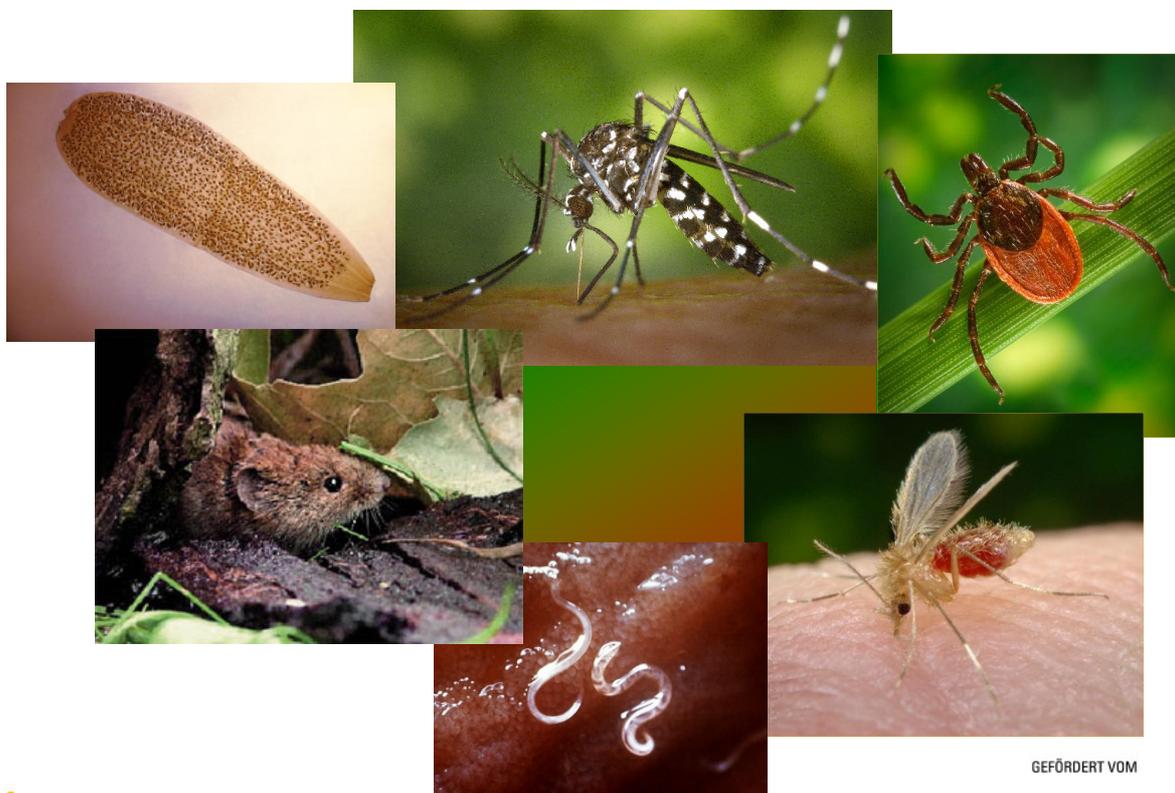


Klimawandel, Parasiten und Infektionskrankheiten — eine globale Herausforderung

Zusammenfassungen des Workshops vom 3. und 4. März 2011 in Berlin

Brigitte Bannert, Jürgen May & Katrin Vohland (Eds.)



GEFÖRDERT VOM

Klimawandel, Parasiten und Infektionskrankheiten – eine globale Herausforderung

Zusammenfassungen des Workshops vom 3. und 4. März 2011 in Berlin

Brigitte Bannert, Jürgen May & Katrin Vohland (Eds.)

Organisation: Brigitte Bannert, Jürgen May

Dr. Brigitte Bannert

Institut für Molekulare Parasitologie
Humboldt-Universität zu Berlin
Philippstr. 13, D-10115 Berlin
e-mail: brigitte.bannert@hu-berlin.de

Prof. Dr. Jürgen May

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin Hamburg (BNI)
Bernhard-Nocht-Str. 74, D-20359 Hamburg,
e-mail: may@bnitm.de

Dr. Katrin Vohland

Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland
Museum für Naturkunde
Invalidenstr. 43, 10115 Berlin
e-mail: katrin.vohland@mfn-berlin.de

Bildnachweise:

<http://phil.cdc.gov/phil/home.asp>: Titelseite: *Aedes albopictus* (Tigermoskito); *Dipylidium caninum* (Gurkenkernbandwurm); *Ixodes scapularis* (Hirschzecke); *Phlebotomus papatasi* (Sandmücke), *Ancylostoma caninum* (Hakenwurm); S. 20: *Anopheles albimanus* (Malaria mücke)

<http://www.pixelio.de>: Titelseite: *Myodes glareolus* (Rötelmaus), Motiv Glaskugel; Motive S. 2, 5 (Blumen), 25 + 28



Klimawandel, Parasiten und Infektionskrankheiten eine globale Herausforderung



Vorwort

Die Folgen des weltweiten Klimawandels sind nicht nur die schleichend abtauenden Gletscher, der stetig steigende Meeresspiegel oder Wetterextreme, sondern auch Verschiebungen von Verbreitungsgebieten von Pflanzen und Tieren. Es besteht kein Zweifel, dass solche Veränderungen einen großen Einfluss haben können auf Parasiten und die von ihnen übertragenen Infektionskrankheiten, da Parasiten aufgrund ihrer starken Anpassung an den Wirtsorganismus und ihrer komplexen Fortpflanzung besonders sensibel gegenüber äußeren Umweltbedingungen sind. Schon leichte klimatische Veränderungen können zu Verschiebungen des Lebensraums, zu Veränderungen von Morphologie und Verhalten, sowie zu Veränderungen von Populationsstrukturen führen. In ihren vielfältigen Wechselwirkungen haben Parasiten Einfluss auf Nahrungsnetze, Habitatstrukturen und Populationsdynamiken und wirken als gestalterisches Element von Lebensgemeinschaften. Parasitosen sind deshalb in besonderem Maße als Modell für Veränderungen der Biodiversität aufgrund von Klimaveränderungen geeignet.

Die komplexen Zusammenhänge zwischen Klimawandel, Biologie von Parasiten und Auftreten parasitär bedingter Infektionskrankheiten erfordern die interdisziplinäre Zusammenarbeit verschiedener Fachgebiete, um Lösungen für die drängendsten Probleme zu finden. Der Workshop hat Experten verschiedenster Fachgebiete zusammengebracht, um einen Beitrag zu leisten zur Vernetzung von Parasitologie, Biologie, Medizin, Epidemiologie, Veterinärmedizin, Geographie, Umwelt- und Klimaforschung. Die Ermittlung von Forschungsbedarf und die Entwicklung innovativer Forschungslinien standen im Mittelpunkt. Weiterhin wurde diskutiert, wie die Forschungsergebnisse auch einem breiten Publikum und politischen Entscheidungsträgern zugänglich gemacht werden können. Die Ergebnisse der Diskussionen werden in einem Positionspapier zusammengefasst.

Die Organisatoren danken allen Teilnehmern für Ihre Beiträge und dem Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland (NeFo) für die Unterstützung.

Brigitte Bannert, Berlin Juli 2011

Inhaltsverzeichnis

0. Begrüßung und Moderation

Bannert, Brigitte (Humboldt-Universität zu Berlin)

May, Jürgen (Bernhard-Nocht-Institut Hamburg)

Vohland, Katrin (Netzwerkforum zur Biodiversitätsforschung Deutschland NeFo, Museum für Naturkunde Berlin)

Paulsch, Axel (NeFo, Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Leipzig)

1. Klimawandel, Biodiversität und zoonotische Infektionskrankheiten

Gerstengarbe, Friedrich-Wilhelm (Potsdam Institut für Klimafolgenforschung):
Klimaänderungen - global bis regional

Kimmig, Peter; Silvia Pluta & Torsten Naucke (Universität Hohenheim):
Globale Erwärmung- Infektionsgefahren aus dem Süden

Schwarz, Alexandra & Günter Schaub (Ruhr-Universität-Bochum):
20 Jahre Erfassung der Ixodes- und Borrelien-Prävalenz im Naturschutzgebiet Siebengebirge: ein Spiegel des Klimawandels?

Klimpel, Sven (Biodiversität und Klima Forschungszentrum, Frankfurt am Main): **Biodiversitätsverlust und Infektionskrankheiten**

Clausen, Peter-Henning (Freie Universität Berlin):
Tropische Parasitosen im Klimawandel - zukünftiges Gefährdungspotential?" – Erfahrungen mit einer interdisziplinären Lehrveranstaltung am FB Veterinärmedizin der FU Berlin

Ulrich, Rainer G. (Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems):
Interdisziplinäre Zoonoseforschung in Deutschland: Das Netzwerk "Nagetier-übertragene Pathogene"

Demeler, Janina; Christina Brandt & Georg von Samson-Himmelstjerna (Freie Universität Berlin):
Erfassung und Kontrolle von steigenden Gesundheitsrisiken durch parasitäre Erreger bei Rindern als Folge globaler Veränderungen

Naucke, Torsten (Parasitus Ex, Niederkassel):
Importhunde – Herkunft und Daten zur Erregerprävalenz

Mencke, Norbert (Bayer HealthCare, Leverkusen):
Vektorenerkrankungen (CVBDs) bei Haustieren. Ein Zoonosepotential durch neue und wiederkehrende Krankheiten

Krüger, Andreas (Bundeswehr am Bernhard-Nocht-Institut, Hamburg):
Vektoren im Bundeswehr-Einsatzgebiet Afghanistan

Sures, Bernd; D. R. Dangel & A. Pérez-del-Olmo (Universität Duisburg-Essen):
Einfluss der Wassertemperatur auf das Auftreten aquatischer Parasiten

2. Globale Gesundheit von Mensch und Tier

Werner, Doreen¹ & Helge Kampen (¹Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung, Müncheberg, ²Friedrich-Loeffler-Institut, Insel Riems):

Stechmücken - ein wiederkehrendes Problem in Mitteleuropa?

Thomas, Stephanie; Dominik Fischer & Carl Beierkuhnlein (Universität Bayreuth):

Tigermücke und Dengue-Fieber - eine zukünftige Gefährdung für Europa?

Becker, Norbert (KABS, Universität Heidelberg):

Monitoring und biologische Bekämpfung der Stechmücken in Deutschland

Jöst, Hanna¹, Norbert Becker¹, Stephan Günther² & Jonas Schmidt-Chanasit² (¹Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Stechmückenplage (KABS), ²Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg):

Das Arbovirus Surveillance Programm in Deutschland: Erste Ergebnisse aus den Jahren 2009 und 2010

Conraths, Franz Josef; Jörn Martin Gethmann, Bernd Hoffmann, Martin Beer, Matthias Kramer & Christoph Staubach (Friedrich-Loeffler-Institut, Wusterhausen):

Einfluss des Klimawandels auf Orbivirusinfektionen (Bluetongue, African horse sickness)

3. Was ist zu tun? Forschungsbedarf, Innovationen, Öffentlichkeitsarbeit

Kramer-Schadt, Stephanie¹; Martin Lange², Hans-Hermann Thulke², (¹Leibniz Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW), Berlin, ²Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ), Leipzig):

Ökologisch-epidemiologische Modellierung zur Risikoabschätzung der Krankheitsausbreitung in Wildtierbeständen

Marwan, Norbert (Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung):

Graphentheoretische Untersuchung komplexer Systeme

Ulrich, Rainer G. (Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems):

Longitudinalstudie zu Nagetier-übertragenen Zoonoseerregern in Deutschland

Schmolz, Erik (Umweltbundesamt, Berlin):

Klimawandel und Vektoren: Forschungsprojekte und Aktivitäten des UBA

Müller-Graf, Christine (Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin):

Zoonosen: Kommunikation, Forschung und Vernetzung am Beispiel BfR und EFSA

4. Autoren- und Teilnehmerverzeichnis

0. Begrüßung



Vorstellung des Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland (NeFo)

Katrin Vohland, Museum für Naturkunde, Berlin

Das Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland (NeFo) freut sich, dass Frau Dr. Bannert und Herr Prof. Dr. May einen innovativen Workshop zur Vernetzung der Biodiversitätsforschung untereinander und mit der Praxis durchführen. Biodiversitätsforschung im Rahmen von NeFo wird sehr weit verstanden, es geht nicht nur um die Analyse der Vielfalt von Genen, Arten und Ökosystemen mit dem Ziel, ihre Entstehung, Funktionen und Wechselwirkungen in Abhängigkeit von naturräumlichen Gegebenheiten, Klima und Landnutzung zu verstehen, sondern es geht auch um Methoden zur nachhaltigen Nutzung von Biodiversität. Biodiversitätsforschung findet also im engen Dialog zwischen Wissenschaft und anderen gesellschaftlichen Akteuren wie insbesondere der Politik statt.

