

Antwort

der Bundesregierung

**auf die Kleine Anfrage der Abgeordneten Friedrich Ostendorff, Harald Ebner, Nicole Maisch und der Fraktion BÜNDNIS 90/DIE GRÜNEN
– Drucksache 18/10917 –**

Vogelgrippe: Sachstand und Übertragungswege

Vorbemerkung der Fragesteller

Unter der klassischen Geflügelpest versteht man eine tödlich verlaufende Erkrankung von Vögeln, unter der besonders Hühner und Puten leiden. Die Erkrankung wird durch hochpathogene (HP, stark krankmachende) aviäre Influenzaviren (AIV) der Subtypen H5 und H7 ausgelöst. Bei Infektion mit der HP-AIV-Variante kommt es zu dramatischen Krankheitsverläufen mit einer Sterblichkeit von bis zu 100 Prozent. Beim aktuellen Ausbruch in Deutschland war der hochansteckende Erreger erstmals am 8. November 2016 bei einer toten Wildente am Bodensee und verendeten Wasservögeln in Schleswig-Holstein nachgewiesen worden. Inzwischen sind 15 Bundesländer betroffen. Seit dem ersten Nachweis des H5N8-Erregers Anfang November 2016 in Deutschland sind bereits fast 30 Ausbrüche in Geflügelhaltungen registriert worden. Experten sehen bislang keine Anzeichen für ein Abflauen der Vogelgrippe in Deutschland. Wie schon bei früheren Ausbrüchen ist auch nun die Frage der Übertragungswege ungeklärt, was eine effektive Bekämpfung erschwert und weiträumige, möglicherweise nicht zielgenaue Präventivmaßnahmen erforderlich macht.

1. Wie viele Tiere aus Nutztierbeständen wurden nach Kenntnis der Bundesregierung in Deutschland seit 2016 im Zusammenhang mit dem H5N8-Virus getötet (bitte aufschlüsseln nach Tierart, Bestandsgröße, Datum, Bundesland)?

Im Zeitraum des aktuellen Geflügelpestgeschehens vom 8. November 2016 bis zum 31. Januar 2017 wurden nach Mitteilung der Länder (Anlage 1) insgesamt ca. 391 000 Tiere in Beständen mit nachgewiesener Geflügelpest getötet.

2. Wie viele Tiere aus Nutztierbeständen wurden nach Kenntnis der Bundesregierung in Deutschland seit 2016 im Zusammenhang mit dem H5N8-Virus vorsorglich ohne positiven Befund getötet (bitte aufschlüsseln nach Tierart, Bestandsgröße, Datum, Bundesland)?

Nach Mitteilung der Länder (Anlage 2) wurden im Rahmen des Geflügelpestgeschehens (Hochpathogene Aviäre Influenza – HPAI) vom 8. November 2016 bis zum 31. Januar 2017 ca. 154 000 Tiere getötet.

3. Wie hoch ist nach Kenntnis der Bundesregierung der bisher in Deutschland durch den aktuellen Ausbruch des Vogelgrippe-Virus entstandene Schaden?

Der Bundesregierung liegen zum jetzigen Zeitpunkt keine Informationen über den durch das HPAI-Geschehen entstandenen Schaden in den betroffenen Betrieben vor.

Für die mit dem Auftreten der Aviären Influenza notwendig gewordenen Dringlichkeitsmaßnahmen besteht unter bestimmten Voraussetzungen die Möglichkeit, sowohl für die entstandenen direkten Kosten (Entschädigung der Tierbesitzer für die auf behördliche Anordnung getöteten Tiere) als auch für die indirekten Kosten (Tötungskosten, Kosten der unschädliche Beseitigung, Kosten für Reinigung und Desinfektion) eine Finanzhilfe der Europäischen Union zu erhalten. Das hierfür notwendige Antragsverfahren im Rahmen der Verordnung (EU) Nr. 652/2014 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 15. Mai 2014 zum Erhalt dieser Finanzhilfen der Europäischen Union hat gerade erst begonnen und lässt eine Bezifferung der entstandenen Kosten derzeit nicht zu.

