

Laborfehler – Ergänzende Informationen zur Pressemitteilung des WAI vom 13.03.2009

Autor:	Dr. Peter Petermann
Abstract:	Ergänzende Informationen zur Pressemitteilung des WAI vom 13.03.2009
Keywords:	Laborfehler, H5N1, Kontamination, PCR, Beispiele
Copyright des Textes:	WAI
Dokument erstellt durch:	Werner Hupperich
E-Mail des Erstellers:	Werner.hupperich@wai.netzwerk-phoenix.net
Dokument erstellt am:	Mittwoch, 18. März 2009

Inhalt: Ergänzende Informationen zur Pressemitteilung des WAI vom 13.03.2009

betr.: "Rückkehr" der Vogelgrippe nach Bayern (WAI & P. Petermann)

Am 10. März 2009 wurde über die Medien verbreitet, die "Vogelgrippe" sei nach Deutschland "zurückgekehrt"¹. Der Befund einer einzelnen Stockente, bei der nach Ansicht der Behörden Hinweise auf Vogelgrippe-Viren gefunden worden waren² erregte vorübergehend Aufmerksamkeit. Auffälligerweise beschränken sich "Ausbrüche" der Vogelgrippeviren H5N1 Asia (im Folgenden: H5N1-Geflügelpest) in Mitteleuropa seit Anfang 2008 auf drei völlig isolierte Virennachweise bei jeweils einer einzigen, anscheinend gesunden Ente³.

Diese angeblichen "Einzelbefunde" sind mit großer Wahrscheinlichkeit "falsch-positive" Laborergebnisse, die bei der großen Menge von alljährlich beprobtem Wild- und Hausgeflügel⁴ unausweichlich sind. Tatsächlich scheint die H5N1-Geflügelpest aus Europa verschwunden zu sein, seit im Januar 2008 eine Ausbruchsserie zu Ende ging, die im Sommer 2007 in bayerischen Mastentenbeständen begann⁵.

Im folgenden soll anhand von Beispielen gezeigt werden, dass solche "falsch-positiven" Nachweise nicht ungewöhnlich und inzwischen in der virologischen Fachliteratur gut dokumentiert sind. Der häufigste Fehler ist wahrscheinlich die Verunreinigung virenfreier Proben im Labor. Dazu reicht es, wenn die im Labor eingelieferten Vögel nicht von Anfang an rigoros isoliert werden, so dass virenfreie und infizierte Vögel in Kontakt kommen. Dies scheint in deutschen Labors die Regel zu sein, wie Fotos belegen⁶. Eine Verunreinigung kann jedoch auch später geschehen, da bei der Laboruntersuchung Positivproben aus früheren Fällen als Kontrolle mitanalysiert werden⁷.

Die ersten 5 Beispiele sollen belegen, dass fehlerhafte Laboranalysen von Influenzaviren ein regelmäßig auftretendes Phänomen sind, das bei unkritischem Umgang mit Laborergebnissen häufig nicht erkannt wird. Daran schließen sich Beispiele aus Mitteleuropa an, bei denen der begründete Verdacht besteht, dass fälschlicherweise "Vogelgrippe-H5N1-Ausbrüche" diagnostiziert wurden, die eher durch Laborfehler zu erklären sind.

Beispiel 1: Wie häufig irren sich Labors? Eine Studie der Weltgesundheits-Organisation (WHO 2008)⁸

In vier internationalen Versuchsreihen testete die WHO Labors von "Nationalen Influenzazentren". Beteiligt waren zwischen 64 und 109 Labors aus 54 bis 83 Ländern. Alle bekamen dieselbe Serie von Proben, die teilweise Influenzaviren unterschiedlicher Typen enthielten. Die Labors sollten Proben mit Influenzaviren erkennen und die Virensotypen bestimmen. Obwohl unter Testbedingungen verschiedene Fehlerquellen ausgeschlossen waren, blieben pro Versuchsreihe nur zwischen 65% und 77% der Labors fehlerfrei. Zwischen 13% und 23% der Labors bestimmten mehr als 10% der Proben falsch. Falsch-positive Nachweise lieferten zwischen 2% und 14% der Labors ("falsch-positiv": das Labor "entdeckt" Viren in Proben, die keine Viren enthalten). In einem guten Drittel der Fälle wurden fälschlicherweise Viren vom Typ H5 diagnostiziert.

