n=23807) auf 0,005 % (2020, n=20) und die BVD-betroffenen Betriebe von 3,44% (2011, n=7813) auf 0,026% (2020, n=51) zurück. Die Altersverteilung zeigte, dass von den 49.107 identifizierten PI-Tieren 2.438 älter als 24 Monate waren. Die Analyse zeigt auch, dass das Alter, in dem die Erstuntersuchung erfolgt, und die Zeit zwischen dem Vorliegen eines positiven Testergebnisses und dem Entfernen des PI-Tieres über die Jahre geringer wurde. Dennoch gab es auch 2020 noch einzelne mutmaßliche PI-Tiere, die erst nach mehr als 100 Tagen aus den Beständen entfernt wurden.

Die Ergebnisse der Analyse zeigen, dass das bisherige Bekämpfungsprogramm ein Erfolg ist und die PI-Prävalenz deutlich verringert werden konnte. Seit 2017 sank die PI-Prävalenz weniger stark, in einigen Ländern stieg sie sogar in geringem Maße wieder an. Die Ergebnisse zeigen auch, dass die Zeit zwischen Entdeckung und Entfernen von PI-Tieren zwar geringer geworden ist, es zum Teil aber immer noch zu lange dauert, bis die Rinder aus den Betrieben entfernt werden.

Vor dem Hintergrund der Diskussion über die Ziele der BVD-Bekämpfung in Deutschland, liefern die Daten wichtige Erkenntnisse zur weiteren Planung.

4 Poster

4.1.1 Ein iterativer frequentistischer Ansatz der latenten Klassenanalyse für die Evaluation bedingt abhängiger diagnostischer Tests

Autoren Clara Schoneberg, Lothar Kreienbrock, Amely Campe

Institutionen Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, WHO Collaborating Centre for Research and Training for Health at the Human-Animal-Environment Interface, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; clara.schoneberg@tiho-hannover.de

Die latente Klassenanalyse ist eine etablierte Methode zur Evaluierung diagnostischer Tests ohne Goldstandard in der Veterinärmedizin. Eine wichtige Annahme ist dabei die bedingte Unabhängigkeit der Tests. Werden Tests mit demselben biologischen Prinzip verwendet, ist diese Annahme nicht mehr erfüllt. Für Bayessche latente Klassen-Modelle sind bereits Lösungen vorhanden, um bedingte Abhängigkeiten zu berücksichtigen. Da es bisher keine geeigneten frequentistischen Ansätze gibt, wurde eine Methode entwickelt, die das klassische latente Klassenmodell um einen Term für die bedingte Abhängigkeit der Tests erweitert. Dies erhöht jedoch die Anzahl der zu schätzenden Parameter und führt zu negativen Freiheitsgraden des Modells, was bedeutet, dass in den vorhandenen Daten weniger Informationen enthalten sind als für eine eindeutige Schätzung der Parameter erforderlich ist. Infolgedessen ist das Modell nicht mehr eindeutig lösbar. Um die Anzahl der zu schätzenden Parameter zu reduzieren, wurde ein iterativer Algorithmus entwickelt.

Nach Wahl geeigneter Startwerte betrachtet dieser die Werte der bedingten Abhängigkeiten sowie die der Testgüten und Prävalenz abwechselnd als fest, während er die jeweils anderen Parameter neu schätzt. Dieser zweistufige Prozess wird so lange wiederholt bis das Modell konvergiert. Um die Anwendbarkeit der neu entwickelten Methode zu überprüfen, wurde eine Simulationsstudie durchgeführt, die auf verschiedenen Anwendungsfällen aus der Veterinärmedizin basiert. Die Ergebnisse wurden mit denen der bekannteren Bayesschen Methoden sowie der klassischen bedingt unabhängigen latenten Klassenanalyse verglichen.

In diesem Vortrag werden die Ergebnisse der Simulationsstudie vorgestellt und die Anwendbarkeit des iterativen Ansatzes als Alternative zu den vorhandenen Methoden zur diagnostischen Testevaluation diskutiert.

4.1.2 Rücklagenberechnung einer Tierseuchenkasse – Gedanken und mögliche Lösungen

Autoren Nicolai Denzin¹, Steffen Fleßa², Ursula Gerdes³, Hartmut Lentz¹, Franz J. Conraths¹

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut, Deutschland; ²Universität Greifswald, Deutschland; ³Niedersächsische Tierseuchenkasse, deutschland; Nicolai.Denzin@fli.de

Tierseuchenkassen als Anstalten des öffentlichen Rechts erheben Beiträge von Tierhaltern, um unter anderem Kompensationsleistungen im Tierseuchenfall zu erbringen.

Im Jahr 2021 wurde eine auf einem pragmatischen, stochastischen Modell beruhende Berechnung der erforderlichen finanziellen Rücklagen der Niedersächsischen Tierseuchenkasse aus dem Jahr 2015 mit aktualisierten Daten und Vorgaben wiederholt. Das Modell einschließlich des Berechnungsansatzes und Ergebnisse werden vorgestellt, wobei insbesondere auf Differenzen in Ansatz und Ergebnis der Berechnungen aus den Jahren 2015 und 2021 eingegangen wird.

Die Betrachtungen zu den empfohlenen Höhen der Rücklagen werden von der reinen Absicherung der Zahlungsfähigkeit als Bewertungsrahmen auf einen mehr volkswirtschaftlich orientierten Ansatz erweitert. Hierbei werden u. a. auch Opportunitätskosten der Tierhalter sowie Zinssätze (Sparguthaben versus Kreditaufnahme) berücksichtigt. Exemplarisch sei hier nur auf die Problematik der Strafzinsen (Negativzinsen) in der derzeitigen finanzpolitischen Situation verwiesen.

Ein modellbasierter Optimierungsansatz hinsichtlich der Rücklagenhöhe unter Berücksichtigung der oben beschriebenen Erweiterungen wird vorgestellt.

4.1.3 Antibiotikaeinsatz in der Klinik für Kleintiere der Tierärztlichen Hochschule Hannover in den Jahren 2017 und 2018

Autoren Anne Schnepf¹, Sabine Kramer², Rolf Wagels³, Holger A. Volk², Lothar Kreienbrock¹

Institutionen ¹Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; ²Klinik für Kleintiere, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; ³Dezernat Informations- und Datenverarbeitungsservice (TiHo-IDS), Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; anne.schnepf@tiho-hannover.de

Im Gegensatz zu lebensmittelliefernden Tieren, bei denen die Dokumentation des Einsatzes von antimikrobiellen Mitteln gesetzlich geregelt ist, wird der antimikrobielle Einsatz (AMU) bei Hunden und Katzen kaum überwacht. Im Rahmen dieser Auswertung werden Daten evaluiert, welche durch eine elektronische Praxisverwaltungssoftware (e-PMS) in der Klinik für Kleintiere der Tierärztlichen Hochschule Hannover (TiHo) über einen Zeitraum von zwei Jahren (1. Januar 2017 – 31. Dezember 2018) generiert wurden.

Im Jahr 2017 wurden 78.076 Arzneimittelabrechnungen bei 5.471 Hunden und Katzen dokumentiert, davon 14.020 (17,96 %) Antibiotika, bei 2.910 (51,31 %) Hunden und Katzen d.h. 4,82 Abrechnungen von Antibiotika pro Tier. Im Jahr 2018 wurden 104.481 Arzneimittelabrechnungen bei 5.939 Hunden und Katzen dokumentiert. Von diesen wurden 18.170 (17,39 %) Antibiotika bei 3.176 (53,48 %) Hunden und Katzen dokumentiert, d.h. 5,72 Abrechnungen von Antibiotika pro Tier. Trotz der zunehmenden Dokumentation von abgerechneten Antibiotika waren die Unterschiede zwischen 2017 und 2018 nicht statistisch signifikant (Odds Ratio (OR) 1,01; 95 % Konfidenzintervall (KI) 0,98 - 1,03).

Berücksichtigt man die erhöhte Anzahl behandelter Patienten, so hat sich die (relative) Menge der verabreichten Antibiotika von 5.360,82 mg pro Tier im Jahr 2017 (gesamt: 15,60 kg; Hunde: 14,80 kg, Katzen: 0,80 kg) zu 5.371,54 mg pro Tier im Jahr 2018 (gesamt: 17,06 kg; Hunde: 16,11 kg, Katzen: 0,96 kg) kaum verändert.

In den Jahren 2017 und 2018 waren die am häufigsten verabreichten antimikrobiellen Gruppen Penicilline, Nitroimidazole und Fluorchinolone für Hunde bzw. Katzen.

Während die Apotheke den größten Anteil an der Menge an verabreichten Antibiotika ausmacht, ist der höchste Anteil an der Anzahl der Gaben der stationären Versorgung zuzuordnen. Die verabreichten Antibiotika in der Ambulanz hatten jeweils den niedrigsten Anteil.

Da zwischen 2017 und 2018 kein Unterschied bei den abgerechneten Antibiotika und den am häufigsten verwendeten Antibiotikaklassen beobachtet wurde, können die Ergebnisse dieser beiden Jahre als Ausgangsbasis verwendet werden, um Änderungen der hausinternen Richtlinien und zukünftige gesetzliche Anforderungen zu beurteilen.

4.1.4 „Spezielle“ Antibiotika bei Schweinen in Deutschland – eine longitudinale Analyse unter Berücksichtigung verschiedener internationaler Klassifikationen

Autoren Clarissa Bonzelett¹, Fritjof Freise¹, Maria Hartmann¹, Annemarie Kaesbohrer², Lothar Kreienbrock¹

Institutionen ¹Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung (IBEI), TiHo Hannover, Deutschland; ²Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Deutschland; clarissa.bonzelett@tiho-hannover.de

Im Hinblick auf die, trotz großer Bemühungen, steigende Entwicklung von Antibiotikaresistenzen und der daraus resultierenden Gefahren für Mensch und Tier, ist ein Monitoring des Antibiotikaeinsatzes in allen Bereichen erforderlich. In der Veterinärmedizin kommt, neben dem absoluten Antibiotikaeinsatz, so genannten „kritisch bedeutsamen“ (engl. "critical important") Antibiotika eine besondere Gewichtung zu. Ihr Einsatz bei Tieren ist häufig umstritten, da es sich bei diesen Wirkstoffen und Wirkstoffgruppen um Substanzen handelt, die für die Behandlung bestimmter Erkrankungen beim Menschen als wichtig erachtet werden.

Das seit 2013 laufende Projekt VetCAb-S (Veterinary Consumption of Antibiotics-Sentinel) liefert Daten, die sich mit dem Antibiotikaeinsatz bei Lebensmittel liefernden Tieren befassen. Auf Basis der gesetzlich vorgeschriebenen Anwendungs- und Abgabebelege (AuA) werden Informationen bezüglich der Identität, Art und Anzahl der behandelten Tiere, Arzneimittelname, Dosierung, Behandlungsdauer, Indikation und Applikationsart erfasst.

Aktuelle Auswertungen befassen sich mit der Gesamttherapiehäufigkeit und der gewichteten, prozentualen Therapiehäufigkeit einzelner Wirkstoffgruppen pro Halbjahr zwischen 2013 und 2020 bei den verschiedenen Nutzungsrichtungen der Schweine – Ferkel, Läufer, Mastschwein und Sau. Betrachtet man die absolute Therapiehäufigkeit (TH), so sank der Median über die gesamte Projektlaufzeit in allen vier Nutzungsrichtungen. Die größte Reduktion konnte bei der Gruppe der Läufer haltenden Betriebe beobachtet werden: Hier sank die TH von 11,6 auf 0,3 – ein Tier wurde also im Durchschnitt nur noch an 0,3 Tagen im Halbjahr antibiotisch behandelt.

Um die Entwicklung der „kritisch bedeutsamen“ Antibiotika genauer zu bewerten, wurden die einzelnen Wirkstoffgruppen separiert und nach Vorgabe verschiedener Organisationen (WHO, OIE und EMA) klassifiziert. Der Vortrag zeigt zeitliche Trends in Abhängigkeit von der jeweils wichtigsten Gruppe dieser Klassifikationssysteme: „HPCIA“, „VCIA“ und „Restrict B“. Dabei stellt sich heraus, dass erhebliche Unterschiede der gewichteten, prozentualen Therapiehäufigkeiten in den vier Nutzungsrichtungen beobachtet werden können.

Aus unseren Auswertungen ergibt sich, dass mehr Informationen zu den genauen Indikationen und dem genauen Zeitpunkt der Behandlung innerhalb der Mast benötigt werden und daher die einschlägigen Monitoring-Systeme dringend einer Reform bedürfen. Diese zusätzlichen Informationen können helfen, sensible Zeiträume zu bestimmen und daraus Empfehlungen für Prävention und Therapie abzuleiten.

4.1.5 Afrikanische Schweinepest: Ist die aktuelle Lage in Deutschland tatsächlich mit Tschechien oder Belgien vergleichbar?

