

HSI WHITE PAPER

Der Zusammenhang
zwischen Nutztierhaltung,
viralen Zoonosen und
globalen Pandemien

September 2020
(teilweise aktualisiert März 2021)



HUMANE SOCIETY
INTERNATIONAL
EUROPE

Humane Society International - Europe

HSI ist eine weltweit agierende Tierschutzorganisation, die 1991 in den USA gegründet wurde und heute in über 50 Ländern vertreten ist. Wir engagieren uns für den Schutz von Wildtieren, die Entwicklung von Alternativen zu Tierversuchen, die Bewahrung von Meerestieren, die Förderung von pflanzenbasierter Ernährung und die Verbesserung der Lebensumstände von Tieren, die für Nahrung, Leder oder Fell gehalten werden.

HSI arbeitet sowohl vor Ort in Form von Rettungsaktionen unserer Einsatzteams, im Schutz für Straßenhunde und Katzen, als auch hinter den Kulissen, wo wir uns auf nationaler und internationaler Ebene für tierfreundliche Gesetzgebungen und Politik einsetzen.

HSI steht als Abkürzung für die 'Humane Society International' mit europäischem Sitz in Brüssel und deutscher Vertretung in Berlin. Seit 2019 hat HSI Landesbüros in Polen, Rumänien, Deutschland und Italien gegründet, um auch in diesen Ländern aktiv für den Tierschutz zu arbeiten und die Programme in Europa weiter auszubauen. Seit 2020 sind wir als HSI auch in Deutschland vertreten, um den Tierschutz auch hierzulande zu stärken.



Humane Society International - Europe

Kunstlaan 50
1000 Brüssel
Belgien

Landesbüro Deutschland

E-Mail: deutschland@hsi-europe.org
Telefon: 030/20608625

HSI/Europe ist eine eingetragene gemeinnützige Organisation (ASBL) mit Sitz in Brüssel, Belgien.

Registernummer im Handelsgericht Brüssel: 0562.718.279

Transparency Register ID Number: 05097472836-90

Inhaltsverzeichnis

| | |
|---|----|
| Einführung | 5 |
| Pandemierisiken in der Nutztierhaltung | 6 |
| RÄUMLICHE AUSDEHNUNG DER LANDWIRTSCHAFT | 6 |
| VIRALE VERSTÄRKUNGSMECHANISMEN | 7 |
| EINFLUSS DER BETRIEBSDICHTE | 7 |
| GLOBALER NUTZTIERHANDEL | 9 |
| LEBENDTIERMÄRKTE UND LANDWIRTSCHAFTLICHE MESSEN | 10 |
| Risiken durch bekannte Viruserkrankungen | 12 |
| AVIÄRE INFLUENZA (GEFLÜGELPEST ODER UGS. „VOGELGRIPPE“) | 12 |
| NIPAH-VIRUS | 14 |
| H1N1-SCHWEINEGRIPPE | 16 |
| EBOLA | 17 |
| MENANGLEVIRUS | 17 |
| PICOBIRNAVIREN | 18 |
| SARS UND ANDERE CORONA VIREN | 18 |
| KRANKHEIT "X" | 19 |
| Schlussfolgerungen | 19 |
| Quellenverzeichnis | 22 |



Hühner in Batteriekäfigen. Spanien. Jo-Anne McArthur/Animal Equality

Einführung

Der Ausbruch der COVID-19 Pandemie im Jahr 2020 lenkte die weltweite Aufmerksamkeit auf die wachsende globale Bedrohung durch neue Viruserkrankungen. Am 31. Dezember 2019 wurde die Weltgesundheitsorganisation (WHO) von den chinesischen Behörden über den Ausbruch eines neuartigen Coronavirus-Stammes informiert, der schwere Lungentzündungen verursacht¹ und später als SARS-CoV-2 bezeichnet wurde. Die zoonotische Viruserkrankung (übertragbar zwischen Mensch und Tier) breitete sich von China über Asien nach Europa, Nordamerika, Lateinamerika und in die ganze Welt aus. Am 11. März 2020 erklärte die WHO die Krankheit zur Pandemie; die erste Pandemie, die durch ein Coronavirus verursacht wurde.² Zum Zeitpunkt der Erstellung dieses Artikels (Stand August 2020) hat COVID-19 trotz der außerordentlichen multinationalen Maßnahmen des öffentlichen Gesundheitswesens zur Eindämmung der Ausbreitung mehr als 21 Millionen Infektionen mit 761.779 Todesfällen³ und einen beispiellosen wirtschaftlichen Schaden verursacht.

Update: Bis zum 16. März 2021 erfasste die WHO bereits knapp über 119.791.453 Millionen Infektionen und 2,652 Millionen Todesfälle.⁴

Während des ersten Ausbruchs wurden die meisten menschlichen Fälle auf einen Wildtiermarkt in der Stadt Wuhan, Provinz Hubei, China, zurückgeführt. Es wird vermutet, dass SARS-CoV-2 ursprünglich von Fledermäusen stammt und möglicherweise durch ein Zwischenwirtstier übertragen wurde, bevor es auch Menschen infizieren konnte.^{5,6}

Die Zahl der neu auftretenden Infektionskrankheiten steigt.⁷ Die meisten neuen humanen Krankheitserreger⁸, sowie die jüngsten Pandemien, waren Viruser-

WAS SIND VIREN?

Viren sind submikroskopische (~20-250 nm), einfache biologische Strukturen, die aus genetischem Material bestehen und von einer Proteinhülle, dem Kapsid, umgeben sind. Viren können sich nur durch Parasitierung einer lebenden Zelle vermehren. Sie infizieren alle Lebensformen, einschließlich Tieren, Pflanzen und Mikroorganismen, wie z. B. Bakterien. Sie sind allgegenwärtig, die am häufigsten vorkommenden organischen Strukturen der Erde, die in jeder Umgebung zu finden sind, von der Tiefsee bis zu heißen Quellen und unter dem Eis der polaren Seen.

Breitbart M und Rohwer F. 2005. Here a virus, there a virus, everywhere the same virus? Trends in Microbiology 13(6):278-84.

krankungen.⁹ Beispiele hierfür sind das „erworbene Immundefizienzsyndrom“ (AIDS), das „schwere akute respiratorische Syndrom“ (SARS) und die hochpathogene Vogelgrippe (HPAI). Die Mehrzahl der neu auftretenden zoonotischen Infektionskrankheiten geht von Wildtieren aus.¹⁰

Seit 1980 wurden im Durchschnitt über drei neue humanpathogene Arten pro Jahr entdeckt. Während nur ein kleiner Teil (weniger als 14 Prozent) aller anerkannten humanen Erkrankungen auf Viren zurückgeführt wird (die übrigen sind Bakterien, Pilze, Prionen usw.), waren fast 75 Prozent aller neu entdeckten Erreger Viren,¹¹ einschließlich der COVID-19-Pandemie 2020. Eine 2015 veröffentlichte systematische Analyse ergab, dass 91 Prozent der zoonotischen Viren von Wildtieren stammen können, 34 Prozent von Haustieren und 25 Prozent können sowohl von Wild- als auch von Haustieren stammen.¹²

Die Übertragung geschieht in beide Richtungen, auch Menschen können Krankheiten auf Tiere übertragen.¹³ Zum Beispiel können menschliche Influenza-A-Viren nachweislich Schweine infizieren.^{14, 15} Aufgrund ihrer jahrhundertelangen engen Nachbarschaft teilen Menschen mehr Viren mit domestizierten Tieren als mit Wildtieren.¹⁶

Pandemien – Krankheiten, die viele Menschen in verschiedenen Ländern gleichzeitig befallen – gab es zu allen Zeiten. Die Quellen von Pandemien können so vielfältig sein, wie deren Krankheitserscheinungen. Dieses Dokument beschreibt und untersucht pandemische und potenziell pandemische zoonotische Viren, die aus landwirtschaftlichen Umgebungen verbreitet werden, in denen Tiere als direkte, Zwischen- oder Verstärkerwirte dienen.

Die Art und Weise, wie wir mit Wild- und Haustieren umgehen, hat tiefgreifende Auswirkungen auf die öffentliche Gesundheit weltweit. Obwohl es grundsätzlich schwierig ist, zoonotische Pandemien vorherzusagen,^{17,18} gibt es viele bereits bekannte Risikofaktoren. Die globale Mobilität sowohl von Menschen als auch Tieren durch den Flugverkehr und den Handel mit Haus- und Wildtieren^{19, 20} sorgen dafür, dass sich potenzielle Krankheitserreger schneller als je zuvor in der ganzen Welt verbreiten. Wachsende urbane Zentren (mit hoher Einwohnerdichte) erleichtern die Übertragung in der Bevölkerung. Oft sind Lebendtiermärkte, auf denen sowohl heimische als auch exotische Arten als Lebensmittel verkauft und vor Ort geschlachtet werden, weit verbreitet. Diese Marktplätze bringen Menschen und Tiere (sowie deren Blut, Körperflüssigkeiten, Dung und Kadaver) in unmittelbare Nähe zueinander. Eine weitere Ursache

Welche Eigenschaften hat ein Virus?

Das Genom eines Virus ist nicht statisch, sondern befindet sich in einem Zustand der ständigen Veränderung. Viren replizieren sich schnell und kopieren ihr genetisches Material bei jeder Vermehrung oft ungenau. Innerhalb eines Wirts treten daher genetisch vielfältige Viruspopulationen auf, wobei viele verschiedene Genotypen als "Quasispezies" zirkulieren.³³²⁻³³³ Daher sind Viruspopulationen anpassungsfähig an neue Umgebungen, denn einige wenige reproduktionsfähige Viren können ganz neue Viruslinien erzeugen. Viren, die ein vielfältiges Wirtsspektrum infizieren, können zur Entstehung neuer menschlicher Erkrankungen führen.³³⁴⁻³³⁵ Durch die Analyse der Geschichte viraler Zoonosen, einschließlich aller bekannten Virus-Wirt-Beziehungen und früherer Muster des viralen Auftretens, schätzte ein Team von Wissenschaftlern des The Global Virome Project, dass es ca. 1,67 Millionen unentdeckte Virussarten in Säugetier- und Vogelwirten gibt und zwischen 631.000 und 827.000 von ihnen ein zoonotisches Potenzial haben.³³⁶

Ist die Zerstörung und das Eindringen des Menschen in natürliche Lebensräume.²¹ Anthropogene Eingriffe, die darauf abzielen, die steigende Nachfrage nach tierischem Eiweiß zu befriedigen, einschließlich der Intensivierung der Landwirtschaft mit hoher Tierdichte und räumlicher Konzentration, werden ebenfalls als wichtige potentielle Risikofaktoren erkannt.^{22-23, 24-25} ²⁶ Nutztiere in Intensivhaltung spielen eine entscheidende Rolle bei der Übertragung von Zoonose-Viren über Arten hinweg, sowie bei der Verstärkung der Krankheitsübertragung innerhalb der betroffenen Art und auf den Menschen.²⁷

Pandemierisiken in der Nutztierhaltung

RÄUMLICHE AUSDEHNUNG DER LANDWIRTSCHAFT

Eine der bedeutendsten Gefahren für die Ausbreitung neuer viraler Krankheitserreger ist der Kontakt von Nutz- zu Wildtieren, insbesondere in bisher nicht kultivierten geographischen Räumen. Einige der

Anthropogene Aktivitäten erhöhen das Risiko von neuen zoonotischen Infektionskrankheiten.

Aus der Erklärung der Vereinten Nationen aus dem Jahr 2020, Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD):

„In den letzten 60 Jahren sind die meisten neuen zoonotischen Krankheitserreger als Ergebnis menschlicher Aktivitäten aufgetreten, einschließlich Veränderungen in der Landnutzung (z. B. Entwaldung) und der Art und Weise, wie wir landwirtschaftliche und Lebensmittelproduktionssysteme verwalten“

Maruma Mrema, E. 2020. Statement, April 7. United National Convention on Biological Diversity. www.cbd.int/doc/speech/2020/sp-2020-04-07-health-en.pdf. Zugriff 21. August 2020.

artenreichsten Regionen der Erde sind die Tropen²⁸ und Feuchtgebiete.²⁹ Biologisch vielfältige Ökosysteme sind nicht nur reich an tierischem und pflanzlichem Leben, sondern auch ein natürliches Reservoir für Viren, die zwischen ihren tierischen Wirten zirkulieren und diesen wenig oder keinen Schaden zufügen. In ungestörten Naturräumen sind die natürlich vorkommenden Viruspopulationen weitgehend auf diese beschränkt. Allerdings werden sie durch menschliche Eingriffe empfindlich aus dem Gleichgewicht gebracht. Dies gilt im Besonderen für die Wälder Asiens, Afrikas und Südamerikas in Äquatornähe.³⁰⁻³¹ In der Vergangenheit wurde bereits ein Großteil der Waldflächen für die Landwirtschaft gerodet.³²

Durch die zunehmende Urbanisierung und den wachsenden Wohlstand hat sich die Produktion von Grundnahrungsmitteln auf pflanzlicher Basis zu einer fleischbetonten Ernährung gewandelt,³³ wobei die Wahl des tierischen Proteins je nach Kultur unterschiedlich ausfällt.³⁴ Es wird prognostiziert, dass der weltweite Fleisch- und Milchkonsum bis zum Jahr 2028 um 20 bzw. 40 Millionen Tonnen ansteigen wird.³⁵ Viele Faktoren treiben die Ernährungsumstellung in urbanen Gesellschaften voran: die Beteiligung von Frauen am Arbeitsmarkt, das Angebot und die Werbung für verzehfertige Gerichte,³⁶ sowie sozial-psychologische Faktoren, einschließlich der Assoziation von Fleischkonsum mit sozialem Status.³⁷

Die Nahrungsmittelproduktion führt zu weitreichenden Landnutzungsänderungen. Weltweit entfallen etwa 40 Prozent der Entwaldung in den Tropen und Subtropen auf die großflächige industrielle Landwirtschaft und weitere 33 Prozent auf die lokale Subsistenzlandwirtschaft.³⁸ Weit mehr Landfläche wird für die Nutztierhaltung genutzt als für jede andere menschliche Aktivität.³⁹

Im gleichen Maße, in dem menschliche Aktivitäten in natürliche Lebensräume eindringen, kommen wildle-

bende Arten vermehrt mit Menschen und Haustieren in Kontakt, was das Potenzial für Krankheitsübertragungen oder "Spillover"-Effekte erhöht.⁴⁰ Wenn auch nur in seltenen Fällen, können Viren durch ihre genetische Vielfalt auf einen neuen Wirt überspringen. Angesichts des Ausmaßes der globalen Landwirtschaft und der zunehmenden Ausbreitung in fast jede ökologische Nische, fungieren domestizierte Tiere als wichtige Brücke zwischen Wildtieren und Menschen. Eindeutige Beispiele hierfür sind das Nipahvirus, welches von Fledermäusen auf Schweine übersprang, die in der Nähe von tropischen Wäldern gezüchtet wurden, und die Vogelgrippe, die immer wieder in Geflügelbestände eingeschleppt wird, welche auf den Zugvogelrouten liegen.

VIRALE VERSTÄRKUNGSMCHANISMEN

Die heutige industrielle Landwirtschaft wurzelt im Bestreben der westlichen Länder, die Produktionskapazitäten und die Effizienz zu steigern, um tierische Nahrungsmittel für eine wachsende Bevölkerung verfügbar zu machen. Die damit verbundenen Tierhaltungssysteme, Maschinen, Futtermittel und gentechnischen Methoden wurden in die ganze Welt exportiert. Diese Industrialisierung der Nutztierhaltung ist auf dem Vormarsch, da die traditionelle Landwirtschaft durch größere und effizientere Betriebsformen mit Stallhaltung ersetzt wird. Industrielle Systeme sind meist stark automatisiert (z. B. mit Temperatur- und Feuchtigkeitskontrolle, Futter- und Wasserleitungen und Eiersammelbändern). Im globalen Vergleich werden Schweine, Masthühner, Legehennen und Enten oft intensiv gezüchtet, während Rinder, Schafe und Ziegen noch weitgehend extensiv auf Weiden gehalten werden. Die Haltung großer Tiergruppen in dicht bestückten Anlagen schafft "besondere Ökosysteme", die als Risikofaktor für die Entwicklung von zoonotischen Krankheitserregern und als potentielles Risiko für menschliche Populationen betrachtet werden sollten.⁴¹⁻⁴²

Große Betriebe mit vielen Tieren haben im Falle einer Infektion zudem eine größere potenzielle Viruslast.⁴³ In den intensivsten Haltungssystemen sind Legehennen, und zum Teil auch Masthühner, in Käfigen eingesperrt. Sauen werden häufig in sehr engen Ställen gehalten und können sich nicht einmal umdrehen. Angesichts dieser starken Einschränkung der Bewegungsfreiheit und der einhergehenden Verhinderung aller arttypischen natürlichen Verhaltensweisen, ist das Wohlergehen der Tiere in diesen intensiven Haltungssystemen oft stark beeinträchtigt.⁴⁴ Diese Käfige

und Boxen dienen auch dazu, mehr Tiere pro Fläche unterbringen zu können.

Wenn Tiere extensiv und mit wenig engem Kontakt gehalten werden (z. B. in Kleinstbetrieben), werden Krankheitserreger unter ihnen in aller Regel mit einer geringen Rate übertragen.⁴⁵ Wenn jedoch Tausende von Tieren auf engem Raum gehalten werden, entsteht ein Umfeld, in dem Viren (und Bakterien) durch viele Wirte wandern können. Dadurch können potenziell neue Virusstämme entstehen, die das Potential haben, Menschen zu infizieren. Eine 2013 in den Proceedings of the National Academy of Sciences veröffentlichte Übersichtsarbeit fand "starke Beweise dafür, dass moderne landwirtschaftliche Praktiken und intensivierte Systeme mit dem Auftreten und der Verstärkung von Krankheiten in Verbindung gebracht werden können".⁴⁶ So kann beispielsweise der Übergang von der niedrig pathogenen Vogelgrippe (LPAI) zur hoch pathogenen Vogelgrippe (HPAI) durch eine einzige Punktmutation erfolgen. In einer industriellen Geflügelproduktionsstätte mit Tausenden von eingesperrten und anfälligen Tieren steigt die Wahrscheinlichkeit einer solchen Mutation.⁴⁷

„Die meisten der neuen Krankheiten, die in den letzten Jahrzehnten beim Menschen aufgetaucht sind, sind tierischen Ursprungs und hängen mit dem Streben des Menschen nach mehr Nahrung aus tierischen Quellen zusammen.“

Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, p.2. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff am 21. August 2020.

EINFLUSS DER BETRIEBSDICHTEN

Während eine hohe Nutztierdichte innerhalb der Betriebe bereits ein Risikofaktor für die Verstärkung von Krankheiten ist, stellt die räumliche Konzentration von Betrieben in gleichen Regionen zusätzlich ein Risiko für die Ausbreitung von Krankheiten dar.⁴⁸ Intensive Produktion ist oft mit einer großen Anzahl von Tieren auf einer relativ kleinen Fläche verbunden.⁴⁹ Derartige Systeme finden sich häufiger in solchen Regionen, in denen Getreide preiswert und landwirtschaftliche Flächen reichlich vorhanden sind. Sie wachsen am schnellsten in der Nähe von dicht besiedelten und urbanisierten Umgebungen.⁵⁰ Das Ergebnis ist eine fortschreitende Zunahme der tierischen Bestände in begrenzten geografischen Räumen. Extensive Produktionssysteme werden zudem allmählich durch



Industrielle Schweineproduktion in Italien. Jo-Anne McArthur/Essere Animali

größflächigere und intensivere Systeme ersetzt.⁵¹ In Thailand und Vietnam beispielsweise konzentriert sich die intensive Geflügelproduktion in den Gebieten um Bangkok, Hanoi und Ho-Chi-Minh-Stadt, nahe den Verbrauchs- und Exportzentren.⁵²⁻⁵³ In Nigeria ist die mittlere und große Geflügelproduktion räumlich um die Nachfragezentren des urbanen Südens konzentriert (die Anzahl der Hühnerbetriebe liegt bei 40 Prozent in Stadtnähe und sinkt auf 25 Prozent in ländlicheren Gebieten).⁵⁴

In Verdichtungsräumen kann sich die Haltung mehrerer Arten (z. B. Schweine, Enten, Hühner) überschneiden.⁵⁵ Global konzentrieren sich Schweine- und Geflügelhaltung vor allem auf den mittleren Westen und den Südosten der Vereinigten Staaten,⁵⁶⁻⁵⁷ den Osten Chinas, Europa, Südbrasilien und Südostasien.⁵⁸⁻⁵⁹

Im europäischen und internationalen Vergleich kommt Deutschland hier eine besondere Bedeutung und Verantwortung zu. Deutschland ist der größte Produzent von Schweinefleisch in der EU⁶⁰ und ist hinter den USA der größte Exporteur von Schweinefleisch weltweit, mit hohen Absatzmengen nach China.⁶¹ Darüber hinaus ist Deutschland der größte Erzeuger von Kuhmilch⁶² und gehört zu den größten Produzenten von Geflügelfleisch⁶³ in der EU.