Damit ist klar, dass "falsch-positive" Nachweise eine reale Möglichkeit sind, mit der immer gerechnet werden muß. Insbesondere bei isolierten "Einzelbefunden", die (bei einer infektiösen Krankheit!) nicht plausibel erscheinen, sind deswegen zusätzliche unabhängige Tests unabdingbar.

Beispiel 2: Forscher suchen die Viren der "Spanischen Grippe" und fallen auf ein "modernes" Virus herein

Vielleicht der spektakulärste Laborfehler ereignete sich bei der Erforschung der "Spanischen Grippe" von 1917-1919⁹. Einer Forschergruppe um J.K.TAUBENBERGER war es Ende der 90er Jahre gelungen, den genetischen Code des Influenzavirus der "Spanischen Grippe" zu entschlüsseln¹⁰. Danach suchte sie nach den Vorläufern dieser Grippeviren. Man hoffte, sie in Museumsexemplaren von Wildvögeln aus der damaligen Zeit zu finden, da man vermutete, dass die Viren ursprünglich von Wildvögeln auf Menschen übertragen worden waren¹¹.

Bei einer Ringelgans, 1917 in Sibirien erlegt, wurde man fündig. Ein Bruchstück eines Viren-Gens wurde gefunden, das zum selben Typ gehörte wie die Viren der "Spanischen Grippe". Das Virus ähnelte allerdings, wie die Forscher feststellten, eher neuzeitlichen Vogelgrippeviren. Sie folgerten daraus, dass a) nicht Wildvögel die "Spanische Grippe" ausgelöst hatten, und b) Vogelgrippeviren sich im Laufe der Zeit nur wenig verändern.

Heute steht fest: Das Virus stammt tatsächlich aus der Zeit um 1999 und muß versehentlich in die Probe von der Museums-Ringelgans geraten sein¹². Dies wurde aber offenbar jahrelang nicht bemerkt¹³. Damit sind auch die Schlussfolgerungen von FANNING et al. nichtig. Heute gelten die relativ regelmäßigen Mutationen der Virengene als wichtige Hilfe bei der Entschlüsselung der Ausbreitung der Viren.

Beispiel 3: Viren aus dem "ewigen Eis Sibiriens" -- kamen aus dem Labor

Ähnlich spektakulär wie der vermeintliche Fund von Vogelgrippeviren aus 1917 war die "Entdeckung" von ZHANG et al.¹⁴, die glaubten, Influenzaviren im Eis sibirischer Seen gefunden zu haben. Das Eis könnte als langfristiges Reservoir für Viren dienen, die von Zugvögeln in alle Welt verteilt würden. Auch dieses phantasievolle Bild schmolz bei Analyse der Virengene dahin: WOROBEY¹⁵ stellte 2008 klar, dass die gefundenen Viren aus bei der Analyse verwendeten Kontrollproben stammten.

Er beschrieb auch - möglicherweise als erster Wissenschaftler - den Fehler von FANNING et al.¹⁶.

Beispiel 4: Viren, eingefroren in der Zeit -- eingefroren im Labor?

KRASNITZ et al. (2008) überprüften die in der GenBank¹⁷ veröffentlichten Gensequenzen von Influenzaviren (> 3.300 vollständige Sequenzen). Dabei fanden sie Virenlinien, die sich scheinbar über Jahre hinweg genetisch nicht verändert hatten (*frozen in time*). Insbesondere bei H5N1-Asia-Viren entdeckten sie zahlreiche Fälle (n=59) von solchen "zeitlichen Anomalien"¹⁸. Influenzaviren

sind aber bekannt für ihre relativ hohe Mutationsrate. KRASNITZ et al. schlossen daraus, dass in diesen Fällen Proben verunreinigt worden waren mit Viren aus früheren Untersuchungen.