Autoren Carola Sauter-Louis¹, Katja Schulz¹, Michael Richter², Christoph Staubach¹, Thomas C. Mettenleiter¹, Franz J. Conraths¹

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut, Deutschland; ²Sächsisches Staatsministerium für Soziales und Gesellschaftlichen Zusammenhalt; carola.sauter-louis@fli.de

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) ist eine Erkrankung von Haus- und Wildschweinen, deren Auftreten enorme sozioökonomische Auswirkungen mit sich bringt. Die ASP gilt in der EU als Kategorie A-Krankheit, die in betroffenen Mitgliedsstaaten bekämpft werden muss. In dem momentanen Seuchengeschehen, das seinen Ursprung 2007 in Georgien nahm, ist es in der EU bisher lediglich Tschechien und Belgien, wo die ASP nur bei Wildschweinen aufgetreten ist, gelungen, die ASP wieder zu eliminieren.

Nachdem im September 2020 der erste Fall von ASP bei Wildschweinen in Deutschland festgestellt wurde, lag es nahe, dass die erfolgreichen Bekämpfungsmaßnahmen aus Tschechien und Belgien als Orientierung für die deutsche Bekämpfungsstrategie verwendet wurden.

In der vorliegenden Studie wurde der epidemiologische Verlauf der ASP in den ersten sechs Monaten seit dem ersten Auftreten in diesen drei Ländern verglichen. Dazu wurden das Datum des Auftretens sowie die Koordinaten aus dem Animal Disease Information System (ADIS, ADNS) für Tschechien und Belgien und aus dem Tierseuchennachrichtensystem (TSN) für Deutschland jeweils für die ersten 180 Tage nach Auftreten der Krankheit extrahiert. Cluster im Auftreten der Krankheit wurden für jedes Land ermittelt und minimale konvexe Polygone (MKP) pro Tag für die bis dahin aufgetretenen Fälle berechnet. Sowohl die Anzahl der ASP-positiven Wildschweine als auch die Anzahl dieser Tiere pro Cluster wurden zwischen den drei Ländern verglichen.

In Tschechien und Belgien kam es jeweils zu einem einmaligen Eintrag der Krankheit (Punktquelle) und es konnte in beiden Ländern nur jeweils ein Cluster identifiziert werden. In Deutschland dagegen kam es zu mehreren unabhängigen Viruseinträgen, verursacht durch einen kontinuierlichen Infektionsdruck entlang der Grenze zu Polen. Hier konnten vier verschiedene Cluster ermittelt werden. Der Verlauf innerhalb der einzelnen Cluster in Deutschland war mit dem in Tschechien und Belgien vergleichbar, jedoch zeigte die Gesamtsituation deutliche Unterschiede. In Tschechien und Belgien lagen die nächsten ASP-Fälle über 400 bzw. 800 km entfernt, d.h. die Bekämpfung konnte in einem Radius um die Fälle erfolgen. Tschechien konnte die Maßnahmen komplett auf dem eigenen Staatsgebiet durchführen, während in Belgien sowohl Luxemburg als auch Frankreich an der Bekämpfung beteiligt waren. Im Unterschied dazu ist in Deutschland das Grenzgebiet zu Polen auf einer Länge von mehr als 100 km dem Risiko der Einwanderung infizierter Wildschweine ausgesetzt und es erfolgt keine gemeinsame Bekämpfung auf beiden Seiten der Grenze. Diese Unterschiede erfordern möglicherweise eine entsprechende Anpassung der Bekämpfungsmaßnahmen, zum einen hinsichtlich der Zäunungen entlang der Grenze auf der deutschen Seite, zum anderen bei den in Deutschland im Inland festgestellten Clustern.

4.1.6 Hunting for Answers: A Participatory Approach on Measures against African swine fever in Wild Boar in Estonia

Autoren Nico Urner¹, Kerli Mõtus², Imbi Nurmoja³, Jana Schulz¹, Carola Sauter-Louis¹, Christoph Staubach¹, Franz J. Conraths¹, Katja Schulz¹

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut, Federal Research Institute for Animal Health, Institute of Epidemiology; ²Estonian University of Life Science, Institute of Veterinary Medicine and Animal Sciences; ³Estonian Veterinary and Food Laboratory (VFL); nico.urner@fli.de

The implementation of control measures and passive surveillance regarding African swine fever (ASF) in wild boar relies mainly on hunters. Therefore, our study assessed the acceptance of control measures and passive surveillance by Estonian hunters using participatory tools.

Ten focus group discussions were conducted with Estonian hunters. Using relation diagrams, impact diagrams and various visualisation tools, the satisfaction of relations in the hunters' network, the perceived consequences of finding dead wild boar and the acceptance of several control measures were assessed.

The 46 participating hunters had the highest satisfaction in working with other hunters, but limited satisfaction towards local veterinarians and higher authorities. Intensified hunting and control measures supporting hunting were perceived as satisfying and suitable for controlling ASF. Measures interfering with hunting (e.g. hunting ban, fencing), as well as involving the army in the hunting process were not accepted. The hunters perceived the consequences of finding dead wild boar as time consuming and costly. Increased incentives and limiting the hunters' reporting duties were the highest rated tools for motivating hunters to report dead wild boar.

Participatory epidemiology has proven to be a valuable tool to improve the understanding of the hunters' point of view in ASF control in Estonia. Communication with affected stakeholders and the consideration of their perceptions prior and during disease might lead to higher acceptance and success of ASF control measures.

4.1.7 Biosicherheit als Schutz vor der ASP – Wie gut sind wir vorbereitet?

Autoren Leonie Klein, Amely Campe, Elisabeth große Beilage

Institutionen Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Deutschland; leonie.klein@tiho-hannover.de

Der Ausbruch von ASP in der Wildschweine-, insbesondere aber auch der Hausweinepopulation hat für das betroffene Land erhebliche und langanhaltende wirtschaftliche Einbußen zur Folge. Durch die konsequente Umsetzung von Biosicherheit ist es aber möglich, auch in endemisch betroffenen Regionen, Hausweine sicher zu halten. In Deutschland sind die Grundzüge der Biosicherheit zum Schutz von Schweinebeständen gesetzlich geregelt. Trotzdem ist zu vermuten, dass nicht jeder Schweinehalter diese Maßnahmen im eigenen Bestand adäquat umsetzt.

Ziel der Studie ist, die Umsetzung von Biosicherheit in Schweine haltenden Betrieben zu erfassen, Defizite zu identifizieren und Erklärungsmöglichkeiten für eine fehlende Umsetzung von Maßnahmen zu liefern. Zu diesem Zweck wurde die Umsetzung von Maßnahmen zur Einhaltung der Biosicherheit in 81 Schweine haltenden Betrieben in Niedersachsen untersucht. Außerdem wurden die Tierhalter in einem offenen strukturierten Interview zu ihren Entscheidungen über Schutzmaßnahmen gegen die ASP befragt.

In einem Mixed Methods- Analyseverfahren wurden Defizite bei den Maßnahmen identifiziert sowie Vergleiche zwischen den Angaben der Landwirte und den tatsächlich vorgefundenen Maßnahmen gezogen. Weiterhin wurden in den Interviews genannte Einstellungen oder äußere Umstände zur Erklärung der Mängel herangezogen.

Die Analyse der Defizite soll der Weiterentwicklung von Aus- und Fortbildungsmöglichkeiten für Schweinehalter dienen.

4.1.8 Innerherdenprävalenz-Grenzwert für die Detektion von *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis* -positiven Milchviehherden mittels Antikörpernachweis in gepoolten Milchproben- eine Feldstudie

Autoren Mette Krieger¹, Susanne Eisenberg², Heike Köhler³, Fritjof Freise¹, Amely Campe¹

Institutionen ¹Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, WHO Collaborating Centre for Research and Training for Health at the Human-Animal-Environment Interface, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland; ²Niedersächsische Tierseuchenkasse, Anstalt des öffentlichen Rechts, Hannover, Deutschland; ³Institut für molekulare Pathogenese, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Jena, Deutschland; Mette.Krieger@tiho-hannover.de

Die Diagnostik der Paratuberkulose auf Herdenebene mittels Poolmilch-ELISA (Poolgröße: $n = \leq 50$) ist eine praktikable und kostengünstige Methode, um Herden, die blutserologisch Paratuberkulose-positiv sind, zu identifizieren. Bis jetzt wurde die diagnostische Performance des Poolmilch-ELISAs nur unter Laborbedingungen beschrieben, wobei die Innerherdenprävalenz durch die Zusammenstellung von Poolmilchproben simuliert wurde [1]. Die Poolmilchproben enthielten dabei Tiere mit bekanntem Paratuberkulose-Status, welcher durch fäkale Kultur bestimmt wurde [1]. In dieser Studie wurde die Testperformance des Poolmilch-ELISAs unter Feldbedingungen untersucht, wobei Poolmilchproben und individuelle Serumproben analysiert wurden. Insgesamt wurden 497 Milchviehherden analysiert, die im niedersächsischen Paratuberkulose Verminderungsprogramm teilgenommen haben und von denen Poolmilchproben und individuelle Serumproben verfügbar waren. Die analysierten Daten stammen von Proben, die zwischen dem 1. Januar und 31. Dezember 2018 genommen wurden.

Um zu evaluieren, ob der Poolmilch-ELISA zuverlässig zwischen Herden mit einer apparenten Innerherdenprävalenz (IHPapp) $\geq 5\%$ und Herden mit einer IHPapp $< 5\%$ unterscheiden kann, wurde die Verteilung der IHPapp zwischen Pool-positiven und Pool-negativen Herden verglichen. Die IHPapp betrug 3,30% (Median) in Pool-positiven Herden und 1,19% (Median) in Pool-negativen Herden. Nur 10.5% ($n=12$) der Pool-negativen Herden hatten eine IHPapp $\geq 5\%$ und waren damit im Rahmen des niedersächsischen Paratuberkulose Verminderungsprogramms falsch negativ. Daher eignet sich die Beprobung mittels Poolmilch sehr gut, um zwischen Herden mit einer IHPapp $\geq 5\%$ und Herden mit einer IHPapp $< 5\%$ zu unterscheiden.

Mittels logistischer Regression [2] wurde ein IHPapp-Grenzwert von 7,86% bestimmt, um eine Pool-positive Herde mit einer Wahrscheinlichkeit von 95% zu detektieren. Dieses Ergebnis stimmt gut mit dem Ziel des niedersächsischen Paratuberkulose Verminderungsprogramms überein, sich auf Herden mit einer IHPapp $\geq 5\%$ zu fokussieren.

Die Ergebnisse dieser Feldstudie unterstützen den Gebrauch von gepoolten Milchproben als kostengünstigen und effektiven ersten Schritt in einem Paratuberkulose Verminderungsprogramm, um blutserologisch Paratuberkulose-positive Herden zu identifizieren.

1. Köhler, H., et al., Within-pool prevalence limits for the identification of paratuberculosis infected herds using antibody detection in pooled milk samples. Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschr., 2017. 130(1/2):p.34-41.

2. Donat, K., et al., Within-herd prevalence thresholds for the detection of *Mycobacterium avium* subspecies paratuberculosis-positive dairy herds using boot swabs and liquid manure samples. Epidemiol. Infect., 2016. 144: p.413-424.

4.1.9 Sieben Jahre ASP im Baltikum – was bisher geschah.

Autoren Katja Schulz, Christoph Staubach, Franz J. Conraths, Carola Sauter-Louis

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Deutschland; katja.schulz@fli.de

Nachdem die Afrikanische Schweinepest (ASP) vor einigen Jahrzehnten, abgesehen von Sardinien, vom europäischen Kontinent eliminiert wurde, erreichte die Tierseuche 2014 erneut die Europäische Union. Im Januar traten die ersten Fälle in Litauen auf, gefolgt von Fälle in Polen im Februar, im Juni in Lettland und wenig später in Estland. Die ersten Fälle wurden bei Wildschweinen entdeckt, sowohl in Litauen als auch in Lettland wurden allerdings noch 2014 erste Ausbrüche in Hausschweinebeständen festgestellt. Um die ASP und ihren Verlauf in betroffenen Ländern besser zu verstehen, wurden in den drei baltischen Staaten umfangreiche Analysen von Überwachungs- und Populationsdaten durchgeführt. Diese Analysen, sowie das Erfassen der Einschätzungen von Jägern hinsichtlich der ASP können helfen, die Überwachungs- und Bekämpfungsstrategien zu evaluieren und das daraus gewonnene Wissen auf andere betroffene Länder anzuwenden.

Sowohl die Prävalenz von ASP-Virus-positiven Tieren als auch ASP-Seroprävalenzen wurden für die einzelnen Studienmonate, geografische Einheiten und verschiedene Altersklassen geschätzt. Zusätzlich wurde ein hierarchisches Bayes-Modell angewendet, um den Verlauf der Krankheit unter Berücksichtigung der zeitlichen und geografischen Abhängigkeiten zu berechnen. Die Entwicklung der Wildschwein-Populationsdichte über die Zeit wurde mit Hilfe von Jagdstreckendaten ermittelt. In allen drei Ländern wurden partizipatorische Studien durchgeführt, um die Akzeptanz der ASP-Bekämpfungsmaßnahmen bei Jägern zu untersuchen.