NeFo hat dafür unterschiedliche Instrumente. Wichtig ist die Webseite (www.biodiversity.de), wo Informationen zu nationalen und internationalen Aktivitäten, Ausschreibungen und Forschungsprojekten zu finden sind und sich Wissenschaftler aktiv vernetzen können. Zudem entwickelt NeFo Hintergrund- und Positionspapiere, hilft bei der Suche nach Experten und unterstützt und führt Workshops in verschiedensten Formaten zu verschiedenen Themen durch. Bei diesem Workshop geht es um die Veränderung im Verhältnis zwischen Parasiten und Infektionskrankheiten aufgrund des Klimawandels. Ein Thema, das die Aufmerksamkeit von Forschung, Politik und Öffentlichkeit verdient und uns noch lange begleiten wird.

1. Klimawandel, Biodiversität und zoonotische Infektionskrankheiten



Klimaänderungen – global bis regional

F.-W. Gerstengarbe, Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung

Ein kurzer Exkurs in die Geschichte der Klimaforschung

Es ist jetzt 185 Jahre her, seitdem der natürliche Treibhauseffekt das erste Mal beschrieben wurde und zwar vom Franzosen JEAN-BAPTISTE FOURIER. Damals war dies kein Thema, das die Öffentlichkeit interessierte. Auch als der Schwede SVANTE ARRHENIUS (1859-1927) nachwies, dass das CO₂ einen Beitrag zum natürlichen Treibhauseffekt liefert, war das wissenschaftlich zwar interessant, aber mehr nicht. Erst Mitte der 50er Jahre des vorigen Jahrhunderts wurde CO₂ ein Thema. Warum?

Wissenschaftler konnten das erste Mal an Hand von aktuellen Messungen auf dem Mauna Loa (Hawaii) nachweisen, dass die Konzentration dieses Gases in der Atmosphäre anstieg. Beunruhigt hat das zu diesem Zeitpunkt aber auch noch keinen.

Mitte der 70er Jahre hatte dann der Schweizer HANS OESCHGER eine geniale Idee. Er untersuchte die Lufteinschlüsse im tief gelegenen Eis von Grönland und stellte fest, dass die CO₂-Konzentration während der letzten Eiszeit um ca. 50 % niedriger lag als heutzutage. Die Schlussfolgerung daraus war, das CO₂ ein starkes Treibhausgas sein musste. Das Thema wurde interessant für die Wissenschaft und als Konsequenz daraus wurde 1979 das erste Welt-Klima-Forschungsprogramm ins Leben gerufen.

Die anfangs nur vorsichtig geäußerte Hypothese, dass der zu beobachtende rasche Anstieg des CO₂ zu einer deutlichen Erwärmung der Atmosphäre führen könnte, wurde durch mehr und mehr wissenschaftliche Arbeiten belegt. Dies rief die Meteorologische Weltorganisation und die UN auf den Plan. Das IPCC (*Intergovernmental Panel on Climate Change*) wurde gegründet – ein unabhängiger Zusammenschluss aller führenden Klimaforscher der Welt. Man wollte wissen, mit welchen Konsequenzen zu rechnen sei, wenn die Entwicklung sich wie beobachtet fortsetzt.

1990 erschien dann deren erster Sachstandsbericht, der auf mögliche Schäden infolge von Klimaänderungen hinwies. Daraufhin wurde 1992 auf dem ersten „Klimagipfel“ in Rio de Janeiro die Klimakonvention zur Verhinderung von Schäden verabschiedet. Der zweite IPCC-Bericht (1995) brachte erste Hinweise auf den Einfluss des Menschen beim Anstieg des CO₂. Die Konsequenz daraus war die Verabschiedung des „Kyoto-Protokolls“ 1997, in dem sich die Unterzeichnerstaaten erstmals zu einer CO₂-Reduktion, wenn auch auf geringem Niveau, verpflichteten. Der folgende IPCC-Bericht (2001) wies nach, dass der Mensch mit hoher Wahrscheinlichkeit Verursacher der globalen Erwärmung der letzten 100 Jahre ist.

Im Jahr 2005 trat dann das „Kyoto-Protokoll“ in Kraft, welches erstmals völkerrechtlich verbindliche Zielwerte für den Ausstoß von Treibhausgasen in den Industrieländern festlegte. 2007 erschien der bisher letzte Bericht des IPCC mit deutlichen Hinweisen auf die Gefahren, die eine weitere globale Erwärmung mit sich bringen wird. Die Klimakonferenz in Bali, die im gleichen Jahr stattfand, brachte einen Konsens unter allen Teilnehmerstaaten: Die globale Erwärmung muss vermindert werden. Als Ziel wird das Nicht-Überschreiten der 2°C-Grenze globaler Erwärmung ausgegeben. Damit ist die Klimaänderung als Problem von gesellschaftlicher Bedeutung erkannt worden.

Diese Erkenntnis geht einher mit dem nachweislich verstärkten Auftreten klimatisch bedingter Extremereignisse, einem Vorgang, der von den Klimaforschern im Rahmen der ablaufenden Entwicklung auch erwartet wurde. Die Wissenschaft stellt fest, dass die anthropogen bedingte Verstärkung des natürlichen Treibhauseffektes die wahrscheinlichste Ursache für die globale Erwärmung darstellt. Man beginnt, Handlungsstrategien zu entwickeln. Diese können einmal darauf gerichtet sein, die aktuelle Entwicklung zu stoppen, also CO₂-Emissionen zu verhindern oder wenigstens einzuschränken, oder aber darauf, sich den verändernden Bedingungen anzupassen. Bei beiden Optionen ist mit drastischen wirtschaftlichen und gesellschaftlichen Konsequenzen zu rechnen.

Wie erkennt man eine Klimaänderung?

Eine globale Erwärmung ist noch keine Klimaänderung. Das Auftreten einzelner Extremereignisse auch nicht. Häufen sich die extremen Ereignisse aber in ungewohnter Weise und auf längere Zeit, ist dies zumindest ein Indiz für eine Klimaänderung. Warum? Die Antwort ist einfach: In Zeiten starker Klimaänderungen treten gehäuft Extremereignisse auf. Dies weiß man aus der Paläoklimatologie. Ursache dafür ist die erhöhte Instabilität des Klimas. Betrachtet man die Entwicklung des Auftretens

von Extremen weltweit während der letzten drei Dekaden (s. Abb. 1), so erhält man einen starken Hinweis darauf, dass wir uns schon in einer Klimaänderung befinden. Um die Frage, ob dem so ist, zu klären, definieren wir zuerst einmal, was Klima eigentlich ist:

Unter Klima versteht man die komplexe statistische Beschreibung relevanter Klimaparameter bezogen auf einen Ort und/oder eine definierte Region im Rahmen einer festgelegten Zeitskala.

Daraus folgt: Klimaänderungen sind in der Regel nur anhand einer komplexen Betrachtungsweise nachweisbar!

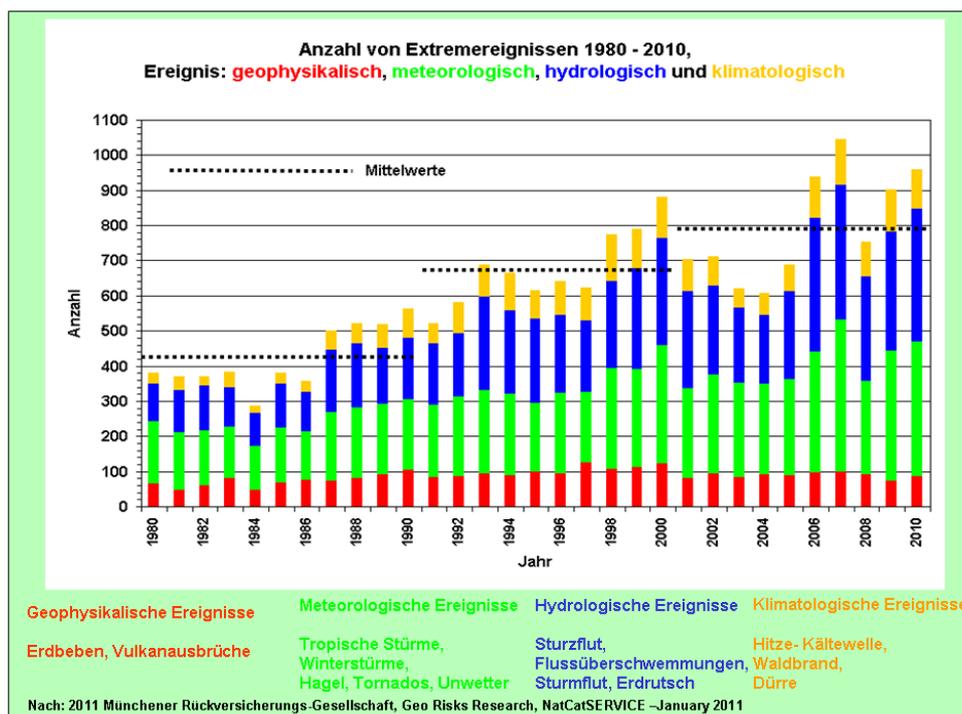


Abbildung 1: Anzahl von Extremereignissen 1980-2010. Nach MünchnerRe 2011.

Der Nachweis einer globalen Klimaänderung

Jeder kennt aus dem Schulatlas die typischen Klimazonen unseres Planeten. Diese sind durch eine Reihe von Parametern charakterisiert (Temperatur – Höhe und zeitliche Struktur, Niederschlag – Intensität und räumliche Verteilung, Vegetation, Orographie etc.). Das heißt, dass es sich bei den Klimatypen um komplexe Größen handelt. Verlagern sich diese signifikant oder gehen in einen anderen Typ über (z.B. Steppe in Wüste), kann man von einer nachweislichen Klimaänderung sprechen. Die Ergebnisse einer solchen Untersuchung sollen im Folgenden kurz diskutiert werden:

Für die Kontinente der Erde (außer der Antarktis) wurden 30 Klimatypen definiert, deren mittlere Verteilung aus Abbildung 2 ersichtlich ist. In einem zweiten Schritt wurde dann untersucht, ob und inwieweit sich diese Klimatypen innerhalb des Zeitraums 1995 - 2009 gegenüber dem Zeitraum 1901 - 1994 verschoben haben. Das Ergebnis ist in Abbildung 3 dokumentiert. Man erkennt an den gestrichelt markierten Regionen, dass es zu erheblichen Verschiebungen bzw. Übergängen von einem Klimatyp in einen anderen gekommen ist.

Den größten Zuwachs erfuhren die tropischen bis subtropischen Steppen- und Wüstengebiete mit insgesamt 1,599.000 km². Das entspricht einem Zuwachs von rund 292 km² pro Tag. Den flächenmäßig größten Verlust erlitten die kalten Typen (Eisklimate, Tundra) mit insgesamt -2,389.200 km² bzw. -436 km² pro Tag Rückgang. Das ist ein deutlicher Hinweis auf die globale Erwärmung.