Eine Bestätigung dafür fanden sie auch in Sequenzen von Virengenen, die anscheinend aus alten und neuen Viren kombiniert waren (n=45). Auch diese virologischen "Wolpertinger" können so in der Natur nicht entstehen, wohl aber durch eine Verunreinigung im Labor.

Das bedeutet, dass ~ 3 % der Influenza-Gensequenzen in der GenBank durch Kontamination verfälscht sein könnten¹⁹. Dabei konnten bei dieser Kontrolle nur solche Fehler erkannt werden, die nicht plausibel waren, weil die gefundenen Viren aus der "falschen" Zeit stammten. Eine Verunreinigung durch "zeitgenössische" Viren wäre so nicht erkennbar, ist aber viel wahrscheinlicher. Die tatsächliche Fehlerquote dürfte also höher liegen.

Zu den Irrtümern, die auf diese Weise entstanden sind, gehört der "Nachweis" von angeblich weit verbreiteten H5N1-Viren bei Feldsperlingen in China²⁰. Auch dies ist wohl auf Fehler im Labor zurückzuführen.

Gibt es ähnliche Fälle aus Mitteleuropa?

Beispiel 5: Saalfeld-Rudolstadt 2007 - Hausgans gerät im Labor in schlechte Gesellschaft

Ein besonders tragischer Fall ereignete sich 2007. In Proben von einer am 2. Juli 2007 verstorbenen Gans aus dem Minizoo einer Behinderteneinrichtung im Kreis Saalfeld-Rudolstadt (Thüringen) wurden Vogelgrippeviren gefunden²¹. Darauf wurde in einer Nacht-und-Nebel-Aktion von den zuständigen Behörden alles Geflügel und Käfigvögel im Umkreis von 3 km getötet, insgesamt 1.200 Vögel. Trotz umfangreicher Untersuchungen fanden sich aber weder im Minizoo noch bei Hausgeflügel oder bei Wildvögeln der Region Hinweise auf Vogelgrippeviren.

Die Reaktion der Behörden ist vor dem Hintergrund zu sehen, dass das Ausbruchsgeschehen im Sommer 2007 die Behörden offensichtlich überrascht und verwirrt hatte²². Der Ausbruch von H5N1-Geflügelpest bei Schwarzhalstauchern am Stausee Kelbra (Thüringen und Sachsen-Anhalt), zufällig kurz vor dem Tod der Hausgans, setzte die Behörden unter Druck, Gegenmaßnahmen zu ergreifen²³ - was zu der sinnlosen Tötung von Hunderten von Vögeln im Kreis Saalfeld-Rudolstadt führte.

Am Stausee Kelbra waren Anfang Juli 2007 innerhalb weniger Tage hunderte Schwarzhalstaucher an Vogelgrippe gestorben²⁴. Der Ausbruch stand im Zusammenhang mit der Zirkulation von H5N1-Asia-Viren in Geflügelbeständen Bayerns und Tschechiens, deren Ausmaß zum damaligen Zeitpunkt nur teilweise erkannt worden war^{25, 26}.

Die zuständigen Behörden waren damals (wie heute) ideologisch darauf fixiert, Wildvögel ausschließlich als Verbreiter der Vogelgrippe zu sehen²⁷. So erkannten sie nicht, dass die infizierten Wildvögel auf die Freisetzung von Viren aus industriellen Geflügelhaltungen hinwiesen. Die anhaltende Zirkulation der H5N1-Geflügelpest in Mastentenbeständen in Bayern wurde auch deswegen erst Monate zu spät erkannt²⁸.

Wie die Viren in die Proben von der Saalfelder Hausgans gekommen waren, wurde erst viel später deutlich, als im Januar 2009 die entschlüsselte Erbsubstanz der Viren (Gensequenzen) bekannt wurde²⁹. Bemerkenswert ist, dass diese Gensequenzen so spät veröffentlicht wurden.

Die Viren aus der Hausgans und aus einem Schwarzhalstaucher vom Stausee Kelbra sind genetisch praktisch identisch³⁰. Im Haemagglutinin-Gen (HA) unterscheiden sie sich nur in einem einzigen Nukleotid (von 1704), was 99,94% Übereinstimmung bedeutet. Ähnliche Werte ergaben sich bei anderen Genen.

