

# BovHEAT - Bovine Heat Detection and Analysis Tool

Open-source analysis tool to process data from automated activity monitoring systems in dairy cattle for estrus detection.

J.-L. Plenio<sup>#</sup>, A. Bartel<sup>#</sup>, A.M.L. Madureira<sup>‡</sup>, R.L.A. Cerri<sup>‡</sup>, W. Heuwieser<sup>\*</sup>, and S. Borchardt<sup>\*</sup>

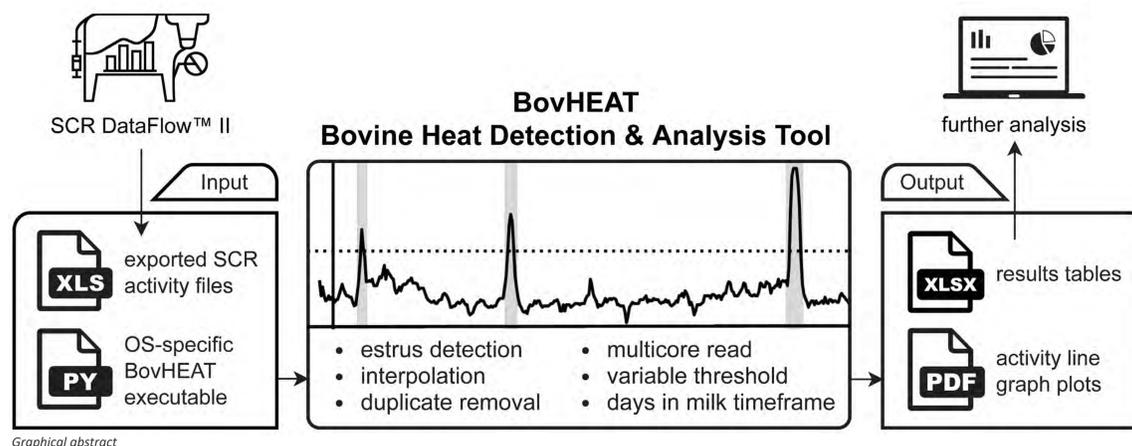


## Introduction

Automated activity monitoring (AAM) systems have been reported as a useful tool for accurate detection of estrus, which has the potential to increase reproductive performance in dairy farms with both cows and heifers. Managing and processing data from AAM systems for research and practice purposes have become complex and challenging tasks due to the increased volume, variety and sampling frequency of the data. Manual or Excel-based processing can lead to time-consuming and error-prone analysis of AAM data, especially when analyzing large datasets.

### Objective

The objective of this study was to develop and validate an open-source analysis tool for the automated processing of dairy cow activity data from automated activity monitoring systems for estrus detection.



### Utilizing



### Executables for



## Automated activity monitoring data and source

For development, we used AAM data from 5,477 cows from a neck-attached accelerometer (Heatime, SCR Engineers Ltd., Netanya, Israel). Animal activity was stored as aggregated average activity blocks of 2-h time periods (12 blocks of 2 hours per day per cow).

## Estrus parameter definition

Each estrus event can be defined by three different behavioral events in the time sequence: onset of estrus (ONSET), peak of estrus activity (PEAK), and the end of estrus (END). Duration (DUR) of an estrus event can be defined as the interval from ONSET to END.

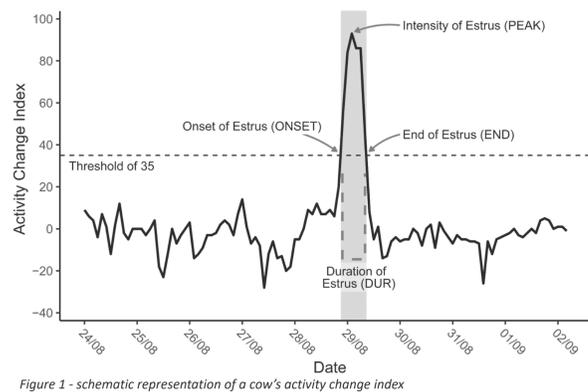


Figure 1 - schematic representation of a cow's activity change index

## Validation

In total, activity data from 60 cows representing a maximum number of 600 observations (50 days with 12 observations per day) per cow were used. We compared three different methods to process AAM data: 1) manual data evaluation (MAN), 2) an established Excel tool called HeatCalc (EXCEL), and 3) the developed analysis tool (BovHEAT). An estrus event was reported accurately if all five characteristics were identified correctly: timing of ONSET, END and PEAK, PEAK activity change index value and DUR.

## Results

Both EXCEL and BovHEAT correctly identified all estrus events and their parameters. Manual data extraction was less accurate due to various human errors, including calculation, transfer and reporting mistakes, with 13 out of 60 cows having at least one error. BovHEAT considerably shortens the analysis time, being 3.51 times faster than MAN ( $P < 0.001$ ) and 2.63 times faster than EXCEL ( $P < 0.001$ ). A fully automated run with BovHEAT processing the complete dataset of 5,477 cows, which consisted of 361 XLS and XLSX files, took 172 seconds.

## Conclusion

The results from this study indicate that BovHEAT speeds up processing, requires less user interaction, provides additional features and is less error-prone. Our aim is to accelerate future research with AAM data and facilitate reproducibility via our validated analysis tool.

## BovHEAT usage

A one-file executable, which reads and processes activity data files automatically. The user can define processing parameters. PDF/Excel output.

### Parameters to choose

- Threshold for heat detection (Figure 1)
- Start and stop days in milk (DIM) values to define the observation period, e.g. DIM 0-50
- Missing values interpolation limit
- Minimum heat length to count as a heat
- CPU core count to use for calculation

### Error handling and correction

- Missing values are interpolated (rolling mean)
- Percentage of usable activity data in the selected observation period is reported
- Plausibility check for short estrus intervals (two estrus events within less than 10 hours)
- Calving date is retroactively calculated, if missing

### Output and visualization

Output is delivered as a wide and long formatted XLSX file and as a PDF with activity line graph visualizations for each lactation and cow.

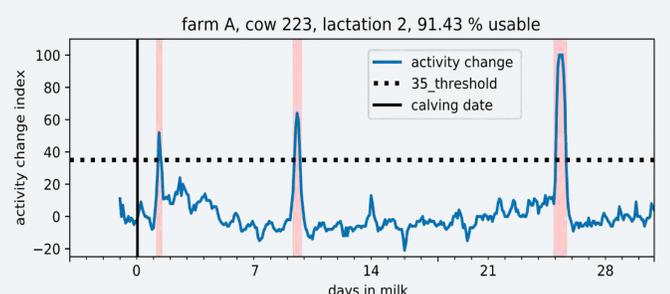


Figure 2 - sample output activity change index line graph with highlighted estrus events



Evaluate, download and contribute to BovHEAT on [github.com/bovheat](https://github.com/bovheat)

# Systematic identification of potential risk factors for African Swine Fever

## Conventional literature review versus text mining

Hannes Bergmann<sup>1\*</sup>, Johanna Dups-Bergmann<sup>1</sup>, Katja Schulz<sup>1</sup>, Jörn Gethmann<sup>1</sup>, Carolina Probst<sup>1</sup>, Laura Zani<sup>2</sup>, Melina Fischer<sup>3</sup>, Nicolai Denzin<sup>1</sup>, Sandra Blome<sup>3</sup>, Franz J. Conraths<sup>1</sup>, Carola Sauter-Louis<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Epidemiology, Friedrich-Loeffler-Institut, Federal Research Institute for Animal Health, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, Germany <sup>2</sup> Institute of International Animal Health/One Health, Friedrich-Loeffler-Institut, Federal Research Institute for Animal Health, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, Germany <sup>3</sup> Institute of Diagnostic Virology, Friedrich-Loeffler-Institut, Federal Research Institute for Animal Health, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, Germany

**Aim:** Identify potential risk factors associated with the occurrence of African swine fever

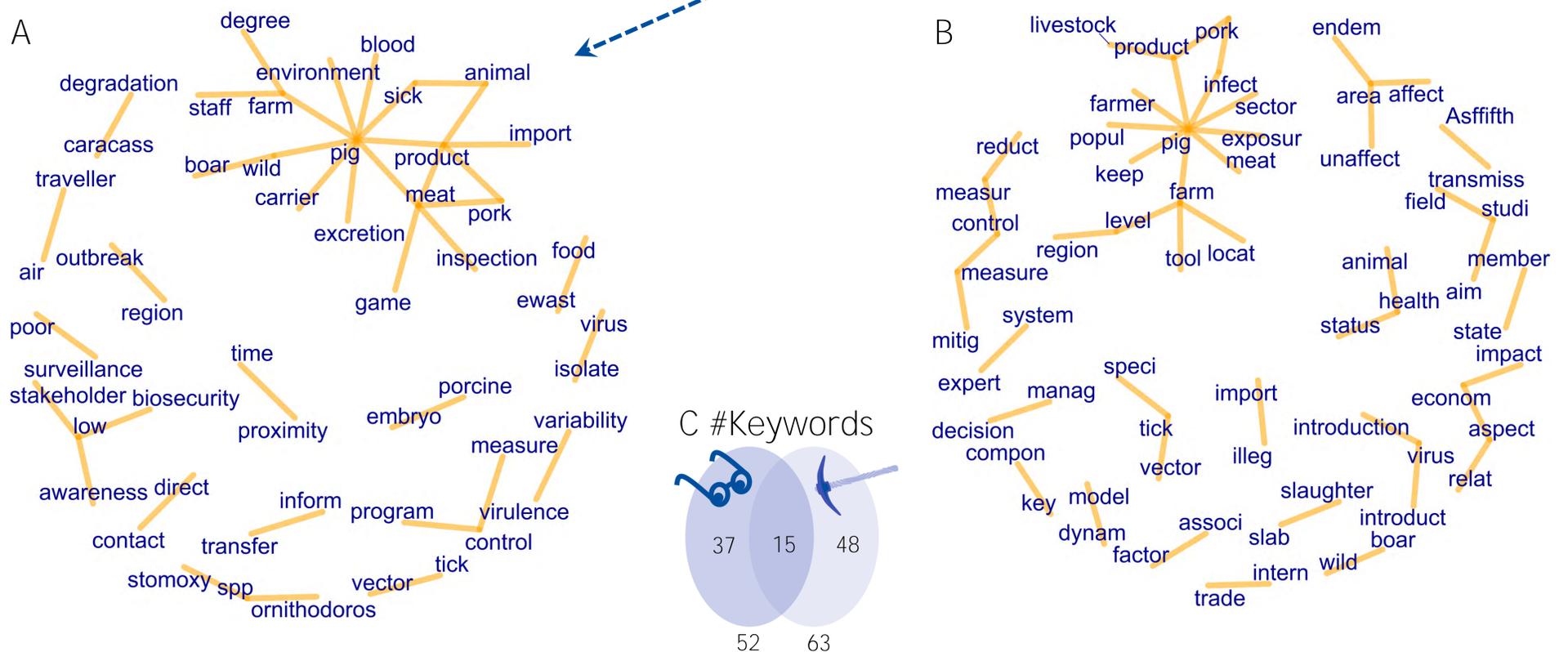
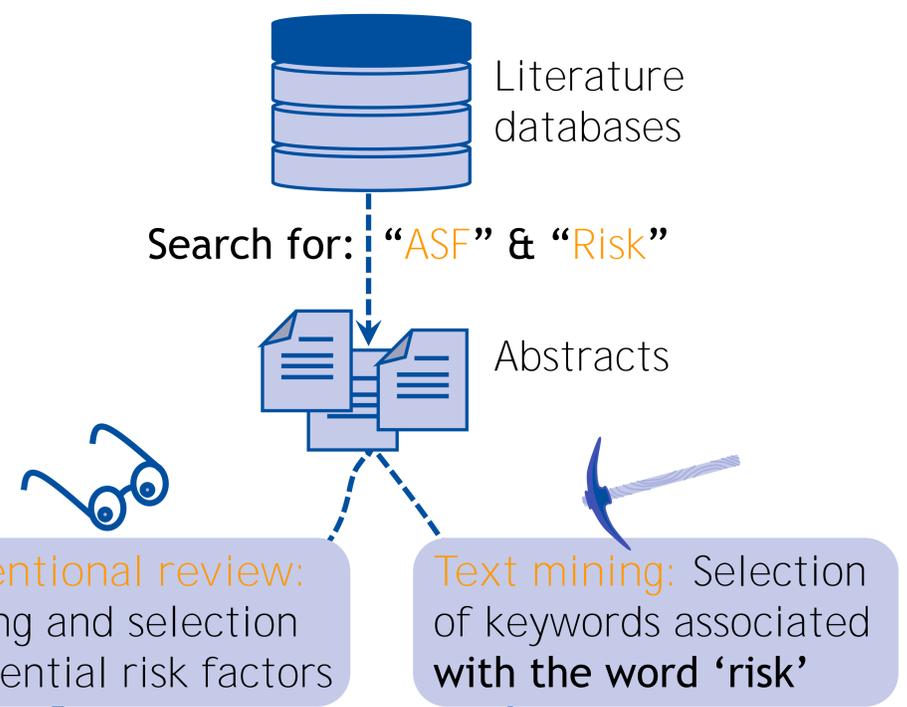


Figure: Co-occurrence networks of keywords associated with ASF and risk, either identified by conventional literature review (A) or text mining (B). Counts of identified keywords are shown in C.

**Conclusions:** Text mining...

- is much faster
- is surprisingly informative
- is semantically limited
- can help rapid risk appraisals



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

Delalay G<sup>1</sup>, Di Labio E<sup>1</sup>, Glauser DL<sup>2</sup>, Schwermer H<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Abteilung Tiergesundheit, Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen BLV, Bern, Schweiz

<sup>2</sup> Suisselab AG, Zollikofen, Schweiz

## Hintergrund

Die Bovine Virus-Diarrhoe (BVD) ist eine wirtschaftlich bedeutsame Erkrankung des Rindes. Seit 2008 läuft in der Schweiz ein BVD-Ausrottungsprogramm. Seit 2012 erfolgt die Überwachung der Milchviehbetriebe mittels der serologischen Untersuchung von Tankmilchproben.

Im Herbst 2019 wurden im Rahmen der Überwachung ein ungewöhnlich hoher Anteil an Tankmilch-Ergebnissen oberhalb des Cut-off-Wertes (Wert  $\geq 14$  PP) sowie ungewöhnlich viele extrem hohe Werte gemessen (Abb. 1). Bei den weiterführenden Untersuchungen von Rindergruppen wurden jedoch oft keine seropositiven Tiere im Bestand gefunden.

Um die Situation auf solchen Betrieben besser zu verstehen und die Eignung der ELISA-Tests für die Überwachung in der Schweiz sicherzustellen, wurde diese Studie durchgeführt.

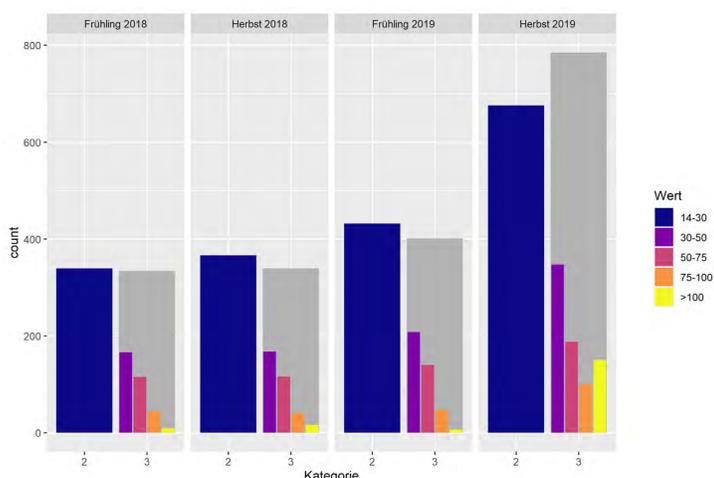


Abbildung 1: Klassifizierung von den Milchkuhbetrieben im halb-jährigen Überwachungsprogramm in 2018 und 2019. Werte in PP (percentage positivity).

## Methoden

Für die Studie wurden 13 Betriebe anhand ihrer Tankmilch-Ergebnisse in den letzten Jahren ausgewählt.

Auf den Betrieben wurden am selben Tag vom zuständigen kantonalen Veterinärdienst eine Tankmilchprobe sowie Blutproben von allen erwachsenen Rindern genommen.

Die Tankmilchproben wurden von der Suisselab AG serologisch mit dem für die Überwachung verwendeten ELISA-Testverfahren (SVANOVIR®) und einen Kontroll-ELISA (IDvet®) getestet. Die Blutproben wurden vom IVI Bern serologisch mittels eines ELISA-Testverfahrens (SVANOVIR®) untersucht. Falls der Verdacht auf eine persistierende Infektion auf dem Betrieb bestand, wurden die Blutproben zusätzlich virologisch mittels PCR getestet.

## Ergebnisse

Betrieb	SVANOVIR®-PP-Wert (percentage positivity value)	SVANOVIR®-Ergebnis qualitativ †	SVANOVIR®-Ergebnis Klasse ‡	SVANOVIR®-erwartete Seroprävalenz ‡	ID Screen® PI-Wert (percentage inhibition value)	ID Screen®-erwartete Seroprävalenz §	Anzahl laktierende Kühe	Anteil laktierende seropositive Kühe	Seroprävalenz der Population
AR-M	43.6%	+	3	$\geq 14\%$	25.5%	< 10%	20	15.0%	9.1%
BE-G	50.9%	+	3	$\geq 14\%$	47.5%	10 – 30%	14	14.3%	16.7%
BE-W	14.8%	+	2	5 – 30%	38.5%	10 – 30%	15	6.7%	3.2%
FR-B	45.4%	+	3	$\geq 14\%$	67.9%	> 30%	30	20.0%	10.6%
FR-J	50.0%	+	3	$\geq 14\%$	76.2%	> 30%	32	21.9%	9.6%
FR-S	46.6%	+	3	$\geq 14\%$	55.8%	10 – 30%	26	7.7%	6.9%
GL-Z	14.9%	+	2	5 – 30%	10.2%	< 10%	36	2.8%	2.0%
LU-S	42.8%	+	3	$\geq 14\%$	77.5%	> 30%	12	25.0%	21.7%
SG-E	7.6%	-	1	$\leq 27\%$	39.0%	10 – 30%	20	85.0%	67.9%
SG-K	9.7%	-	1	$\leq 27\%$	23.9%	< 10%	9	33.3%	23.1%
SG-L	54.4%	+	3	$\geq 14\%$	63.3%	> 30%	18	61.1%	37.5%
SG-R	79.1%	+	3	$\geq 14\%$	79.9%	> 30%	16	93.8%	40.5%
TG-H	27.2%	+	2	5 – 30%	63.3%	> 30%	46	21.7%	20.8%

† Cut-off bei PP% 14 (Überwachungsprogramm)

‡ Cut-offs bei PP% 3, 14 und 30 (SVANOVA), erwartete Seroprävalenz nach: Niskanen (1993)

§ Cut-offs bei PI% 35 und 60 (IDvet)

## Diskussion und Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse des SVANOVIR®-Tests erlauben eine Schätzung der Seroprävalenz innerhalb der laktierenden Kühe im Betrieb. Der IDvet®-Test zeigt vergleichbare Resultate. Da jedoch bei diesem Test die Prävalenzkategorien enger definiert sind, gibt es weniger Betriebe, bei denen die geschätzte Prävalenz bei den laktierenden Kühen mit der tatsächlichen Prävalenz korreliert (Abb. 2). Beide Tests erlauben keine Schätzung für die Seroprävalenz im ganzen Bestand (in Abb. 3, Beispiel SVANOVIR®-Test).

In zwei Betrieben (BE-W und GL-Z) wurden Werte oberhalb des Cut-offs ( $\geq 14$  PP) gemessen, obwohl jeweils nur ein laktierendes Tier seropositiv war. Beide Tiere waren am Anfang der Laktation (Tag 9 bzw. 15 post partum). Es wurde von Bachofen et al. (2013) und Walraph et al. (2018) gezeigt, dass der BVDV-Antikörpergehalt in der Milch schnell und innerhalb weniger Tage nach der Geburt sinkt. Diese Abnahme konnte bis zum Studienende in beiden Studien (bis Woche 11 post partum in Walraph et al. (2018)) beobachtet werden. Damit wäre eine mögliche Erklärung für unsere Beobachtung, dass seropositive Kühe in den ersten Gemelken post partum einen ungewöhnlich hohen Antikörpergehalt in der Milch aufweisen. Dies könnte ausreichen, um hohe Werte in der Tankmilch eines Betriebes zu erreichen.

Beim Betrieb SG-E wurden trotz hoher Seroprävalenz bei den laktierenden Kühen relativ tiefe PP-Werte in der Tankmilch gemessen. Bei den Blutproben von Einzeltieren war bei diesem Betrieb ersichtlich, dass die Tiere eher schwach seropositiv waren. Eine mögliche Erklärung könnte sein, dass das Vorkommen von vielen nur noch schwach seropositiven Tieren – aufgrund eines bereits lange zurückliegenden Kontakts mit dem Virus – in einem Bestand zu tieferen PP-Werten führen kann als bei einer solchen Seroprävalenz erwartet wird.

In unserer Studie haben wir auch Hinweise gefunden, dass die Betriebe SG-E, SG-L und SG-R in der Vergangenheit wahrscheinlich Kontakt mit einem persistent- oder transient-infizierten Tier gehabt haben, da nur ältere Tiere des Bestandes seropositiv waren (Abb. 4). Auf diesen Betrieben war jedoch kein BVD-Geschehen bekannt, was darauf hindeutet, dass die BVD-Überwachung wahrscheinlich einige Lücken aufweist und nicht alle Fälle und Übertragungseignisse gefunden werden.

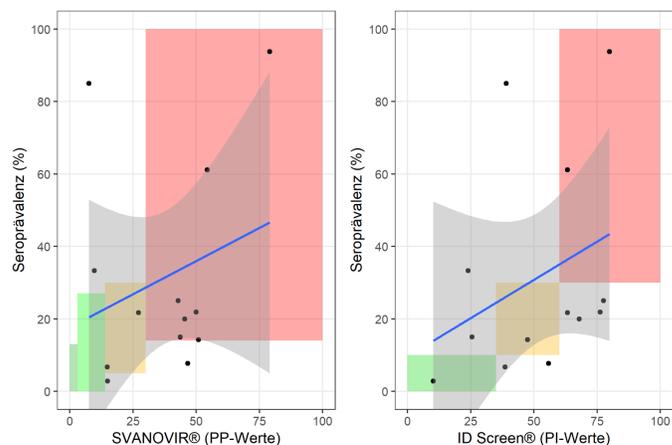


Abbildung 2: Ergebnisse beider ELISA-Tests verglichen mit der Seroprävalenz bei den laktierenden Kühen. Die farbigen Boxen stellen die erwartete Seroprävalenz dar.

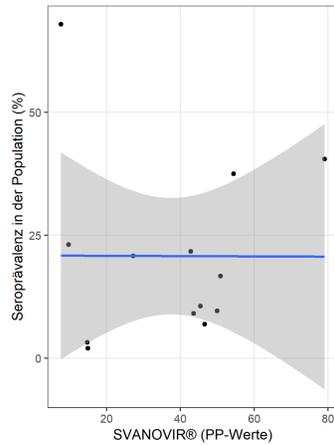


Abbildung 3: Korrelation der Seroprävalenz in der Population mit den Ergebnissen des SVANOVIR®-Verfahrens.

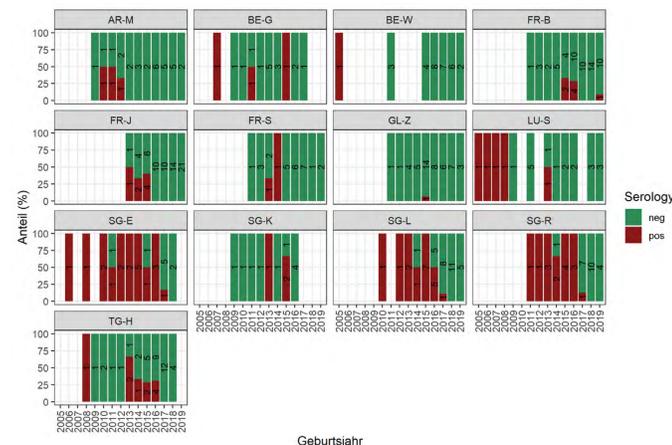


Abbildung 4: Anzahl und Anteil seropositiver Kühe pro Bestand und Geburtsjahr.

## Referenzen

Bachofen C, Bollinger B, Peterhans E, Stalder H, Schweizer M. (2013). Diagnostic gap in Bovine viral diarrhoea virus serology during the periparturient period in cattle. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 25(5), 655–661. <https://www.doi.org/10.1177/1040638713501172>.

Niskanen R. (1993). Relationship between the levels of antibodies to bovine viral diarrhoea virus in bulk tank milk and the prevalence of cows exposed to the virus. *Veterinary Record*, 133(14), 341–344. <https://doi.org/10.1136/vr.133.14.341>.

Walraph J, Zoche-Golob V, Weber J, Freick M. (2018). Decline of antibody response in indirect ELISA tests during the periparturient period caused diagnostic gaps in Coxiella burnetii and BVDV serology in pluriparous cows within a Holstein dairy herd. *Research in Veterinary Science*, 118, 91–96. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2018.01.018>.

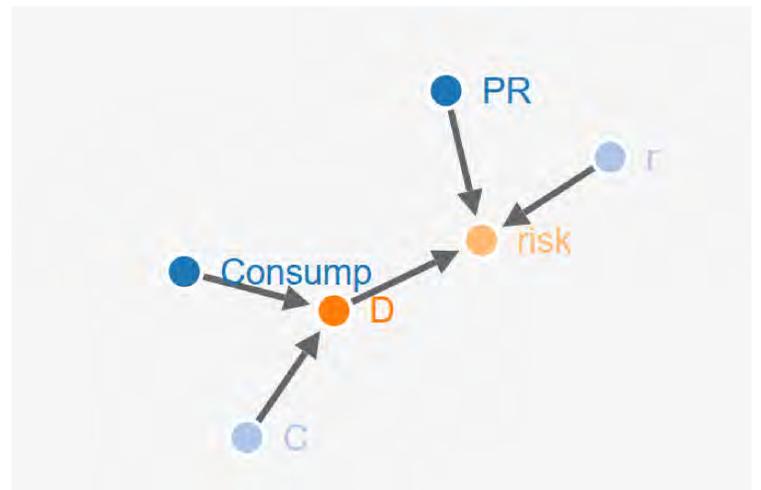
# New Browser-based Tool for Quantitative Risk Assessment

Christin Wallstab, Christine Müller-Graf, Thomas Selhorst, Matthias Greiner

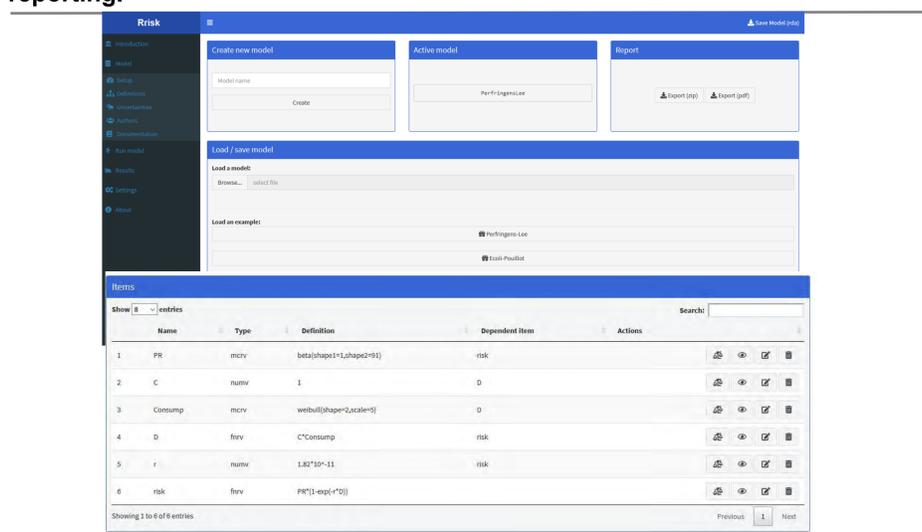
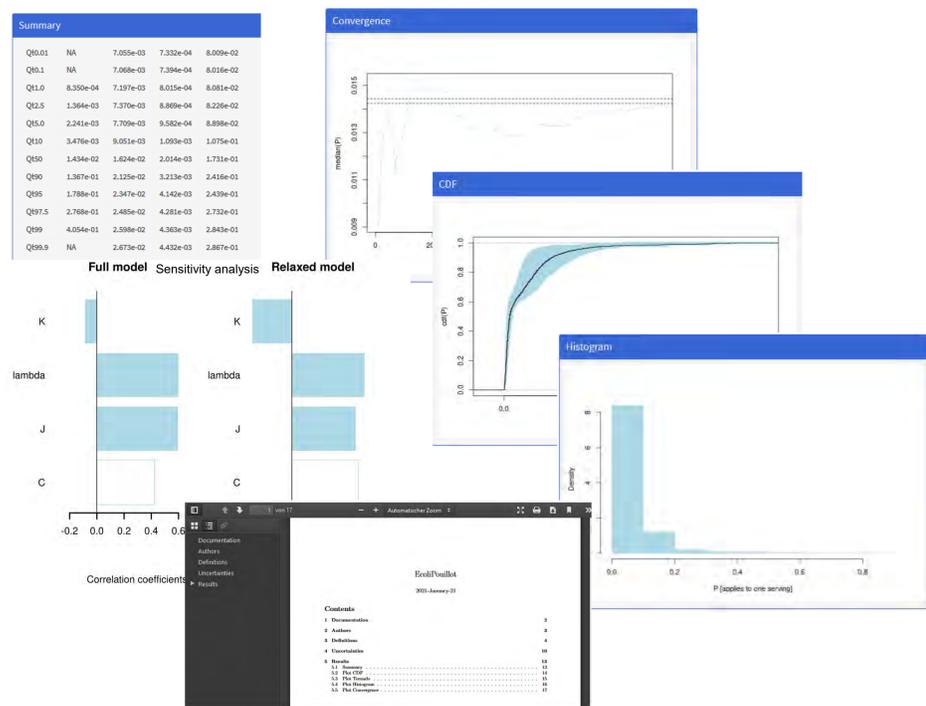
Shiny risk is a web-based tool for probabilistic risk assessment using Monte-Carlo simulation and helps to build quantitative risk models via a clearly and well-structured graphical user interface.

Shiny risk consists of several modules which together compose a framework for probabilistic risk assessment, uncertainty assessment and reporting.

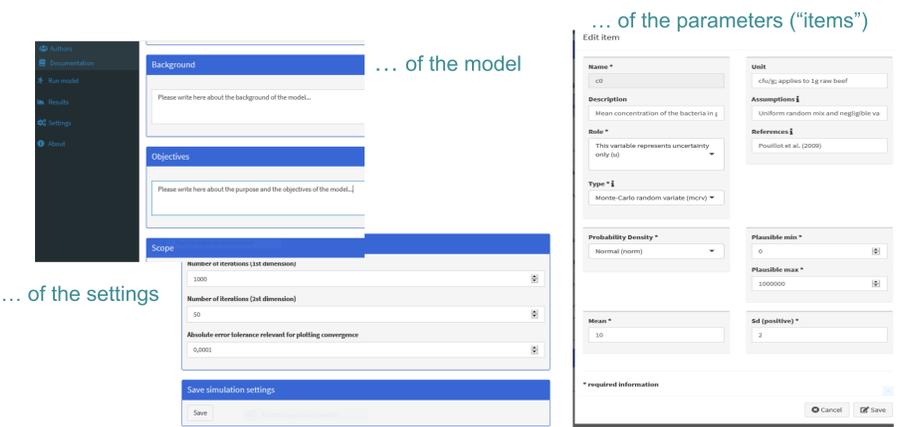
The model is displayed visualising connections between parameters.



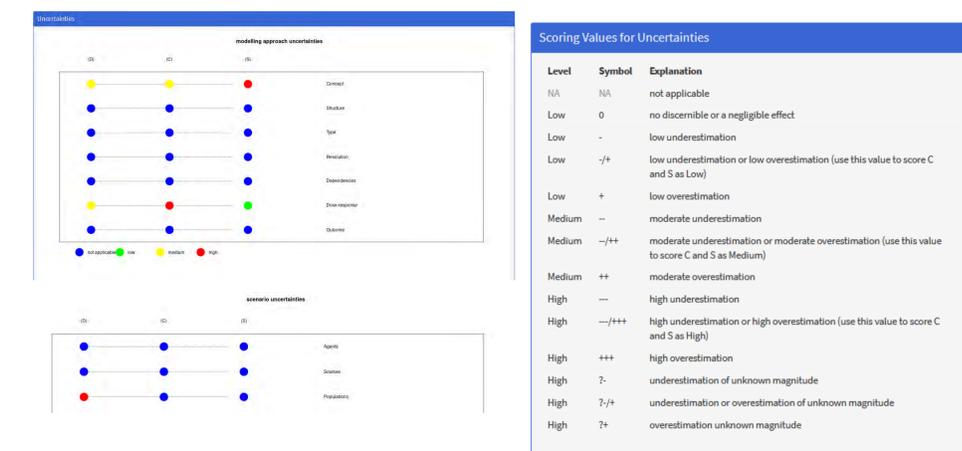
A rich repertoire of tabular and graphical output is generated.



Models can be created from scratch, imported, re-used and edited.



A user-friendly GUI is provided



- use of packages without R programming skills
- model building (variables, parameters, equations, results)
- model visualization
- Uncertainty assessment und uncertainty analysis
- transparency through identity between model and its documentation
- auto-reporting
- state-of-art risk modelling methodology through rich functionality (resampling, bootstrapping, model network graph)
- 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

## Documentation of Uncertainties

The reporting and assessment of uncertainties is based on [BfR] and [EFSA] guidelines and features visualisation (using traffic light matrix) of direction and magnitude of the effect of uncertainty.