Der Verlauf der Prävalenzen schien in allen drei Ländern ähnlich. Allerdings war zu beobachten, dass die Prävalenz ASP-Virus-positiver Schweine in Estland früher sank als in Lettland und Litauen. Die Seroprävalenz stieg in Estland früher und steiler an als in den beiden anderen Ländern. Im Gegensatz zu Litauen schien die Seroprävalenz in Estland und Lettland gegen Ende der Studienperiode wieder abzusinken. Zwischen den Altersklassen war kein signifikanter Unterschied in den Prävalenzen zu finden.

Es war eine signifikante Abnahme der Wildschwein-Populationsdichte über die Zeit zu beobachten. Die Ergebnisse der partizipatorischen Studien waren vergleichbar.

Die Studien zeigen, dass die ASP beim Wildschwein in den baltischen Staaten ähnlichen Mustern folgt. Der etwas andere Verlauf in Estland könnte daran liegen, dass bereits nach 2017 keine weiteren ASP-Ausbrüche bei Hausschweinen gemeldet wurden. Der Rückgang der Wildschwein-Populationsdichte, welche die hohe Letalität der Krankheit bestätigt, sowie die gleichzeitige Abnahme der Virusprävalenz in den betroffenen Gebieten, unterstützen die Hypothese, dass eine Populationsreduktion helfen könnte, die ASP zu bekämpfen. Die vergleichbaren Ergebnisse der Fokusgruppendifkussionen zeigten Aspekte auf, denen für eine erfolgreiche Bekämpfung Beachtung geschenkt werden sollte. Das erneute Aufflammen der ASP in Estland zeigt, dass die Situation auch im Rahmen weiterer epidemiologischer Studien ständig überwacht und die Bekämpfungsmaßnahmen überprüft und angepasst werden müssen.

4.1.10 Konzept eines aktiven Surveillance-Systems für Q-Fieber bei kleinen Wiederkäuern in Deutschland – Konflikte zwischen Best Practices und Machbarkeit

Autoren **Fenja Winter¹, Clara Schoneberg¹, Annika Wolf², Benjamin U. Bauer², T. Louise Prüfer³, Silke F. Fischer⁴, Ursula Gerdes⁵, Martin Runge³, Martin Ganter², Amely Campe¹**

Institutionen ¹Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, WHO Collaborating Centre for Research and Training for Health at the Human-Animal-Environment Interface, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland; ²Klinik für kleine Klautiere und forensische Medizin und Ambulatorische Klinik, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland; ³Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit – Lebensmittel- und Veterinärinstitut Braunschweig/Hannover, Hannover, Deutschland; ⁴Nationales Konsiliarlabor für *Coxiella burnetii*, Landesgesundheitsamt Baden-Württemberg, Stuttgart, Deutschland; ⁵Niedersächsische Tierseuchenkasse, Anstalt des öffentlichen Rechts, Hannover, Deutschland; fenja.winter@tiho-hannover.de

Q-Fieber ist eine zoonotische Erkrankung, die durch das Bakterium *Coxiella (C.) burnetii* verursacht wird. Die Inhalation von kontaminierten Staubpartikeln oder Aerosolen, die von Tieren (v. a. kleine Wiederkäuer) stammen, ist die Hauptinfektionsquelle für den Menschen [1]. Um Infektionen beim Menschen zu verhindern, wurde ein aktives Frühwarnsystem für Q-Fieber in Herden kleiner Wiederkäuer in Deutschland konzipiert. Im Vortrag wird zunächst die beste Vorgehensweise zur Etablierung des Systems beschrieben (best practice), bevor die Machbarkeit bewertet wird, da die Kombination dieser beiden Aspekte Konflikte hervorruft. Best practice: Um *C. burnetii*-ausscheidende Tiere zu erkennen, sollten Herden aller Haltungssysteme (v. a. Herden mit reproduktiven, weiblichen Tieren) mittels Vaginaltupfer beprobt werden und die gepoolten Proben mittels PCR untersucht werden. Dabei ist eine mehrstufige, risikobasierte Probenahme auf Herdenebene sowie innerhalb der Herde durchzuführen. Auf Herdenebene müssten alle Herden beprobt werden, bei denen das Risiko einer Erregerübertragung auf den Menschen besteht. Innerhalb der Herde müssten alle Zutreter und Mütter nach dem lammen getestet werden, um die Wahrscheinlichkeit zu erhöhen, dass eine positive Herde identifiziert wird. Die Beprobung sollte während der Hauptlammzeit und vor dem Weideauftrieb erfolgen. Wenn innerhalb einer Herde mindestens ein positives Testergebnis vorhanden ist, sind herdenspezifische Kontrollmaßnahmen durchzuführen. Machbarkeit: Dieses Konzept ist mit einem enormen finanziellen Aufwand verbunden (Probennahme und -testung, Kontrollmaßnahmen, etc.). Daher sollten praktikable und erschwingliche Präventivmaßnahmen die Testung ersetzen, wo immer diese vertretbar sind. In diesem Zusammenhang wird die präventive und flächendeckende Impfung von Herden kleiner Wiederkäuer in Deutschland besonders empfohlen [2].

1. Bauer BU, Runge M, Campe A, Henning K, Mertens-Scholz K, Boden K, et al. *Coxiella burnetii*: a review focusing on infections in german sheep and goat flocks. Berl Münch Tierärztl Wochenschr 2020 (<https://vetline.de/icoxiella-burnetiii-ein-uebersichtsartikel-mit-fokus-auf-das-infektionsgeschehen-in-deutschen-schaf-und-ziegenherden/150/3216/111683>). Accessed 15. April 2020.

2. Winter F, Schoneberg C, Wolf A, Bauer BU, Prüfer TL, Fischer SF, et al. Concept of an Active Surveillance System for Q Fever in German Small Ruminants—Conflicts Between Best Practices and Feasibility. *Frontiers in Veterinary Science*, 2021. 8(59).

4.1.11 Einflussfaktoren auf den Stundenlohn von Tierärzt*innen in Deutschland

Autoren Maren C. Ewert, Johanna C. Kersebohm, Marcus G. Doherr

Institutionen Freie Universität Berlin, Deutschland; marcus.doherr@fu-berlin.de

Zweidrittel aller Tierärzt*innen in Deutschland üben eine kurative Tätigkeit aus; aber die Karrieremöglichkeiten nach einem abgeschlossenen Studium der Veterinärmedizin sind vielfältig. Die Arbeits- und Lebensbedingungen von Tiermediziner*innen wurden in zwei aufeinander folgenden Erhebungen bei Praktiker*innen (Kersebohm 2018) und Tierärzt*innen in den anderen Berufsfeldern (Ewert 2021) erfasst. Neben einer teilweise geringen Arbeits- und Lebenszufriedenheit fielen erhebliche Unterschiede in den Arbeitsbedingungen einschließlich Einkommen zwischen den verschiedenen Berufsfeldern auf. Da das Einkommen neben Berufsfeld und Position von vielen Faktoren wie Lebensalter, Berufserfahrung, Geschlecht, Region etc. abhängt, ist es erforderlich, durch den Einsatz von multivariablen Modellen adjustierte Zusammenhänge zwischen den relevanten Einflussgrößen und Gehalt zu beschreiben. Hierzu wurden die Daten der beiden o.a. Umfragen zusammengeführt und die relevanten Variablen einheitlich kodiert. Zielgröße war der Stundenlohn (EUR) berechnet aus Brutto-Jahresgehalt und effektiv geleisteter Arbeitszeit.

Nach Bereinigung des Datensatzes durch Ausschluss implausibler Angaben standen für die Auswertung Daten von 2.513 Tierärzt*innen aus den Berufsfeldern Veterinärverwaltung (214), Vet-Institut/Untersuchungsamt/Universität (188), Privatwirtschaft/Industrie (112), tierärztliche Praxis (Selbstständige 640; Angestellte 1226) sowie Sonstige (133) zur Verfügung. Nach Deskription der Variablen wurden univariable lineare Regressionsmodelle eingesetzt, um die Zusammenhänge zwischen Einflussgrößen und Stundenlohn zu beschreiben. Kontinuierliche Variablen wurden sowohl im Originalformat wie auch kategorisiert basierend auf verschiedenen Klassendefinitionen eingesetzt. Daraus wurden diejenigen Variablen als Kandidaten für den multivariablen Ansatz identifiziert, durch welche sich der jeweilige Zusammenhang am besten (basierend auf Interpretationsmöglichkeit, Linearität, LogLikelihood, AIC und BIC) beschreiben ließ. Zusätzlich wurden Spearman Rangkorrelationen zwischen den Einflussgrößen ermittelt. Korrelationskoeffizienten $> |0,5|$ wurden bezüglich Multi-Kollinearität als kritisch für eine gemeinsame Einbeziehung in ein multivariablen Modell gesehen. Der berechnete Stundenlohn der Studienteilnehmenden betrug zwischen 2,31 und 250 (Median 7,94, Mittelwert 24,97) EUR. In den univariablen Modellen zeigten sich signifikante Assoziationen ($p < 0,05$) zwischen Stundenlohn und den Faktoren Datenherkunft (Studie), Geschlecht (unadjustiert 12,73 EUR / Std. weniger bei Frauen), Berufsfeld, Alter, Jahre Berufserfahrung, Anzahl Kinder, Arbeitsstunden pro Woche, Nacht- und Wochenendarbeit sowie Anzahl Urlaub und Krankentage. Geographische Region war nicht signifikant.

Derzeit erfolgt die Selektion der Kandidaten-Variablen für ein finales multivariablen Regressionsmodell; diese Ergebnisse werden anlässlich der Tagung vorgestellt. Auch aus Erhebungen in anderen Berufen ist bekannt, dass es teilweise erhebliche Gehaltsunterschiede zwischen den Geschlechtern gibt. Berufspolitischen Ziel muss es ein, die Ursachen für diesen Gender Paygap sowie weitere auf Arbeits- und Lebenszufriedenheit einwirkende Faktoren zu identifizieren und darauf hinzuwirken, dass diese Unterschiede ausgeglichen und die Arbeitsbedingungen insbesondere der angestellten Tierärzt*innen verbessert werden.

4.1.12 Shiny apps – Neue Möglichkeiten für die Epidemiologie

Autoren Jörn Gethmann, Nicolai Denzin, Hannes Bergmann, Jana Schulz,
Christoph Staubach, Carola Sauter-Louis, Franz J. Conraths

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Deutschland; joern.gethmann@fli.de

Die Präsentation epidemiologischer Ergebnisse ist häufig schwierig, da komplexe Sachverhalte auch für Nicht-Fachleute anschaulich und verständlich dargestellt werden müssen.

Aktuelle Seuchengeschehen zeigen, wie dies gelingen kann. So werden zum Beispiel wichtige Daten zur SARS-CoV-2-Pandemie mittels verschiedener Webapplikationen (Apps) visualisiert. Dazu wurden mit solchen Apps sogenannte „Dashboards“ erstellt, die auf einer Oberfläche verschiedene Ergebnisse, Karten und Übersichten interaktiv präsentieren können.

Das „shiny“ Paket der in der Epidemiologie weit verbreiteten R Software bietet die Möglichkeit eigene Apps zu entwickeln und für die Nutzung zu veröffentlichen. Dabei reicht die Bandbreite möglicher Anwendungen von „Dashboards“, über interaktive Berechnungen und Kartendarstellungen bis hin zu einem Interface für Tabellen und Datenbanken, in denen nach Einträgen gesucht werden kann.

Wir stellen Grundlagen und Limitierungen der Technologie dar. Darüber hinaus präsentieren wir Anwendungsbeispiele, so epidemiologische Rechner zur Ermittlung des Stichprobenumfangs bei epidemiologischen Studien, eine App zum Abschätzen der finanziellen Auswirkungen von Krankheiten auf den Deckungsbeitrag und Apps zur kartographischen Darstellung der Afrikanischen Schweinepest und der BVD-Bekämpfung.

Bisherige Erfahrungen mit den „shiny“-Webapplikationen zeigen, dass sie sowohl im Rahmen der Datenerhebung als auch bei der Darstellung von epidemiologischen Ergebnissen ein gutes Hilfsmittel sein können. Es ist möglich, über die Apps im vorgegebenen Umfang eigene Parameter oder Daten zu analysieren und ohne Programmier-Kenntnisse bereitgestellte Funktionen zu nutzen und Analysen durchzuführen. Risiken liegen darin, dass Laien dazu verleitet werden könnten, Analysen durchzuführen, die für eine korrekte Interpretation der Ergebnisse in die Hände von Fachleuten gehören.