Im zuständigen Landeslabor in Bad Langensalza (Thüringen) wurde die Hausgans gleichzeitig mit zahlreichen Schwarzhalstauchern eingeliefert³¹. Es ist bekannt, dass in den zuständigen Labors in Deutschland die zur Untersuchung eingelieferten Vögel nicht von Anfang an voneinander getrennt werden⁶, was aber notwendig wäre, um eine gegenseitige Kontamination auszuschließen.³²

So sprechen alle Fakten dafür, dass der angebliche "Ausbruch" der Vogelgrippe bei der Gans im Minizoo auf eine Verunreinigung der Proben im Labor zurückgeht, die Gans also wahrscheinlich

auch nicht an Vogelgrippe gestorben ist. Bisher wurde nichts bekannt, was diesen Verdacht entkräften könnte.

Beispiel 6: Sempach 2008: Überinterpretation von Laborergebnissen

Zum "Nachweis" der Vogelgrippe bei der Starnberger Stockente gibt es weltweit nur einen Präzedenzfall: Eine Tafelente in der Schweiz war im Februar 2008 am Sempachsee gefangen, beprobt und freigelassen worden. Bei der Untersuchung der Proben Wochen später wurden geringe Mengen eines Gen-Fragments entdeckt, das Übereinstimmung mit einem Genabschnitt von H5N1-Asia-Viren aufwies³³. Es konnten jedoch weder Viren noch Antikörper gefunden werden, und auch der Gesundheitszustand der Tafelente war nicht überprüfbar. Bei anderen Wasservögeln, die mit der Tafelente zusammen gefangen worden waren, gab es keine Hinweise auf die Viren, wie überhaupt zur Zeit der Probenahme europaweit keine Ausbrüche bekannt waren³⁴ (OIE).

Dennoch wurde verbreitet, die Tafelente sei infiziert gewesen, aber gesund geblieben und hätte ihren Zug nach Sibirien angetreten³³. Dieser Fall wurde von Dr. Johan MOOIJ für das WAI ausführlich analysiert. Er kam zu dem nüchternen Ergebnis: "...der □Nachweis□ [ist]... wertlos."³⁵

Beispiel 7: Markersdorf 2008: Ein klassischer Fall einer "zeitlichen Anomalie"

Der bislang letzte "Ausbruch" bei Nutzgeflügel scheint sogar beim FLI Zweifel ausgelöst zu haben³⁶. Bei einer Routineuntersuchung in einem Entenbestand in Markersdorf (Kreis Görlitz, Sachsen) im Oktober 2008 wurden in der Probe von einer einzelnen gesunden Ente Viren gefunden. Im FLI erkannte man die "zeitliche Anomalie" (siehe oben!), denn fast identische Viren waren mehr als zwei Jahre zuvor (April 2006) in Sachsen bei einem Wildvogel gefunden worden³⁷. Diese spezielle Virenlinie konnte nach so langer Zeit in der Natur nicht mehr vorhanden sein - aber sehr wohl als Probe in dem Labor, das beide Fälle untersucht hatte.

Dennoch wurde alles Geflügel auf dem Hof getötet. Es wurden aber auch weitere Proben genommen. Der Verdacht einer Kontamination schien widerlegt, als sich bei weiteren Enten ein Verdacht auf eine Infektion ergab, wie die Öffentlichkeit erfuhr³⁸. Nur bestätigte sich dieser Verdacht offenbar nicht³⁹, worüber die Öffentlichkeit von den Behörden nicht informiert wurde⁴⁰.

Wie in solchen Fällen üblich wurde auch in der Umgebung des betroffenen Geflügelhofs nach infiziertem Geflügel und Wildvögeln gesucht, und - ebenfalls wie üblich - wurde nicht der geringste Hinweis auf Viren gefunden⁴¹. Somit muss man annehmen, dass es sich auch in diesem Fall um eine Verunreinigung der Probe im Labor gehandelt hat. Dieser Fall kann geradezu als "klassisch" gelten.

Beispiel 8: Starnberg 2009: Eine Ente macht noch keinen Ausbruch...