Wenn sich ein hochinfektiöser Erreger in einer Produktionsstätte ausbreitet, kann dieser auf benachbarte Betriebe übertragen werden.⁶⁴⁻⁶⁵ Betriebs- oder Dienstleistungspersonal, das sich zwischen den Standorten bewegt, etwa Tierärzte, Auslieferungsfahrer oder Personal, kann Krankheiten über Infektionsträger, wie z.B. Kleidung, Stiefel, Ausrüstung und Fahrzeuge verbreiten.⁶⁶⁻⁶⁷ Weitere potenzielle Übertragungswege sind Lastwagen, die Futter, Einstreu und lebende Tiere ausliefern. Oder solche, die tierische Abfälle einsammeln, auch wenn sie die Betriebe leer erreichen,⁶⁸⁻⁶⁹ und die Beseitigung toter Tiere vornehmen.⁷⁰ Sollte ein Virus auftreten, das von Mensch zu Mensch übertragen werden kann, könnte dieses von Mitarbeitern der Nutztierhaltungsanlagen innerhalb ihres Umfeldes weiterverbreitet werden.⁷¹⁻⁷²

In Anbetracht der Tatsache, dass es bereits mehrere Ausbrüche von HPAI in großen, industrialisierten Einrichtungen gab, kamen Wissenschaftler, die im Bereich der öffentlichen Gesundheit und der ländlichen Entwicklung arbeiten, zu dem Schluss:

Die Übertragung von Krankheiten zwischen Betrieben hängt weitgehend von Biosicherheitspraktiken ab. Industrielle Schweine- und Geflügelbetriebe unternehmen in der Regel große Anstrengungen, um das Eindringen und die Verbreitung von Krankheiten zu verhindern. Dazu gehören u.a. die Verwendung spezieller Geräte, die Installation von desinfizierenden Fußbädern an den Stalleingängen, die Beschränkung des Zutritts für Besucher, Reifenwaschanlagen für ankommende Fahrzeuge und die Einrichtung von Duschen an den Zugängen. Es wird zwar oft angenom-

In Anbetracht der Tatsache, dass es bereits mehrere Ausbrüche von HPAI in großen, industrialisierten Einrichtungen gab, kamen Wissenschaftler, die im Bereich der öffentlichen Gesundheit und der ländlichen Entwicklung arbeiten, zu dem Schluss:

“... Biosicherheitsmaßnahmen, die von einigen großindustriellen Geflügelbetrieben, auch in den Industrieländern, umgesetzt werden, sind möglicherweise unzureichend, um vor der Einschleppung von H5N1 zu schützen, wenn diese infrage gestellt werden.”

Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff am 21. August 2020.

men, dass größere und stärker integrierte Produktionsanlagen fortschrittlichere Bioschutzmaßnahmen verwenden, doch die Größe dieser Betriebe birgt inhärente Risiken.⁷³⁻⁷⁴ Für einen Produktionszyklus von 10.000 Masthühnern werden etwa 42 Tonnen Futter und 100.000 Liter Wasser verbraucht und 20 Tonnen Abfall erzeugt.⁷⁵ Jede Zugabe zum bzw. Entnahme vom Betrieb ist ein potenzieller Zugangsweg für Krankheiten.⁷⁶

Krankheitserreger können sich auf unerwartete Weise verbreiten. Belüftungssysteme zur Regulierung von Luftqualität, Wärme und Luftfeuchtigkeit wurden als große Gefahr für die Biosicherheit identifiziert⁷⁷ und können erhebliche Mengen an Feinstaub erzeugen, der potentiell Infektionserreger verbreiten kann, ebenso wie Fliegen und andere Insekten.⁷⁸ Auch das Abfallmanagement kann ein unterschätztes Risiko für mikrobielle Ansteckung sein.⁷⁹ Tierische Abfälle, die an Land entsorgt oder in Aquakulturen verwendet werden, können eine große Menge an Krankheitserregern enthalten und stellen ein Infektionsrisiko für Wildtiere dar.⁸⁰ Das Ausstallen infizierter Geflügelbestände und das Verbringen der Tiere aus den Ställen kann organisches Material aufwirbeln. Der Transport von infiziertem Geflügel auf öffentlichen Straßen ist ein möglicher Übertragungsweg, da es belasteten Staub und Aerosole infizierter Betriebe zu empfänglichen Tieren entlang der Transportwege tragen kann.⁸¹

Wenn Biosicherheitspläne versagen, treten staatliche Notfallpläne in Kraft. Um die Ausbreitung auf andere Betriebe zu verhindern, empfehlen internationale Richtlinien die “Ausrottung” der Krankheit,⁸² ⁸³ ein Euphemismus für die Massentötung von vielen tausend Tieren. Gesunde und nicht infizierte Tiere in der Umgebung werden zusammen mit infizierten Beständen getötet. Eine in den USA weit verbreitete Methode zur Vernichtung ganzer Geflügelbestände ist die Erstickung mit wasserbasiertem Löschschaum. Während des HPAI-Ausbruchs 2014-2016 führten jedoch Lücken in den amerikanischen Notfallplänen⁸⁴

und ein erheblicher Mangel an Ressourcen⁸⁵ zu der sporadischen Abschaltung der Lüftungssysteme.⁸⁶ Die dadurch entstehende Hyperthermie (extreme Hitze) und Hypoxie (Sauerstoffmangel) ließen die Tiere über mehrere Stunden hinweg verenden.⁸⁷ In den Entwicklungsregionen der Welt können große Bestände auch durch Massenvergrabung getötet werden, manchmal während die Tiere noch leben.⁸⁸ (Update vom 16. März 2021: Selbst hoch entwickelte Länder wie Dänemark haben Mühe, diese Situationen in den Griff zu bekommen. Es wurde berichtet, dass bis November 2020 nahezu die gesamte Population von 15-17 Millionen Nerzen aus Angst vor Covid-19-Mutationen⁸⁹ getötet und in Massengräbern entsorgt wurde, was zu Komplikationen führte, wie Kadaver, die wieder an der Oberfläche sichtbar wurden).⁹⁰

GLOBALER NUTZTIERHANDEL

Die großen globalen Bewegungsströme von Menschen, lebenden Tieren und Tierprodukten erhöhen die Wahrscheinlichkeit, dass sich ein neuartiger Krankheitserreger weltweit ausbreiten könnte. Obwohl es keine verbindlichen internationalen Vorschriften für den sicheren Handel mit Tieren und Tierprodukten gibt, spricht die Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE) Empfehlungen in ihrem Terrestrial Animal Health Code aus, welche vom Sanitary and Phytosanitary Agreement der Welthandelsorganisation (WTO) anerkannt sind.⁹¹ Mitgliedsländer der OIE melden Krankheitsausbrüche, und die globale Tiergesundheitslage wird den Handelspartnern mitgeteilt, um die Ausbreitung meldepflichtiger Tierkrankheiten zu verhindern, also solcher Erkrankungen, die weitreichende Auswirkungen auf die Wirtschaft oder die öffentliche Gesundheit haben können.⁹² Nach der Bestätigung eines Krankheitsausbruchs werden innerhalb eines Landes Kontrollbereiche um die betroffenen Betriebe eingerichtet.⁹³

Obwohl Millionen Tonnen tierischer Produkte weltweit gehandelt werden, erhöht dies normalerweise nicht

das Risiko einer internationalen Ausbreitung des Erregers.⁹⁴ Der globalisierte Handel mit lebenden Tieren kann jedoch trotz internationaler Sicherheitsvorkehrungen zu einer schnellen Übertragung von Krankheitserregern über große Entfernungen hinweg führen.⁹⁵ Tiere für die Zucht können interkontinental verschifft, zur Schlachtung bestimmte lebende Tiere über weite Strecken transportiert werden.⁹⁶

Die meisten Exporte lebender Schweine stammen aus Europa und Nordamerika. Im Bestreben, "verbesserte" Genetik einzuführen, werden Schweine häufig nach Asien transportiert.⁹⁷ Bei der globalen Ausbreitung der Schweinegrippe (H1N1) lassen sich geografisch zwei Hauptlinien eurasischer und nordamerikanischer Ursprungs zuteilen, welche in diesen Regionen endemisch sind. Durch die Untersuchung phylogenetischer Stammbäume und Ganzgenomsequenzdaten konnte nachgewiesen werden, dass durch die Langstreckentransporte von lebenden Schweinen nach Japan, Thailand, Vietnam und Südkorea beide Influenzastämme eingeschleppt wurden, die nun in den Schweinepopulationen dieser Importländer ko-zirkulieren.⁹⁸



Hunde, Katzen, Kaninchen, Hühner zum Verkauf auf dem Wet Market in der Autonomen Region Guangxi, China. April 2020. LZA

Auch auf regionaler Ebene können Tiertransporte Krankheiten durch etablierte Produktionsnetzwerke verbreiten, zum Beispiel von Kanada⁹⁹ oder dem Süden in den maisreichen Mittleren Westen der USA.¹⁰⁰ Diese etablierten Transportnetzwerke werden so häufig genutzt, dass sie bereits als "Schweinewege" bezeichnet werden.¹⁰¹ Sowohl der Binnentransport als auch der globale Transport von Schweinen konnte bereits mit der Bewegung und Vermischung von Influenzaviren über große Entfernungen in Verbindung gebracht werden.¹⁰²⁻¹⁰³

Weltweit stellen Influenza-A-Viren, die sich in Populationen von Hausschweinen etabliert haben, ein Pandemierisiko für Menschen dar.¹⁰⁴ Wie nachfolgend beschrieben, verbreitete sich das Virus 2009 durch einen Ausbruch der H1N1-Schweinegrippe in Mexiko und den USA mit anhaltender Übertragung von Mensch zu Mensch in 30 Ländern. Dieses Virus, welches durch die Verbringung von lebenden Schweinen auf den Plan trat, zirkulierte möglicherweise jahrelang in der US-Schweinepopulation, bevor es beim Menschen auftrat.¹⁰⁵

Langstreckentransporte können besonders riskant für die Ausbreitung von Krankheiten sein, auch weil sie für die Tiere stressig sind. Die bekannten immunsuppressiven Effekte von Stress können hierbei die Anfälligkeit der Tiere erhöhen.¹⁰⁶ Der Bovine Respiratory Disease Complex oder das "Transportfieber" sind seit langem als eine transportbedingte Erkrankung von Kälbern bekannt, die durch die additiven Effekte mehrerer Stressfaktoren verursacht wird,¹⁰⁷ einschließlich derer, die mit dem Absetzen und dem anschließenden Straßentransport der Kälber von der Weide zu den Mastbetrieben oder zur Auktion verbunden sind.

LEBENDTIERMÄRKTE UND LANDWIRTSCHAFTLICHE MESSEN

Im gesamten asiatischen Raum sind halboffene Lebensmittelmärkte, sogenannte "Wet Markets", üblich. Die Verkäufer verkaufen Gemüse, Obst, Fisch und lebendes Geflügel an Ständen, die entlang enger Gänge aufgereiht sind.¹⁰⁸ Auf einigen Märkten werden auch lebende Wildtiere wie Fledermäuse, Murmeltiere und Schlangen verkauft.¹⁰⁹ Lebendmärkte für Geflügel können mehrere Vogelarten anbieten, darunter Hühner, Enten, Gänse, Tauben und Wachteln, sowie exotische Wildfänge und Geflügel aus landwirtschaftlicher Produktion.¹¹⁰ Auf diesen Märkten kaufen die VerbraucherInnen Fleisch oder wählen lebende Tiere zur Schlachtung vor Ort, in Restaurants oder zu Hause aus.¹¹¹⁻¹¹² Da man in der Vergangenheit nicht über

Kühlungsmöglichkeiten bei Transport und Verkauf verfügte, gibt es eine kulturbedingte Vorliebe, frisch geschlachtete Tiere zu konsumieren. Trotz des Wachstums von Supermarktketten sind diese "Wet Markets" nach wie vor beliebt.¹¹³

Lebendtiermärkte sind Drehscheiben, auf denen Tiere verschiedener Herkunft in direkten und indirekten Kontakt gebracht werden.¹¹⁴ Neu auftretende und erneut auftretende Erreger haben höchstwahrscheinlich die unterschiedlichsten Wirtstiere.¹¹⁵ Die Vielfalt von eng gehaltenen Tieren auf Lebendmärkten erleichtert die Übertragung von Viren über verschiedene Spezies hinweg.¹¹⁶ Wenn die Tiere dicht beieinander stehen, unter hohem Stress, wird die Viruslast verstärkt.¹¹⁷

Millionen von lebenden Vögeln werden täglich zu Märkten in asiatischen Ballungszentren gebracht und geschlachtet.¹¹⁸ Infizierte Vögel können verkauft und geschlachtet werden, bevor sie Krankheitsanzeichen zeigen oder an der Infektion sterben. Mathematische Modellierungen haben gezeigt, dass das Influenzavirus nach der Einschleppung eines einzigen infektiösen Vogels ohne auffällige Symptome auf einen Markt sich hätte vermehren und zirkulieren können.¹¹⁹ In Indien zum Beispiel sind Ausbrüche von HPAI H5N1 in hohem Maße mit der Nähe zu Städten, verbesserten Straßennetzen und der Anbindung an Lebendvogelmärkte verbunden.¹²⁰

Märkte für lebende Tiere verbreiten Krankheitserreger zudem geografisch. Die Einfuhr von Tieren und der Handel innerhalb der Märkte schafft Netzwerke von potenziellen Übertragungswegen, eine "epidemiologische Schnittstelle" zwischen empfänglichen und infizierten Tierpopulationen, die eine schnelle Ausbreitung von Krankheitserregern über auch weite geografische Distanzen hinweg ermöglicht.¹²¹ In China sind Hühner die wichtigste gehandelte Geflügelart und werden sowohl innerhalb als auch zwischen Provinzen transportiert.¹²²

In der südchinesischen Provinz Guangdong transportieren Händler täglich Schweine von verschiedenen Betrieben aus mehreren Landkreisen über eine Entfernung von bis zu 1.417 km, um sie auf Großmärkten zu verkaufen. Dort können Schweine aus mehreren Betrieben in einer einzigen Stallanlage gemischt werden. In einigen Fällen bleiben die Schweine mehrere Tage auf den Großmärkten, bevor sie zu den Schlachthöfen

gebracht werden. Nach der Schlachtung wird das Fleisch verkauft, oft auf einem Gemüse- und Fleisch



Hühner in Batteriekäfigen. Spanien. Jo-Anne McArthur/Animals Equality market in der Nähe von Wohngebieten.¹²³

Großmärkte können besonders risikoreich sein, da Tiere, die durch diese Märkte wandern, dort mit infizierten Tieren in Kontakt kommen oder bestehende Infektionen einschleppen können. Lücken in den Hygienemaßnahmen (unzureichende Abfallbeseitigung, mangelnde Desinfektionsverfahren oder nicht-ordnungsgemäße Marktschließungsverfahren) sind bei Großhändlern dokumentiert worden.¹²⁴ Etwa 90 Prozent des lebenden Geflügels durchläuft Großmärkte, bevor es in Einzelhandelsmärkte gelangt.¹²⁵ Das H7N9-Virus von 2003 wurde in China höchstwahrscheinlich vom Großmarkt auf den Einzelhandel für lebende Tiere übertragen, bevor es zu Krankheitsfällen bei Menschen kam.¹²⁶

Märkte für lebende Tiere gibt es auch in westlichen Ländern wie den Vereinigten Staaten, vor allem in großen Städten, darunter New York.¹²⁷ Darüber hinaus sind Ausstellungen lebender Tiere und landwirtschaftliche Messen potenzielle Risikoquellen für die Übertragung zoonotischer Viruserkrankungen in den Vereinigten Staaten und anderen Ländern.¹²⁸ Ähnlich wie Lebendtiermärkte bringen landwirtschaftliche Messen mehrere Arten von potenziell gestressten Tieren über mehrere Tage in die Nähe von anderen Tieren und Menschen. Die Anwesenheit von Schweinen auf Märkten und Messen ist besonders besorgniserregend, da sie "ideale Überträger für Influenzaviren" sind, weil sie sowohl mit menschlicher als auch mit Vogelgrippe infiziert werden können.¹²⁹⁻¹³⁰ In mehreren US-Bundesstaaten, darunter Ohio, Indiana und Michigan, wurden Hunderte menschlicher Fälle von Influenza A (H3N2)

GRIPPEVIREN

Inflenzaviren sind einzelsträngige RNA, mit zwei Oberflächenglykoproteinen, Hämagglutinin (H) und Neuraminidase (N), die Grundlage für die Benennung von Influenzastämmen sind. Es gibt 18 H- und 11 N-Subtypen.

Die aviäre Influenza wird nach ihrer Virulenz für Hühner kategorisiert: niedrigpathogene aviäre Influenza (LPAI) und hochpathogene aviäre Influenza (HPAI). LPAI-Viren können jedes der Hämagglutinin- (H1-15) und Neuraminidase (N1-9) Subtypen sein, obwohl nur von H5 und H7 bekannt ist, dass sie sich zu HPAI entwickeln können.

Suarez DL. 2000. Evolution of avian influenza viruses. *Veterinary Microbiology* 74(1-2):15-27.

mit landwirtschaftlichen Messen in Verbindung gebracht.¹³¹⁻¹³² Bei einem Ausbruch im Jahr 2012 wurden 11 Personen stationär behandelt, darunter mehrere (Klein-)Kinder, die direkten oder indirekten Kontakt mit Schweinen hatten.¹³³ Ausstellungen von Schweinen auf landwirtschaftlichen Messen könnten auch eine Rolle bei der H1N1-Pandemie gespielt haben.¹³⁴

Risiken durch bekannte Viruserkrankungen

AVIÄRE INFLUENZA (GEFLÜGELPEST ODER UGS. „VOGELGRIPPE“)

Die Vogelgrippe dezimiert seit mehr als hundert Jahren regelmäßig Geflügelbestände,¹³⁵ und löste bereits drei Influenza-A-Pandemien beim Menschen aus: Die H2N2-Grippe in Asien von 1957, die H3N2-Grippe in Hongkong von 1968 und die neuere Schweinegrippe von 2009, die durch H1N1 verursacht wurde (siehe unten). HPAI-Ausbrüche in Hongkong,¹³⁶ Südafrika,¹³⁷ den Vereinigten Staaten, Mexiko, Deutschland Italien, den Niederlanden und Kanada seit 1983 führten bei ihrem Auftreten zum Tod und zur Dezimierung von jeweils mehr als einer Million Vögeln.¹³⁸ Hunderte Menschen starben daran.¹³⁹ Aktuell (Stand vom 16. März 2021) beunruhigen HPAI H5-Ausbrüche wieder die Bevölkerung in ganz Europa. In Deutschland wurden zwischen Ende Oktober 2020 und Februar 2021 mehr als 650 HPAI H5-Fälle bei Wildvögeln nachgewiesen, bei Geflügel gab es 66 Ausbrüche, darunter drei bei Zoovögeln.¹⁴⁰ Außerhalb Deutschlands wurden insgesamt 572 Ausbrüche bei Geflügel in 25 europäischen Ländern gemeldet, mit mehreren Millionen toten Tieren.¹⁴¹ Bei HPAI-Viren besteht stets die Möglichkeit ein-

er Mutation, also einer genetischen Veränderung, die ein breiteres Wirtsspektrum ermöglicht.¹⁴² Dies zeigt auch die Entwicklung in Russland, wo die russischen Gesundheitsbehörden im Februar 2021 bekannt gaben, dass sich sieben Mitarbeiter eines Geflügelmastbetriebes weltweit erstmals mit dem HPAI-Subtyp H5N8 infiziert haben.¹⁴³

H5N1 verursacht schwere Symptome und verläuft in über 50 Prozent der bekannten Fälle beim Menschen tödlich.¹⁴⁴⁻¹⁴⁵ Selbst bei einer deutlich geringeren Sterblichkeitsrate könnte das Virus, wenn es zu einer Form mutiert, die leicht von Mensch zu Mensch übertragbar ist, zu einer viel ernsteren globalen Pandemie werden als der Ausbruch von COVID-19 im Jahr 2020. Die aktuellen Stämme der aviären Influenza haben sich im letzten Jahrhundert diversifiziert und zirkulieren in wilden Wasservogelpopulationen.¹⁴⁶ Anseriformes (hauptsächlich Enten und Gänse) und Charadriiformes (Möwen und Küstenvögel) sind das primäre natürliche Reservoir von Influenza-A-Viren mit niedriger Virulenz.¹⁴⁷ Diese Viren werden mit wenig oder gar keinem Schaden für die Vögel übertragen.¹⁴⁸⁻¹⁴⁹

Aviäre Inflenzaviren können von wilden Wasservogelpopulationen auf Hausgeflügel übertragen werden. In asiatischen Ländern wie China,¹⁵⁰ Thailand¹⁵¹ und Bangladesch¹⁵² werden domestizierte Enten, die für die kommerzielle Produktion gezüchtet werden, häufig in Reisfeldern ausgesetzt, die sich meist in (ehemals) natürlichen Feuchtgebieten befinden. Dieser Lebensraum wild lebender Wasservögel steht durch die Intensivierung der Landwirtschaft unter zunehmendem Druck.¹⁵³ Während Zugvögel seit Jahrtausenden in etablierten, sich überschneidenden Flugrouten den Globus überqueren, ist domestiziertes Geflügel, das innerhalb dieser alten Routen gezüchtet wird, aus evolutionärer Sicht eher neu.