4.1.13 Nutzen der Integrierten Tierärztlichen Bestandsbetreuung (ITB) in deutschen Milchviehbetrieben

Autoren Jenny Ries, Charlotte Jensen, Kerstin E. Müller, Christa Thöne-Reineke, Roswitha Merle

Institutionen Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, FB Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Deutschland; jenny.ries@fu-berlin.de

Einleitung

Seit einiger Zeit hat die Integrierte Tierärztliche Bestandsbetreuung (ITB) einen wichtigen Platz in der tierärztlichen Praxis und ist zudem seit dem 21.04.2021 auf EU-Ebene verpflichtend. In Ihrer Schlüsselposition ermöglicht sie sowohl die Erhaltung von Tiergesundheit und Tierwohl als auch Verbraucherschutz durch Qualitätssicherung im Erzeugerbetrieb tierischer Lebensmittel. Der kontinuierliche Austausch zwischen Tierarzt, Betriebsleiter und zuständigem Personal soll neben der Prävention von Krankheiten auch die Verbesserung der Leistungsfähigkeit und Wirtschaftlichkeit der Betriebe unterstützen. Während die Bedeutung der ITB stetig zunimmt, ist zu wenig darüber bekannt, wie Landwirte diese Zusammenarbeit erleben und welche Vorteile sich tatsächlich hinsichtlich Verbesserung von Tiergesundheit und Wirtschaftlichkeit ergeben.

Material und Methoden

Im Rahmen der Studie wurden Tierhalter mittels Onlineumfrage (via LimeSurvey®) dazu befragt, ob eine ITB auf Ihrem Betrieb durchgeführt wird und wenn ja, wie sich diese konkret gestaltet. Zudem wurden sie befragt, wie sich die ITB aus ihrer Sicht auswirkt. Auch die Erwartungen und Wünsche der Tierhalter an die Betreuung durch den Tierarzt wurde ermittelt, und ob diese in der aktuellen Situation erfüllt werden.

Die Rekrutierung der Betriebe erfolgte bundesweit über (Landes-) Bauernverbände, Maschinenringe, Onlineforen sowie Agrarzeitungen. Der Fragebogen war in den Monaten November und Dezember 2020 online.

Die Datenauswertung erfolgt seit Januar 2021 mit IBM® SPSS Statistik Version 27 und SAS Version 9.4.

Ergebnisse und Ausblick

Etwa die Hälfte der befragten Tierhalter nahmen an ITB teil. Es zeigte sich, dass die 305-Tage-Milchleistung bei ITB-Betrieben im Durchschnitt etwa 1500 kg höher lag, als bei Nicht-ITB-Teilnehmern. Außerdem trafen diese Betriebe häufiger Entscheidungen zur Tiergesundheit gemeinsam mit ihrem Tierarzt als Betriebe, die nicht an einer ITB teilnahmen.

Die Motivation an ITB teilzunehmen, rührte vorrangig aus Gründen der Tiergesundheit und Prophylaxe und weniger aus direktem Wunsch nach Leistungssteigerung oder Profitabilität. Ebenso konnte bei Betrieben, die ITB nutzen, festgestellt werden, dass z.B. die Zufriedenheit mit und die Intensität der ITB signifikant miteinander korrelierten.

Mit Hilfe einer latenten Klassenanalyse konnten hinsichtlich der Betriebe, die derzeit keine ITB nutzen, zwei Gruppen identifiziert werden: während die eine Gruppe wenig Bedarf sah, sahen die Tierhalter der zweiten Gruppe Bedarf, waren aber mit ihrem derzeitigen Tierarzt eher unzufrieden. Hier zeigt sich, dass ein Potential für Angebote von Tierärzten besteht.

Tierhalter, Tiere und Tierärzte sollen von den Studienerkenntnissen zur Zusammenarbeit bei der ITB profitieren, um ungenutzte Möglichkeiten auszuschöpfen. Da die neue Gesetzesgrundlage die Thematik ohnehin brisanter denn je macht, können die Ergebnisse auch auf berufspolitischer Ebene bzw. in Verbraucherkreisen zu Transparenz und Verständnis der Gegebenheiten beitragen.

4.1.14 Statistical Learning and inductive reasoning for the identification of risk factors

Autoren Robert Opitz, Thomas Selhorst

Institutionen Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Deutschland;
robert.opitz@bfr.bund.de

By definition, epidemiology is the study of the distribution and determinants of health-related states and events in specified populations. In some cases these studies are conducted in order to draw conclusions from observational data to direct decision making, e.g. by the identification of risk factors. For this purpose, the unbiased parameter estimation framework is mostly used. But this framework is very limiting, both in the possibilities and the results. While this approach is appropriate in experiments under controlled conditions, the authors believe that a different approach proves adequate for observational epidemiological studies. This approach particularly takes into account the data situation of an observational study, which is often characterized by an unstructured collection of information, and data.

Here, we want to show that the ideas needed for a successful and insightful modeling of the observational data in observational epidemiological field studies should be drawn from induction and statistical learning theory, better known under its popular name supervised machine learning. The inductive method of learning is to infer regularities through observation (data), comparison, and generalization, which are then applied to new cases. In this way, statistical learning is a form of statistical syllogism that uses inductive reasoning to generalize from a particular case (the unstructured data collection) to find general rules that are then applied to new, unseen data. Just as inductive reasoning is data-driven, so is statistical learning.

Our goal with this talk is to show how users can better and more easily identify risk factors when using machine learning, even when the dataset is very complex. To this end, we will briefly introduce the framework of statistical learning and then show, using selected examples, how machine learning and inductive reasoning can be used to gain valuable insights and identify risk factors.

4.1.15 KAbMon – Monitoring zum Antibiotikaeinsatz bei Kälbern verschiedener Aufzucht- und Haltungsformen in Deutschland

Autoren Lisa Gorisek¹, Susann Weise¹, Charlotte Jensen¹, Jorinde Baer², Anika Friese², Carolin Robé², Uwe Rösler², Kerstin E. Müller³, Annegret Tautenhahn³, Roswitha Merle¹

Institutionen ¹Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Freie Universität Berlin, Deutschland; ²Institut für Tier- und Umwelthygiene, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; ³Klinik für Klauentiere, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; lisa.gorisek@fu-berlin.de

Einleitung

Seit Juli 2014 wird der Antibiotikaeinsatz bei Rindern, die in Deutschland zum Zwecke der Mast gehalten werden, halbjährlich erfasst. Basierend darauf kann für jeden Betrieb die Therapiehäufigkeit für die Behandlung der Tiere mit antimikrobiell wirksamen Substanzen berechnet und die Kennzahlen 1 (Median) und 2 (Drittes Quartil) ermittelt werden. Die Tierart Rind wird bisher unterteilt in Mastrinder über 8 Monate und Mastkälber bis 8 Monate. Im Rahmen der Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzeptes der 16. AMG-Novelle¹ wurde festgestellt, dass die Nutzungsart Mastkälber bis 8 Monate nicht ausreichend differenziert ist. Das Ziel dieser Arbeit ist es, den Antibiotikaeinsatz in verschiedenen Typen Kälber haltender Betriebe zu beschreiben und Zusammenhänge mit dem Management und der Haltungsform aufzuzeigen.

Material und Methoden

Es wurden Kategorien für Betriebstypen entwickelt, die in einer Feldstudie auf ihre Plausibilität geprüft wurden. Im Rahmen des Projektes wurden insgesamt 106 Kälber haltende Betriebe in Deutschland besucht oder telefonisch befragt. Während des Betriebsrundganges wurden Daten zur Haltung in Form eines Erhebungsbogens erfasst. Anschließend wurde zusammen mit dem Tierhalter ein umfangreicher Fragebogen ausgefüllt, in dem unter anderem Daten zu Management, Gesundheitsstatus und Fütterung erhoben wurden. Des Weiteren wurden die Behandlungen mit antimikrobiell wirksamen Substanzen erfasst.

Ergebnisse und Ausblick

Zu Beginn der Studie wurden vier Kategorien Kälber haltender Betriebe definiert. Gruppe A umfasst Kälber haltende Betriebe, die ausschließlich aus eigener Nachzucht remontieren und die keine Kälber oder Jungrinder zukaufen. Betriebe der Kategorie B kaufen ihre Kälber im Alter < 10 Wochen zu und Betriebe der Kategorie C kaufen ihre Kälber im Alter ≥ 10 zu. Gruppe D umfasst die bisher nicht von der Antibiotikaeinsatz erfassung berücksichtigten Händler und Sammelstellen. Bei Betrachtung der Therapiehäufigkeiten in Gruppe B und C fällt auf, dass die Anwendung von Antibiotika im Zeitraum 2014/ 2015 abfiel, seitdem jedoch stagniert. Des Weiteren wird bei dem Vergleich der Kategorien sichtbar, dass die Therapiehäufigkeiten im Halbjahr 1/2019 in Gruppe B mit einem Median von 31 deutlich höher sind als in Gruppe C (Median 1). Strukturell fällt auf, dass Betriebe der Kategorie B ihre Kälber von durchschnittlich 60 Betrieben bezogen, während es in der Kategorie C durchschnittlich lediglich 1 Betrieb war. Neben dem Faktor Zukauf gibt es noch weitere Einflussfaktoren, die auf der Tagung vorgestellt werden.

Literaturverzeichnis:

1 Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (2019). Bericht des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft über die Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzeptes der 16. AMG-Novelle.

4.1.16 Phänotypische Resistenzsituation von E. coli in kälberhaltenden Betrieben in Deutschland

Autoren Susann Weise¹, Lisa Gorisek¹, Charlotte Jensen¹, Jorinde Baer², Caroline Robé², Anika Friese², Uwe Rösler², Kerstin E. Müller³, Annegret Tautenhahn³, Roswitha Merle¹

Institutionen ¹Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; ²Institut für Tier- und Umwelthygiene, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; ³Klinik für Klauentiere, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; Susann.Weise@fu-berlin.de

Einleitung

Der Einsatz von antibiotikahaltigen Medikamenten in der Tiergruppe Mastkälber bis 8 Monate ist laut Evaluationsbericht 2019a des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) gemäß den halbjährlich ermittelten Therapiehäufigkeiten nach Beginn des Monitorings 2014 merklich gesunken, stagniert jedoch seit erstem Halbjahr 2015. Der Einsatz von Antibiotika wird als eine Ursache der Entwicklung von Antibiotikaresistenzen gesehen. Im Bericht zum Zoonosen-Monitoring 2019b des Bundesamts für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) wird eine Prävalenz von ESBL-/AmpC-bildenden Escherichia coli (E. coli) im Blinddarminhalt von Mastkälbern und Junggrindern am Schlachthof von 70,8% berichtet. Im Rahmen der Studie „KAbMon“ wird die Resistenzsituation in kälberhaltenden Betrieben in Deutschland gruppiert nach Betriebssystemen dargestellt und verschiedene Methoden zur Analyse komplexer Resistenzdaten werden vorgestellt.

Material & Methoden

Für das Projekt „KAbMon – Antibiotikamonitoring bei Mastkälbern“ wurden im Zeitraum von Oktober 2019 bis März 2021 deutschlandweit 106 kälberhaltende Betriebe in der Gruppierung wie in Auflistung 1 aufgeführt, besucht. In jedem Betrieb wurden bis zu 3 Sammelkotproben frisch abgesetzten Kots entnommen.

Auflistung 1 Gruppenelemente und Probenanzahl:

Gruppe A (Milchvieh- und Mutterkuhhaltende Betriebe): 50 Proben aus 31 Betrieben

Gruppe B (Aufzuchtbetriebe Einstallung <10. Lebenswoche & Mastbetriebe): 93 Proben aus 43 Betrieben

Gruppe C (Aufzuchtbetriebe Einstallung >10. Lebenswoche): 41 Proben aus 25 Betrieben

Gruppe D (Händler und Sammelstellen): 8 Proben aus 7 Betrieben

Nach mikrobiologischer Bearbeitung der Proben auf nicht-selektiven Medien wurden jeweils 10 zufällig gewählte E. coli Isolate pro Probe auf ihre minimale Hemmkonzentration (MHK) mittels fertig konfektioniertem Plattenformat EUVSEC untersucht. Die Bewertung erfolgte auf Basis des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU und der EFSA Empfehlungen.

Ergebnisse:

Bisher konnte festgestellt werden, dass 46,8% aller Isolate resistent gegen Tetrazykline waren, während 12,7% eine phänotypische Resistenz gegen Ciprofloxacin aufwiesen. 24% der Isolate waren resistent gegen Chloramphenicol. 2,8% der Isolate waren ESBL- und AmpC-verdächtig (phänotypisch resistent gegen Ampicillin, Cefotaxim und Ceftazidim). Zwei- und Mehrfachresistenzen traten bei 50,5% der Isolate auf.

Im Vortrag werden Methoden komplexer Resistenzdaten mit Hilfe einer quantitativen Maßzahl (Resistenzscore) auf Betriebsebene dargestellt. Die Ergebnisse dieses Resistenzscores werden mit Einflussfaktoren und dem Antibiotikaeinsatz in Zusammenhang gebracht und bewertet.

Literaturverzeichnis:

a Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (2019). Bericht des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft über die Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzepts der 16. AMG-Novelle.

b Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (2020). Zoonose-Monitoring 2019.

4.1.17 Automatisierte Verarbeitung von Precision Livestock Farming Daten am Beispiel von Aktivitätsdaten zur Brunsterkennung bei Milchkühen.