Über die angeblich H5N1-Asia-positive Starnberger Stockente ist bisher wenig bekannt. Nach dem Bericht der OIE⁴² basiert der Nachweis nur auf einer genetischen (PCR)-Analyse. Die Umstände (in Europa völlig isolierter "Einzelbefund") ähneln denen bei anderen zweifelhaften "Nachweisen", so dass auch in diesem Fall mit einem Laborfehler gerechnet werden muss. Eine abschließende Bewertung ist jedoch erst möglich, wenn weitere Details der Laboruntersuchungen bekannt werden.

Unklar ist auch, was aus der angeblich infizierten Ente geworden ist, und welche Ergebnisse die Untersuchungen an beteiligten Personen bzw. Jagdhunden ergeben haben, die mit den Viren in Kontakt gekommen sein müssten.

Quellen und Verweise

- ¹ z.B.: "Vogelgrippe ist nach Deutschland zurückgekehrt" [<http://newsticker.sueddeutsche.de/list/id/495170>]
- ² LANDRATSAMT STARNBERG (2009): Presseinformation vom 10.3.2009: Wildvogelmonitoring: Vogelgrippe-Erreger bei einer Wildente im Landkreis Starnberg festgestellt.- [www.landkreis-starnberg.de]
- ³ gemeint sind die Nachweise am Sempachsee (Schweiz) vom Februar 2008, in Markersdorf (SN) im Oktober 2008 und am Starnberger See (BY) im Januar 2009; siehe Berichte der OIE [www.oie.int/eng/info/hebdo/a_dsum.htm]
- ⁴ Im Jahr 2008 wurden allein in Bayern 4.872 Wildvögel, aber nur 212 Stück Nutzgeflügel untersucht; Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (2009): Geflügelpest: Untersuchungszahlen 2005 - 2009 (Stand: 09. März 2009) [<http://www.lgl.bayern.de/tiergesundheit/vogelgrippe/anzeige.php>]
- ⁵ siehe dazu "Chronik 2007/2008" [<http://www.wai.netzwerk-phoenix.net/>] und PETERMANN, P. (2008): Das Rätsel der Vogelgrippe: Geflügelpest oder Wildvogelseuche?- Anz. Vereins Thüringer Ornithologen **6**(2): 117-141
- ⁶ Fotos u.a. in: a) BEER, M. (2007): Internationale Situation aktueller Tierseuchen und Risikoeinschätzung des Gefährdungspotentials.- Powerpoint-Präsentation [<http://www.verbraucherschutz.sachsen-anhalt.de/veterinaer/veranstaltungen/aerztetag06/vortrag01.pdf>]; b) SCHWARZ, B.-A. (2006): Diagnostik der aviären Influenza an der LUA Sachsen.- Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Powerpoint-Präsentation [http://www.lua.sachsen.de/pu/Vortraege/Docs/AI_Diagnostik.pdf]; c) Kölner Stadtanzeiger [<http://www.ksta.de/html/bildpopup/1176/040363577.shtml>]
- ⁷ z.B. WOROBEY, M. (2008): Phylogenetic Evidence against Evolutionary Stasis and Natural Abiotic Reservoirs of Influenza A Virus.- J. Virology **82**(7): 3.769-74
- ⁸ WHO (2008): WHO external quality assessment project for the detection of subtype influenza A viruses by polymerase chain reaction - summary analysis, 2007 and 2008.- Weekly epidemiological record **83**(45): 401-412 [<http://www.who.int/wer/2008/wer8345.pdf>]
- ⁹ Die Grippe-Pandemie von 1919, die "Spanische Grippe", wird z.B. von KOLATA beschrieben (KOLATA, G. (2006): Influenza. Die Jagd nach dem Virus.- 2. Ausgabe, Fischer Taschenbuch Verlag, Frankfurt, 363 S.)