- All data and models remain with the user and are not stored on the Shiny risk server. They can be edited.
- Both the program itself and the program code are freely available. Shiny risk is an object oriented implementation R programming language of both original code and R packages.
- Shiny risk will soon be available via a link at the BfR website.



# Modellierung der Ausbreitung des Westnilvirus in Deutschland

Johannes Herrmann<sup>1,2</sup>, Jörn Gethmann<sup>1</sup>, Franz J. Conraths<sup>1</sup>, Hartmut Lenz<sup>1,2</sup>, Thomas Ihle<sup>2</sup>

1. Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Südufer 10, 17493 Greifswald; 2. Universität Greifswald, Felix-Hausdorff-Straße 6, 17489 Greifswald

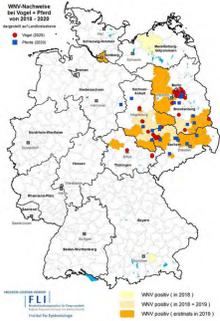


Abb. 1 WNV-Nachweise in Deutschland

## Ausgangssituation

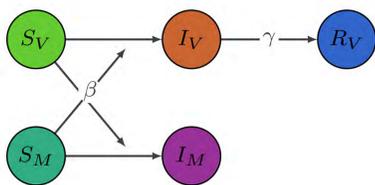
Das Westnilvirus (WNV) aus der Familie der Flaviviridae wird durch Mücken übertragen und befällt vor allem Vögel. Menschen und Säugetiere können infiziert werden, spielen bei der Übertragung aber eine geringe Rolle. Das Virus wurde erstmals 1937 in Uganda nachgewiesen und breitet sich seitdem immer weiter aus. So erreichte es 1999 die USA und bewegte sich in mehreren Ausbruchswellen binnen von fünf Jahren von der Ost- an die Westküste. In Europa hat es sich seit 1990 vor allem im Südosten verbreitet und wurde 2018 erstmals in Osten Deutschlands gefunden. Ausbrüche stehen in Beziehung zu Klima- und Habitatbedingungen insb. der beteiligten Vektoren [1]. Klimatische Veränderungen können dabei eine dauerhafte Etablierung in bis dato unbetroffenen Regionen ermöglichen.

## Zielsetzung

Um die weitere Ausbreitung des Westnilvirus<sup>1</sup> in den kommenden Jahren in Deutschland absehen zu können, wird ein räumliches Differentialgleichungsmodell entwickelt, das speziell den Einfluss o.g. Faktoren berücksichtigt. Dabei wird der Fokus auf die beiden, für die Transmission wichtigsten Spezies, Mücken als Vektoren und Vögel als Wirte gelegt. Abb. 2 zeigt eine exemplarische Art die Verbreitung durch diffusive Prozesse auf lokaler Ebene, kombiniert mit größeren Sprüngen (bspw. durch Zugvögel) zu modellieren.



Abb. 2 Modellierung durch kombinierte Diffusion und große räumliche Sprünge



## Lokales Modell

Dem räumlichen Modell wird ein lokales Differentialgleichungsmodell zugrunde gelegt. Dabei wird der einfache Fall angenommen, dass die Vogelpopulation in den Infektionsstadien „suszeptibel“ (Sv), „infektiös“ (Iv) oder „genesen“ (Rv) und die Mückenpopulation als „suszeptibel“ (Sm) und „infektiös“ (Im) existieren kann (Abb. 3 oben).

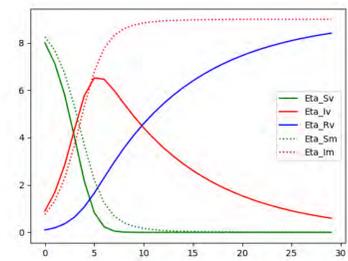


Abb. 3 oben: Lokales Modell SIR + SI unten: Numerisch berechnete Entwicklung der Infektionsstadien

Nach Konstruieren des Modells lassen sich daraus die zeitlichen Verläufe in den verschiedenen Stadien, sowie Kenngrößen, wie die Basisreproduktionszahl „R“ oder die Gesamtzahl infizierter Individuen „Eta“ während des Ausbruchs berechnen und ihre Abhängigkeit von u. a. Klima- und Standortparametern untersuchen. Komplexere lokale Modelle unter Einbezug klimatischer Faktoren im europäischen Kontext, wurden u. a. von Rubel et al. [2] und von Bhowmick et al. [3] aufgestellt. Sie ändern die räumliche Dynamik nicht wesentlich und werden später in das räumliche Modell integriert.

## Habitatmodell

Um den Einfluss unterschiedlicher Landschaftstypen und Habitate auf die Verbreitung des Westnilvirus zu untersuchen, werden typische Landschaftsarten definiert und gehen als Faktoren für die Populationsentwicklung von Mücken und Vögeln und auf Migrationsbewegungen in die räumlich variierenden Parameter ein. Dazu wird eine Methode von Wieland et al. [6] benutzt, bei der aus Landschaftstypus und Klimafaktoren ein „Attraktivitätswert“ für verschiedene Gitterpunkte berechnet wird.



Abb. 4 Landschaftstypen auf Gitter

Kalibrierung anhand realer Daten Ziel der Modellbildung ist die Rekonstruktion der bisher erfolgten Ausbreitung des Westnilvirus in Deutschland, sowie die Prognose künftiger Tendenzen. Dazu werden die Modellparameter anhand von Daten zur Verteilung verschiedener Mückenarten und deren Vorkommenshäufigkeit je Landschaftstypus angepasst, um die räumliche Dynamik bisher beobachteter Westnilfälle nachbilden zu können.

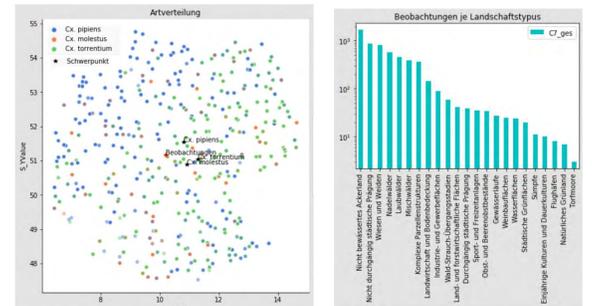


Abb. 5 Artverteilung dreier exemplarischer Mückenarten in Deutschland und Beobachtungszahl der Mückenanzahl je Landschaftstypus

$$B_{i,t}^M = 1 - \prod_j (1 - \beta_M A_{ji} p_{j,t-1}^{I_M})$$
$$B_{i,t}^V = 1 - \prod_j (1 - \beta_V A_{ji} p_{j,t-1}^{I_V})$$

## Räumliches Modell

Die Erweiterung des lokalen Modells erfolgt auf einem zweidimensionalen Gitter. Ansätze räumlicher Modellierung auf Gittern oder Netzwerken existieren u.a. von Wang et al. probabilistisch formuliert [4] und Polo et al. [5] als Ratenmodell. Aufbauend auf der Idee von Wang, wurde o.g. lokales Grundmodell (SIR + SI) konstruiert und in Python implementiert. Das zugehörige Gleichungssystem (Abb. 6) besteht aus Gleichungen für die Wahrscheinlichkeit am Gitterpunkt i, zum Zeitpunkt t ein Individuum im entsprechenden Infektionszustand zu finden.  $B(m,i,t)$  und  $B(v,i,t)$  sind dabei verallgemeinerte Ansteckungswahrscheinlichkeiten. Dem zugrunde liegt die Vorstellung, dass sich auf jedem Gitterpunkt Mücken und Vögel befinden, die ihren Infektionszustand wechseln und die Infektion an Nachbarindividuen transferieren können. Eine äquivalente Vorstellung, die zur Implementierung benutzt wurde, ist die Existenz von je einem Gitter pro Infektionsstadium (Abb. 7). Ein Übergang aus einem Zustand in einen anderen entspricht dabei dem Gitterwechsel. Damit wurden Lösungen auf einem regelmäßigen Gitter (alle Kanten existieren) und auf einem Gitter mit zufälliger Kantenexistenz berechnet und die Infektionsausbreitung in der Vogelpopulation als Video dargestellt. Auszüge aus zwei exemplarischen Videos finden sich unten (Abb. 8), ebenso wie die lokale Entwicklung der Infektionsstadien der Vögel zum Vergleich.

$$p_{i,t}^{S_V} = (1 - B_{i,t}^M) p_{i,t-1}^{S_V}$$
$$p_{i,t}^{I_V} = (1 - \delta_V) p_{i,t-1}^{I_V} + B_{i,t}^M p_{i,t-1}^{S_V}$$
$$p_{i,t}^{R_V} = p_{i,t-1}^{R_V} + \delta_V p_{i,t-1}^{I_V}$$
$$p_{i,t}^{S_M} = (1 - B_{i,t}^V) p_{i,t-1}^{S_M} + \delta_M p_{i,t-1}^{I_M}$$
$$p_{i,t}^{I_M} = (1 - \delta_M) p_{i,t-1}^{I_M} + B_{i,t}^V p_{i,t-1}^{S_M}$$

Abb. 6 Räumliches Differentialgleichungsmodell

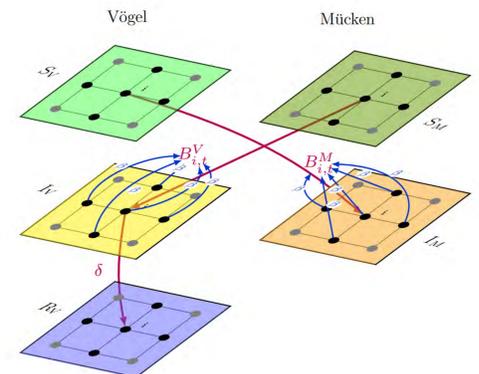


Abb. 7 Übergänge zwischen den Infektionsstadien auf einem Gitter

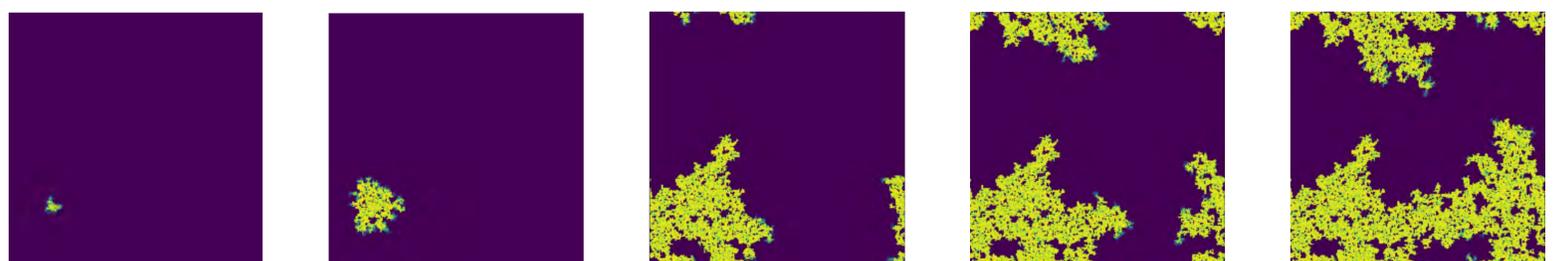
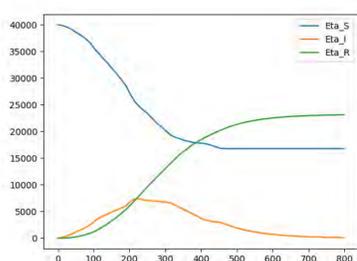
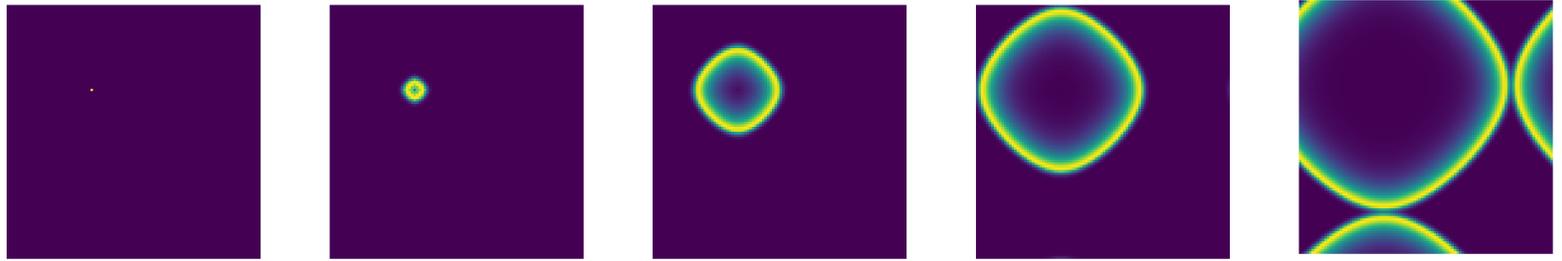
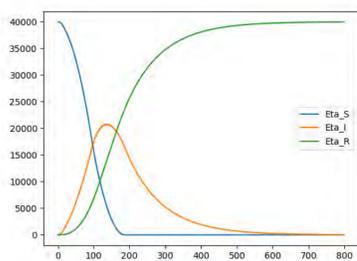


Abb. 8 Infektionsstadien und simulierte Ausbreitung der Infektion auf einem regelmäßigen Gitter (oben) und bei Existenz nur mancher Kanten mit bestimmter Wahrscheinlichkeit (unten)

1. [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/W/WestNilFieber/West-Nil-Fieber\\_Ueberblick.html](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/W/WestNilFieber/West-Nil-Fieber_Ueberblick.html)  
2. Rubel et al. Explaining usutu virus dynamics in austria: model development and calibration. Preventive veterinary medicine, 85:166-86, Jul 2008.  
3. Bhowmick et al. Locally temperature - driven mathematical model of west nile virus spread in germany. Journal of Theoretical Biology, 488:110117, 12 2019.  
4. Wang et al. Epidemic spreading in real networks: an eigenvalue viewpoint. In 22nd International Symposium on Reliable Distributed Systems, 2003. Proceedings., pages 25-34, 2003.  
5. Polo et al. Hosts mobility and spatial spread of rickettsia rickettsii. PLoS Computational Biology, 14(12):1-18, 2018.  
6. Wieland et al. Combined climate and regional mosquito habitat model based on machine learning. Ecological Modelling, 452:109594, 2021.

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

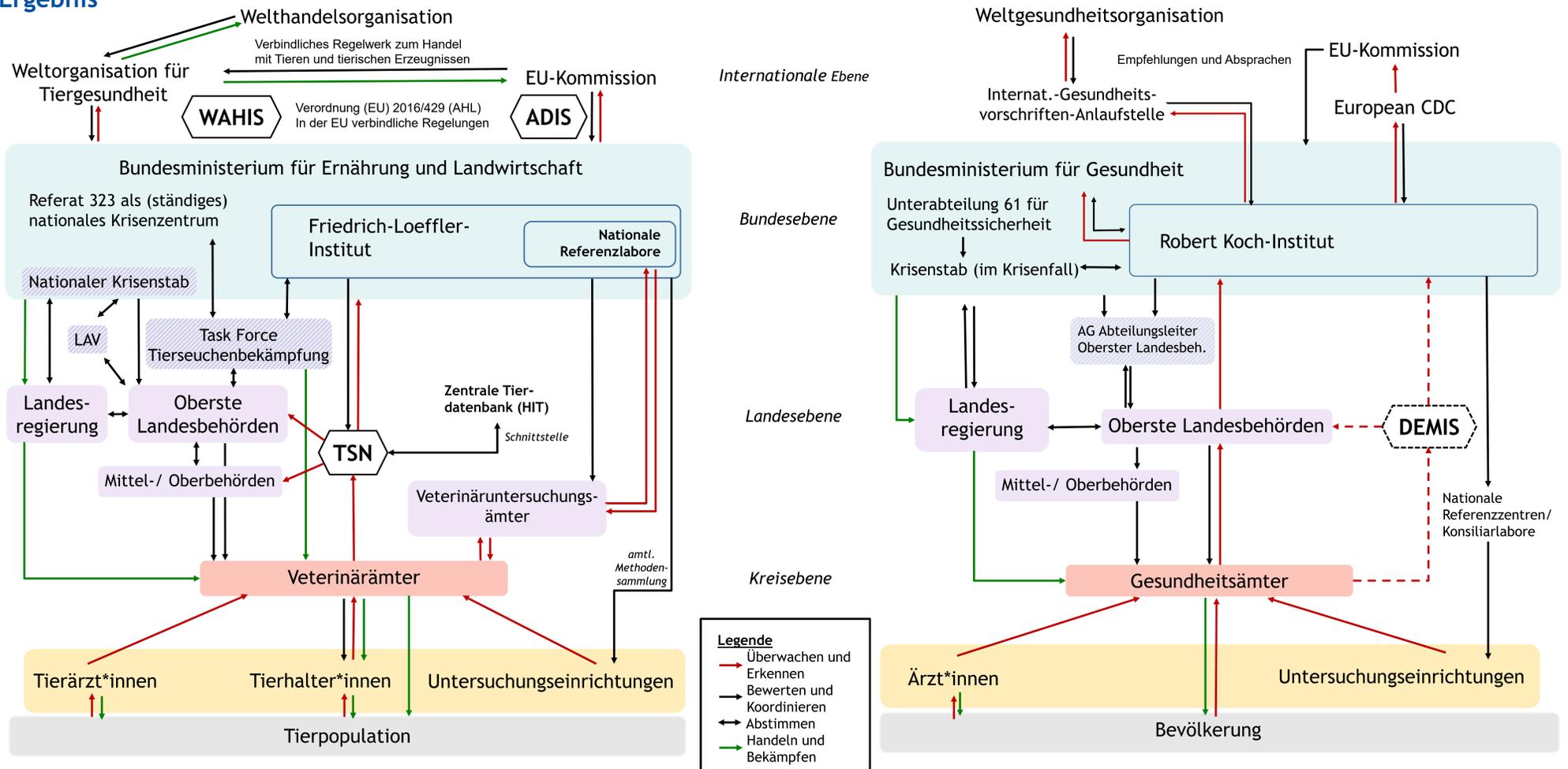
Valerie Allendorf, Nicolai Denzin, Franz J. Conraths

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Greifswald - Insel Riems

## Hintergrund und Zielsetzung

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 beeinflusst die Politisierung der Diskussion um Maßnahmen und deren zeitversetzte, in ihrer Fragmentierung unübersichtliche Umsetzung die Compliance der Bevölkerung negativ. 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.

## Ergebnis



## Material und Methoden

Die infektionsepidemiologischen Überwachungs- und Bekämpfungssysteme des öffentlichen Gesundheitsdienstes und des öffentlichen Veterinärwesens auf nationaler und internationaler Ebene wurden miteinander verglichen. Dies erfolgte nach Aufgabenbereichen, vorgegeben durch die Stadien des Risikomanagements (Abb. 2). 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 überprüft.



Abb. 2: Grundlegendes Konzept des Managements von durch übertragbare Infektionskrankheiten ausgehenden Risiken für die öffentliche Gesundheit

## Diskussion

Das öffentliche Veterinärwesen ist durch die zunehmende Industrialisierung in der landwirtschaftlichen Tierhaltung sowie der Globalisierung des Handelsmarkts von Tieren und deren Produkten auf Krisenfälle vorbereitet. Weltweit und in der EU bestehen klare Regeln zum Handel mit Tieren und tierischen Erzeugnissen mit dem Ziel, die Verschleppung von Tierseuchen zu vermeiden. In Deutschland werden Risiken auf Bund-, Länder und Kreisebene bewertet. Die Seuchenberichterstattung erfolgt voll elektronisch. Überwachung und Bekämpfung sind gesetzlich fixiert und werden in der Umsetzung koordiniert. Im humanmedizinischen Bereich besitzen die Vorschriften der internationalen Organisationen Empfehlungscharakter. Die Bundesländer-Gremien zur Krisenbewältigung in Deutschland beraten nach Ausruf einer epidemisch bedeutsamen Lage, eine Abstimmung über ein einheitliches bundesweites Vorgehen erfolgt nur bedingt. Ein zentrales Instrument zur Überwachung und Risikokommunikation ist im Aufbau. Die Berichterstattung erfolgt über verschiedene Medien (Fax - elektronisch).

## Danksagung

Finanzierung: Bundesministerium für Bildung und Forschung  
Danke an alle Beteiligten des Netzwerks Infect Control am Friedrich-Loeffler-Institut, Robert Koch-Institut, Universität Würzburg und der Charité Berlin für die Zusammenarbeit.

## Referenzen

- Gesetz zur Verhütung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten beim Menschen (Infektionsschutzgesetz - IfSG) der Fassung vom 07.05.2021
- Gesetz zur Vorbeugung vor und Bekämpfung von Tierseuchen (Tiergesundheitsgesetz - TierGesG) in der Fassung vom 10.08.2021
- Mehrjähriger nationaler Kontrollplan (MNKP) der Bundesrepublik Deutschland gemäß Artikel 109 - 111 der Verordnung (EU) 2017/625
- Robert Koch-Institut: Nationaler Pandemieplan Teil I + II; doi: 10.25646/112
- The WTO Agreement on the Application of Sanitary and Phytosanitary Measures (SPS Agreement)
- Verordnung (EU) 2016/429 (Animal Health Law; AHL; EU-Tiergesundheitsrechtsakt)



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

## MOTIVATION

Lameness of dairy cows is a major challenge on the way of improving animal well-being and optimizing economic efficiency in dairy industry. An automated animal surveillance for early lameness detection and prevention utilizing activity sensors is a promising approach. In the present study we analyzed activity (accelerometer) data as well as additional cow-individual as well as farm-related data on 3746 Holstein dairy cows from a longitudinal study during 2015-2016 in 6 farms in Germany.

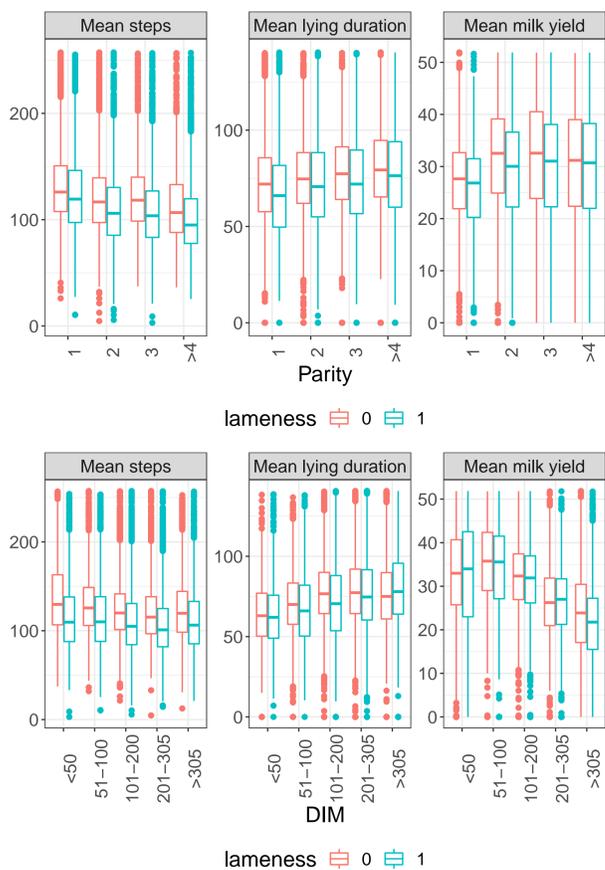
Our goal was to identify the key parameters of lameness and to develop a mathematical model that could be used as a prognostic model for further studies. It would be useful to develop several models, taking into account the different parameters affected by lameness and to select one most suitable model that could be universal in the future. The description of the data and its processing allows to explore the dynamics of daily activity patterns in dairy cows identified as being lame or non-lame by visual mobility scoring and choose appropriate parameters for developed models.

## DATA PROCESSING

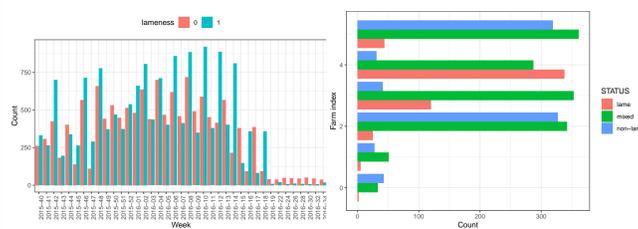
### Measured observables:

- daily averaged activity per hour from pedometer/accelerometer: number of steps per hour and lying duration [min/bout]
- parity
- lactation stage – days in milk (DIM)
- daily milk yield [kg]
- locomotion score [1]

Daily average activity and milk yield averaged over three days before locomotion scoring for lame (locomotion score  $\geq 3$ ) and non lame (locomotion score  $< 3$ ) cows in dependence on the **cow parity** and **DIM**. The red and blue colors denote non-lame (0) and lame (1) cows.



## LAMENESS PREVALENCE



Numbers of lame and non-lame cows per observation and over time. (left) The cases of lameness scoring per week represented by a histogram. Non-lame (0) and lame (1) status is shown by color (red and blue correspondingly). (right) The number of cows assigned to status (persistently lame, non lame, and mixed based on results of locomotion scoring on seven farms. Cows with alternating lame/non lame states were defined as mixed. Green, red and blue colours correspond to mixed, persistently lame, and persistently non-lame cows correspondingly.

## LOGISTIC REGRESSION MODEL

$$\log\left(\frac{\pi}{1-\pi}\right) = x_{it}\beta + u_i + \varepsilon_{it}, \quad (1)$$

with  $\beta$  being a vector of regression coefficients (fixed effects) and  $x_{it}$  being a matrix of major independent or explanatory variables listed in Table.  $u_i$  are random effects of unit  $i$  from the overall mean  $\beta_0$  and  $\varepsilon_{it}$  is the error vector (unobserved) which is uncorrelated with the random effects vector.  $\pi = \mu_y$  is a conditional mean (i.e. the probability that the target variable  $y_{it} = 1$  (lame) provided the existing  $x_{it}$  values). Then  $\left(\frac{\pi}{1-\pi}\right)$  gives us the odds-ratio, that  $y_{it} = 1$  and  $\log\left(\frac{\pi}{1-\pi}\right)$  is *log odds* or *logit*.

## LOGISTIC REGRESSION MODEL WITH MIXED EFFECTS

### Variables used in the model

Variable	Meaning
mean_steps <sub>j</sub>	fixed effect referring to the individual cow's activity (number of steps) accounting for the $j$ -th number of days between activity recording and locomotion scoring ( $j = [1..3]$ )
mean_lay <sub>j</sub>	fixed effect referring to the individual cow's lying behavior (lying duration) accounting for the $j$ -th number of days between activity recording and locomotion scoring ( $j = [1..3]$ )
mean_yield <sub>j</sub>	fixed effect referring to the individual cow's developments of daily milk yield accounting for the $j$ -th number of days between yield measurement and locomotion scoring ( $j = [1..3]$ )
lact <sub>k</sub>	fixed effect as well as random effect (random slope dependent on individual cow) of the $k$ -th parity class ( $k = [1..10]$ ) s
DIM	fixed effects of days in milk considered as a continuous variable
season	fixed effect of the season of the year (spring, summer, fall, winter)
cow <sub>i</sub>	random permanent environmental effect (random slope) of the $i$ -th animal ( $i = [1..2757]$ )
$\varepsilon$	random residual

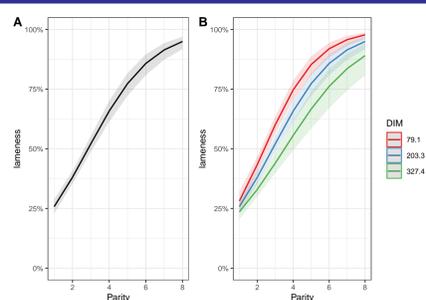
### Results for logistic regression model with random effects for lameness status as dependent variable. Interactions were taken into account ( $var_i : var_j$ ) and all variables were re-scaled

	Fixed effects	Estimate	Std. Error	odds ratios	OR lower CI	OR upper CI	p-value
	Intercept	2.043e - 02	0.27	1.021	0.602	1.732	0.939
	mean_steps	-3.016e - 03	9.548e - 04	0.997	0.995	0.999	0.001 **
	mean_lay	-8.963e - 03	2.471e - 03	0.991	0.986	0.996	< 2e - 4 ***
	lact	0.74	0.06	2.096	1.850	2.374	< 2e - 16 ***
	DIM	-1.852e - 03	8.450e - 04	0.998	0.996	1.000	0.028 **
	mean_yield	-0.02	3.364e - 03	0.979	0.973	0.987	< 5e - 10 ***
	season_Spring	-0.70	0.26	0.492	0.292	0.828	0.007 **
	season_Summer	-1.30	1.38	0.273	0.018	4.122	0.348
	season_Fall	-0.84	0.35	0.428	0.214	0.855	0.016 *
	mean_steps:season_Spring	1.339e - 04	1.370e - 03	1.000	0.997	1.003	0.922
	mean_steps:season_Summer	-6.554e - 03	4.800e - 03	0.993	0.984	1.003	0.172
	mean_steps:season_Fall	2.666e - 03	1.639e - 03	1.003	0.999	1.006	0.103
	mean_lay:DIM	2.336e - 05	8.958e - 06	1.000	1.000	1.000	0.009 **
	mean_lay:season_Spring	2.436e - 03	2.132e - 03	1.002	0.998	1.007	0.253
	mean_lay:season_Summer	2.688e - 03	0.01	1.003	0.983	1.023	0.792
	mean_lay:season_Fall	3.918e - 03	2.688e - 03	1.004	0.999	1.009	0.144
	lact:DIM	-8.330e - 04	2.375e - 04	0.999	0.998	1.000	< 2e - 4 ***
	lact:season_Spring	0.07	0.04	1.082	0.998	1.172	0.054
	lact:season_Summer	0.14	0.16	1.154	0.840	1.584	0.387
	lact:season_Fall	-6.954e - 03	0.05	0.993	0.904	1.091	0.884
	mean_yield:season_Spring	0.01	4.262e - 03	1.010	1.002	1.019	0.015 *
	mean_yield:season_Summer	0.06	0.02	1.069	1.017	1.123	0.008 **
	mean_yield:season_Fall	0.01	6.128e - 03	1.011	0.999	1.023	0.084

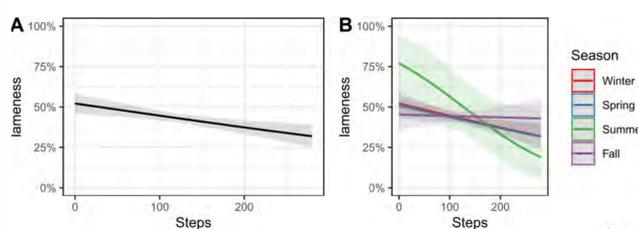
Random effects Groups	Names	Variance	Std. Error
cow	Intercept	5.219	2.284
	lact	0.128	0.358

Significance codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## MODEL VISUALIZATION

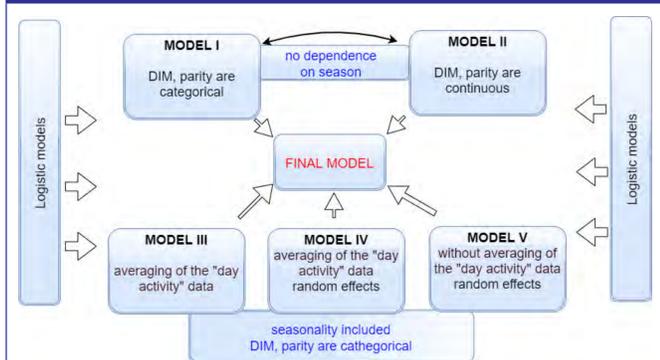


Probability of lameness in dependence on the parity class (A) and on DIM and parity class (B).



Probability of lameness in dependence on daily activity (A) and on season and daily activity (B)

## SUMMARY



① Based on the analysis of accelerometer activity data as well as cow-individual meta-data, the developed statistical model (logistic regression with mixed effects, Final model in the Scheme) was able to detect lameness with 86% sensitivity and 82% specificity.

② The resulting model includes key variables variables and can be used by any researcher, since the code in R is accessible and user-friendly written.

③ Model findings constitute a foundation for development of computer assisted decision support systems for automated surveillance [2] and intervention planning in dairy industry [3].

## REFERENCES

- [1] Sprecher D.J., Hostetler D.E., Kaneene J.B., A lameness scoring system that uses posture and gait to predict dairy cattle reproductive performance Theriogenology (1997) 47 1179-1187
- [2] Andresen, N., Wöllhaf, M., Hohlbaum, K., Lewejohann, L., Hellwich, O., Thöne-Reineke, C., Belik, V. (2020). Towards a fully automated surveillance of well-being status in laboratory mice using deep learning: Starting with facial expression analysis. PLoS One, 15(4), e0228059. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228059>
- [3] Lavrova A., Choucair A., Palmi A., Stock K., Kammer M., Querengässer F., Doherr M.G., Müller K., Belik V. (2021). Leveraging accelerometer data for lameness detection in dairy cows — longitudinal study of six farms in Germany (submitted to Journal of Dairy Science)

# Antibiotikaeinsatz in Mastkälberhaltungen in Deutschland zwischen 2015 und 2020

Kasabova S.<sup>1</sup>, Hartmann M.<sup>1</sup>, Käsbohrer A.<sup>2,3</sup>, Krienbrock L.<sup>1</sup>



<sup>1</sup> 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

<sup>2</sup> Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

<sup>3</sup> Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

## Einführung

- Die Mastkälberhaltung stellt in Deutschland eine spezialisierte Produktion dar, deren Antibiotikaeinsatz im nationalen Antibiotika-Monitoring-System nicht separat, sondern zusammengefasst in der Kategorie Mastkälber unter 8 Monaten betrachtet wird. Etwa 97 % der in Deutschland produzierten Mastkälber kommen aus der traditionellen „Milchmast“ und werden etwa ein halbes Jahr vorwiegend mit Milchaustauscher gemästet.
- Detaillierte Daten zur Behandlungshäufigkeit, Behandlungsmuster, sowie Behandlungsindikation sind bei dieser Nutzungsrichtung kaum vorhanden. Die nachfolgende Auswertung umfasst Daten zum Antibiotikaeinsatz spezialisierter Milchmastkälberbetriebe in Deutschland.