Einschleppungen der Vogelgrippe bei Geflügel kommen häufig vor, begrenzen sich jedoch in der Regel selbst oder werden durch Maßnahmen zur Seuchenbekämpfung gestoppt. Wenn ein Influenzavirus eine neue Wirtsspezies infiziert, überträgt es sich selten in einem Ausmaß, das eine Epidemie auslösen könnte. Die Übertragung eines Erregers nimmt hingegen tendenziell mit der Wirtsdichte zu. Das Wachstum der Geflügelproduktion in den letzten dreißig Jahren hat eine enorme ökologische Nische für aviäre Inflenzaviren geschaffen.¹⁵⁴⁻¹⁵⁵ Nachdem sie auf Hausgeflügel übertragen wurden und in diesen Populationen zirkulierten, gab es mehrere Fälle, in denen das Virus auch eine begrenzte Fähigkeit zur Infizierung von Menschen zeigte.¹⁵⁶

Der Ausbruch der Vogelgrippe in Hongkong Ende des 20. Jahrhunderts löste die globale Ausbreitung mehrerer H5N1-Genotypen¹⁵⁷ aus und war das erste Mal, dass ein rein aviäres Influenzavirus beim Menschen zu Atemwegserkrankungen und Tod führte.¹⁵⁸ In den Jahren vor dem Ausbruch 1997 hatte sich die lokale Hühnerindustrie in den Außenbezirken von Hongkong von Klein- und Subsistenzbetrieben zu intensiveren Haltungssystemen gewandelt. Die Konzentration der Betriebe nahm zu und erreichte eine Dichte von 20 Betrieben pro Quadratkilometer mit insgesamt über 400.000 Vögeln. Die umliegenden Betriebe und solche, die aus Südchina importierten, verkauften Hühner, Enten, Gänse, Wachteln und Tauben an etwa 1.000 Einzelhandelsgeschäfte und Stände in der Stadt. Die Vögel schlachtete man auf den Märkten, wo etwa 120.000 Stück Lebendgeflügel täglich verkauft wurden.¹⁵⁹

Es wird angenommen, dass der Stamm der Goose/Guangdong (Gs/Gd)-Linie, welcher diesen Ausbruch verursachte, von wandernden Wasservögeln stammt, die kommerzielle Geflügelbestände in der Umgebung von Hongkong infizierten.¹⁶⁰ Der Ausbruch begann mit dem Tod von 2.000 Vögeln in einem Zuchtbestand (100 Prozent Mortalität), dem eine Infektion in zwei nahe gelegenen Beständen folgte, in welchen 75 Prozent der Vögel starben. Die erste bekannte menschl-

che Infektion im Zusammenhang mit dem Ausbruch wurde im Mai 1997 bei einem dreijährigen Jungen festgestellt, der dies nicht überlebte. Im November und Dezember wurden weitere Ansteckungen bei Menschen dokumentiert, gleichzeitig wurde auch verendendes Geflügel in Marktständen positiv auf eine H5N1-Infektion getestet. Über einen weiteren Ausbruch in einem lokalen Betrieb wurde am 21. Dezember berichtet, bei dem sich die Infektion langsam über eine Reihe von Käfigvögeln verbreitet hatte. Daraufhin wurde die Entscheidung getroffen, sämtliches Geflügel von Hongkonger Märkten und Betrieben zu töten. Bis zu 1,5 Millionen Vögel wurden anschließend vernichtet. Insgesamt gab es achtzehn gemeldete menschliche Infektionsfälle im Zusammenhang mit dem Ausbruch, von denen sechs tödlich verliefen.¹⁶¹

Seit HPAI H5N1 im März 1997 erstmals Geflügel in Hongkong infizierte, hat sich eine Vielzahl von Verbreitungslinien über den Globus gebildet, auf denen Zugvögel das Virus interkontinental übertrugen.¹⁶² Seit 1996 sind mindestens 21 Varianten aufgetreten,¹⁶³ wobei mehr als 40 Genotypen von H5N1-Viren allein in China gefunden werden konnten¹⁶⁴ und das Virus nun bei Geflügel in Asien etabliert ist (endemisch).¹⁶⁵⁻¹⁶⁶ Neue H5- und H7-Subtypen, die Menschen infizieren, sind ebenfalls aufgetreten. Insgesamt wurden bislang 2.644 laborbestätigte Vogelgrippefälle bei Menschen in



Industrielle Schweinezucht in Italien. Jo-Anne McArthur/Essere Animali

mehr als 20 Ländern bestätigt.¹⁶⁷

Der Handel ist klar ein Verbreitungsweg für die lokale und regionale Krankheitsübertragung.¹⁶⁸ Sowohl Märkte für lebende Vögel, als auch der legale und illegale Handel mit Lebendgeflügel abseits der Märkte haben die Krankheit ebenso verbreitet wie Wildvögel.¹⁶⁹ Die Übertragungsmuster der Vogelgrippe zeigen, dass sie Bestände aller Art infizieren kann, selbst in Gebieten der Welt, in denen hohe Biosicherheit Standard ist.¹⁷⁰ Geflügelpestviren können sich zu virulenteren Formen entwickeln, nachdem sie sich in großen Gruppen von eng zusammenlebenden Tieren ausgebreitet haben.¹⁷¹ Da Bestände mit LPAI nur milde Krankheitssymptome aufzeigen, die nicht von anderen häufig auftretenden Erkrankungen zu unterscheiden sind, können die Viren auf unbestimmte Zeit zirkulieren und allmählich zu höher pathogenen Formen mutieren. Sowohl H5- als auch H7-Viren haben diese Fähigkeit.¹⁷² Es gibt mehrere dokumentierte Fälle, in denen HPAI auftrat, nachdem sich LPAI in Hausgeflügelbeständen ausgebreitet hatte, z. B. 1994 in Mexiko, 1999 in Italien,¹⁷³ 2003 in den Niederlanden,¹⁷⁴ und 2004 in British Columbia.¹⁷⁵ In einer 2018 durchgeführten Analyse von 39 Fällen bei Hausgeflügel wurde bei allen bis auf zwei Fälle in kommerzieller Geflügelproduktion eine Umwandlung von LPAI in die hochpathogene Form beobachtet.¹⁷⁶ Während sich diese Ergebnisse durch die bessere Beobachtung und Dokumentation in großen Betrieben erklären könnten,¹⁷⁷ geht man derzeit davon aus, dass HPAI normalerweise in intensiven Geflügelzuchtbedingungen auftritt,¹⁷⁸ 179 180 einschließlich kommerzieller Freilandhaltung.¹⁸¹ Die meisten dokumentierten Übertragungen fanden in Ländern mit hohen Profiten aus Geflügelzucht statt, die sich zudem in Gebieten mit hoher Geflügeldichte befanden. Nur zwei Fälle wurden in ländlichen Kleinbetrieben dokumentiert, die in Italien und Frankreich in Regionen mit intensiver Geflügelproduktion lagen.¹⁸² Wenn neue Influenza-Stämme auftreten, können sie sowohl durch Wildvögel, als auch über den Handel mit Hausgeflügel verbreitet werden.¹⁸³

Trotz der milden anfänglichen Symptome einer Infektion ist das Vorhandensein eines H5- oder H7-Virus bei Geflügel aufgrund seines Mutationspotenzials immer Anlass zur Sorge. Aus diesem Grund verlangt die Weltorganisation für Tiergesundheit die Meldung aller Fälle von H5- oder H7-Vogelgrippe,¹⁸⁴ auch wenn es sich dabei nicht um hochpathogene Formen handelt.

Angesichts des enormen globalen Handels mit Industrie- und Kleinbauerngeflügel, der Möglichkeiten für eine Übertragung zwischen Tier und Mensch schafft, bleibt die Zahl der H5N1-Vogelgrippefälle beim Mensch verhältnismäßig gering.¹⁸⁵ Wenn jedoch Vogel- und

Humaninfluenzaviren das gleiche Individuum infizieren oder ein Virus allmählich zu einer neuen, infektiöseren Form mutiert, könnte eine Pandemie beim Menschen auftreten.¹⁸⁶ 187 Das persistente H5N1-Virus in Südchina wurde immer wieder in nahe gelegene Länder, wie Vietnam und Indonesien, eingeschleppt.¹⁸⁸ Das Vogelgrippevirus hat "eine feste ökologische Nische"¹⁸⁹, und es ist zu erwarten, dass weitere HPAI-Stämme entstehen werden.¹⁹⁰ Es dürfte nur eine Frage der Zeit sein, bis ein Vogelgrippevirus durch eine Mutation in der Lage ist, zwischen Menschen übertragen zu werden. Dies birgt großes Potenzial für eine globale Pandemie.¹⁹¹ 192

Sollte es dazu kommen, legen Erkenntnisse aus vergangenen Virusepidemien nahe, dass die Vorräte an Impfstoffen und Virostatika nur eine begrenzte Wirkung auf die damit verbundene Krankheits- und Sterblichkeitsrate haben würden.¹⁹³ Da die Viren mutieren und genetisch vielfältig sind, wäre die Auswahl der Kandidatenviren für die Entwicklung von Humanimpfstoffen schwierig und müsste fortlaufend aktualisiert werden.¹⁹⁴ Auf einen Ausbruch der Vogelgrippe eines globalen Ausmaßes sind wir gesellschaftlich und medizinisch nicht vorbereitet.

NIPAH-VIRUS

Die Schweinemast war ein bedeutender Faktor bei der Verbreitung des Nipah-Virus (NiV) und der Erstinfektion des Menschen. Das Nipah-Virus ist nach dem Dorf Sungei Nipah in Malaysia benannt.¹⁹⁵ Das natürliche Reservoir für NiV ist die Pteropus spp., auch Fruchtfledermaus genannt, allgemein bekannt als Flughund. Beim Menschen verursacht eine Infektion mit NiV Kopfschmerzen, Fieber und Krampfanfälle, die zu Bewusstlosigkeit führen können.¹⁹⁶ Die Sterblichkeitsrate liegt bei bis zu 75 Prozent.¹⁹⁷ Gegenwärtig gibt es keine antiviralen Medikamente gegen die Nipah-Virus-Krankheit oder Impfstoffe für Tiere oder Menschen.¹⁹⁸

Der Auslöser für das Auftreten von NiV ist ungewiss, aber es wird angenommen, dass die unmittelbare Nähe zu intensiven Schweinemastbetrieben bei der Nahrungssuche von Fruchtfledermäusen in Obstgärten die Übertragung des neuartigen Paramyxovirus erleichtert hat.¹⁹⁹ Der Indexbetrieb, in dem der erste Ausbruch dokumentiert werden konnte, beherbergte etwa 30.000 Schweine. Dieser Betrieb lieferte Jungsauen (junge weibliche Schweine, die noch nicht geboren haben) und Ferkel an kleinere Betriebe in der Umgebung.²⁰⁰

Infektionen beim Menschen wurden erstmals 1997 dokumentiert,²⁰¹ mit letztlich 265 Fällen von viraler Enzephalitis in Malaysia und 105 Todesfällen.²⁰² In allen Fällen lag ein enger Kontakt mit Schweinen vor.²⁰³ Die Krankheit verursachte eine Vielzahl an Symptomen bei Schweinen, etwa erschwerte Atmung, starker Husten, Zittern und andere neurologischen Zuckungen. Auch mildere Krankheitsverläufe wurden beobachtet. Die Sterblichkeitsrate bei heranwachsenden Schweinen lag bei 1-5 Prozent, bei Ferkeln jedoch um ein Vielfaches höher (ca. 40 Prozent), was möglicherweise darauf zurückzuführen war, dass die Sauen ihre Jungen nicht säugen konnten.²⁰⁴

Das Virus verbreitete sich unter Schweinen, die auf engstem Raum gehalten wurden, möglicherweise durch oral-nasalen Kontakt, künstliche Besamung und nicht-sterilisierte Nadeln oder Geräte. Auch Hofhund und Katzen könnten bei der Verbreitung des Virus eine Rolle gespielt haben.²⁰⁵ Das Virus wurde auch von Betrieben in Gebieten mit hoher Schweinemastdichte in angrenzende Bundesstaaten übertragen.²⁰⁶ Zum Zeitpunkt des Ausbruchs hatte die Halbinsel Malaysia einen Schweinebestand von 2,4 Millionen Tieren. Infizierte Schweine, wie z. B. Ersatz-Zuchtsauen, wurden sowohl zwischen als auch innerhalb von (malaysischen) Bundesstaaten und Betrieben bewegt.²⁰⁷

Das Virus verbreitete sich auch in anderen Ländern. Im März 1999 wurden in Singapurs Krankenhäusern 11 dokumentierte Fälle von fiebriger Enzephalitis oder Lungenentzündung behandelt, einer davon mit Todesfolge. Alle Patienten waren männlich und arbeiteten mit Schweinen im selben Schlachthof.²⁰⁸ Es wurde festgestellt, dass sie sich bei lebenden Schweinen infiziert hatten, die aus Malaysia zur Schlachtung importiert worden waren.²⁰⁹ In dem Bemühen, die Ausbreitung zu verhindern, wurden von Ende Februar bis April

1999 insgesamt 901.228 Schweine aus 896 Betrieben getötet.²¹⁰

Der Ausbruch in den Schweinemastbetrieben verursachte Panik und Trauer unter den Angestellten, deren Familienmitglieder in einigen Fällen erkrankten oder starben. Einige Betriebe wurden geschlossen und die Tiere ohne Futter und Wasser zurückgelassen. Der Transport von Schweinen zu Verkaufsstätten wurde gestoppt und die Tiere in vielen Fällen durch Erschießen getötet, entweder in Gruben oder in den Ställen.²¹¹

Erneute Ausbrüche in Bangladesch und Indien im Jahr 2001 wurden auf den Verzehr von rohem Dattelpalmsaft zurückgeführt, der durch Fruchtfledermäuse kontaminiert war.²¹² In diesen Gebieten kam es auch später regelmäßig zu Ausbrüchen.²¹³ Im Jahr 2014 wurden siebzehn Menschen mit einem Henipa-Virus infiziert, wahrscheinlich NiV oder ein eng verwandtes Virus. Dieses verursachte schwere Erkrankungen bei Menschen und Pferden im Süden der Philippinen mit hoher Sterblichkeitsrate. Die Pferde wurden höchstwahrscheinlich von Flughunden infiziert. Es wird angenommen, dass Menschen beim Schlachten von infizierten Pferden und/oder durch den Verzehr von unzureichend gegartem Fleisch dieser Tiere infiziert wurden. Im weiteren Verlauf wurde die Krankheit von infizierten Menschen auf andere Menschen übertragen.²¹⁴

NiV breitet sich in verschiedenen Teilen der Welt aus und hat ein Potential für schwere und großflächige Krankheitsausbrüche.²¹⁵ Es verursacht in den meisten Fällen einen schweren Krankheitsverlauf. In Bangladesch und Indien liegt die Sterblichkeitsrate von infizierten Personen bei 70 Prozent. Obwohl die Übertragung zwischen Menschen bisher nur begrenzt beobachtet

Wie die Wissenschaftler der Kansas State University und der Avian Flu bereits warnten, hatte das neuartige neu zusammengesetzte Schweinegrippe-Virus mit Pandemiepotenzial seinen Ursprung bei Schweinen, sie bezeichneten diese als "virale Mischgefäße". In ihrer veröffentlichten Arbeit sagten sie jedoch nicht nur eine Pandemie voraus – vielmehr erhielten ihre Warnungen im Jahr 2020 besondere Relevanz:

"Obwohl Schweine neuartige Influenzaviren erzeugen können, die in der Lage sind, Menschen zu infizieren, ist es derzeit schwierig vorherzusagen, welches spezielle Virus die nächste menschliche Influenza-Pandemie verursachen wird. Der Indexfall ("Patient Null"), welcher wahrscheinlich einen Wildvogel, ein Huhn oder eine Hausente mit einem Schwein und/oder einem Menschen verbindet, könnte überall auf der Welt zu finden sein, aber ein südostasiatischer "wet market" ist am wahrscheinlichsten der Ort, an dem das nächste Pandemievirus erzeugt wird."