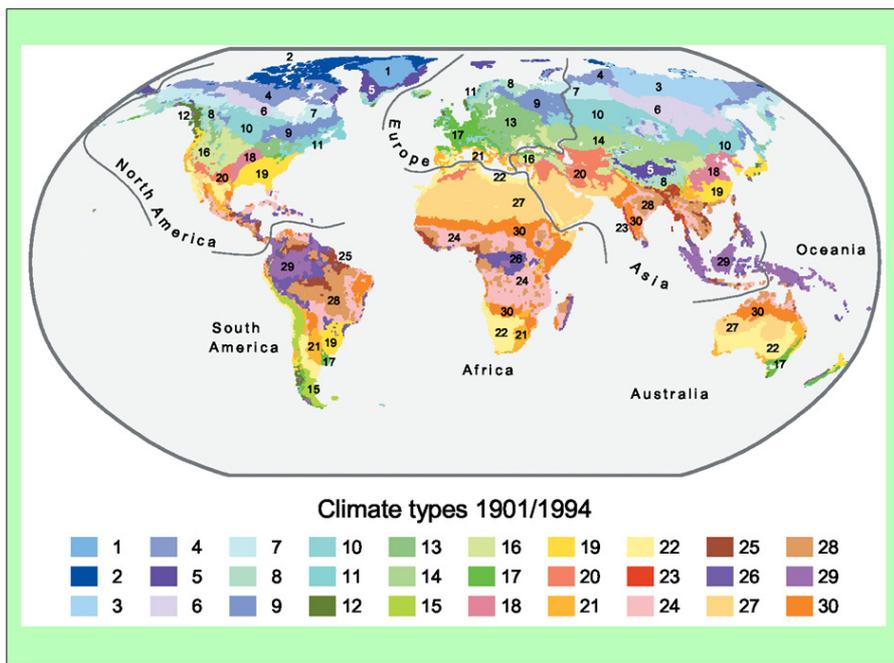


Abbildung 2: Klimatypen 1901-1994. PIK, 2011

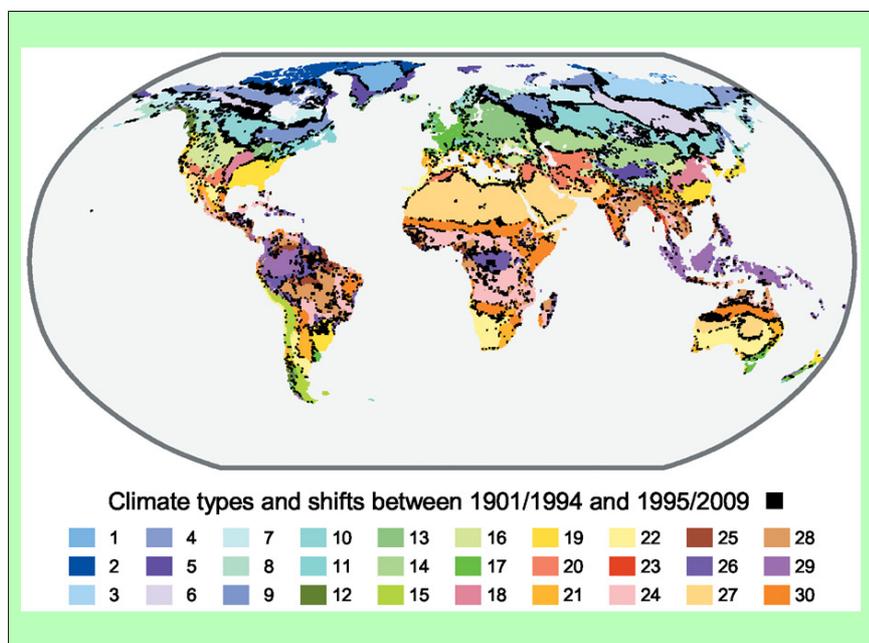


Abbildung 3: Klimatypveränderung zwischen 1901/1994 zu 1995/2009. PIK, 2011

Der Nachweis einer regionalen Klimaänderung

Zum Nachweis einer regionalen Klimaänderung kann man im Prinzip genauso vorgehen. Hier kann als Beispiel die Veränderung des arktischen Meereises zwischen 1979 und 2011 dienen. Abbildung 4 zeigt einen deutlichen Abwärtstrend der Seeeisfläche innerhalb des Beobachtungszeitraums. Dieser Trend ist statistisch signifikant, so dass auch hier die Aussage, dass eine Klimaänderung vorliegt, gerechtfertigt ist.

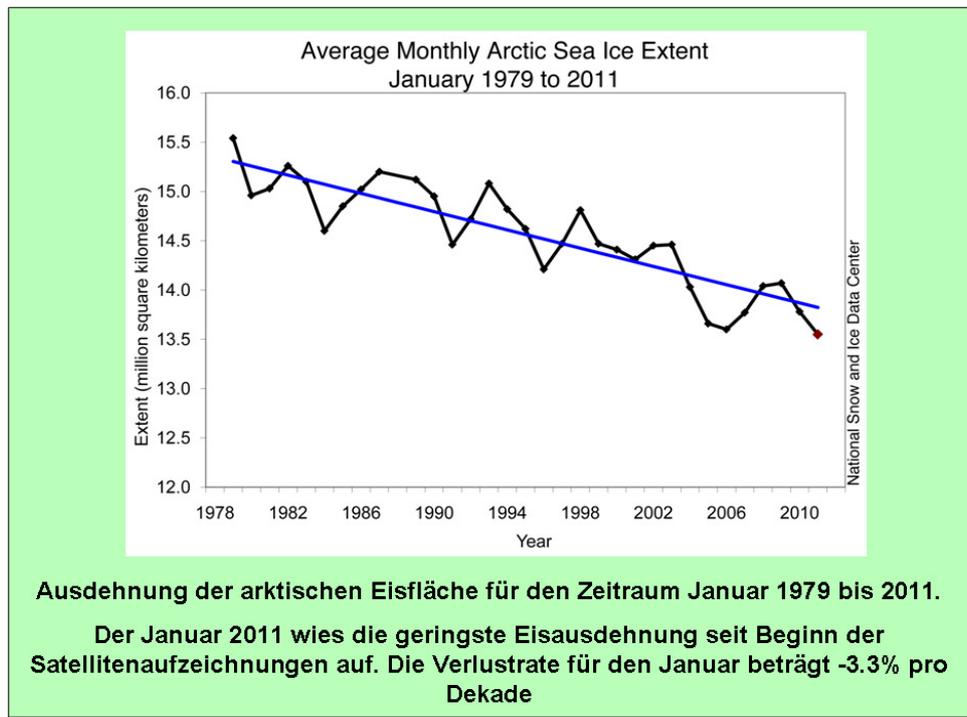


Abbildung 4: Ausdehnung der arktischen Eisfläche für den Zeitraum Januar 1979 bis 2011.

Der Nachweis einer lokalen Klimaänderung

Stellvertretend für den Nachweis einer lokalen Klimaänderung sollen hier nur zwei Bilder stehen: Der Pasterze-Gletscher in den Alpen vor 100 Jahren (Abbildung 5a) und heute (Abbildung 5b). Das der Gletscher vollständig verschwunden ist, ist ein sichtbares Zeichen für die zur Zeit ablaufenden Klimaänderungen.



Der Pasterze-Gletscher vor 100 Jahren



Der Pasterze-Gletscher von heute

Abbildung 5a und 5b: Der Pasterze Gletscher um 1910 und 2010. Aus: www.greenpeace.org

Die aktuelle Situation und Ausblick

In Abbildung 6 sind die aktuellen globalen CO₂-Emissionen angegeben und zusätzlich die bisher angenommenen Emissionen der einzelnen IPCC-Szenarien. Man erkennt, dass die aktuellen Werte oberhalb des „Worst-Case-Szenarios“ A1FI liegen, wir also in der Realität die schlimmsten Erwartungen übertreffen. Das heißt, dass ein „weiter so wie bisher“ die aktuell schon deutlich angespannte Situation bezüglich Klimaänderung und damit verbunden, das häufigere Auftreten von Extremen, weiter verschlechtern würde.

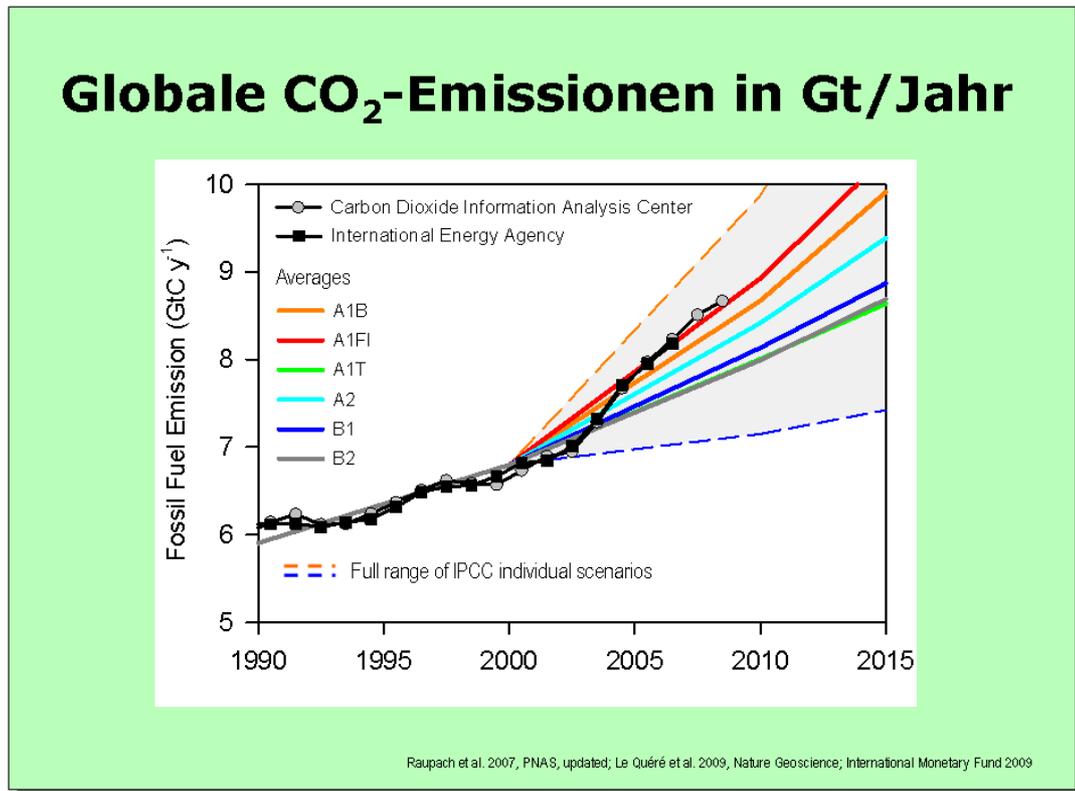


Abbildung 6: Globale CO₂-Emissionen in Gigatonnen pro Jahr. Die schwarzen Linien sind Messwerte, die bunten entstammen des SRES Szenarien. Aus Raupach et al. 2007, PNAS.

Zusammenfassend kann festgestellt werden:

- Es gibt bereits Klimaänderungen die durch ein erhöhtes Auftreten extremer Ereignisse gekennzeichnet sind.
- Diese Klimaänderungen werden sich in den nächsten Dekaden fortsetzen, aller Wahrscheinlichkeit nach unter sich verstärkenden Randbedingungen.
- Ein Erreichen des angestrebten 2-Grad-Ziels ist nur bei Einleitung sofortiger umfassender Maßnahmen zur Reduktion von CO₂ zu erreichen.

Klimawandel – Gefahren aus dem Süden

Peter Kimmig, Silvia Pluta, Torsten Naucke, Fachgebiet Parasitologie, Universität Stuttgart- Hohenheim

Zu den vielen negativen Auswirkungen der globalen Klimaerwärmung gehört auch der Einfluss auf Infektionskrankheiten. Eine spezielle Gefahr stellen hierbei Arthropoden-assoziierte Infektionen dar; bei diesen ist die Weiterverbreitung an das Vorhandensein der jeweiligen Vektoren gebunden, ein Szenario, wie es im Mittelmeerraum nach Import des Tigermoskitos mit dem Auftreten von Chikungunya- und Dengue-Fieber bereits abgelaufen ist.

Die globale Erwärmung beeinflusst dabei sowohl die Ausbreitung Wärme liebender Vektoren als auch die Entwicklung der Erreger im Vektor selbst. Mitteleuropa hielt man aus diesem Grunde bislang für wenig gefährdet. Indessen ist bereits nach dem Kriege das Q-Fieber (*Coxiella burnetii*), eine Infektion aus trocken-heißen Ländern, mit unkontrollierten Tiertransporten nach Deutschland eingeschleppt worden und hat sich in Südwestdeutschland samt dem Vektor, der Schafzecke, fest etabliert und breitet sich weiter aus. Diese Gefahr besteht auch bei Infektionen, die im Mittelmeerraum verbreitet sind, es sind dies das durch Zecken verbreitete Mittelmeerfleckfieber (*Rickettsia conorii*), sowie die durch Sandmücken übertragene viszerale Leishmaniose (*Leishmania infantum*) und das Pappataci-Fieber (*Phlebovirus*).