Autoren Jan-Lukas Plenio¹, Alexander Bartel¹, Augusto Madureira², Ronaldo Cerri², Wolfgang Heuwieser³, Stefan Borchardt³

Institutionen ¹Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; ²Faculty of Land and Food Systems, University of British Columbia, Vancouver, Kanada; ³Tierklinik für Fortpflanzung, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland; jan-lukas.plenio@fu-berlin.de

Das Ziel der Studie war die Entwicklung einer neuen Methode zur Verarbeitung und Auswertung von Aktivitätsdaten aus Systemen zur automatischen Aktivitätsüberwachung (AAM) für die Brunsterkennung bei Milchkühen. Alle bereits etablierten Methoden beinhalten Arbeitsschritte, die per Hand ausgeführt werden und dementsprechend, besonders bei großen Datenmengen, fehleranfällig sind. Somit lag der Fokus der Entwicklung auf einer reproduzierbaren und validierten Methode mit minimalen Benutzerinteraktionen. Als Datengrundlage verwendeten wir Aktivitätsdaten aus am Hals befestigten Beschleunigungsmessern (Heatime, SCR Engineers Ltd., Netanya, Israel), die in der Milchindustrie weitverbreitet sind. In der Programmiersprache Python entwickelten wir die quelloffene Analysesoftware Bovine Heat Detection and Analysis Tool (BovHEAT), die eine vollautomatische und skalierbare Datenverarbeitung zur Brunsterkennung ermöglicht. Weiter bietet BovHEAT die Behandlung von fehlenden Werten und eine Plausibilitätsprüfung für das Timing der Brunstereignisse. Die Ergebnisse werden in Form einer Excel-Datei mit Ergebnistabellen im long und wide Format ausgegeben. Zusätzlich wird eine PDF-Datei mit Liniendiagrammen aus den Aktivitätsdaten mit markierten Brunstereignissen erzeugt. Zur Validierung haben wir die Genauigkeit und den Zeitaufwand von drei verschiedenen Methoden zur Verarbeitung von AAM-Daten verglichen: 1) manuelle Datenauswertung (MAN), 2) ein in der Forschung etabliertes Excel-Tool (EXCEL), und 3) BovHEAT. Es wurden zwei verschiedene Datensätze von 8 Betrieben (1 Betrieb in Kanada; 7 Betriebe in Deutschland) verwendet. Die Validierung wurde von drei Untersuchern unabhängig durchgeführt. Insgesamt wurden Aktivitätsdaten von 60 Kühen verwendet, was einer maximalen Anzahl von 600 Beobachtungen (50 Tage mit 12 Beobachtungen pro Tag) pro Kuh entspricht. Die manuelle Datenauswertung war aufgrund von Transkriptionsfehlern weniger genau: 13 von 60 Kühen wiesen mindestens einen Fehler auf und 16 von 110 Brunstereignissen wurden fehlerhaft erfasst. Die Zeit für die Verarbeitung der AAM-Daten und die Übertragung der Ergebnisse in eine standardisierte Ergebnistabelle für 10 Kühe betrug 41,0 (Bereich 28 - 53) Minuten, 30,7 (18 - 48) Minuten und 11,7 (4 - 16) Minuten für MAN, EXCEL und BovHEAT. Ohne die standardisierte Ergebnistabelle benötigte ein vollautomatischer Durchlauf mit BovHEAT zur Verarbeitung des kompletten Datensatzes von 5.477 Kühen mit 361 XLS- und XLSX-Dateien 172 Sekunden. Die BovHEAT Software kann auf GitHub (<https://github.com/bovheat/bovheat>, <https://doi.org/10.5281/zenodo.3890126>) evaluiert und heruntergeladen werden. Durch die MIT-Lizensierung kann die Software um die Unterstützung weiterer Sensoren und Hersteller kollaborativ erweitert werden. Die Ergebnisse dieser Studie zeigen, dass mit BovHEAT eine reproduzierbare und validierte Methode zur Verarbeitung und Auswertung von AAM-Daten entwickelt wurde. Wenige Benutzerinteraktionen und zusätzliche Funktionen ermöglichen eine beschleunigte Forschung mit AAM-Daten mit sichergestellter Reproduzierbarkeit.

4.1.18 Systematic identification of potential risk factors for African swine fever – Conventional literature review versus text mining

Autoren Hannes Bergmann¹, Johanna Dups-Bergmann¹, Katja Schulz¹, Jörn Gethmann¹, Carolina Probst¹, Laura Zani², Melina Fischer³, Nicolai Denzin¹, Sandra Blome³, Franz J. Conraths¹, Carola Sauter-Louis¹

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut – Federal Research Institute for Animal Health, Institute of Epidemiology; ²Friedrich-Loeffler-Institut – Federal Research Institute for Animal Health, Institute of International Animal Health/One Health; ³Friedrich-Loeffler-Institut – Federal Research Institute for Animal Health, Institute of Diagnostic Virology; hannes.bergmann@fli.de

Risk assessments of complex infectious livestock diseases, such as African swine fever [ASF], require the best possible understanding of underlying risk factors. Since the role of many risk factors for such diseases is unclear, it is important to identify as many previously considered risks as possible to facilitate holistic disease risk assessments and guide research efforts. A key source to find previously considered risk factors are scientific literature databases, but conventional literature review methods are time consuming and may not satisfy urgency requirements for rapid risk appraisals.

Here we compare the suitability of conventional literature review methodology and text mining techniques to identify potential ASF risk factors. We constructed keyword-based search strings by combining word topic groups in relation to ‘ASF’ and disease ‘risk’. The keyword strings were used to query eight literature databases, including PubMed (MEDLINE), Web of Science and Scopus, EFSA and FAO databases, as well as thesis and dissertation networks without specifying historic time limits.

Our database queries retrieved 1312 de-duplicated records and associated bibliographic information was assembled into a search library. This library was screened for potential ASF risk factors in two ways: First, a conventional, systematic screening process against pre-defined selection criteria was employed during which at least two independent persons reviewed each record based on title and abstract. Search library words were then subjected to automated text processing techniques to identify relevant keywords and phrases, thus bypassing traditional review practices.

We found that text mining alone could not replace conventional literature review due to limited semantic capacities, but that it might be beneficial in this context for scoping large literature bodies under time constraints. Overall, strategic literature searching for potential ASF risk factors created a broad and informative portfolio of possible components for transboundary disease causation to inform ASF-related problem solving and risk assessments.

This project has received funding from the European Union’s Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 773701.

4.1.19 BVD-Situation auf Betrieben mit hohen serologischen Werten in der Tankmilch—Einzeltiere haben einen grösseren Einfluss als bisher bekannt

Autoren Gary Delalay¹, Elena Di Labio¹, Daniel Glauser², Heinzpeter Schwermer¹

Institutionen ¹Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen BLV, Bern, Schweiz; ²Suisselab AG, Zollikofen, Schweiz; gary.delalay@blv.admin.ch

Die Bovine Virus-Diarrhoe (BVD) ist eine wirtschaftlich bedeutsame Erkrankung des Rindes. Die Schweiz begann 2008 ein Ausrottungsprogramm. Nach der initialen virologischen Untersuchung aller Rinder gefolgt von allen neugeborenen Kälber war die BVD-Prävalenz 2012 tief genug, um eine serologische Überwachung zu beginnen. Im Herbst 2019 wurden im Rahmen dieser serologischen Überwachung bei den Tankmilchuntersuchungen ungewöhnlich viele hohe Werte beobachtet. Bei den weiterführenden Abklärungsuntersuchungen mit Rindergruppen wurden bei vielen Betrieben keine seropositiven Tiere gefunden. Daher wurde diese Studie in Form eines multiplen Fallberichts durchgeführt, um die BVD-Situation in einem Bestand nach einem serologischen Tankmilchergebnis oberhalb des Cut-off-Werts besser einschätzen zu können.

Die Tankmilch aus 13 Betrieben, welche im Herbst 2019 serologische Werte oberhalb des Cut-off-Werts aufwiesen, wurden in Frühling 2020 erneut mit zwei verschiedenen ELISA-Tests getestet. Zudem wurde am Tag der Probenahme oder am Vortag Blutproben von den Rindern genommen, um ein serologisches Bild aller adulten Tiere auf dem Betrieb zu erhalten.

Die Ergebnisse der beiden Tests, die zur Untersuchung der Tankmilchproben eingesetzt worden sind, korrelierten gut miteinander. Die Ergebnisse der Tankmilchserologie zeigten auch eine geringe Korrelation mit der Seroprävalenz bei den laktierenden Kühen, aber keine Korrelation mit der Seroprävalenz aller adulten Tieren des Bestandes. In einigen Beständen hatte ein einzelnes seropositives Tier grossen Einfluss auf die Ergebnisse der Tankmilchserologie. Zudem muss bei Tankmilchproben unbedingt auf eine korrekte Probenahme geachtet werden, da die Repräsentativität der Probe für die Tankmilch eines Betriebes entscheidend für ein aussagekräftiges Ergebnis ist. Die Untersuchung einer Rindergruppe bei einem Ergebnis des Tankmilchtests oberhalb des Cut-off-Werts ist nach wie vor das beste Vorgehen, um ein aktuelles Infektionsgeschehen in einem Bestand zu erkennen.

4.1.20 New browser-based Tool for quantitative risk assessment

Autoren **Christin Wallstab, Christine Müller-Graf**

Institutionen Bundesinstitut für Risikobewertung, Deutschland;
christine.mueller-graf@bfr.bund.de

Risk Shiny is a web-based tool for risk assessment using Monte-Carlo simulation and helps to build quantitative risk models via a clearly and well-structured graphical user interface. Risk Shiny consists of several modules, which together compose a framework for probabilistic risk assessment.

A special functionality of Risk Shiny is the documentation of uncertainties in risk models with a traffic light system.

All data and models remain with the user and are not stored on the Shiny Risk server. Both the program itself and the program code are freely available. Risk Shiny is an object oriented implementation R programming language of both original code and R packages.

The following features characterize the program.

User-friendly GUI provides

- Using the functions of R packages without programming
- model building (variables, parameters, equations, results)
- one dimensional and two dimensional Monte-Carlo simulation
- data fitting
- model visualization
- schema for the assessment of uncertainties (EFSA Guidance)
- transparency through identity between model and its documentation
- auto-reporting
- state-of-art risk modelling methodology through rich functionality (resampling, bootstrapping, model network graph)
- uncertainty analysis
- reproducibility, version control and portability are ensured
- good practice of complete and consistent model documentation is embedded in the model development
- transparency and congruence is ensured through identity between the model and its description
- model export in JSON and RDA formats

4.1.21 Modellierung der Ausbreitung des Westnilvirus in Deutschland

Autoren Johannes Herrmann, Jörn Gethmann, Franz Conraths, Hartmut Lentz

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Deutschland; Johannes.Herrmann@fli.de

Das West-Nil-Virus ist ein zoonotischer, durch Vektoren übertragener Erreger, der das West-Nil-Fieber verursacht und bei infizierten Menschen, Pferden und Vögeln das zentrale Nervensystem schädigen kann. Die Zahl der gemeldeten Fälle in Ost- und Südeuropa hat in den letzten Jahren zugenommen. Im Jahr 2018 erreichte die Krankheit den Osten Deutschlands, wo in den folgenden Jahren neue Fälle auftraten und sich das betroffene Gebiet somit vergrößerte.

Da die grundlegenden Faktoren, die die Ausbreitung und Ausdehnung der Infektion in der Region begünstigen, nach wie vor unklar sind, besteht Bedarf an Modellen, um vorherzusagen, wo sich das West-Nil-Fieber etablieren, ob und wie es sich ausbreiten könnte. Diese Informationen können genutzt werden, um geeignete Maßnahmen zur Prävention und Bekämpfung der Infektionen zu erarbeiten.

Basierend auf neueren Arbeiten zur Abschätzung der Faktoren, die das Zusammenspiel zwischen Stechmücken als Hauptvektor und Vögeln als primärer Wirtsart vorantreiben, ist das Ziel der aktuellen Arbeit die Entwicklung eines dynamischen Modells, das die räumliche Ausbreitung des Virus berücksichtigt. Dies wird exemplarisch für die zugrunde liegende Struktur der Landschaft in Deutschland dargestellt.

Ausgehend von einem wahrscheinlichkeitstheoretischen Ansatz auf einem einfachen Gitter werden die grundlegenden Mechanismen der Krankheitsausbreitung eingeführt und mit West-Nil-spezifischen Einflussfaktoren erweitert. Das gitterartige Substrat wird dann in eine Struktur umgewandelt, die die Landschaft in den betroffenen Gebieten nachahmt und Lebensrauminformationen als fördernden oder hemmenden Hintergrund einführt. Klimatische Variablen, die als modulierende äußere Kraft wirken, werden schließlich hinzugefügt, um den Ansatz zu vervollständigen.

