

Von der Vogelgrippe zur Geflügelpest – die Geflügelwirtschaft als Reservoir und Vektor hoch pathogener Vogelgrippeviren

Klemens Steiof & Peter Petermann

1. Von der Vogelgrippe zur Geflügelpest

„Geflügelpest“ (auch „hoch pathogene Vogelgrippe“, kurz HPAI) ist eine seit vielen Jahrzehnten bekannte schwere Krankheit von Geflügel, die sich in den letzten 30 Jahren zu einer dauerhaften und weltweiten Gefahr für die Geflügelwirtschaft entwickelt hat, aber zunehmend auch für freilebende Tiere. Neben Vögeln sind zunehmend auch Säugetiere betroffen. Das massenhafte Sterben der Kraniche in Deutschland und Westeuropa im Herbst 2025 ist nur ein Beispiel dafür.

Um zu verstehen, wie es dazu kommen konnte, ist es wichtig, das Vogelgrippevirus und seine Veränderlichkeit zu verstehen. Ebenso wichtig sind die dramatischen Veränderungen in der globalisierten Geflügelwirtschaft der letzten Jahrzehnte. Denn diese haben erst die Möglichkeit für ein fast weltweite Ausbreitung eines einzigen Virentyps geschaffen.

Drei verschiedene Sachverhalte müssen hier klar getrennt werden:

a) **Zirkulation niedrig-pathogener Vogelgrippe-Viren (LPAI)**: niedrig pathogene Viren, die es in großer Vielfalt gibt, und die bei wildlebenden Vögeln und Säugetieren verbreitet sind und auch in Geflügelhaltungen vorkommen, sind schwer nachweisbar. Unter Wildvögeln, meistens Wasservögeln, ist nur ein sehr geringer Anteil infiziert – außer dort, wo für die Jagd Enten (meist Stockenten) ausgesetzt werden. Denn diese Enten stammen aus spezialisierten Haltungen und haben nach den Ergebnissen des (früheren) EU-Monitorings häufiger eine höhere Häufigkeit niedrig pathogener AI-Viren als Enten aus anderen Haltungsformen (EFSA 2025). Deshalb können sie die Viren in Wasservogelbestände eintragen. In einschlägigen Untersuchungen z.B. des Friedrich-Loeffler-Instituts wird dieses Problem seit jeher komplett ignoriert (Globig et al. 2006). Deshalb ist die genau Rolle, die diese Vireneinträge tatsächlich spielen, weitgehend unbekannt.

b) Spontane, aber seltene **Entwicklung von niedrig- zu hochpathogenen Viren (HPAI)**; vgl. auch Fiedler et al. 2005): Bestimmte niedrig-pathogene Virentypen zirkulieren lange (unter Umständen jahrelang) in Geflügelhaltungen. Dadurch wächst die Wahrscheinlichkeit, dass unter den vielen zufälligen Mutationen auch hoch-pathogene Formen entstehen. Dazu bedarf es nur einer relativ begrenzten und nicht besonders seltenen Gen-Mutation: Durch Verdoppelung eines kleinen Abschnitts im HA-Gen, wird die sogenannte "Spaltstelle", die dem Virus das Eindringen in Wirtszellen ermöglicht, deutlich reaktionsfreudiger ("aggressiver"). Diese Viren haben unter den Bedingungen der Massentierhaltung dann einen Selektionsvorteil, weil sie eine größere Vielfalt an Wirtszellen nutzen können. Sie vermehren sich daher schneller und stärker als die niedrig-pathogenen, und können sie auskonkurrieren. Zudem schädigen sie ihre Wirtstiere durch ihre massenhafte Vermehrung. So entstehen spontan Ausbrüche von hoch-pathogenen Viren der Subtypen H5 oder H7. Dies geschieht weltweit zwar regelmäßig in Massentierhaltungen, aber doch selten (geschätzt 0 bis 2 Fälle weltweit / Jahr?), und bleibt meist lokal begrenzt.

c) Ein Sonderfall davon sind die **hoch-pathogenen Viren vom Subtyp H5N1**. Erst seit 1996 sind sie aus bei Geflügel in China bekannt ("H5-Asia"), aber seither fast weltweit verbreitet worden – als einzige Geflügelpestviren überhaupt. Lediglich die strikten Handelsbarrieren einzelner Länder wie Australien und Neuseeland halten diesen Virentyp bisher fern (wobei auch dort das unter b) beschriebene Phänomen spontaner HPAI-Entstehung in Geflügelhaltungen

existiert). Auch der Sprung von der Alten Welt nach Nordamerika erfolgte erst nach der Aufweichung von Handelsbarrieren, und in der Folge dann auch die Weiterverschleppung dieser H5-Viren nach Südamerika und in die Antarktis.

Dieser H5-Virustyp hat in den letzten 20 Jahren mit verschiedenen N-Kombinationen (z.B. H5N7, H5N8) viele Arten infiziert und erscheint jetzt noch genauso aggressiv wie seit Beginn – für verschieden Vogelarten und auch Säugetiere.

Bei der dauerhaften Erhaltung des Virentyps dürften Impfungen vor allem in China seit rund 25 Jahren eine Rolle gespielt haben. Denn „unter der Impfdecke“ wird die Infektion eines Geflügelbestandes nicht verhindert, sondern kaschiert. Die infizierten Vögel scheiden verringerte Virenmengen aus und zeigen keine oder kaum Symptome. Damit kann das Virus unerkannt weitergegeben werden. Dies haben in der Folge Länder wie Südkorea häufiger erfahren müssen, die mit China intensive Handelsbeziehungen und damit ihre Geflügelbestände infiziert haben (N. Moores mdl., Petermann 2023).