Bei Untersuchungen an heimischen Zecken, dem Holzbock (*Ixodes ricinus*), sowie der Auwaldzecke (*Dermacentor reticulatus*) und der Schafzecke (*Dermacentor marginatus*) wurden verschiedene Rickettsienarten (*R. helvetica*, *R. raoultii*, *R. slovaca*) nachgewiesen, jedoch nicht *R. conorii*. Dieser Erreger wird jedoch mit importierten Hunden aus dem Mittelmeerraum ständig eingeschleppt, ebenso auch der Hauptvektor, die Braune Hundzecke (*Rhipicephalus sanguineus*). Sollten sich diese Zecken bei weiterer Erwärmung auch in Deutschland festsetzen, ist der Boden für eine Etablierung des Mittelmeerfleckfiebers bereitet.

Die Vektoren für die im Mittelmeerraum verbreitete viszerale Leishmaniose und das Pappataci-Fieber sind Sandmücken (*Phlebotomus* spec.) Das Vorkommen dieser thermophilen Mücken auch in Mitteleuropa ist seit einigen Jahren bekannt, die Vektorpotenz der heimischen Art, *Ph. mascittii*, wird derzeit untersucht. Die Gefahr einer Einschleppung der Erreger ist in jedem Fall gegeben. Die importierten Hunde sind zu einem großen Prozentsatz Leishmanien-infiziert, das Vorkommen autochthoner Leishmanien-Infektionen in Deutschland deutet auf eine bereits beginnende Etablierung hin. Dies gilt auch für das Pappataci-Fieber, speziell für den Stamm Toskana, von dem bereits mehrere autochthone Fälle von dadurch bedingter Meningoencephalitis nachgewiesen wurden. Die Beobachtung dieser Infektionen anhand weiterer epidemiologischer Untersuchungen ist für etwaige prophylaktische Maßnahmen von großer Bedeutung.

20 Jahre Erfassung der *Ixodes*-Abundanz und Borrelien-Prävalenz im Naturschutzgebiet Siebengebirge: ein Spiegel des Klimawandels?

Alexandra Schwarz & Günter A. Schaub, Arbeitsgruppe Zoologie/Parasitologie, Ruhr-Universität Bochum

Das Naturschutzgebiet Siebengebirge ist ein hügeliges, stark besuchtes Naherholungsgebiet des Köln-Bonner Raumes und weist verschiedene Pflanzengesellschaften auf. 1986 wurden erstmals Zecken-Abundanzen ermittelt und *Ixodes* auf die Infektion mit *Borrelia* s.l. untersucht, 2001 nur die Befallsraten mit den verschiedenen *Borrelia*-Arten, 2003 nur die Zecken-Abundanzen (Kurtenbach et

al. 1995; Kampen et al. 2004; Schwarz et al. 2009) und 2007 sowie 2008 erneut Abundanzen und Prävalenzen, wobei drei Areale mit verschiedenen Pflanzengesellschaften immer berücksichtigt wurden – *Galio-Fagetum typicum*, *Fraxino-Aceretum pseudoplatani* und *Luzulo-Fagetum milietosum*. Diese alten Laubbaum-Bestände haben sich in den letzten 20 Jahren kaum verändert.

In zwei Arealen hat die Zeckendichte in den vergangenen 20 Jahren ca. 15- bzw. 25fach zugenommen, im 3. Areal zunächst abgenommen, aber seit 2003 fast verdreifacht. Da diese drei Pflanzengesellschaften fast 60% der Fläche des Naturschutzgebietes ausmachen, hat die *Ixodes*-Abundanz deutlich zugenommen. Diese Zunahmen fallen zusammen mit späten, milden Wintern. Die Befallsraten mit Borrelien variieren stärker zwischen den Arealen. Beim *Fraxino-Aceretum pseudoplatani* nahm von 1987/89 bis 2001 der Befall zu, lag 2007 und 2008 mit ca. 18% aber ungefähr dazwischen. Bei den beiden anderen Arealen war bis 2007 die Infektionsrate auf ca. 20% angestiegen, beim *Galio-Fagetum typicum* und *Luzulo-Fagetum milietosum* dann auf 10% abgefallen bzw. 23% angestiegen. An *Borrelia*-Arten fanden sich *B. burgdorferi* s.s., *B. afzelii*, *B. valaisiana*, *B. garinii* und *B. lusitaniae*, wobei die drei letzten Arten häufig mit Vögeln assoziiert sind und *B. lusitaniae* erstmals im Siebengebirge vorlag.

Während 2007 *B. garinii* und *B. afzelii* in den drei Arealen mit Prävalenzen von bis zu 80 % dominierten, waren 2008 die Unterschiede zu den anderen Arten nicht so groß. Die Nymphen wiesen häufig Infektionen mit nur einer Art auf, Adulte mehr Doppelinfektionen, an denen meistens *B. garinii* und *B. afzelii* beteiligt waren. *B. burgdorferi* s.s. fand sich nur bei Doppelinfektionen, Dreifach-Infektionen lagen vor, aber selten. Demnach scheinen klimatische Faktoren die Zecken-Abundanz stark zu beeinflussen, die Borrelien-Prävalenzen aber kaum.

Kurtenbach et al. (1995), *J Med Entomol* 32: 807–817; Kampen et al. (2004), *Appl Environ Microbiol* 70: 1576–1582; Schwarz et al. (2009), *Int J Hyg Environm Health* 212: 87–96.

Biodiversitätsverlust und Infektionskrankheiten

Sven Klimpel, Biodiversität und Klima Forschungszentrum, Frankfurt am Main

Aufgrund der rasant zunehmenden Globalisierung und durch Faktoren wie Klimawandel, globale Erwärmung, Bevölkerungswachstum und Biodiversitätsverlust wird das Auftreten neuer Epidemien begünstigt. Obwohl wir uns derzeit in einer Phase beschleunigten globalen Aussterben von Arten befinden, wurde dem Zusammenhang zwischen Biodiversitätswandel und neu auftretenden, bzw. wiederaufkommenden Krankheiten bislang nur wenig Beachtung geschenkt. Die Verbindung zwischen Biodiversität und menschlicher Gesundheit wird allerdings besonders durch die Verbreitung von invasiven Arten wie Moskitos, Nagern (als Vektoren) und Pathogenen wie z.B. Viren, Bakterien und Parasiten (als Krankheitserreger) deutlich.

Die Globalisierung und die damit zusammenhängende zunehmende Verbreitung exotischer Organismen haben zu einer verstärkten biotischen Homogenisierung und Verdrängung lokaler Arten geführt, wodurch sich die Diversität auf vielen Ebenen, von der genetischen Variabilität bis zur Artenanzahl, reduziert. Die Verbreitung von Vektoren und Krankheiten ist schon immer direkt mit menschlichen Aktivitäten verbunden. So haben z.B. das Hanta- und West Nil-Virus sowie die Erreger von Dengue-, Rift Valley-, Chikungunyafieber und der Malaria bereits biogeographische Barrieren mit Hilfe menschlicher Aktivitäten überwunden. Biodiversitätsverlust, z.B. durch Waldrodungen und Zersplitterung von Lebensräumen, haben dabei einen direkten Effekt auf die Übertragung zoonotischer Krankheiten. Des Weiteren beeinflussen höhere Temperaturen die Vektorendichte in einem Gebiet und erhöhen somit die Wahrscheinlichkeit einer Übertragung von Krankheitserregern. Als Konsequenz wird in

der nächsten Dekade die Verbreitung von durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten (Vector-Borne Infectious Diseases, VBID) stark zu nehmen.

Tropische Parasitosen im Klimawandel - ein zukünftiges Gefährdungspotential? Erfahrungen mit einer interdisziplinären Lehrveranstaltung am Fachbereich Veterinärmedizin der Freien Universität Berlin

Peter-Henning Clausen, Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, FB Veterinärmedizin, Freie Universität Berlin

Im Rahmen einer interdisziplinären Wahlpflichtveranstaltung im Wintersemester 2010/11 zur Thematik „Tropische Parasitosen im Klimawandel – ein zukünftiges Gefährdungspotential?“ sollten Studierende der Tiermedizin das komplexe System der Interaktion von Erreger, Krankheitsüberträger (Vektor) und Wirt in Abhängigkeit von Umwelteinflüssen (einschließlich Klima) erkennen. Fachkollegen aus den verschiedensten Disziplinen waren eingeladen.

Prof. Ibisch, Prof. Welp und Herr Nowicki von der Fachhochschule Eberswalde, Global Change Management, referierten über den Klimawandel, als eine zentrale Herausforderung des 21. Jahrhunderts. Prof. Peters von der Humboldt Universität zu Berlin hinterfragte, welchen Anteil die Viehwirtschaft am Klimawandel hat, und welche Bedeutung der Klimawandel schon heute für die Viehwirtschaft und Landnutzung darstellt. Dr. Bauer, Gastwissenschaftler an der FU Berlin, sprach über den Einfluss des Klimawandels auf die Ausbreitung von Vektoren und Vektorenkompetenz. Prof. Ahmed vom Forschungszentrum in Borstel berichtete über neue und wiederkehrende Vektoreuseuchen, u. a. über das durch Zecken übertragene Krim-Kongo-Fieber, das sich zurzeit in der Türkei ausbreitet.

Prof. May vom Bernhad-Nocht-Institut für Tropenmedizin in Hamburg sprach über die potentielle Bedrohung durch von Stechmücken übertragenen Infektionen, wie Malaria, Dengue-Fieber, Gelbfieber, West-Nil-Virus-Fieber und Rift-Tal-Fieber. Prof. Schein[†] referierte über die zunehmende Bedeutung von Zecken u. a. am Beispiel von *Dermacentor reticulatus* als Vektor der unbehandelt meist tödlich verlaufenden *Babesia canis canis*-Infektion bei unseren Hunden. PD Dr. Conraths vom Friedrich-Loeffler-Institut stellte Methoden zur Kartierung von Vektor-assoziierten Erkrankungen vor.

Lernziel für die Studierenden war es, durch Anregungen der Dozenten und ein kritisches Selbststudium, die o. g. Thematik einem größeren Publikum (Berliner Tierärztliche Gesellschaft) fachlich deziert und kritisch vorzustellen. Die Studierenden schlossen ihren Vortrag mit folgendem Fazit: es gibt einen Klimawandel; größere Probleme sind bei weiterem Anstieg der Treibhausgase vorprogrammiert; tropische Parasitosen werden vom Klimawandel beeinflusst; aber auch andere Faktoren (Globalisierung; Renaturierung, Bevölkerungszuwachs) sind ausschlaggebend für die Ausbreitung von Vektorenerkrankungen bei Mensch und Tier.

Die anschließende Auswertung der Lehrveranstaltung ergab: Durch die hohe Aktualität und gesellschaftliche Relevanz der Thematik waren die Studierenden hoch motiviert. Die interaktive Lernform führte zu einer kritischen Auseinandersetzung mit der Thematik. Die öffentliche Präsentation stellte eine große Herausforderung dar, war aber auch ein Ansporn für die Studierenden. Die Forschungsergebnisse konnten einem breiteren Publikum vorgestellt werden. Die interdisziplinäre Zusammenarbeit fördert den Erkenntnisgewinn und erleichtert die Identifizierung zukünftiger Forschungsschwerpunkte. Multidisziplinäre Forschungsansätze und verstärkte Nachwuchsförderung, insbesondere auf dem Gebiet der Infektiologie und Entomologie, wurden als notwendig befunden.

[†] Verstorben am 08.05.2011

Interdisziplinäre Zoonoseforschung in Deutschland: Das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“

Rainer G. Ulrich, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger, Greifswald – Insel Riems

Das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ wurde in den vergangenen Jahren als eine Plattform für eine interdisziplinäre Zusammenarbeit unterschiedlicher Fachgebiete etabliert. Dabei geht es insbesondere um eine Vernetzung von Arbeitsgruppen, die sich mit unterschiedlichen Aspekten der Biologie von Nagetieren und molekularepidemiologischen Untersuchungen zu Zoonoseerregern beschäftigen. Um vergleichbare Ergebnisse bei den Untersuchungen der verschiedenen Netzwerkpartner zu erhalten, wurden Standardprotokolle für Nagetierfang, Sektion, Probenlagerung, Probenarchivierung und Probenversand erarbeitet und eine Access-Datenbank erstellt.

Im Rahmen der Fangaktionen von Friedrich-Loeffler-Institut, Julius-Kühn-Institut, Niedersächsischem Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, forstlichen Institutionen verschiedener Bundesländer und weiteren Kooperationspartnern wurden bisher ca. 11.000 Kleinsäuger in 15 Bundesländern gesammelt. Für Untersuchungen zur Entwicklung der Rodentizid-Resistenz bei Hausmaus und Wanderratte und zur Aufklärung der Phylogeografie der Hausmaus wurden durch das Netzwerk entsprechende Gewebeproben bereit gestellt. Die molekularbiologischen Erreger-Untersuchungen konzentrierten sich auf Studien zur Prävalenz bekannter Zoonoseerreger in Kleinsäufern und auf die Suche nach neuen Nagetier-assoziierten Erregern.