4.1.22 Erkennen, bewerten, verbessern? - Vergleich der Systeme des Öffentlichen Veterinärwesens und des Öffentlichen Gesundheitswesens im Umgang mit epidemisch bedeutsamen Lagen

Autoren Valerie Allendorf, Nicolai Denzin, Franz J. Conraths

Institutionen Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Greifswald - Insel Riems, Deutschland; Valerie.Allendorf@fli.de

Die Pandemie des SARS-Coronavirus-2 und die damit verbundene anhaltende Krisensituation in Deutschland hat an vielen Stellen Fragen zur generellen Vorbereitung des Gesundheitssystems auf das Aufkommen hochvirulenter Infektionserreger innerhalb der Bevölkerung aufgeworfen. So offenbarten die Erhebung, Zusammenführung und Bewertung der infektionsepidemiologisch relevanten Daten Schwierigkeiten in der Kommunikation und Koordination der untersuchenden Labore, der verschiedenen Verwaltungsebenen, der Wissenschaft und der politischen Entscheidungsträger. Darüber hinaus beeinflussten die Politisierung der Diskussion um Maßnahmen und deren zeitversetzte, in ihrer Fragmentierung unübersichtliche und teilweise auch inkonsequente Umsetzung die Compliance der Bevölkerung negativ. Ursächlich für diese systemimmanenten Schwierigkeiten ist vermutlich die Rolle der Infektionsepidemiologie in der Humanmedizin, die vor allem durch die großen Fortschritte im Bereich der hygienischen Standards, der Antiinfektiva und Vakzine-Entwicklung in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts in den Hintergrund gerückt ist. Doch mit dem wachsenden Risiko neuauftretender (zoonotischer) Infektionskrankheiten wächst auch der Bedarf der Benennung und Evaluation der Missstände, um im Nachgang die Resilienz des öffentlichen Gesundheitssystems in epidemischen Krisenfällen zu verbessern.

Zu diesem Zweck wurde ein Vergleich der infektionsepidemiologischen Überwachungs- und Bekämpfungssysteme des öffentlichen Gesundheitsdienstes mit denen des öffentlichen Veterinärwesens auf nationaler und internationaler Ebene vorgenommen. Dabei ist evident, dass das öffentliche Veterinärwesen durch die Herausforderungen der zunehmenden Industrialisierung in der landwirtschaftlichen Tierhaltung sowie der Globalisierung des Handelsmarkts von Tieren und deren Produkten stets auf Krisenfälle vorbereitet ist. Zunächst wurden die Strukturen beider Systeme in Bezug auf die Vorbereitung auf und den Umgang mit Ausbrüchen seuchenhafter Infektionskrankheiten beschrieben und untersucht, um die neuralgischen Punkte der Resilienz der Systeme in einer epidemisch bedeutsamen Lage zu identifizieren. Anschließend wurden die unterschiedlichen Vorgehensweisen auf ihre Zweckdienlichkeit und ihre Effizienz sowie ihre Übersetzbarkeit in das jeweils andere System überprüft. Hierbei konnte insbesondere im humanmedizinischen Bereich ein erhebliches Verbesserungspotenzial festgestellt werden.

Aus dem Vergleich beider Systeme können verbesserte generelle Handlungsempfehlungen zur Vorbereitung auf und den Umgang mit epidemischen Krisensituationen abgeleitet werden. Dies kann auch im Hinblick auf die immer dringlicher werdenden One-(Public)-Health-Problematiken zur Entwicklung eines integrativen Konzepts beitragen, welches zukünftigen Herausforderungen durch Synergie beider Systeme besser gewachsen ist.

4.1.23 Lameness detection in dairy cows by logistic regression model with mixed effects based on accelerometer data from six farms in Germany

Autoren Anastasia Lavrova¹, Andrea Palmi¹, Alexander Choucair², Kathrin F. Stock³, Martin Kammer⁴, Friederike Querengässer⁵, Marcus Doherr⁵, Kerstin-Elisabeth Müller², Vitaly Belik¹

Institutionen ¹System Modeling Group, Institute for Veterinary Epidemiology and Biostatistics, Freie Universität Berlin, Deutschland; ²Klinik für Klauentiere, Fachbereich Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Deutschland; ³Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.; ⁴LKV Bayern e.V.; ⁵Institute for Veterinary Epidemiology and Biostatistics, Freie Universität Berlin, Deutschland; anastasia.lavrova@fu-berlin.de

Lameness in dairy cows is one of major challenges on the way of improving animal well-being and optimizing economic efficiency. A promising approach for automated animal surveillance for early lameness detection and prevention utilizes cow activity sensors [1]. In the present study we analyzed activity (accelerometer), additional cow-individual as well as farm-related indicators for 3 746 Holstein dairy cows which were scored for lameness for ca. 29 500 times from a longitudinal study during 2015-2016 in six farms in Germany. We developed a statistical model (logistic regression with mixed effects) able to detect lameness in dairy cows with 86% sensitivity and 82% specificity. The following statistically significant independent variables were taken into account: number of steps, mean lying bout duration, mean daily milk yield, days in milk, parity, seasonality. Also their interactions were considered. The parity turned out to be the most important predictor for lameness (OR = 2.1, 95%CI = (1.9,2.4) and p-value= 0.01). Days in milk turned out to be slightly significant (p-value= 0.028) with OR = 0.998, 95%CI = (0.996,1.000). The probability to be lame significantly decreases with the daily milk yield increase – from ca. 50% for low milk yield (5 kg) to 25% for high milk yield (50 kg). Also, seasonality is statistically significant for the prediction of lameness. The number of steps and the lying bout duration are statistically significant (p-values< 0.001) and negatively influence the probability of lameness. Our further research aims at the implementation of advance machine learning methods for lameness detection, such as deep learning [2] and boosted regression trees [3]. Our results show the potential of automated animal surveillance and promise to significantly improve lameness detection in dairy livestock.

Authors are supported by funds of the federal Ministry of Food and Agriculture (BMEL) based on decision of the Parliament of the Federal Republic of Germany via the Federal Office for Agriculture and Food (BLE) under the innovation support program within Klauenfitnet 1.0 and Klauenfitnet 2.0 consortia.

References

- [1] Heinicke, J., Ibscher, S., Belik, V., Amon, T. (2019). Journal of Thermal Biology, 82, 23-32. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2019.03.011>
- [2] Andresen, N., Wöllhaf, M., Hohlbaum, K., Lewejohann, L., Hellwich, O., Thöne-Reineke, C., Belik, V. (2020). Plos One, 15(4), e0228059. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228059>
- [3] Postnikov, E. B., Esmedljaeva, D. A., & Lavrova, A. I. (2020, March). 2nd Global Conference on Life Sciences and Technologies (LifeTech) (pp. 86-87). IEEE. <https://doi.org/10.1109/LifeTech48969.2020.1570619054>

4.1.24 Antibiotikaeinsatz in Mastkälberhaltungen in Deutschland

Autoren Svetlana Kasabova¹, Maria Hartmann¹, Annemarie Käsbohrer^{2,3}, Lothar Kreienbrock¹

Institutionen ¹Department of Biometry, Epidemiology and Information Processing WHO Collaborating Centre for Research and Training for Health at the Human-Animal-Environment Interface University of Veterinary Medicine Hannover; ²Department Biological Safety, Federal Institute for Risk Assessment, Berlin, Germany; ³Unit of Veterinary Public Health and Epidemiology, Department for Farm Animals and Veterinary Public Health, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria; svetlana.kasabova@tiho-hannover.de

Unterschiedliche Monitoring-Systeme erfassen den Antibiotikaeinsatz in der deutschen Nutztierpopulation. Im Rahmen des nationalen Antibiotika-Monitoring-Systems werden Mastkälber unter acht Monaten, die zu Mastzwecken gehalten werden, zusammengefasst, unabhängig davon ob diese Tiere als Mastkälber geschlachtet werden oder für die Bullenmast gehalten werden. Die spezialisierte Mastkälberhaltung stellt in Deutschland eine Nischenproduktion dar, detaillierte Daten zur Behandlungshäufigkeit sowie Behandlungsmuster sind bei dieser Nutzungsrichtung kaum vorhanden. Die vorliegende Auswertung umfasst Antibiotikadaten aus 30 spezialisierten Weißmastkälberbetrieben für den Zeitraum 2015 bis 2020 und hat das Ziel den Antibiotikaeinsatz bei diesem Produktionszweig genauer zu beschreiben.

Die durchschnittliche Betriebsgröße der untersuchten Betriebe beträgt 818 Stallplätze mit einer Spanne zwischen 196 und 2 400. Bei einer Gesamtmenge von etwa 50 000 gemästeten Tiere pro Jahr umfasst diese Stichprobe etwa 15% der gesamten geschlachteten Menge an Mastkälbern in Deutschland (gewerbliche Schlachtung von Tieren inländischer Herkunft, Destatis).

Die mediane Therapiehäufigkeit im Studienkollektiv variiert halbjahresabhängig zwischen 19,3 und 28,4. Insgesamt wurden Antibiotika aus zwölf verschiedenen Wirkstoffgruppen eingesetzt, wobei der Einsatz durch die Wirkstoffgruppen Tetrazykline, Beta-Laktame und Makrolide dominiert wird. Ab dem Jahr 2017 lässt sich eine deutliche Zunahme der Abgabe von Fluorchinolonen feststellen. Der Großteil der Behandlungen erfolgt parenteral (ca. 82 %), orale und lokale Behandlungen folgen mit 17 % und 0,5 %. Etwa 70% der Behandlungen findet aufgrund von Atemwegserkrankungen statt, Darmerkrankungen belegen mit ca. 25% den zweiten Platz.

Die Ergebnisse zeigen, dass die mediane Therapiehäufigkeit in den untersuchten Betrieben deutlich höher liegt als die im nationalen Antibiotika Monitoring-System erfasste mediane Therapiehäufigkeit. Wir gehen davon aus, dass diese Unterschiede durch die spezifischen Haltungs- und Produktionsbedingungen dieser betrachteten Nutzungsrichtung bedingt sind. Diese Untersuchung verdeutlicht die Notwendigkeit einer differenzierten Betrachtung des Antibiotikaeinsatzes unter Einbeziehung spezifischer Produktionsgegebenheiten, die bestimmte Nischenproduktionszweige mit sich bringen.

4.1.25 Ist das Alter ein Risikofaktor für eine Infektion mit dem Bovinen Herpesvirus Typ-1 (BoHV-1)?

Autoren Jonas Brock^{1,2}, Martin Lange¹, Maria Guelbenzu², Jamie Tratalos³, David Graham², Simon More³, Hans-Hermann Thulke¹

Institutionen ¹Helmholtz Centre for Environmental Research, Deutschland; ²Animal Health Ireland, Carrick-on-Shannon, Co., Leitrim, Ireland; ³Centre for Veterinary Epidemiology and Risk Analysis, UCD School of Veterinary Medicine, University College Dublin; jonas.brock@ufz.de

Das Alter ist ein Risikofaktor für eine Infektion mit dem Bovinen Herpesvirus Typ-1. Diese Aussage findet man in zahlreichen Studien zur Übertragungsdynamik des hoch kontagiösen Rindervirus (z.B. Boelaert et al., 2005; Hage et al., 2003; O'Grady et al., 2011; van Schaik et al., 1998; Woodbine et al., 2009). Bisher wurde allerdings nie untersucht, ob dieses Muster eine echte epidemiologische Kausalität widerspiegelt, oder auf ein begrenztes Studiendesign zurückzuführen ist.

In diesem Vortrag widmen wir uns dieser Forschungslücke und stellen Ergebnisse einer retrospektiven Datenanalyse vor. Bei einer Gesamtbetrachtung der uns zur Verfügung stehenden Seroprävalenzdaten zeigte sich tatsächlich ein altersabhängiger Trend. Ältere Tiere neigten im Schnitt häufiger dazu, den Infektionsmarker in sich zu tragen. Die genauere Analyse des diagnostischen Profils jeder einzelnen Herde führte jedoch auf ein widersprechendes Bild.

Die untersuchten Serologiedaten aus der irischen Surveillance zeigen, dass BoHV-1-Ausbrüche in geschlossenen Rinderherden zeitlich beschränkte Episoden darstellen. Dabei werden alle auf dem Bestand gestandenen Rinder, altersunabhängig, erfasst d.h. nahe 100%ige Serokonversion in allen Altersklassen. Weiterhin sind Herden erkennbar, deren Seroprävalenzprofile zwischen genau zwei benachbarten Alterskohorten einen steilen Sprung aufweisen, also von marginaler zu nahezu vollständiger Durchseuchung. Mit Hilfe eines individuen-basierten Modells zeigen wir, wie sich der starke Anstieg mit der Zeit durch die Alterskohorten bewegt, nachdem die aktive Viruszirkulation im Bestand zum Erliegen gekommen ist. Damit wird deutlich, dass Seroprävalenzprofile mit einem sprunghaften Anstieg sowohl über den aktuellen epidemiologischen Status eines Bestandes informieren, als auch über die Zeit seit dem Ende des letzten Ausbruchs. Bei der oben besprochenen Aggregation, gehen beide Kennzahlen verloren und stattdessen wird fälschlicherweise ein kontinuierlicher Alterstrend gezeigt.

Das in der Literatur häufig erwähnte altersabhängige Risikoniveau einer BoHV-1 Infektion wird durch unsere Studie nicht gestützt und ist sehr wahrscheinlich ein Artefakt ungünstiger Datenauswertung. Wir zeigen wie serologische Herdenprofile zu IBR effektiver genutzt werden können, um den Durchseuchungsgrad einer Population zu erfassen.