Dies ist das Virus, das eine anhaltende Bedrohung für die weltweite Artenvielfalt darstellt und für die wiederkehrenden Ausbreitungswellen verantwortlich ist, auch für das Kranichsterben.

2. Wirkung der Viren auf Geflügel und auf Wildvögel

Niedrig pathogene Viren schädigen ihre Wirte im Allgemeinen nicht nachhaltig. Die erkrankten Vögel sind weniger aktiv bis lethargisch, bis sie die Infektion meist nach wenigen Tagen abgewehrt haben. In Geflügelställen fallen diese Infektionen normalerweise nicht auf. Wildvögel sind jedoch in ihrem natürlichen Verhalten beeinträchtigt, je nach Stärke der Infektion. Ihre Mobilität ist eingeschränkt (van Gils et al. 2007, van Dijk 2014, Verhagen et al. 2014), und Vogelzug kann unterbrochen werden.

Hoch pathogene Viren führen bei gehaltenen Hühnern und Puten häufig zum Tod. Die Inkubationszeit beträgt für Individuen ein paar Stunden oder Tage, und bis zu 2 Wochen für eine Gruppe. Grundsätzlich wird zur Seuchenbekämpfung für einen Vogelbestand eine Inkubationszeit von 21 Tagen angenommen (CFSPH 2016).

Bei gehaltenen Enten oder Gänsen liegt die Mortalität bei jüngeren Tieren offenbar ebenfalls sehr hoch und kann nach 5-6 (-15) Tagen 100 %, aber auch nur 40 oder 50 % erreichen (Beispiele in Rülke 2007), aber es sind bei älteren Tieren Fälle mit „nur“ 10 % Mortalität beschrieben. Allerdings zeigten die Vögel häufig Zeichen neurologischer Störungen, neben Allgemeinsymptomen (ebd.). Es gibt aber auch Fälle, bei denen HPAI-Viren in Entenhaltungen weitgehend unerkannt bleiben können (Kang et al. 2015).

Bei Wildvögeln liegen naturgemäß weniger genaue Informationen vor. Einige Artengruppen (z.B. Tauben oder Papageien, CFSPH 2016) sind deutlich weniger empfänglich. Alle anderen Vogelarten scheinen aber durch HPAI-Viren infizierbar zu sein und können sterben. Vermutlich hängt es von der aufgenommenen Virenmenge und dem individuellen Immunstatus ab, ob ein Vogel erkrankt, stirbt oder die Infektion abwehren kann. Es ist davon auszugehen, dass ein erkrankter Wildvogel nur unter besonderen Umständen überlebt, da er zum einen beim normalen Verhalten eingeschränkt ist (Flug zu Nahrungshabitaten oder zu Schlafplätzen, Beutefang) und zahlreiche Prädatoren auf eingeschränkte Bewegungsfertigkeiten ihrer potenziellen Nahrung reagieren und gezielt diese Vögel als Beute annehmen. Das ist ein elementarer Unterschied zu Vögeln in Haltungen oder im Labor, bei denen kranke Vögel überleben können; kranke Wildvögel sind isoliert oder werden zügig herausselektiert. Sind die Vögel wieder gesund, werden keine Viren mehr ausgeschieden, wenn auch noch Virenfragmente im Körper nachweisbar sind.

Das TSIS („Tierseuchen-Informationssystem des Friedrich-Loeffler-Instituts) ist die Datenbank der für Deutschland bestätigten Infektionsfälle. Zwar ist der wissenschaftliche Anspruch für die Bezeichnung von Wildvögeln dort nicht sehr hoch, wie viele Artbezeichnungen belegen (z.B. „Greifvögel (Federwild)“, „Wildgänse“, „Brachschwalben“, „Rabenvögel (Federwild)“, doch finden sich für die letzten 3 Monate im Kalenderjahr 2025 vor allem Höckerschwäne („Schwäne“) und

Grau- und Kanadagänse („Wildgänse“ in Städten), also klassischer Parkvögel mit häufigem Kontakt zu Menschen.

3. Zirkulation der Viren in der Geflügelwirtschaft – und darüber hinaus

Üblicherweise erfolgt die Verbreitung der Viren durch die und innerhalb der Geflügelwirtschaft. So können die Viren durch Personen, Materialien, Gerätschaften und Fahrzeuge von einem Betrieb zum anderen transportiert werden. Das gilt auch für den Handel mit Frisch- und Tiefkühlgeflügel, sowie für Tierfutter. Letzteres wurde insbesondere für Katzen in den letzten Jahren nachgewiesen (s.u.) aber jeweils ohne Nennung des Herstellers des infektiösen Futters. Dadurch können die Viren nicht nur zu Haustieren und Parkvögeln gelangen, sondern auch über Abwasser und Bioabfall sowie Menschen weit gestreut werden. Dies funktioniert aufgrund der globalen Verflechtung der Geflügelkonzerne auch über Ländergrenzen und sogar Kontinente hinweg.

Selten wird die Öffentlichkeit über derartige Fälle informiert, so dass nur wenige gut dokumentierte Beispiele vorliegen:

- Im Januar 2007 brach HPAI H5N1 in einer ungarischen Putenfarm aus, kurz darauf in einem englischen Betrieb. Die in England zuständige Behörde verwies umgehend auf Zugvögel und bestritt jede Verbindung nach Ungarn. Durch Journalisten wurde öffentlich, dass in England gemästete Puten zur Schlachtung nach Ungarn transportiert wurden, und die Schlachtkörper zum Verpacken und zur Vermarktung zurück nach England kamen. Auf diese Weise wurden die Viren eingeschleppt (Wikipedia 2007). *Infektionen von Betrieben untereinander kommen regional offenbar gehäuft vor, wie z.B. die wiederkehrenden Infektionen von Putenställen im Landkreis Cloppenburg zeigen. Offiziell wird hierzu jedoch selten etwas mitgeteilt.*
- Im Sommer 2007 zirkulierte HPAI H5N1 in Tschechien und damit verbunden in Franken. Dort waren Hausenten betroffen, in denen das Virus unerkannt zirkulierte und erst später (in Rückstellproben) gefunden wurde. Diese Enten gingen tiefgefroren in den normalen Lebensmittelhandel. Das wäre nicht weiter aufgefallen, wenn nicht in 3 Brandenburger Hühnerhaltungen Teile dieser Enten verfüttert worden wären – mit Todesfolge für die Hühner.
Im Dezember 2002 starben in zwei Hongkonger Parkanlagen 105 Wild- und Parkvögel. Viruseinträge durch Geflügel wurden hierfür verantwortlich gemacht (Sturm-Ramirez et al. 2004). *In Berlin sind im November 2016 und Februar 2017 neben einem Wochenmarkt infizierte Höckerschwäne an HPAI H5N8 gestorben. Es bestand keinerlei Verbindung zu irgendwelchen Wildvögeln oder Geflügelhaltungen, so dass Verfütterung von kontaminierten Lebensmittelabfällen die wahrscheinlichste Erklärung ist.*
- Im Dezember 2016 importierte Bulgarien Eintagsküken aus Ungarn, und damit auch HPAI H5N8 (siehe Petermann 2023). *Eintagsküken sind der „Zugvogel Nr. 1“ und haben das Potenzial für Verbreitung der Viren über Kontinente hinweg. Vermutlich wurde H5N8 im Jahr 2014 im Zuge von Eintagsküken-Lieferungen nach Südkorea von dort sowohl nach Europa als auch in die USA exportiert (siehe Petermann 2023).*
- Im Herbst 2020 war HPAI H5N8 in Betrieben in den Küstenbereichen von westlicher Ostsee (Mecklenburg-Vorpommern bis Dänemark) und südlicher Nordsee (Schleswig-Holstein bis Niederlande) verbreitet. Frankreich war nicht betroffen, aber plötzlich wurde das Virus zeitgleich in Paris und auf Korsika festgestellt. Alle Fälle traten in Gartencentern auf, und als Verursacher konnte ein Geflügelhändler in Nord-Frankreich ausgemacht werden. Die Viren waren genetisch ähnlich den in niederländischen Geflügelhaltungen (siehe Petermann 2023).

Ohne den Umstand, dass das Virus ausschließlich in Gartencentern auftrat, wäre die Quelle vermutlich nicht aufgefunden worden. Weitere Streufunde in Frankreich hätten dies ebenfalls kaschiert.

- Im Sommer 2023 fanden Katzenhalter in Polen heraus, dass im ganzen Land Dutzende von Hauskatzen an Geflügelpest gestorben waren. Tests ergaben, dass sie wohl alle an derselben H5N1-Virusform gestorben waren (Gendaten in der Datenbank GISAID). Als Infektionsquelle musste daher Futter in den Fokus genommen werden. In einer Veröffentlichung unter Mitwirkung des FLI (Rabalski et al. 2023) wurde die Hypothese aufgestellt, dass die Viren in frischem Geflügelfleisch (verkauft für den menschlichen Verzehr) enthalten gewesen sein könnten. Das allein wäre schon ein bemerkenswerter Skandal, denn natürlich darf infiziertes Geflügelfleisch nicht in den Handel gelangen. Eigenartig ist dabei der Umstand, dass die eigentliche tägliche Nahrung der Katzen, offenbar kommerzielles Dosenfutter, in der Veröffentlichung mit keinem Wort erwähnt wird. Sollte der Hersteller geschützt werden? Auch in den USA wurde im Dezember 2024 und im Februar 2025 kein Hersteller genannt, als mit Geflügelpestviren kontaminiertes Katzenfutter nachgewiesen wurde. Amtliche Rückrufaktionen gab es auch dort nicht. Allerdings hat der Hersteller die Vernichtung der infizierten Chargen empfohlen (<https://www.theguardian.com/us-news/2024/dec/26/oregon-cat-food-recall-bird-flu>).

Von den HPAI-Viren trat in Europa die „Asia-Variante“ von HPAI H5N1 in den Jahren von 2005–2008 auf. Von 2014–2017 folgte HPAI H5N8 (ebenfalls aus Asien importiert) und dann wieder ab 2020 das auf der „Asia-Variante“ beruhende H5N1-Virus. Das „H5“ ist in allen diesen Viren aber immer noch dasselbe „H5-Asia“, nur die „Nx“ variieren. Dieses Virus scheint seit ca. 2021 in Europa „endemisch“ geworden zu sein. Das heißt, es ist permanent in der Geflügelwirtschaft vorhanden und tritt daher inzwischen ganzjährig auf (siehe FLI, Karten zur Klassischen Geflügelpest, Kartenarchiv).

Dem Zirkulieren in der Geflügelwirtschaft folgen meist zeitnah Infektionen von Wildvögeln. Sehr häufig sind dabei Höckerschwäne betroffen, die als wenig mobile und oft in der Nähe von Menschen lebende und gefütterte Vogelart ein hervorragender Indikator für die örtliche Zirkulation in der Geflügelwirtschaft sind.