Die Studien lieferten erste Daten aus Deutschland zum Vorkommen von Zoonoseerregern, wie Hantaviren, Orthopockenviren, Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus und Leptospiren in Kleinsäufern. Daneben konnten neue Nagetier-assoziierte Erreger, z.B. eines Hepatitis E-Virus bei der Wanderratte und verschiedener Kleinsäuger-assoziiierter Herpesviren identifiziert werden. Im Rahmen des Netzwerkes wurde außerdem im Land Brandenburg eine Waldarbeiterstudie koordiniert, bei der die Serumproben, in enger Zusammenarbeit mit den jeweiligen Referenz- und Konsiliarlaboratorien in Deutschland, auf 17 verschiedene Zoonoseerreger untersucht wurden. Die Öffentlichkeitsarbeit des Netzwerkes konzentrierte sich auf die Erstellung von Publikationen für unterschiedliche Risikogruppen und die Aktualisierung des Merkblattes „Wie vermeide ich Infektionen mit dem Hanta-Virus?“.

Zukünftig sollen die Untersuchungen des Netzwerkes im Rahmen von Longitudinalstudien mögliche Zusammenhänge von Populationsdynamik-, Populationsgenetik- und Erregerprävalenz bei Kleinsäufern aufdecken. Daneben sollen in einer engen Zusammenarbeit von Human- und Veterinärmedizinern die Ausbruchs- und molekularepidemiologischen Untersuchungen bei Kleinsäufern und Patienten weiter verstärkt werden.

Erfassung und Kontrolle von steigenden Gesundheitsrisiken durch parasitäre Infektionserreger bei Rindern als Folge globaler Veränderungen

Janina Demeler, Christina Brandt & Georg von Samson-Himmelstjerna, Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin

Das vom Niedersächsischen Ministerium für Wissenschaft und Kultur geförderte Verbundprojekt „KLIFF“ (Klima-Folgenforschung) hat das Ziel, Anpassungsstrategien an den Klimawandel zu entwickeln und die notwendige Wissensbasis zu schaffen, sinnvolle und realisierbare Wege dahin aufzu-

zeigen. Parasitäre Infektionen bei Rindern können zu erheblichen wirtschaftlichen Schäden und Gesundheitsrisiken der Tiere führen. Freilebende Parasitenstadien und deren Zwischenwirte werden durch klimatische Veränderungen in ihrem Verbreitungsgebiet zum Teil stark beeinflusst. Im Rahmen des Projektes wird die Prävalenz der drei wichtigsten Weideparasitosen beim Milchrind (*Ostertagia ostertagi*, *Dictyocaulus viviparus* und *Fasciola hepatica*) in 3 mikroklimatisch unterschiedlichen Regionen Niedersachsens mit dem Ziel untersucht, Geoinformationssystem (GIS)-basierte, parasiten-spezifische Risikokarten zu erstellen. Dazu werden seit 2009 dreimal jährlich 100-150 Tankmilchproben pro Region mittels ELISA auf die oben genannten Erreger untersucht.

In Tracerbetrieben werden von den erstsömmrigen Rindern während der Weidesaison monatlich Kotproben genommen, der Body Condition Score und Gewicht ermittelt, Blutproben entnommen, sowie die Weideflächen auf Kontamination mit Larven untersucht. Die Ergebnisse sollen dann mit Hilfe eines GIS mit Wetterdaten, topografischen u.a. Daten verknüpft werden, um so potentielle räumliche und zeitliche Zusammenhänge mit der Infektionsprävalenz ermitteln zu können. Die ELISA-Untersuchungen auf *O. ostertagi* von 2009 und 2010 ergaben im vergleichsweise warmen und trockenen Jahr 2010 eine insgesamt geringere Infektionsrate. Koproskopisch waren bei allen Tieren im jahreszeitlich typischen Verlauf Eier von Magen-Darm-Strongyliden nachzuweisen. In der Küstenregion konnten nur bei einem Tier *F. hepatica* und bei 2 Tieren *D. viviparus* nachgewiesen werden.

Importhunde – Herkunft und Daten zur Erregerprävalenz

Torsten J. Naucke, Parasitus Ex, Niederkassel, Fachgebiet Parasitologie, Universität Stuttgart- Hohenheim

Durch die Massen an Importhunden und durch die Mitnahme von Hunden in mediterrane Urlaubsregionen nehmen durch Arthropoden verursachte Erkrankungen in deutschen Tierarztpraxen zu (Menn, B. et al. 2010). In dieser Studie werden 4.681 Reisebegleitende bzw. Importhunde untersucht, welche sich in Deutschland befinden. Die Labordaten dieser 4.681 Hunde werden mit den Daten von 331 Hunden in Portugal verglichen. Um das Infektionsrisiko in den verschiedenen Regionen Europas zu untersuchen wurden verschiedene Pathogene und serologische Antikörperspiegel bei diesen Hunden untersucht.

4.681 Hunde wurden serologisch auf Antikörper gegen *Leishmania infantum*, *Babesia canis* (*B. vogeli*) und *Ehrlichia canis* untersucht. In ‚Buffy Coat‘ – Ausstrichen wurde nach *Hepatozoon canis* gesucht, sowie via ‚Knott-Test‘ nach Mikrofilarien. Alle Blutproben wurden von Tierarztpraxen, Privatpersonen oder Tierschutzvereinen zur Untersuchung eingesendet. Auf spezielle Anfrage hin (oder wenn regional sinnvoll) wurden einige Seren auch auf das Vorhandensein von Antikörpern gegen *Anaplasma phagocytophilum* / *A. platys*, *Borrelia burgdorferi* und / oder *Rickettsia conorii* / *R. massiliae* untersucht. Am häufigsten wurden Antikörper gegen *B. canis* (*B. vogeli*) detektiert (23,4%), gefolgt von *L. infantum* (12,2%) und *E. canis* (10,1%). Mikrofilarien wurden bei 7,7% und *Hepatozoon canis* bei 2,7% aller Hunde gefunden. Bei 332/1862 Hunden wurden Antikörper gegen *A. phagocytophilum* / *A. platys*, bei 64/212 gegen *B. burgdorferi* und bei 20/58 gegen *R. conorii* gefunden. Von den 4.681 Hunden wurden 4.226 aus dem Ausland nach Deutschland importiert, 87 Hunde begleiteten ihre Besitzer auf Urlaubsreisen. Weiterhin wurde 331 Hunden in Portugal Blut entnommen und ebenfalls analysiert. Alle 331 Hunde warteten auf ihren Export nach Deutschland und Schweden und wären nicht getestet worden. Die Prävalenz von Antikörpern/Pathogenen war: 62,8% bzgl. *R. conorii*, 58,0% bzgl. *B. canis*, 30,5% bzgl. *A. platys*, 24,8% bzgl. *B. vogeli*, 21,1% bzgl. *H. canis* (via PCR), 9,1% bzgl. *L. infantum* und 5,3% bzgl. Mikrofilarien.

Die Untersuchung von 4.681 Hunden, die als Reisebegleitende bzw. Importhunde in Deutschland leben, ergab das Vorhandensein von Pathogenen, z.B. *Leishmania infantum*, die als nicht-endemisch gelten. Diese in Deutschland aufgenommenen Daten zeigen, im Vergleich zu den in Portugal aufgenommenen Daten, dass häufig Koinfektionen vorliegen.

Diese Daten zeigen, dass das Importieren von Hunden nach Deutschland aus endemischen Regionen, z.B. dem mediterranen Raum, sowie das Reisen mit Hunden in solche Regionen ein hohes Risiko darstellt, Erkrankungen zu erwerben. Es wäre wichtig, dass Hundehalter, die einen Importhund von einer Tierschutzorganisation erwerben wollen, sich zuvor über die Risiken solcher Erkrankungen informieren sollten. Weiterhin sollte der Tierarzt Ansprechpartner für Hundebesitzer sein, die mit ihrem Hund in den mediterranen Raum reisen wollen. Eine Informationsbroschüre ‚Ihr Traumhund aus dem Süden‘ steht bereit, und stellt eine Alternative für eine Informationsquelle für Halter, Tierschutzorganisationen und Tierärzte dar. Generell wäre es wünschenswert, europaweit ein Registrierungssystem zur Verbringung von Hunden zu schaffen.

Menn, B., Lorentz, S. & Naucke, T. J. (2010), Imported and travelling dogs as carriers of canine vector-borne pathogens in Germany. *Parasites & Vectors* 3:34, *Doi:10.1186/1756-3305-3-34*.

Vektorenerkrankungen (*canine-vector-borne disease*, CVBD) bei Hunden. Zoonoserisiko durch eingeschleppte Erkrankungen.

Norbert Mencke, Bayer Animal Health GmbH, Leverkusen, Deutschland

Unsere Umwelt ist einem ständigen Veränderungsprozess unterworfen. Veränderungen im Klima, Veränderungen unserer Reisegewohnheiten, und somit auch häufigere Reisen von Tierbesitzern zusammen mit ihren Haustieren und auch Veränderungen in der Form, wie wir die Landschaft nutzen. Allgemeiner gesprochen, sozioökonomische, demographische und umweltbedingte Einwirkungen haben einen Einfluss auf das verstärkte Auftreten von durch Arthropoden übertragene Erkrankungen, sogenannte Vektorenerkrankungen. Unser Freizeitverhalten mit intensiverer Naturnutzung führt unweigerlich zu einer höheren Exposition. Intensivere Landwirtschaft auf der einen und Stilllegungsflächen auf der anderen Seite haben die Ausbreitung von z.B. einigen Zeckenarten gefördert. All diese Veränderungen haben die Übertragung von Pathogenen, die einen Arthropoden-Wirt als Vektor benötigen, sowohl auf unsere Haustiere aber auch auf uns Menschen begünstigt.

Erkrankungen, die bisher lediglich auf den tropischen und sub-tropischen Raum beschränkt waren oder innerhalb des mediterranen Raumes Europas beheimatet waren, sind in Zentral- und Nordeuropa angekommen. Diese Erkrankungen sind eine Herausforderung, sowohl in der humanmedizinischen als auch in der veterinärmedizinischen Praxis.

Die canine Leishmaniose (canL), die durch den Einzeller *Leishmania infantum* verursacht wird und für die Schmetterlingsmücken der Gattung *Phlebotomus* als Vektor fungieren, ist ein Beispiel für eine „canine vector-borne disease“ (CVBD) mit Zoonosepotential. Die Leishmaniose des Hundes und der Menschen ist im gesamten Mittelmeerraum seit der Antike bekannt. Die Erkrankung ist dort endemisch mit dem Hund als Reservoirwirt und verschiedensten Schmetterlingsmücken-Arten als Überträger. Die Prävalenz der canL ist abhängig von einer Vielzahl von biotischen und auch abiotischen Faktoren. Steigende Anzahlen von als Haustier gehaltenen Hunden, Hunde, die mit ihren Besitzern von nicht-endemischen in endemische Gebiete reisen, keine Reisebeschränkungen (Schengen-Abkommen) innerhalb Zentraleuropas, sowie das Verbringen von Hunden aus endemischen Gebieten in Gebiete, in denen canL nicht-endemisch ist, haben die Bedeutung von canL in den Tierarztpraxen verändert. Dabei darf nicht außer acht gelassen werden, dass canL eine ernstzunehmende Zoonose

ist, die beim Menschen zu Erkrankungen eventuell mit Todesfolge führen kann. Deutschland wurde in der Vergangenheit als frei von canL eingestuft. Ganz anders als zum Beispiel Frankreich oder die Schweiz, die innerhalb der Landesgrenzen nicht-endemische Regionen im Norden des Landes, aber auch endemische Gebiete in südlichen Landesteilen haben. Heute muss man für Deutschland feststellen, dass insbesondere das Gebiet am Oberrhein begünstigende klimatische Bedingungen aufweist, dass in diesen Gebieten einheimische Schmetterlingsmücken bestätigt wurden und dass die Anzahl der Hunde, die mit einer *Leishmania infantum* Infektion nach Deutschland eingeführt werden, beständig ansteigt.