4. Wie hoch sind nach Kenntnis der Bundesregierung die Kosten für die Keulung und die notwendigen hygienischen Maßnahmen in einem beispielhaften Putenmastbetrieb mit 14 000 Tieren?

Der Bundesregierung liegen hierzu keine eigenen Kenntnisse vor. Beispielhaft wird auf die Schätzung der Landesregierung Niedersachsen verwiesen, nach der sich für einen Betrieb mit 14 000 Puten Kosten von ungefähr 63 000 Euro für das Töten der Tiere, 10 750 Euro für hygienische Maßnahmen wie Reinigung und Desinfektion ergeben.

5. Welche Übertragungswege konnten nach Kenntnis der Bundesregierung bei Vogelgrippeepidemien seit 2006 in Westeuropa zweifelsfrei nachgewiesen werden?

Im Tierseuchennachrichtensystem der Europäischen Union sind 538 Ausbrüche dokumentiert. Bei 395 (73 Prozent) wurde die Eintragsquelle als „unbekannt“ angegeben. Bei 143 Ausbrüchen (27 Prozent) werden folgende Eintragsquellen genannt: Bei 55 Ausbrüchen erfolgte die Infektion durch Kontakt zu Nachbarbetrieben, in 47 Ausbrüchen wird ein direkter Kontakt zu Wildtieren angegeben und 25 Geflügelpestausbüche in Ungarn und Rumänien entstanden durch den Zukauf von Tieren. Weiterhin konnte in 12 Betrieben eine Übertragung durch Gerätschaften ermittelt werden, bei zwei Fällen wurde der indirekte Kontakt zu Wildtieren als Ursache festgestellt sowie jeweils ein Ausbruchsgeschehen wurde auf Personenkontakt beziehungsweise eine Übertragung durch Fahrzeuge zurückgeführt.

In wenigen Fällen konnten Eintragswege als wahrscheinlich oder gesichert ermittelt werden. Dies war bei Ausbrüchen von HPAI Subtyp H5N1 in drei Kleinhaltungen in Brandenburg nach Verfütterung von Abfällen von tiefgefrorenen Enten

an Hühner im Jahr 2007 und einem Sekundärausbruch im Jahr 2017 von HPAI Subtyp H5N8 bei Puten in Brandenburg nach Verbringen von Tieren aus einem H5N8-betroffenen Bestand der Fall.

6. Wie ist nach Kenntnis der Bundesregierung die Übertragung des Vogelgrippe-Virus aus Asien im Jahr 2016 verlaufen?

Das H5N8-Virus wurde 2010 erstmals in Vögeln auf Geflügelmärkten in China entdeckt und ist vermutlich aus dem ebenfalls aus der dortigen Geflügelproduktion seit 1996 bekannten H5N1-Virus hervorgegangen. Durch Mutation und Reassortierung sind diese Geflügelpestviren in der Lage, in relativ kurzen Zeiträumen neue Formen zu bilden.

Die genetische Analyse der seit November 2016 in Deutschland aufgetretenen hochpathogenen Geflügelpestviren vom Subtyp H5N8 zeigt einen hohen Verwandtschaftsgrad zu den im Frühjahr und Sommer 2016 im russisch-mongolischen Grenzgebiet in Wildvögeln nachgewiesenen H5N8-Viren. Parallel zum Frühsommerzug in nördliche Brutgebiete wurden monophyletische Verwandte dieses Stammes in verschiedenen Zugvogelarten am nur 1 600 km entfernten Qinghai-See in China gefunden. Diese Viren des HPAI-Virus-Subtyps H5N8 der Linie 2.3.4.4 haben ihrerseits ihren Ursprung in Stämmen, die in China im Jahr 2013 erstmals auftraten. Die Viruslinie 2.3.4.4 kommt in zwei genetisch unterschiedlichen Grundformen vor: HPAIV H5N8 Linie 2.3.4.4 A und B. Die H5N8-Viren des Jahres 2014/2015 in Europa und Nordamerika gehörten der Linie A an, die H5N8-Viren des Jahres 2016/2017 in Russland, Indien und Europa der Linie B. Dabei sind nur drei der acht Segmente genetisch ähnlich zu der ursprünglichen Grundform 2.3.4.4 B.