Ma W, Kahn RE, and Richt JA. 2009. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *Journal of Molecular and Genetic Medicine* 3(1):158-66. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2702078/. Zugriff 21. August 2020

wurde, wird vermutet, dass die Entwicklung eines neuen Stammes mit anhaltender Übertragung von Mensch zu Mensch zu einer der "verheerendsten Pandemien der Menschheit" werden könnte.²¹⁶

H1N1-SCHWEINEGRIPPE

Fast das gesamte 20. Jahrhundert über waren Schweine in Nordamerika und Europa hauptsächlich mit einem Influenza-Subtyp infiziert, der klassischen Schweinegrippe. Diese nahm wahrscheinlich in der Influenza-Pandemie von 1918 ihren Ursprung,^{217 218} in dessen Verlauf etwa 50 Millionen Menschen starben.^{219 220} Ab den späten 1990er Jahren begannen auch neue Influenzastämme, Schweine zu infizieren.²²¹ Eine Hypothese für das neue Auftreten dieser Influenza-Varianten ist eine Zunahme der Bestandszahlen durch wachsende Betriebsgrößen.²²² Eine 2017 veröffentlichte Metaanalyse ergab, dass Influenza-Viren in Schweinemastbetrieben mit höherer Besatzdichte und größerer Anzahl an Tieren häufiger vorkommen.²²³ Eine brasilianische Studie verglich die Prävalenz von Influenza in extensiven und intensiven Schweinebetrieben: etwa ein Viertel der genommenen Proben aus intensiven Betrieben konnte als positiv identifiziert werden, während es in extensiven Beständen keine positiven Ergebnisse gab.²²⁴

Schweine verfügen in ihren Atemwegen über Rezeptoren²²⁵ sowohl für die Säugetier- als auch für die Vogelgrippe des Typs A, weshalb ein mögliches "dreifach reassortiertes Virus" mit Abstammung von Mensch/Vögeln/Schweinen Anlass zur Sorge gibt.²²⁶ Anfang 2009 erschien eine gemeinsam erstellte Übersicht von Wissenschaftlern des College of Veterinary Medicine an der Kansas State University und der Avian Flu Action in Cheshire, Großbritannien. Darin wurde die Theorie von Schweinen als potentiellen Trägern von Influenzastämmen von Menschen und Vögeln beschrieben, was ein Risiko für die Entwicklung zukünftiger Pandemiestämme bergen könnte.²²⁷ Die Autoren schrieben umsichtig und vorausschauend, dass "die Entstehung neu zusammengesetzter Schweine-Influenza-Viren mit zoonotischen und pandemischen Potential auch in modernen Schweinemastanlagen im hintersten Winkel eines hochindustrialisierten Landes in Nordamerika oder Westeuropa passieren könnte."²²⁸

Nur wenige Monate nach der Veröffentlichung dieses Berichts sah sich die Welt zum ersten Mal seit 40 Jahren mit einer Influenza-Pandemie konfrontiert.²²⁹ Im März und April 2009 kam es zu einem Ausbruch von Atemwegserkrankungen in La Gloria, Veracruz, Mexiko. Nachfolgende Tests wiesen darauf hin, dass

mindestens ein Patient mit einem neuartigen H1N1-Influenza-Virus infiziert war.²³⁰ Frühe Spekulationen machten eine nahegelegene intensive Schweinemastanlage verantwortlich, obwohl das Unternehmen angab, dass keine Schweine in seiner Einrichtung infiziert waren.²³¹ Im April meldeten die U.S. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) zwei Fälle in Südkalifornien²³² und gaben eine Woche später an, dass sechs weitere Personen in Kalifornien und Texas ebenfalls positiv auf H1N1 getestet wurden. In all diesen Fällen gab es keinen bekannten Kontakt zu Schweinen, was darauf hindeutet, dass sie sich wahrscheinlich bei anderen infizierten Personen infiziert hatten.²³³ In der letzten Aprilwoche 2009 berief die WHO ein Notfallkomitee ein, um das Auftreten dieses neuartigen Influenzavirus in Nordamerika zu bewerten.^{234 235}

Während das erste Übertragungsereignis vom Schwein auf den Menschen ungeklärt ist, schätzten frühe Untersuchungen, dass die erste Infektion im La-Gloria-Cluster um den 15. Februar 2009 stattgefunden haben könnte.²³⁶ Separate Arbeiten, die genetische H1N1-Daten untersuchen, deuten mit einer hohen Wahrscheinlichkeit darauf hin, dass die Infektion in Mexiko begann,²³⁷ was zu der Vermutung führt, dass das Virus von dort in die Vereinigten Staaten gelangte. Während der Übertragungsweg für die pandemische H1N1-Infektion nicht genau bekannt ist, haben frühere Untersuchungen von sporadischen Infektionen mit der dreifachen Schweinegrippe bei Menschen zwischen 2005 und 2009 gezeigt, dass die Patienten in den meisten Fällen auf Messen, Bauernhöfen oder Märkten für lebende Tiere mit Schweinen in Kontakt gekommen waren.²³⁸

Im Juni, nur zwei Monate nach der Identifizierung von H1N1, gab die WHO bekannt, dass dieser neuartige Grippestamm die Kriterien zur Einstufung als Pandemie erfüllte.²³⁹ Zum Zeitpunkt dieser Ankündigung im Juni hatten sich fast 30.000 Menschen mit dem Virus infiziert²⁴⁰ und bis Dezember 2010 waren schätzungsweise 11-18 Prozent der Weltbevölkerung infiziert.²⁴¹ Innerhalb des ersten Jahres, in dem das Virus zirkulierte, könnte die Zahl der Todesfälle weltweit zwischen 150.000 und 575.000 gelegen haben, so schätzte die CDC.²⁴²

Die Untersuchung der Schweinegrippe in Mexiko ergab Hinweise auf einen umfangreichen genetischen Austausch zwischen Menschen und Schweinen, sowie zwischen in- und ausländischen Schweinen. Durch Importe von lebenden Schweinen in den 1990er Jahren wurden wahrscheinlich neue Schweine-Influenzastämme aus den Vereinigten Staaten und Europa

eingeführt.^{243 244} Das Auftreten dieses Pandemiestammes stand somit in engem Zusammenhang mit dem Anstieg der mexikanischen Importe von lebenden Schweinen.²⁴⁵

Die Analyse von viralen Vorläufern der H1N1-Variante bestätigte, dass diese von Schweinen stammten, sie enthielten aber auch Gene von Vogel-, Human- und anderen Schweine-Influenza-Stämmen,^{246 247} die möglicherweise schon seit Jahren zirkulieren. Ein Vorläufer der H1N1-Pandemie war ein Ausbruch von Atemwegserkrankungen in Schweinepopulationen im Mittleren Westen im Jahr 1998.²⁴⁸ Bei der Untersuchung der Ursache stellten Wissenschaftler fest, dass "... die genetische Analyse der 1998 aus Schweinen isolierten Influenza-Viren zwingende Beweise für die Übertragung von Influenza-Viren von Menschen und Vögeln auf Schweine und einer genetischen Mischung der Influenza-A-Viren des Menschen, des Schweins und der Vögel lieferte." Dies war die erste bekannte dreifach-reassortierte Schweine-/Vogel-/Human-Influenza²⁴⁹, der virale Vorläufer des pandemischen H1N1. Ernsthafte Besorgnis löste auch eine im Juni 2020 veröffentlichte Studie aus, die über Provinzen in China mit hoher Schweinepopulationsdichte berichtete, in denen es seit 2016 immer häufiger zu Infektionen mit einem neuen reassortierten H1N1-Virus mit der Bezeichnung G4 kam. Das neue Virus umfasste die europäischen und asiatischen Linien der Vogelgrippe, den mit der Pandemie 2009 assoziierten H1N1-Stamm und einen nordamerikanischen H1N1-Stamm (mit genetischem Material von Schweine-, Human- und Vogelgrippeviren). Die Autoren kamen zu dem Schluss, dass dieses Virus "alle wesentlichen Merkmale eines Pandemiekandidaten" aufwies.²⁵⁰

EBOLA

Im Jahr 1976 wurde das akute virale hämorrhagische Fieber bei 318 Menschen in Zaire beschrieben.²⁵¹ Zu den Symptomen des Ebolavirus gehören Fieber, Muskel- und Kopfschmerzen, gefolgt von Erbrechen, Durchfall, Hautausschlag sowie inneren und äußeren Blutungen.²⁵² Ebolaviren, umhüllte RNA-Filoviren, sind hoch ansteckend und resultieren bei menschlichen Ausbrüchen in Todesraten von bis zu 90 Prozent.²⁵³ Die Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt durch direkten Kontakt mit Blut, Sekreten und Sperma von infizierten Personen.²⁵⁴ Es gibt vier Stämme, die beim Menschen Krankheiten verursachen,²⁵⁵ und auch Schweine infizieren können.²⁵⁶ Bei einer Infektion mit Zaire-Ebola entwickeln diese eine Atemwegsinfektion, wobei sie das Virus bis 14 Tage nach der Infektion aus der Mund- und Nasenschleimhaut ausscheiden und

auf diesem Wege andere Schweine infizieren können.²⁵⁷ Im Gegensatz zu der schweren systemischen Erkrankung, die bei Menschen oft zum Tod führt, entwickeln Schweine ein respiratorisches Syndrom, das leicht mit anderen Atemwegserkrankungen von Schweinen verwechselt werden kann. Somit können sie oft unbemerkt ein Wirt für das Zaire-Ebolavirus sein.²⁵⁸ Schweine wurden im Labor mit dem Zaire-Ebolavirus infiziert. Obwohl das Risiko, dass sie Menschen infizieren, sehr gering ist, rät die Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen, als Vorsichtsmaßnahme den Kontakt zu begrenzen. Schweine seien in Gehegen zu halten, in denen sie sich nicht mit anderen Arten vermischen können,²⁵⁹ da die Folgen einer jeden Ansteckung höchst bedenklich sind. Obwohl die Wahrscheinlichkeit hierfür sehr gering ist, gibt es zudem Bedenken, dass das Zaire-Ebolavirus in die Schweinefleischversorgung gelangen und zu einem lebensmittelbedingten Krankheitserreger werden könnte.²⁶⁰

Im Juli 2008 gab es einen Ausbruch des Reston-Stammes des Ebolavirus bei Hausschweinen auf den Philippinen, der bei Schweinen schwere Atemwegserkrankungen und Fehlgeburten verursachte.²⁶¹ Menschen können sich mit dem Reston-Ebolavirus infizieren, und obwohl bisher keine Symptome bei Menschen nachgewiesen werden konnten, verursacht es bei Primaten schwere Krankheitsverläufe.²⁶² Der menschliche Kontakt mit Schweinen kann das Risiko erhöhen, dass sich das Virus anpasst und für Menschen infektiös wird, was möglicherweise eine weitere Ebola-Epidemie auslösen könnte.^{263 264}

MENANGLEVIRUS

Das Menanglevirus wurde 1997 identifiziert, als die Trächtigkeitsrate und die Wurfgröße in einem großen Schweinemastbetrieb in New South Wales, Australien, deutlich zurückgingen und es zu Totgeburten und missgebildeten Ferkeln kam.²⁶⁵ Das RNA-Rubulavirus, verschwand erst 1999 vollständig aus diesem Betrieb.²⁶⁶ Flughunde, die in der Nähe übernachteten, werden als wahrscheinliche Quelle angesehen, da sich Fledermäuse in Queensland später als Überträger erwiesen.²⁶⁷ Zwei Arbeiter, die mit dem Ausbruch in Verbindung gebracht wurden, zeigten Symptome wie Fieber, Kopfschmerzen, Ausschlag und Gewichtsverlust; die anschließende Serologie ergab, dass eine Ansteckung beim Umgang mit Schweinen die wahrscheinlichste Ursache für die Erkrankung war.²⁶⁸ Direkter Kontakt und indirekte Exposition gegenüber infektiösen Viren in Sekreten, Kot und Urin sind wahrscheinliche Übertragungswege von Schweinen

auf den Menschen.²⁶⁹ Das Menanglevirus scheint nicht leicht auf den Menschen übertragbar zu sein, aber Schweine können empfängliche Wirte sein, die potenziell in der Lage sind, andere Schweine und Menschen über Schnitt- oder Schürfwunden zu infizieren.²⁷⁰

PICOBIRNAVIREN

Picobirnaviren sind kleine RNA-Viren, die erstmals 1988 bei Menschen nachgewiesen wurden und in der Folge auf der ganzen Welt und auch bei einer Reihe verschiedener Nutztierarten gefunden wurden.²⁷¹⁻²⁷² Picobirnaviren können sowohl bei Menschen²⁷³ als auch bei Schweinen chronischen Durchfall mit längerer Ausscheidung des Virus verursachen und können in gemeinsamen Umgebungen von Menschen und Schweinen zirkulieren.²⁷⁴⁻²⁷⁵ Picobirnaviren in Schweinen sind genetisch mit solchen in Menschen verwandt²⁷⁶ und es wird vermutet, dass die Stämme von Menschen auf Schweine übertragen werden könnten.²⁷⁷ Infizierte Schweine könnten persistent infizierte asymptomatische Träger sein und als Quelle der Infektion dienen.²⁷⁸ Darüber hinaus wurden in 100 Prozent der unbehandelten menschlichen Abwässer und in 33 Prozent geklärter Abwasserproben aus Großstadtgebieten in den USA Picobirnaviren nachgewiesen.²⁷⁹ Da die Virenstämme bei Menschen und Schweinen so eng verwandt sind, besteht die Möglichkeit, dass menschliche Picobirnaviren über zwar behandeltes, aber nach wie vor kontaminiertes Wasser in Schweinepopulationen gelangen.

SARS UND ANDERE CORONA VIREN

Coronaviren, vom lateinischen corona ("Krone", weil die "Stacheln" dieser Viren einer Sonnenkorona ähneln), sind große RNA-Viren mit einem sehr breiten Wirtsspektrum und erheblicher genetischer Vielfalt.²⁸⁰ Das erste Coronavirus, das aviäre infektiöse Bronchitisvirus, wurde 1937 entdeckt. 1967 wurden bei der Elektronenmikroskopie von Proben aus Erkältungskrankheiten beim Menschen Partikel identifiziert, die diesem stark ähnelten.²⁸² Stämme, die Menschen infizieren, verursachen in der Regel milde Symptome und wurden bis zum Auftreten des Schweren Akuten Respiratorischen Syndroms (SARS) nur mit Erkältungen in Verbindung gebracht.²⁸³ Es gibt vier Hauptuntergruppen von Coronaviren, von denen jedoch nur zwei bekannt sind, die Menschen infizieren.²⁸⁴ Coronaviren sind jedoch berüchtigt für ihre Fähigkeit, auf andere Spezies übertragen, katastrophale Ausbrüche zu verursachen.²⁸⁵ In den letzten 20 Jahren hat dies zu Ausbrüchen von schweren Atemwegserkrankungen beim Menschen geführt, darunter SARS, das Middle East

Respiratory Syndrome (MERS) und COVID-19, wobei die Sterblichkeitsrate bei MERS bis zu 36 Prozent betrug.²⁸⁶⁻²⁸⁷ Bevor SARS beim Menschen entdeckt wurde, waren Coronaviren ein Problem für die Veterinärmedizin, da sie schwere Erkrankungen bei Geflügel und Schweinen verursachen können.²⁸⁸⁻²⁸⁹

Ein alarmierender Ausbruch einer ansteckenden atypischen viralen Lungenentzündung wurde erstmals 2002 in China beschrieben; im März 2003 benannte die WHO die Krankheit als Schweres Akutes Respiratorisches Syndrom (SARS) und gab eine weltweite Warnung für das Virus aus.²⁹⁰ SARS wurde bei lebenden Tieren auf dem Markt von Shenzhen in der Provinz Guangdong nachgewiesen, auf dem eine Reihe von Wild- und Haustierarten verkauft wurden, die in Drahtkäfigen eingesperrt waren (darunter Biber, chinesische Hasen, chinesische Muntjac, Hauskatzen, Frettchendachse, Himalaya-Larvenroller und Marderhunde).²⁹¹ Nachdem SARS-CoV Mitte Februar 2003 in Hongkong gefunden wurde, breitete es sich in der Folge in 29 Ländern aus, wurde bei mehr als 8.000 Patienten nachgewiesen und endete bei mindestens 774 Menschen tödlich.²⁹² SARS-CoV, das erste Corona Virus, von dem bekannt war, dass es beim Menschen eine schwere Erkrankung verursacht,²⁹³ war mit keinem der zuvor bekannten Coronaviren eng verwandt, und mögliche Ursprünge des Erregers damals nicht bekannt.²⁹⁴ Glücklicherweise verläuft die Erkrankung mit SARS-CoV-2 milder als bei SARS-CoV; die COVID-19-Pandemie von 2020 hätte sonst katastrophaler verlaufen können. Die derzeit vorherrschende Theorie besagt, dass SARS-CoV von Hufeisennasenfledermäusen auf Larvenroller übertragen wurde und es dann über den Wildtierhandel auch Menschen infizierte.²⁹⁵ Obwohl die Überwachung von Nutztieren nach dem SARS-Ausbruch darauf hinwies, dass sich Schweine mit dem Virus infizieren könnten,²⁹⁶ wirken weder Schweine noch Geflügel als Verstärker des Virus und sind offenbar nicht in der Lage, es auf Menschen zu übertragen.²⁹⁷

Im Jahr 2016 wurde ein neuartiges Corona Virus, das Swine Acute Diarrhea Syndrome (SADS-CoV), in der Provinz Guangdong entdeckt, nur 100 km vom Ursprung der SARS-Pandemie entfernt.²⁹⁸ Die Krankheit verursachte einen großflächigen Ausbruch der tödlichen Erkrankung bei Schweinen in China, was beim Ausbruch von 2016 zur Vernichtung von fast 25.000 Tieren führte²⁹⁹ und bei einem weiteren Ausbruch 2019 die Tötung von 2.000 Schweinen zur Folge hatte.³⁰⁰ SADS-CoV ist auch als Schweine-Enteric-Alphacoronavirus (SeACoV) und Porcine-Enteric-Alphacoronavirus (PEAV) bekannt.³⁰¹⁻³⁰² Im Gegensatz

zu SARS-CoV handelt es sich bei SADS-CoV um ein Alpha-Coronavirus. Obwohl bisher keine Symptome beim Menschen beobachtet werden konnten, ist noch nicht vollständig geklärt, ob es die Fähigkeit besitzt, Menschen zu infizieren.³⁰³⁻³⁰⁴ SADS-CoV hat seinen Ursprung wahrscheinlich in Fledermäusen, mit Nagetieren als möglicher Zwischenwirt. Es besteht das Risiko, dass es erneut zu einer Übertragung von Schweinen auf den Menschen kommen könnte.³⁰⁵⁻³⁰⁶

Das Porzine Epidemische Diarrhoe Coronavirus (PEDV) ist eine hochpathogene und tödliche Coronavirus-Erkrankung bei Schweinen, die schweren Durchfall, Erbrechen und Dehydrierung verursacht und 80 bis 100 Prozent der Ferkel tötet.³⁰⁷ Schwere Ausbrüche traten in Asien und Europa auf, bevor das Virus Anfang 2013 explosionsartig auch in den Vereinigten Staaten auftrat und den Tod von über acht Millionen Ferkeln zur Folge hatte.³⁰⁸ PEDV wird hauptsächlich über fäkal-orale Übertragung verbreitet, kann aber

“Das 20. Jahrhundert war eine Zeit beispielloser ökologischer Veränderungen, mit einem dramatischen Rückgang der natürlichen Ökosysteme und der biologischen Vielfalt und einer ebenso dramatischen Zunahme von Menschen und Haustieren. Nie zuvor wurden so viele Tiere von so vielen Menschen gehalten - und nie zuvor gab es so viele Möglichkeiten für Krankheitserreger, von Wild- und Haustieren durch die biophysikalische Umwelt auf den Menschen überzugehen und zoonotische Krankheiten oder Zoonosen zu verursachen.”

United Nations Environment Programme. 2016. UNEP Frontiers 2016 Report, Emerging Issues of Environmental Concern, S.18. https://wedocs.unep.org/bitstream/handle/20.500.11822/7664/Frontiers_2016.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Zugriff 21. August 2020.

auch Oberflächen kontaminieren und von Schweinen verbreitet werden, die nicht krank erscheinen.³⁰⁹ Obwohl es noch nicht auf andere Arten übergelungen ist, stellt es trotzdem eine potenzielle Bedrohung dar, da es menschliche Zellen infizieren kann und anderen genetisch vielfältigen und anpassungsfähigen Coronaviren ähnelt.³¹⁰⁻³¹¹

KRANKHEIT "X"

Seit 2018 führt und aktualisiert die WHO eine Liste von prioritären Krankheiten mit epidemischem Potenzial, für die keine oder nur unzureichende medizinische Mittel bekannt sind. Die WHO weist darauf hin, dass es sich weder um eine vollständige Liste handelt noch versucht sie, die wahrscheinlichsten Ursachen

der nächsten Epidemie vorherzusagen. Die Liste enthält derzeit COVID-19, das Ebola-Virus, SARS und das Nipah-Virus, welche hier ausführlich beschrieben wurden. Zusätzlich zu diesen spezifischen Krankheiten führt die WHO auch die "Krankheit X", die "das Wissen repräsentiert, dass eine ernste internationale Epidemie durch einen Erreger verursacht werden könnte, von dem derzeit nicht bekannt ist, dass er menschliche Erkrankungen verursacht".³¹²

Schlussfolgerungen

Das "One Health"-Konzept erkennt an, dass die menschliche Gesundheit eng mit der Gesundheit der Tiere und unserer gemeinsamen Umwelt verbunden ist.³¹³ Die Art und Weise, wie wir als Gesellschaft mit Tieren umgehen, hat ernsthafte Auswirkungen auf die globale Gesundheit. Zoonosen treten auf, wenn das Tierwohl nicht gewährleistet ist, entweder durch Haltungsbedingungen in intensiven Produktionsanlagen und/oder auf Lebendtiermärkten, wenn sie lokal oder international transportiert werden, oder wenn die Landwirtschaft in den Lebensraum von Wildtieren eingreift. Ein Virus, das die nächste globale Pandemie verursachen wird, könnte bereits unter Nutztieren zirkulieren. Wir können Epidemien zwar nicht ausschließen, aber wir können die Wahrscheinlichkeit verringern, dass die nächste Pandemie durch riskante landwirtschaftliche Praktiken ausgelöst wird. Umfassende Veränderungen beginnen bereits zu greifen; im Juli 2020 kündigte China an, das Schlachten und den Verkauf von Geflügel auf Märkten für lebende Vögel schrittweise einzustellen.³¹⁴

Eine wissenschaftliche Einordnung des Umweltprogramms der Vereinten Nationen aus dem Jahr 2020 bewertet die steigende Nachfrage nach tierischem Eiweiß und die nicht nachhaltige Intensivierung der Landnutzung als "wichtige anthropogene Triebkräfte für das Auftreten von Zoonosen".³¹⁵ Eine gut strukturierte, sorgfältig durchdachte Nahrungsmittelproduktion sollte einen ganzheitlichen Ökosystemansatz umfassen, der das Wohlergehen der Tiere und die Gesundheit des Planeten zusammen mit dem wachsenden Nahrungsmittelbedarf der Weltbevölkerung berücksichtigt.