Eine weitere Erkrankung, die von blutsaugenden Insekten übertragen wird, ist die kutane Dirofilariose, ausgelöst durch *Dirofilaria repens*. Der zu den Filarien gehörende Wurm *Dirofilaria repens* befällt sowohl Menschen als auch Hunde und ist mit dem nur für den Hund pathogenen Herzwurm (*Dirofilaria immitis*) nahe verwandt. Steigende Fallzahlen von Menschen infiziert mit *D. repens* werden aus Südeuropa, Asien und Afrika gemeldet. Beim Hund erfolgt die Infektion über Stechmücken, die die im Blut zirkulierenden Mikrofilarien vom infizierten Hund aufnehmen und diese dann bei der nächsten Blutmahlzeit auf andere Hunde, oder auch Menschen übertragen. Die in Deutschland vorkommenden Stechmücken Arten sind potentielle Überträger für beide Pathogene, *D. immitis* für den Hund, sowie *D. repens* für Hund und Mensch.

Die kanine Leishmaniose und die kutane Dirofilariose sind zwar lediglich zwei, dafür aber bedeutende Beispiele für Vektorenerkrankungen, die bei Mensch und Tier eine Rolle spielen. Daher ist es heute anzuraten, dass Haustiere wie Hunde und Katzen vor der Infektion mit diesen Erregern durch die Anwendung entsprechender Tierarzneimittel geschützt werden. Prophylaktische Maßnahmen sollten verpflichtend sein, mindestens für all die, die mit ihren Tieren innerhalb Europas auf Reisen gehen. Dies ist bereits seit vielen Jahren verpflichtend für Impfungen, die im europäischen Tierimpfpass zu dokumentieren sind. Es wird dringend empfohlen, den europäischen Tierimpfpass um die prophylaktischen Maßnahmen gegen Parasiten und Vektoren zu erweitern.

Vektoren im Bundeswehr-Einsatzgebiet Afghanistan

Andreas Krüger, Bundeswehrkrankenhaus Hamburg, Fachbereich Tropenmedizin am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg.

Im Rahmen der von der Bundeswehr implementierten präventiv- und tropenmedizinischen Maßnahmen werden jährlich die Risiken von vektor-übertragenen Erkrankungen und Gifttier-Verletzungen für deutsche Soldaten der ISAF-Truppen evaluiert. Dies dient zugleich der Sammlung medizinischer Informationen aus einem unterentwickelten Land ohne adäquate medizinische oder andere wissenschaftliche Strukturen.

Als 2005 die ISAF-Truppen begannen, ein neues Feldlager am Flugplatz von Mazar-e Sharif in Nordafghanistan zu bauen, kam es bereits unter den Vorauskommandos zu etwa 200 Fällen von zoonotischer kutaner Leishmaniose (zCL). Dies führte zur umgehenden Etablierung einer Vektoren- und Nagerüberwachung, insbesondere dem zCL- und Malaria-Monitoring.

Das Einsatzgebiet befindet sich in Höhen von 300-1800 m und entspricht überwiegend dem zentralasiatisch-subtropischen Halbwüsten-Typ, der durch einen nahezu regenfreien Sommer, nasskalte Winter und sehr spärlichen Bodenbewuchs gekennzeichnet ist. Trotzdem findet sich hier eine relativ reiche Arthropodenfauna, einschließlich Stechmücken, die zumindest temporäre Wasseransammlungen als Brutplätze benötigen. Dazu gehören insbesondere Malaria-Vektoren der Gattung *Anopheles*. Ebenfalls typisch sind verschiedene zCL-Vektoren aus der Gruppe der Sandmücken, die zwar allge-

genwärtig sind, jedoch innerhalb der Feldlager erfolgreich auf sehr niedrigem Stand kontrolliert werden können. Weitere potenzielle Vektoren, die gefunden werden können, sind Kriebelmücken (Simuliidae), Gnitzen (Ceratopogonidae), diverse Zeckenarten einschließlich den *Hyalomma*-Vektoren des Krim-Kongo Hämorrhagischen Fiebers sowie verschiedene Gifttiere wie z.B. Blasenkäfer (*Mylabris* sp., Familie Meloidae), Skolopender (Chilopoda), Skorpione und Walzenspinnen (Solifugae).

Obwohl Nord-Afghanistan hinsichtlich der Umwelt- und Klimafaktoren (ganz zu schweigen vom politischen und militärischen Umfeld) als relativ lebensfeindlich angesehen werden kann, existiert dort eine reiche Arthropodenfauna, die der des Mittelmeerraumes und des Nahen Ostens ähnelt. Hierzu gehören auch einige potenzielle Vektoren und Verursacher humanrelevanter Erkrankungen. Die meisten endemischen Arten sind hitze- und trockenheitsresistent, z.B. Sandmücken, einige Zecken und Skorpione. Auf Grund der aufgezeigten Risiken sind zumindest saisonal entsprechende persönliche Schutzmaßnahmen und Expositionsprophylaxe erforderlich.

Einfluss der Wassertemperatur auf das Auftreten aquatischer Parasiten

Bernd Sures, D. R. Dangel & A. Pérez-del-Olmo, Angewandte Zoologie/Hydrobiologie, Universität Duisburg-Essen

Die Wassertemperatur ist einer der wesentlichen Faktoren in aquatischen Ökosystemen, der maßgeblich die Ausbildung, Zusammensetzung und Verteilung der Lebensgemeinschaften determiniert. Daher werden in einer aktuell laufenden Feldstudie die Auswirkungen einer Abnahme (Talsperrentiefenablass) bzw. Zunahme der Wassertemperatur (Kühlwassereinleitung von Kraftwerken) auf Parasitengemeinschaften der Bachforelle an unterschiedlichen Standorten untersucht. Hierzu werden an zwei Mittelgebirgsflüssen in Nordrhein-Westfalen jeweils vergleichbare Abschnitte ober- und unterhalb eines Zulaufs von hypolimnischem Tiefenwasser oder Kühlwasser betrachtet. Neben einer kontinuierlichen Messung der Wassertemperatur über den Jahresverlauf wurden Makrozoobenthosbeprobungen durchgeführt, um biologische Rahmenbedingungen wie zum Beispiel die saprobielle Belastung quantifizieren zu können. Die pro Abschnitt (n=10) mittels Elektrofischerei entnommenen Bachforellen (*Salmo trutta f. fario*) wurden anschließend parasitologisch untersucht.

Bei mittleren Temperaturunterschieden von ca. 2°C bis 4°C lassen die Ergebnisse des Saprobien-Index für die jeweils untersuchten Abschnitte eine vergleichbare saprobielle Belastung erkennen. Die Untersuchungen zur Parasitendiversität bei Bachforellen zeigen hingegen deutliche Unterschiede auf: Eine gegenüber der Vergleichsstelle niedrigere Wassertemperatur führt zur Abnahme der Diversität in der Infra- und der Komponentengemeinschaft. Zudem sind die mittleren Befallsintensitäten für einen Großteil der gefundenen Fischparasitenarten an der kühleren Probestelle signifikant verringert. Im Rahmen weiterführender Datenauswertungen und Korrelationsanalysen sollen verallgemeinerbarer Trends abgeleitet werden, die als Vorhersageszenario für die mit dem Klimawandel zu erwartenden Effekte (Veränderungen) genutzt werden können.

2. Globale Gesundheit von Mensch und Tier



Stechmücken (Diptera: Culicidae) – ein wiederkehrendes Problem in Mitteleuropa?

Doreen Werner¹ & Helge Kampen², ¹Leibniz Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V.,
²Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Insel Riems

Bis zur Mitte des 20. Jahrhunderts standen Stechmücken als Überträger von Malariaerregern im Zentrum der medizinisch-entomologischen Forschung in Deutschland und vielen anderen europäischen Staaten. Nachdem die endemische Malaria in Europa jedoch ab den 1970er Jahren offiziell als ausgerottet galt, hat das wissenschaftliche Interesse an den Culiciden stetig abgenommen. Nichtsdestoweniger sind vektorkompetente *Anopheles*-Arten heute nach wie vor weit verbreitet. So kam es – vermutlich infolge des stark zunehmenden Reiseverkehrs in tropische Länder, in denen ein hohes Infektionsrisiko für Malaria besteht, – in Europa immer wieder zu sporadischen autochthonen Infektionen, darunter drei dokumentierte Fälle in Deutschland aus den letzten 12 Jahren. Aufgrund von infektionsepidemiologischen Besonderheiten der Malaria und des hohen medizinischen Standards in Europa ist mit einer Reetablierung endemischer Malaria jedoch nicht zu rechnen.

Besorgniserregender sind verschiedene Stechmücken-assoziierte Viruserkrankungen, deren Erreger lange unerkannt zirkulieren und sich ausbreiten können. Zu diesen gehören z.B. das West-Nil-, das Sindbis-, das Tšahyňa-, das Batai- und das Usutu-Virus, die durch einheimische Mückenarten übertragen werden können. Historisch kamen in Europa auch die gefährlichen Dengue- und Gelbfiebertviren vor, die von der später aus nicht geklärten Gründen verschwundenen Culicidenart *Aedes aegypti* übertragen wurden. 2007 kam es in Norditalien zu einem Ausbruch von Chikungunya-Fieber mit über 200 klinischen Fällen. Hier zeichnete die zuvor eingeschleppte und etablierte asiatische Tigermücke *Ae. albopictus* als der verantwortliche Vektor. Als ein Virus mit hohem Einschleppungsrisiko für Europa wird das Rifttal-Fieber-Virus angesehen, das ursprünglich in Süd- und Ostafrika auftrat, vor einigen Jahren aber den Sprung nach Nordafrika und auf die arabische Halbinsel geschafft hat.

Neben diesen Viren stellen die sich von Südeuropa nordwärts ausbreitenden Dirofilarien eine potenzielle durch Stechmücken verursachte Gefahr für Mensch und Tier dar. Erste Fälle von Infektionen mit *Dirofilaria repens* traten bereits bei Hunden in Deutschland und Holland auf. Doch nicht nur von Stechmücken übertragene Krankheitserreger breiten sich aus und finden mögliche weitere Überträger unter den einheimischen Culiciden. Auch andere hocheffiziente potenzielle Vektoren von Krankheitserregern eingeschleppt bzw. breiten sich aus. Neben *Ae. albopictus* hat sich *Ae. japonicus*, ein weiterer wichtiger Virusüberträger Asiens, in Europa etabliert. *Aedes atropalpus*, ein nordamerikanischer Vektor des West-Nil-Virus, konnte wieder eradiziert werden. Die Gelbfiebertmücke *Ae. aegypti* ist nach jahrzehntelanger Abwesenheit in Portugal (Madeira) und in Georgien wieder aufgetaucht, und *Ae. koreicus*, eine asiatische Stechmückenart mit ungeklärter Vektorkompetenz, wurde kürzlich in Belgien nachgewiesen. Aus diesen Entwicklungen – zusammen mit der Tatsache, dass die Erforschung der einheimischen Stechmückenfauna seit Jahrzehnten sträflich vernachlässigt wurde – ergibt sich die dringende Notwendigkeit für Monitoringprogramme und Vektorkompetenzstudien zu den Culiciden Deutschlands.

Tigermücke und Dengue-Fieber – eine zukünftige Gefährdung für Europa?

Stephanie Thomas, Dominik Fischer & Carl Beierkuhnlein, Lehrstuhl Biogeografie der Universität Bayreuth

Die Tigermücke (*Aedes albopictus*) gilt als eine stark invasive Art und ist ausgehend von ihrem ursprünglich südostasiatischen Verbreitungsgebiet innerhalb weniger Jahrzehnte in 38 Ländern Nord-, Süd- und Mittelamerikas, Afrikas, Ozeaniens und Süd-Europas vorgedrungen. Als Krankheitsüberträger (Vektor) von 22 Arboviren und Diofilarien kann sie ernste Gesundheitsprobleme mit sich bringen. Dies wurde bei dem überraschend auftretenden Ausbruch des Chikungunya Fiebers in Norditalien im Jahre 2007 deutlich, als das Virus durch einem infektiösen Reisenden aus Indien eingeführt wurde und sich durch die lokalen Tigermückenpopulationen rasch verbreitete.