Die deutschen H5N8-Viren des Jahres 2016/2017 sind weitgehend identisch mit den in Polen und Schweden gefundenen Varianten und zeigen in sechs der acht Genomsegmente eine hohe genetische Ähnlichkeit zu den im Frühsommer in Russland und der Mongolei nachgewiesenen H5N8-Viren. Die Ähnlichkeit zu weiteren russischen H5N8-Viren, die im November und Dezember 2016 in den russischen Gebieten Kalmückien und Astrachan nachgewiesen wurden, lassen weitere Rückschlüsse auf den vermutlichen Eintragungsweg des Stammes über Russland zu. Zwei der acht Genomsegmente treten allerdings bei den in Deutschland, Polen und Schweden beschriebenen Viren im Vergleich zu den russisch-mongolischen Viren neu auf. Diese Genomsegmente können aufgrund der Verwandtschaft zu anderen Viren als Quelle eines nach dem Juni 2016 aufgetretenen Rekombinationsereignisses zugeordnet werden. Eine geographische Lokalisation dieses Rekombinationsereignisses ist auf der Basis der momentanen Datenlage nicht möglich. Die bisherigen genetischen Analysen und das zeitlich gestaffelte Auftreten der Viren dieser Linie lassen einen direkten Eintrag, wie zum Beispiel aus illegalen Importen aus den Ursprungsgebieten dieser Viren in China, als unwahrscheinlich erscheinen.

Stattdessen ist, wie bereits für das Jahr 2014/2015 beschrieben, ein Eintragungsweg über Zugvögel, welche diese Viren durch überlappende Zugrouten und Rastgebiete kontinuierlich und über mehrere Wochen bis Monate in vielen Übertragungseignissen weitergegeben haben, nicht ausgeschlossen. Ein Nachweis dieses Eintragungsweges konnte bisher nicht zweifelsfrei erbracht werden.

Ein direkter Eintrag aus China oder den benachbarten asiatischen Ländern ist auch deshalb unwahrscheinlich, da dann andere genetische Muster zu erwarten wären. Die in Deutschland nachgewiesene Reassortante mit zwei neuen Genomsegmenten müsste bei einem direkten Eintrag bereits in China nachweisbar sein. Das ist nicht der Fall.

Neben der hauptsächlich in Deutschland vorkommenden H5N8-Linie wurden bisher auch zwei weitere H5-Virusvarianten nachgewiesen (H5N8 mit veränderter Genomzusammensetzung und H5N5). Die genetischen Analysen der vollständigen Genome dieser Viren sind jedoch noch nicht abgeschlossen. Für die Variante des H5N8-Virus und auch für das H5N5-Virus zeigen erste Analysen aber bereits, dass auch hier eine Verwandtschaft zu den Vorläuferviren aus dem russisch-mongolischen Grenzgebiet zu erkennen ist. Sie scheinen demnach parallel oder in kurzer Folge entstanden zu sein, zeigen genetische Unterschiede und wurden dann ebenfalls nach Deutschland eingeschleppt.

Zusammenfassend ist daher ein über mehrere Entwicklungsstufen verlaufener Weg von Asien über die Mongolei und Sibirien nach Europa und auch nach Deutschland anzunehmen. Die Übertragungsereignisse bleiben jedoch nach wie vor unklar.

7. Auf welchen wissenschaftlichen Erkenntnissen beruht die Annahme, dass infizierte Wildvögel, die im Mai 2016 am See Ubsu-Nur in der Mongolei gefunden wurden, in der Lage waren, weite Strecken zurückzulegen und das Virus so verbreitet wurde?

Gesicherte Erkenntnisse zur Begründung dieser Annahme liegen der Bundesregierung nicht vor. Die Situation in Ubsu-Nur und Annahmen über Verbreitungen sind in einer Veröffentlichung der FAO von September 2016 (www.fao.org/3/a-i6113e.pdf) dargestellt.