Die Zunahme der globalen Nutztierpopulationen ist beträchtlich. Fast 3 Milliarden Enten, über 7 Milliarden Hühner, fast 1,5 Milliarden Schweine und über 68 Milliarden Masthühner wurden 2018 weltweit geschlachtet.³¹⁶ Höhere Einkommen in Schwellenländern führen zu einer Veränderung der Ernährungsgewohnheiten, und der Pro-Kopf-Verbrauch von Nahrung-

smitteln tierischen Ursprungs steigt in Ländern mit niedrigem bis mittlerem Einkommen.³¹⁷ Die wachsende Nachfrage nach tierischem Eiweiß und nach Milchprodukten wird oft nicht infrage gestellt. Allerdings stellen die aufkommenden Krankheitsrisiken sowie Umwelt- und Tierschutzbedenken, die mit dem beispiellosen Wachstum der Nutztierhaltung einhergehen, die Sinnhaftigkeit dieser Entwicklung von Nahrungsmittelkonsum in Frage.

Elizabeth Maruma Mrema, die amtierende Exekutivsekretärin des Übereinkommens über die biologische Vielfalt (CBD), sagt dazu:

“... die aus COVID 19 und anderen Epidemien gezogenen Lehren weisen auch auf die Notwendigkeit einer koordinierten Aktion hin, die von einer langfristigen Vision getragen wird; einer, die es uns ermöglicht, unser kollektives Verständnis von und unsere Beziehung zur natürlichen Welt grundlegend zu verändern, um zukünftige Pandemieausbrüche so weit wie möglich zu verhindern”

Maruma Mrema, E. 2020. Erklärung, 7. April. United National Convention on Biological Diversity. www.cbd.int/doc/speech/2020/sp-2020-04-07-health-en.pdf. Zugriff 21. August 2020

Die üblichen “Lösungen”, um diese Bedrohung von Krankheiten durch die Ausweitung und Intensivierung der Tierhaltung zu vermeiden, wie z. B. eine verstärkte Überwachung von Farmen und Märkten,³¹⁸ eine Verbesserung der Biosicherheit,^{319,320} und eine verstärkte Aufklärung und Schulung von Landarbeitern^{321, 322}, sind jedoch nur vorübergehende Maßnahmen, die das Ausgangsproblem nicht an der Wurzel packen. Eine viel effektivere und weitreichendere Option ist es, unsere Abhängigkeit von tierischen Lebensmitteln insgesamt zu reduzieren. Eine solche Umstellung würde die Dichte der Tierpopulationen und Tiertransporte, die Tiere und Krankheiten in neue Regionen bringen, reduzieren. Dies könnte auch die Besatzdichte und die Anzahl der Tiere reduzieren, die in den verbleibenden Intensivsystemen gehalten werden. Ein höheres Tierwohl durch käfig- und verschlagfreie Alternativhaltung könnte damit einhergehen.

Eine Alternative zur Deckung des wachsenden Proteinbedarfs ist die Reduzierung der Fleischproduktion durch eine Umstellung auf neue pflanzliche Optionen. Die Reduzierung des Fleischkonsums durch Bemühungen wie die “Meatless Monday”-Kampagne³²³ (in Deutschland als „Veggie-Day“ in manchen Kantinen bekannt) oder teilweiser Ersatz durch pflanzliches Eiweiß in Hackfleisch und verarbeiteten Fleischsor-

ten³²⁴ sind praktikable Optionen. Eine weitere potenzielle Alternative ist kultiviertes Fleisch, das mit In-vitro-Gewebezüchtungstechniken hergestellt wird.³²⁵ ³²⁶ Fleischersatzprodukte sind heute weithin verfügbar und eine diese Optionen fördernde Politik könnte unsere Abhängigkeit von der industriellen Landwirtschaft grundlegend verändern und die damit verbundenen Krankheitsrisiken reduzieren.

Zwar wurde die COVID-19 Pandemie nicht explizit vorhergesagt – in ungewisser Zeit und ungewissem Ursprungsort sind zukünftige Pandemien hingegen sehr wohl zu erwarten. Die Intensivierung und Industrialisierung der Nutztierhaltung schafft eine große, anfällige, antigenfreie Population, welche sich die Natur zunutze machen wird. Die Befriedigung der globalen Nachfrage nach tierischem Protein durch die Intensivierung der Produktion verändert die virale Wirtsdynamik und schafft neue Wege für die Verbreitung von Viren und die Evolution neuer Virusstämme. Die industrialisierte Landwirtschaft ist nur einer von vielen Risikofaktoren für das Auftreten und die Ausbreitung von Krankheiten. Intensiv gezüchtete Tiere spielen jedoch eine entscheidende Rolle als Zwischenwirte, indem sie Tierviren, die normalerweise wenig Kontakt zu alternativen Wirten hätten, in engen Kontakt mit Menschen bringen.^{327, 328} Während SARS-CoV-2 offenbar auf einem Wildtiermarkt entstanden ist, könnte der nächste Ausbruch genauso gut mit intensiver Landwirtschaft in Verbindung gebracht werden, wie Mediziner und Wissenschaftler bereits warnen.^{329, 330, 331}

COVID-19 hatte große Auswirkungen auf die öffentliche Gesundheit, aber ein virulenteres Virus mit der gleichen Infektionsrate könnte sich noch viel verheerender auswirken. Die weltweite Reaktion auf COVID-19 hat gezeigt, dass eine koordinierte Aktion über Länder hinweg zwar die Auswirkungen auf die öffentliche Gesundheit verringern kann. Ein viel größerer und dringenderer Schwerpunkt sollte hingegen auch auf die Prävention zukünftiger Pandemien gelegt werden – indem wir unser Nahrungsmittelsystem grundlegend umstrukturieren und die Abhängigkeit von tierischem Protein verringern.

Quellenverzeichnis

- 1 World Health Organization. 2020. Novel Coronavirus – China. Disease outbreak news: Aktualisiert am 12.01.2020. www.who.int/csr/don/12-january-2020-novel-coronavirus-china/en/. Zugriff 21. August 2020.
- 2 World Health Organization. 2020. Coronavirus disease (COVID-19). Situation Reports August 2020, Situation Report - 209. www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports. Zugriff 21. August 2020.
- 3 World Health Organization. 2020. Coronavirus disease (COVID-19). Situation Reports August 2020, Situation Report - 209. www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports. Accessed August 21, 2020.
- 4 World Health Organization. 2021. WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard. covid19.who.int. Zugriff 16. März 2021.
- 5 Rabi FA, Al Zoubi MS, Kasasbeh GA, Salameh DM, und Al-Nasser AD. 2020. SARS-CoV-2 and coronavirus disease 2019: What we know so far. *Pathogens* 9(231) www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7157541/. Zugriff 21. August 2020.
- 6 Shereen MA, Khan S, Kazmi A, Bashir N, and Siddique R. 2020. COVID-19 infection: origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *Journal of Advanced Research* 24:91-8. www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2090123220300540. Zugriff 21. August 2020.
- 7 Jones KE, Patel NG, Levy MA, et al. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 451:990-3. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5960580/. Zugriff 21. August 2020.
- 8 Woolhouse M und Gaunt E. 2007. Ecological origins of novel human pathogens. *Critical Reviews in Microbiology* 33:231-42. www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/10408410701647560?needAccess=true. Zugriff am 21. August 2020.
- 9 Morse SS, Mazet JA, Woolhouse M, et al. 2012. Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis. *Lancet* 380:1956–65. [www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(12\)61684-5/fulltext](http://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(12)61684-5/fulltext). Accessed August 21, 2020.
- 10 Jones KE, Patel NG, Levy MA, et al. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 451:990-3. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5960580/. Zugriff 21. August 2020.
- 11 Woolhouse M und Gaunt E. 2007. Ecological origins of novel human pathogens. *Critical Reviews in Microbiology* 33:231-42. www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/10408410701647560?needAccess=true. Zugriff 21. August 2020.
- 12 Johnson CK, Hitchens PL, Evans TS, et al. 2015. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports* 5:14830. www.ecohealthalliance.org/wp-content/uploads/2016/11/Kreuder-Johnson-etal_virus-host-plasticity_SR-2015.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 13 Ludwig B, Kraus FB, Allwinn R, Doerr HW, and Preiser W. 2003. Viral Zoonoses – A Threat under Control? *Intervirology* 46(2):71-8.
- 14 Nelson MI, Lemey P, Tan Y, et al. 2011. Spatial dynamics of human-origin H1 influenza A virus in North American swine. *PLoS Pathogens* 7(6):e1002077. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3115336/. Zugriff 21. August 2020.
- 15 Nelson MI, Viboud C, Vincent AL, et al. 2015. Global migration of influenza A viruses in swine. *Nature Communications* 6:6696. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4380236/. Accessed August 21, 2020.
- 16 Johnson CK, Hitchens PL, Pandit PS, et al. 2020. Global shifts in mammalian population trends reveal key predictors of virus spillover risk. *Proceedings of the Royal Society B Biological Sciences* 287:20192736. royalsocietypublishing.org/doi/pdf/10.1098/rspb.2019.2736. Zugriff am 21. August 2020.
- 17 Morse SS, Mazet JA, Woolhouse M, et al. 2012. Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis. *Lancet* 380:1956-65. [www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(12\)61684-5/fulltext](http://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(12)61684-5/fulltext). Zugriff 21. August 2020.
- 18 Domingo, E. 2010. Mechanisms of viral emergence. *Veterinary Research* 41(6):38. www.vetres.org/articles/vetres/full_html/2010/06/v09583/v09583.html. Zugriff am 21. August 2020.
- 19 Karesh WB, Cook RA, Bennett EL, and Newcomb J. 2005. Wildlife trade and global disease emergence. *Emerging Infectious Diseases* 11(7):1000-2. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3371803/. Accessed August 21, 2020.
- 20 World Health Organization, Food and Agriculture Organization of the United Nations, and World Organization for Animal Health. 2004. Report of the WHO/FAO/OIE joint consultation on emerging zoonotic diseases. www.oie.int/doc/ged/D5681.PDF. Accessed August 21, 2020.
- 21 World Health Organization, Food and Agriculture Organization of the United Nations, and World Organization for Animal Health. 2004. Report of the WHO/FAO/OIE joint consultation on emerging zoonotic diseases. www.oie.int/doc/ged/D5681.PDF. Zugriff am 21. August 2020.
- 22 Leibler JH, Dalton K, Pekosz A, Gray GC, and Silbergeld EK. 2016. Epizootics in industrial livestock production: preventable gaps in biosecurity and biocontainment. *Zoonoses and Public Health* 64(2):137-45.
- 23 World Health Organization, Food and Agriculture Organization of the United Nations, and World Organization for Animal Health. 2004. Report of the WHO/FAO/OIE joint consultation on emerging zoonotic diseases. www.oie.int/doc/ged/D5681.PDF. Zugriff 21. August 2020.
- 24 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 25 Rogalski MA, Gowler CD, Shaw CL, Hufbauer RA, und Duffy MA. 2017. Human drivers of ecological and evolutionary dynamics in emerging and disappearing infectious disease systems. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 372:20160043. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5182439/. Zugriff 21. August 2020.
- 26 Gilbert M, Xiao X, und Robinson TP. 2017. Intensifying poultry production systems and the emergence of avian influenza in China: a ‘One Health/Ecohealth’ epitome. *Archives of Public Health* 75:48.
- 27 Kreuder Johnson C, Hitchens PL, Smiley Evans T, et al. 2015. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports* 5:14830. www.nature.com/articles/srep14830. Zugriff 21. August 2020.
- 28 Barlow J, França F, Gardner TA, et al. 2018. The future of hyperdiverse tropical ecosystems. *Nature* 559(7715):517-26. www.nature.com/articles/s41586-018-0301-1. Zugriff 21. August 2020.
- 29 Paracuellos M und Tellería JL. 2004. Factors affecting the distribution of a waterbird community: the role of habitat configuration and bird abundance. *Waterbirds* 27(4):446-53.
- 30 Estoque RC, Ooba M, Avitabile V, et al. 2019. The future of Southeast Asia’s forests. *Nature Communications* 10:1829. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6478739/. Zugriff 21. August 2020.
- 31 Mayaux, P, Holmgren P, Achard F, Eva H, Stibig HJ, and Branthomme A. 2005. Tropical forest cover change in the 1990s and options for future monitoring. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 360:373-84. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1569459/. Accessed August 21, 2020.
- 32 Ramankutty N und Foley JA. 1999. Estimating historical changes in global land cover: Croplands from 1700 to 1992. *Global Biochemical Cycles* 13(4):997-1027. agupubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1029/1999GB900046. Zugriff 21. August 2020.
- 33 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2017 The State of Food and Agriculture. Leveraging Food Systems for Inclusive Rural Transformation. Rom. www.fao.org/3/a-i7658e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 34 Drewnowski, A., und Poulain J-P. 2018. What lies behind the transition from plant-based to animal protein? *AMA Journal of Ethics* 20(10): E987-93. journalofethics.ama-assn.org/sites/journalofethics.ama-assn.org/files/2018-09/pfor3-1810_1.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 35 Organisation for Economic Co-operation and Development and the Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2019. OECD-FAO Agricultural Outlook 2019-2028, OECD Publishing, Paris/Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rom, S.30.
- 36 Milford AB, Le Mouél C, Bodirsky BL, and Rolinski S. 2019. Drivers of meat consumption. *Appetite* 141:104313.
- 37 Chan EY und Zlatevska N. 2019. Jerkies, Tacos, and burgers: Subjective socioeconomic status and meat preference. *Appetite* 132:257-66.
- 38 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2017 The State of Food and Agriculture. Leveraging Food Systems for Inclusive Rural Transformation. Rom. www.fao.org/3/a-i7658e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 39 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes. Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen, Rom. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 40 Johnson CK, Hitchens PL, Evans TS, et al. 2015. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports* 5:14830. www.ecohealthalliance.org/wp-content/uploads/2016/11/Kreuder-Johnson-etal_virus-hostplasticity_SR-2015.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 41 Leibler JH, Otte J, Roland-Holst D, et al. 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian influenza. *Ecohealth* 6(1):58-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7087879/. Zugriff 21. August 2020.
- 42 Hollenbeck JE. 2016. Interaction of the role of Concentrated Animal Feeding Operations (CAFOs) in Emerging Infectious Diseases (EIDS). *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 38:44-6. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7106093/. Zugriff 21. August 2020.
- 43 Van Boeckel TP, Thanapongtharm W, Robinson T, Biradar CM, Xiao X, und Gilbert M. 2012. Improving risk models for avian influenza: the role of intensive poultry farming and flooded land during the 2004 Thailand epidemic. *PLOS ONE* 7(11):e49528. journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0049528. Zugriff 21. August 2020.

- 44 The Humane Society of the United States. 2012. An HSUS Report: The Welfare of Intensively Confined Animals in Battery Cages, Gestation Crates, and Veal Crates. www.humanesociety.org/sites/default/files/docs/hsus-report-animal-welfare-of-intensively-confined-animals.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 45 Dhingra SM, Artois J, Dellicour S, et al. 2018. Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry. *Frontiers in Veterinary Science* 5:84. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5996087/. Zugriff 21. August 2020.
- 46 Jones BA, Grace D, Kock R, et al. 2013. Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110(21):8399-404. www.pnas.org/content/110/21/8399. Zugriff 21. August 2020.
- 47 Leibler JH, Otte J, Roland-Holst D, et al. 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian influenza. *Ecohealth* 6(1):58-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7087879/. Zugriff 21. August 2020.
- 48 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 49 Van Boeckel TP, Thanapongtharm W, Robinson T, D'Aiotti L, and Gilbert M. 2012. Predicting the distribution of intensive poultry farming in Thailand. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 149:144-53. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3272562/. Zugriff 21. August 2020.
- 50 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, S. 21. Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen, Rom. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 51 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, S. 10-3, 21. Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen, Rom. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 52 Van Boeckel TP, Thanapongtharm W, Robinson T, D'Aiotti L, and Gilbert M. 2012. Predicting the distribution of intensive poultry farming in Thailand. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 149:144-53. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3272562/. Zugriff 21. August 2020.
- 53 Slingenbergh J, Gilbert M, de Balogh K, and Wint W. 2004. Ecological sources of zoonotic diseases. *Revue Scientifique et Technique-Office International des Epizooties*. 23(2):467-84. doc.oie.int/dyn/portal/index.seam?page=alo&aloid=30348. Zugriff 21. August 2020.
- 54 Liverpool-Tasie LSO, Omonona B, Sanou A, Ogunleye W, Padilla S, and Reardon T. 2017. Growth and transformation of food systems in Africa: Evidence from the poultry value chain in Nigeria. *Nigerian Journal of Agricultural Economics* 7(1):1-15. ageconsearch.umn.edu/record/268435/files/Volume%207%281%29R_Liverpool-Tasie.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 55 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, S. 12-3. Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation, Vereinte Nationen, Rom. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 56 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 57 Graham JP, Leibler JH, Price LB, et al. 2008. The animal-human interface and infectious disease in industrial food animal production: Rethinking biosecurity and biocontainment. *Public Health Reports* 123(3):282-99. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2289982/. Accessed August 21, 2020.
- 58 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 59 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, S. 21. Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation, Vereinte Nationen, Rom. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 60 FAOSTAT. 2019. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Crops and livestock products – Production of Pork Meat in Germany from 2018 to 2019. www.fao.org/faostat/en/#data/TP/visualize. Zugriff 18. März 2021.
- 61 Rohlmann C, Verhaagh M, Efken J. 2020. Steckbriefe zur Tierhaltung in Deutschland:Ferkelerzeugung und Schweinemast. literatur.thuenen.de/digbib_extern/dno62795.pdf. (Braunschweig, Germany: Johann Heinrich von

Thünen-Institut, S. 3). Zugriff 18. März 2021.

- 62 Statistisches Bundesamt. 2021. Europa - Deutschland größter Milcherzeuger der Europäischen Union. www.destatis.de/Europa/DE/Thema/Land-Forstwirtschaft-Fischerei/Milchquote.html. Zugriff 16. März 2021.
- 63 Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft. 2021. Geflügel. www.bmel.de/DE/themen/tiere/nutztiere/gefluegel/gefluegel.html. Zugriff 16. März 2021.
- 64 Moon SA, Ferdousi T, Self A, and Scoglieo CM. 2019. Estimation of swine movement network at farm level in the US from the Census of Agriculture data. *Scientific Reports* 9:6237. www.nature.com/articles/s41598-019-42616-w.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 65 Thomas ME, Bouma A, Ekke HM, Fonken AJM, Stegeman JA, and Nielsen M. 2005. Risk factors for the introduction of high pathogenicity avian influenza virus into poultry farms during the epidemic in the Netherlands in 2003. *Preventive Veterinary Medicine* 69:1-11.
- 66 Allerson MW, Cardona CJ, and Torremorell M. 2013. Indirect transmission of influenza A virus between pig populations under two different biosecurity settings. *PLoS One* 8:2-10. journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0067293. Zugriff 21. August 2020.
- 67 Ribbens S, Dewulf J, Koenen F, Maes D, und de Kruijff A. 2007. Evidence of indirect transmission of classical swine fever virus through contacts with people. *Veterinary Record* 160:687-90.
- 68 Perez AM, Davies PR, und Goodell CK. 2015. Lessons learned and knowledge gaps about the epidemiology and control of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in North America. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 246(12):1304-17.
- 69 Ssematimba A, Hagens TJ, de Wit JJ, et al. 2013. Avian influenza transmission risks: Analysis of biosecurity measures and contact structure in Dutch poultry farming. *Preventive Veterinary Medicine* 109(1- 2):106-15.
- 70 McQuiston JH, Garber LP, Porter-Spalding BA, et al. 2005. Evaluation of risk factors for the spread of low pathogenicity H7N2 avian influenza virus among commercial poultry farms. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 226(5):767-72. naldc.nal.usda.gov/download/43073/PDF. Zugriff 21. August 2020.
- 71 Saenz RA, Hethcote HW, und Gray GC. 2006. Confined animal feeding operations as amplifiers of influenza. *Vector Borne Zoonotic Diseases* 6:338-46. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2042988/. Zugriff 21. August 2020.
- 72 Gray GC, Trampel DW, und Roth JA. 2007. Pandemic Influenza Planning: Shouldn't be included swine and poultry workers? *Vaccine* 25(22):4376-81. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1939697/. Zugriff 21. August 2020.
- 73 Graham JP, Leibler JH, Price LB, et al. 2008. The animal-human interface and infectious disease in industrial food animal production: Rethinking biosecurity and biocontainment. *Public Health Reports* 123(3):282-99. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2289982/. Zugriff 21. August 2020.
- 74 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial livestock production and global health risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 75 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial livestock production and global health risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 76 Graham JP, Leibler JH, Price LB, et al. 2008. The animal-human interface and infectious disease in industrial food animal production: Rethinking biosecurity and biocontainment. *Public Health Reports* 123(3):282-99. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2289982/. Zugriff 21. August 2020.
- 77 Leibler JH, Otte J, Roland-Holst D, et al. 2009. Epizootics in industrial livestock production: preventable gaps in biosecurity and biocontainment. *Ecohealth* 6(1):58-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7087879/. Zugriff 21. August 2020.
- 78 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 79 Leibler JH, Dalton K, Pekosz A, Gray GC, and Silbergeld EK. 2016. Epizootics in industrial livestock production: preventable gaps in biosecurity and biocontainment. *Zoonoses and Public Health* 64(2):137-45.
- 80 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 81 U.S. Department of Agriculture Animal and Plant Health Inspection Service Veterinary Services. 2015. Epidemiologic and other analyses of HPAI-affected poultry flocks: September 9, 2015 Report. www.aphis.usda.gov/animal_health/animal_dis_spec/poultry/downloads/Epidemiologic-Analysis-Sept-2015.pdf. Zugriff 21. August 2020.