Auch dem weltweit dramatisch zunehmenden Dengue-Fieber ist besondere Aufmerksamkeit zu schenken: heute lebt ein Fünftel der Weltbevölkerung in Dengue-Risikogebieten, die sich vor allem in (sub-)tropischen Gebieten Süd-Ostasiens und dem Westpazifik befinden. Das Dengue-Virus wird regelmäßig von infizierten Reisenden aus Endemiegebieten nach Europa eingeschleppt (deutschlandweit 2010: über 600 Fälle). Die letzte europäische Dengue-Epidemie liegt bereits über 80 Jahre zurück (Griechenland 1927/28), doch sind in jüngster Vergangenheit wieder vereinzelt autochthone Fälle aufgetreten (Südfrankreich, Kroatien). Gerade vor dem Hintergrund zu erwartender klimatischer Veränderungen im kommenden Jahrhundert ist die Entwicklung klimatisch geeigneter Räume sowohl für die Etablierung des Vektor als auch thermisch geeignete Gebiete für die Entwicklung des Virus von größtem Interesse, um frühzeitig zukünftige Risikogebiete zu erkennen.

Wir haben hierzu mit Hilfe des „environmental niche modelling“ (Software: MaxEnt) unter Nutzung von über 1200 weltweiten Vorkommenspunkten der Tigermücke ihre aktuelle klimatische Nische in Europa modelliert und diese unter Verwendung des regionalen Klimamodells COSMO-CLM projiziert (Szenarien A1B und B1). Klimatisch geeignete Räume für die Etablierung von *Aedes albopictus* nehmen danach bereits in den kommenden 30 Jahren in West- und Mitteleuropa zu, mit einer zeitlichen Verzögerung auch in Osteuropa.

Für eine thermisch abgeleitete Gefährdungsabschätzung des Pathogens, übertragen wir die Temperaturanforderungen des Dengue-Virus zur Amplifikation im Vektor (Extrinsische Inkubationsperiode EIP) mit Hilfe täglich aufgelöster Temperaturdaten von COSMO-CLM auf die projizierte Erwärmung Europas im 21. Jahrhundert (Szenarien A1B und B1). Da bisher keine Untersuchungen hierzu im Vektor *Aedes albopictus* vorliegen, greifen wir auf Ergebnisse der EIP in der Schwesternart *Aedes aegypti* (Gelbfiebermücke) zurück.

Die thermische Eignung europäischer Gebiete für die Amplifikation des Virus nimmt im Laufe des 21. Jahrhunderts in Abhängigkeit der verwendeten extrinsischen Inkubationsperiode zu. Ende des Jahrhunderts gibt es keine thermischen Einschränkungen mehr für die Entwicklung des Virus im Vektor in den wärmsten Regionen Mitteleuropas wie dem Oberrheingraben im Südwesten von Deutschland.

Besonders interessant ist nun die Kombination beider Ergebnisse, um die räumliche und zeitliche Entwicklung von klimatisch geeigneten Gebieten zu erkennen, die sowohl die Etablierung der Tigermücke als auch die Entwicklung des Dengue-Virus in diesem Vektor erlauben. In den kommenden 30 Jahren ist hierbei besonderes Augenmerk auf Süd- und Südwestfrankreich sowie große Teile Italiens zu legen. Aber auch Gebiet im Nordosten Spaniens und des Balkans müssen als Risikogebiete einge-

stuft werden. Zukünftige Arbeiten werden sich mit der Einbindung weiterer Faktoren, wie globalisierte Handels- und Tourismusströme, beschäftigen. Frühzeitig erkannte potenzielle Gefährdungsgebiete sollen politischen Entscheidungsträgern und dem Gesundheitssektor dazu verhelfen, rechtzeitig Adaptionsmaßnahmen initiieren zu können.

Die vorliegenden Arbeiten sind innerhalb des Bayerischen Forschungsverbundes „VICCI – Vectorborne Infectious Diseases in Climate Change Investigations“ entstanden, dem das Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (Infektiologie, Parasitologie und Epidemiologie und Nationale Referenzzentrum für Borrelien), das Institut der Mikrobiologie der Bundeswehr und die Universitäten Bayreuth (Lehrstuhl Biogeografie), Erlangen (Institut für Klinische Mikrobiologie, Immunologie und Hygiene) und München (LMU, Vergleichende Tropenmedizin und Parasitologie) angeschlossen sind.

Monitoring und Bekämpfung der Stechmücken (Culicidae) im Zeichen des Klimawandels

Norbert Becker, Universität Heidelberg; Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Stechmückenplage (KABS); European Mosquito Control Association (EMCA)

Das Untersuchen der Abundanz und der Phänologie der Stechmücken ist unabdingbar, wenn ein tragfähiges Konzept zur Bekämpfung der Stechmücken erstellt werden soll. Die Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Stechmückenplagen (KABS) führt seit fast drei Jahrzehnten Monitoring-Programme in verschiedenen Gebieten Deutschlands, vorwiegend im Oberrheingebiet, aber auch an der Donau, der Elbe, Oder und Isar sowie am Chiemsee und Bodensee durch. Zum Einsatz kamen vorwiegend Kohlendioxid- und Eiablagefallen. Die Larvenpopulationen wurden mit WHO-Standardschöpfnern erfasst. Die Fänge wurden meist in regelmäßigen Zeitabständen vorgenommen. Dabei wurden im Durchschnitt etwa 500.000 Stechmücken gefangen und bis zur Art bestimmt. Bis heute wurden insgesamt 48 Stechmückenarten für Deutschland nachgewiesen (47 autochthone und eine invasive Stechmücke, nämlich *Ochlerotatus japonicus*) sowie *Aedes albopictus* (*Stegomyia albopicta*) als nicht etablierte Art.

Seit 2005 wird ein umfassendes Monitoring Programm zur Erfassung von invasiven Stechmücken in Südwest-Deutschland vorgenommen. Während *Oc. japonicus* weitverbreitet über ein Areal von mehr als 10.000 km² vorkommt, wurden lediglich Eier von *Ae. albopictus* in einer Eiablagefalle an einem Rastplatz an der A5 zwischen Basel und Freiburg gefunden. Es ist zu vermuten, dass ein gravidies Weibchen mit einem PKW/Wohnwagen oder LKW aus Italien eingeschleppt wurde, wo *Ae. albopictus* massenhaft als Neozoe seit Anfang der 1990-iger Jahre vorkommt. Entsprechend unserer Untersuchungen muss *Oc. japonicus* als etablierte Art gelten, die wohl schon seit Jahren in Deutschland, derzeit bereits in mindestens 50 Kommunen, meist auf Friedhöfen in Blumenvasen, nachgewiesen wird. Die Einführung von *Oc. japonicus* ist wahrscheinlich auf die Einfuhr von Pflanzen oder Waren-gütern aus Ostasien (z.B. China) zurückzuführen, wo diese Mücke ihre Heimstatt hat.

Von den autochthonen Arten ist *Aedes vexans* mit Abstand die häufigste Art, sowohl im Oberrheingebiet als auch am Bodensee und an der Elbe, während *Ochlerotatus sticticus* die dominante Art am Chiemsee und den Osterseen ist. In allen Gebieten gibt es jedoch darüber hinaus eine artenreiche Stechmückenfauna. Wissenschaftler und die Öffentlichkeit sind aus medizinischer und epidemiologischer Sicht wegen des gestiegenen Risikos, an einer von Stechmücken übertragenen Krankheit in Europa zu erkranken, besorgt. Durch die Globalisierung und den Klimawandel werden bereits ausgerottete (z.B. Dengue-Fieber oder Malaria) oder neu auftretende Krankheiten, wie Chikungunya-Fieber

und West-Nil-Fieber, eine Bedrohung für die Menschen. Gewöhnlich wird von den Medien die gestiegene Malaria-Gefahr mit dem Klimawandel in Verbindung gebracht. Obwohl Malaria immer noch die wichtigste von Vektoren übertragene Krankheit in den Tropen ist, kann vermutet werden, dass ein Aufflackern von Malariaepidemien in Deutschland unwahrscheinlich ist, so lange der hohe medizinische und hygienische Standard gehalten wird.

Das Risiko von autochthonen Malariafällen erhöht sich jedoch mit ansteigenden Temperaturen. In Deutschland vergrößert sich das Problem vor allem durch die geänderten landwirtschaftlichen Praktiken. In der Vergangenheit waren Jauchegruben wegen der hohen organischen Belastung keine geeigneten Brutstätten für *Anopheles plumbeus*. Mit der Stilllegung der Viehzucht und der Jauchegruben sowie der Nutzung von Zisternen zum Sammeln von Regenwasser entstanden Brutgewässer für die Massenvermehrung von *An. plumbeus*, die der Qualität der ursprünglichen Brutgewässer, nämlich Baumhöhlen, ähnlich sind. *Anopheles plumbeus* muss als zunehmender Risikofaktor für die Übertragung von Malaria gesehen werden, zumal diese Art ein geeigneter Vektor für *Plasmodium falciparum* und *P. vivax* ist und häufig im Siedlungsbereich vorkommt.

Zusätzlich zum Angebot von Wasserkörpern als Brutgewässer spielt die Temperatur eine entscheidende Rolle für die Entwicklung von Stechmücken. Die Temperatur ist vor allem entscheidend für die Abfolge von Stechmückengenerationen und deren Populationsgrößen. Hohe Temperaturen beschleunigen nicht nur die Entwicklung der Stechmücken in ihren Brutgewässern, sondern auch weitere Entwicklungs- bzw. Lebensphasen, wie die Abfolge von Blutmahlzeiten, sowie die Dauer der gonotrophischen Zyklen (Dauer von einer Blutmahlzeit bis zur Ablage der Eier) sowie die Lebensdauer der Stechmücken. Eine Reduktion der Länge des gonotrophischen Zyklus erhöht die Frequenz der Blutmahlzeiten und damit die Wahrscheinlichkeit der Übertragung von Krankheitserregern.

Im Rahmen der Zusammenarbeit zwischen dem Bernhard-Nocht-Institut, dem Senckenberg Museum und der KABS wurde ein umfassendes Monitoring-Programm in Deutschland initiiert, um das Vorkommen von Arboviren und anderen Pathogen/Parasiten für eine akkurate Risikoanalyse zu erfassen sowie eine adäquate Reaktion auf unterschiedliche Risikoszenarien zu entwickeln. Im Rahmen der bisherigen Zusammenarbeit wurden bereits vier Viren unter anderen das Sindbis Virus nachgewiesen (siehe Abstrakt von Dr. Smidt-Chanasit).

In Deutschland reduzieren die Stechmücken in vielen Gegenden die Lebensqualität der Menschen erheblich, weshalb sie in einigen Arealen Deutschlands, wie z.B. im Oberrheingebiet durch die KABS bekämpft werden. Seit mehr als drei Dekaden werden Produkte auf der Basis von *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti) und *B. sphaericus* (B. sp.) erfolgreich als biologische Bekämpfungsmittel gegen Stechmücken in Deutschland eingesetzt. Mehr als 1.000 km² an Brutgewässern wurden mit Bti behandelt, wodurch über 90% der lästigen Stechmückenpopulationen abgetötet wurden, ohne dabei die Umwelt zu schädigen.

Das deutsche Arbovirus- und Stechmücken-Monitoring Program, 2009 – 2010

Hanna Jöst¹, Norbert Becker¹, Stephan Günther² & Jonas Schmidt-Chanasit², ¹Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Stechmückenplage (KABS), ²Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg

Das Arbovirus- und Stechmücken-Monitoring Programm überwacht seit dem Jahr 2009 Stechmücken und die von ihnen übertragenen Arboviren in Deutschland. Rund 90.000 Stechmücken wurden gefangen und auf die Anwesenheit von Arboviren getestet. Im Jahr 2009 wurden das Sindbisvirus (SINV) und das Bataivirus aus deutschen Stechmücken zum ersten Mal isoliert. Die höchste SINV-

Infektionsrate (4.9) in den Stechmücken wurde Anfang Juli 2009 gemessen. Phylogenetische Analysen der deutschen SINV Stämme zeigen eine klare Verwandtschaft mit schwedischen SINV Stämmen auf, die die Ockelbo Krankheit beim Menschen hervorrufen. Im Jahr 2010 konnte hingegen nur das Usutuvirus (USUV) zum ersten Mal in deutschen Stechmücken nachgewiesen werden.