Aus der Geflügelwirtschaft kann HPAI auf verschiedene Wege ausgetragen werden und in die Landschaft gelangen – und damit zu Wildvögeln:

- Mastställe werden permanent belüftet, weil die sich bis zur Ausstallung ansammelnden Fäkalien eine starke Belastung der Atemluft verursachen. Damit entsteht permanent Abluft, die mit Gasen (Ammoniak), Aerosolen und Stäuben in die Umgebung abgegeben wird. Damit können auch Viren in großen Mengen emittiert werden (z.B. Hostyn et al. 2025).
- Schlachtgeflügel wird in belüfteten LKW über immer größere Distanzen transportiert. Dabei werden Stäube, Federn und anhaftende Keime in der Umgebung der Straßen verteilt. Bei unerkannten HPAI-Infektionen (vor allem in Entenhaltungen) können die Viren damit über hunderte von Kilometern verteilt werden.
- Bei Keulungen wird mit großen Mengen infizierter Vögel hantiert, wobei Emissionen denkbar sind, auch durch den damit verbundenen Personen- und Fahrzeugverkehr. Der Geflügelmist wird gelagert und abgedeckt, was standortabhängig nicht immer zu einer völligen Isolation vor der Umwelt führen muss. Er kann je nach Bedarf etliche hundert Kilometer entfernt ausgebracht werden.
- Fahrlässiger und illegaler Umgang mit Tierkörpern und Teilstücken ist in der Fleischindustrie mehrfach dokumentiert worden. Daher sind weitere Austragswege vorstellbar.

4. Zirkulation der Viren zwischen Wildvögeln

Verschiedene Umstände tragen dazu bei, dass sich in der freien Natur Vogelgrippeviren nicht lange halten: UV-Strahlung, Wärme und Trockenheit zerstören diese schnell. Daher können sich Wildvögel untereinander nur dann infizieren, wenn besondere Situationen vorliegen:

- Ein infizierter Vogel wird von einem Prädator erbeutet oder von einem Aasfresser aufgenommen; diese können sich an ihrer Beute infizieren.
- In engen Brutkolonien von bestimmten Wasser- bzw. Seevögeln (z.B. Basstölpeln, Seeschwalben, Lachmöwen) werden die Viren an die direkten Nestnachbarn weitergegeben. Vereinzelt können auch erkrankte Vögel artgleiche Kolonien besuchen und infizieren.
- Kraniche geben vermutlich das Virus an den gemeinsamen Schlafplätzen an Artgenossen weiter (geringe Individualdistanz, Flachwasser).

In der Regel bleibt das Virus dann in einer solchen Population. So haben sich trotz einer Masseninfektion der Kraniche mit 2500–3000 Toten im Teichgebiet Linum die gleichzeitig anwesenden rund 70.000 Saat- und Blessgänse nicht angesteckt. Auch in Frankreich und Spanien, wo in Deutschland infizierte Kraniche in der Inkubationszeit noch hingezogen sind, sind nur einzelne Infektionen anderer Wildvögel durch die Kraniche bekannt geworden. Wildvogelinfektionen mit HPAI-Viren sind oft ein „Strohfeuer“, mit vielen betroffenen Individuen, die aber nach einigen Tagen bis Wochen abklingen. Viele Vögel sind dann gestorben, alle anderen haben entweder nur geringe Virenmengen abbekommen und die Infektion abgewehrt oder die Krankheit durchgemacht und sind genesen; Viren werden nicht mehr ausgeschieden. Selbst in Gewässern infizieren sich dann keine Wildvögel mehr.

Wildlebende Vögel oder gar Vogelpopulationen sind als Reservoir für hoch pathogene Krankheitserreger völlig ungeeignet. Vögel, bei denen eine Krankheit ausgebrochen ist, die also Viren ausscheiden, verhalten sich nicht mehr wie ihre Artgenossen. Oft isolieren sie sich und werden inaktiv. Körperliche Anstrengungen wie Fliegen sind je nach Flügelbelastung kaum oder nicht mehr möglich. Fliegen bedeutet eine enorme physiologische Belastung, mit 4-5x erhöhtem Sauerstoffbedarf, 10-20x erhöhtem Energiebedarf und Stoffumsatz. Das können nur ausreichend gesunde Vögel gut bewältigen. Schlecht oder gar nicht fliegende Vögel werden aber schnell durch Prädatoren herausselektiert. Haben die Vögel die Krankheit trotzdem überstanden, scheiden sie auch keine Viren mehr aus. HPAI-Viren können sich daher nicht lange in einem Wildvogelbestand halten.

Laborvögel müssen nicht fliegen und unterliegen nicht der Selektion durch Prädatoren. Daher sind viele Laborbefunde nicht auf die Verhältnisse im Freiland übertragbar.

Daraus lässt sich ableiten, dass neue Infektionen von Wildvögeln auf neue Austräge von Viren aus der Geflügelwirtschaft zurückzuführen sind. Diese aufzuspüren, würde wichtige Erkenntnisse über die Zirkulation der Viren und die Vektoren geben. Allerdings verhindert das Fokussieren auf „Wildvögel“, dass solche Austräge überhaupt gesucht und untersucht werden. Denn die Veterinäre setzen voraus, dass das Virus bereits „in der Wildvogelpopulation“ vorhanden ist. Eine wissenschaftliche Grundlage für dies Annahme gibt es jedoch nicht.

5. Die „Wildvogelthese“ und ihre Bedeutung für die Geflügelwirtschaft

Das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) ist als die für Tierseuchenbekämpfung zuständige Bundesbehörde dem Bundeslandwirtschaftsministerium unterstellt (wie das Robert-Koch-Institut (RKI) dem Bundesgesundheitsministerium). Gleichzeitig ist sie das für Vogelgrippe zuständige Referenzlabor. Seit dem ersten Auftreten von HPAI H5N1 „Asia“ in Deutschland im Februar 2006 vertritt das FLI die „Wildvogelthese“: danach sind Wildvögel ein Reservoir für HPAI-Viren und insbesondere Zugvögel Vektoren über Ländergrenzen und Kontinente hinweg.