- ¹⁰ TAUBENBERGER, J.K., REID, A.H., KRAFFT, A.E., BIJWAARD, K.E., FANNING, T.G. (1997): Initial genetic characterization of the 1918 "Spanish" influenza virus.- Science **275**: 1793-1796
- ¹¹ a) FANNING, T.G., SLEMONS, R.D., REID, A.H., JANCZEWSKI, T.A., DEAN, J., TAUBENBERGER, J.K. (2002): 1917 avian influenza virus sequences suggest that the 1918 pandemic virus did not acquire its hemagglutinin directly from birds.- J. Virol. **76**: 7860-7862; b) REID, A.H., TAUBENBERGER, J.K. (2003): The origin of the 1918 pandemic influenza virus: a continuing enigma.- Journal of General Virology **84**: 2285-2292
- ¹² WOROBEY, M. (l.c.)
- ¹³ siehe z.B. TAUBENBERGER, J.K., MORENS, D.M. (2006): 1918 Influenza: the Mother of All Pandemics.- EID **12**(1): 15-22 [<http://www.cdc.gov/ncidod/EID/>]
- ¹⁴ ZHANG, G., SHOHAM, D., GILICHINSKY, D., DAVYDOV, S., CASTELLO, J.D., ROGERS, S.O. (2006): Evidence of Influenza A Virus RNA in Siberian Lake Ice.- J. Virology **80**(24): 12.229-35
- ¹⁵ WOROBEY (l.c.)
- ¹⁶ FANNING, T.G., SLEMONS, R.D., REID, A.H., JANCZEWSKI, T.A., DEAN, J., TAUBENBERGER, J.K. (2002): 1917 avian influenza virus sequences suggest that the 1918 pandemic virus did not acquire its hemagglutinin directly from birds.- J. Virol. **76**: 7860-2
- ¹⁷ GenBank: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database/select.cgi>
- ¹⁸ KRASNITZ, M., LEVINE, A.J., RABADAN, R. (2008): Anomalies in the Influenza Virus Genome Database: New Biology or Laboratory Errors?- J. Virology **82**(17): 8947-8950
- ¹⁹ errechnet aus 59 + 45 = 104 von 3.300 Gensequenzen (Auswertung WAI)
- ²⁰ KOU, Z., et al. (2005): New Genotype of Avian Influenza H5N1 Viruses isolated from Tree Sparrows in China.- J. Virology **79**(24): 15460-15466
- ²¹ FLI (2007): Epidemiologisches Bulletin Nr. 06/2007 - Lagebericht zur Aviären Influenza .- 12.7.2007
- ²² Das FLI hatte noch nach den ersten Wildvogelfällen im Sommer 2007 keinen Anlass gesehen, seine Risikobewertung anzupassen (FLI Risikobewertung vom 28.6.2007) und erst am 6.7.07 das Risiko durch Wildvögel von "mäßig" auf "hoch" angehoben; siehe auch: Neue Zürcher Zeitung vom 6. Juli 2007: Die Vogelgrippe macht die Experten ratlos. [http://www.nzz.ch/nachrichten/panorama/die_vogelgrippe_macht_die_experten_ratlos_1.524091.html]
- ²³ siehe im Urteil des Verwaltungsgerichts Gera vom 17.3.2008 (AZ 3 K 1513/07 Ge): S. 4
- ²⁴ BOCK, H. (2008): Wildvogel-Geflügelpest am Helmestausee Berga-Kelbra.- Apus **13**(6): 424-426
- ²⁵ PETERMANN, P. (2008): Das Rätsel der Vogelgrippe: Geflügelpest oder Wildvogelseuche?- Anz. Vereins Thüringer Ornithologen **6**(2): 117-141 [<http://www.wai.netzwerk-phoenix.net/>]
- ²⁶ NEWMAN, S., et al. (2007): HPAI in Europe 2007: Concurrent Outbreaks in Poultry and Wild Birds.- EMPRES Watch, August 2007: 1-5 [<http://www.fao.org/ag/AGA/AGAH/EMPRES>]