- 82 Geering WA, Penrith M-L, und Nyakahuma D. 2001. Manual on Procedures for Disease Eradication by Stamping Out. Food and Agriculture Organization of the United Nations. www.fao.org/3/yo660e/Yo660Eoo.htm. Zugriff 21. August 2020.
- 83 World Organisation for Animal Health (OIE). 2014. Guidelines for Animal Disease Control. www.oie.int/file-admin/Home/eng/Our_scientific_expertise/docs/pdf/A_Guidelines_for_Animal_Disease_Contr ol_final.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 84 American Veterinary Medical Association. 2019. AVMA guidelines for the depopulation of Animals: 2019 Edition. www.avma.org/sites/default/files/resources/AVMA-Guidelines-for-the-Depopulation-of-Animals.pdf. Accessed August 21, 2020
- 85 Eberle-Krish KN, Martin MP, Malheiros RD, Shah SB, Livingston KA und Anderson KE. 2018. Evaluation of ventilation shutdown in a multi-level caged system. *Journal of Applied Poultry Research* 27:555-63.
- 86 American Veterinary Medical Association. 2019. AVMA guidelines for the depopulation of Animals: 2019 Edition, S. 61. www.avma.org/sites/default/files/resources/AVMA-Guidelines-for-the-Depopulation-of-Animals.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 87 Eberle-Krish KN, Martin MP, Malheiros RD, Shah SB, Livingston KA und Anderson KE. 2018. Evaluation of ventilation shutdown in a multi-level caged system. *Journal of Applied Poultry Research* 27:555-63.
- 88 Daly J und Birtles B. 2019. China struggles to contain African swine fever, resorts to mass live-pig burials, millions of culls. *ABC Rural*, 29. Mai. www.abc.net.au/news/rural/rural-news/2019-05-30/mass-live-pig-burials-millions-culled-china-african-swine-fever/11146642. Zugriff 21. August 2020.
- 89 Schultz S. 2020. Angst vor Corona-Mutation: Millionen Nerze auf dänischen Farmen getötet. *Der Spiegel*, November 18. www.spiegel.de/wirtschaft/soziales/coronavirus-in-daenemark-millionen-nerze-getoetet-angst-vor-mutation-a-oc51c59c-99ad-41e4-8301-93c78d849712. Zugriff 16. März 2021.
- 90 ZDFheute. 2020. Gekeulte Pelztier in Dänemark - Nerz-Kadaver tauchen wieder auf. November 26. www.zdf.de/nachrichten/panorama/gekeulte-nerze-daenemark-kadaver-auftauchen-100.html. Zugriff 16. März 2021.
- 91 Fèvre EM, Bronsvoort BM, Hamilton KA, and Cleaveland S. 2006. Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends in Microbiology* 14(3):125-31. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7119069/. Accessed August 21, 2020.
- 92 World Organisation for Animal Health (OIE). 2014. Guidelines for Animal Disease Control. www.oie.int/file-admin/Home/eng/Our_scientific_expertise/docs/pdf/A_Guidelines_for_Animal_Disease_Contr ol_final.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 93 World Organisation for Animal Health (OIE). 2014. Guidelines for Animal Disease Control. www.oie.int/file-admin/Home/eng/Our_scientific_expertise/docs/pdf/A_Guidelines_for_Animal_Disease_Contr ol_final.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 94 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, pp. 12-3. Food and Agriculture Organization, United Nations, Rome. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 95 Leibler JH, Otte J, Roland-Holst D, et al. 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian influenza. *Ecohealth* 6(1):58-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7087879/. Zugriff 21. August 2020.
- 96 Phillips CJC. 2008. The welfare of livestock during sea transport. In: Appleby MC, Cussen VA, Garces L, Lambert LA and Turner J. (eds.), *Long Distance Transport and Welfare of Farm Animals*. (Oxfordshire, Vereinigtes Königreich: CABI).
- 97 Trovão NS und Nelson MI. 2020. When Pigs Fly: Pandemic Influenza enters the 21st century. *PLoS Pathog* 16(3):e1008259. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7081976/. Zugriff 21. August 2020.
- 98 Nelson MI, Viboud C, Vincent AL, et al. 2015. Global migration of influenza A viruses in swine. *Nature Communications* 6:6696. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4380236/. Zugriff 21. August 2020.
- 99 Nelson MI, Viboud C, Vincent AL, et al. 2015. Global migration of influenza A viruses in swine. *Nature Communications* 6:6696. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4380236/. Zugriff 21. August 2020.
- 100 Nelson MI, Lemey P, Tan Y, et al. 2011. Spatial dynamics of human-origin H1 influenza A virus in North American swine. *PLoS Pathogens* 7(6):e1002077. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3111536/. Accessed August 21, 2020.
- 101 Nelson MI, Lemey P, Tan Y, et al. 2011. Spatial dynamics of human-origin H1 influenza A virus in North American swine. *PLoS Pathogens* 7(6):e1002077. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3111536/. Zugriff 21. August 2020.
- 102 Nelson MI, Lemey P, Tan Y, et al. 2011. Spatial dynamics of human-origin H1 influenza A virus in North American swine. *PLoS Pathogens* 7(6):e1002077. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3111536/. Zugriff 21. August 2020.
- 103 Mena I, Nelson MI, Quezada-Monroy F, et al. 2016. Origins of the 2009 H1N1 influenza pandemic in swine in Mexico. *eLife* 5:e16777. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4957980/. Zugriff 21. August 2020.
- 104 Ma W, Kahn RE, and Richt JA. 2009. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *Journal of Molecular and Genetic Medicine* 3(1):158-66.
- 105 Smith GJD, Vijaykrishna, D, Bahl, J. et al. 2009. Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine- origin H1N1 influenza A epidemic. *Nature* 459:1122-5. www.nature.com/articles/nature08182. Zugriff 21. August 2020.
- 106 von Borell EH. 2001. The biology of stress and its application to livestock housing and transportation assessment. *Journal of Animal Science* 79(suppl. E):E260-7.
- 107 Earley B, Buckham Sporer K, und Gupta S. 2016. Invited review: Relationship between cattle transport, immunity and respiratory disease. *Animal* 11:486-92.
- 108 Zhong S, Crang M, and Zeng G. 2020. Constructing freshness: the vitality of wet markets in urban China. *Agriculture and Human Values* 37:175-85. link.springer.com/article/10.1007/s10460-019-09987-2. Accessed August 21, 2020.
- 109 Lu H, Stratton CW, und Tang YW. 2020. Outbreak of pneumonia of unknown etiology in Wuhan, China: The mystery and the miracle. *Journal of Medical Virology* 92:401-2. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7166628/. Zugriff 21. August 2020.
- 110 Webster RG. 2004. Wet markets: a continuing source of severe acute respiratory syndrome and influenza? *Lancet* 363:234-6. [www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(03\)15329-9/fulltext](http://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(03)15329-9/fulltext). Zugriff 21. August 2020.
- 111 Zhong S, Crang M, and Zeng G. 2020. Constructing freshness: the vitality of wet markets in urban China. *Agriculture and Human Values* 37:175-85. link.springer.com/article/10.1007/s10460-019-09987-2. Zugriff 21. August 2020.
- 112 Zhou X, Li Y, Wang Y, et al. 2015. The role of live poultry movement and live bird market biosecurity in the epidemiology of influenza A (H7N9): A cross-sectional observational study in four eastern China provinces. *The Journal of Infection* 71:470-9.
- 113 Zhong S, Crang M, and Zeng G. 2020. Constructing freshness: the vitality of wet markets in urban China. *Agriculture and Human Values* 37:175-85. link.springer.com/article/10.1007/s10460-019-09987-2. Zugriff 21. August 2020.
- 114 Fournié G, Guitian FJ, Mangtani P, and Ghani AC. 2011. Impact of the implementation of rest days in live bird markets on the dynamics of H5N1 highly pathogenic avian influenza. *Journal of the Royal Society Interface* 8:1079-89. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3119874/. Accessed August 21, 2020.
- 115 Woolhouse ME und Gowtage-Sequeria S. 2005. Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerging Infectious Diseases*. 11:1842-7. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC13367654/. Zugriff 21. August 2020.
- 116 Johnson CK, Hitchens PL, Evans TS, et al. 2015. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports* 5:14830. www.ecohealthalliance.org/wp-content/uploads/2016/11/Kreuder-Johnson-et-al_virus-hostplasticity_SR-2015.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 117 Patterson R, Nevel A, Diaz AV, et al. 2015. Exposure to environmental stressors result in increased viral load and further reduction of production parameters in pigs experimentally infected with PCV2b. *Veterinary Microbiology* 177(3-4):261-9. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4441105/. Accessed August 21, 2020.
- 118 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. World Livestock 2013: Changing disease landscapes, pp. 12-3. Food and Agriculture Organization, United Nations, Rome.
- 119 Fournié G, Guitian FJ, Mangtani P, und Ghani AC. 2011. Impact of the implementation of rest days in live bird markets on the dynamics of H5N1 highly pathogenic avian influenza. *Journal of the Royal Society Interface* 8:1079-89. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3119874/. Zugriff 21. August 2020.
- 120 Dhingra MS, Dissanayake R, Negi AB, et al. 2014. Spatio-temporal epidemiology of highly pathogenic avian influenza (subtype H5N1) in poultry in eastern India. *Spatial and Spatio-temporal Epidemiology* 11:45-57.
- 121 Fournié G und Pfeiffer DU. 2013. Monitoring and controlling disease spread through live animal market networks. *Veterinary Journal*. 195:8-9.
- 122 Zhou X, Li Y, Wang Y, et al. 2015. The role of live poultry movement and live bird market biosecurity in the epidemiology of influenza A (H7N9): A cross-sectional observational study in four eastern China provinces. *The Journal of Infection* 71:470-9.
- 123 Li Y, Huang B, Shen C, et al. 2020. Pig trade networks through live pig markets in Guangdong Province, China. *Transboundary and Emerging Diseases* 67:1315-29. onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/tbed.13472. Zugriff 21. August 2020.
- 124 Zhou X, Li Y, Wang Y, et al. 2015. The role of live poultry movement and live bird market biosecurity in the epidemiology of influenza A (H7N9): A cross-sectional observational study in four eastern China provinces. *The Journal of Infection* 71:470-9.
- 125 Zhou X, Li Y, Wang Y, et al. 2015. The role of live poultry movement and live bird market biosecurity in the

epidemiology of influenza A (H7N9): A cross-sectional observational study in four eastern China provinces. *The Journal of Infection* 71:470-9.

- 126 Bao CJ, Cui LB, Zhou MH, Hong L, and Gao GF, Wang H. 2013. Live-animal markets and influenza A (H7N9) virus infection. *New England Journal of Medicine* 368(24):2337-9. www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc1306100. Zugriff 21. August 2020.
- 127 Senne DA, Suarez DL, Pedersen JC, and Panigrahy B. 2003. Molecular and biological characteristics of H5 and H7 avian influenza viruses in live-bird markets of the northeastern United States, 1994–2001. *Avian Diseases* 47:898-904.
- 128 Vincent A, Awada L, Brown I, et al. 2014. Review of influenza a virus in swine worldwide: A call for increased surveillance and research. *Zoonosis and Public Health* 61:4-17.
- 129 Willyard C. 2019. Flu on the farm. *Nature* 573:s62-3. www.nature.com/articles/d41586-019-02757-4. Zugriff 21. August 2020.
- 130 Ma W, Kahn RE, und Richt JA. 2009. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *Journal of Molecular and Genetic Medicine* 3(1):158-66. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2702078/. Zugriff 21. August 2020.
- 131 Bowman AS, Walia RR, Nolting JM, et al. 2017. Influenza A(H3N2) virus in swine at agricultural fairs and transmission to humans, Michigan and Ohio, USA, 2016. *Emerging Infectious Diseases, Dispatch* 23(9): 1551- 5. wwwnc.cdc.gov/eid/article/23/9/17-0847_article. Zugriff 21. August 2020
- 132 Jhung MA, Epperson S, Biggerstaff M, et al. 2013. Outbreak of variant Influenza A(H3N2) virus in the United States. *Clinical Infectious Disease* 57(12):1703-12. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5733625/pdf/nihms924355.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 133 Centers for Disease Control. 2012. Influenza A (H3N2) Variant Virus-Related Hospitalizations — Ohio, 2012. *Morbidity and Mortality Weekly Report* 61(38):764-7. www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm6138a3.htm. Zugriff 21. August 2020.
- 134 Shinde V, Bridges CB, Uyeki TM, et. al. 2009. Triple-reassortant swine influenza A (H1) in humans in the United States, 2005–2009. *New England Journal of Medicine* 360:2616-25. www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa0903812. Zugriff 21. August 2020.
- 135 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 136 Sims LD, Ellis TM, Liu KK, Dyrting K, Wong H, Peiris M, Guan Y, and Shortridge KF. 2003. Avian influenza in Hong Kong 1997–2002. *Avian Diseases* 47(3 Suppl):832-8.
- 137 The Bureau for Food and Agricultural Policy (BFAP). 2018. Economic impact of the 2017 Highly Pathogenic Avian Influenza outbreak in South Africa. A report by BFAP to the South African Poultry Association. www.bfap.co.za/wp-content/uploads/2018/08/AI-Report-final.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 138 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 139 World Health Organisation. 2020. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2020. www.who.int/influenza/human_animal_interface/2020_MAY_tableH5N1.pdf?ua=1. Zugriff 21. August 2020.
- 140 Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit. Aktuelles / Tierseuchengeschehen. Aviäre Influenza (AI) Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland: Stand 22.02.2021. Aviäre Influenza (AI) / Geflügelpest: Friedrich-Loeffler-Institut (fli.de). Zugriff 17. März 2021.
- 141 Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit. 2021. Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland: Stand 22.02.2021. S.6. www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00035971/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5N8_2021-02-22-bf.pdf. Zugriff 16. März 2021.
- 142 Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit. 2021. Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland: Stand 22.02.2021. S.9. www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00035971/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5N8_2021-02-22-bf.pdf. Zugriff 16. März 2021.
- 143 Süddeutsche Zeitung. 2021. Russland meldet weltweit erste Fälle von Vogelgrippe H5N8 bei Menschen. 21. Februar. www.sueddeutsche.de/politik/vogelgrippe-h5n8-russland-1.5212357. Zugriff 16. März 2021.
- 144 World Health Organization. FAQs: H5N1 influenza. www.who.int/influenza/human_animal_interface/avian_influenza/h5n1_research/faqs/en/. Zugriff 21. August 2020.

- 145 Philippon DAM, Wu P, Cowling BJ, and Lau EHY. 2020. Avian influenza human infections at the human-animal interface. *Journal of Infectious Diseases* 222(4):528-37. academic.oup.com/jid/article/222/4/528/5802683. Accessed August 21, 2020.
- 146 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 147 Webster RG, Bean WJ, Gorman OT, Chambers TM, and Kawaoka Y. 1992. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiological Reviews* 56(1):152-79. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC372859/pdf/microrev0028-0170.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 148 Van Reeth K. 2007. Avian and swine influenza viruses: our current understanding of the zoonotic risk. *Veterinary Research* 38:243-60. www.vetres.org/articles/vetres/pdf/2007/02/v07011.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 149 Suarez DL. 2000. Evolution of avian influenza viruses. *Veterinary Microbiology* 74(1-2):15-27.
- 150 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Accessed August 21, 2020.
- 151 Van Boeckel TP, Thanapongtharm W, Robinson T, Biradar CM, Xiao X, and Gilbert M. 2012. Improving risk models for avian influenza: the role of intensive poultry farming and flooded land during the 2004 Thailand epidemic. *PLOS ONE* 7(11):e49528. journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0049528. Zugriff 21. August 2020.
- 152 Barman S, Turner JCM, Hasan MH, et al. 2019. Continuing evolution of highly pathogenic H5N1 viruses in Bangladeshi live poultry markets. *Emerging Microbes & Infections* 8(1):650-1. www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/2221751.2019.1605845. Zugriff 21. August 2020.
- 153 Gilbert M, Xiao X, und Robinson TP. 2017. Intensifying poultry production systems and the emergence of avian influenza in China: a ‘One Health/Ecohealth’ epitome. *Archives of Public Health* 75:48. archpublichealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13690-017-0218-4. Zugriff 21. August 2020.
- 154 Naguib MM, Verhagen JH, Mostafa A, et al. 2019. Global patterns of avian influenza A (H7): virus evolution and zoonotic threats. *FEMS Microbiology Reviews* 43(6):608-21. academic.oup.com/femsre/article/43/6/608/5543894. Zugriff 21. August 2020.
- 155 Gilbert M, Xiao X, und Robinson TP. 2017. Intensifying poultry production systems and the emergence of avian influenza in China: a ‘One Health/Ecohealth’ epitome. *Archives of Public Health* 75:48. archpublichealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13690-017-0218-4. Zugriff 21. August 2020.
- 156 Leibler JH, Otte J, Roland-Holst D, et al. 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian influenza. *Ecohealth* 6(1):58-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7087879/. Zugriff 21. August 2020.
- 157 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 158 Zhao ZM, Shortridge KF, Garcia M, Guan Y, and Wan XF. 2008. Genotypic diversity of H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses. *Journal of General Virology* 89(9):2182-93. www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/vir.0.2008/001875-0#tab2. Zugriff 21. August 2020.
- 159 Sims LD, Ellis TM, Liu KK, Dyrting K, Wong H, Peiris M, Guan Y, and Shortridge KF. 2003. Avian influenza in Hong Kong 1997–2002. *Avian Diseases* 47(3 Suppl):832-8.
- 160 Duan L, Campitelli L, Fan XH et al. 2007. Characterization of low pathogenic H5 subtype influenza viruses from Eurasia: implications for the origin of highly pathogenic H5N1 viruses. *Journal of Virology* 81:7529-39. jvi.asm.org/content/81/14/7529.long. Zugriff 21. August 2020.
- 161 Sims LD, Ellis TM, Liu KK, Dyrting K, Wong H, Peiris M, Guan Y, and Shortridge KF. 2003. Avian influenza in Hong Kong 1997–2002. *Avian Diseases* 47(3 Suppl):832-8.
- 162 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 163 Zhao ZM, Shortridge KF, Garcia M, Guan Y, and Wan XF. 2008. Genotypic diversity of H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses. *Journal of General Virology* 89(9):2182-93. www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/vir.0.2008/001875-0#tab2. Zugriff 21. August 2020.
- 164 Duan L, Bahl J, Smith GJD et al. 2008. The development and genetic diversity of H5N1 influenza virus in China, 1996–2006. *Virology* 380:243-54. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2651962/. Zugriff 21. August 2020.