4.1.26 Mögliche Anwendung eines Machine-Learning-Algorithmus zur Klassifizierung von Schweizer Rinderbetrieben.

Autoren Giulia Paternoster¹, Rahel Struchen¹, Jonas Brock², Martin Lange², Sara Schär¹, Daniela Hadorn¹

Institutionen ¹Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen BLV, Schweiz; ²Department Ökologische Systemanalyse, Helmholtz Zentrum für Umweltforschung UFZ, Deutschland; giulia.paternoster@blv.admin.ch

Die Unterscheidung von Rinderbetrieben nach Produktionsart ist von zentraler Bedeutung für die Entwicklung, Planung und Bewertung von Programmen zur Überwachung von Rinderkrankheiten und des Antibiotikaeinsatzes. Dies ist besonders im Rahmen des neuen europäischen Tiergesundheitsgesetzes (AHL) wichtig, welches unterschiedliche Überwachungsstrategien und -anforderungen in Abhängigkeit von verschiedenen Betriebsmanagementtypen vorsieht. In der Schweiz werden zur Klassifizierung von Rinderbetrieben im Kontext nationaler Überwachungsprogramme Daten aus der Milchqualitätskontrolle genutzt, um zwischen Milchvieh- und Nicht-Milchviehbetrieben zu unterscheiden. In Irland ermöglichte die Anwendung eines Machine-Learning-Algorithmus, den sogenannten Kohonenkarten oder «self organising maps» (SOM), in Kombination mit Expertenwissen über das lokale Rindersystem die Ermittlung von sechs Hauptbetriebstypen: Milchviehbetriebe, Fleischviehbetriebe, gemischte Betriebe, reine Aufzuchtbetriebe, Handelsbetriebe und Mastbetriebe. In dieser Studie soll untersucht werden, ob dieser datengesteuerte Klassifizierungsansatz auf die Schweizer Rinderpopulation angewendet werden kann, um die bisherige Unterteilung in Milchvieh- und Nicht-Milchviehbetriebe zu erweitern.

Als Ausgangspunkt werden wir Einzeltierdaten von Rindern (Demografie, Tierverkehr) auswählen, die in der Schweizer Tierverkehrsdatenbank für das Jahr 2019 verfügbar sind. Unter Berücksichtigung von Merkmalen der Schweizer Rinderpopulation, wie beispielsweise Rassen und deren Nutzungsart oder der Saisonalität von Abkalbungen, werden wir diese Einzeltierdaten verarbeiten und aggregieren, um eine Reihe von relevanten Variablen auf Betriebsebene zu definieren (z. B. Anteil der Milch- oder Fleischrassen eines Betriebs zu einem bestimmten Zeitpunkt). Der SOM-Algorithmus wird dann angewendet, um verschiedene Betriebstypen basierend auf den definierten Variablen auf Betriebsebene zu extrahieren und Regeln zur Klassifizierung von Betrieben abzuleiten. Schliesslich vergleichen wir die resultierenden Betriebstypen mit denen des bestehenden Klassifizierungssystems und stellen die Vorteile des datengesteuerten Klassifizierungsansatzes vor.

Die Anwendung des datengesteuerten Klassifizierungsansatzes könnte eine neue und detailliertere Klassifizierung von Rinderbetrieben ermöglichen. Dies würde eine bessere Planung und Bewertung von Programmen zur Überwachung von Rinderkrankheiten und des Antibiotikaeinsatzes sowie die Entwicklung von Strategien zur Erreichung oder Aufrechterhaltung des Status der Seuchenfreiheit im Rahmen des AHLs erlauben. Die in dieser Studie angewendete Methode kann auch für andere Tierarten mit Einzeltieridentifikation eingesetzt werden, um die Planung und Gestaltung der Überwachung und Bekämpfung von Tierseuchen zu erleichtern (z. B. Brucellose oder Moderhinke bei Schafen und Ziegen).

4.1.27 Molekular epidemiologische Begutachtung der Variantenverbreitung von *A. phagocytophilum* in verschiedenen Wirtsspezies in Deutschland und anderen Teilen Europas

Autoren Susanne Fischer¹, Julia Fröhlich², Anna Obiegala³, Martin Pfeffer³, Cornelia Silaghi¹

Institutionen ¹Institut für Infektionsmedizin, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald-Insel Riems, Deutschland; ²Lehrstuhl für Experimentelle Parasitologie, Tierärztliche Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München, München, Deutschland; ³Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, Leipzig, Deutschland; susanne.fischer@fli.de

Anaplasma phagocytophilum ist ein intrazelluläres Alphaproteobacterium, welches durch Zecken übertragen wird. In Europa und Deutschland wird es durch die weit verbreitete Schildzecke *Ixodes ricinus* (gemeiner Holzbock) übertragen. *A. phagocytophilum* kann bei Infektion von Menschen oder spezifischen Wirten wie Hunden, Katzen oder Hauswiederkäuern eine fieberhafte Erkrankung verursachen, die Granulozytäre Anaplasmose. In Europa handelt es sich dabei um eine eher seltene Erkrankung des Menschen, für deren unterschiedliche Schwere unterschiedliche genetische Varianten des Bakteriums verantwortlich gemacht werden. Bis heute sind die zugrundeliegenden Übertragungszyklen, sowie die einzelnen Reservoirwirte dieser Varianten nicht eindeutig geklärt. Daher wurden für diese Studie über einen Zeitraum von ca. 20 Jahren 16 verschiedene Wirtsspezies mit insgesamt mehr als 781 Milz- oder Blutproben aus ganz Deutschland und einigen weiteren europäischen Ländern mittels qPCR auf das Bakterium untersucht. Bei positiven Proben wurde versucht vier verschiedene Teilgene (16S rRNA, groEL, msp4 und msp2) des Bakteriums zu amplifizieren und zu sequenzieren. Mit Hilfe dieser Daten konnte eine Multilokus Cluster Analyse auf Basis von Spanning Netzen und eine Wirt-Variantenkorrelation durchgeführt werden. Es konnten vorrangig neue 16S rRNA, msp4 und groEL Sequenzen erstellt werden. Es fanden sich sehr spezifische Virus-Wirt-Varianten, aber auch Varianten ohne offensichtliche Wirtsassoziation. Einige dieser spezifischen Kombinationen lassen sich mit Hilfe der bereits vorgeschlagenen Lebenszyklen des Bakteriums in verschiedenen Wirten in der Umwelt gut nachvollziehen. Allerdings ergeben sich auch noch viele offenen Fragen hinsichtlich der eigentlichen Reservoir-Spezies für z.B. bei Hunden und Menschen pathogenen Varianten. Hier ist vorrangig auch der Igel als potentiell Reservoir in den Blickpunkt geraten, die gefundenen Varianten clustern direkt mit den in Hunden detektierten Varianten. Das Rehwild hingegen ist der Wirt mit der größten Variantenvielfalt aller Wirte. Das Rotwild zeigt eine weniger große Bandbreite an Varianten, dafür aber auch jene, die in Nutztieren wie z.B. Kühen klinische Symptome auslösen. Die vorliegende Studie zeigt den Ansatz einer grundlegenden molekular epidemiologischen Analyse der Variantenverbreitung von *A. phagocytophilum*. Ausblickend bedarf es jedoch einer weiterführenden epidemiologisch organisierten Datenerhebung (Sequenzen und Metadaten) für *A. phagocytophilum*, um den Erreger noch besser zu charakterisieren und seine Überlebenszyklen abschließend zu verstehen.

4.1.28 Antibiotikaverbrauch im Zusammenhang mit einem regionalen Staphylococcus aureus Genotyp B Sanierungsprojekt im Kanton Tessin, Schweiz

Autoren Michael Vaccani¹, Sesso Lorenzo¹, Julie Pont², Gertraud Schüpbach-Regula², Michèle Bodmer¹

Institutionen ¹Wiederkäuerklinik, Universität Bern, Schweiz; ²VPHI Institut Vetsuisse-Fakultät Bern; julie.pont@vetsuisse.unibe.ch

Einleitung

Durch *S. aureus* Genotyp B verursachte subklinischen Mastitiden können sich vor allem während der gemeinsamen Sömmerung von Tieren aus verschiedenen Betrieben schnell verbreiten. Sie stellen nicht nur ein Problem für die Tiergesundheit, sondern auch für die Rohmilchkäseherstellung dar. Betroffene Herden können durch Bildung einer Melkreihenfolge gemäss Infektionsstatus und Behandlung oder Ausmerzung von betroffenen Tieren saniert werden. In der vorliegenden Arbeit wurde der Antibiotikaverbrauch im Rahmen eines Projektes zur Sanierung von *S. aureus* Genotyp B im Kanton Tessin erhoben. Hypothesen: 1) der Antibiotikaverbrauch während der Sanierung ist höher im Vergleich zu nach der Sanierung und 2) der Antibiotikaverbrauch nach der Sanierung ist geringer als vor der Sanierung.

Material und Methode

Der Antibiotikaverbrauch wurde auf insgesamt 82 Milchviehbetrieben, welche im Sanierungsprojekt mitmachten evaluiert, wobei 62 Betriebe *S. aureus* Genotyp B positiv waren und 20 Betriebe *S. aureus* Genotyp B negativ. Basierend auf tierärztlichen Verschreibungsdaten wurde die Behandlungsinzidenz pro Jahr und 1000 Kühe für die intramammären Behandlungen während der Laktation und zum Trockenstellen berechnet. Der Vergleich von Fall- und Kontrollgruppe erfolgte mit dem ungepaarten t-Test und der Vergleich der Fallbetriebe innerhalb des Studienzeitraumes (2017-2019) wurde mit einem paired Wilcoxon Test durchgeführt. Die Sömmerungsperiode wurde separat vom restlichen Jahr ausgewertet.

Resultate

Wegen unvollständigen Tierarzt-daten konnten nur 46 Fall- respektive 16 Kontrollbetriebe in die Auswertung einfließen. Im Jahr 2018 (Sanierungsjahr) war die Behandlungsinzidenz Laktation im Mittel signifikant höher als für die Kontrollbetriebe ($p=0.003$). Beim Vergleich von 2017 (vor der Sanierung) mit 2019 (nach der Sanierung) gab es keinen signifikant niedrigeren Verbrauch während der Laktation und für das Trockenstellen für 2019 zu verzeichnen.

Bei den Sömmerungsbetrieben wurde im Jahr nach der Sanierung (2019) ein signifikant tieferer Verbrauch Laktation für diejenigen Alpen festgestellt, welche nur *S. aureus* Genotyp B negative Tiere aufnahmen ($p=0.004$).

Diskussion

Es konnten keine signifikanten Unterschiede im Antibiotikaverbrauch zwischen vor und nach der Sanierung aufgezeigt werden. Die Sanierung hat aber zu einem tendenziell geringeren Laktationsverbrauch in den Ursprungsbetrieben und zu einem signifikant tieferen Verbrauch auf sanierten Sömmerungsbetrieben geführt. Dies ist mit einer tieferen Inzidenz von *S. aureus* Genotyp B Mastitiden vereinbar und wurde in früheren Studien bereits gezeigt. Als Folge ist eine bessere Milchqualität und Verkäsbarkeit sowie eine erhöhte Lebensmittelsicherheit von Rohmilchprodukten zu erwarten.

4.1.29 Network analysis of free-range egg laying hens movements obtained using RFID sensors

Autoren Vitaly Belik¹, Andrzej Jarynowski¹, Johann Boshoff², Derek Schneider², Terence Sibanda², Isabelle Ruhnke²

Institutionen ¹Freie Universität Berlin, Deutschland; ²University of New England, Australia; vitaly.belik@fu-berlin.de

RFID sensors is a promising technology for welfare and health conditions assessment in the egg production industry. We analyse the dataset on free-range hens movements in Australia from 18 000 commercial laying hens using a highly innovative custom-built RFID system, which allowed to trace individual hen movements on the range and in the hen house for the entire 56 week duration of the laying period. Based on the data, we construct the corresponding individual mobility networks with nodes being locations and links being movements between them. We investigate the resulting networks in terms of degree distribution and higher order correlation structures, such as clustering coefficient, motifs, communities and centrality measures. We also correlate the obtained network measures with activity patterns and health characteristics of the hens. Our study demonstrates that health and performance indicators enriched with the network analysis promise to improve the hens well-being as well as to allow targeted interventions and optimise economical efficiency of the egg production industry.

4.1.30 Systematic or Scoping review? Example of the Photoactivated Chromophore for keratitis-Corneal Cross-linking (PACK-CXL) studies.

Autoren Malwina Kowalska^{1,2}, Simon Pot², Sonja Hartnack¹

Institutionen ¹Section of Epidemiology, Vetsuisse Faculty, University of Zurich;

²Ophthalmology Section, Equine Department, Vetsuisse Faculty, University of Zurich; malwina.kowalska@uzh.ch

Systematic reviews and subsequent meta-analysis present a well-established methodology in an evidence-based context, aiming to answer a precise research question. The ability to perform meta-analysis and therefore address a specific research question may be precluded by a lack of homogeneous outcomes or suitable publications. Narrative reviews may be an alternative, but they are prone to bias. Another option is scoping reviews, which tend to address broad research question where many different study designs might be applicable. The first scoping review methodology was presented by Arksey and O'Malley in 2005. Since then, scoping review method has attracted a growing number of researchers.