- ²⁷ SCHOENE, C., HARDER, T., GLOBIG, A., BEER, M., CONRATHS, F.J., METTENLEITER, T.C. (2009): Die Wildvogel-Frage: Welche Rolle spielen Wildvögel im Infektionsgeschehen der hochpathogenen aviären Influenza?- Tierärztliche Umschau **64**: 77-83
- ²⁸ Eine Präsentation des FLI belegt, dass die H5N1 schon im Juni 2007 in bayerischen Mastentenbeständen auftrat, aber erst im August/September bemerkt wurde: HARDER, T., STARICK, E., RUDOLF, M., GRUND, C., TEUFFERT, J., CONRATHS, F., BEER, M. (2008): Do we need a regular virological duck monitoring?- FLI, Powerpoint-Presentation [http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal-health/presentations/ai_2728102008_duck.pdf]
- ²⁹ Gensequenz des Virus "A/domestic goose/Germany/R1400/07"; GenBank Acc. Nr.: AM914014
- ³⁰ Gensequenz des Virus "A/black-necked grebe/Germany/R1393/07"; GenBank Acc. Nr.: AM773724
- ³¹ Die Hausgans wurde am 3.7.09 eingeliefert, und am 4. und 5.7.09 untersucht (laut Urteil des Verwaltungsgerichts Gera, AZ 3 K 1513/07 Ge). Am selben Tag wurden auch zahlreiche Schwarzhalstaucher vom Stausee Gera dort eingeliefert und analysiert (BOCK I.c.).
- ³² An dieser Stelle ist ein Hinweis auf ein Gerichtsurteil des Verwaltungsgerichts Gera angebracht (AZ 3 K 1513/07 Ge), das ohne weitere Beweiserhebung ("Es liegt auf der Hand...") eine solche Kreuzkontamination im Fall Saalfeld nicht für möglich gehalten hatte. Anscheinend war dem Gericht die Tatsache nicht bekannt, dass in Proben aus dem Labor in Langensalza genetisch praktisch identische Viren nachgewiesen worden waren, was zumindest ein sehr starkes Indiz für eine Kreuzkontamination darstellt. Die Gerichtsverhandlung war im März 2008, die relevanten Proben wurden am 27.11.2007 bereits bei GenBank eingereicht (*submitted*), aber erst im Januar 2009 veröffentlicht.
- ³³ TEMPELMAN, Y. (2008): H5N1 in a live-caught Common Pochard in Switzerland, 2008.- 9th April 2008, SCFCAH Animal Health and Welfare [http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal-health/presentations/ai_08092008_ch.pdf]
- ³⁴ siehe Berichte der OIE [http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a_dsum.htm]
- ³⁵ MOOIJ, J.H. (2008): H5N1-Virus-Fund in der Schweiz [http://www.wai.netzwerk-phoenix.net/index.php?option=com_content&view=article&id=58&Itemid=76]
- ³⁶ nach vertraulichen Quellen und FLI (2008): Epidemiologisches Bulletin Nr. 4/2008 - Lagebericht zur Aviären Influenza
- ³⁷ Gensequenz des Virus "A/tufted duck/Germany/R1240/06" GenBank Acc. Nr.: AM408216; Gensequenzen von der Markersdorfer Ente wurden bis heute - 16.3.2009 - nicht veröffentlicht.
- ³⁸ FLI (2008): Epidemiologisches Bulletin Nr. 4/2008 - Lagebericht zur Aviären Influenza: S. 2: "Weitere Tupferproben ... wurden positiv auf H5N1 getestet."
- ³⁹ In offiziellen Berichten ist nur mehr von einer H5N1-positiven Probe die Rede, z.B. OIE Follow-up Report 7684 vom 14.01.2009: "No further cases of HPAI in domestic poultry have occurred since the detection of the case." [http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a_dsum.htm]
- ⁴⁰ anscheinend auch die EU nicht: BMNLV (2008): Avian Influenza in Saxony - current situation.- Powerpoint Presentation, SCOFCAH Brussels 15 October 2008 [http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal-health/presentations/ai_15102008_de.pdf]
- ⁴¹ BMELV (2008): High pathogenic Avian Influenza in Markersdorf (Saxony) - update.- Powerpoint Presentation, SCOFCAH Brussels 11-12 November 2008 [http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal-health/presentations/ai_12112008_de.pdf]
- ⁴² OIE Immediate Notification Report 7874, vom 10.03.2009 [http://www.oie.int/eng/info/hebdo/a_dsum.htm]