## Ergebnisse

- Die durchschnittliche Betriebsgröße liegt bei 825 Stallplätzen und variiert zwischen 196 und 2 400 Stallplätzen
- 981 der insgesamt 13 698 registrierten Behandlungen enthielten eine oder mehrere antimikrobielle Wirkstoffgruppen

Tabelle 1: Verteilung der Therapiehäufigkeit im Studienkollektiv für den Zeitraum 2015-2020

Jahr	Anzahl Betriebe	Min	QRänge	Unteres Quartil	Median	Oberes Quartil	Max
2015	30	1,2	13,1	37,2	43,6	50,3	101,6
2016	30	1,9	16,9	34,5	47,0	51,4	103,8
2017	31	2,2	17,5	32,4	45,3	49,9	96,7
2018	31	2,8	26,9	27,2	41,2	54,2	90,0
2019	30	3,4	34,1	29,6	46,2	63,7	288,3
2020	30	-	33,7	37,5	49,7	71,2	249,5

Tabelle 2: Gewichteter Prozentanteil der Behandlungsindikation an der Gesamttherapiehäufigkeit

Behandlungsindikation	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Atemwegserkrankung	74,7	68,0	76,4	72,3	73,3	81,8
Darmerkrankung	20,3	28,4	20,8	26,1	25,3	15,6
Allgemeinerkrankung	3,5	2,4	1,9	0,5	0,5	0,7
Gelenkerkrankung	1,1	1,1	0,7	0,8	0,7	0,4
Hauterkrankung	0,3	0,2	0,1	0,2	0,2	0,9
Sonstige	0,2	.	.	0,1	0,0	0,6

## Material und Methoden

- Der Antibiotikaeinsatz wurde basierend auf den offiziellen Anwendungs- und Abgabebelegen der Jahre 2015 bis 2020 im Rahmen des VetCAB-S Projektes erhoben und umfasst.
- Insgesamt wurden 13 698 Behandlungsbelege ausgewertet
- Um die Antibiotikagaben zu quantifizieren wurde die Therapiehäufigkeit (TH) gemäß (1) berechnet:

$$\text{Therapiehäufigkeit (TH)} = \frac{\sum(\# \text{ behandelte Tiere} \times \# \text{ Behandlungstage})}{\# \text{ Stallplätze}} \quad (1)$$

- Zusätzlich wurde der Prozentanteil einzelner Wirkstoffgruppen an der Gesamttherapiehäufigkeit berechnet. Hierbei wurde die TH gewichtet analysiert, um den Einfluss der Größenunterschiede zwischen den einzelnen Betrieben zu berücksichtigen.
- Der Anteil der unterschiedlichen Behandlungsindikationen an der Gesamttherapiehäufigkeit wurde ebenfalls gewichtet ausgewertet.

- Im Jahr 2020 wurden 66,9 % der Behandlungen oral und 32,8 % parenteral durchgeführt. Lediglich 0,3 % der Behandlungen entfielen auf die lokale Applikationsroute.

Tabelle 3: Gewichteter Prozentanteil der wirkstoffgruppenbezogenen Therapiehäufigkeit an der Gesamttherapiehäufigkeit

Wirkstoffgruppe	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Aminoglykoside	1,5	0,8	0,3	0,4	0,4	0,7
Beta-Laktame	25,1	31,7	22,6	29,5	25,4	24,4
Cephalosporine	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Fenicole	4,3	3,6	4,2	3,8	4,4	5,4
Fluorchinolone	1,4	2,8	4,7	5,9	8,8	12,1
Lincosamide	0,0	0,0	0,0	0,3	0,3	0,3
Makrolide	18,3	20,4	21,2	19,3	20,0	20,9
Polypeptide	1,5	0,3	0,5	0,0	1,5	0,0
Sulfonamide	2,0	0,3	1,0	1,4	2,0	1,8
Tetrazykline	44,2	40,0	45,0	37,9	35,0	32,6
Trimethoprim	1,8	0,1	0,6	1,4	2,0	1,7

## Diskussion und Schlussfolgerungen

- Bei einer Gesamtzahl von etwa 50 000 gemästeten Tieren pro Jahr umfasst die hier präsentierte Stichprobe etwa 15 % der insgesamt geschlachteten Menge an Mastkälbern in Deutschland (gewerbliche Schlachtung von Tieren inländischer Herkunft, Destatis). Aufgrund der freiwilligen Studienteilnahme der Mastkälberhalter kann hier ein Selektionseffekt nicht ausgeschlossen werden.
- Die mediane TH in dem untersuchten Kollektiv liegt bei Werten zwischen 41,2 und 49,7 und damit deutlich höher als die im Rahmen des nationalen Monitoring-Systems ermittelten Werte für Mastkälber unter 8 Monaten. Diese Unterschiede könnten durch die spezifischen Haltungs- und Produktionsbedingungen der Milchmastkälber bedingt sein.
- Die hier vorgestellten Ergebnissen verdeutlichen die Notwendigkeit einer differenzierten Betrachtung des Antibiotikaeinsatzes unter Einbeziehung spezifischer Produktionsgegebenheiten, die bestimmte spezialisierte Produktionszweige mit sich bringen.

## Quellen

Destatis (2020): Quelle: Statistisches Bundesamt, Schlachtungs- und Schlachtgewichtsstatistik Geschlachtete Tiere (Gewerbl. Schlachtung von Tieren inländ. Herkunft), Schlach Jahre (2015-2019), Tierarten (Kalb), Stand 11.02.2020

BMEL (2019) Bericht des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft über die Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzepts der 16.AMG-Novelle. 2019 [cited 20; from: [https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/\\_Tiere/Tiergesundheit/Tierarzneimittel/16-AMG-Novelle-Bericht.html](https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/_Tiere/Tiergesundheit/Tierarzneimittel/16-AMG-Novelle-Bericht.html)

[www.vetcab-s.de](http://www.vetcab-s.de)

SAS Institute Inc., Cary, NC, United States



<https://ibi.tiho-hannover.de/vetcab>



Jonas Brock<sup>1,2</sup>, Martin Lange<sup>1</sup>, Maria Guelbenzu-Gonzalo<sup>2</sup>, Jamie Tratalos<sup>3</sup>,  
Simon More<sup>3</sup>, David Graham<sup>2</sup>, Hans-Hermann Thulke<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Helmholtz Centre for Environmental Research GmbH - UFZ, Dept Ecological Modelling, PG Ecological Epidemiology, Leipzig Germany

<sup>2</sup> Animal Health Ireland, Carrick-on-Shannon, Co. Leitrim, Ireland

<sup>3</sup> Centre for Veterinary Epidemiology and Risk Analysis, UCD School of Veterinary Medicine, University College Dublin, Dublin, Ireland



An Roinn Talmhaíochta,  
Bia agus Mara  
Department of Agriculture,  
Food and the Marine

## Objective & Material

Is age a risk factor for bovine herpesvirus type-1 (BoHV-1) infection in cattle?

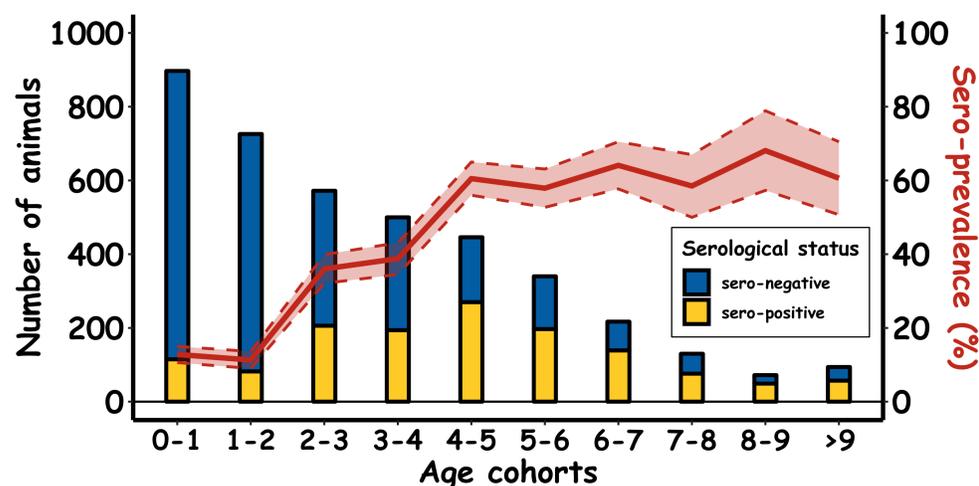


Data characteristics:

- 17 Irish dairy herds
- Unvaccinated & sero-positive
- Serological full herd test for BoHV-1 antibodies



## Analysing all herds at once



Older cattle are more often sero-positive for BoHV-1 antibodies than younger!

Confirms age as a risk factor for BoHV-1 infection!

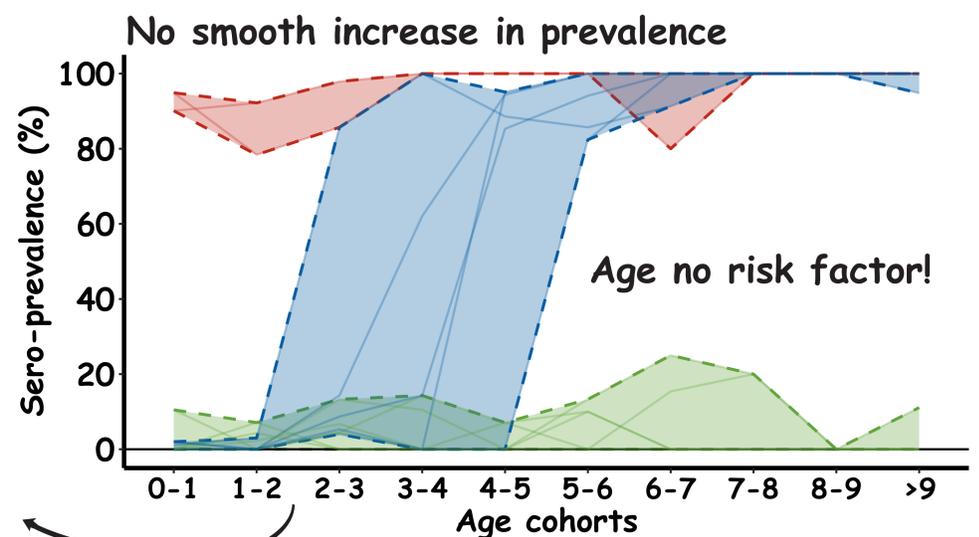


## Analysing data at herd level



However, what about individual herd profiles!

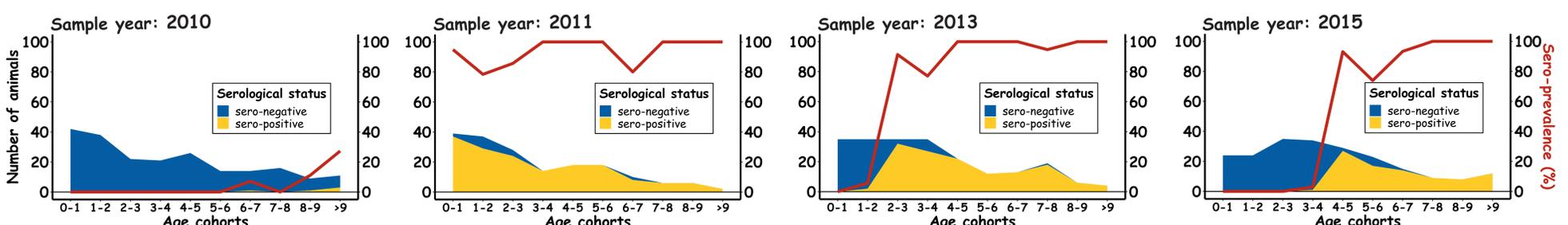
- High prevalence (>80%) across all age cohorts
- Sudden increase between adjacent age cohorts
- Low prevalence (<20%) across all age cohorts



## Interpretation & Conclusion

Short-lived BoHV-1 outbreaks result in age-dependent prevalence profiles and reveal BoHV-1 history in the herd.

Temporal prevalence changes in a sample herd



Don't forget to look at individual herd profiles when analysing BoHV-1 prevalence data

# MÖGLICHE ANWENDUNG EINES MACHINE-LEARNING-ALGORITHMUS ZUR KLASSIFIZIERUNG VON SCHWEIZER RINDERBETRIEBEN

Giulia Paternoster<sup>1\*</sup>, Rahel Struchen<sup>1</sup>, Jonas Brock<sup>2</sup>, Martin Lange<sup>2</sup>, Sara Schärer<sup>1</sup>, Daniela Hadorn<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Abteilung Tiergesundheit, Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen BLV, Bern, Schweiz

<sup>2</sup> Department Ökologische Systemanalyse, Helmholtz Zentrum für Umweltforschung UFZ, Leipzig, Deutschland

## 1. ZUSAMMENFASSUNG

Die Unterscheidung von Rinderbetrieben nach Produktionsart ist essentiell für die Planung von Überwachungsprogrammen von Rinderkrankheiten und des Antibiotikaeinsatzes. Nach den Umsetzungsprinzipien des neuen europäischen Tiergesundheitsgesetzes (AHL) ist der Herdenbetriebstyp ein wichtiges Kriterium für die Konzeption von bspw. Probenentnahmestrategien im Kontext nationaler Überwachungsprogramme. In der Schweiz werden zur Klassifizierung von Rinderbetrieben im Rahmen der nationalen Überwachungsprogramme Daten aus der Milchqualitätskontrolle verwendet, um zwischen 2 Hauptbetriebstypen (milchliefernde und nicht-milchliefernde) zu unterscheiden.

In dieser Studie wenden wir einen datengesteuerten Klassifizierungsansatz, basierend auf einem Machine-Learning-Algorithmus, **Self-organizing map (SOM)** auf die Schweizer Rinderpopulation an, um 6 Hauptbetriebstypen zu identifizieren und damit die bisherige Klassifizierung von Rinderbetrieben in milchliefernde und nicht-milchliefernde Betriebe zu erweitern.

## 2. METHODEN

DATENQUELLE: **TIERVERKEHRSDATENBANK (TVD)**

2021 Einzeltierdaten von Rindern (Demografie, Tierverkehr)

**Definition Nutzungsart**

**Definition Variablen auf Betriebsebene**

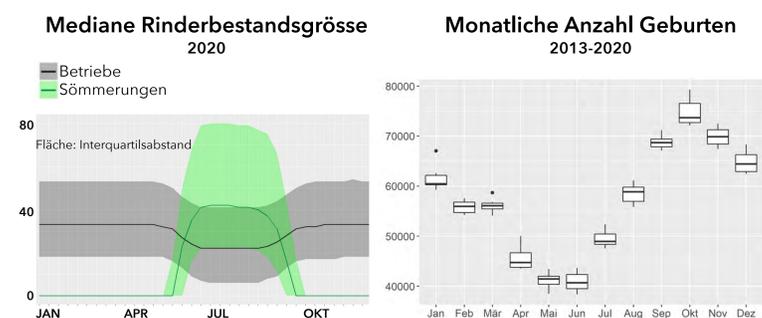
Unter Berücksichtigung von Merkmalen der Schweizer Rinderpopulation (z.B. Saisonalität von Abkalbungen, Sömmerung) aggregierten wir die Einzeltierdaten, um für die Produktionsart relevante Variablen auf Betriebsebene zu definieren (z.B. Anteil der Milch- oder Fleischrassen eines Betriebs zu einem bestimmten Zeitpunkt, Abgänge direkt zur Schlachtung).

**DESKRIPTIV-EXPLORATIVE ANALYSE & Anwendung SOM-Algorithmus**

## 3. ERGEBNISSE

**DESKRIPTIV-EXPLORATIVE ANALYSE**

15. April 2021 ca. 35 000 Rinderbetriebe: 1.54 Millionen Rinder



## 4. FAZIT

Unsere vorläufigen Ergebnisse zeigen, dass die Anwendung des SOM-Algorithmus auf die verfügbaren TVD-Daten eine **detailliertere Klassifizierung der Schweizer Rinderbetriebe** ermöglichen kann.

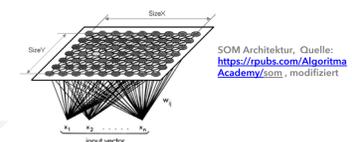
Die **Hauptvorteile** liegen in der **Klassifizierung von heterogenen Nicht-milchliefernden Betrieben**.

Diese detaillierte Klassifizierung von Rinderherden ermöglicht eine **gezielte Überwachungsplanung in Übereinstimmung mit den neuesten Umsetzungsprinzipien des AHL**.

**AKTUELLE KLASSIFIZIERUNG VON RINDERBETRIEBEN BASIEREND AUF MILCHQUALITÄTSKONTROLLE**

1. MILCHLIEFERNDE BETRIEBE
2. NICHT-MILCHLIEFERNDE BETRIEBE

**Self-organizing map (SOM)**



**ZIEL DES PROJEKTS  
KLASSIFIZIERUNG VON RINDERBETRIEBEN  
BASIEREND AUF EINZELTIERDATEN**

1. MILCHVIEHBETRIEBE
2. FLEISCHVIEHBETRIEBE
3. GEMISCHTE BETRIEBE
4. REINE AUFGZUCHTBETRIEBE
5. HANDELSBETRIEBE
6. MASTBETRIEBE

**TIERVERKEHRSDATENBANK (TVD)**

Tierverkehrsdaten, ganzes Jahr (2020)

- Ohrmarkennummer
  - Zugangsdatum
  - Zugangstyp
  - Herkunftsbetrieb
  - Aufenthaltsbetrieb
  - ...
- Demografie - lebende Rinder, Stichtag**
- Geburtsdatum
  - Rasse
  - Geschlecht
  - ...

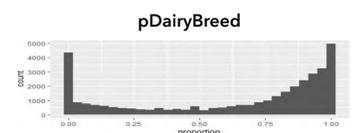
**Definition Nutzungsart**

- |             |               |                    |
|-------------|---------------|--------------------|
| Milchrassen | Fleischrassen | Zweinutzungsrassen |
| • Holstein  | • Angus       | • Braunvieh        |
| • Jersey    | • Limousin    | • Simmental        |
| • ...       | • ...         | • ...              |

**Definition Variablen auf Betriebsebene**

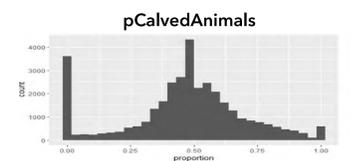
**pDairyBreed**

Anteil der Milchviehrassen in einer Herde am 15. April 2021, relativ zur Herdengrösse (Rassenverteilung)



**pCalvedAnimals**

Anteil der Tiere in einer Herde, die bis am 15. April 2021 schon einmal gekalbt haben, relativ zur Herdengrösse (zur Ermittlung von Zuchtbetrieben)



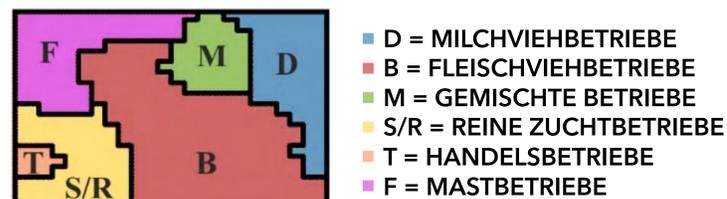
**pOutMovesToSL**

Anteil der an den Schlachthof verkauften Tiere einer Herde pro Jahr, bezogen auf die maximale Herdengrösse (zur Ermittlung von reinen Mastbetrieben)

...

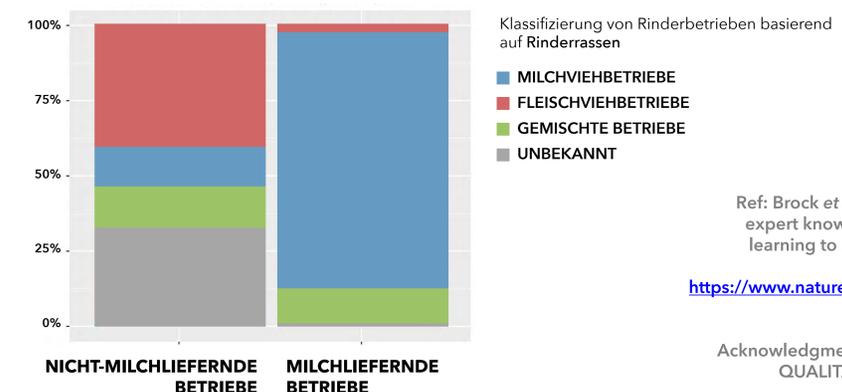
**Anwendung SOM-Algorithmus**

Beispiel für 6 identifizierte Herdentypen in einer SOM.



Quelle: <https://www.nature.com/articles/s41598-021-82373-3>, modifiziert

**VERGLEICH VORLÄUFIGE KLASSIFIZIERUNG VON RINDERBETRIEBEN BASIEREND AUF NUTZUNGSART DER RINDERRASSEN UND AKTUELLE KLASSIFIZIERUNG BASIEREND AUF MILCHQUALITÄTSKONTROLLE**



Ref: Brock et al., 2021 Combining expert knowledge and machine-learning to classify herd types in livestock systems  
<https://www.nature.com/articles/s41598-021-82373-3>

Acknowledgment: Dr. Urs Schnyder, QUALITAS AG, Zug, Schweiz

# Molecular epidemiological investigation of *Anaplasma phagocytophilum* variants in different hosts in Europe

Susanne Fischer<sup>1\*</sup>, Julia Fröhlich<sup>2</sup>, Anna Obiegala<sup>3</sup>, Martin Pfeffer<sup>3</sup>, Cornelia Silaghi<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Infectology, Friedrich-Loeffler-Institut, Suedufer 10, 17943, Greifswald-Insel Riems, Germany

<sup>2</sup> Chair of Tropical Medicine and Parasitology, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany

<sup>3</sup> Institute for Animal Hygiene and Veterinary Public Health, Faculty of Veterinary Medicine, University of Leipzig, Leipzig, Germany

## Pathogen & Background:

- *Anaplasma phagocytophilum*: zoonotic intracellular alpha-proteobacterium transmitted by ticks of the *Ixodes persulcatus* complex
- causes granulocytic anaplasmosis in humans, horses, dogs and cats and tick-borne fever (TBF) in ruminants
- the associations between vertebrate reservoirs and vectors are wide-ranging (horizontal transmission between ticks and vertebrate hosts)
- pathogenicity of *A. phagocytophilum* differs and depends on the combination of occurring variant and infected host species

## Objective:

- Are there variations in particular gene loci associated with different virulence? To clarify existing host-variant combinations and detect possible reservoir hosts

## Future Perspectives:

- Collect samples with known origin to conduct spatial allocation and link it to host and vector occurrences and different pathogen loci variants
- ❖ Search/ask for samples to enhance our dataset (\*)

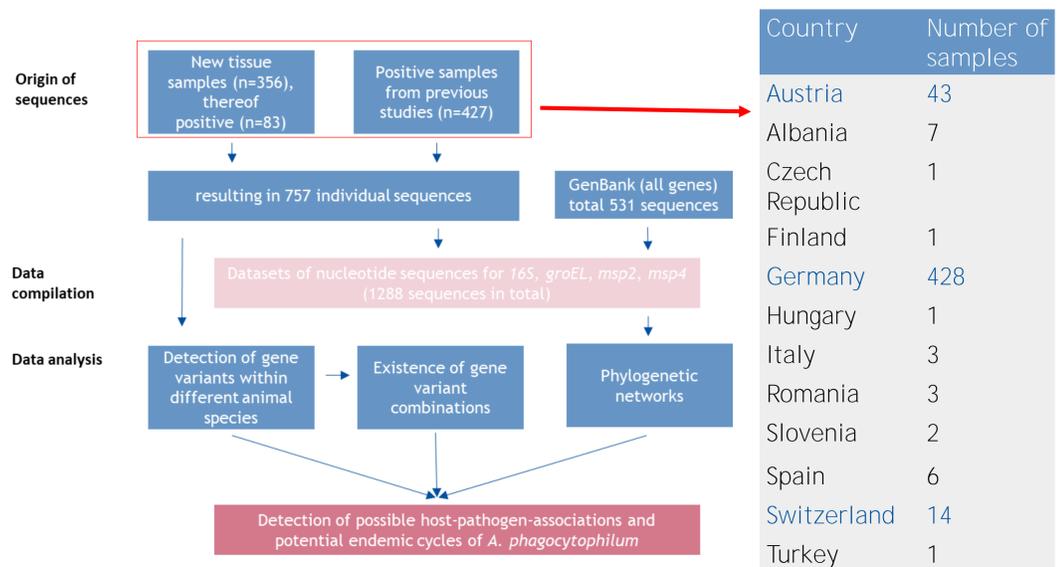


Fig. 1: Workflow for data sampling, preparation, sequencing, compilation and analyses.

Table 1: Origin of newly sequenced samples from this study, blue: DACH-members.

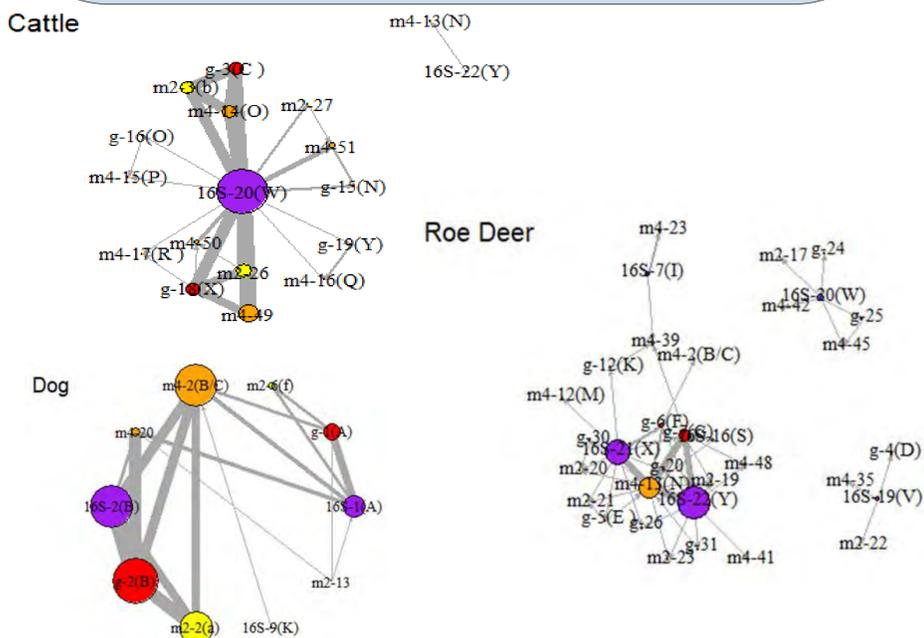


Fig. 2: Nets for all available connections of variants of the four loci for dog, cattle, and roe deer. Nodes width is correlated with amount of sequences of this variant. The line width represents the total amount of these specific combination. 16S rRNA variants: purple, msp4 variants: yellow, msp2 variants: orange and groEL variants: red.

## Results:

To gain insights into the variant-host combinations, we examined the combinations of the four partial genes within different hosts individually (three exemplarily shown, Fig. 2). The results show that the highest diversity of variants for all loci can be seen for roe deer. In cattle we found a reduced number of variants for 16S rRNA (only two 16S-20(W) and 16S-22(Y)) but multiple variants of msp4 and groEL. For dogs we found two msp4 variants (m4-20 and m4-2(B/C)) connecting to two different independent combinations of the other three loci.

On basis of these data, the question of relation between the individual variants within each gene arose (Fig. 3). A msp4 gene variants spanning network shows two parts (A), centred by variant m4-36 representing a deer from Germany (green). The left part includes small ruminants and wild ruminants exclusively, while the right part additionally includes all investigated ruminant species i.a. the high amount of different msp4 variants occurring in cattle. In B the network for 16S rRNA variants is displayed showing the reduced number of cattle and high number of dog variants.

## Material:

- liver, spleen or blood samples from 16 different mammal species
  - non-ruminant species: cat, dog, hedgehog, horse, red fox, wild boar
  - ruminant species: cattle, chamois, fallow deer, goat, ibex, mouflon, red deer, roe deer, sheep, sika deer
- These samples originate from 12 different countries (Table 1) and from GenBank (with known and unknown origin)

## Methods:

- Sequencing of 510 samples (Fig. 1)
- Typing by use of different gene loci was applied to gain more detailed information of *A. phagocytophilum*
  - here: msp4, msp2, groEL and 16S rRNA
- Different variant connection analyses R (Csardi, G.; Nepusz, T.; 2006) (Fig. 2), Minimum spanning nets (Fig. 3)

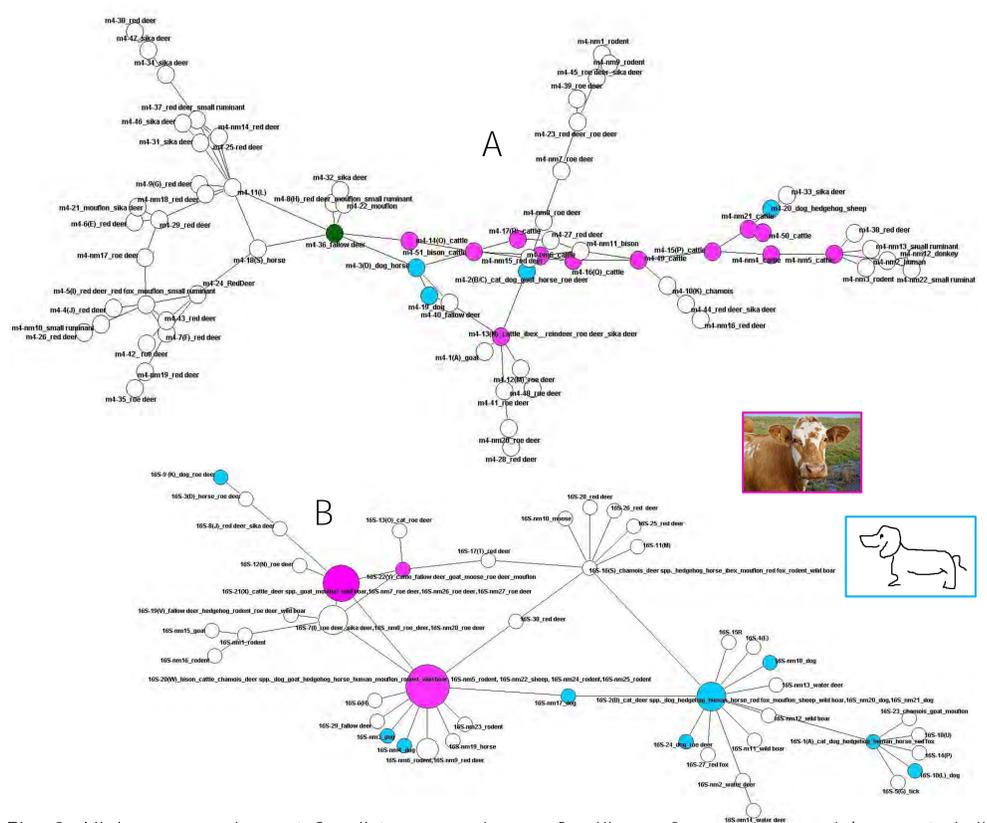


Fig. 3: Minimum spanning net for distances on bases of a Kimura-2-parameter model corrected distance matrix from sequence alignment, showing the relations between the different pre-characterized *A. phagocytophilum* of A: groEL and B: 16S rRNA variants. Pink highlighted variants include cattle and blue ones dog samples, green indicates variant separating the two parts of the network, larger circle indicate close relationship between included variants (only separated by ambiguous nucleotides).

\*Contact:  
Dr. Susanne Fischer  
Institute of Infectology  
Friedrich-Loeffler-Institute  
Südufer 10 | 17943 Greifswald - Insel Riems  
susanne.fischer@fli.de, Tel: +49 38351 7 4986



Csardi G, Nepusz T (2006). "The igraph software package for complex network research." InterJournal, Complex Systems, 1695. <https://igraph.org>.

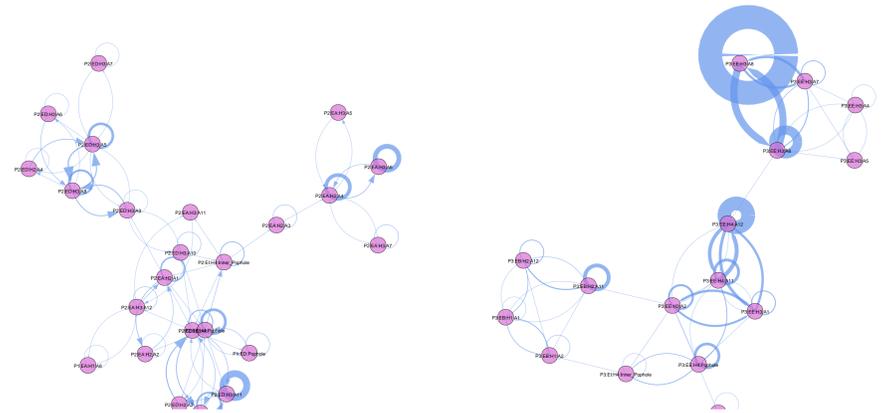
## Conclusion:

- We found a huge host depended amount of variants with unique and shared variant combinations, spatial allocation is lacking due to biased sampling sites
- Samples needed:
  - ❖ From liver, spleen or blood of wild and/or domestic animals (organs or extracted DNA) with known origin would be desirable

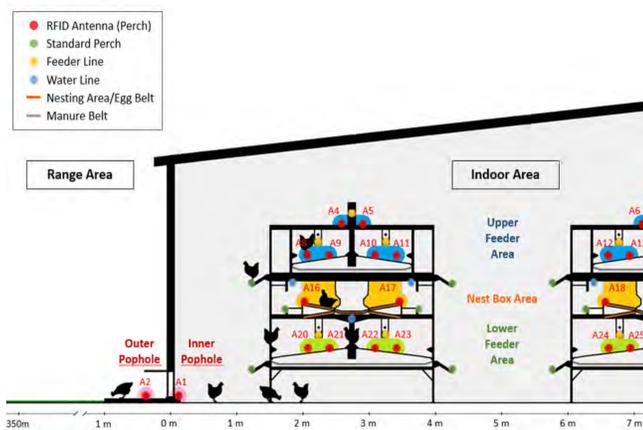
## Summary

RFID sensors provide a promising technology for welfare and health conditions assessment in the egg production industry [1]. 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 the tracking of 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 constructed the corresponding individual mobility networks, aggregated mobility networks and contact networks and investigate their properties. In the present contribution we report preliminary results focusing on methodological approaches. Our study demonstrates that health and performance indicators enriched with the network analysis promise to improve hens well-being as well as to allow targeted interventions and optimise economical efficiency of the egg production industry.