In our study, we will illustrate the example of a scoping review based on a literature review of PACK-CXL (photoactivated chromophore for keratitis-corneal crosslinking) in preclinical studies.

Infectious keratitis is caused by many different pathogens and may result in vision loss if not treated appropriately. Treatment aims to eliminate pathogens and stop corneal destruction. Current standard therapy in humans and animals is inconvenient with frequent re-examinations and drug administration using often antibiotics. In the context of increasing antibiotic resistance, non-antibiotic-based therapies are crucial. The photo-activated therapy with cross-linking (PACK-CXL) presents an alternative. A number of PACK-CXL protocols, differing in energy settings and chromophores, have been applied in (pre-)clinical studies with variable experimental settings and measured endpoints. So far, a systematic mapping of the applied protocols is lacking but considered essential to guide future translational studies and to improve PACK-CXL technology as a treatment for infectious keratitis. To address this research gap, we chose a scoping review method.

Based on the currently undertaken study we will illustrate the methodology of scoping reviews in contrast to systematic reviews. Focusing on when it is appropriate to use it, differences in methods, and findings presentation.

The scoping review protocol was built in line with the PRISMA Extension for Scoping Reviews and the JBI Manual for Evidence Synthesis.

4.1.31 Main risk factors for severe outcomes for COVID-19 patients hospitalized in Switzerland between February to August 2020

Autoren **Filipe Maximiano Sousa^{1,20}, Maroussia Roelens², Brian Friker^{1,20}, Amaury Thiabaud², Anne Iten³, Alexia Cusini⁴, Domenica Flury⁵, Michael Buettcher⁶, Franziska Zucol⁷, Carlo Balmelli⁸, Petra Zimmermann^{9,10}, Nicolas Troillet¹¹, Danielle Vuichard-Gysin¹², Peter W. Schreiber¹³, Sara Bernhard-Stirnemann¹⁴, Sarah Tschudin-Sutter¹⁵, Yvonne Nussbaumer-Ochsner¹⁶, Rami Sommerstein^{17,18}, Roman Gaudenz¹⁹, Jonas Marschall¹⁷, Céline Gardiol²⁰, Olivia Keiser², Gertraud Schüpbach^{1,20}, Stephan Harbarth³, Andreas Widmer¹⁵, Miriam Vázquez¹⁷, Lauro Damonti¹⁷, Christoph Kuhm²¹, Thomas Riedel²², Ulrich Heininger²³, Christoph Berger²⁴, Natascia Corti²⁵, Anita Uka^{9,10}, Anita Niederer-Loher²⁶, Philipp Kaiser²⁷, Stefan Kuster²⁰, Mirjam Mäusezahl²⁰, Claudia Scheuter²⁰, Monica Wymann²⁰, Beatriz Vidondo^{1,20}**

Institutionen ¹Veterinary Public Health Institute, Schweiz; ²Institute of Global Health, Faculty of Medicine, University of Geneva, Geneva, Switzerland; ³Service of Prevention and Infection Control, Directorate of Medicine and Quality, University Hospital Geneva, HUG, Geneva, Switzerland; ⁴Department of Infectious Diseases, Cantonal Hospital Graubuenden, Chur, Switzerland; ⁵Division of Infectious Diseases and Hospital Epidemiology, Cantonal Hospital St. Gallen, St. Gallen, Switzerland; ⁶Paediatric Infectious Diseases, Department of Paediatrics, Children's Hospital, Cantonal Hospital Lucerne, Switzerland; ⁷Paediatric Infectious Diseases, Department of Paediatrics, Cantonal Hospital Winterthur, Winterthur, Switzerland; ⁸Infection Control Program, EOC Hospitals, Ticino, Switzerland; ⁹Faculty of Science and Medicine, University of Fribourg, Fribourg, Switzerland; ¹⁰Department of Paediatrics, Fribourg Hospital HFR, Fribourg, Switzerland; ¹¹Service of Infectious Diseases, Central Institute, Valais Hospitals, Sion, Switzerland; ¹²Division of Infectious Diseases and Hospital Hygiene, Thurgau Hospital Group Münsterlingen and Frauenfeld, Switzerland; ¹³Division of Infectious Diseases and Hospital Epidemiology, University Hospital Zurich and University of Zurich, Zurich, Switzerland; ¹⁴Children's Hospital Aarau, Aarau, Switzerland; ¹⁵Division of Infectious Diseases & Hospital Epidemiology, University Hospital Basel and University of Basel, Switzerland; ¹⁶Clinic for Internal Medicine, Cantonal Hospital, Hospitals Schaffhausen, Schaffhausen, Switzerland; ¹⁷Department of Infectious Diseases, Bern University Hospital (Inselspital), Bern, Switzerland; ¹⁸Infectious Diseases and Hospital Hygiene, Hirslanden Central Switzerland, Lucerne; ¹⁹Internal Medicine and Infectiology, Cantonal Hospital Nidwalden, Stans, Switzerland; ²⁰Swiss Federal Office of Public Health, Bern, Switzerland; ²¹Department of Internal Medicine, Cantonal Hospital Münsterlingen, Thurgau Hospital Group, Switzerland; ²²Department of Pediatrics, Cantonal Hospital Graubuenden, Chur, Switzerland; ²³Infectious Diseases and Vaccinology, University of Basel Children's Hospital, Basel, Switzerland; ²⁴Division of Infectious Diseases, and Children's Research Center, University Children's Hospital Zurich, Zurich, Switzerland; ²⁵Unit of General Internal Medicine, Hirslanden Clinic, Zurich, Switzerland; ²⁶Children's Hospital of Eastern Switzerland, Saint Gall, Switzerland; ²⁷Division of Infectious Diseases, Cantonal Hospital Lucerne, Lucerne Switzerland; filipe.maximiano@vetsuisse.unibe.ch

After detection of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in 114 countries (1), the World Health Organization (WHO) declared COVID-19 as a pandemic on 11th May, 2020 (2). The first case in Switzerland was detected on 25th of February 2020 (3).

Being a novel disease and as clinical signs differ among individuals, from asymptomatic to severe disease with fatal outcome (4), identifying risk groups has important consequences for recommendations to the public, control measures plans and patient management.

The aim of this study was to explore risk factors for in-hospital mortality and ICU admission for hospitalized COVID-19 patients, during the first months of the epidemic, in Switzerland.

Methods

All (n=3590) adult PCR-confirmed hospitalized patients recorded in the Hospital-based surveillance system for COVID-19 (CH-Sur) by September 1st, 2020 were included. To identify potential risk factors we calculated univariable and multivariable proportional hazards survival regression models and logistic regression models for in-hospital mortality and admission to ICU, respectively.

Results and Discussion

Older age had the highest Hazards Ratio (HR) for in-hospital mortality ($HR \pm 95\%CI = 2.46 \pm (2.33-2.59)$ and $5.6 \pm (5.23-6)$ for age 65 and 80+ years, respectively). Male gender was also an important risk factor in the multivariable models ($HR \pm 95\%CI = 1.47 \pm 1.41-1.53$). Renal disease, oncological pathologies, chronic respiratory disease, cardiovascular disease and dementia were also risk factors for in-hospital mortality. With respect to ICU admission risk, male gender ($OR \pm 95\%CI = 1.91 \pm 1.58-2.31$), hypertension ($OR \pm 95\%CI = 1.3 \pm 1.07-1.59$) and age 55-79 years ($OR \pm 95\%CI = 1.15 \pm 1.06-1.26$) were the main factors. Patients aged 80+ years, as well as patients with dementia or with liver disease were admitted less often to ICU. It could be that the pattern was different to that of death, as patients with higher chances of survival might have been admitted more often to ICU.

Conclusion

Increasing age seems the most important risk factor for in-hospital mortality hospitalized COVID-19 patients in Switzerland, along with male gender and followed by the presence of comorbidities such as renal diseases, chronic respiratory, cardiovascular disease, oncological malignancies, and dementia. Male gender, hypertension and age between 55 and 79 years are, however, risk factors for ICU admission. Mortality and ICU admission should be considered as separate outcomes when investigating risk factors for pandemic control measures and for hospital resources planning.

4.1.32 Measuring the importance of pig transport data interpretation in simulated African swine fever outbreaks in Switzerland

Autoren Antoine Champetier¹, Francisco Galli¹, Hartmut Lentz², Vitaly Belik³, Salome Dürr¹

Institutionen ¹Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland; ²Institute of Epidemiology, Friedrich-Loeffler-Institut, Germany; ³System Modeling Group, Institute for Veterinary Epidemiology and Biostatistics, Freie Universität Berlin, Germany; antoine.champetierderibes@vetsuisse.unibe.ch

Epidemiological simulation models of transmissible disease can be of great value not only for disease control, but also in the context of surveillance and early detection of new or emerging diseases. In areas, where outbreaks of a particular disease have never occurred, such models help combine knowledge gained where the disease has already occurred with information and expertise about the specific area under surveillance.

African swine fever (ASF) in Europe and its potential introduction to Switzerland offers such a modeling opportunity. We combine insights gained during ASF outbreaks outside the country to help evaluating early detection and surveillance strategies, adapted to the unique characteristics of the Swiss pig sector. In our model, epidemiological parameters such as the latency period or the infection rate within herds are assumed to be similar in Switzerland and elsewhere. However, networks of contacts with potential for transmission are different, reflecting a relatively high specialization of activities along production stages (breeding, multiplication, fattening) but with high variety in the combinations of these activities among a large number of small farms. We combine the best available set of transport data with other pig sector data from government and professional organizations to construct a transmission contact network reflecting the specificities of Swiss production relevant for the early spread of ASF.

Given the absence of ASF outbreak data in Switzerland to validate model predictions, we develop a careful sensitivity analysis for parameter values and network data. For parameter values such as infection probabilities, this analysis is standard and relies on assigning a range and probability distribution to parameters based on literature and expert opinion. For transport network data, we explore the impact of alternative extrapolation methods for predicting links additional to the recorded pig transports on model simulation results. For instance, while all transports of live pigs in Switzerland must be recorded in a centralized database by law, the format of entries does not always allow identifying when the transport of two batches occurred as part of one trip with multiple stops, connecting all holdings of a same tour.

Our sensitivity analysis on the transport network will help us evaluate how different data interpretation and extrapolation methods designed to address data limitations influence simulation outcomes in terms of surveillance and early detection performance. This sensitivity analysis to network data extrapolation highlights the trade-off between using more refined contact network data and introducing potential bias.

4.1.33 Bridging the sectors towards "0 by 30": A tool for One Health collaboration in rabies prevention, control and elimination

Autoren **Anna Fahrion¹, Thomas Müller¹, Sylvia Dreyer¹, Guillaume Belot², Conrad Freuling¹, Klaas Dietze¹**

Institutionen ¹Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald, Deutschland; ²World Health Organization, Headquarters, Genf, Schweiz; anna.fahrion@fli.de

Developed and facilitated by WHO and OIE, "IHR-PVS National bridging workshops" (NBW) aim at analysing and improving collaboration between the human and animal health sectors in the response to zoonotic diseases and other health events at the animal-human interface. The methodology is by now a pivotal tool for implementing a true One Health approach, improving inter-sectoral collaboration in the detection, surveillance, control and prevention of endemic, epidemic and emerging disease, thereby strengthening communities and health systems. As of today, NBWs have been successfully held in far more than 30 countries. Evaluation of these past workshops highlights rabies as the most frequently recurring topic in the selection of case studies, clearly showing that countries acknowledge the annual burden of nearly 60,000 people dying from this devastating disease globally, but still struggle to find appropriate approaches to tackle the problem. However, the knowledge and tools exist to put an end to the human tragedy of rabies. The Global Strategic Plan (GSP, 2018) provides a goal to end human dog-mediated rabies by 2030 worldwide and includes the implementation of a Rabies-tailored National Bridging Workshop (NBW-R). Upon request of WHO and OIE we set out to develop and test a NBW-R to respond to the great need of countries to specifically address this issue in detail. A disease-specific concept was developed in collaboration with tripartite partners and a broad range of national and international experts, adapting methods and tools of the existing generic NBW workshop sessions and complementing the frameworks used for NBW (the IHR Monitoring and Evaluation Framework and the PVS Pathway) by rabies-specific key documents and frameworks. The "Stepwise Approach towards rabies elimination" (SARE), a much-used monitoring and evaluation framework, specifically developed for rabies, now constitutes a central element of the tool. Ultimately, the methodology of the NBW-R will be refined through pilot NBW-R workshops in countries. The newly developed NBW-R tool will enable countries to implement, improve and refine their national strategic plans for rabies prevention and control by improving multisectoral collaboration in the fight against rabies. Continuous assessment of the existing landscape of One Health and rabies-specific tools is crucial to demonstrate potential areas of use and added value of a NBW-R and to maximize synergies between tools.