Dies war schon bei der Ausbreitung von H5N1 „Asia“ im Laufe des Jahres 2005 von Ostasien nach Europa völlig unlogisch und nicht mit dem Vogelzuggeschehen kompatibel und deshalb unlogisch. Unrealistische Spekulationen über Vogelzug wurden auch in wissenschaftlichen Publikationen (z.B. Chen et al. 2005, Chen et al. 2006) zur Erklärung herangezogen (Steiof 2005, Mooij 2007). Derartige Arbeiten werden auch heute noch als Beleg für die „Wildvogelthese“ genutzt. Dabei blenden die jeweiligen Autoren die normalen Verbreitungswege in der Geflügelwirtschaft vollständig aus (für die Ausbreitung 2005 durch die asiatische Geflügelwirtschaft siehe Petermann 2006). Dies hat sich bis heute nicht geändert. Die Irrelevanz bis dahin vom FLI als Belege für die „Wildvogelthese“ vorgelegten Quellen wurde ausführlich von Steiof et al. (2015) verdeutlicht. Trotzdem beharrt das FLI auf dieser fachlich haltlosen Theorie. Auch neuere Quellen, z.B. Knief et al (2025) oder Günther et al. (2025), bieten keine Belege für die „Wildvogelthese“, sondern kommen nur zu Zirkelschlüssen. Virenausträge aus der Geflügelwirtschaft werden nicht einmal thematisiert.

Natürlich ist es erstaunlich, dass ein wissenschaftlich arbeitendes Institut wie das FLI seit zwei Jahrzehnten an einer unglaublichen These festhält.

Damit drängt sich die Frage auf, wer von der Wildvogelthese profitiert bzw. was ihre „Vorteile“ sein könnten. Da gibt es einige Punkte:

- Wildvögel können für alle unerklärlichen Infektionen verantwortlich gemacht werden und kaschieren so Erkenntnisdefizite.
- Niemand ist schuld, wenn es zu Infektionen in Geflügelbeständen kommt, weil man sich gegen den „Virendruck aus der Natur“ nicht wehren kann.
- Daher zahlt die Tierseuchenkasse den Verlust bei Keulungen und der Steuerzahler die Entsorgungskosten der Kadaver.
- Eine ausreichend tiefgehende Prüfung bei Infektionen in Geflügelhaltungen ist nicht erforderlich. Damit werden auch Konflikte mit den Betrieben vermieden.
- Die Betriebe müssen sich bei ihrer Überschuss-Fleischerzeugung („Exportorientierung“) nicht mit zu viel behördlicher Kontrolle beschäftigen.
- Bei betroffenen Wildvögeln müssen die Behörden nicht nach der Infektionsquelle gesucht werden, was mit fachfremden (ornithologischem) Sachverstand erfolgen müsste.
- Es kann Personal eingespart werden.

Die Vorteile sind also sowohl bei den Behörden als auch bei der Geflügelwirtschaft zu sehen.

Das FLI ist nicht nur wissenschaftlich arbeitendes Labor, sondern auch nachgeordnete Fachbehörde. Daher kann sie sich nur in dem Rahmen bewegen, den das Bundes-Landwirtschaftsministerium ihr vorgibt. Dieses unterstützt seit dem Bestehen der Bundesrepublik Deutschland die Interessen der Agrarindustrie und setzt diese gegenüber beispielsweise den Interessen der Natur- und Ressourcenschutzes durch. Daher ist der Spielraum für das FLI vermutlich sehr eng.

6. Die Masseninfektion der Kraniche in Ostdeutschland im Herbst 2025

Nach dem Vorangestellten und den vorhandenen Informationen lässt sich das Bild des Infektionsgeschehens bei den Kranichen grob nachzeichnen:

In Deutschland trat HPAI H5N1 im Herbst 2025 in Geflügelhaltungen auf, bevor die ersten Kraniche infiziert wurden. Bereits am 1.9.25 (WAHIS) wurde das Virus in einem Hühnerbestand in Schleswig-Holstein amtlich festgestellt, und am 10. und 11.9.25 in 2 gemischten Betrieben in Mecklenburg-Vorpommern (1x Hühner, 2x Enten, 2x Gänse; WAHIS). In Thüringen und Nordrhein-Westfalen gab es zudem erste Fälle Ende September, in Bayern bereits im Juli. Am

10.10.25 erfolgte die Feststellung in einer Entenmästerei in Ost-Brandenburg. In diesem Bestand könnte das Virus bereits mehrere Wochen davor vorhanden gewesen sein.

Erste tote Kraniche wurden am 3. Oktober am Galenbecker See festgestellt, aber bereits ab dem 11.-13. Oktober war das Massensterben bei Linum im Gange, und am 17. Oktober am Stausee Kelbra. Am 13.10. wurden in Brandenburg erstmals Kraniche offiziell positiv auf H5N1 getestet, erst am 14.10. in Mecklenburg-Vorpommern (WAHIS). Aufgrund des massiven Infektionsgeschehens Anfang/Mitte Oktober erst am Galenbecker See/MV und dann in Bereich Linum und Altfriedland, ist von Virenausträgen in diesen Bereichen auszugehen. Die Epidemie der Kraniche begann somit in Deutschland, die Kraniche haben das Virus nicht von irgendwoher mitgebracht. In Polen, wo viele der in Ostdeutschland rastenden Kraniche herkamen, wurden die ersten infizierten Kraniche erst Anfang November festgestellt (WAHIS). Dies waren vermutlich infizierte Rückkehrer aus Deutschland.

Es gab also seit Sommer zirkulierende H5N1-Viren in der Geflügelwirtschaft. Erst danach wurden die Kraniche Anfang/Mitte Oktober in Mecklenburg-Vorpommern und vor allem Brandenburg massiv infiziert. Es gab zu diesem Zeitpunkt in weitem Umkreis keine anderen infizierten Wildvögel, bei denen sie sich hätten anstecken können.