8. Wie viele Vögel wurden nach Kenntnis der Bundesregierung im Mai 2016 am See Ubsu-Nur beprobt?

Wie viele der mit dem H5N8-Virus infizierten Tiere waren bereits verendet, und wie viele lebende, infizierte Vögel wurden gefunden?

Nach Kenntnis der Bundesregierung wurden im Mai 2016 13 tote Vögel und 30 von Jägern erlegte Wildvögel in der Umgebung des Sees Ubsu-Nur untersucht. Elf Virusisolate wurden gewonnen, die als H5 identifiziert wurden.

Acht davon stammten von tot aufgefundenen wasserassoziierten Vögeln (Graureiher, Flusseeeschwalbe, Haubentaucher) und drei von erlegten, klinisch gesunden Vögeln (Kormoran, Lachmöwe). Drei Virusisolate aus Proben eines tot aufgefundenen Haubentauchers, einer toten Flusseeeschwalbe und eines toten Graureihers wurden als HPAIV Subtyp H5N8 identifiziert. In der Genomanalyse unterscheiden sich diese H5N8-Viren deutlich von den im Jahr 2014 am selben Ort bei gesunden Wildvögeln gefundenen H5N8-Viren.

9. Ist es denkbar, dass diese infizierten Vögel (siehe Frage 8) aufgrund ihrer Infektion nicht mehr flugfähig waren und die Verbreitung daher über andere Vektoren erfolgt sein muss?

Nach Information der Bundesregierung ist über den klinischen Verlauf der Infektion der infizierten Wildvögel nichts bekannt.

10. Wie erklärt es sich die Bundesregierung, dass die erste Infektion des aktuell grassierenden Virus in Deutschland erst im November 2016 aufgetreten ist, obwohl die Zugvögel aus den betroffenen Gebieten bereits seit August in Deutschland eintreffen?

Wann genau in Deutschland die erste Infektion von Wildvögeln mit dem aktuell grassierenden Virusstamm erfolgt ist, ist unbekannt. Bekannt ist lediglich das Datum der ersten Feststellung des Virus anhand gezielt untersuchter verendet aufgefundener Vögel. Zwei Faktoren sind hierbei von besonderer Bedeutung: Erstens ist eine gewisse Inkubationszeit erforderlich, bevor das Virus überhaupt krankmachende Wirkung zeigt. Zweitens erfolgen spezielle Untersuchungen von Tierkörpern erst, wenn diese krankmachende Wirkung durch anormal hohe Zahlen kranker bzw. toter Vögel offensichtlich wird. So kann die Ankunft des Virus in Deutschland möglicherweise bereits Wochen vor seiner ersten Feststellung erfolgt sein.

Der Erreger zeigt bei kühleren Temperaturen auch eine höhere Persistenz im Freien, z. B. im Vogelkot, als bei Wärme.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass der Vogelzug in Deutschland sehr komplex, witterungs- und artspezifisch verläuft. Generell weichen die im westlichen Teil Nordeurasiens brütenden Wasservögel der winterlichen Kälte in Richtung Süden bzw. Westen aus, um eisfreie Gewässer zu erreichen, in deren Umgebung ausreichende Nahrungsgründe vorhanden sind. Daher sind in vielen Teilen Deutschlands gut geeignete Rast- bzw. Überwinterungsräume für eine große Zahl von Wasservögeln aus Skandinavien, dem Baltikum und dem nördlichen und westlichen Russland, zum Teil sogar aus Sibirien (u. a. Singschwan, Zwergschwan, Ringelgans, Reiherente, Tafelente, Gänsesäger), vorhanden.

11. Gibt es nach Kenntnis der Bundesregierung Hinweise, die Zweifel an der vom Friedrich-Löffler-Institut (FLI) vorgelegten Verbreitungstheorie aufwerfen?

Der Bundesregierung liegen Veröffentlichungen vor, die eine primäre Ausbreitung von Geflügelpest über Nutzgeflügel postulieren. Das Wissenschaftsforum Aviäre Influenza (WAI) zweifelt die Wildvogelthese des FLI seit dem Jahr 2006 an.