- 165 Li KS, Guan Y, Wang J, et al. 2004. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* 430(6996):209-13. www.nature.com/articles/nature02746. Zugriff 21. August 2020.
- 166 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 167 Philippon DAM, Wu P, Cowling BJ, und Lau EHY. 2020. Avian influenza human infections at the human-animal interface. *Journal of Infectious Diseases* 222(4):528-37. academic.oup.com/jid/article/222/4/528/5802683. Zugriff 21. August 2020.
- 168 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 169 Sims LD, Domenech J, Benigno C, et al. 2005. Origin and evolution of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Asia. *Veterinary Record* 157:159-64.
- 170 Gilbert M, Xiao X, und Robinson TP. 2017 Intensifying poultry production systems and the emergence of avian influenza in China: a 'One Health/Ecohealth' epitome. *Archives of Public Health* 75:48. archpublichealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13690-017-0218-4. Zugriff 21. August 2020.
- 171 Sibartie D. 2005. Standards and Activities of the OIE related to avian influenza. In: Knobler SL, Mack A, Mahmoud A, and Lemon SM (eds.) *The Threat of Pandemic Influenza: Are We Ready? Workshop Summary*, Institute of Medicine (US) Forum on Microbial Threats (Washington, DC: National Academies Press). www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22152/#a2000c209ddd00213. Zugriff 21. August 2020.
- 172 Richard M, Fouchier R, Monne I, and Kuiken T. 2017. Mechanisms and risk factors for mutation from low to highly pathogenic avian influenza virus. External Scientific Report. European Food Safety Authority. efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.2903/sp.efsa.2017.EN-1287. Zugriff 21. August 2020.
- 173 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007 Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 174 Stegeman A, Bouma A, Elbers ARW et al. 2004. Avian influenza A virus (H7N7) epidemic in The Netherlands in 2003: Course of the epidemic and effectiveness of control measures. *Journal of Infectious Diseases* 190:2088-95. academic.oup.com/jid/article/190/12/2088/862959. Zugriff 21. August 2020.
- 175 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 176 Dhingra SM, Artois J, Dellicour S, et al. 2018. Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry. *Frontiers in Veterinary Science* 5:84. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5996087/. Zugriff 21. August 2020.
- 177 Dhingra SM, Artois J, Dellicour S, et al. 2018. Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry. *Frontiers in Veterinary Science* 5:84. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5996087/. Zugriff 21. August 2020.
- 178 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 179 Dhingra SM, Artois J, Dellicour S, et al. 2018. Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry. *Frontiers in Veterinary Science* 5:84. World Health Organization. Avian influenza: Food safety issues www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5996087/. Zugriff 21. August 2020.
- 180 Weltgesundheitsorganisation. Aviäre Influenza: Food safety issues www.who.int/foodsafety/areas_work/zoonose/avian/en/index1.html. Zugriff 21. August 2020.
- 181 Seekings AH, Slomka MJ, Russell C, et al. 2018. Direct evidence of H7N7 avian influenza virus mutation from low to high virulence on a single poultry premises during an outbreak in free range chickens in the UK, 2008. *Infection, Genetics and Evolution* 64:13-31.
- 182 Dhingra SM, Artois J, Dellicour S, et al. 2018. Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry. *Frontiers in Veterinary Science* 5:84. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5996087/. Zugriff 21. August 2020.
- 183 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 184 World Health Organization. Avian influenza: Food safety issues www.who.int/foodsafety/areas_work/zoonose/avian/en/index1.html. Accessed August 21, 2020.
- 185 World Health Organization. Avian influenza: Food safety issues. www.who.int/foodsafety/areas_work/zoonose/avian/en/index1.html. Zugriff 21. August 2020.
- 186 Otte J, Roland-Holst D, Pfeiffer D, et al. 2007. Industrial Livestock Production and Global Health Risks. Pro-Poor Livestock Policy Initiative. A Living from Livestock Research Report. www.fao.org/3/a-bp285e.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 187 Capua I und Alexander DJ. 2006. The challenge of avian influenza to the veterinary community. *Avian Pathology* 35(3):189-205. www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/03079450600717174. Zugriff 21. August 2020.
- 188 Chen H, Smith GJD, Li KS et al. 2006. Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: implications for pandemic control. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 103:2845-50. www.pnas.org/content/103/8/2845.long. Zugriff 21. August 2020.
- 189 Li KS, Guan Y, Wang J, et al. 2004. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* 430(6996):209-13. www.nature.com/articles/nature02746. Zugriff 21. August 2020.
- 190 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020
- 191 World Health Organization. Avian influenza: Food safety issues. www.who.int/foodsafety/areas_work/zoonose/avian/en/index1.html. Zugriff 21. August 2020.
- 192 Ludwig B, Kraus FB, Allwinn R, Doerr HW, and Preiser W. 2003. Viral Zoonoses – A Threat under Control? *Intervirology* 46(2):71-8.
- 193 Osterholm MT and Kelley NS. 2012. Mammalian transmissible H5N1 influenza: facts and perspective. *mBio* 3(2):e00045-12. mbio.asm.org/content/3/2/e00045-12.long. Accessed August 21, 2020.
- 194 Chen H, Smith GJD, Li KS et al. 2006. Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: implications for pandemic control. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 103:2845-50. www.pnas.org/content/103/8/2845.long. Zugriff 21. August 2020.
- 195 Uppal PK. 2006. Emergence of Nipah virus in Malaysia. *Annals of the New York Academy of Sciences* 916:354-7.
- 196 Uppal PK. 2006. Emergence of Nipah virus in Malaysia. *Annals of the New York Academy of Sciences* 916:354-7.
- 197 World Health Organization. 2018. Nipah virus. www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/nipah-virus. Zugriff 21. August 2020.
- 198 Sharma V, Kaushik S, Kumar R, Yadav JP, and Kaushik S. 2019. Emerging trends of Nipah virus: A review. *Reviews in Medical Virology* 29:e2010. onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/rmv.2010. Zugriff 21. August 2020.
- 199 Chua KB, Chua BH, and Wang CW. 2002. Anthropogenic deforestation, El Nino and the emergence of Nipah virus in Malaysia. *Malaysian Journal of Pathology* 24:15-21. mjpath.org.my/past_issue/MJP2002.1/anthropogenic-deforestation.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 200 Pulliam JRC, Epstein JH, Dushoff J, et al. 2012. Agricultural intensification, priming for persistence and the emergence of Nipah virus: a lethal bat-borne zoonosis. *Journal of The Royal Society Interface* 9:89-101. royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rsif.2011.0223. Zugriff 21. August 2020.
- 201 Uppal PK. 2006. Emergence of Nipah virus in Malaysia. *Annals of the New York Academy of Sciences* 916:354-7.200
- 202 Sharma V, Kaushik S, Kumar R, Yadav JP, and Kaushik S. 2019. Emerging trends of Nipah virus: A review. *Reviews in Medical Virology* 29:e2010. onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/rmv.2010. Zugriff 21. August 2020.
- 203 Centers for Disease Control. 1999. Outbreak of Hendra-Like Virus — Malaysia and Singapore, 1998–1999. *Morbidity and Mortality Weekly Report* 48(13):265-9. www.cdc.gov/mmwr/PDF/wk/mm4813.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 204 Mohd Nor MN, Gan CH und Ong BL. 2000. Nipah virus infection of pigs in peninsular Malaysia. *Revue Scientifique et Technique* 19(1):160-5. doc.oie.int/dyn/portal/index.seam?page=alo&alold=29614. Zugriff 21. August 2020.
- 205 Mohd Nor MN, Gan CH und Ong BL. 2000. Nipah virus infection of pigs in peninsular Malaysia. *Revue Scientifique et Technique* 19(1):160-5. doc.oie.int/dyn/portal/index.seam?page=alo&alold=29614. Zugriff 21. August 2020.
- 206 Pulliam JRC, Epstein JH, Dushoff J, et al. 2012. Agricultural intensification, priming for persistence and the

emergence of Nipah virus: a lethal bat-borne zoonosis. *Journal of The Royal Society Interface* 9:89-101. royalsociety-publishing.org/doi/10.1098/rsif.2011.0223. Zugriff 21. August 2020.

207 Mohd Nor MN, Gan CH und Ong BL. 2000. Nipah virus infection of pigs in peninsular Malaysia. *Revue Scientifique et Technique* 19(1):160-5. doc.oie.int/dyn/portal/index.seam?page=alo&alold=29614. Zugriff 21. August 2020.

208 Paton NI, Leo YS, Zaki SR, et al. 1999. Outbreak of Nipah-virus infection among abattoir workers in Singapore. *The Lancet* 354(9186):1253-6.

209 Centers for Disease Control. 1999. Outbreak of Hendra-Like Virus — Malaysia and Singapore, 1998–1999. *Morbidity and Mortality Weekly Report* 48(13):265-9. www.cdc.gov/mmwr/PDF/wk/mm4813.pdf. Zugriff 21. August 2020.

210 Mohd Nor MN, Gan CH und Ong BL. 2000. Nipah virus infection of pigs in peninsular Malaysia. *Revue Scientifique et Technique* 19(1):160-5. doc.oie.int/dyn/portal/index.seam?page=alo&alold=29614. Zugriff 21. August 2020.

211 Uppal PK. 2006. Emergence of Nipah virus in Malaysia. *Annals of the New York Academy of Sciences* 916:354-7.

212 Banerjee S, Gupta N, Kodan P, et al. 2019. Nipah virus disease: A rare and intractable disease. *Intractable Rare Disease Research* 8(1):1-8. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6409114/#!po=65.6250. Zugriff 21. August 2020.

213 Luby SP. 2013. The pandemic potential of Nipah virus. *Antiviral Research* 100(1):38-3.

214 Ching PKG, de los Reyes VC, Sucaldito MN, et al. 2015. Outbreak of henipavirus infection, Philippines, 2014. *Emerging Infectious Diseases* 21(2):328-31. wwwnc.cdc.gov/eid/article/21/2/14-1433_article, Zugriff 21. August 2020.

215 Sharma V, Kaushik S, Kumar R, Yadav JP, and Kaushik S. 2019. Emerging trends of Nipah virus: A review. *Reviews in Medical Virology* 29:e2010. onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/rmv.2010. Zugriff 21. August 2020.

216 Luby SP. 2013. The pandemic potential of Nipah virus. *Antiviral Research* 100(1):38-3.

217 Wuethrich B. 2003. Chasing the fickle swine flu. *Science* 299(5612):1502-5.

218 Garten RJ, Davis CT, Russell CA, et al. 2009. Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A(H1N1) influenza viruses circulating in humans. *Science* 325(5937):197-201. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3250984/. Zugriff 21. August 2020.

219 Lycett SJ, Duchatel F, and Digard P. 2019. A brief history of bird flu. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 374:20180257. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6553608/pdf/rstb20180257.pdf. Zugriff 21. August 2020.

220 Johnson NPAS und Mueller J. 2002 Updating the accounts: global mortality of the 1918-1920 'Spanish' influenza pandemic. *Bulletin of the History of Medicine* 76(1):105-15.

221 Zhou NN, Senne DA, Landgraf JS, et al. 1999. Genetic reassortment of avian, swine, and human influenza A viruses in American pigs. *Journal of Virology* 73(10):8851-6. jvi.asm.org/content/73/10/8851. Zugriff 21. August 2020.

222 Wuethrich B. 2003. Chasing the fickle swine flu. *Science* 299(5612):1502-5.

223 Baudon E, Peyre M, Peiris M, and Cowling BJ. 2017. Epidemiological features of influenza circulation in swine populations: A systematic review and meta-analysis. *PLoS ONE* 12(6):e0179044. journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0179044. Zugriff 21. August 2020.

224 de Souza Almeida HM, Storino GY, Pereira DA, et al. 2017. A cross-sectional study of swine influenza in intensive and extensive farms in the northeastern region of the state of São Paulo, Brazil. *Tropical Animal Health and Production* 49(1):25-30.

225 Ito T, Couceiro JNSS, Kelm S, et al. 1998. Molecular basis for the generation in pigs of influenza A viruses with pandemic potential. *Journal of Virology* 72(9):7367-73. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC109961/. Accessed August 21, 2020.

226 Ma W, Kahn RE, and Richt JA. 2009. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *Journal of Molecular and Genetic Medicine* 3(1):158-66. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2702078/. Accessed August 21, 2020.

227 Ma W, Kahn RE, und Richt JA. 2009. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *Journal of Molecular and Genetic Medicine* 3(1):158-66. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2702078/. Zugriff 21. August 2020.

228 Ma W, Kahn RE, und Richt JA. 2009. The pig as a mixing vessel for influenza viruses: Human and veterinary implications. *Journal of Molecular and Genetic Medicine* 3(1):158-66. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2702078/. Zugriff 21. August 2020.

229 Centers for Disease Control and Prevention. 2009. Update: Novel Influenza A (H1N1) Virus Infection --- Mexico, March--May, 2009. *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 5. Juni, 58(21):585-9. www.cdc.gov/mmwr/pre-

view/mmwrhtml/mm5821a2.htm. Zugriff 21. August 2020.

230 Centers for Disease Control and Prevention. 2009. Update: Novel Influenza A (H1N1) Virus Infection --- Mexico, March--May, 2009. *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 5. Juni, 58(21):585-9. www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5821a2.htm. Zugriff 21. August 2020.

231 Walsh B. 2009. H1N1 virus: The first legal action targets a pig farm. *Time*, May 15. http://content.time.com/time/health/article/0,8599,1898977,00.html#:~:text=In%20einem%20ersten%20Schritt%20zur Station,La%20Gloria%2C%20wo%20die%20frühesten. Zugriff 21. August 2020.

232 Centers for Disease Control and Prevention. 2009. Swine influenza A (H1N1) infection in two children --- Southern California, March--April 2009. *Morbidity and Mortality Weekly Report*, Weekly, 24. April, 58(15):400-2. www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5815a5.htm. Zugriff 21. August 2020.

233 Centers for Disease Control and Prevention. 2009. Update: Swine influenza A (H1N1) infections --- California and Texas, April 2009. *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 1. Mai, 58(16):435-7. www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5816a7.htm. Zugriff 21. August 2020.

234 World Health Organization. 2009. Swine influenza. Erklärung der WHO-Generaldirektorin, Dr. Margaret Chan. April 25, 2009. www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_20090425/en/. Zugriff 21. August 2020.

235 World Health Organization. 2009. Swine influenza. Erklärung der WHO-Generaldirektorin, Dr. Margaret Chan. April 27, 2009. www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_20090427/en/. Zugriff 21. August 2020.

236 Fraser C, Donnelly CA, Cauchemez S, et al. 2009. Pandemic potential of a strain of influenza A (H1N1): Early findings. *Science* 324:1557-61. science.sciencemag.org/content/324/5934/1557. Zugriff 21. August 2020.

237 Lemey P, Suchard M, and Rambau A. 2009. Reconstructing the initial global spread of a human influenza pandemic. *PLOS Currents Influenza* 1:RRN1031. currents.plos.org/influenza/article/reconstructing-the-initial-global-spread-of-a-human-influenza-pandemic/. Zugriff 21. August 2020.

238 Shinde V, Bridges CB, Uyeki TM, et al. 2009. Triple-reassortant swine influenza A (H1) in humans in the United States, 2005–2009. *New England Journal of Medicine* 360:2616-25. www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa0903812. Zugriff 21. August 2020.

239 World Health Organization. 2009. World now at the start of 2009 influenza pandemic. Statement to the press by WHO Director-General, Dr. Margaret Chan. June 11. www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_pandemic_phase6_20090611/en/. Accessed August 21, 2020.

240 World Health Organization. 2009. World now at the start of 2009 influenza pandemic. Statement to the press by WHO Director-General, Dr. Margaret Chan. June 11. www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_pandemic_phase6_20090611/en/. Zugriff 21. August 2020.

241 Kelly H, Peck HA, Laurie KL, Wu P, Nishiura H, and Cowling BJ. 2011. The age-specific cumulative incidence of infection with pandemic influenza H1N1 2009 was similar in various countries prior to vaccination. *PLoS One* 6(8):e21828. journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0021828. Zugriff 21. August 2020.

242 Dawood FS, Luliano AD, Reed C et al. 2012. Estimated global mortality associated with the first 12 months of 2009 pandemic influenza A H1N1 virus circulation: A modeling study. *Lancet Infectious Diseases* 12:687-95. www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(12)70121-4/fulltext. Zugriff 21. August 2020.

243 Mena I, Nelson MI, Quezada-Monroy F, et al. 2016. Origins of the 2009 H1N1 influenza pandemic in swine in Mexico. *eLife* 5:e16777. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4957980/. Zugriff 21. August 2020.

244 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2013. *World Livestock 2013: Changing disease landscapes*, p. 49. Food and Agriculture Organization, United Nations, Rome. www.fao.org/3/i3440e/i3440e.pdf. Zugriff 21. August 2020.

245 Mena I, Nelson MI, Quezada-Monroy F, et al. 2016. Origins of the 2009 H1N1 influenza pandemic in swine in Mexico. *eLife* 5:e16777. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4957980/. Zugriff 21. August 2020.

246 Smith GJD, Vijaykrishna, D, Bahl, J. et al. 2009. Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic. *Nature* 459:1122-5. www.nature.com/articles/nature08182. Zugriff 21. August 2020.

247 Garten RJ, Davis CT, Russell CA, et al. 2009. Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A(H1N1) influenza viruses circulating in humans. *Science* 325(5937):197-201. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3250984/. Zugriff 21. August 2020.

248 Garten RJ, Davis CT, Russell CA, et al. 2009. Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A(H1N1) influenza viruses circulating in humans. *Science* 325(5937):197-201. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3250984/. Zugriff 21. August 2020.

249 Zhou NN, Senne DA, Landgraf JS, et al. 1999. Genetic reassortment of avian, swine, and human influenza A viruses in American pigs. *Journal of Virology* 73(10):8851-6. jvi.asm.org/content/73/10/8851. Accessed August 21, 2020.