## 1. Individual mobility network



## Data Processing and Methodology



Networks or graphs – mathematical objects consisting of vertices (links) connecting them – represent a valuable and ubiquitous complex system phenomena. In our study a data recording antenna received a signal from a hen. Based on this data kinds of temporal (dynamic) networks were considered:

- Individual mobility network** For every hen, the edge (link) between two consecutively visited antennae being vertices (nodes).
- Aggregated mobility network** The individual mobility networks are aggregated thus creating a network of mobility flows between antennae.
- Contact network** For a given time window every hen in the range area is connected by an edge with each other, build up of hens being vertices.

In the following we present results for an exemplary date – 21/08/2019 were calculated with a 2 minutes time resolution.

## Outlook

Using an innovative RFID sensor technology, we are able to track the movements of free ranging laying hens. The collected data allows the construction of networks – individual mobility, aggregated mobility, and contact networks. Properties of all three networks are promising candidates for factors determining health and production characteristics of the laying hens. The complex network approach allows to consider various static and dynamic network features, e.g. edge degree and edge duration etc. The contact network could be used for simulation of infectious disease spread allowing to identify e.g. critical detection times for newly introduced pathogens to herd such as HPAI.

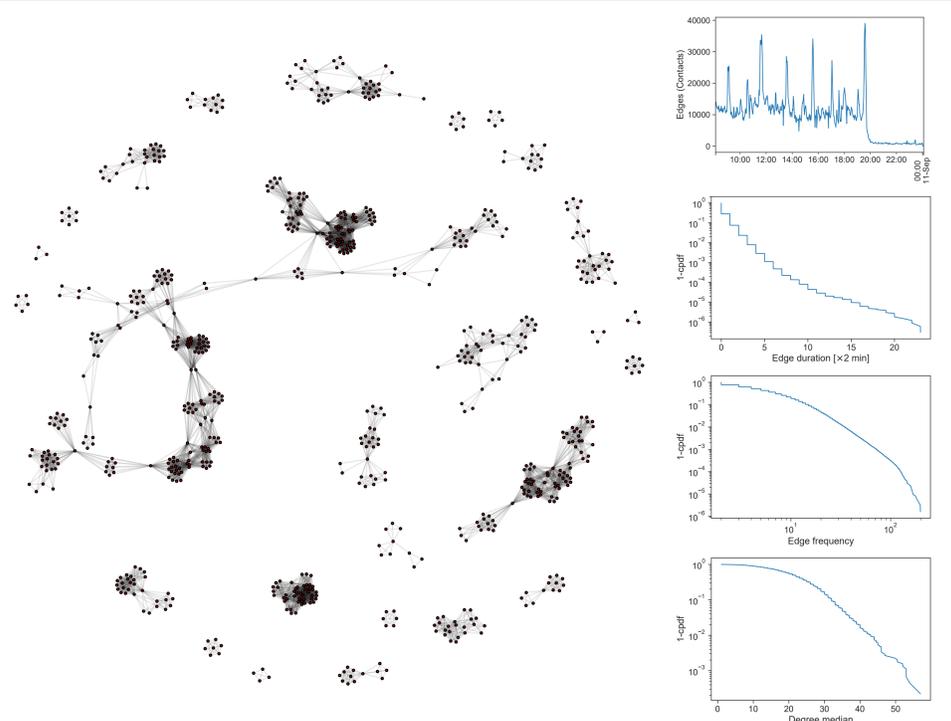
## References

- [1] Ruhnke, I., Boshoff, J., Cristiani, I. V., Schneider, D., Welch, M., Sibanda, T. Z., Kolakshyapati, M. (2019). Free-range laying hens: using technology to show the dynamics and impact of hen movement. *Animal Production Science*, 59(11), 2046-2056.
- [2] Schneider, C. M., Belik, V., Couronné, T., Smoreda, Z., González, M. C. (2013). Unravelling daily human mobility motifs. *Journal of The Royal Society Interface*, 10(84), 20130246. <https://doi.org/10.1098/rsif.2013.0246>

## Acknowledgement

The authors acknowledge financial support by Australian Eggs Limited, by German Academic Exchange Service (DAAD) and Universities Australia.

## 3. Contact network



(left) Snapshot of the contact network between 11:05 and 11:07 am. (right) Various characteristics of the temporal contact network on the exemplary day: i) number of edges in network snapshots during the day, ii) daily distribution of edge duration, iii) daily edge frequency distribution, iv) daily distribution of medians of degrees of vertices.  $1 - \text{cpdf}$  is a (empirical) complementary cumulative probability distribution or  $1 - F(x)$ , where  $F(x)$  is a cumulative probability distribution function.

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

ME Kowalska<sup>1,2</sup>, SA Pot<sup>1</sup> and S Hartnack<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Ophthalmology Section, Equine Department, Vetsuisse-Faculty, University of Zurich, Switzerland

<sup>2</sup> Section of Epidemiology, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Switzerland

## Scoping Review

It is a type of knowledge synthesis with an established methodology (1-3), which is recently gaining popularity.

	Systematik Review	Scoping Review
Research question	narrow (e.g., PICO)	broad "scope"
Approach	qualitative	descriptive
Risk of bias assessment	mandatory	typically, not included

Table.1: Key differences between systematic reviews and scoping reviews.

## Infectious Keratitis

- Caused by variety of pathogens and may result in vision loss.
- Treatment aims to eliminate pathogens and stop corneal dissolution
- Treatment success depends on the effective medications, i.e., antibiotics
- Growing antibiotic resistance reduces effectivity of the standard treatment

**Non-antibiotic-based alternatives are needed.**

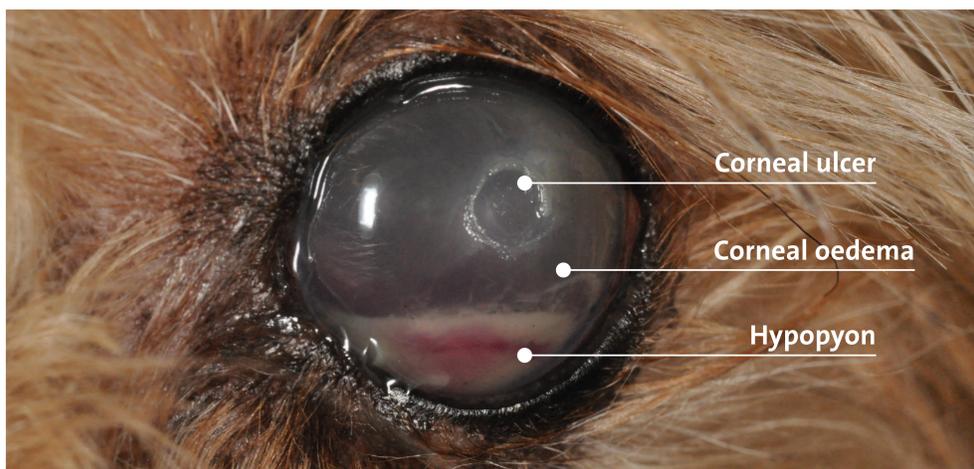


Fig.1: Corneal ulcer in a dog.

## PACK-CXL

- A type of photodynamic therapy initially used to treat corneal ectasia.
- Therapeutic effects: antimicrobial & reduction of corneal dissolution
- Humans with infectious keratitis were first treated with PACK-CXL in 2008

**A number of PACK-CXL protocols, with different energy and chromophores, have been applied, with many experimental protocols and measured endpoints used to determine PACK-CXL therapeutic effects in pre-clinical studies.**

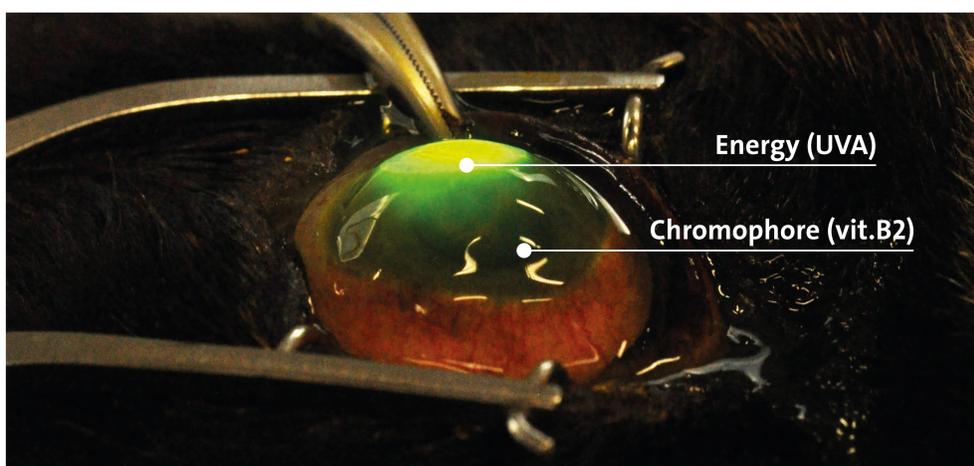


Fig.2: Corneal ulcer in cat treated with PACK-CXL.

## Motivations

- The lack of homogeneous endpoints in pre-clinical PACK-CXL studies preclude a systematic review
- Scoping review allows for a comprehensive description of PACK-CXL pre-clinical studies

Example of how to design a scoping review based on our protocol submitted to BMC Systematic Reviews.

## Scoping Review Protocol

### 1 Identification of the research questions and objectives.

- Which PACK-CXL protocol modifications have been investigated?
- Which pathogens were tested?
- Which types of study design and experimental settings were used in pre-clinical animal studies and in in vitro studies?
- Which endpoints were used to assess PACK-CXL treatment effects?

### 2 Identification of relevant published studies and conference abstracts.

We include peer-reviewed publications and conference abstract, published after 2000, in all available languages.

### 3 Selection of studies and conference abstracts.

Two reviewers in parallel screen the publications title and abstract. The article is included if the answer to all following questions is "yes".

- Does this study involve the use of a treatment method based on the combination of a chromophore and energy?
- Are any of the study findings related to PACK-CXL treatment efficacy?
- Can this study be considered pre-clinical (in vivo animal: clinical or laboratory-based, or in vitro)?

### 4 Extraction and charting of evidence and data.

We collect extracted items in seven blocks: 1) research question 2) characteristics of PACK-CXL protocol 3) pathogens 4) study design/experimental setting 5) animal species 6) measured endpoints 7) publication-related information.

### 5 Collation, summation, and presentation of results.

Search results will be presented in a PRISMA flow diagram (4). Along with a narrative summary that aligns with this review's research questions, we will present the data in tables. Results will be mapped separately for the animal and in vitro studies.

## Preliminary Results

Records included through database search n= 1667

Records after duplicates removal n= 1641

Records excluded n= 1444, including:

- not relevant n=917
- published before year 2000 n=243

Fool text articles assessed for eligibility n= 197

## References

1. Colquhoun HL, Levac D, O'Brien KK, Straus S, Tricco AC, Perrier L, et al. Scoping reviews: time for clarity in definition, methods, and reporting. *J Clin Epidemiol.* 2014;67(12):1291-4.
2. Arksey H, O'Malley L. Scoping studies: towards a methodological framework. *International Journal of Social Research Methodology.* 2005;8(1):19-32.
3. Levac D, Colquhoun H, O'Brien KK. Scoping studies: advancing the methodology. *Implement Sci.* 2010;5:69.
4. Tricco AC, Lillie E, Zarin W, O'Brien KK, Colquhoun H, Levac D, et al. PRISMA Extension for Scoping Reviews (PRISMA-ScR): Checklist and Explanation. *Ann Intern Med.* 2018;169(7):467-73.

# Main risk factors for death in COVID-19 patients hospitalized in Switzerland between February to August 2020

Filipe Maximiano<sup>1,2</sup>, Maroussia Roelens<sup>3</sup>, Brian Friker<sup>1,2</sup>, Amaury Thiabaud<sup>3</sup>, Céline Gardio<sup>2</sup>, Olivia Keiser<sup>3</sup>, Gertraud Schüpbach<sup>1,2</sup>, CH Sur Consortium<sup>4</sup>, Monica Wymann<sup>3</sup>, Beatriz Vidondo<sup>1,2</sup>

1 Veterinary Public Health Institute, University of Bern, Switzerland, 2 Swiss Federal Office of Public Health, Bern, Switzerland, 3. Institute of Global Health, Faculty of Medicine, University of Geneva, Geneva, Switzerland, 4. <https://www.unige.ch/medecine/hospital-covid/>

## Introduction:

- In Switzerland, a hospital surveillance system for COVID-19 (CH-Sur), coordinated by the Swiss Federal Office of Public Health and the Institute of Global Health of the University of Geneva, consisting of 20 voluntary participating large central and university hospitals, was set up.
- Being COVID-19 a novel disease, identifying risk groups is crucial to generate public recommendations, establish control measures and effective patient management.

**Purpose:** explore risk factors for in-hospital mortality for hospitalized COVID-19 patients, during the first months of the epidemic in Switzerland.

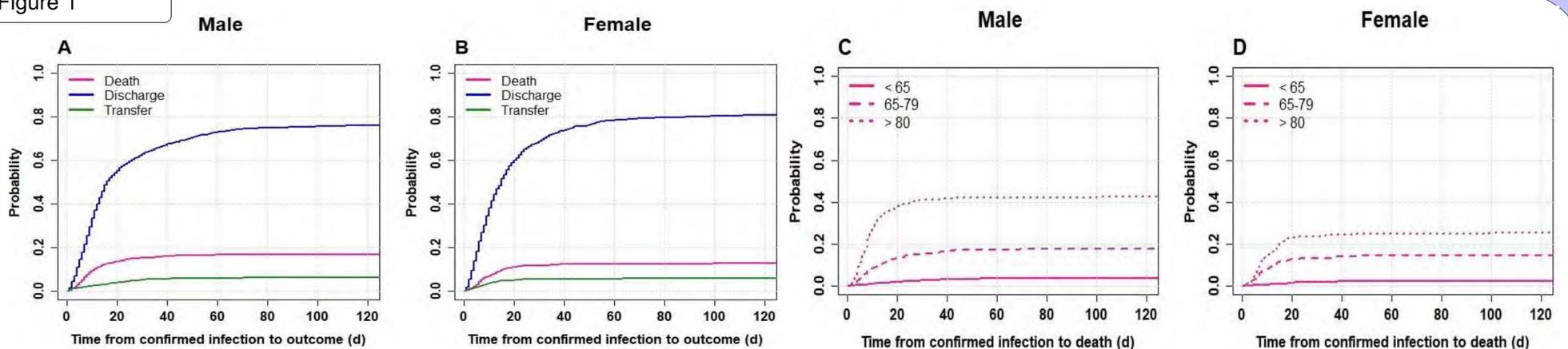
## Methods:

- All entries from adult patients, recorded in CH-Sur until September 1<sup>st</sup> 2020, with a COVID-19 PCR-confirmed diagnosis and hospitalized for, at least, 24 hours were extracted. Three hospitals were pediatric and thus, just patients from 17 hospitals were included.
- Cumulative incidence of death, overall and by age and gender were visualized and hazard ratios computed using R packages cmprsk and survival.
- Hazard ratios calculated for in-hospital mortality associated with age and comorbidities using a multivariable proportional hazards Fine & Gray survival model.
- Patients for whom hospitalization outcome was unknown were considered as still in care and censored.

## Results:

- 3590 adult patients included (59.5% men).
- 543 (15.1%) died, 220 (6.1%) transferred to another hospital, 2793 (77.8%) discharged from hospital and 34 (0.95%) were still hospitalized.
- Median age 68 (IQR 55-80) years.
- 859 (23.9%) patients had no comorbidities.
- 710 (19.42%) admitted to ICU (median length of stay 12 days (IQR 4-21 days)).

Figure 1



## Cumulative incidence of death:

Considering gender, cumulative incidence of death was higher in men after one month (Figure 1, A and B).

When considering different age and gender groups, cumulative incidence of death after one month was above 40% in men 80 + and almost 25% in women (Figure 1, C and D).

Table 1

	3551 individuals included	(540 deaths)
<b>Age</b>	35	0.11 (0.05–0.25)
	55	1.0 (ref.)
	65	2.4 (1.89–3.06)
	80	5.75 (4.18–7.9)
<b>Gender</b>	Male	1.42 (1.17–1.74)
<b>Renal disease</b>	Yes	1.65 (1.34–2.03)
<b>Oncological pathology</b>	Yes	1.56 (1.24–1.95)
<b>Chronic respiratory disease</b>	Yes	1.27 (1.04–1.56)
<b>Cardiovascular disease</b>	Yes	1.3 (1.05–1.61)

## Risk factors:

Hazard ratios (95%CI) for in-hospital mortality for factors significantly associated with a higher risk of death (Table 1).

## Discussion and Conclusion:

- Study has **high coverage** (about 80% of all COVID-19 hospitalizations mandatorily reported until September 1<sup>st</sup> 2020 and all regions represented).
- Low frequency of some comorbidities, which have been as risk factor, did not allow their inclusion in the models.
- No distinction was made between severe and moderate forms of comorbidities.
- Older age, male gender, renal disease, oncological pathologies, chronic respiratory disease, cardiovascular disease and dementia were associated with higher risk of in-hospital death.**

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

Antoine Champetier<sup>a\*</sup>, Francesco Galli<sup>a</sup>, Hartmut H. K. Lentz<sup>b</sup>, Vitaly Belik<sup>c</sup> and Salome Dürr<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland, <sup>b</sup> Institute of Epidemiology, Friedrich-Loeffler-Institut, Germany, <sup>c</sup> System Modeling Group, Institute for Veterinary Epidemiology and Biostatistics, Freie Universität Berlin, Germany.  
\* antoine.champetierderibes@vetsuisse.unibe.ch

## Context:

African Swine Fever (ASF) is a contagious disease in pigs with significant health and economic impacts, currently emerging in Europe.

Epidemiological models for ASF are promising tools given the lack of outbreak experience and data.

Datasets on transports and other possible contact pathways are improving and allow careful consideration of regional or national specificities in pig production sectors.

## Objective of the research:

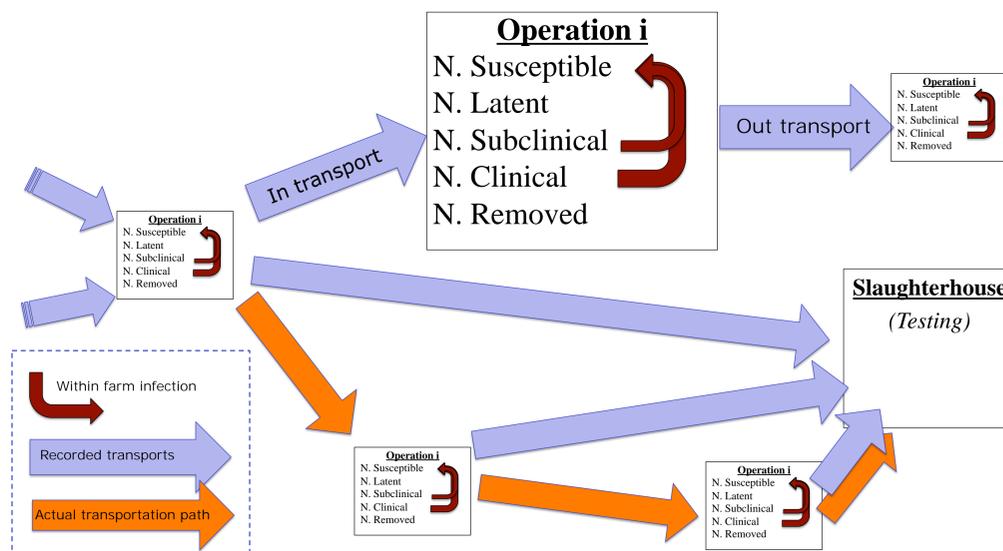
Develop a simulation tool to assist in surveillance strategy evaluation for ASF and other contagious swine diseases.

Hypothesis: Incomplete contact networks can result in underestimation of outbreak size and overestimation of effectiveness of surveillance

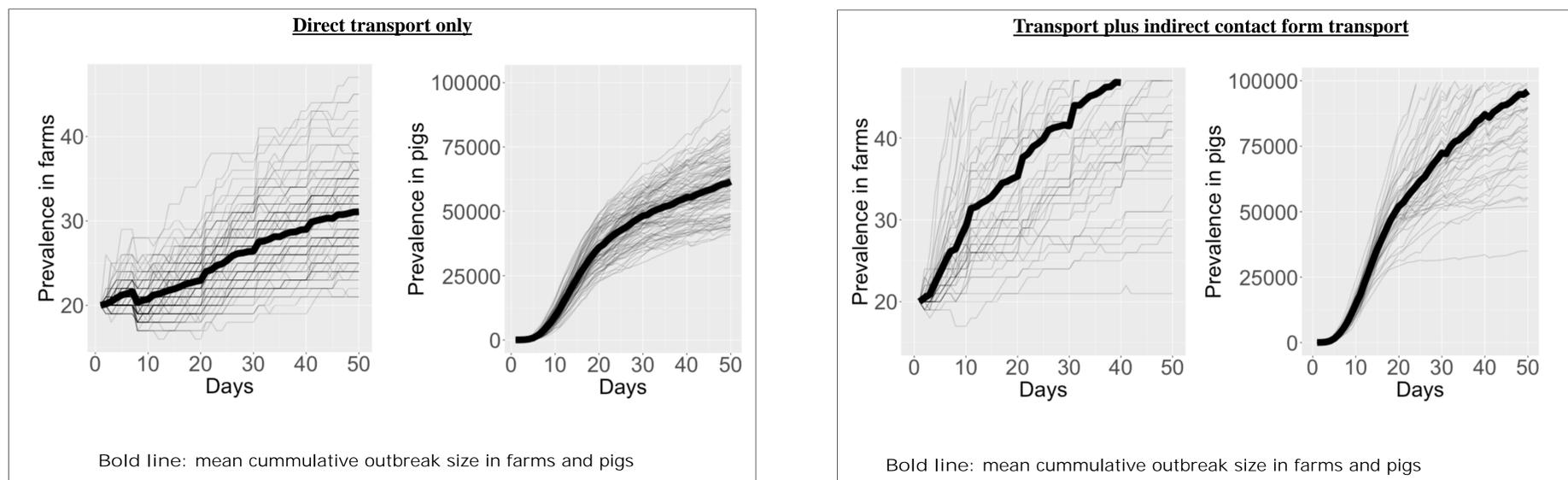
We evaluate the importance of interpreting pig transport events as tours rather than single events.

## Methodology

- Simulation model
  - Compartment model within pig holdings
  - Holdings connected by pig transport and other networks
  - Transport sampling based on infectious state
  - Density-dependent stochastic infection process
  - Simulated tours
- Data sources
  - Farm data, mandatory transport data
- Calibration/validation
  - Based on literature parameters and outbreaks elsewhere.



## Sample simulation results



## Ongoing work

- Incorporate trader data for tours and machine-learning prediction for entire network
- Incorporate additional contact networks: e.g. veterinarian visits, spatial proximity
- Model current and prospective surveillance strategies (passive surveillance, mortality-based thresholds)
- Apply modeling framework to enzootic pneumonia (EP) and porcine respiratory and reproductive syndrome (PRRS)

## Funding Source



SWISS NATIONAL SCIENCE FOUNDATION

Duration: 2019 – 2022

## References

- Sterchi, M., Faverjon, C., Sarasua, C., Vargas, M. E., Berezowski, J., Bernstein, A., ... & Nathues, H. (2019). The pig transport network in Switzerland: Structure, patterns, and implications for the transmission of infectious diseases between animal holdings. *PLoS one*, 14(5), e0217974.
- Hayes, B. H., Andraud, M., Salazar, L. G., Rose, N., & Vergne, T. (2021). Mechanistic modelling of African swine fever: A systematic review. *Preventive Veterinary Medicine*, 105358.

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

A. Fahrion<sup>1\*</sup>, S. Dreyer<sup>1</sup>, T. Müller<sup>1</sup>, C. Freuling<sup>1</sup>, G. Belot<sup>2</sup>, K. Dietze<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald - Insel Riems, Germany

<sup>2</sup>World Health Organization, Geneva, Switzerland

## IHR-PVS National Bridging Workshops

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. As of today, NBWs have been successfully held in 34 countries. Evaluation of these past workshops has highlighted rabies as the most frequently recurring topic in the selection of case studies, often showing the largest gaps in intersectoral coordination according to the workshop participants' analysis.



Fig.1 Group discussion during the NBW in Bhutan.  
 © WHO

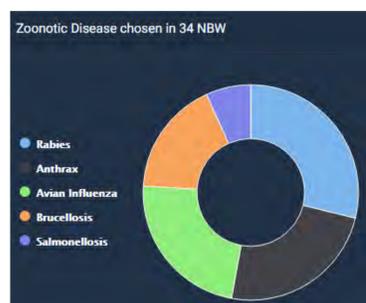


Fig.2 Zoonotic diseases chosen in 34 NBW as case studies. © WHO

## Rabies

Worldwide, nearly 60,000 people still die from this devastating disease annually, even though the knowledge and tools exist to put an end to the human tragedy of rabies. Rabies is an example disease demonstrating the importance of intersectoral "One Health" approaches. The single most effective strategy to avoid human deaths is interrupting transmission from the reservoir, by dog vaccination: generating human public health benefits from a veterinary intervention. The Global Strategic Plan (2018) "Zero by 30" issued by WHO, OIE, FAO and GARC<sup>1</sup> provides a framework with strong One Health involvement to end dog-mediated human rabies by 2030. The operational plan for the GSP includes the development and implementation of a Rabies-tailored NBW.

## National Bridging Workshop for Rabies (NBW-Rabies)

A disease-specific concept was developed by FLI and WHO, in close coordination with OIE and supported by FAO, GARC and further partners. We adapted methods and tools of the existing generic NBW workshop sessions and complemented the frameworks used for NBW (the IHR Monitoring and Evaluation Framework and the PVS Pathway) by rabies-specific key documents and frameworks. To verify the practicability and use of the developed workshop sessions, various smaller expert consultations and internal pilots were run.

<sup>1</sup> Global Alliance for Rabies Control

## Conclusion

As the first disease-focused WHO/OIE National Bridging Workshop, the NBW-Rabies aims at improving multisectoral collaboration with a focus on dog-transmitted human rabies. As coordination between the sectors is key to rabies control and elimination, it is hoped that this workshop can be a game changer to support countries advancing towards their national goals and ultimately tackle this fatal disease.

## Results & Discussion

As the first workshop using the "Bridging" methodology while focusing on a specific disease, the NBW-R is based on the curriculum for the generic IHR-PVS NBW. Its used frameworks (the IHR<sup>2</sup> Monitoring and Evaluation Framework and the PVS<sup>3</sup> Pathway) were substituted by the "Stepwise Approach towards rabies elimination" (SARE), a rabies specific, much-used monitoring and evaluation tool, as a central element. It is designed as a very interactive sequence of sessions blending group, plenary and "world café" work in input sessions, case studies, collaboration gap analysis, document analysis and planning sessions. The approach integrates and builds on various further, country-specific documents such as national rabies, One Health or neglected tropical diseases strategies, disease prioritization exercises, roadmaps from previous SARE assessments and IHR-PVS NBWs. The methodology will be further refined by experiences derived of pilot NBW-R workshops in selected countries.

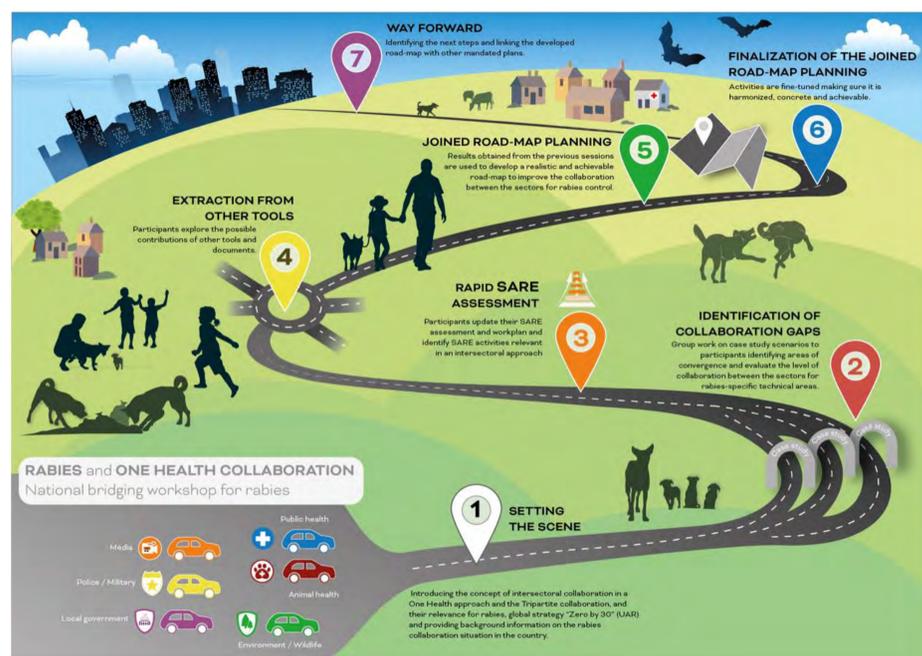


Fig.3 Schematic display of the workshop sessions for the NBW-Rabies.

The NBW-R is embedded in the international efforts towards reaching "Zero by 30" through the "United Against Rabies Forum", a broad stakeholder collaboration led by the WHO-OIE-FAO tripartite. An assessment of the existing landscape of One Health and rabies-specific tools to demonstrate the potential areas of use and added value of a NBW-R and to maximize synergies between tools is an ongoing work in cooperation with the larger rabies community.

<sup>2</sup> International Health Regulations <sup>3</sup> Performance of Veterinary Services

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

Schoneberg C.<sup>1</sup>, Kreienbrock L.<sup>1</sup>, Campe A.<sup>1</sup>



<sup>1</sup> 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, Hannover

## Einleitung

Die latente Klassenanalyse (LCA) evaluiert diagnostische Tests ohne Goldstandard. Anhand der Ergebnisse mehrere Tests, angewendet auf dieselbe Stichprobe, bestimmt sie die Werte der Testgüten und der Prävalenz. Eine Annahme dieses Verfahrens ist die bedingte Unabhängigkeit der Tests. Werden jedoch Tests mit dem gleichen biologischen Prinzip verwendet, ist diese Annahme nicht mehr erfüllt.

## Material und Methoden

### Der Algorithmus

Die klassische LCA wird um einen Term für die bedingten Abhängigkeiten erweitert [2]. Die Parameter werden dann in einem schrittweisen Verfahren abgeschätzt (Abbildung 1).

### Simulationsszenarien

In folgenden Simulationsszenarien wurden die Ergebnisse des neuen, frequentistischen Ansatzes mit denen der klassischen LCA für unabhängige Tests und dem Bayesschen Ansatz für bedingt abhängige Tests verglichen:

- 1) Drei unabhängige diagnostische Tests mit hoher Testgüte in einer Population mit einer moderaten Prävalenz
- 2) Zwei stark abhängige Tests mit geringen Testgüten und ein dritter Test mit geringen Abhängigkeiten und hoher Güte in einer Population mit hoher Prävalenz
- 3) Zwei stark abhängige Tests mit geringen Testgüten und ein dritter Test mit geringen Abhängigkeiten und hoher Güte in einer Population mit niedriger Prävalenz
- 4) Drei mäßig abhängige diagnostische Tests mit moderaten Testgenauigkeiten in einer Population mit hoher Prävalenz
- 5) Drei diagnostische Tests und eine Population mit Werten für die Testgüten und die Prävalenz aus einem Praxisbeispiel [3] mit Schätzwerten für die Abhängigkeitsstruktur

Deshalb wurde die LCA um einen Abhängigkeitsterm erweitert und eine Methode entwickelt, die die Parameter mit einem frequentistischen Algorithmus schätzt. Sie stellt einen einfach anzuwendenden Ansatz auch für Situationen ohne umfangreiche Vorinformationen dar und ist anwendbar, sobald drei diagnostische Tests zur Verfügung stehen und der Status jedes untersuchten Individuums unbekannt ist [1].

### Startwerte

Es wurden fünf verschiedene Startwertdatensätze verwendet. Jeweils ein Parameter wurde variiert, um seinen Einfluss zu bestimmen.