12. Welche Ausbrüche der Vogelgrippe in Ungarn 2016 waren der Bundesregierung vor dem ersten Auftreten in Deutschland bekannt?

Der Bundesregierung sind die nachstehend genannten Ausbrüche von HPAI in Ungarn im Zeitraum vom 1. Januar bis zum 9. November 2016 durch das Tierseuchennachrichtensystem der Europäischen Union (ADNS) bekannt:

- Am 26. Oktober 2016, Csongrád : Höckerschwan.
- Am 3. November 2016, Békés: Nutzgeflügel.
- Am 9. November 2016, Bács-Kiskun: Nutzgeflügel. In einer Mitteilung von Ungarn an die Weltorganisation für Tiergesundheit wurde als Eintragsursache „Kontakt zu Wildvögeln“ angegeben.

13. Wurde nach Kenntnis der Bundesregierung ungarisches Geflügel nach Deutschland importiert, nachdem das Vogelgrippe-Virus 2016 dort bereits bei einem Wildvogel und in einem Putenbestand entdeckt wurde?

Falls ja, wie viele Tiere wurden mit welchem Zweck wohin verbracht?

Nach Kenntnisstand der Bundesregierung sind im Zeitraum vom 1. Oktober 2016 bis zum 24. Januar 2017 57 Sendungen mit insgesamt 233 000 Stück Geflügel von Ungarn nach Deutschland verbracht worden (vier Sendungen mit 154 000 Stück Zuchtgeflügel und 53 Sendungen mit 79 000 Stück Schlachtgeflügel). Die Tiere gingen an zwei Empfänger in Bayern, sie stammten ausschließlich aus nicht wegen der HPAI reglementierten Gebieten, da Tiere aus solchen Restriktionsgebieten nicht innergemeinschaftlich verbracht werden dürfen.

14. Liegen dem FLI GPS-Daten ungarischer Geflügeltransporte vor, mit denen im Oktober und November 2016 Tiere von Ungarn nach Deutschland verbracht wurden?

Falls ja, wurden diese Daten ausgewertet, um mögliche Quellen für eine Verbreitung des Virus zu identifizieren?

Dem Friedrich-Loeffler-Institut liegen die genannten GPS-Daten nicht vor.

15. Welche Anpassungen müssten am geltenden Gesetzesrahmen vorgenommen werden, würden sich Handels- und Warenströme als Verbreitungswege der Vogelgrippe bestätigen?

Die Bekämpfung der Geflügelpest ist auf EU-Ebene durch die Richtlinie 2005/94/EG des Rates vom 20. Dezember 2005 mit Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der Aviären Influenza und zur Aufhebung der Richtlinie 92/40/EWG (ABl. L 10 vom 14.1.2006, S. 16) harmonisiert. Die nationale Umsetzung findet sich in der Geflügelpest-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 8. Mai 2013 (BGBl. I S. 1212), die zuletzt durch Artikel 1 der Verordnung vom 29. Juni 2016 (BGBl. I S. 1564) geändert worden ist. Vor dem Hintergrund, dass im Falle der amtlichen Feststellung des Verdachtes auf bzw. des Ausbruches der Geflügelpest aus dem jeweils betroffenen Bestand kein Geflügel verbracht werden darf, wird tierseuchenrechtlichen Belangen Genüge getan. Dies gilt grundsätzlich auch für die infolge eines Ausbruches einzurichtenden Restriktionszonen: Aus diesen Zonen stammendes Geflügel, wie auch Bruteier, Eintagsküken und sonstige Erzeugnisse von Geflügel dieses Ursprungs, dürfen nicht innergemeinschaftlich verbracht werden. Es sei darauf hingewiesen, dass durch das Verbringen der genannten Erzeugnisse Geflügelpest nach Kenntnis der Bundesregierung nicht verschleppt worden ist. Insoweit bedarf es nach Auffassung der Bundesregierung keiner Anpassung des geltenden Rechtsrahmens. Dies auch vor dem Hintergrund, dass im Hinblick auf den innergemeinschaftlichen Handel nach der Richtlinie 2009/158/EG des Rates vom 30. November 2009 über die tierseuchenrechtlichen Bedingungen für den innergemeinschaftlichen Handel mit Geflügel und Bruteiern sowie für ihre Einfuhr aus Drittländern (ABl. L 343 vom 22.12.2009, S. 74) Bruteier, Eintagsküken, Zucht- und Nutzgeflügel nicht aus einem Gebiet stammen dürfen, welches tierseuchenrechtlichen Beschränkungen auf Grund einer Tierseuche, für die Geflügel empfänglich ist, unterliegt.