Somit ergeben sich folgende denkbare Szenarien für die Wege der Viren zu den Kranichen:

- Die Kraniche haben Maisäcker in der Umgebung der Schlafgewässer zur Nahrungssuche genutzt, die vorher mit Geflügelmist aus nicht erkannten Ausbrüchen oder nach unzureichender Desinfektion gedüngt wurden.
- Es wurden Entenbestände zur Schlachtung gefahren, die unerkannt infiziert waren. Entlang der Fahrstrecke können von den LKW fliegen, angeheftet an Federn oder Staub, in Gewässer gelangen und so Wildvogelinfectionen auslösen.
- Es wurden routinemäßig entsorgte Kadaver zu einer Verwertungseinrichtung transportiert, und dabei Viren freigesetzt. Es gibt deutschlandweit nur eine Handvoll derartiger Entsorger. Für Brandenburg kommen vor allem die Standorte Herzberg oder Malchin (MV) in Frage. Bei Herzberg liegt das Teichgebiet Linum, und bei Malchin der Galenbecker See nicht sehr weit entfernt (15 bzw. 60 km), Transportwege führen ggf. noch dichter an den Vogelrastgebieten vorbei oder durch die Nahrungshabitate der Kraniche.
- Infektionen könnten auch durch Abwasser oder Oberflächenabfluss aus Haltungen verursacht werden, wenn das mit Viren belastete Wasser in für Wildvögel zugängliche Gewässer geleitet wird.

Die Kraniche hatten 2025 das Pech, dass HPAI-Virus H5N1 bereits im Frühherbst und damit früher als sonst in der Geflügelwirtschaft zirkulierte. Sie sind damit auf der Herbstrast bereits mit Austrägen des hoch pathogenen H5N1-Virus konfrontiert worden. Dabei müssen etliche Kraniche infiziert worden sein, da schnell ein Massensterben einsetzte. In dieser Zeit sind die Vögel besonders gefährdet, weil sie an den wenigen Schlafplätzen eng gedrängt im Flachwasser stehen. Diese Situation dürfte die Weitergabe der Viren an Artgenossen ermöglichen. Dadurch reichte es vermutlich, dass wenige Vögel die Viren im Gelände aufgenommen haben, um eine Masseninfektion zu erreichen. Damit hat sich das Geschehen an großen Kranichrastplätzen von Israel 2021/22 mit ca. 8.600 toten Kranichen (Nadler-Valency 2025) und Ungarn 2023 mit >10.000 (International Crane Foundation 2025) innerhalb weniger Jahre wiederholt.

Die Kraniche reagierten heftig auf die Infektionen: sie mieden zum Teil die Schlafplätze mit Kadavern und bildeten Kleingruppen, die in verschiedenen Richtungen (auch nach Ost) umherwanderten – ein ungewöhnliches Bild für Mitte/Ende Oktober. Auf diese Weise wurden dann vermutlich auch andere Lokalbestände rastender Kraniche infiziert.

Ein Teil der Kraniche ist umgehend in Richtung der Winterquartiere in Frankreich und Spanien weitergezogen. Bei vielen brach dann unterwegs nach der Inkubationszeit die Krankheit aus, wie die zahlreichen Todesfälle entlang der Zugwege dokumentieren (Ornitho.de, Europa-Karte des FLI). Viele infizierte Vögel sind trotzdem bis Frankreich gekommen und einige bis Spanien.

Insgesamt sind vermutlich bis zu 10 % des Bestandes der westziehenden Kraniche an dem Virus gestorben.

Anfang November nahmen dann die Funde neu infizierter, kranker oder sterbender Kraniche rasch ab, so dass das Todesgeschehen im Dezember weitgehend beendet war. Die amtlichen Laborfeststellungen in der Datenbank TSIS können weit nach dem jeweiligen Todesfall liegen.

Entsprechend der in Abschnitt 4 gemachten Ausführungen wurden nur vergleichsweise wenige andere Vögel in den gleichen Lebensräumen infiziert gefunden, die sich vermutlich an den Kranichen angesteckt haben. Längere Infektionsketten durch andere Wildvögel sind nicht beobachtet worden. Eine nennenswerte Weitergabe an andere Wildvögel erfolgte nicht. Das Virus dürfte im Dezember in den Lebensräumen weitgehend verschwunden oder jedenfalls nicht mehr in einer Dichte vorhanden gewesen sein, die zu Wildvogelinfectionen führt.

7. Ausblick – was muss sich ändern?

Mit dem Verharren auf der Wildvogelthese wurde in Deutschland und anderen Ländern seit 2006 verhindert, die tatsächlichen Reservoirs von HPAI-Viren in der Geflügelwirtschaft aufzufinden. Die inzwischen gegebene „Endemie“ in der europäischen, möglicherweise auch deutschen Geflügelwirtschaft, zeigt die Wirkungslosigkeit der bisherigen Ermittlungen und Bekämpfungsmaßnahmen. Dies bezieht sich nicht nur auf die Reservoirs, sondern schließt die Vektoren innerhalb der Geflügelwirtschaft ein.

Aus Sicht des Naturschutzes ist es aber noch dramatischer, dass die Vektoren zu den Wildvögeln nicht gesucht werden. Die möglichen Eintragswege aus der Geflügelwirtschaft in die freie Landschaft und ihre Erreichbarkeit für Wildvögel wurden nie untersucht.