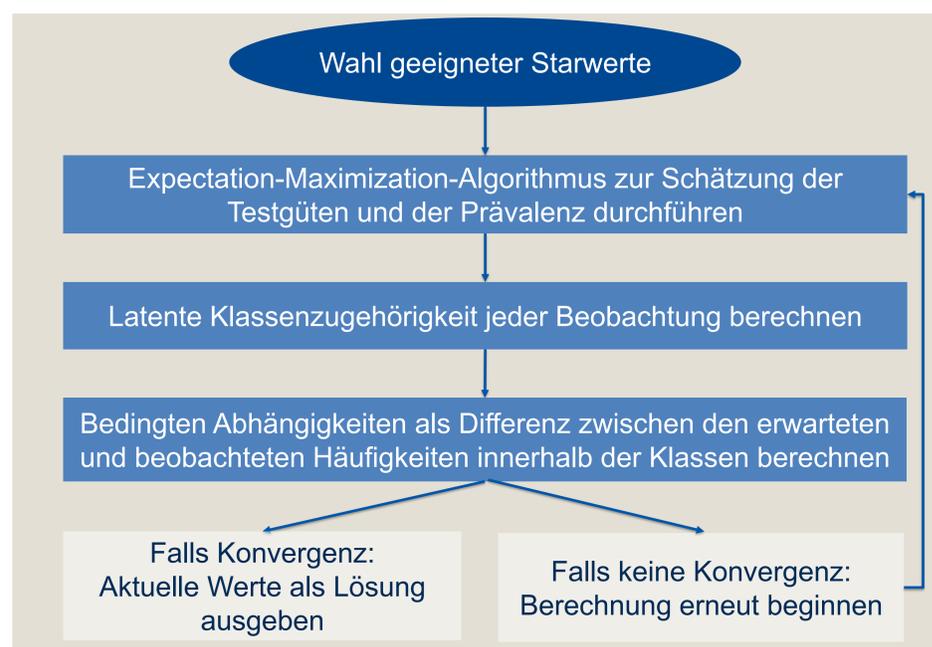


Abbildung 1: Der iterative, frequentistische Algorithmus der latenten Klassenanalyse für bedingt abhängige Tests

Tabelle 1: Maximale Abweichungen der Ergebnisse der drei verglichenen Methoden zu den simulierten Werten in den fünf Simulationsszenarien für die fünf Startwerte [Angaben in Prozent]

Szenario	Klassische LCA	Bayessche LCA	Frequentistische LCA
1) Unabhängige Tests, mittlere Prävalenz	1,0	6,9	4,4
2) Hohe Abhängigkeit, hohe Prävalenz	20,4	6,9	7,7
3) Hohe Abhängigkeit, niedrige Prävalenz	77,0	15,0	13,0 (in einem Fall 86,4)
4) Mittlere Abhängigkeit, mittlere Prävalenz	15,7	11,8 (in einem Fall 18,7)	5,9
5) Praxisbeispiel	19,6	5,9 (z.T. fehlende Konvergenz)	8,1

## Ergebnisse

- Der neu entwickelte Ansatz und die Bayessche Methode führten mit einzelnen Ausnahmen zu guten Ergebnissen in allen fünf Simulationsszenarien.
- Beide Ansätze hatten zum Teil Konvergenzprobleme bei stark abweichenden Startwerten: Bayes bei den Testgüten, der neue Ansatz bei den Abhängigkeiten (Tabelle 1).
- Die klassische LCA führte für bedingt unabhängige Tests zu exakten Ergebnissen, ansonsten resultierte sie in stark von den simulierten Werten abweichenden Parametern.
- Die Berücksichtigung einer Abhängigkeitsstruktur verbesserte somit die Ergebnisse der klassischen LCA.

## Diskussion und Schlussfolgerung

- Die Bayessche Methode und der neue frequentistische Ansatz lieferten in den meisten Fällen ähnlich gute Ergebnisse bei gleichen Vorinformationen.
- Der Vorteil des vorgestellten Verfahrens ist, dass es keine A-priori-Verteilungen als Startwerte benötigt, sondern feste Werte. Auch toleriert es stärkere Abweichungen der Startwerte der Testgüte. Das erforderliche Vorwissen kann daher leichter erlangt werden.
- Insgesamt ist der frequentistische Ansatz eine geeignete Methode, um bedingt abhängige diagnostische Tests zu evaluieren.

## Referenzen

- [1] Schoneberg et al. An iterative, frequentist approach for latent class analysis to evaluate conditionally dependent diagnostic tests, *Frontiers in Veterinary Science*, 2021
- [2] Gardner et al. Conditional dependence between tests affects the diagnosis and surveillance of animal diseases. *Preventive veterinary medicine*, 2000
- [3] Campe et al. Latent class regression models for simultaneously estimating test accuracy, true prevalence and risk factors for *Brucella abortus*, *Epidemiology & Infection*. 2016

Das Projekt wurde finanziert vom Bundesministerium für Bildung und Forschung unter der Projektnummer 01K11726B als Teil des Nationalen Forschungsnetzes zoonotische Infektionskrankheiten.

# Die erforderlichen Rücklagen einer Tierseuchenkasse - ein Modellansatz und Perspektiven

N. Denzin<sup>1</sup>, U. Gerdes<sup>2</sup>, S. Fleßa<sup>3</sup>, H. Lentz<sup>1</sup>, F. J. Conraths<sup>1</sup>

## Einleitung

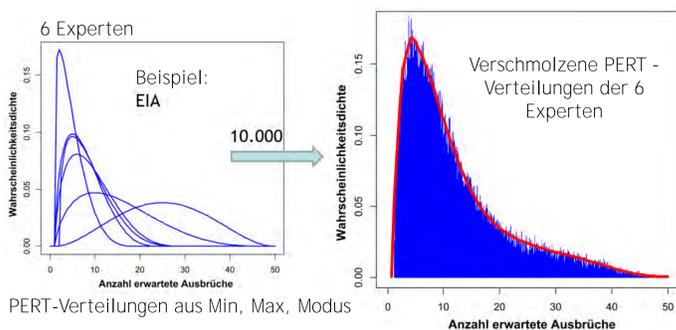
Die Aufgabe von Tierseuchenkassen (TSKs) ist es unter anderem, dem Tierhalter aus der staatlichen Tierseuchenbekämpfung entstehende Kosten zu kompensieren. Hierfür erheben die Kassen Beiträge von den relevanten Tierhaltern. Da die gezahlten Beiträge den Betrieben Kapital entziehen, ist eine sinnvolle Abschätzung der erforderlichen, aus Beiträgen zu erhaltenden Rücklagen einer TSK geboten. Dies insbesondere auch, da die TSKs die Rücklagen konservativ anlegen ☺, aber die Geldpolitik der Europäischen Notenbank kaum noch Zinsgewinne ermöglicht, wenn nicht gar Strafzinsen auf Geldanlagen verlangt werden.

Bereits im Jahr 2015 wurde eine solche Abschätzung für die Niedersächsische TSK vorgenommen und 2021 aktualisiert. Die Ergebnisse aus 2021 werden dargestellt, interpretiert und es werden Bewertungsperspektiven eröffnet.



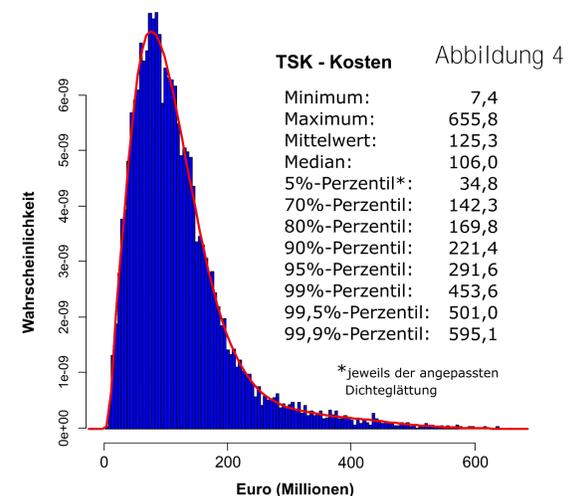
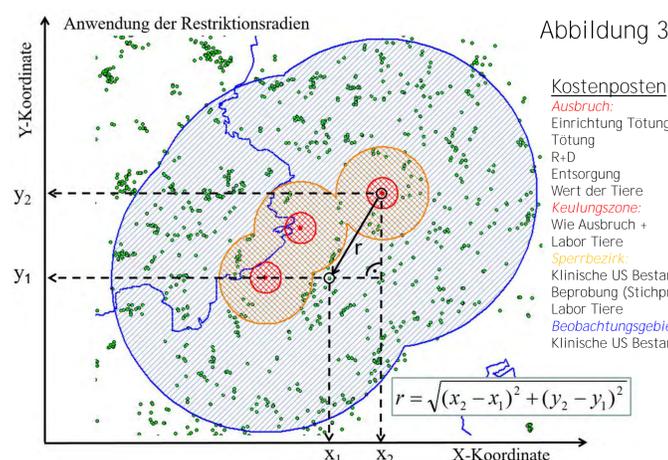
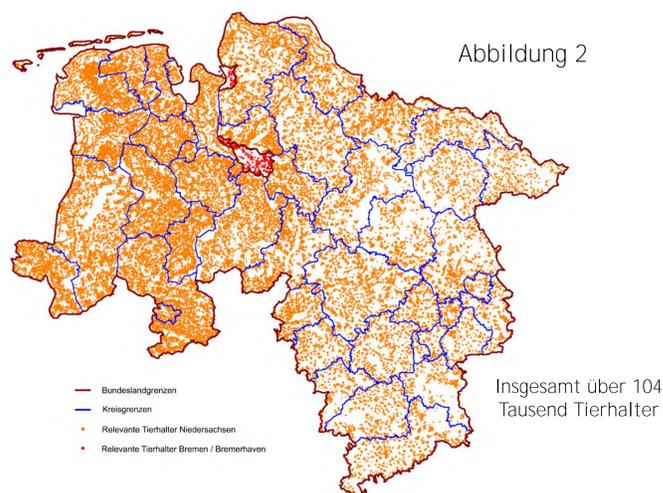
Graffiti, Mauerpark, Berlin, 21. März 2020, Gollum zum Klopapier: Mein Schatz, Hilmar Schmudt. Keine Änderungen vorgenommen, CC BY-SA 4.0  
<https://coronarchiv.geschichte.uni-hamburg.de/projector/coronarchiv/item/4323>

Abbildung 1



## Material und Methoden

- Die Maximalbelastung der TSK innerhalb eines Jahres unter Berücksichtigung aller Tierkategorien wurde als paralleles Auftreten von MKS, KSP, HPAI, LPAI und EIA definiert.
- Es wurden Expertenmeinungen (Abb. 1, links) zu den erwarteten Ausbruchszahlen der jeweiligen Tierseuchen in einem Seuchengeschehen (eines Jahres) erhoben.
- In einem stochastischen Modell (10.000 Iterationen) wurden die Ausbruchszahlen aus den verschmolzenen Verteilungsfunktionen (Abb. 1, rechts) der Expertenmeinungen gezogen, zufällig relevante Tierhalter in der Kulisse (Abb. 2) gewählt, die Restriktionszonen angewendet (Abb. 3), die Betriebs- und Tierzahlen je Iteration ausgelesen und mit den zugehörigen Kosten untersetzt.



Vor dem Hintergrund der im Raum stehenden Negativzinsen auf Guthaben der TSK wurden die Opportunitätskosten\* der Betriebe, die aus dem Zinssaldo Guthabenzins / Kreditzins der TSK in Abhängigkeit von der Rücklagenhöhe und den jährlichen Kosten (Streuung entsprechend Wahrscheinlichkeitsfunktion nach Abb. 4) erwachsen, über einen Betrachtungszeitraum von 10 Jahren modelliert.

\*Hier: Zinslast des Betriebes für eine Kreditaufnahme in Höhe des TSK Zinssaldos, das dem Betriebsvermögen entzogen wird

## Ergebnisse

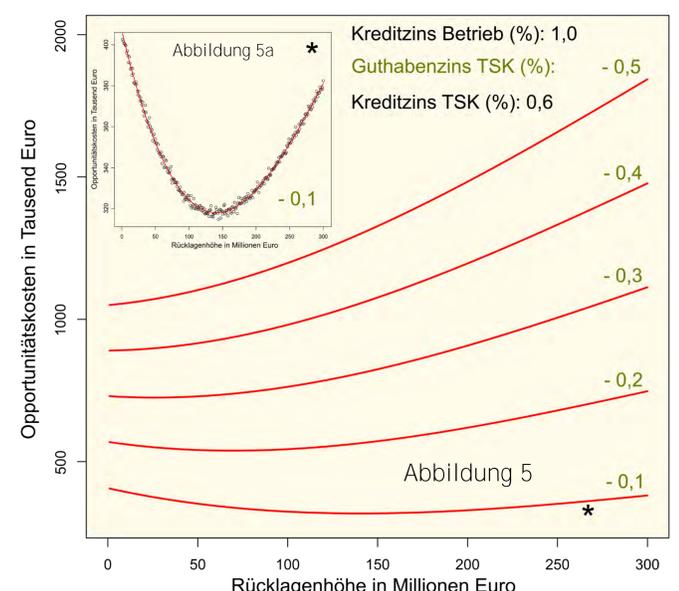
Es wurden die Summenverteilungen der Gesamtkosten (TSK und Land) sowie der durch die TSK zu bestreitenden Kosten (Abb. 4) dargestellt. Die Rücklagen der TSK (181 Millionen, 2020) entsprechen dem 83. Perzentil der TSK-Kosten. Weiterhin wurden Detailkosten der TSK für sieben Perzentile von Interesse entsprechend Abb. 4, insgesamt 52 Erkrankungen/Tierart bzw. -gruppe - Kombinationen und 14 Kostenposten (vgl. Abb. 3, rechts) durch eine aufwändige Standardisierung erschlossen und somit  $7 \cdot 52 \cdot 14 = 5096$  Einzelkosten ausgewiesen.

Im derzeitigen Zinsumfeld und bei einem Strafzins von - 0,1 % liegt das Rücklagenoptimum bei 141 Mill. Euro, ab einem Strafzins von - 0,4 % liegt das Optimum bei einer Rücklagenhöhe von nur noch null Euro (Abb. 5 / 5a).

Die Opportunitätskostendifferenz zwischen der vorhandenen Rücklagenhöhe von 181 Mill. Euro und null Euro beläuft sich selbst bei einem maximal angenommenen Strafzins auf Guthaben der TSK von - 0,5 % auf nur ca. 370.000 Euro über zehn Jahre. Dies entspricht einer mittleren Belastung der Betriebe je Jahr von 36 Cent!

## Fazit

- Sehr konservative Kostenschätzung, dennoch reichen die Rücklagen der TSK in 83 % der Modellläufe.
- Das gegenwärtige Zinsumfeld der TSK (Negativzins < 0,1 %) unterstützt die Vorhaltung der derzeitigen Rücklagenhöhe. Auch höhere Strafzinsen hätten nur vernachlässigbare Effekte.
- Die TSK sollte den Schatz ☺ der Tierhalter bewahren.



<sup>1</sup>Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald-Riems  
<sup>2</sup>Niedersächsische Tierseuchenkasse, Hannover  
<sup>3</sup>Universität Greifswald, Greifswald



# Antibiotikaverbrauch im Zusammenhang mit einem regionalen *S. aureus* Genotyp B (GTB) Sanierungsprojekt im Kanton Tessin, Schweiz

M. Vaccani<sup>1</sup>, L. Sesso<sup>1</sup>, J. Pont<sup>2</sup>, G. Schüpbach-Regula<sup>2</sup>, M. Bodmer<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Wiederkäuferklinik, Vetsuisse-Fakultät Universität Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3001 Bern, Schweiz; Veterinärdienst Kanton Tessin

<sup>2</sup>Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Schwarzenburgstrasse 155, 3097 Liebefeld, Schweiz

## Schlussfolgerungen

- Verringerung des Antibiotikaverbrauchs in Sömmerungsbetrieben mit zu erwartenden positiven Auswirkungen auf die Rohmilchqualität und die Käseproduktion.
- In den Talbetrieben keine entsprechende Verringerung des AB Verbrauchs erreicht, möglicherweise aufgrund von anderen Mastitiserregern.

## Ziel der Arbeit

Beschreibung des intramammären Antibiotikaverbrauchs vor, während und nach eines *S. aureus* GTB Kontrollprogramms.

Hypothese: Der intramammäre Antibiotikaverbrauch ist nach Beendigung des Kontrollprogramms in Fallbetrieben signifikant tiefer als vor der Sanierung.

## Ausgewählte Resultate

- Auswertung von 46 Fallbetrieben und 19 Kontrollbetrieben möglich
- BI Laktation während der Sanierung (2018) in positiven Herden höher als in Kontrollherden (p=0.0000)
- BI Laktation initial positive Sömmerungsherden nach der Sanierung tiefer als vor der Sanierung (p=0.004)

Jahr			BI Fallbetriebe			BI Kontrollbetriebe			p-Wert Jahr	p-Wert Gruppe
			Anz.	MW	Median	Anz.	MW	Median		
2017	Talbetriebe	IMM <sup>a</sup>	46	8.0	6.0	19	8.4	8.4		0.386
		DRY		1.5	1.5		1.3	1.3		0.218
2018		IMM		<b>21.0</b>	16.2		9.6	11.6	<b>0.000</b>	<b>0.003</b>
		DRY		1.9	1.9		1.6	1.5		0.143 <sup>g</sup>
2019		IMM		7.3	4.9		10.1	11.0	0.670	0.068 <sup>g</sup>
		DRY		1.6	1.5		1.6	1.7		0.420 <sup>f</sup>
2017	Sömmerung	IMM	33	<b>10.8</b>	3.0	14	2.9	0.0		0.024 <sup>g</sup>
		DRY		3.4	2.8		4.8	4.2		0.144 <sup>g</sup>
2018		IMM		7.5	3.3		12.8	8.4	0.477	0.235 <sup>g</sup>
		DRY		3.1	1.1		3.8	2.7		0.589 <sup>f</sup>
2019		IMM		<b>3.1</b>	0.0		10.7	3.6	<b>0.004</b>	0.060 <sup>g</sup>
		DRY		2.3	0.9		2.0	0.0		0.214 <sup>e</sup>

## Material & Methoden

- Studienpopulation
  - 82 Tessiner Milchviehherden machten freiwillig im *S. aureus* GTB Sanierungsprojekt mit, 62 Herden waren *S. aureus* GTB positiv (Fallbetriebe) und 20 Herden *S. aureus* GTB negativ (Kontrollbetriebe)
- Antibiotikaverbrauchsdaten
  - Verschreibungsdaten der Hoftierärzte
- Quantifizierung des intramammären Antibiotikaverbrauchs
  - Berechnung der Behandlungsinzidenz unter Verwendung der von der EMA publizierten DDD (Laktationsbehandlungen) und DCD (Trockenstellbehandlungen)
- Statistik
  - Vergleich Fall- und Kontrollbetriebe: Wilcoxon Rank Sum test, unabhängiger t-test
  - Vergleich der Fallbetriebe über die 3 Jahre Studiendauer: Wilcoxon Rank sum test
  - Separate Analyse der Sömmerungsperiode

## Danksagung

Diese Studie wurde vom Bundesamt für Landwirtschaft, dem Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen und vom Kanton Tessin finanziert.

## Referenzen

- Menéndez González, S., Steiner, A., Gassner, B., & Regula, G. (2010). Antimicrobial use in Swiss dairy farms: Quantification and evaluation of data quality. *Preventive Veterinary Medicine*. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2010.03.004>
- Sartori, C., Boss, R., Bodmer, M., Leuenberger, A., Ivanovic, I., & Graber, H. U. (2018). Sanitation of *Staphylococcus aureus* genotype B-positive dairy herds: A field study. *Journal of Dairy Science*, *101*(8), 6897–6914. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13937>

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



Anne Schnepf<sup>1</sup>, Sabine Kramer<sup>2</sup>, Rolf Wagels<sup>3</sup>, Holger A. Volk<sup>2</sup>, Lothar Kreienbrock<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo), Deutschland

<sup>2</sup> Klinik für Kleintiere, Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo), Deutschland

<sup>3</sup> Dezernat Informations- und Datenverarbeitungsservice (TiHo-IDS), Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo), Deutschland

## Einleitung

Im Gegensatz zu lebensmittelliefernden Tieren, bei denen die Dokumentation des Einsatzes von Antibiotika (AB) gesetzlich geregelt ist, wird der antimikrobielle Einsatz 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) generiert wurden. Die vorgestellte Studie basiert auf einer vorangegangenen Studie, welche den Antibiotikaeinsatz bei Pferden in Deutschland mit der selben Methodik untersucht hat [1].

## Material und Methoden

- Studientyp: Evaluierung von vollständigen Fallberichten
- Studienzeitraum: 1. Januar 2017 und 31. Dezember 2018
- 180.530 dokumentierte Abrechnungen von Medikamenten
  - Hunde: 139.994
  - Katzen: 40.536

## Ergebnisse

- 2017: 78.076 Arzneimittelabrechnungen bei 5.471 Hunden und Katzen
  - Davon 14.020 (17,96 %) AB-Abrechnungen, bei 2.910 (51,31 %) Tieren
  - 4,82 Abrechnungen von AB pro Tier
- 2018: 104.481 Arzneimittelabrechnungen bei 5.939 Hunden und Katzen
  - Davon 18.170 (17,39 %) AB- Abrechnungen bei 3.176 (53,48 %) Tieren
  - 5,72 Abrechnungen von AB pro Tier
- Penicilline, Nitroimidazole und Chinolone wurden 2017 und 2018 am häufigsten eingesetzt
- (Relative) Menge der verabreichten AB
  - 2017: 5.360,82 mg pro Tier (gesamt: 15,60 kg; Hunde: 14,80 kg, Katzen: 0,80 kg)
  - 2018: 5.371,54 mg pro Tier (gesamt: 17,06 kg; Hunde: 16,11 kg, Katzen: 0,96 kg)

Tabelle 1: Anzahl der dokumentierten Abrechnungen von Antibiotika bei Hunden und Katzen in 2017 und 2018 an der Klinik für Kleintiere, TiHo

Antibiotikaklassen	Hunde			Katzen		
	2017	2018	Gesamt (%)	2017	2018	Gesamt (%)
Aminoglykoside	226	189	415 (1,63%)	22	22	44 (0,59%)
Penicilline	6.036	7.562	13.598 (53,50%)	2.098	2.801	4.899 (65,77%)
Cephalosporine	315	388	703 (2,77%)	51	88	139 (1,87%)
Amphenicole	235	247	482 (1,90%)	48	46	94 (1,26%)
Chinolone	709	1.029	1.738 (6,84%)	200	262	462 (6,20%)
Fusidinsäure	4	4	8 (0,03%)	1	-	1 (0,01%)
Lincosamide	162	178	340 (1,34%)	51	28	79 (1,06%)
Makrolide	9	19	28 (0,11%)	-	-	-(-)
Nitroimidazole	2.433	3.367	5.800 (22,82%)	560	835	1.395 (18,73%)
Polypeptide	169	200	369 (1,45%)	25	28	53 (0,71%)
Sulfonamide	216	248	464 (1,83%)	4	23	27 (0,36%)
Tetrazykline	440	567	1.007 (3,96%)	118	111	229 (3,07%)
Trimethoprim	215	248	463 (1,82%)	4	23	27 (0,36%)
<b>Insgesamt</b>	<b>11.160</b>	<b>14.246</b>	<b>25.415 (100,0%)</b>	<b>3.182</b>	<b>4.267</b>	<b>7.449 (100,0%)</b>

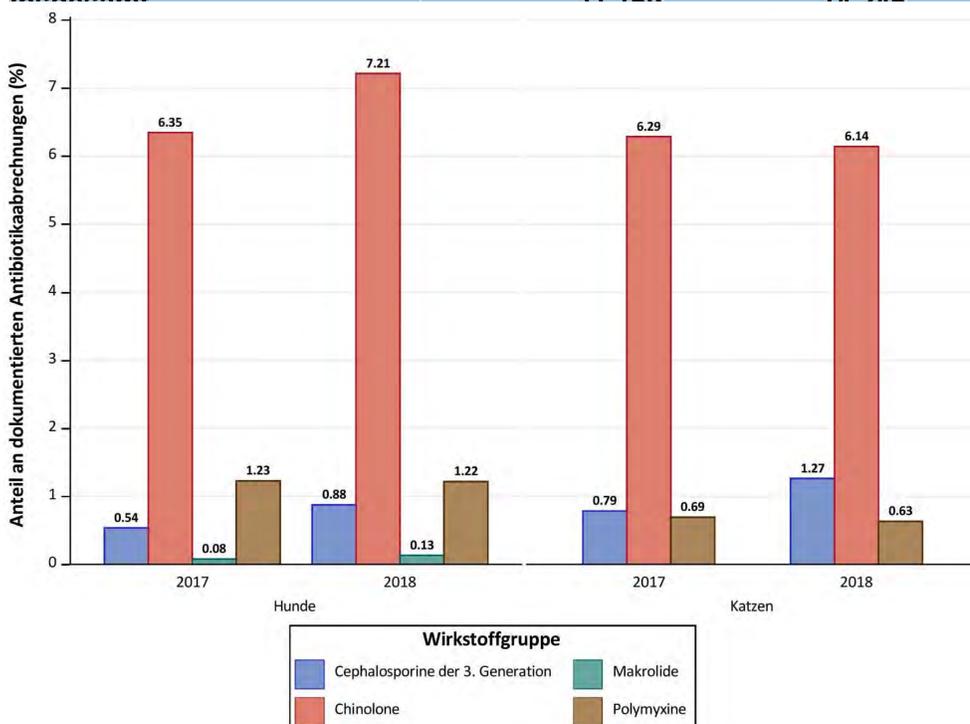


Abbildung 1: Anteil an dokumentierten Abrechnungen von Critically Important Antibiotics (CIA) - Highest Priority [2] bei Hunden und Katzen während des zweijährigen Studienzeitraums an der Klinik für Kleintiere, TiHo

## Diskussion

Trotz der zunehmenden Dokumentation abgerechneter Antibiotika sind die Unterschiede zwischen 2017 und 2018 nicht statistisch signifikant (Odds Ratio (OR) 1,01; 95 % Konfidenzintervall (KI) 0,98 - 1,03). Dies gilt gleichermaßen für die Unterschiede zwischen behandelten Hunden und Katzen in 2017 (OR 0,97; KI 0,92 - 1,01) und 2018 (OR 0,97; KI 0,94 - 1,01). Die ansteigende Zahl an dokumentierten AB-Anwendungen sowie die zunehmende, absolute Menge verabreichter AB stehen im direkten Zusammenhang mit der steigenden Anzahl an behandelten Tiere. Darüber hinaus zeigen die Ergebnisse, dass die am häufigsten verordneten AB-Gruppen bei Hunden und Katzen in den Jahren 2017 und 2018 gleich blieben.

## Zusammenfassung

Diese Studie zeigt, dass die für Pferde beschriebene Methode [1] auf die Untersuchung von AMU bei anderen Tierarten übertragbar ist. Da zwischen 2017 und 2018 keine Unterschiede bei den abgerechneten Antibiotika und den am häufigsten verwendeten Antibiotikaklassen beobachtet wurden, können die Ergebnisse dieser beiden Jahre als Basis verwendet werden, um Änderungen der hausinternen Richtlinien und zukünftige gesetzliche Anforderungen zu beurteilen.

## Quellen

- [1] Schnepf et al.: Antimicrobial Usage in Horses: The Use of Electronic Data, Data Curation, and First Results, *Frontiers in Veterinary Science* 7, 2020  
 [2] World Health Organization: Critically important antimicrobials for human medicine: 6th revision 2018: ranking of medically important antimicrobials for risk management of antimicrobial resistance due to non-human use, 2019



# "Spezielle Antibiotika" bei Schweinen in Deutschland – eine longitudinale Analyse unter Berücksichtigung verschiedener internationaler Klassifikationen

Bonzelett C<sup>1</sup>, Freise F<sup>1</sup>, Hartmann M<sup>1</sup>, Käsbohrer A<sup>2</sup>, Kreienbrock L<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung (IBEI), Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover  
<sup>2</sup> Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

## Einführung

Das VetCAB-S (Veterinary Consumption of Antibiotics-Sentinel) Projekt ist eine Langzeitstudie, mit dem Ziel, den Antibiotikaeinsatz in der deutschen Nutztierhaltung über einen längeren Zeitraum kontinuierlich zu verfolgen und zu erfassen [1]. Die Dokumentation des Antibiotikaeinsatzes beruht dabei auf den Anwendungs- und Abgabebelegen (AuAs), die gesetzlich für Lebensmittel liefernde Tiere in Deutschland vorgeschrieben sind. Diese Belege enthalten Informationen bezüglich der Identität, Anzahl und Art der behandelten Tiere, Arzneimittelname, Dosierung, Behandlungsdauer, Indikation und Applikationsform. Zusätzlich werden Informationen zu den vorhandenen Stallplätzen der einzelnen Landwirte angefragt. Alle erhobenen Daten werden pseudonymisiert und dann in eine projekteigene Datenbank eingegeben [2].

## Material und Methoden

Über den gesamten Studienzeitraum (2013-2020) konnten 141.190 AuA-Belege für die Tierart Schwein ausgewertet werden – 32.534 für Ferkel, 38.781 für Sauen, 24.585 für Läufer und 45.290 für Mast Schweine. Aktuelle Auswertungen befassen sich mit der Gesamttherapiehäufigkeit bei den Nutzungsrichtungen der Schweine und dem prozentualen Anteil an Schweinehaltenden Betrieben, die pro Halbjahr keine Antibiotika eingesetzt haben.

## Ergebnisse

### Ferkel



- Der Median der TH sinkt von 4,7 auf 0,8 Tage.
- Der Anteil an Betrieben ohne Antibiotikaeinsatz steigt von 8,3% auf 39,5%.
- Die HPCIA-TH steigt bis 2015-1 auf 45,9%, fällt HJ 2016-1 auf 21,7% ab, bevor sie erneut ansteigt (exkl. 2020-1). Haupttreiber sind hier die Makrolide
- Die VCIA-TH steigt von 83,5% auf Werte zwischen 94,2% und 99,8%.
- Die Restrict B-TH sinkt von 21,1% auf 5,5% in 2019-2 (Colistin↓), bevor sie wieder auf 15% ansteigt.

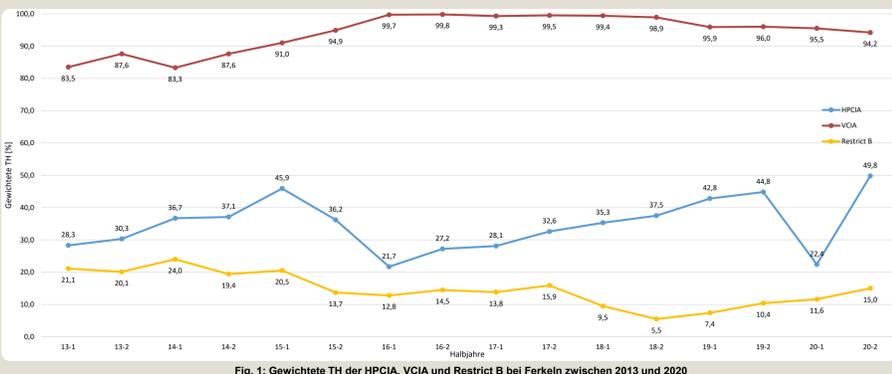


Fig. 1: Gewichtete TH der HPCIA, VCIA und Restrict B bei Ferkeln zwischen 2013 und 2020

### Läufer



- Der Median der TH steigt zuerst von 7,4 auf 11,6 und sinkt dann auf 0,3 Tage.
- Der Anteil an Betrieben ohne Antibiotikaeinsatz steigt von 24,4% auf 42,1%.
- Die HPCIA-TH fluktuiert über die Halbjahre, sinkt aber letztlich von 39% auf 24,1%.
- Die VCIA-TH steigt von 65,7% auf 79,8%: Grund für diese „niedrigeren“ Werte ist der hohe Colistin-Einsatz bei Läufern (kein VCIA).
- Die Restrict B-TH ähnelt der HPCIA-TH, da Makrolide (nicht Restrict B) selten eingesetzt werden.

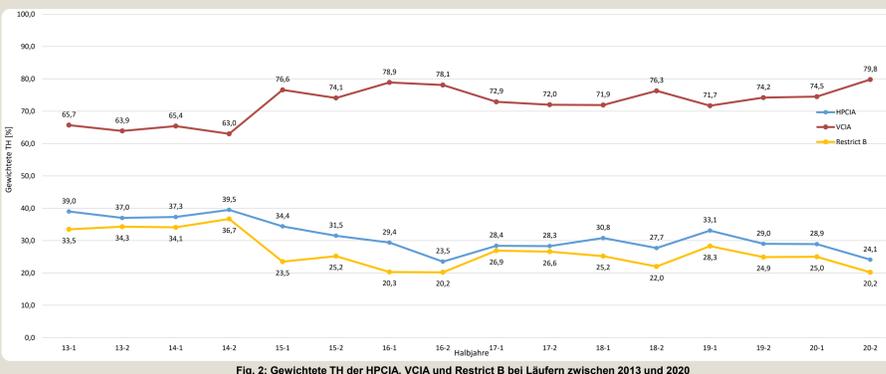


Fig. 2: Gewichtete TH der HPCIA, VCIA und Restrict B bei Läufern zwischen 2013 und 2020

### Mast Schweine



- Der Median der TH sinkt von 2,6 auf 0,1 Tage.
- Der Anteil an Betrieben ohne Antibiotikaeinsatz steigt von 22,8% auf 24,8%.
- Die HPCIA-TH schwankt zwischen 28 % und 14,3 %. Ein anhaltender Trend ist hier nicht zu beobachten. Grund dafür ist der variierende Anteil an Makroliden.
- Die VCIA-TH fluktuiert ebenfalls, liegt aber deutlich höher zwischen 75,9 % und 88,1 %.
- Die Restrict B-TH ist besonders niedrig, da Cephalosporine und Fluorchinolone so gut wie nie und Colistin wenig eingesetzt werden.