16. Ist der Bundesregierung die Studie bekannt, wonach Stubenfliegen zu den Hauptvektoren des Vogelgrippe-Virus gehören (Siefert, Kai, Dr. et al. „House flies and the avian influenza threat“, International Poultry Production Volume 14 Number 2 (2006))?

Falls ja, wie beurteilt die Bundesregierung diese Erkenntnisse?

Die Veröffentlichung ist bekannt. Es handelt sich dabei nicht um eine wissenschaftliche Studie, sondern um einen Aufsatz von Autoren aus dem Hause eines großen schweizerischen Industriebetriebes, der die mögliche Rolle von Stubenfliegen bei der Übertragung von Krankheiten innerhalb einer Herde und insbesondere die Notwendigkeit der Fliegenbekämpfung im Allgemeinen behandelt. Bezüglich der Rolle von Stubenfliegen bei der Übertragung von Geflügelpestviren wird dabei ausschließlich auf wenige frühere Publikationen verwiesen (z. B. Wilson et al. 1986). Es werden in diesem sehr kurzen und bilderreichen Aufsatz keinerlei eigene Daten zur möglichen Übertragung von Geflügelpestviren durch Stubenfliegen präsentiert.

Insgesamt gibt es nur sehr wenige wissenschaftliche Arbeiten zur Rolle von Stubenfliegen bei der Verbreitung von Geflügelpestviren (z. B. Wanaratana et al., Avian Diseases 2013 sowie Wanaratana et al., Vet. Med Entomol, 2011). Hierbei wurden die Fliegen mit Geflügelpestvirus aus der Laboranzucht direkt in Kontakt gebracht und dann ein Homogenisat solcher exponierter Fliegen auf Viren getestet oder direkt zur Inokulation von Hühnern verwendet. Zwar konnte ein Virus in den Fliegen nachgewiesen werden, und es gelang auch die Infektion von Hühnern, doch erscheint das gesamte System der hier geschilderten Studien sehr artifizuell und wenig praxisnah.

Aufgrund der vorliegenden Daten und Beobachtungen zu diesem Thema kann daher eine Rolle von Fliegen für die direkte, kurzfristige und sehr kleinräumige Übertragung unter ungünstigen Bedingungen nicht gänzlich ausgeschlossen werden, z. B. innerhalb eines Bestandes, wenn viele positive Tiere vorhanden sind und ein starker Fliegenbefall vorliegt. Für eine generelle Rolle als Geflügelpestvektor, auch über weitere Entfernungen, gibt es keinerlei gefestigte Anhaltspunkte.

17. Gibt es gesicherte Nachweise, dass Freilandhaltungen von Geflügel eine nennenswerte Rolle bei der Ausbreitung hochpathogener Vogelgrippe-Viren spielen, dass zum Beispiel hochpathogene Vogelgrippe-Viren aus Freilandhaltungen in geschlossene Industriebetriebe von Geflügel gelangten?

Nach Auffassung der Bundesregierung ist es wissenschaftlich belegt, dass bei Betrieben mit schwer zu kontrollierenden Berührungspunkten zwischen Wildvögeln und gehaltenem Geflügel, wie es bei Freiland- und Auslaufhaltungen der Fall ist, ein erhöhtes Risiko für einen Austausch von Aviären Influenzaviren zwischen Geflügel und Wildvogelpopulation und vice versa vorliegt. Folgerichtig kommt diesen Betrieben auch eine entsprechende Rolle bei der möglichen, sich anschließenden Verbreitung zu. Besonders deutlich ist dies in Regionen, in denen Wassergeflügel in großen Stückzahlen im Freiland gehalten werden. Dies ist z. B. in Südostasien der Fall; hier kommt die Aviäre Influenza im Nutzgeflügel endemisch vor.