Von daher muss die Wildvogelthese ad acta gelegt und folgende Punkte umgesetzt werden:

- Ein Monitoringsystem in der Geflügelwirtschaft ist zu etablieren, um möglichst die Virenzirkulation zu erkennen, bevor Ausbrüche zu einer großen Virenlast führen. Ein wichtiger Teil der Vorsorge wären routinemäßige Abwasserproben in allen relevanten Schlachthöfen und Entsorgungsbetrieben, die in enger räumlicher und zeitlicher Dichte erfolgen müssen.
- Das bisherige System der Befragung betroffener Betriebe muss auf den Prüfstand gestellt werden, da es offensichtlich kaum zielführende Ergebnisse geliefert hat. Stattdessen sollte eine von der Geflügelwirtschaft unabhängige Behörde (Staatsanwaltschaft) mit kriminaltechnischen Methoden diese Untersuchungen durchführen.
- Infizierte Wildvögel sind wichtige Hinweisgeber für das Zirkulieren der Viren in der Geflügelwirtschaft. Um diese Hinweise richtig interpretieren zu können, sind die Funde art- und altersgemäß zu bestimmen und ihre jeweilige ökologische Situation zu dokumentieren. Mögliche Infektionsquellen (Nahrungsquellen, Rasthabitate) sind zu suchen und zu beproben. Hierfür ist die Zusammenarbeit mit den Staatlichen Vogelschutzwarten sinnvoll (wie von diesen bereits mehrfach angeboten) und mit örtlichen Vogelkundlern erforderlich.

Durch die weiteren Konzentrationseffekte zur Produktion von Billigfleisch und die Exportorientierung sind die Stalleinheiten der Geflügelindustrie in den letzten Jahrzehnten immer größer geworden und die Wege zu den Schlachthöfen immer weiter. Allein diese Sachverhalte führen zu einer größeren potenziellen Gefährdung von Wildvögeln, durch die Zunahme der Emissionen in die freie Landschaft.

Wenn jetzt noch, wie vom FLI beabsichtigt, Impfungen von Geflügel vermehrt durchgeführt werden, wird die Gefährdung von Wildvögeln stark zunehmen. Denn unter der Impfdcke können Viren unerkannt weitergegeben werden. Impfungen müssen daher auf besonders wertvolle Tiere beschränkt bleiben (z.B. gefährdete Vogelarten oder seltene Geflügelrassen), und dürfen niemals für kommerzielles Geflügel zugelassen werden.

Ansonsten entsteht ein zusätzliches, riesiges Naturschutzproblem, das die Biologische Vielfalt weiter gefährden wird. Es muss endlich verantwortlich gehandelt werden!

Quellen

- Chen, H., G. J. D. Smith, K. S. Li, J. Wang, X. H. Fan, J. M. Rayner, D. Vijakrishna, J. X. Zhang, L. J. Zhang, C. T. Guo, C. L. Cheung, K. M. Xu, L. Duan, K. Huang, K. Qin, Y. H. C. Leung, W. L. Wu, H. R. Lu, Y. Chen, N. S. Xia, T. S. P. Naipospos, K. Y. Yuen, S. S. Hassan, S. Bahri, T. D. Nguyen, R. G. Webster, J. S. M. Peiris & Y. Guan (2006): Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: Implications for pandemic control. PNAS 103: 2845–2850.
<http://www.pnas.org/content/103/8/2845.full>
- Chen, H., G. J. D. Smith, S. Y. Zhang, K. Qin, J. Wang, K. S. Li, R. G. Webster, J. S. Peiris & Y. Guan (2005): H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. Nature 436: 191–192.
<https://www.nature.com/articles/nature03974>
- CFSPH, The Center for Food Security & Public Health (2016): Avian Influenza: 1–38.
<https://www.woah.org/app/uploads/2021/03/hpai.pdf>
- EFSA (European Food Safety Authority), J. C. Abrahantes, I. Aznar, I. Catalin, L. Kohnle, K. F. Mulligan, L. Mur, A. Stoicescu, A. van Houtum & G. Zancanaro (2025): Avian influenza annual report 2023. EFSA Journal 2025, DOI: 10.2903/j.efsa.2025.9197
<https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2903/j.efsa.2025.9197>
- Fiedler, W., S. Bosch, A. Globig & F. Bairlein (2005): Hintergrundinformationen zur Vogelgrippe und Hinweise für Vogelkundler. Vogelwarte 43: 249–260.
https://www.researchgate.net/publication/228731233_Hintergrundinformationen_zur_Vogelgrippe_und_Hinweise_fur_Vogelkundler
- FLI, Friedrich-Loeffler-Institut: Karten zur Klassischen Geflügelpest.
<https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/aviaere-influenza-ai-gefluegelpest/karten-zur-klassischen-gefluegelpest/>
- Globig, A., E. Starick & O. Werner (2006): Influenzavirus-Infektionen bei migrierenden Wasservögeln: Ergebnisse einer zweijährigen Studie in Deutschland. Berliner Münchener Tierärztl. Wochenschr. 119 (3/4). 132–139.
https://www.openagrar.de/receive/openagrar_mods_00012288
- Günther, A., C. Herrmann, J. Sehl-Ewert, S. Piro, A. K. Ahrens, S. Calvelage, A. Pohlmann, M. Beer & T. Harder (2025): High pathogenicity avian influenza virus H5N1 (clade 2.3.4.4b) drives mass mortality in Eurasian Crane (*Grus grus*) populations in Germany, 2025. Preprint
<https://www.biorxiv.org/content/10.64898/2025.12.08.692485v1>
- Hostyn, P., M. Steensels & B. Lambrecht (2025): Detection, transmission and spread of airborne avian influenza and Newcastle disease viruses: experimental and field investigations. Veterinary Research 56: 102. DOI: 10.1186/s13567-025-01533-9.
<https://link.springer.com/article/10.1186/s13567-025-01533-9>
- International Crane Foundation (2025): Avian Influenza Updates & Resources, March 10, 2025.
<https://savingcranes.org/news/resources/avian-influenza/> (Zugriff 24.12.2025)
- Kang, H.-M., E.-K. Lee, B.-M. Song, J. Jeong, J.-G. Choi, J. Jeong, O.-K. Moon, H. Yoon, Y. Cho, Y.-M. Kang, H.-S. Lee & Y.-J. Lee (2015): Novel reassortant influenza A(H5N8) viruses among inoculated domestic and wild ducks, South Korea, 2014. Emerging Infectious Diseases 21: 298–304.
<http://wwwnc.cdc.gov/eid/article/21/2/pdfs/14-1268.pdf>