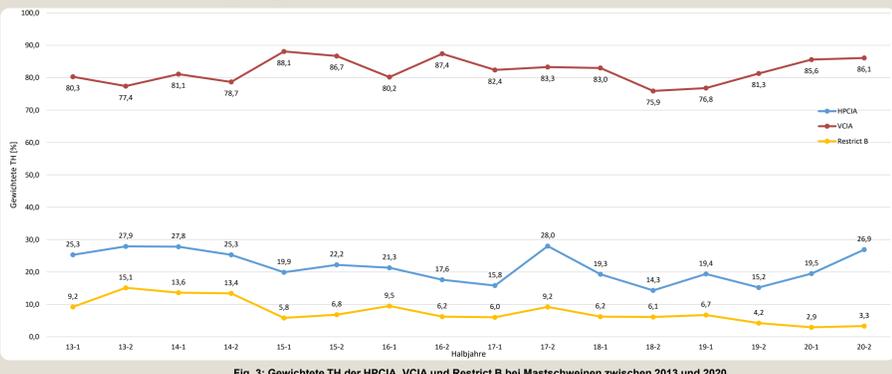


Fig. 3: Gewichtete TH der HPCIA, VCIA und Restrict B bei Mast Schweinen zwischen 2013 und 2020

### Sauen



- Der Median der TH sinkt von 1 auf 0,6 Tage.
- Der Anteil an Betrieben ohne Antibiotikaeinsatz steigt von 15,2% auf 34,6%.
- Die HPCIA-TH sinkt von 44,1% auf 8,7%: Hohe Werte gehen dabei anfangs auf den Einsatz von Makroliden, später vor allem auf den von Fluorchinolonen zurück.
- Die VCIA-TH bleibt fast im gesamten Zeitraum über 90 % (exkl. 2014): kurzzeitig Werte um 87 % durch vermehrten Einsatz von Colistin.
- Die Restrict B-TH ähnelt der HPCIA-TH, da der Makrolide-Einsatz gering ist (exkl. 2013-1).

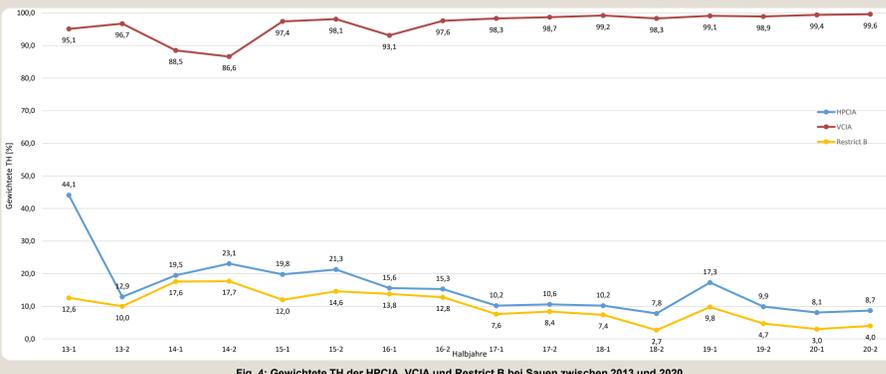


Fig. 4: Gewichtete TH der HPCIA, VCIA und Restrict B bei Sauen zwischen 2013 und 2020

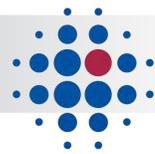
## Diskussion und Schlussfolgerungen

Generell sinkt die Gesamt-TH in allen vier Nutzungsrichtungen – am deutlichsten bei den Läufern – während gleichzeitig der Anteil an Betrieben, die keine Antibiotika einsetzen, ansteigt. Neben diesen Gemeinsamkeiten, lassen sich große Unterschiede in den Therapieprofilen beobachten: Während Cephalosporine der 3. und 4. Generation sowie Fluorchinolone bei Läufern und Mast Schweinen kaum eingesetzt werden, so spielen sie doch im Vergleich eine bedeutendere Rolle für die Behandlung von Ferkeln und Sauen. Makrolide werden am häufigsten bei Mast Schweinen und Ferkeln eingesetzt, während Colistin am häufigsten bei Läufern verabreicht wird. Die VCIA-Einteilung der OIE eignet sich in ihrer derzeitigen Fassung nicht, da sie fast alle Wirkstoffe umfasst – eine Einteilung nach Spezies ist in Arbeit und wird für Schweine im Jahr 2022 erwartet. Aus unseren Auswertungen ergibt sich, dass trotz sinkendem Antibiotikaeinsatz, der Anteil "spezieller Antibiotika" weiterhin hoch bleibt. Daraus folgern wir, 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 und so den Antibiotikaeinsatz weiter zu senken.

## Quellen

- [1] www.vetcab-s.de
- [2] Merle R et al. Monitoring of antibiotic consumption in livestock: A German feasibility study. Preventive Veterinary Medicine 2012
- [3] Hemme et al. Antibiotic usage in German pig farms - A longitudinal analysis 2011, 2013 and 2014. PLoS ONE, 2018
- [4] WHO. List of Critically Important Antimicrobials for Human Medicine - 6th Revision. 2018.
- [5] OIE. List of Antimicrobial Agents of Veterinary Importance 2019a.
- [6] EMA. Categorisation of Antibiotics in the European Union. 2019.
- [7] SAS Institute Inc., Cary, NC, United States





# Afrikanische Schweinepest - ist die aktuelle Lage in Deutschland mit dem Geschehen in Tschechien oder Belgien vergleichbar?

Carola Sauter-Louis<sup>1</sup>, Katja Schulz<sup>1</sup>, Michael Richter<sup>2</sup>, Christoph Staubach<sup>1</sup>, Thomas C. Mettenleiter<sup>3</sup>, Franz J. Conraths<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Institut für Epidemiologie, Greifswald-Insel Riems, Deutschland  
<sup>2</sup> Sächsisches Staatsministerium für Soziales und Gesellschaftlichen Zusammenhalt, Dresden, Deutschland  
<sup>3</sup> Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Greifswald-Insel Riems, Deutschland

## Einleitung

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) ist eine Infektionskrankheit von Haus- und Wildschweinen. In dem momentanen Seuchengeschehen ist es in der EU bisher lediglich Tschechien und Belgien, wo die ASP nur bei Wildschweinen aufgetreten ist, gelungen, die ASP zu eliminieren. Nachdem im September 2020 der erste Fall von ASP bei Wildschweinen in Deutschland festgestellt wurde, lag es nahe, die erfolgreichen Bekämpfungsmaßnahmen aus Tschechien und Belgien als Orientierung in die deutsche Bekämpfungsstrategie zu integrieren.

Ziel der Studie war, den epidemiologischen Verlauf der ASP in den ersten 6 Monaten seit dem Auftreten in Tschechien, Belgien und Deutschland zu vergleichen.

## Methoden

Für alle ASP-Fälle bei Wildschweinen wurden jeweils für die ersten 180 Tage nach Auftreten der Krankheit das Feststellungsdatum und die Koordinaten für Tschechien und Belgien aus dem Animal Disease Information System (ADIS) der EU und für Deutschland aus dem Tierseuchen-nachrichtensystem (TSN) extrahiert.

Räumliche Cluster wurden mittels agglomerative nesting (AGNES) identifiziert (Kassambara, 2017).

Die kumulative Anzahl der ASP-positiven Wildschweine wurde pro Tag berechnet, sowie auf die betroffene Fläche (km<sup>2</sup>).

Für die betroffene Fläche wurden minimale konvexe Polygone (MKP) pro Tag für die bis dahin aufgetretenen Fälle berechnet.

## Ergebnisse

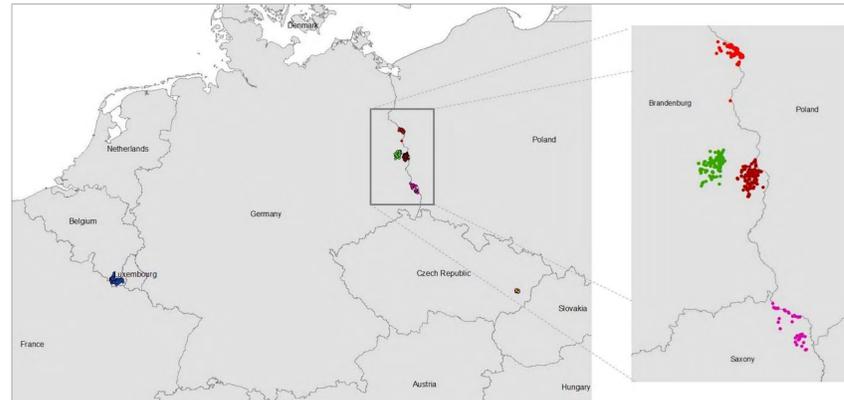
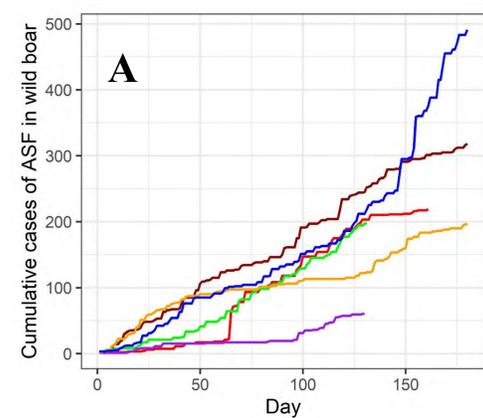


Abbildung 1: Identifizierte räumliche Cluster in den drei Ländern

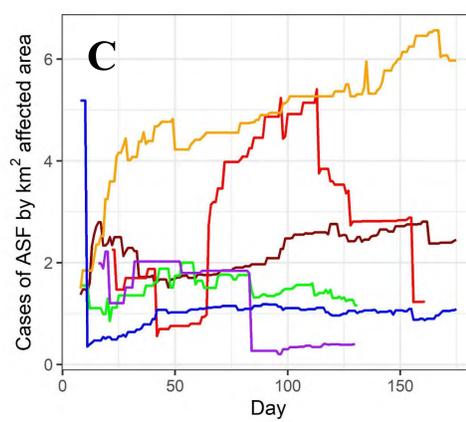
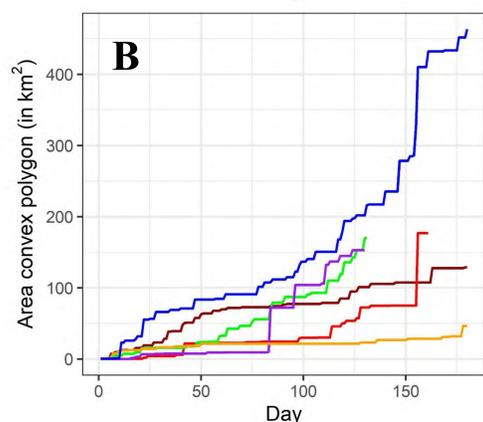


Abbildung 2: (A) Kumulative ASF-Fälle bei Wildschweinen, (B) kumulative von ASP betroffene Fläche und (C) ASP-positive Tiere/km<sup>2</sup> in den vier Clustern in Deutschland und in Tschechien und Belgien (erste 6 Monate). (Orange: Tschechien; Blau: Belgien; Dunkelrot/Rot/Grün/Lila: Räumliche Cluster in Deutschland)

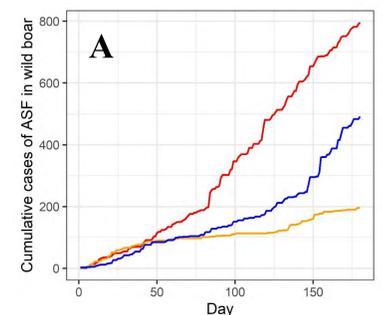
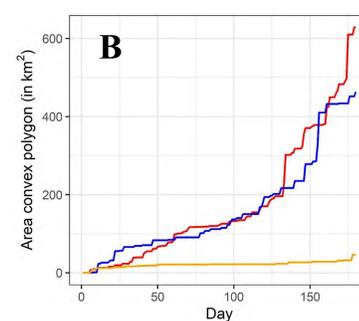


Abbildung 3: Gesamtsituation - (A) Kumulative ASP-Fälle, (B) kumulative von ASP betroffene Fläche und (C) ASP-positive Wildschweine pro km<sup>2</sup> im Ländervergleich (Orange: Tschechien; Blau: Belgien; Rot: Deutschland)

## Literatur

Kassambara, A., 2017: *Practical Guide to Cluster Analysis in R - Unsupervised Machine Learning*. STHDA.



Publiziert unter:  
Sauter-Louis C, Schulz K, Richter M, Staubach C, Mettenleiter TC, Conraths FJ.  
African swine fever: Why the situation in Germany is not comparable to that in the Czech Republic or Belgium. *Transbound Emerg Dis*. 2021 Jul 10.  
doi: 10.1111/tbed.14231. Epub ahead of print. PMID: 34247453.

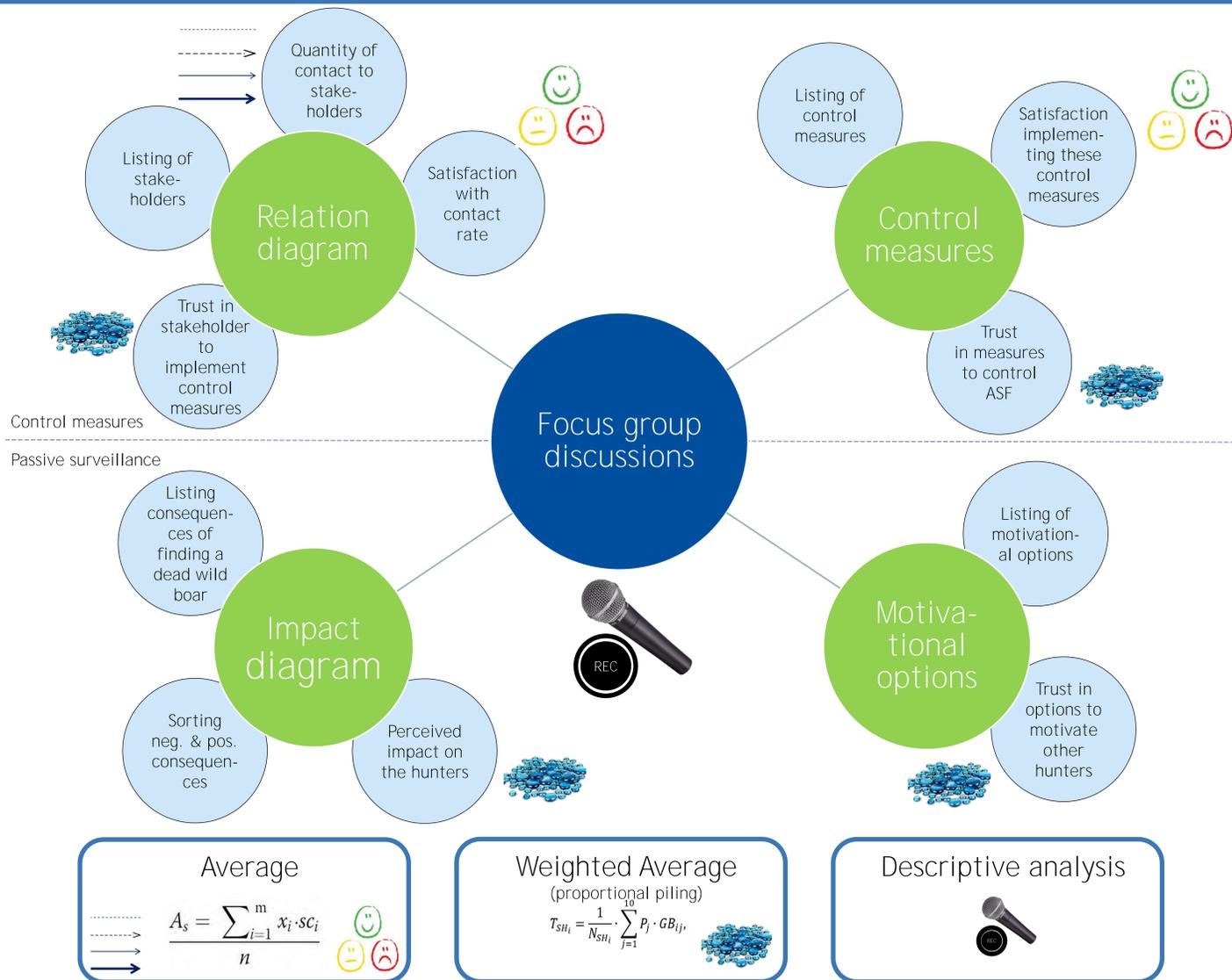
## Zusammenfassung

Der Verlauf innerhalb der einzelnen räumlichen Cluster in Deutschland ist mit dem in Tschechien und Belgien vergleichbar, jedoch zeigt die Gesamtsituation deutliche Unterschiede. Die Infektionen in Tschechien und Belgien erfolgten durch einzelne Punktquelleneinträge, während sich in Deutschland entlang der Grenze zahlreiche Einträge durch migrierende Wildschweine ereigneten. Dem soll durch einen eingezäunten Schutzkorridor von ca. 500 - 1000 m auf deutschem Staatsgebiet entlang der Grenze begegnet werden, da Polen gemeinsamen Maßnahmen nicht zugestimmt hat.

# Hunting for Answers: A Participatory Approach on Measures against African Swine Fever in Wild Boar in Estonia

Nico Urner, Kerli Mõtus, Imbi Nurmoja, Jana Schulz, Carola Sauter-Louis, Christoph Staubach, Franz J. Conraths and Katja Schulz  
Institute of Epidemiology, Friedrich-Loeffler-Institute

Hunters play a central role in the prevention and implementation of measures to control African swine fever (ASF) in wild boar. Therefore, the inclusion of the view of these key figures is of great importance. The aim of the study was to use methods of participatory epidemiology to assess the acceptance of hunters in Estonia of control measures against ASF and passive surveillance. This was done in order to capture hunters' opinions and to discuss with participants ways to increase acceptance. During ten focus group discussions, 46 hunters were interviewed.



## Stakeholder Engagement

- High trust and satisfaction in working with hunting authorities, local veterinarian & laboratories
- High trust in Estonian University of Life Sciences, but low contact rate to hunters is unsatisfactory
- Low trust and satisfaction in the police, ministries and the EU

## Control Measures

- Clear preference of intensified hunting and all measures that support hunting (e.g. baiting)
- Trust in selective hunting of females to control ASF, but strongly disliked (because it may produce orphans in farrowing season)
- Low trust and satisfaction in involving the army and fencing

## Passive Surveillance

- Main problems: additional work, time consumption & financial costs
- Most trusted motivational options to increase participation in passive surveillance:
  - Increase of currently paid incentives
  - Only reporting of a dead wild boar and no further work

The overall high trust in hunting authorities and the University of Life Sciences in Estonia can be used to communicate with hunters on directives and obligations to implement control measures. The desire of the participants to have more contact with science shows the willingness to cooperate in the area of ASF control. Joint workshops can lead to more acceptance of different measures, but also to cooperation with other stakeholders. Concerns and counter-arguments to some of the most important measures like hunting of female wild boar and passive surveillance can be discussed and approached, so that hunters feel heard and respected.



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



Klein L<sup>1</sup>; grosse Beilage E<sup>2</sup>; Campe A<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung  
<sup>2</sup> Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Außenstelle für Epidemiologie in Bakum



Niedersächsische Tierseuchenkasse  
Anstalt des öffentlichen Rechts

## Einleitung

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) breitet sich in weiten Teilen Osteuropas aus und erreichte im September 2020 auch Deutschland nahe der polnisch-deutschen Grenze. Inadäquate Biosicherheit wird als Hauptursache für den Eintrag von Afrikanischer Schweinepest in Schweine haltende Betriebe angesehen [1]. Trotz gesetzlicher Vorgaben und weitreichenden Informationskampagnen ist davon auszugehen, dass nicht in jedem Betrieb die notwendigen Biosicherheitsmaßnahmen umgesetzt werden. Die Gründe dafür können vielfältig sein. So könnte unter anderem eine abweichende Wahrnehmung der Landwirte eine Rolle spielen.

Zwischen Dezember 2019 und Februar 2021 wurden 81 Schweinehalter aus Niedersachsen in offenen strukturierten Interviews von der Erstautorin befragt, wie sie über die Implementierung von Biosicherheitsmaßnahmen in den Betrieben entscheiden. Gleichzeitig wurde die Umsetzung von Biosicherheit in den Betrieben erfasst. Die Auswertung liefert einen Ansatz für die Weiterentwicklung von Fortbildungs- und Informationsmaterialien.

## Material und Methoden

### Teilnehmer:

Die Teilnahme erfolgte freiwillig nach schriftlicher Einladung. Entsprechend dem Produktionssystem wurde unterschieden zwischen Mastbetrieben (n=22), Ferkelerzeugern (n=17), Kombi-Betrieben (n=28) sowie Freiland- und Auslaufhaltungen (n=14). Die Wahl des Stichprobenumfanges erfolgte konsekutiv. Es wurden so lange Interviews geführt bis keine neuen Sachverhalte angesprochen wurden.

### Interviews:

Die Interviews wurden in den Betrieben aufgezeichnet und anschließend transkribiert. Die Antworten der Landwirte wurden thematischen Kategorien zugeordnet und mittels qualitativer Inhaltsanalyse [2] ausgewertet.

### Checkliste:

Die tatsächliche Umsetzung der Biosicherheitsmaßnahmen wurde an jedem Betriebsstandort mit einer Checkliste erfasst (n=128). Die Auswertung erfolgte mit einem Scoring System (s. rechts) mit der Software SAS® [3].

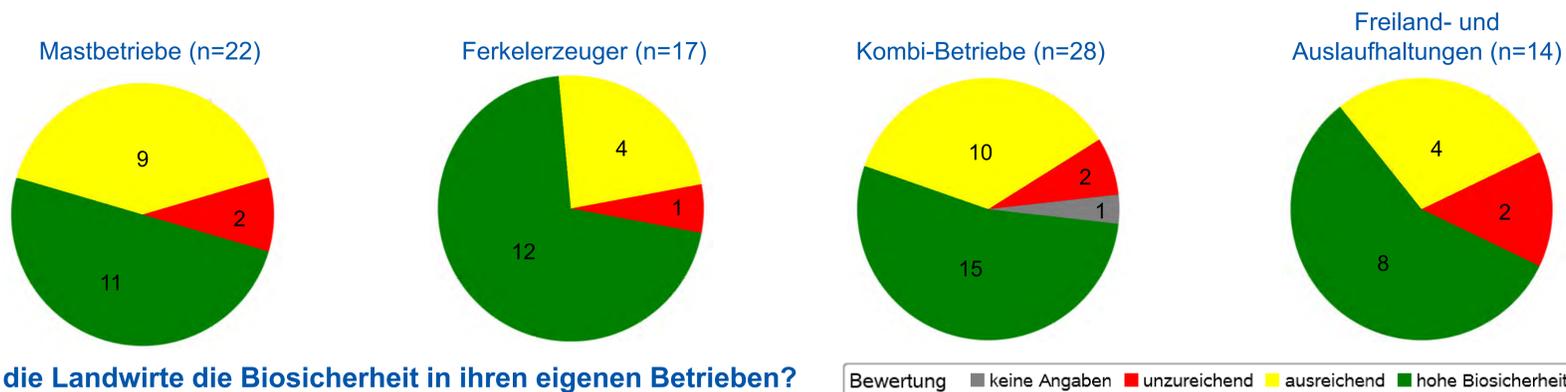


Abb 1: Wie bewerten die Landwirte die Biosicherheit in ihren eigenen Betrieben?

Bewertung ■ keine Angaben ■ unzureichend ■ ausreichend ■ hohe Biosicherheit

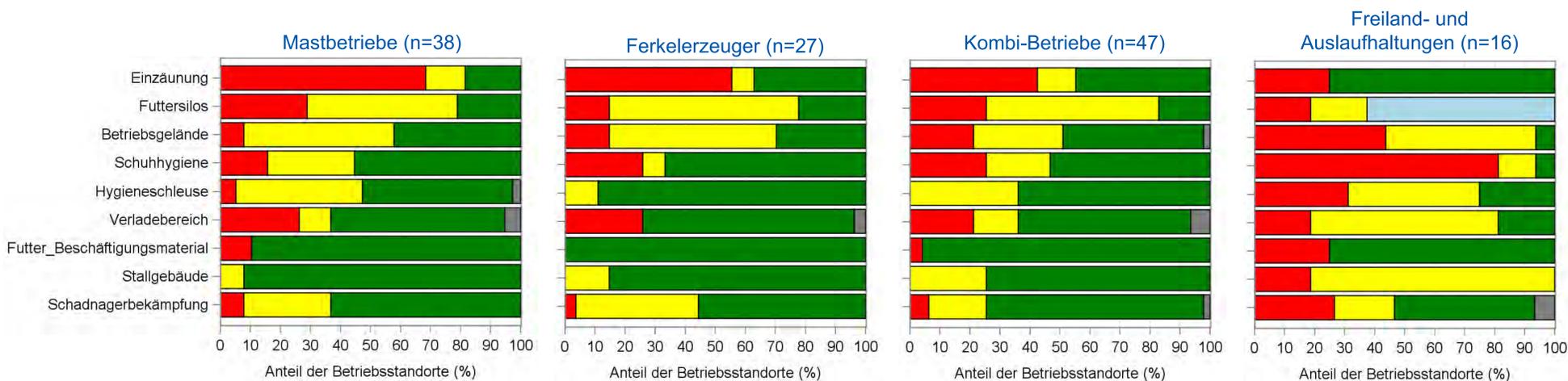


Abb 2: Bewertung der Biosicherheit mittels der Checkliste durch die Erstautorin

Bewertung ■ 0 ■ 1 ■ 2 ■ nicht zutreffend ■ keine Angaben

## Ergebnisse

Die Bewertung der Biosicherheit stimmte in ca. der Hälfte der neun Bereiche mit der positiven Einschätzung der meisten Landwirte (57%) überein. Allerdings fehlte bei 54% der konventionellen Haltungen eine wildschweinsichere Einzäunung und bei 21% erfolgten zudem keine Hygienemaßnahmen für die Schuhe bei einem Wechsel zwischen Schwarz- und Weißbereich. Bei den Freiland- oder Auslaufhaltungen fehlten in 81% der Betriebe Hygienemaßnahmen für die Schuhe.

## Diskussion und Schlussfolgerung

Die Selbsteinschätzung der Landwirte und die Beurteilung der Biosicherheit durch die Erstautorin sind möglicherweise nicht direkt vergleichbar. Die Landwirte orientierten sich am Standard der gesetzlichen Vorgaben, während die Checkliste über die gesetzlichen Vorgaben hinausging und nicht zwischen verschiedenen Haltungssystemen differenzierte.

Die Einstellungen der Landwirte bezüglich Biosicherheit mit einzubeziehen und sie für die Bedeutung von Maßnahmen wie der Einzäunung zu sensibilisieren ist eine wichtige Voraussetzung für eine effektive Zusammenarbeit in der Seuchenprävention gegen ASP.

## Referenzen

- [1] FLI (2019). Qualitative Risikobewertung zur Einschleppung der Afrikanischen Schweinepest aus Verbreitungsgebieten in Europa nach Deutschland. [Risikobewertung](https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/afrikanische-schweinepest/).  
<https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/afrikanische-schweinepest/>, Friedrich-Loeffler-Institut: Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit.  
[2] Kuckartz, U., 2018. Qualitative Inhaltsanalyse. Methoden, Praxis, Computerunterstützung. Beltz Juventa Weinheim Basel.  
[3] SAS Studio® (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA)

# Feldstudie: Wie hoch muss die Innerherdenprävalenz in MAP-positiven Milchviehherden mindestens sein, damit sie mittels Antikörpertest in gepoolten Milchproben erkannt werden?

Krieger M.<sup>1</sup>; Eisenberg S.<sup>2</sup>; Köhler H.<sup>3</sup>; Freise, F.<sup>1</sup>; Campe, A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 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, Hannover, Deutschland

<sup>2</sup> Niedersächsische Tierseuchenkasse, Anstalt des öffentlichen Rechts, Hannover, Deutschland

<sup>3</sup> Institut für molekulare Pathogenese, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Jena, Deutschland



Niedersächsische Tierseuchenkasse  
Anstalt des öffentlichen Rechts

## Einleitung

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]. In der hier vorgestellten Studie wurde jedoch die Testperformance des Poolmilch-ELISAs unter Feldbedingungen untersucht.

## Material und Methoden

### Studienpopulation, Beprobung und verwendeter Test:

- Insgesamt wurden 486 Milchviehherden analysiert
- Die Betriebe haben am niedersächsischen Paratuberkulose Verminderungsprogramm (NMVP) teilgenommen
- Bestand: mehr als 50 laktierende Tiere
- Es waren 2.504 Poolmilchproben und 70.456 individuelle Serumproben verfügbar
- Sowohl Poolmilchproben als auch Serumproben wurden mittels des IDEXX Screening paratuberculosis Ab-Tests auf MAP-Antikörper getestet
- Die analysierten Daten stammen von Proben, die zwischen dem 1. Januar und 31. Dezember 2018 gewonnen wurden

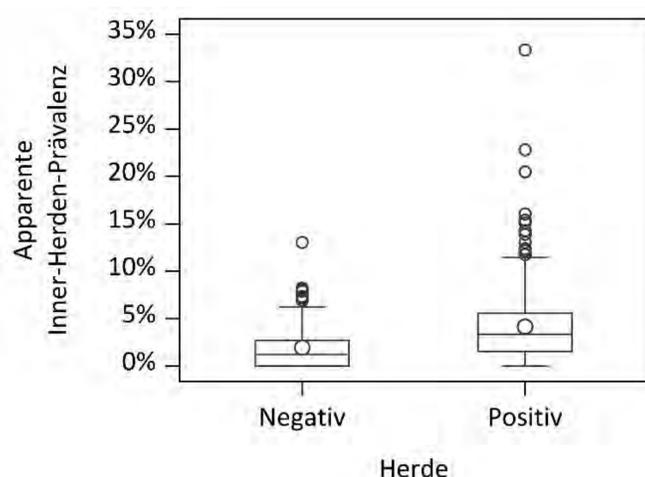
### Analysen und Definition einer positiven Herde:

- Eine Herde wurde als positiv angesehen, wenn von dieser mindestens eine positive Sammelmilch vorlag
- Die apparente Inner-Herden-Prävalenz (IHPapp) wurde mittels Einzeltierbeprobung ermittelt
- Die Verteilung der IHPapp wurde zwischen positiven und negativen Herden verglichen
- Mittels logistischer Regression [2] wurde ein IHPapp-Grenzwert bestimmt, um eine Pool-positive Herde mit einer Wahrscheinlichkeit von 95% zu detektieren
- Eine zweite logistische Regression wurde für die Assoziation zwischen IHPapp, Anzahl der genommenen Sammelmilchproben (unabhängige Variablen) und dem Poolmilch-Ergebnis der Herde (abhängige Variable) durchgeführt

## Ergebnisse

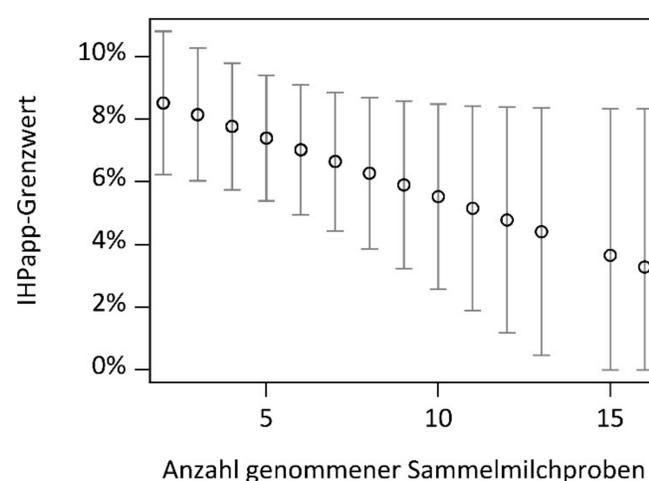
- Positive Betriebe wiesen eine IHPapp von 3,36% (Median; Min: 0%; Max: 33,33%) auf, während negative Betriebe eine IHPapp von 1,22% (Median; Min: 0%; Max: 13,04%) aufwiesen (Abb. 1).
- Bezogen auf eine 95%ige Detektionswahrscheinlichkeit müssen Betriebe eine IHPapp von mindestens 8% aufweisen, um mittels Sammelmilch als positiv detektiert zu werden.
- Die Chance für einen positiven Betrieb steigt mit jeder zusätzlich genommenen Sammelmilch um 13% (Odds Ratio: 1,13; 95%-KI: 0,99-1,29; p-Wert: 0,06).
- Je mehr Sammelmilchen ein Betrieb in einer Sammelmilchbeprobung nimmt, desto kleiner der IHPapp-Grenzwert für einen positiven Betrieb (Abb. 2).

Abbildung 1: Apparente Inner-Herden-Prävalenzen<sup>1</sup> für negative and positive Herden<sup>2</sup>



1=bestimmt durch Einzeltierproben; 2=bestimmt durch Sammelmilchergebnis

Abbildung 2: Assoziation zwischen IHPapp-Grenzwert pro Betrieb und Anzahl genomener Sammelmilchproben pro Betrieb (Detektionswahrscheinlichkeit: 95%) mit approximativen Konfidenzintervallen (95%-KI's; graue Skalen)



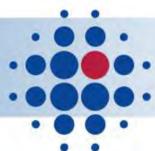
## Diskussion und Fazit

- Der Sammelmilch-ELISA performt auch in größeren Herden ( $n > 50$  Tiere) unter Feldbedingungen so gut wie in kleineren Herden ( $n = 50$  Tiere) unter Laborbedingungen (IHPapp-Grenzwert von 8,9% für eine positive Sammelmilch bei einer Detektionswahrscheinlichkeit von 95%) [1].
- Die Ergebnisse stimmen gut mit dem Ziel des NMVP überein, sich auf Herden mit einer IHPapp von  $\geq 5\%$  zu fokussieren.
- Kleinere Innerherdenprävalenz-Grenzwerte in größeren Herden könnten durch die ungleichmäßige Verteilung von infizierten Tieren in die Sammelmilchen zustande kommen [1]. Um dieser Hypothese auf den Grund zu gehen, müssten in Zukunft die Ohrmarken der Tiere erfasst werden, die sich in einer Sammelmilch befinden.

### Referenzen:

[1] Köhler, H., et al. (2017). "Within-pool prevalence limits for the identification of paratuberculosis infected herds using antibody detection in pooled milk samples." Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 130(1/2): 34-41.

[2] Donat K, Hahn N, Eisenberg T 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; 144:413-24.