Anlage 1

Bundesland	Datum der Tötung	Tierart	Bestandsgröße	Getötete Tiere
SH	10.11.2016	Pute, Gans, Ente	110	92
SH	13.11.2016	Huhn	36000	31.500
BB	11.01.2017	Pute	8920	8.673
BB	19.-21.01.2017	Pute	9376	9.358
MV	11.11.2016	Huhn, Ente	58	26
MV	15.11.2016	Huhn, Ente, Taube	121	78
MV	16.11.2016	Huhn, Ente, Taube	75	68
MV	17.11.2016	Huhn, Ente	74	59
MV	18.11.2016	Huhn, Gans, Schwan	50	14
MV	18.11.2016	Huhn	56	49
MV	20.11.2016	Hun, Ente, Gans, Pute	55	55
MV	22.11.2016	Huhn, Ente	78	78
MV	22.11.2016	Huhn, Ente	30	26
MV	25.11.2016	Huhn, Ente, Taube	98	95
MV	29.11.2016	Huhn, Ente, Gans	329	205
MV	16.01.2017	Ente, Gans	200	68
NI	24.11.2016	Pute	11.790	11.740
NI	24.11.2016	Pute	4.185	4.185
NI	15.12.2016	Pute	8.694	8.496
NI	25.12.2016	Pute	10.300	10.100
NI	25.12.2016	Pute	7.500	7.500
NI	25.12.2016	Pute	2.500	2.500
NI	25.12.2016	Pute	10.800	10.800
NI	26.12.2016	Pute	14.000	13.812
NI	26.12.2016	Pute	6.795	6.795
NI	27.12.2016	Pute	10.300	10.100
NI	27.12.2016	Pute	1.150	1.150
NI	27.12.2016	Pute	9.100	9.100
NI	29.12.2016	Pute	12.250	12.225
NI	29.12.2016	Pute	1.230	1.230
NI	31.12.2016	Pute	18.800	18.792
NI	01.01.2017	Pute	7.964	7.918
NI	01.01.2017	Pute	13.742	13.731
NI	02.01.2017	Pute	920	908
NI	02.01.2017	Pute	2.300	2.300
NI	06.01.2017	Pute	6.750	6.743
NI	06.01.2017	Pute	13.914	13.914
NI	18.01.2017	Pute	24.347	24.329
NI	25.11.2016	Huhn	88.646	88.646
NI	25.11.2016	Huhn, Ente	90	90
NI	16.12.2016	Huhn, Ente Pfau	36	31
NI	26.12.2016	Huhn, Ente	26	16
NI	16.01.2017	Ente	11.050	10.824

Anlage 1

Bundesland	Datum der Tötung	Tierart	Bestandsgröße	Getötete Tiere
BY	09.01.2017	Huhn, Ente, Gans	16	16
ST	24.11.2016	Huhn		37
ST	16.12.2016	Ente		9.200
ST	05.01.2017	Huhn		33.260
Summe				390.932

Stand: 30.01.2017

BY = Bayern BB = Brandenburg MV = Mecklenburg-Vorpommern NI = Niedersachsen SH = Schleswig-Holstein ST = Sachsen-Anhalt
--

Anlage 2

Bundesland	Datum der Tötung	Tierart	Bestandsgröße	Getötete Tiere
BB	11.01.2017	Pute	2500	2.500
BB	19.-21.01.2017	Pute	16668	16.668
BB	19.-21.01.2017	Pute	18847	18.847
NI	25.12.2016	Pute	7.500	7.500
NI	25.12.2016	Pute	2.500	2.500
NI	25.12.2016	Pute	10.800	10.800
NI	26.12.2016	Pute	6.795	6.795
NI	25.11.2016	Huhn	88.646	88.646
NI	25.11.2016	Huhn, Ente	90	90
Summe				154346

Stand: 30.01.2017

BB = Brandenburg NI = Niedersachsen
--