- Knief, U. S. Bouwhuis, A. Globig, A. Günther & W. Courtens (2025): Counting cases, conserving Species: Addressing Highly Pathogenic Avian Influenza in Wildlife. Preprint.
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2025.06.18.660293v1>
- Mooij, J. H. (2007): Vogelgrippe (Klassische Gelügelpest) und Zugvögel: Wie gefährlich ist H5N1? Charadrius 43: 196-217.
https://joomla.nw-ornithologen.de/images/textfiles/charadrius/charadrius43_4_196_217_mooij.pdf
- Mooij, J. H. (2022): Sibirien als Drehscheibe und Reservoir für die Verbreitung von HPAI. – Nationalpark Unteres Odertal, Jahrbuch 2022: 114–123.
https://www.nationalpark-unteres-odertal.de/wp-content/uploads/JB2022_mooij.pdf
- Nadler-Valency, R., E. Lourie & D. Sela-Klein (2025): Avian Influenza (H5N1) Outbreak Report in Wild birds – Hula Valley, Israel A Comparison of Two Outbreaks (2021/22 and 2024). Israel Journal of Veterinary Medicine 80 (2): 3–13.
https://www.ijvm.org.il/sites/default/files/flu_birds_from_ijvm_2book_2_vet_june_2025.pdf
- Ornitho.de, Datenbank für Vogelbeobachtungen beim Dachverband Deutscher Avifaunisten (DDA)
<https://www.ornitho.de/>
- Petermann, P. (2006): Avian influenza and bird migration: more fiction than science? – A critical analysis of recent publications. Ber. Vogelschutz 43: 1–12.
- Petermann, P. (2023): Die Verbreitung von Geflügelpest durch den Geflügelhandel – Fallbeispiele. Nationalpark Unteres Odertal, Jahrbuch 2023: 38–45.
https://www.nationalpark-unteres-odertal.de/wp-content/uploads/JB2023_Petermann_Gefluegelpest.pdf
- Rabalski, L., A. Milewska, A. Pohlmann, K. Gackowska, T. Lepionka, K. Szczepaniak, A. Swiatalska, I. Sieminska, Z. Arent, M. Beer, M. Koopmans, M. Grzybek & K. Pyrc (2023): Emergence and potential transmission route of avian influenza A (H5N1) virus in domestic cats in Poland, June 2023.- Euro Surveill. 28 (31): pii=2300390.
<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300390>
- Rülke, C.P.A. (2007): Veterinärhistorische Studie über die Klassische Geflügelpest der Vögel: Entwicklung von der ersten Beschreibung bis zum heutigen Kenntnisstand und volkswirtschaftliche Bedeutung. – Dissertation, Fachbereich Veterinärmedizin, Justus-Liebig-Universität Gießen, 311 S.
<https://ilupub.ub.uni-giessen.de/server/api/core/bitstreams/21b1e27a-1156-4967-99ee-fcbf53399761/content>
- Steiof, K. (2005): Wird die Geflügelpest durch Zugvögel übertragen? Ber. Vogelschutz 42: 15-32. (veröffentlicht Juli 2006)
- Steiof, K. (2022): Welche Rolle können Wildvögel als Reservoir und Vektoren von HPAI spielen? Nationalpark Unteres Odertal, Jahrbuch 2022: 124–131.
https://www.nationalpark-unteres-odertal.de/wp-content/uploads/JB2022_steiof.pdf
- Steiof, K., J. H. Mooij & P. Petermann (2015): Die „Wildvogelthese“ zum auftreten hoch pathogener Vogelgrippeviren – aktueller Stand und kritische Prüfung der Position des Friedrich-Loeffler-Instituts (stand Juni 2015). Vogelwelt 135: 131–145.
<https://www.vogelwelt.com/wp-content/uploads/2016/11/VoWe135-131-146-Steiof-et-al-Vogelgrippe.pdf>
- Sturm-Ramirez, K. M., J. J. Hulse-Post, E. A. Govorkova, J. Humberd, P. Seiler, P. Puthavathana, C. Buranantjai, T. D. Nguyen, A. Chai Singh, H. T. Long, T. S. P. Naipospos, H. Chen, T. M. Ellis, Y. Guan, J. S. M. Peiris & R. G. Webster (2005): Are Ducks Contributing to the Endemicity of Highly Pathogenic H5N1 Influenza Virus in Asia? Journal of Virology, Sept. 2005: 11269-11279.
<https://journals.asm.org/doi/pdf/10.1128/jvi.79.17.11269-11279.2005>

TSIS, TierSeuchenInformationsSystem des Friedrich-Loeffler Instituts

<https://tsis.fli.de/cadenza/>

WAHIS, World Animal Health Information System der WOAH (World Organisation for Animal Health)

<https://wahis.woah.org/#/event-management>

Wikipedia (2007): 2007 Bernard Matthews H5N1 outbreak. (Zugriff 29.12.25)

https://en.wikipedia.org/wiki/2007_Bernard_Matthews_H5N1_outbreak

Korrespondierender Autor: Klemens Steiof (Potsdam), k.steiof@web.de

Publiziert auf Webseite Naturstiftung Kranichland: <https://www.stiftung-kranichland.org/>, Stand Januar 2026