# Sieben Jahre ASP im Baltikum - was bisher geschah.

Katja Schulz<sup>1\*</sup>, Christoph Staubach<sup>1</sup>, Marius Masiulis<sup>2</sup>, Arvo Viltrop<sup>3</sup>,  
Edvīns Oļševskis<sup>4</sup>, Franz J. Conraths<sup>1</sup> und Carola Sauter-Louis<sup>1</sup>

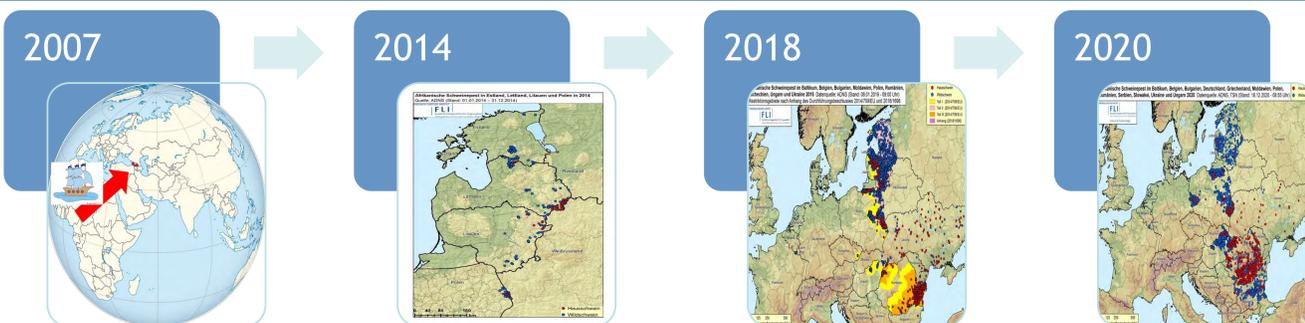
<sup>1</sup>Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Deutschland, <sup>2</sup>Emergency Response Department, State Food and Veterinary Service, Litauen,

<sup>4</sup>Estonian University of Life Science, Institute of Veterinary Medicine and Animal Sciences, Estland, <sup>3</sup>Food and Veterinary Service, Lettland



\*Das kleine Wildschwein Willanderssein, von Britta Sabbag, Verlag: ars edition, ISBN-10: 3845842652

## Einleitung



2007 wurde die Afrikanische Schweinepest (ASP) nach Georgien eingeschleppt. Daraufhin verbreitete sie sich über große Teile des östlichen Europas, bis sie 2014 schließlich die baltischen Staaten und Polen in der Europäischen Union erreichte. Es folgte eine kontinuierliche Ausbreitung der Seuche in den genannten Ländern und darüber hinaus. Betroffen ist dabei vor allem die Wildschweinepopulation.

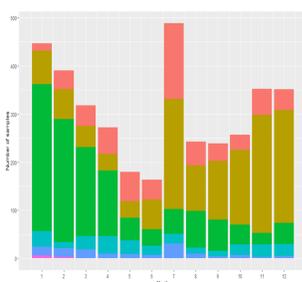
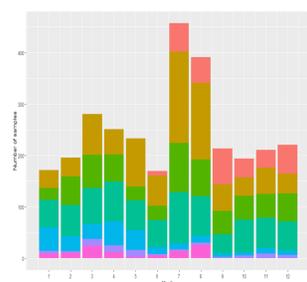
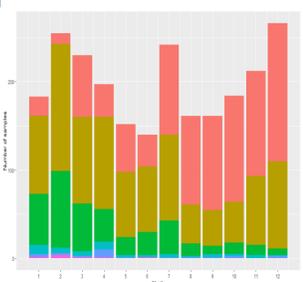
## Ergebnisse

### Estland

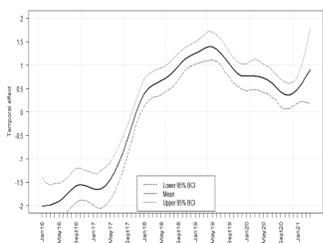
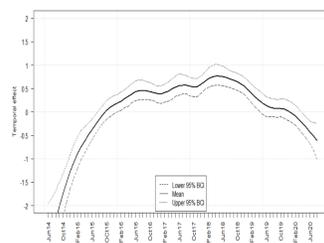
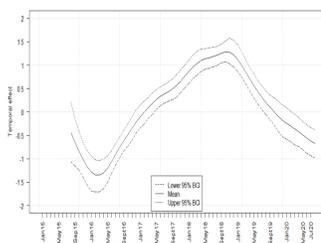
### Lettland

### Litauen

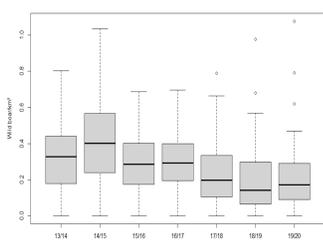
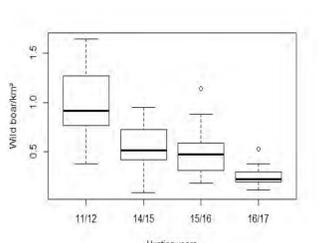
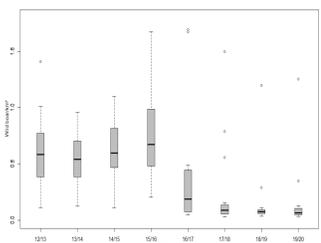
Anzahl der ASP-Proben von verendeten Wildschweinen



Zeitlicher Verlauf der Prävalenz seropositiver Tiere



Geschätzte Anzahl der Wildschweine pro km<sup>2</sup> und pro Jagdjahr



### Deskriptiv

- Rückgang der Zahl von untersuchten Proben. Die Anzahl an Proben von erlegten Tieren nahm 2020 wieder zu. Proben von gejagten Tieren überwogen in den Monaten November - Februar und die von Totfunden im Juli und August.

### Prävalenzen

- ASP Virus-Prävalenzen sanken in Estland und Lettland über die Zeit ab. In Estland wurde von Anfang 2019 - Mitte 2020 kein ASP Virus nachgewiesen. Nach einem anfänglich deutlichen Anstieg der Seroprävalenz in allen drei Ländern, nahm sie in Estland und Lettland ab Mitte 2018 wieder ab.

### Populationsdichte

- In allen drei Ländern nahm die Wildschweinepopulation über die Zeit signifikant ab.

## Material und Methoden

Überwachungsdaten von Wildschweinen aus der EURL CSF / ASF-Datenbank aus Estland, Lettland und Litauen.



Modellierung des zeitlichen Verlaufs der Prävalenzen

R version 4.0.0 (2020-04-24) -- "Arbor Day"  
Copyright (C) 2020 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86\_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

Vergleich der Populationsdichten



Prävalenzschätzung über Zeit und Raum

Beschreibende Datenanalyse

C:\BayesX\bayesx.exe  
BayesX>

## Diskussion



Und wenn sie nicht gestorben sind, ...

# Q-Fieber bei Schaf und Ziege in Deutschland – Wie kann ein Frühwarnsystem funktionieren?

Fenja Winter<sup>1\*</sup>, Clara Schoneberg<sup>1</sup>, Annika Wolf<sup>2</sup>, Benjamin U. Bauer<sup>2</sup>, T. Louise Prüfer<sup>3</sup>, Silke F. Fischer<sup>4</sup>, Ursula Gerdes<sup>5</sup>, Martin Runge<sup>3</sup>, Martin Ganter<sup>2</sup>, Amely Campe<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 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, Hannover, Deutschland  
<sup>2</sup> Klinik für kleine Klauentiere und forensische Medizin und Ambulatorische Klinik, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland  
<sup>3</sup> Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit – Lebensmittel- und Veterinärinstitut Braunschweig/Hannover, Hannover, Deutschland  
<sup>4</sup> Nationales Konsiliarlabor für *Coxiella burnetii*, Landesgesundheitsamt Baden-Württemberg, Stuttgart, Deutschland  
<sup>5</sup> Niedersächsische Tierseuchenkasse, Anstalt des öffentlichen Rechts, Hannover, Deutschland  
\* fenja.winter@tiho-hannover.de

## Einleitung

Q-Fieber ist eine zoonotische Erkrankung, die durch das Bakterium *Coxiella (C.) burnetii* verursacht wird. Menschen infizieren sich v. a. durch die Inhalation kontaminierter Staubpartikel oder Aerosole. In Deutschland gelten infizierte Schafe und Ziegen, die den Erreger in hohen Mengen ausscheiden können, als häufigster Ursprung für eine Erregerverbreitung und für Ausbrüche in der Bevölkerung [1].

Um Infektionen beim Menschen zu verhindern, wurde ein Frühwarnsystem für Q-Fieber in Herden kleiner Wiederkäuer in Deutschland konzipiert. In diesem Poster wird beschrieben, wie ein solches Frühwarnsystem funktionieren kann [2].

## Ergebnisse

Tabelle 1: Konzeption des „best practices“ Frühwarnsystems

Konzept	best practices
MOSS Typ	• Aktives Surveillance System
Zielpopulation	• Alle weibl. zur Reproduktion eingesetzten (♀) Schafe und Ziegen in Deutschland
Abhängige Variable	• Herden-Status „ <i>C. burnetii</i> -Ausscheidung“ nachgewiesen durch PCR von gepoolten Vaginalabstrichen • Status positiv, wenn $\geq 1$ Pool-Probe positiv
Stichprobe	• Mehrstufige, risikobasierte Probenahme
Auf Herdenebene	• Alle Herden, bei denen das Risiko einer Erregerübertragung auf den Menschen besteht (Reproduktion findet in der Herde statt; enger/entfernter Kontakt zwischen Herde und Bevölkerung)
Innerhalb der Herde	• Alle Zutreter und Müttern
Zeitpunkt	• Nach dem Ablammen • Vor dem Weideauftrieb
Bias	• Selection bias • Information bias
Maßnahmen	• Individuell angepasst an Haltungssystem und lokale Begebenheiten
Im Fall eines positiven Status	• Ablammung/Schur in geschlossenen Räumen • Nachgeburten in geschlossenem Behältnis lagern bis Entsorgung über TierKBAnst • R&D Arbeitskleidung/Arbeitsmaterialien • Hygiene-Aufklärung Mitarbeiter:innen, Familienangehörige, Besucher:innen • Kein Zutritt für betriebsfremde Personen • Keine Abgabe von Rohmilch und Rohmilchprodukten (Pasteurisieren führt zur Inaktivierung des Bakteriums) • Tier-Mist für 9 Monate unter Folie sowie abseits der Bevölkerung lagern. Der Mist kann anschließend auf Ackerflächen ausgebracht und sofort in den Boden eingearbeitet werden (nicht bei trockener Witterung und Wind) • Impfung der Tiere gegen Q-Fieber (einzelne TSK in Deutschland übernehmen ganz oder teilweise die Impfstoff-Kosten)
Im Fall eines negativen Status	• Kontinuierliche Testung

## Material und Methoden

### Hypothese

- Schafe und Ziegen sind die Hauptinfektionsquelle für Q-Fieber in der Bevölkerung in Deutschland

### Ziel

- Frühwarnsystem für Q-Fieber in Schafen und Ziegen, um die Bevölkerung zu schützen

### Konzeption eines Monitoring und Surveillance Systems (MOSS)

- Verwendung und Anpassung bereits entwickelter Checklisten für die Gestaltung eines MOSS im Bereich der Tiergesundheit [2]
- Siehe Tabelle 1 für die wesentlichen Punkte dieses Konzeptes

## Diskussion und Schlussfolgerung

### Probleme bei der Implementierung

- Q-Fieber bei Rindern, Schafen und Ziegen ist in Dt. laut TierGesG und TKrMeldpflV meldepflichtig
  - Passives Monitoring ist gesetzlich geregelt
  - Aktive Surveillance kann nur freiwillig stattfinden
- ♀ Schafe in Dt. (n=1.181.560); ♀ Ziegen in Dt. (n=88.451) [3]
  - Dieses Konzept ist mit einem enormen personellem und finanziellem Aufwand verbunden [2]

### Was ist notwendig, um das Ziel dennoch zu erreichen?

- Stakeholder zusammen bringen
  - Tierhalter:innen, Zuchtverbände
  - Tiermediziner:innen
  - Humanmediziner:innen
  - Politik
  - Tierseuchenkassen
  - Öffentlichkeit/Presse
- Schutzmaßnahmen (wenn möglich) statt flächendeckender Beprobung
  - Vakzinierung!
  - Biosicherheit
  - Aufklärung
- Finanzierung gemeinsam tragen
  - Schaden für Tierhalter vs. Bevölkerung bewusst machen
  - One Health-Gedanke umsetzen
- Gesetzesänderungen notwendig
  - Aktive Surveillance gesetzlich regeln
  - Gemeinsames Meldesystem für Zoonosen ermöglichen

### Referenzen:

- [1] Bauer B U, 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.
- [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).
- [3] Statistische Bundesamt Deutschland (DESTATIS). Ergebnis - 41141-0019 Landwirtschaftliche Betriebe mit Viehhaltung, Viehbestand: Bundesländer, Stichtag, Tierarten (01.03.2016).

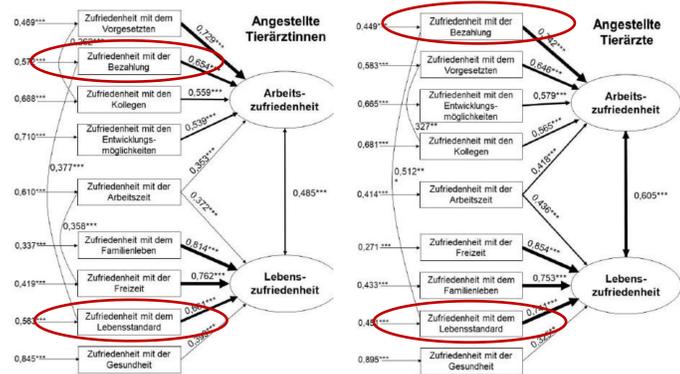
Dieses Projekt wurde finanziert vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) unter der Projektnummer 01KI1726B als Teil des Nationalen Forschungsnetzes zoonotische Infektionskrankheiten.

# Gender Pay Gap (GPG) und Co ... Einflussfaktoren auf den Stundenlohn von Tierärzt\*innen in Deutschland

Dr. Maren C. Ewert  
Dr. Johanna C. Kersebohm  
Dr. Anna-Lea Comba  
Prof. Dr. Marcus G. Doherr  
(marcus.doherr@fu-berlin.de)



Kernaussagen von drei thematisch zusammenhängenden Umfragen zwischen 2017 und 2019 bei Tierärztinnen und Tierärzten



**Kersebohm J.C. (2017)** Abb. 11 (oben links) und 12 (oben rechts) mit Resultaten von zwei Strukturgleichungsmodellen (SEM)

- 1930 auswertbare Datensätze
- Bezahlung (Gehalt) und Lebensstandard waren wichtige Treiber auf Arbeits- und Lebenszufriedenheit bei angestellten praktizierenden Tierärzt\*innen

Tabelle 15: Erlebte Diskriminierung der unterschiedlichen Gruppen der Studienteilnehmerinnen

	N <sub>gesamt</sub>	N	Ja <sup>1</sup> [%]	N	Nein <sup>2</sup> [%]	p-Wert <sup>2</sup>
Kinder	432	155	35,9	277	64,1	
Keine Kinder	601	279	46,4	322	53,6	0,001
Gesamt	1.033	434	42	699	58	
Selbstständig	239	88	36,8	151	63,2	0,115
Angestellt	723	308	42,6	415	57,4	
Gesamt	962	396	41,2	566	58,8	
Leitende Position	157	66	42	91	58	0,872
Keine leitende Position	566	242	42,6	324	57,2	
Gesamt	723	308	42,6	415	57,4	

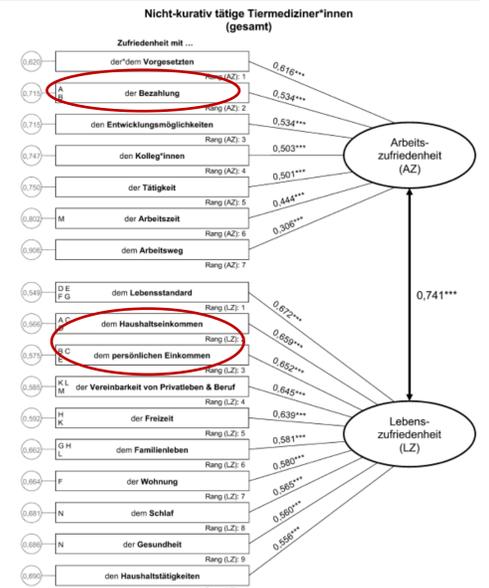
<sup>1</sup> berechnet aus Fragenblock C „erlebte Diskriminierung“ anhand Likert-Skala  
<sup>2</sup> Signifikanz mit p-Wert angegeben, ermittelt durch den Chi-Quadrat Test nach Pearson

**Comba, A.L. (2020)** Tabelle 15 (oben) mit Resultaten der Frage zur erlebten Diskriminierung in verschiedenen Untergruppen der Studienpopulation

- 1033 auswertbare Datensätze
- Anteil an Tierärzt\*innen mit selbst erlebter Diskriminierung (subjektiv, schließt Benachteiligung in Position und Gehalt ein) lag bei > 40%

**Ewert M.C. (2020)** Abb. 22 (rechts) mit Resultaten eines Strukturgleichungsmodells (SEM) bei nicht kurativ tätigen Tierärzt\*innen

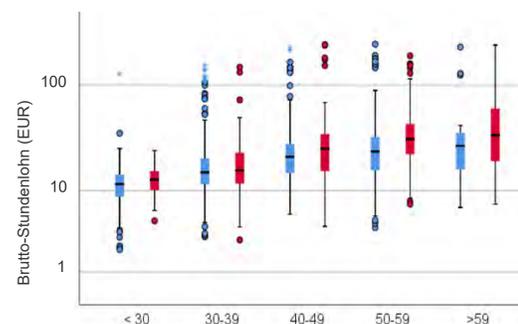
- 670 auswertbare Datensätze
- Bezahlung / persönliches Einkommen und Haushaltseinkommen waren wichtige Einflussgrößen auf Arbeits- und Lebenszufriedenheit



„Der Gender Pay Gap ist die Differenz des durchschnittlichen Bruttostundenverdienstes ... der Frauen und Männer im Verhältnis zum Bruttostundenverdienst der Männer. || Der Verdienstabstand zwischen Frauen und Männern ist ein Indiz für mangelnde Gleichbehandlung || Frauen verdienen 2020 durchschnittlich 18 % weniger je Stunde als Männer.“ (Statistisches Bundesamt (2021))

## Datenbasis und Methoden

### Deskription der abhängigen Variable



Brutto-Stundenlohn von Tierärztinnen (blau) und Tierärzten (rot) (Y-Achse, Log10-skaliert) in Abhängigkeit von Alterskategorie (X-Achse, in Jahren)

### Datensatz

- Daten aus den o.a. Studien von Kersebohm (2017) und Ewert (2020) zusammengeführt (> 2000 Individuen)
- Variablen mussten in beiden Studien erfasst worden sein

### Abhängige Variable

- Brutto-Jahresverdienst [€] / ((tatsächliche Wochenarbeitszeit [Stunden]) x 52,14 [durchschnittliche Wochenanzahl pro Jahr])
- Inflationskorrektur für das jeweilige Erhebungsjahr der Studie, Log10-Transformation auf Grund von rechtsschiefer Verteilung

### Einflussgrößen

- Implausible Werte gelöscht, Kodierungen angepasst, teilweise Kategorien generiert oder mehrere Kategorien zusammengefasst
- Kandidaten für multivariates Modell basierend auf konzeptionellem Verständnis oder univariatem p-Wert < 0.10 ausgewählt
- Starke Korrelation zwischen Alter und Berufserfahrung (Spearman r = 0,898); Berufserfahrung (höherer R<sup>2</sup>-Wert) im Modell benutzt
- Basismodell mit Geschlecht und Berufserfahrung sowie deren Interaktion schrittweise (manual forward selection) erweitert
- Nicht signifikante weitere Variablen und deren 2-fach-Interaktionen wurden nicht in multivariates Modell aufgenommen

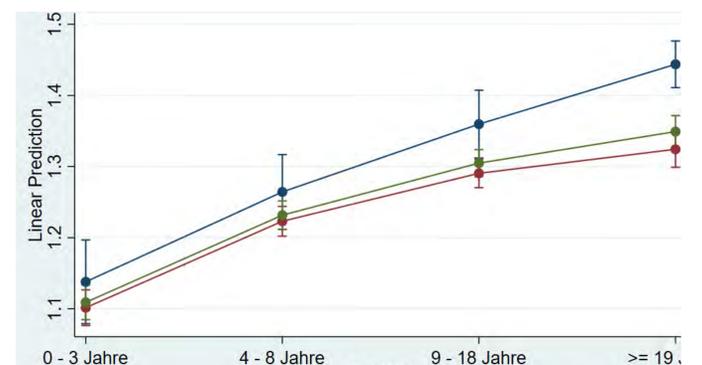
### Statistik

STATA 15 anova & glm Routinen, p-Werte < 0.05 wurden als statistisch signifikant klassifiziert

## Multivariates lineares Regressionsmodell mit Brutto-Stundenlohn (log10 transformiert) als Zielgröße

Variable	ANOVA p	Kategorien	n (univar)	Koeff.	P-Wert	95% KI	Gehaltsunterschied*
Basisgehalt (Euro/Stunde)		Konstante im linearen Modell (a)		1.2622	< 0.001	1.1868 1.3375	18.29
Geschlecht	< 0.001	männlich	485	Ref			0
		weiblich	1798	-0.0364	0.2450	-0.0978 0.0250	-1.47
Jahre Erfahrung im Beruf	< 0.001	0 - 3 Jahre	471	Ref			0
		4 - 8 Jahre	565	0.1263	0.0020	0.0481 0.2046	6.18
		9 - 18 Jahre	593	0.2217	< 0.001	0.1445 0.2989	12.18
		>= 19 Jahre	654	0.3059	< 0.001	0.2357 0.3760	18.70
Geschlecht * Erfahrung	0.0398	weibl., 4 - 8 Jahre	493	-0.0048	0.9100	-0.0878 0.0782	-0.20
		weibl., 9 - 18 Jahre	506	-0.0327	0.4230	-0.1127 0.0473	-1.33
		weibl., >= 19 Jahre	389	-0.0830	0.0230	-0.1548 -0.0112	-3.18
Arbeitsbereich	< 0.001	Veterinärverwaltung	205	Ref			0
		Privatwirtschaft	105	0.0494	0.0650	-0.0032 0.1019	2.20
		Forschungsinstitut / Universität	173	-0.0203	0.3860	-0.0663 0.0256	-0.84
		Sonstiger Bereich	116	-0.1040	< 0.001	-0.1555 -0.0525	-3.90
		Niedergelassen (Praxis)	561	-0.1417	< 0.001	-0.1831 -0.1002	-5.09
		Angestellt (Praxis)	1123	-0.2315	< 0.001	-0.2717 -0.1913	-7.56
Urlaubsanspruch	< 0.001	bis 20 Tage	668	Ref			0
		21 - 29 Tage	783	0.0580	< 0.001	0.0333 0.0828	2.61
		>= 30 Tage	832	0.1057	< 0.001	0.0778 0.1336	5.04
Kinder	0.0193	Nein	1305	Ref			0
		1-2 Kinder	789	0.0138	0.2500	-0.0097 0.0372	0.59
		>= 3 Kinder	189	0.0564	0.0050	0.0171 0.0957	2.54
Region	< 0.001	Alte Bundesländer	1691	Ref			0
		Neue Bundesländer	592	-0.0494	< 0.001	-0.0720 -0.0268	-1.97
Nacht- / Wochenendarbeit	0.0053	Nein	539	Ref			0
		Nacht- ODER WoE-Dienst	511	-0.0277	0.0510	-0.0555 0.0001	-1.13
		Nacht- UND WoE-Dienste	1233	-0.0388	0.0010	-0.0623 -0.0153	-1.56
Datensätze im finalen Modell:	2056	Modell R-Quadrat (adj) :		0.4233			

\* Unterschied im Brutto-Stundenlohn (EUR) zur Referenzgruppe der jeweiligen Variable



Beobachteter (grün) sowie durch multivariates lineares Regressionsmodell (links) vorhergesagter durchschnittlicher Brutto-Stundenlohn (Log10-Skala, mit 95% CI) von Tierärztinnen (blau) und Tierärzten (rot) in Abhängigkeit von Berufserfahrung (X-Achse) – gemittelt über alle anderen im Modell erfassten Einflussgrößen

### Wichtigste Resultate

- Finales Modell erklärte 42% der Variabilität im Gehalt;
- In der Privatwirtschaft (Industrie) war das Gehalt am höchsten;
- Frauen verdienen weniger als Männer, und Angestellte in der Tierarztpraxis verdienen am wenigsten von allen;
- mit ansteigender Berufserfahrung wurde der Gender Pay Gap ausgeprägter (maximal ca. 24%).

### FAZIT

- GPG ist teilweise höher als Bundesdurchschnitt;
- Kann neben niedrigerer Zufriedenheit potentiell zu einem Gefühl von Diskriminierung führen;
- berufspolitische Anstrengungen sind erforderlich, um den daraus resultierenden Herausforderungen im Berufsstand zu begegnen.



# Shiny apps – Neue Möglichkeiten für die Epidemiologie

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

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Institut für Epidemiologie, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, Deutschland

## EINLEITUNG

Bei der Präsentation epidemiologischer Ergebnisse müssen oft komplexe Sachverhalte auch für Nicht-Fachleute anschaulich und verständlich dargestellt werden. Aktuelle Seuchengeschehen zeigen, wie dies gelingen kann. So werden zum Beispiel wichtige Daten zur SARS-CoV-2-Pandemie mittels verschiedener Webapplikationen (Apps) visualisiert. Wir haben Shiny apps für die Darstellung von Daten aus der Infektionsepidemiologie bei Tieren entwickelt.

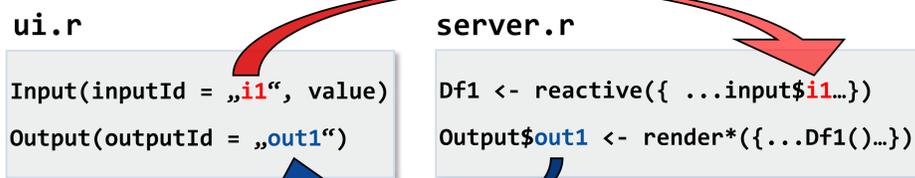
## METHODEN

Das „shiny“-Paket der in der Epidemiologie weit verbreiteten R Software bietet die Möglichkeit eigene Apps zu entwickeln und für die Nutzung zu veröffentlichen. Das Paket ist dabei stark in integriert, kann aber auch separat verwendet werden. Shiny apps bestehen aus zwei Teilen, einem „user interface“ (ui.r), welches das Aussehen bestimmt und einem „server“ (server.r), auf dem die Berechnungen ablaufen. Es gibt eine Vielzahl an Vorlagen und Möglichkeiten, das „user interface“ anzupassen und interaktive Elemente einzubinden, z.B. interaktive Karten mit oder Tabellen mit .

Um die App aus dem Netz nutzen zu können, muss sie veröffentlicht werden. Dies ist unter [shinyapps.io](https://shinyapps.io) oder auf einem eigenen Server (z.B. [shiny.fli.de](https://shiny.fli.de)) möglich.

## APP ENTWICKLUNG

### 1) R code erstellen (ui.r und server.r)



### 2) App ausführen

```
runApp(list(ui, server))
```

### 3) App veröffentlichen

z.B. Shiny Server, [shinyapps.io](https://shinyapps.io), shinyproxy, RStudio Connect

## BEISPIELE

### Epidemiologische Rechner

Statistischer Nachweis des Vorhandenseins oder der Abwesenheit einer Krankheit\*

### Epidemiologische Rechner

Wahrscheinlichkeit der Entdeckung einer Erkrankung in einer Population\*

### Kostenberechnungen

Einfluss einer Krankheit auf den Deckungsbeitrag bei einer infizierten Milchkuh

### Interaktive Daten

OHEJP Knowledge Base: Inventory on Surveillance systems

### Epidemiologische Rechner

Ermittlung der erreichten Erkennungswahrscheinlichkeit für eine Erkrankung in einer Population\*

### Epidemiologische Rechner

Erforderlicher Stichprobenumfang zur Prävalenzschätzung einer Erkrankung in einer Population\*

### Erläuterung Sachverhalte

Einfluss des cut-off Wertes auf Sensitivität und Spezifität bei Testergebnissen

## ERGEBNISSE & ZUSAMMENFASSUNG

Mit R shiny steht ein hilfreiches Tool zur Verfügung, das es ermöglicht, Apps zu erstellen. Um den vollen Umfang der Tools nutzen zu können, ist es erforderlich, sich neben R auch Grundkenntnisse in HTML und ggf. Java anzueignen. Nur so kann man externe Anwendungen wie und an die Bedürfnisse anpassen. Vielfältige Möglichkeiten sind in der [R Shiny Gallery](https://shiny.fli.de) dargestellt. Über den Shiny Server des Friedrich-Loeffler-Instituts (<https://shiny.fli.de>) stehen bereits einige Apps zur Verfügung (s. Beispiele).



Shiny Server FLI

# Nutzen der Integrierten Tierärztlichen Bestandsbetreuung in deutschen Milchviehbetrieben

## Umfrage: Status Quo und Sicht der Landwirte

Jenny Ries<sup>1</sup>, Charlotte Jensen<sup>1</sup>, Kerstin E. Müller<sup>2</sup>, Christa Thöne-Reineke<sup>3</sup>, Roswitha Merle<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Veterinärepidemiologie und Biometrie, Fachbereich Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin

<sup>2</sup> Klinik für Klautiere, Fachbereich Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin

<sup>3</sup> Institut für Tierschutz, Tierverhalten und Versuchstierkunde, Fachbereich Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin

**Integrierte Tierärztliche Bestandsbetreuung (ITB) dient dem Erhalt von Tiergesundheit und Tierwohl, sowie dem Verbraucherschutz durch Qualitätssicherung im Erzeugerbetrieb. Durch die Zusammenarbeit zwischen Landwirt und Tierarzt soll der Betrieb mit ganzheitlichem Ansatz begleitet werden. ITB soll neben der Prävention von Krankheiten auch die Leistungsfähigkeit und Wirtschaftlichkeit der Betriebe unterstützen. Auf deutschen Milchviehbetrieben ist die Verbreitung und Durchführung bisher unbekannt, sodass im Rahmen dieser Querschnittsstudie eine Online-Umfrage zur Wahrnehmung von ITB unter milchkuhhaltenden Landwirten durchgeführt wurde.**

### Material & Methoden

- Umfragezeitraum: November – Dezember 2020 (LimeSurvey®)
- Statistische Auswertung: seit Januar 2021
  - Deskriptive Daten & Korrelationen (IBM® SPSS Statistik Version 27)
  - Latente Klassenanalyse (SAS Version 9.4)
- Finalisierung bis Ende 2021

### Ergebnisse

- 216 auswertbare Fragebögen, davon nahmen etwa 50% (n=106) an ITB teil
- ITB bedeutete für die meisten Teilnehmenden „Service zum Thema Reproduktion“

#### a) ITB-Teilnehmende

- ITB-Betriebe waren zukunftsorientierter, expansionsfreudiger und hatten eine bessere Betriebsleistung.
- Motivation zur ITB-Teilnahme v.a. zur Erhaltung des Gesundheitsstatus der Herde, weniger aus leistungsorientierten Gründen.
- Vorteile der ITB überwiegen die Nachteile; besonders geschätzt wurde der „Blick von außen“, Gesamtzufriedenheit mit dem/ der Tierarzt/Tierärztin ist „gut“ (s. *Abbildung 1+2*)
- Zufriedenheit mit der ITB korrelierte positiv mit der Betreuungsintensität (Intensität: Anteil der jeweils erhaltenen ITB aus elf möglichen Betreuungsbereichen) (s. *Abbildung 3*)
- Ausbaufähigkeit der Qualität: v.a. Kosten-Nutzen-Analysen wurden noch nicht ausreichend eingesetzt.
- Kosten der ITB: Nur 60% waren mit der derzeitigen Abrechnung zufrieden; allerdings würden nicht einmal 7% eine Teilnahme beenden, wenn die Kosten stiegen.
- Laut den befragten LandwirtInnen stellten weniger als 20% der TierärztInnen die Zeit abseits vom Betrieb in Rechnung.
- Der ganzheitliche Betreuungsansatz wurde bisher unzureichend praktiziert: Die Intensität erreichte einen Mittelwert von 36,5% von möglichen 100%.