- 250 Sun H, Xiao Y, Liu J, et al. 2020. Prevalent Eurasian avian-like H1N1 swine influenza virus with 2009 pandemic viral genes facilitating human infection. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117(29):17204-10.
- 251 Ebola haemorrhagic fever in Zaire, 1976. 1978. *Bulletin of the World Health Organization* 56(2):271-93. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2395567/pdf/bullwho00439-0113.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 252 World Health Organization. 2020. Ebola Virus Disease. www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/ebola- 21. August 2020.
- 253 World Health Organization. 2020. Ebola Virus Disease. www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/ebola-virus-disease. Zugriff 21. August 2020.
- 254 Centers for Disease Control and Prevention. 2019. Ebola (Ebola virus disease). Transmission. www.cdc.gov/vhf/ebola/transmission/index.html. , Zugriff 21. August 2020.
- 255 Centers for Disease Control and Prevention. 2019. Ebola (Ebola virus disease). What is Ebola Virus Disease? www.cdc.gov/vhf/ebola/about.html. Zugriff 21. August 2020.
- 256 Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2019. Ebola virus. Frequently asked questions. www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/ebola/Faq.html. Zugriff 21. August 2020.
- 257 Kobinger GP, Leung A, Neufeld J, et al. 2011. Replication, pathogenicity, shedding, and transmission of Zaire ebola virus in pigs. *The Journal of Infectious Diseases* 204(2):200-8. pdfs.semanticscholar.org/fac3/f7097cd-52d4866a2e751687c4adbcb694a1e.pdf?_ga=2.194397869848473547.15 95552722-1660856568.1583525152. Zugriff 21. August 2020.
- 258 Weingartl HM, Embury-Hyatt C, Nfon C, Leung A, Smith G, and Kobinger G. 2012. Transmission of Ebola virus from pigs to non-human primates. *Scientific Reports* 2:811. www.nature.com/articles/srep00811. Zugriff 21. August 2020.
- 259 Food and Agricultural Organization. 2018. Frequently asked questions on Ebola virus disease. www.fao.org/3/BU672EN/bu672en.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 260 Bausch DG. 2011. Ebola virus as a foodborne pathogen? Cause for consideration, but not panic. *The Journal of Infectious Diseases* 204(2):179-81. academic.oup.com/jid/article/204/2/179/833471. Zugriff 21. August 2020.
- 261 Barrette RW, Metwally SA, Rowland JM, et al. 2009. Discovery of swine as a host for the Reston ebolavirus. *Science* 325(5937):204-6. science.sciencemag.org/content/sci/325/5937/204.full.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 262 Pearson S, Cottingham M, Pucak G, et al. 1996. Ebola-Reston virus infection among quarantined nonhuman primates—Texas, 1996. *Morbidity and Mortality Weekly Report* 45(15):314-6. www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/00040920.htm. Zugriff 21. August 2020.
- 263 Cantoni D, Hamlet A, Michaelis M, Wass MN, and Rossman JS. 2016. Risks posed by Reston, the forgotten Ebolavirus. *mSphere* 1(6):e00322-16. msphere.asm.org/content/1/6/e00322-16. Accessed August 21, 2020.
- 264 Borrell B. 2009. Swine Ebola. *Scientific American*, 1. September. www.scientificamerican.com/article/swine-ebola/. Zugriff 21. August 2020.
- 265 Philbey AW, Kirkland PD, Ross AD, et al. 1998. An apparently new virus (family Paramyxoviridae) infectious for pigs, humans, and fruit bats. *Emerging Infectious Diseases* 4(2):269-71 https://www.bike-components.de/de/Shimano/Tiagra-Innenlager-BB-RS500-Hollowtech-II-p43863?o=300278-silber-ITA&delivery_country=DE&gclid=Cj0K-CQjwo0CDBhCPARisAll3C_G4RH9ioi1BRvX1fCzt4HDWJcU_AOqCg1jBhNKERYiKs3cR8BcaAgOcEALw_wcB. www.research.ed.ac.uk/portal/files/7922402/EmergInfectDis_1998_4_269.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 266 Bowden TR, Bingham J, Harper JA, and Boyle DB. 2012. Menangle virus, a pteropid bat paramyxovirus infectious for pigs and humans, exhibits tropism for secondary lymphoid organs and intestinal epithelium in weaned pigs. *The Journal of General Virology* 93(Pt 5):1007-16. pdfs.semanticscholar.org/7foc/do22353c07b95a2621d2ee52576bff18e79a.pdf?_ga=2.238864384.1848473547.1595552722-1660856568.1583525152. Zugriff 21. August 2020.
- 267 Barr JA, Smith C, Marsh GA, Field H, Field H, and Wang LF. 2012. Evidence of bat origin for Menangle virus, a zoonotic paramyxovirus first isolated from diseased pigs. *The Journal of General Virology* 93(Pt 12):2590-4. pdfs.semanticscholar.org/7dbc/d47e578b26a5cc218ab19ab38ae178f303fe.pdf?_ga=2.138822195.1848473547.1595552722-1660856568.1583525152. Zugriff 21. August 2020.
- 268 Chant K, Chan R, Smith M, Dwyer DE, and Kirkland P. 1998. Probable human infection with a newly described virus in the family Paramyxoviridae. The NSW Expert Group. *Emerging Infectious Diseases* 4(2):273-5. pdfs.semanticscholar.org/4bc1/dc34da32a49548adbb214d1fceoac9f9c0597.pdf?_ga=2.209676306.1848473547.1595552722-1660856568.1583525152. Zugriff 21. August 2020.
- 269 Bowden TR, Bingham J, Harper JA, und Boyle DB. 2012. Menangle virus, a pteropid bat paramyxovirus infectious for pigs and humans, exhibits tropism for secondary lymphoid organs and intestinal epithelium in weaned pigs. *The Journal of General Virology* 93(Pt 5):1007-16. pdfs.semanticscholar.org/7foc/do22353c07b95a2621d2ee52576bff18e79a.pdf?_ga=2.238864384.1848473547.1595552722-1660856568.1583525152. Zugriff 21. August 2020.
- 270 Kirkland PD, Daniels PDW, Nor MN, Love RJ, Philbey AW, and Ross AD. 2002. Menangle and Nipah virus infections of pigs. *The Veterinary Clinics Food Animal Practice* 18:557-71.
- 271 Carruyo GM, Mateu G, Martínez LC, et al. 2008. Molecular characterization of porcine picobirnaviruses and development of a specific reverse transcription-PCR assay. *Journal of Clinical Microbiology* 46(7):2402-5. jcm.asm.org/content/46/7/2402. Zugriff 21. August 2020.
- 272 Malik YS, Kumar N, Sharma K, et al. 2014. Epidemiology, phylogeny, and evolution of emerging enteric Picobirnaviruses of animal origin and their relationship to human strains. *BioMed Research International* 2014:780752. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4124650/. Zugriff 21. August 2020.
- 273 Grohmann GS, Glass RI, Pereira HG, et al. 1993. Enteric viruses and diarrhea in HIV-infected patients. Enteric Opportunistic Infections Working Group. *The New England Journal of Medicine* 329(1):14-20. www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejm199307013290103. Zugriff 21. August 2020.
- 274 Malik YS, Sircar S, Saurabh S, et al. 2018. Epidemiologic status of Picobirnavirus in India, a less explored viral disease. *The Open Virology Journal* 12:99-109. pdfs.semanticscholar.org/2d97/7968af96fa68b258886bb-41c58762d2f8d8f.pdf?_ga=2.231211935.1848473547.1595552722-1660856568.1583525152. Zugriff 21. August 2020.
- 275 Ganesh B, Bányai K, Kanungo S, Sur D, Malik YS, and Kobayashi N. 2012. Detection and molecular characterization of porcine picobirnavirus in feces of domestic pigs from Kolkata, India. *Indian Journal of Virology* 23(3):387-91. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3550800/. Accessed August 21, 2020.
- 276 Bányai K, Martella V, Bogdán Á, et al. 2008. Genogroup I picobirnaviruses in pigs: evidence for genetic diversity and relatedness to human strains. *The Journal of General Virology* 89(2):534-9. www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/vir.0.83134-0. Accessed August 21, 2020.
- 277 Malik YS, Kumar N, Sharma K, et al. 2014. Epidemiology, phylogeny, and evolution of emerging enteric Picobirnaviruses of animal origin and their relationship to human strains. *BioMed Research International* 2014:780752. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4124650/. Accessed August 21, 2020.
- 278 Ganesh B, Bányai K, Kanungo S, Sur D, Malik YS, and Kobayashi N. 2012. Detection and molecular characterization of porcine picobirnavirus in feces of domestic pigs from Kolkata, India. *Indian Journal of Virology* 23(3):387-91. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3550800/. Accessed August 21, 2020.
- 279 Symonds EM, Griffin DW, and Breitbart M. 2009. Eukaryotic viruses in wastewater samples from the United States. *Applied and Environmental Microbiology* 75(5):1402-9. aem.asm.org/content/75/5/1402. Zugriff 21. August 2020.
- 280 Weiss SR und Navas-Martin S. 2005. Coronavirus pathogenesis and the emerging pathogen severe acute respiratory syndrome coronavirus. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 69(4):635-64. mmb.asm.org/content/mmb/69/4/635.full.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 281 Woo PCY, Lau SKP, Yip CCY, et al. 2006. Comparative analysis of 22 coronavirus HKU1 genomes reveals a novel genotype and evidence of natural recombination in coronavirus HKU1. *Journal of Virology* 80(14):7136-45. www.mdpi.com/1999-4915/1/1/57/htm. Accessed August 21, 2020.
- 282 Henry R. 2020 Etymologia: Coronavirus. *Emerging Infectious Diseases* 26(5):1027. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7181939/pdf/ET-2605.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 283 Weiss SR und Navas-Martin S. 2005. Coronavirus pathogenesis and the emerging pathogen severe acute respiratory syndrome coronavirus. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 69(4):635-64. mmb.asm.org/content/mmb/69/4/635.full.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 284 Centers for Disease Control and Prevention. Humane Coronavirus-Typen. www.cdc.gov/coronavirus/types.html. Zugriff 21. August 2020.
- 285 Woo PCY, Lau SKP, Huang Y, and Yuen K-Y. 2009. Coronavirus diversity, phylogeny and interspecies jumping. *Experimental Biology and Medicine* 234(10):1117-27. journals.sagepub.com/doi/10.3181/0903-MR-94. Zugriff 21. August 2020.
- 286 Xu J, Zhao S, Teng T, et al. 2020. Systematic comparison of two animal-to-human transmitted human coronaviruses: SARS-CoV-2 and SARS-CoV. *Viruses* 12(2):244. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7077191/. Zugriff 21. August 2020.
- 287 Su S, Wong G, Shi W, et al. 2016. Epidemiology, genetic recombination, and pathogenesis of coronaviruses. *Trends in Microbiology* 24(6):490-502. www.cell.com/trends/microbiology/pdf/S0966-842X(16)00071-8.pdf. Zugriff 21. August 2020.
- 288 Collisson EW, Pei J, Dzielawa J, and Seo SH. 2000. Cytotoxic T lymphocytes are critical in the control of

infectious bronchitis virus in poultry. *Developmental and Comparative Immunology* 24 (2-3):187-200.

289 Wang Q, Vlasova AN, Kenney SP, and Saif LJ. 2019. Emerging and re-emerging coronaviruses in pigs. *Current Opinion in Virology* 34 (February):39-49. covid-19.conacyt.mx/jspui/bitstream/1000/1474/1/109291.pdf. Zugriff 21. August 2020.

290 Lam WK, Zhong NS, and Tan WC. 2003. Overview on SARS in Asia and the world. *Respirology* 8:S2-5. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7159403/. Accessed August 21, 2020.

291 Guan Y, Zheng BJ, He YQ, et al. 2003. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science* 302(5643):276-78. science.sciencemag.org/content/302/5643/276. Zugriff 21. August 2020.

292 World Health Organization. 2003. Summary of probable SARS cases with onset of illness from 1 November 2002 to 31 July 2003. www.who.int/csr/sars/country/table2004_04_21/en/. Zugriff 21. August 2020.

293 Ksiazek TG, Erdman D, Goldsmith CS, et al. 2003. A novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. *The New England Journal of Medicine* 348(20):1953-66. www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa030781. Zugriff 21. August 2020.

294 Rota PA, Oberste MS, Monroe SS, et al. 2003. Characterization of a novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. *Science* 300(5624):1394-9. science.sciencemag.org/content/300/5624/1394. Zugriff 21. August 2020.

295 Hu B, Zeng L-P, Yang X-L, et al. 2017. Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. *PLoS Pathogens* 13(11), e1006698. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5708621/. Zugriff 21. August 2020.

296 Chen W, Yan M, Yang L, et al. 2005. SARS-associated coronavirus transmitted from human to pig. *Emerging Infectious Diseases* 11(3):446-8. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3298239/. Zugriff 21. August 2020.

297 Weingartl HM, Copps J, Drebot MA, et al. 2004. Susceptibility of pigs and chickens to SARS coronavirus. *Emerging Infectious Diseases* 10(2):179. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3322906/. Zugriff 21. August 2020.

298 Zhou P, Fan H, Lan T, et al. 2018. Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature* 556(7700):255-8. www.nature.com/articles/s41586-018-0010-9. Zugriff 21. August 2020.

299 Zhou L, Sun Y, Lan T, et al. 2019. Retrospective detection and phylogenetic analysis of swine acute diarrhoea syndrome coronavirus in pigs in southern China. *Transboundary and Emerging Diseases* 66(2):687-.

300 Zhou L, Li QN, Su JN, et al. 2019. The re-emerging of SADS CoV infection in pig herds in Southern China. *Transbound Emerg Dis*. 66:2180-3. onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tbed.13270. Zugriff 21. August 2020.

301 Yang YL, Yu JQ, and Huang YW. 2020. Swine enteric alphacoronavirus (swine acute diarrhoea syndrome coronavirus): An update three years after its discovery. *Virus Research* 285:198024. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7229464/. Zugriff 21. August 2020.

302 Gong L, Li J, Zhou Q, Zhichao Xu, et al. 2017. A new bat-HKU2-like coronavirus in swine, China, 2017. *Emerging Infectious Diseases* 23(9):1607-8. wwwnc.cdc.gov/eid/article/23/9/17-0915_article. Zugriff 21. August 2020.

303 Yang YL, Yu JQ, and Huang YW. 2020. Swine enteric alphacoronavirus (swine acute diarrhoea syndrome coronavirus): An update three years after its discovery. *Virus Research* 285:198024. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7229464/. Zugriff 21. August 2020.

304 Zhou P, Fan H, Lan T, et al. 2018. Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature* 556(7700):255-8. www.nature.com/articles/s41586-018-0010-9. Zugriff 21. August 2020.

305 Yang Y-L, Qin P, Wang B, et al. 2019. Broad cross-species infection of cultured cells by bat HKU2-related Swine Acute Diarrhoea Syndrome coronavirus and identification of its replication in murine dendritic cells in vivo highlight its potential for diverse interspecies transmission. *Journal of Virology* 93(24) e01448-19. jvi.asm.org/content/93/24/e01448-19. Accessed August 21, 2020.

306 Su S, Wong G, Shi W, et al. 2016. Epidemiology, genetic recombination, and pathogenesis of coronaviruses. *Trends in Microbiology* 24(6):490-502. www.cell.com/trends/microbiology/pdf/S0966-842X(16)00071-8.pdf. Zugriff 21. August 2020.

307 Liu C, Tang J, Ma Y, et al. 2015. Receptor usage and cell entry of porcine epidemic diarrhoea coronavirus. *Journal of Virology*, 89(11): 6121-5. jvi.asm.org/content/jvi/89/11/6121.full.pdf. Zugriff 21. August 2020.

308 Lee C. 2015. Porcine epidemic diarrhoea virus: An emerging and re-emerging epizootic swine virus. *Virology Journal* 12:193. virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12985-015-0421-2. Zugriff 21. August 2020.

309 Jung K and Saif LJ. 2015. Porcine epidemic diarrhoea virus infection: Etiology, epidemiology, pathogenesis and immunoprophylaxis. *Veterinary Journal* 204(2):134-43. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7110711/. Zugriff 21. August 2020.

310 Liu C, Tang J, Ma Y, et al. 2015. Receptor usage and cell entry of porcine epidemic diarrhoea coronavirus. *Journal of Virology*, 89(11): 6121-5. jvi.asm.org/content/jvi/89/11/6121.full.pdf. Zugriff 21. August 2020.

311 Wang Q, Vlasova AN, Kenney SP, and Saif LJ. 2019. Emerging and re-emerging coronaviruses in pigs. *Current Opinion in Virology* 34(Febuary):39-49. covid-19.conacyt.mx/jspui/bitstream/1000/1474/1/109291.pdf. Zugriff 21. August 2020.

312 World Health Organization. Prioritizing diseases for research and development in emergency contexts. www.who.int/activities/prioritizing-diseases-for-research-and-development-in-emergency-contexts. Zugriff 21. August 2020

313 Bidaisee S and Macpherson CNL. 2014. Zoonoses and One Health: A Review of the Literature. *Journal of Parasitology Research*:874345. downloads.hindawi.com/journals/jpr/2014/874345.pdf. Accessed August 21, 2020.

314 AFP News. 2020. China Aims to Phase Out Sale of Live Poultry at Food Markets. *IBTimes*, July 3. http://www.ibtimes.com/china-aims-phase-out-sale-live-poultry-food-markets-3005153. Zugriff am 21. August 2020.

315 Randolph DG, Refisch J, MacMillan S, et al. 2020. Preventing the Next Pandemic: Zoonotic diseases and how to break the chain of transmission. *United Nations Environment Program and International Livestock Research Institute*. Nairobi, Kenya. wedocs.unep.org/bitstream/handle/20.500.11822/32316/ZP.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Zugriff 21. August 2020.

316 FAOSTAT. 2018 data. *Food and Agriculture Organization of the United Nations*. www.fao.org/faostat/en/#home/. Accessed August 21, 2020.

317 Gilbert M, Xiao X, und Robinson TP. 2017 Intensifying poultry production systems and the emergence of avian influenza in China: a 'One Health/Ecohealth' epitome. *Archives of Public Health* 75:48. archpublichealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13690-017-0218-4. Zugriff 21. August 2020.

318 Fuller T, Gilbert M, Martin V, et al. 2013. Predicting Hotspots for Influenza Virus Reassortment. *Emerging Infectious Diseases* 19(4):581-88. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3647410/. Zugriff 21. August 2020.

319 Ssematimba A, Hagens TJ, de Wit JJ, et al. 2013. Avian influenza transmission risks: Analysis of biosecurity measures and contact structure in Dutch poultry farming. *Preventive Veterinary Medicine* 109(1-2):106-15.

320 Leibler, JH, Otte J, Roland-Holst D, et al. 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian influenza. *Ecohealth* 6(1):58-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7087879/. Zugriff 21. August 2020.

321 Gray GC, Trampel DW, und Roth JA. 2007. Pandemic Influenza Planning: Shouldn't be included swine and poultry workers? *Vaccine* 25(22):4376-81. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1939697/. Zugriff 21. August 2020.

322 Ssematimba A, Hagens TJ, de Wit JJ, et al. 2013. Avian influenza transmission risks: Analysis of biosecurity measures and contact structure in Dutch poultry farming. *Preventive Veterinary Medicine* 109(1-2):106-15.

323 Fry J und Neff R. 2010. *Healthy Monday: Two Literature Reviews*; Johns Hopkins School of Public Health, Center for a Livable Future (Baltimore, MD, USA). clf.jhsph.edu/sites/default/files/2019-02/healthy-monday-report.pdf. Zugriff 21. August 2020.

324 Smil V. 2002. Worldwide transformation of diets, burdens of meat production and opportunities for novel food proteins. *Enzyme and Microbial Technology* 30:5-11.

325 Bhat ZF, Kumar S und Bhat HF. 2017. In vitro Fleisch: A future animal-free harvest. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 57(4):782-9.

326 Arshad M, Javed M, Sohaib M, Saeed F, Imran A, Amjad Z. 2017. Tissue engineering approaches to develop cultured meat from cells: a mini review. *Cogent Food and Agriculture* 3:1320814. www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/23311932.2017.1320814. Zugriff 21. August 2020.

327 Parrish CR, Holmes EC, Morens DM, et al. 2008. Cross-Species virus transmission and the emergence of new epidemic diseases. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 72(3):457-70. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2546865/. Zugriff 21. August 2020.

328 Patz JA, Daszak P, Tabor GM, et al. 2004. Unhealthy landscapes: Policy recommendations on land use change and infectious disease emergence. *Environmental Health Perspectives* 112(10):1092-98. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1247383/. Zugriff 21. August 2020.




329 Greger M. 2006. *Bird Flu: A virus of our own hatching* (Lantern Books.: New York, New York).

330 Wallace R. 2016. *Big Farms Make Big Flu: Dispatches on Infectious Disease, Agribusiness and the Nature of Science* (Monthly Reviews Press, New York).

331 Schuck C und Alonso WJ. 2020. *Pandemics, Global Health and Consumer Choices* (Cria Mineira Empreendimentos Ltda., Brasilien).

332 Schneider WL und Roossinck MJ. 2001. Genetic diversity in RNA virus quasispecies is controlled by host- vi-

- rus interactions. *Journal of Virology* 75(14):6566-71. jvi.asm.org/content/75/14/6566.long. Zugriff 21. August 2020.
- 333 Suarez DL. 2000. Evolution of avian influenza viruses. *Veterinary Microbiology* 74(1-2):15-27.
- 334 Cleaveland S, Laurenson MK, und Taylor LH. 2001. Diseases of humans and their domestic mammals: pathogen characteristics, host range and the risk of emergence. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B Biological Sciences* 356(1411):991-9. royalsocietypublishing.org/doi/pdf/10.1098/rstb.2001.0889. Zugriff 21. August 2020.
- 335 Kreuder Johnson C, Hitchens PL, Smiley Evans T, et al. 2015. Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity. *Scientific Reports* 5:14830. www.nature.com/articles/srep14830. Zugriff 21. August 2020.
- 336 Carroll D, Daszak P, Wolfe ND, et al. 2018. The Global Virome Project. *Science* 359(6378):872-4. science.sciencemag.org/content/359/6378/872.full?ijkey=FHQ2jxklB/dD2&keytype=ref&siteid=sci. Zugriff 21. August 2020.

 facebook.com/hsideutschland
 twitter.com/hsieurope
 instagram.com/hsideutschland



HUMANE SOCIETY
INTERNATIONAL
EUROPE

Humane Society International - Europe

Kunstlaan 50, 7th Floor,
1000 Brüssel, Belgien

Landesbüro Deutschland

E-Mail: deutschland@hsi-europe.org
Telefon: 030/20608625

HSI/Europe ist eine eingetragene gemeinnützige Organisation (ASBL)
mit Sitz in Brüssel, Belgien.

Registernummer im Handelsgericht Brüssel: 0562.718.279

Transparency Register ID Number: 05097472836-90