#### b) Nicht-ITB-Teilnehmende

- 30% sahen Bedarf an ITB, 10% sahen definitiv keinen Bedarf, 60% waren unsicher
- Bereiche mit Interesse an tierärztlicher Unterstützung: v.a. Herdenreproduktion und Eutergesundheit
- Ein Drittel der Befragten war bereit, den GOT-Stundensatz für Beratung zu zahlen (1h = 89,32€)
- Latente Klassenanalyse: zwei Gruppen
  - Gruppe 1 (~80%): kleinere Betriebe, zufrieden mit dem Tierarzt, nicht bereit den o.g. Gebührensatz zu zahlen
  - Gruppe 2 (~20%): größere Betriebe, unzufrieden mit dem Tierarzt, bereit den o.g. Gebührensatz zu zahlen

### Ziel der Studie

- Evaluierung der praktizierten ITB in deutschen Milchviehbetrieben
  - Befragung der Tierhalter zur aktuellen ITB sowie zu Bedarf und Wünschen im Rahmen der ITB
- Ausarbeitung eines Status Quo
- Analyse von Teilnahme-Gruppen: Darstellung für die Tierärzteschaft von ungenutztem Potential und möglichen Betreuungsansätzen

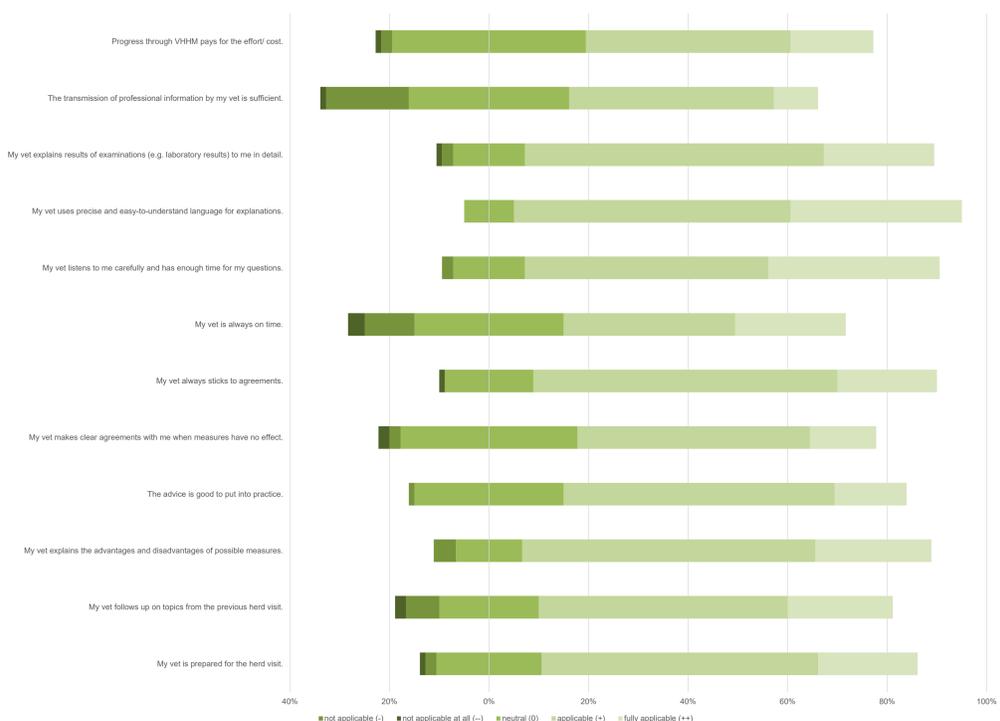


Abbildung 1: Bewertung der Kooperation zwischen TierhalterIn und TierärztIn

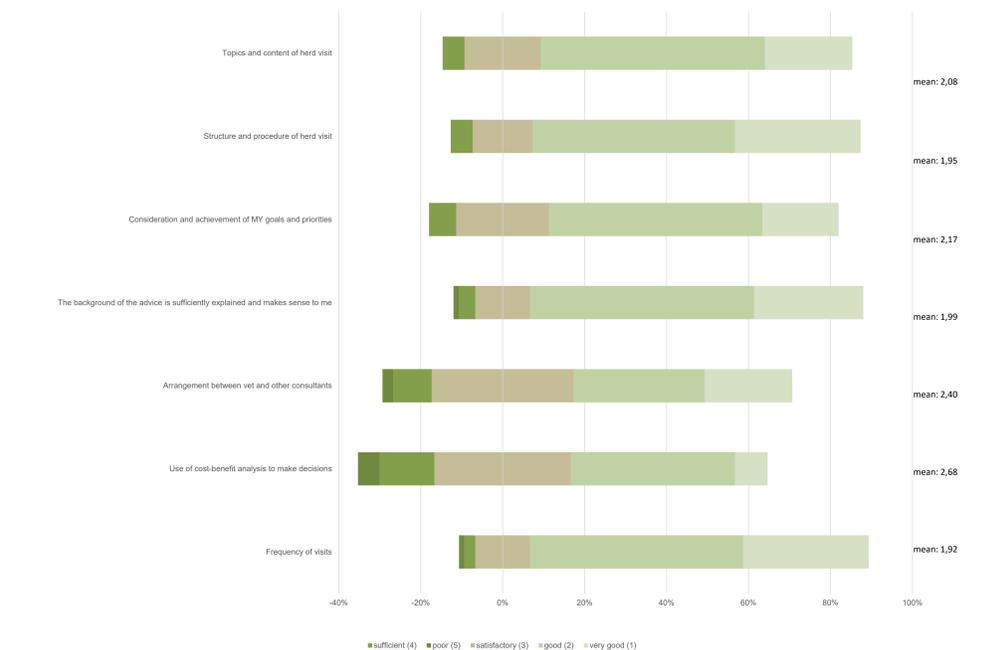


Abbildung 2: Bewertung der Arbeitsorganisation innerhalb der ITB

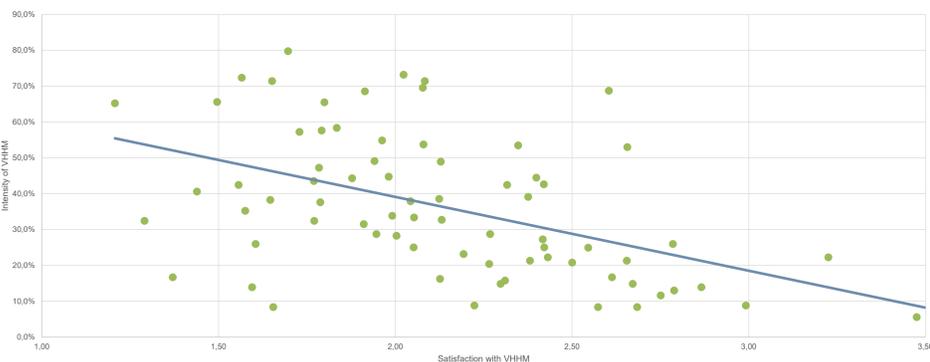


Abbildung 3: Korrelation zwischen Zufriedenheit mit der ITB und der Betreuungsintensität im Rahmen der ITB

### Key findings

- 50% der Teilnehmenden am Fragebogen nahmen an ITB teil & die Zufriedenheit der deutschen Milchkuhhaltenden mit dem Tierarzt sowie der ITB ist im Mittel „gut“.
- Jeder fünfte Betrieb, der bisher nicht an ITB teilnahm, hatte starkes Interesse an ITB und böte der Tierärzteschaft somit eine geeignete Zielgruppe.
- Nur 20% der Zeit abseits der Betriebe wurde von TierärztInnen in Rechnung gestellt.

### Danksagung

Herzlichen Dank an alle Beteiligten, die bei der Erstellung mitgewirkt haben.

DACH-Epidemiologie-Tagung, 2021 Bern

# Machine Learning zur Identifizierung von Risikofaktoren in epidemiologischen Studien

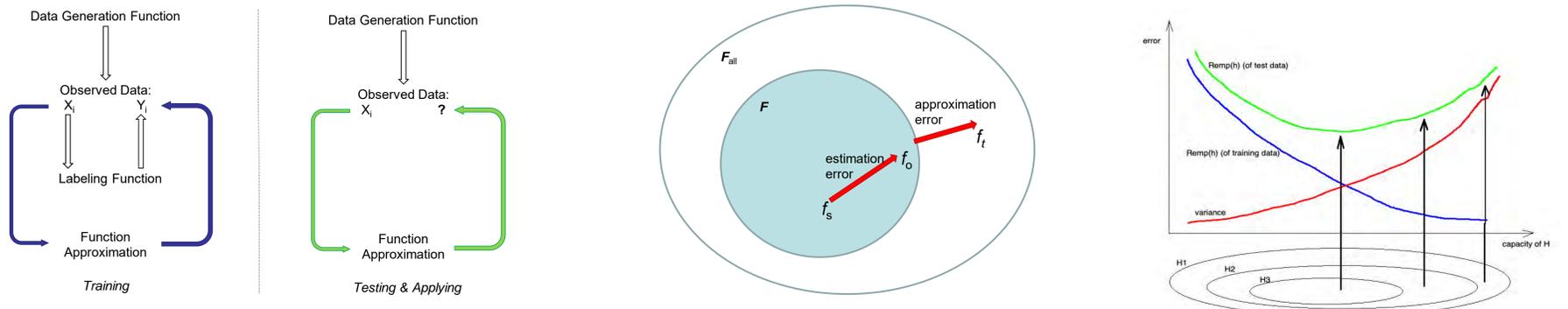
Dr. Robert Opitz, Prof. Dr. Thomas Selhorst

## Statistical Learning Theorie

Induktives Schließen, das Schließen vom Besonderen auf das Allgemeine, ist unverzichtbar in der Wissenschaft. Anders aber als beim deduktiven Schließen gibt es aber allgemein keine abschließende Aussage über die Richtigkeit eines induktiven Schlusses. Wir können aber Aussagen über die Verlässlichkeit des induktiven Schlusses machen [1].

Das überwachte maschinelle Lernen versucht das induktive Schließen bzw. Lernen mittels eines Algorithmus zu automatisieren, also maschinell zu erstellen. Die mathematische Theorie, die das überwachte maschinelle Lernen untersucht ist die statistische Lerntheorie. Die Verlässlichkeit des induktiven Schlusses erscheint im maschinellen Lernen als Frage nach der Generalisierbarkeit, bzw. der Vorhersagekraft des Machine Learning Modells wieder [1][2][3].

Anders als die klassische statistische Modellierung, in der die unverzerrte Schätzung von Parametern im Vordergrund steht, ist hier die Güte der Vorhersagefunktion relevant. Dabei macht das maschinelle Lernen keinerlei Vorannahmen über die den Daten zugrundeliegende Wahrscheinlichkeitsverteilung (agnostisches bzw. nicht-parametrisches Modellierung).



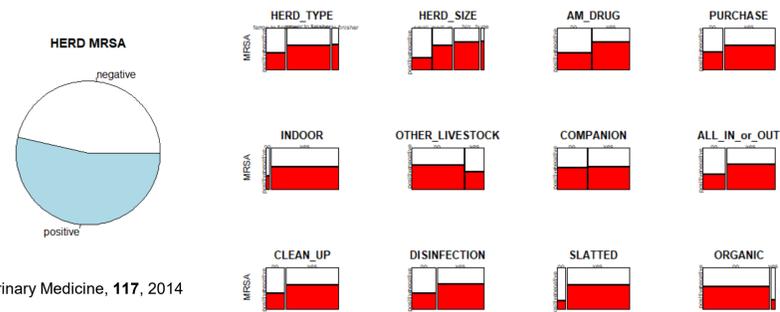
**Ziele und Arbeitsweise des maschinellen Lernens:** Es werden Daten aus einer unbekanntem Wahrscheinlichkeitsverteilung iid gezogen, bzw. von einer unbekanntem Datengenerierungsfunktion iid erstellt. Eine (oder einige) der Variablen, die Response Y, soll mittels der anderen Variablen X vorhergesagt bzw. verknüpft werden. Wäre die Datengenerierungsfunktion bekannt, so könnte eine optimale Labelingfunktion erstellt werden. Da dies nicht der Fall ist, soll in einem Prozess, genannt Training, eine Funktion gesucht oder erstellt werden, die die Labeling Funktion gut approximiert. Die Güte der Funktionsapproximierung wird mit neuen Daten getestet bzw. untersucht.

**Maschinelles Lernen:** Die wahre Labelingfunktion f<sub>s</sub> soll mit einer Funktion aus der Menge F angenähert werden, die der Machine Learning Algorithmus während des Trainings auswählt. Die Menge F enthält eine optimale Funktion f<sub>o</sub>, die f<sub>s</sub> am besten approximiert, aber nicht unbedingt 100 Prozent treffen muss. Der Fehler der gemacht wird indem f<sub>s</sub> durch f<sub>t</sub> ersetzt wird, heißt Approximierungsfehler, oder Bias. Der endliche Trainingsdatensatz erlaubt dem Algorithmus aber nicht unbedingt f<sub>o</sub> in F zu finden. Statt dessen wird f<sub>s</sub> gefunden, eine Funktion die vom vorliegenden Datensatz abhängt. Der Fehler der damit gemacht wird, heißt Estimationsfehler, oder Variance. Mit anderen Trainingsdaten kann auch ein anderes f<sub>s</sub> gefunden werden. Insbesondere geht f<sub>s</sub> in f<sub>o</sub> über, wenn der Trainingsdatensatz unendlich groß wird. Wie schnell hängt von der gewählten Machine Learning Klasse ab.

Eine wichtige Einsicht der statistischen Lerntheorie ist die, dass die Menge F nicht zu umfangreich sein darf, ganz im Gegenteil: Ist die Menge F zu umfangreich, kann nicht generalisiert werden, das Lernen scheitert. Ein (induktiver) Bias ist nicht nur unvermeidbar, er ist notwendig für das Lernen. Ist die Menge F zu umfangreich nimmt die Variance stark zu. Die Menge F kann mit verschiedenen Ansätzen, z.B. Regularisierungen, verringert werden.

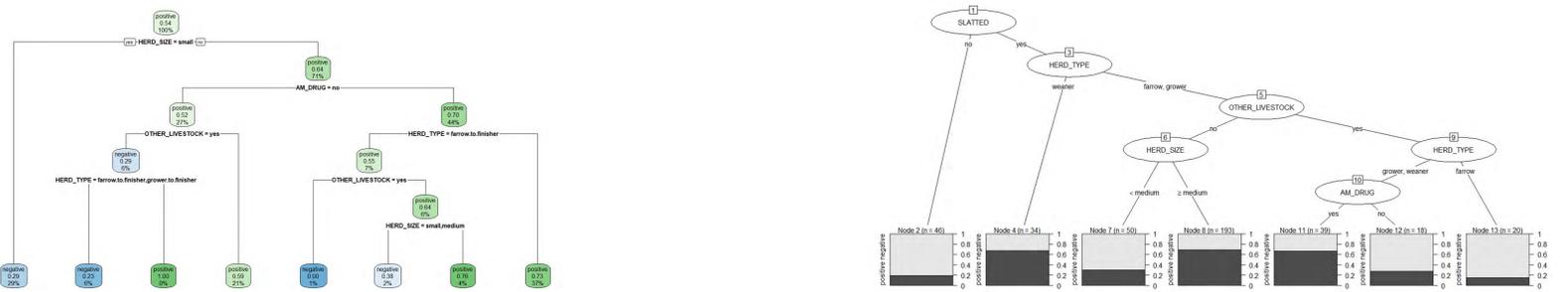
## Beispieldatensatz

Als Beispieldatensatz verwenden wir die Daten, die Fromm *et al.* vorgestellt und mit den bekannten Mitteln der statistischen Modellierung analysiert haben. Der Datensatz untersucht die Abhängigkeit der Verbreitung Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA) in Mastschweinherden von verschiedenen phänomenologischen Größen, um Risikofaktoren der MRSA zu finden. Der Datensatz enthält eine binäre Zielvariable (MRSA negativ oder positiv), 12 Variablen (10 binäre kategoriale Variablen, eine multi-nomial und eine ordinal skalierte Variable) und 400 Datenpunkte, wobei jeder Datenpunkt eine Herde Mastschweine darstellt. Es werden alle Variablen verwendet bis auf INDOOR, da es zu wenige Herden enthält, die nicht Indoor gehalten werden.



Fromm *et al.*, Preventive Veterinary Medicine, 117, 2014

## Bestimmung von Risikofaktoren mittels interpretierbarer Machine Learning Modelle: Entscheidungsbäume

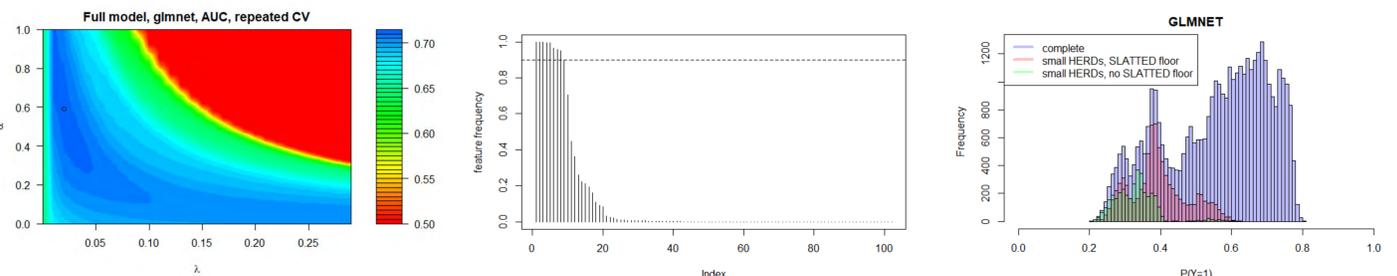


Entscheidungsbäume erlauben einen einfachen visuellen Zugang zum erstellten Machine Learning Modell. Der vorgestellte Datensatz ist dafür besonders geeignet, da er nur nominale Variablen enthält. Der Menge F aller Entscheidungsbäume für N=11 Variablen enthält 2<sup>(2\*N)</sup> = 4194304 mögliche Bäume. Anstatt jeden einzelnen Baum bewerten zu müssen, sucht der Machine Learning Algorithmus einen schnelleren Ansatz. Hier ist es der klassische CART-Algorithmus [4]. Der gefundene Baum braucht nur noch etwas Pruning (Zurückschneiden).

Die Bestimmung eines optimalen Entscheidungsbaumes aus der Menge aller möglichen Entscheidungsbaume ist sehr schwer (NP hard). Die meisten Algorithmen, die Entscheidungsbaume maschinell erstellen, benutzen deshalb einen Greedy-Approach. Der gefundene Baum ist deswegen meist suboptimal, weil der Algorithmus in einem lokalen Minimum festhängt. Ein möglicher Ansatz einen optimalen Baum zu finden sind genetische Algorithmen, wie hier mit dem R-Paket *evtree* [6]. Der gefundene Baum ist anderes als der CART-Baum. CART und *evtree* haben eine unterschiedlichen induktiven Bias.

## Bestimmung von Risikofaktoren mittels Untersuchung des Verhaltens der Zielvariable

Die logistische Regression ist ein beliebter Algorithmus, da sich mit ihm direkt das Risiko modellieren lässt. Er ist aber auch sehr anspruchsvoll an die Daten. Fromm *et al.* mussten ihre Daten aufwendig vorbereiten und konnten nur ein sehr simples Modell bauen. Hier verwenden wir die *elasticnet*-Regularisierung [6][7], die alle Beschränkungen denen Fromm *et al.* begegneten, aufhebt.



$$R_{emp} + \lambda \left( (1-\alpha) \sum_i |w_i| + \alpha \sum_i w_i^2 \right)$$

$$\lambda = \lambda_1 + \lambda_2$$

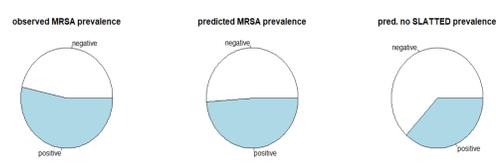
$$\alpha = \frac{\lambda_1}{\lambda_1 + \lambda_2}$$

Wir fitten ein Modell mit allen Haupt- und Interaktionstermen (102 Terme inkl. Intercept). Die Regularisierung selektiert Terme und bewältigt Korrelationen der Terme. Hier werden  $\alpha$  und  $\lambda$  ausgewählt. Jeder Punkt im Graph sind AUC für die Testdaten der 1000 Modelle aus der Kreuzvalidierung.

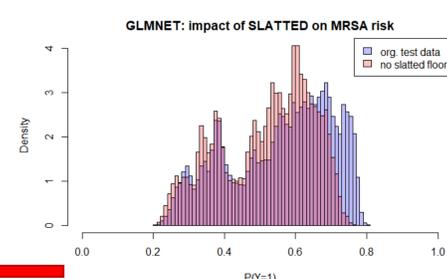
Mit optimierten  $\alpha$  und  $\lambda$  können wir uns die Häufigkeit der selektierten Terme in den 1000 kreuzvalidierten Modellen ansehen. Nur 9 der 102 Terme kommt in min. 9 von 10 Modellen vor. Es sind viele Interaktionsterme dabei.

Mit den Testdaten aus der Kreuzvalidierung können wir uns die Verteilung des vorhergesagten MRSA-Risikos anschauen, auch für Subpopulationen.

[1] G. Harman, S. Kulkarni, Reliable Reasoning: Induction and statistical learning theory, MIT Press, 2012  
 [2] V. N. Vapnik, An overview of statistical learning theory, IEEE Transactions on Neural Networks, 10, 1999  
 [3] G. James, D. Witten, T. Hastie, R. Tibshirani, R., An Introduction to Statistical Learning with Applications in R, Springer-Verlag New York, 2013  
 [4] L. Breiman, J. H. Friedman, R. A. Olshen, C. J. Stone: CART: Classification and Regression Trees. Wadsworth: Belmont, CA, 1984  
 [5] Grubinger *et al.*, Papers in Economics and Statistics, No. 2011-20  
 [6] H. Zou, T. Hastie, Regularization and Variable Selection via the Elastic Net, J. of the Royal Statistical Society, Series B, 6, 2005  
 [7] J. Friedman, T. Hastie, R. Tibshirani, Regularization Paths for Generalized Linear Models via Coordinate Descent, J Stat Softw., 33, 2010



Da sich mit der logistischen Regression Klassifizierungen durchführen lassen, können wir die empirisch ermittelte und die vorhergesagte Prävalenz, aber auch eine Vorhersage der Änderung der Prävalenz bei Änderung von Variablen vornehmen.



Wir können die Testdaten abwandeln und sehen, welchen Einfluss sie auf das MRSA-Risiko haben.

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

L. Gorisek<sup>1</sup>, S. Weise<sup>1</sup>, K. C. Jensen<sup>1</sup>, J. Baer<sup>2</sup>, A. Friese<sup>2</sup>, C. Robé<sup>2</sup>, U. Rösler<sup>2</sup>, K.E. Müller<sup>3</sup>, A. Tautenhahn<sup>3</sup>, R. Merle<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, <sup>2</sup>Institut für Tier- und Umwelthygiene, <sup>3</sup>Klinik für Kleintiere, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland

## 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-Novelle<sup>a</sup> 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.



Gruppe	Definition
<b>Gruppe A</b>	Milchkuhbetriebe/Mutterkuhhaltungen mit ausschließlich eigener Nachzucht (n=31)
<b>Gruppe B</b>	Betriebe, die < 10 Wochen alte Kälber einstellen, adjustiert nach durchschnittlicher Verweildauer der Tiere (n=42)
<b>Gruppe C</b>	Betriebe, die ≥ 10 Wochen alte Kälber einstellen, adjustiert nach durchschnittlicher Verweildauer der Tiere (n=26)
<b>Gruppe D</b>	Händler und Sammelstellen (n=7)

## Material und Methoden

- Projektlaufzeit: Mai 2019 bis Oktober 2021
- Einteilung der Betriebe in 4 Gruppen (A-D)
- 106 Kälber haltende Betriebe in Deutschland wurden in den Regionen Nord, Ost und Süd besucht oder telefonisch befragt
- Daten zur Haltung in Form eines Erhebungsbogens wurden erfasst
- Ausfüllen eines Fragebogens zusammen mit dem Tierhalter
- Erfassung von Behandlungen mit antimikrobiell wirksamen Substanzen und Berechnung der adjustierten Therapiehäufigkeit (Therapiehäufigkeit multipliziert mit der durchschnittlichen Verweildauer, dividiert durch die Tage des Halbjahrs)

## Ergebnisse

Grundsätzlich unterschieden sich die Kategorien hinsichtlich der Anzahl der Herkunftse der Kälber und den Therapiehäufigkeiten. Die Anzahl der Herkunftse in der Kategorie A war gering, da die Nachzucht aus dem eigenen Betrieb stammte. Es wurde wenig bis gar nicht zugekauft. Entsprechend gering war auch die Therapiehäufigkeit in Betrieben der Kategorie A. Die Therapiehäufigkeit der Gruppe B lag verglichen mit Gruppe A und C deutlich höher und auch die Anzahl der Herkunftse mit durchschnittlich 60 Herkunftsbetrieben lag deutlich über dem Durchschnitt der Kategorien A und C. Für Betriebe der Kategorie D konnte ein Median von 205 Herkunftsbetrieben berechnet werden. Adjustierte Therapiehäufigkeiten lagen hier nicht vor, da keine Therapiehäufigkeiten als Berechnungsgrundlage vorhanden waren.

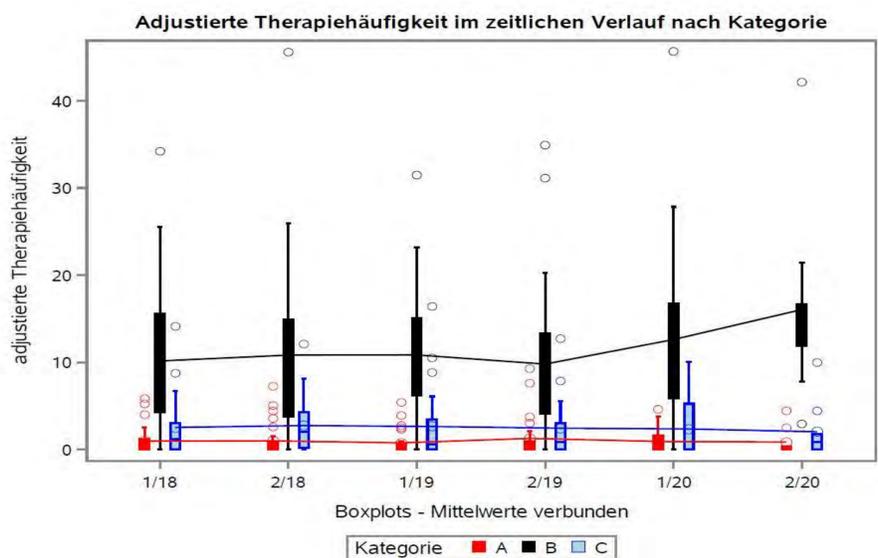


Abb1: Adjustierte Therapiehäufigkeiten der Kategorien A, B und C im Zeitraum 2018/1 bis 2020/2

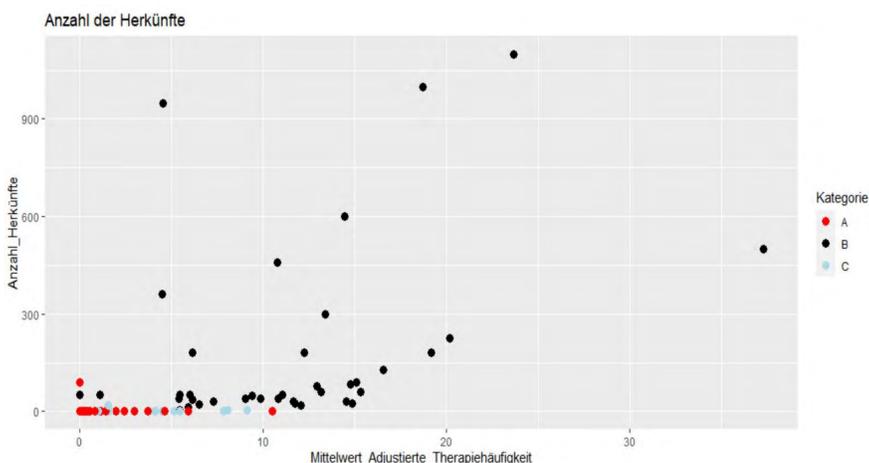


Abb.2: Anzahl der Herkunftse der Kälber in den Kategorien A,B und C in Beziehung zum Mittelwert der adjustierten Therapiehäufigkeit

## Schlussfolgerung

Betriebe der Kategorie B haben aufgrund der hohen Anzahl der Bezugsquellen ihrer Kälber erschwerte Ausgangsvoraussetzungen und die höchsten Therapiehäufigkeiten.

<sup>a</sup> Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (2019). Bericht des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft über die Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzeptes der 16. AMG-Novelle.



# Phänotypische Resistenzsituation von *E. coli* in kälberhaltenden Betrieben in Deutschland

Susann Weise<sup>1</sup>, Lisa Gorisek<sup>1</sup>, K. Charlotte Jensen<sup>1</sup>, Jorinde Baer<sup>2</sup>, Caroline Robé<sup>2</sup>, Anika Friese<sup>2</sup>, Uwe Rösler<sup>2</sup>, Kerstin E. Müller<sup>3</sup>, Annegret Tautenhahn<sup>3</sup>, Roswitha Merle<sup>1</sup>



<sup>1</sup> Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, <sup>2</sup> Institut für Tier- und Umwelthygiene <sup>3</sup> Klinik für Klauentiere, Freie Universität Berlin, Berlin, Deutschland

## Einleitung

Der Einsatz von antibiotikahaltigen Medikamenten in der Tiergruppe Mastkälber bis 8 Monate ist laut Evaluationsbericht 2019<sup>a</sup> 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 2019<sup>b</sup> des Bundesamts für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) wird eine Prävalenz von ESBL-/AmpC-bildenden *Escherichia coli* (*E. coli*) im Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof von 70,8% berichtet. Im Rahmen der Studie „KAbMon“ wird u.a. die Resistenzsituation in kälberhaltenden Betrieben in Deutschland gruppiert nach Betriebssystemen dargestellt. Hierzu wird der Resistenzscore in Bezug zu Therapiehäufigkeit und Alter bei Einstellung exemplarisch aufgeführt.

Gruppen	Definition	Probenanzahl
A	Milchvieh- und Mutterkuhhaltende Betriebe	50 Proben aus 31 Betrieben
B	Aufzucht- bzw. Mastbetriebe mit Einstellung < 10. Lebenswoche	93 Proben aus 43 Betrieben
C	Aufzucht- bzw. Mastbetriebe mit Einstellung >10. Lebenswoche	41 Proben aus 25 Betrieben
D	Händler und Sammelstellen	8 Proben aus 7 Betrieben



## Material und Methoden

Für das Projekt „KAbMon – Antibiotikamonitoring bei Mastkälbern“ wurden im Zeitraum von Oktober 2019 bis März 2021 deutschlandweit 106 kälberhaltende Betriebe entsprechend der Tabelle besucht. In jedem Betrieb wurden bis zu 3 Sammelkotproben aus 10 Haufen frisch abgesetzten Kots entnommen.

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.

Der Resistenzscore für die Resistenzprofile entspricht der Anzahl der Resistenzen pro Isolat für ein betrachtetes Wirkstoffkollektiv. Je größer der Resistenzscore, desto größer der Grad der antimikrobiellen Resistenz des Isolats. Eine lineare Regression wurde für die Therapiehäufigkeit des ersten Halbjahres 2018 und dem Resistenzscore modelliert, sowie für das durchschnittliche Alter bei Einstellung auf dem Betrieb und dem Resistenzscore.

## Ergebnisse

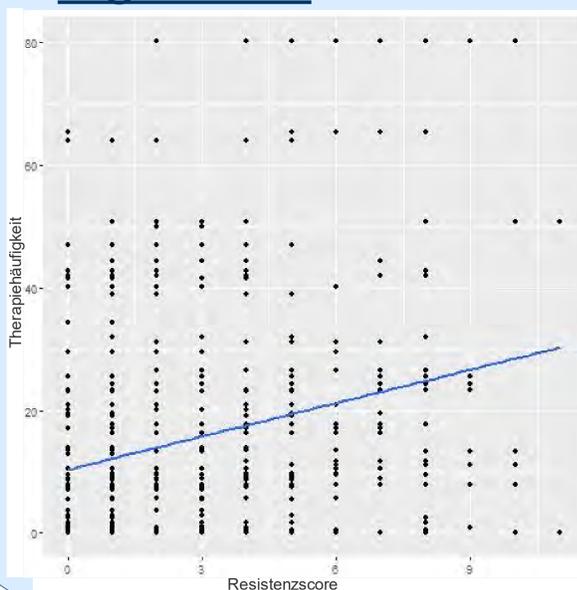


Abbildung 1

Es besteht ein linearer Zusammenhang zwischen dem Resistenzscore und der Therapiehäufigkeiten des Halbjahres 2018/1 (p-Wert=0,000; adj. R<sup>2</sup>=0,059). Der Resistenzscore steigt mit höherer Therapiehäufigkeit.

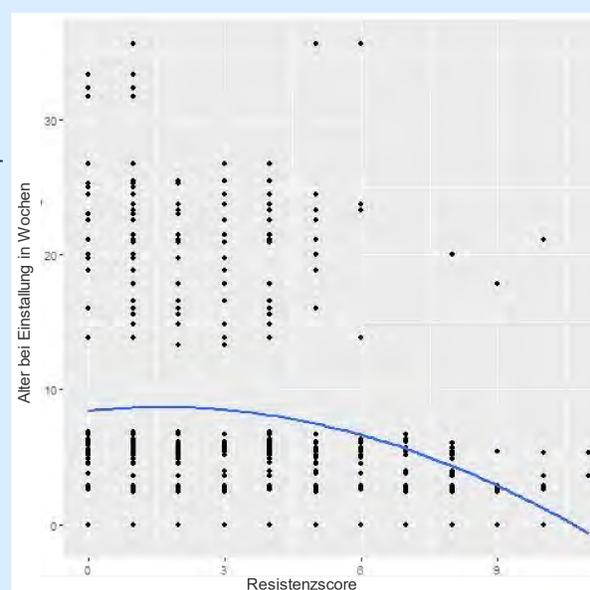


Abbildung 2

Es besteht ein quadratischer Zusammenhang zwischen dem Resistenzscore und dem Alter bei Einstellung/ Zukauf (p-Wert=0,000; adj. R<sup>2</sup>=0,023). Der Resistenzscore ist am höchsten, wenn das Alter bei Zukauf unter 10 Lebenswochen ist.

## Schlussfolgerung

Der Resistenzscore ist in Betrieben mit einem höheren Antibiotikaeinsatz pro Halbjahr erhöht. Es kann daraus geschlossen werden, dass ein gesteigerter Antibiotikaeinsatz auf diesen Betriebe zu einer erhöhten Anzahl an Resistenzen in *E.coli*-Isolaten führt. Auf Betrieben, die ältere Kälber einstellen, konnte in den untersuchten *E.coli*-Isolaten ein geringerer Resistenzscore nachgewiesen werden.

<sup>a</sup> Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (2019). Bericht des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft über die Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzepts der 16. AMG-Novelle.  
<sup>b</sup> Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (2020). Zoonosen-Monitoring 2019.