Einfluss des Klimawandels auf Orbivirus-Infektionen

Franz Josef Conraths, Jörn Martin Gethmann, Bernd Hoffmann, Martin Beer, Matthias Kramer, Christoph Staubach, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Wusterhausen und Greifswald – Insel Riems

Zu den wichtigsten Orbiviren zählen die Erreger der Blauzungenkrankheit und der Afrikanischen Pferdepest. Für die Blauzungenkrankheit sind alle Wiederkäuer, unter anderem also Rinder, Schafe, Ziegen, Hirsche, Rehe und andere Wildwiederkäuer, sowie Cameliden (Kamele, Lamas, Alpacas, Guanaco und Vicuña) empfänglich. Man geht davon aus, dass Rinder das Hauptreservoir des Virus bei Säugetieren darstellen, obwohl Schafe mit einer Letalität von bis zu 100% in manchen Herden klinisch am stärksten betroffen sind. Bislang wurden 24 Serotypen des Virus der Blauzungenkrankheit (BTV) beschrieben. Der Hauptvektor von BTV in Afrika ist *Culicoides imicola*, eine Gnitzenart, die sich in den letzten Jahren ausgehend von Nordafrika über weite Teile des Mittelmeerbeckens ausgebreitet hat.

Der Klimawandel könnte die Verbreitung von *C. imicola* in dieser Region begünstigt haben. Im Jahre 2006 brach die Blauzungenkrankheit (Serotyp 8) jedoch zeitgleich in Belgien, den Niederlanden und Deutschland aus, ohne dass dort *C. imicola* vorkommt. Epidemiologische Analysen ergaben, dass andere paläarktisch verbreitete hämatophage Gnitzen, insbesondere *C. obsoletus* sensu stricto, als Vektoren der Blauzungenkrankheit in Deutschland fungierten. Derzeit wird untersucht, ob weitere Gnitzen des *C. obsoletus*-Komplexes eine wesentliche Rolle bei der Übertragung der Blauzungenkrankheit in Mitteleuropa spielen. Der ungewöhnlich warme Sommer im Jahre 2006 könnte zur Verbreitung von BTV nach der Einschleppung des Virus beigetragen haben. Im Jahre 2007 gab es dagegen keine Anhaltspunkte dafür, dass die Temperatur Einfluss auf die Ausbreitung der Blauzungenkrankheit hatte. Die Befunde weisen darauf hin, dass erhöhte Temperaturen nach der initialen Einschleppung eines Orbivirus eine Epidemie begünstigen und zu einer längere Zeit andauernden, möglicherweise sogar zur irreversiblen Etablierung einer entsprechenden Tierseuche führen können.

3. Was ist zu tun?

Forschungsbedarf, Innovationen, Öffentlichkeitsarbeit



Ökologisch-epidemiologische Modellierung zur Risikoabschätzung der Krankheitsausbreitung in Wildtierbeständen

Stephanie Kramer-Schadt ¹, Martin Lange ², Hans-Hermann Thulke ^{2, 1} Leibniz Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW), Berlin, ²Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ), Leipzig

Um das Ausbreitungsrisiko von Krankheiten in Wildtierbeständen bekämpfen zu können, muss man erst die raum-zeitliche Dynamik des komplexen Wirt-Pathogen-Systems verstehen, was eine interdisziplinäre Zusammenarbeit von Virologen, Ökologen, Mathematikern und Geographen fordert. Die ‚Eco-Epi‘ Gruppe um Hans-Hermann Thulke (<http://www.ufz.de/index.php?en=14377>) entwirft dazu prozess-orientierte, räumlich-explizite individuenbasierte Modelle, deren Prinzip kurz anhand der Klassischen Schweinepest in Wildschweinebeständen erläutert wird (Kramer-Schadt et al. 2009).

In individuenbasierten Modellen kann die Lebensgeschichte einzelner Individuen berücksichtigt werden (Geburts- und Sterbeprozesse, Dichteregulation auf der Ebene sozialer Gruppen sowie die zeitliche Verteilung der Reproduktion innerhalb eines Jahres), ebenso die verschiedenen Krankheitsverläufe (von transient über chronisch bis hin zu akut) in den verschiedenen Altersklassen. In einem realen Landschaftskontext (Übersetzung von Landschaftstypen in ein räumlich-explizites Habitatmodell; Fernandez et al. 2006) können somit Virus-Epidemiologie und Wirt-Ökologie dynamisch gekoppelt werden. In einem management-orientierten Ansatz können solche Modelle dann zur Risikoabschätzung benutzt werden (Alban et al. 2005).

Kramer-Schadt S, Fernandez N, Eisinger D, Grimm V, Thulke HH (2009). Individual variation in infectiousness explains long-term disease persistence in wildlife populations. *OIKOS* 118: 199-208

Fernandez N, Kramer-Schadt S, Thulke HH (2006). Viability and risk assessment in species restoration. Planning reintroductions for the wild boar, a potential disease reservoir. *Ecology & Society* 11 (1): 6

Alban, L., Andersen, M.M., Asferg, T., Boklund, A., Fernandez, N., Greiner, M., Kramer-Schadt, S., Stockmarr, A., Thulke, H.-H., Uttenthal, Å., Ydesen, B (2005). Risk assessment for reintroduction of wild boar (*Sus scrofa*) to Denmark. *Proceedings of the Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine*: 79-90.

Graphentheoretische Untersuchung komplexer Systeme

Norbert Marwan, Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung

Komplexe Systeme können aus verschiedenen Teilsystemen aufgebaut sein, die untereinander interagieren. Mit Hilfe graphentheoretischer Untersuchungen können solche komplexen Netzwerke statistisch untersucht werden. Der Vortrag gibt einen Überblick über die Analyse komplexer Netzwerke

und die Möglichkeiten, damit komplexe raumzeitliche Zusammenhänge, z. B. im globalen Klima zu untersuchen und besser zu verstehen. Es wird außerdem die Idee vorgestellt, mit Hilfe von komplexen Netzwerken Krankheitsausbreitung zu untersuchen und zu modellieren.

Longitudinalstudie zu Nagetier-übertragenen Zoonoseerregern in Deutschland

Rainer G. Ulrich, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger, Greifswald – Insel Riems

Seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes sind in Deutschland insgesamt 5.467 humane Hantavirus-Fälle gemeldet worden (Robert Koch-Institut: SurvStat, <http://www3.rki.de/SurvStat>, Datenstand: 2.3. 2011). Die Mehrzahl der gemeldeten Infektionen geht dabei auf Infektionen mit dem Puumalavirus zurück, das von der Rötelmaus übertragen wird. Die am meisten betroffenen Bundesländer waren Baden-Württemberg, Bayern, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen. Zwischen den Jahren 2001-2010 gab es deutschlandweit deutliche Unterschiede in der Zahl gemeldeter Fälle. Dabei fielen insbesondere bei einer durchschnittlich gemeldeten Zahl von 100-250 Fällen die Jahre 2007 und 2010 mit 1.688 bzw. 2.015 Fällen auf.

Die Oszillation der Zahl der gemeldeten Fälle könnte mit Veränderungen in den Rötelmaus-Populationen zusammenhängen. Um den Zusammenhängen zwischen klimatischen und Habitatfaktoren, der Populationsdynamik der Rötelmaus und deren Puumalavirus-Prävalenz und der Häufigkeit humaner Infektionen nachzugehen, wurden im Jahr 2010 in ausgewählten Regionen Deutschlands Longitudinalstudien begonnen. Die Auswahl der Regionen in Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Thüringen und Mecklenburg-Vorpommern erfolgte anhand klimatischer Besonderheiten und des Vorkommens von Hantaviren in den entsprechenden Reservoirnagetieren.

Klimawandel und Vektoren: Forschungsprojekte und Aktivitäten des Umweltbundesamtes

Erik Schmolz, Umweltbundesamt Berlin

Das Umweltbundesamt (UBA) ist die zuständige Bundesoberbehörde für Fragen des Klimawandels mit zwei Hauptaufgabenbereichen: dem Klimaschutz und der Anpassung an den Klimawandel. Im Bereich Klimaschutz ist die deutsche Emissionshandelsstelle im UBA angesiedelt. Weitere Aufgaben sind Aufklärung und Information und die Förderung von Maßnahmen zu Emissionsminderungen. Im Bereich Anpassungen an den Klimawandel ist das Kompetenzzentrum Klimafolgen und Anpassung (KomPass) tätig. KomPass unterhält die Informationsplattform <http://www.anpassung.net>, auf der eine Übersicht der aktuellen Forschungsprogramme zu Anpassungsaktivitäten in Deutschland zu finden ist.

Das UBA ist im Bereich Gesundheit für die Wirksamkeitsprüfung von Schädlingsbekämpfungsmitteln nach § 18 Infektionsschutzgesetz zuständig. Daher werden, um neue Gefährdungen und den Bedarf an wirksamen Gegenmaßnahmen / Schädlingsbekämpfungsmitteln rechtzeitig zu erkennen, Forschungsaufträge im Bereich Klimawandel und Vektorenübertragene / Nagetierassoziierte Krankheiten vergeben. Momentan (Stand Juni 2011) sind folgende Projekte im Rahmen des Umweltforschungsplans (UFOPLAN) des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) vergeben worden oder werden noch vergeben:

- Auswirkungen des Klimawandels auf die Verbreitung krankheitsübertragender Tiere (zunächst Schildzecken) (1. Projekt: FKZ 3708 49 400, 2. Projekt (Folgeprojekt) 3711 48 402): Projektziel der beiden Vorhaben ist die Erfassung der Verbreitungsmuster und Aktivitäten von Schildzecken in verschiedenen Regionen Deutschlands. Durch die Aufnahme der entsprechenden Klimadaten sollen potentielle Korrelationen zwischen Auftreten bzw. Aktivität der Zecken und den klimatischen Bedingungen ermittelt werden.
- Biologische Bekämpfung von Krankheitserreger übertragenden Zecken im Freiland (FKZ 3709 61 423): Projektziel ist die Weiterentwicklung bis zur Praxisreife bereits bekannter Methoden für die biologische Bekämpfung von *Ixodes ricinus*.
- Mögliche Auswirkungen des Klimawandels auf die Verbreitung Hantaviren-übertragender Nagetiere (FKZ 3709 41 401): Projektziel sind die Beschreibung und Vorhersage von Veränderungen von Verbreitung und Populationszyklen von Hantavirus-übertragenden Nagern (Rötelmäuse).
- Klimawandel und Verbreitung Krankheitsübertragender Tiere (Mücken): Untersuchung der Importwege invasiver Mücken sowie deren Etablierung in Deutschland (FKZ 3711 48 404). Ziel ist die Darstellung der aktuellen Situation sowie die Prognose zukünftiger Verbreitungsmuster von krankheitsübertragenden Mücken.

Zoonosen: Kommunikation, Forschung und Vernetzung am Beispiel BfR und EFSA

Christine Müller-Graf, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) (www.bfr.bund.de) hat als Arbeitsfelder unter anderem die Sicherheit von Lebensmitteln, Risikokommunikation und Zoonoseforschung. Für die Zoonoseüberwachung und das Monitoring entwirft das BfR Stichprobenpläne und koordiniert den deutschen Teil von EU-Zoonose-Monitoringprogrammen. Diagnostik und Feindifferenzierung von bakteriellen, viralen und parasitären Zoonoseerregern mittels phänotypischer, serologischer und molekularbiologischer Methoden werden am BfR durchgeführt und neue Methoden entwickelt, sowie Erreger-Wirt-Interaktionen untersucht. Die Zoonoseforschung wird unterstützt durch Vernetzung mit nationalen und internationalen Institutionen (z.B. über die Zoonosenplattform des BMBF und EFSA sowie Med-VetNet).

Die Kommunikation zu diesen Themen findet nicht nur durch wissenschaftliche Publikationen sondern auch durch Stellungnahmen im Internet und Verbrauchertipps zu lebensmittelbedingten Infektionen statt. Zoonosen und Klimawandel werden implizit beim Zoonosemonitoring untersucht oder durch Projekte wie Studien zu Vibrio-Infektionen durch Lebensmittel und Meerwasser in Zeiten des Klimawandels. Das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) präsentiert eine Internetseite zum Thema Klimawandel und Klimaschutz (www.klimawandel-und-klimaschutz.de). Auf europäischer Ebene trägt die EFSA (www.efsa.europa.eu) Informationen zu Zoonosen zusammen wie auch die Veröffentlichung des *Community Summary Reports über Trends and Sources of Zoonoses* und erstellt wissenschaftliche Stellungnahmen zu Zoonosefragestellungen und *emerging risks*, falls relevant auch im Zusammenhang mit Klimawandel.

4. Autoren- und Teilnehmerverzeichnis



Dr. Brigitte Bannert

Institut für Molekulare Parasitologie, Humboldt-Universität zu Berlin, Philippstr. 13, 10115 Berlin,
brigitte.bannert@hu-berlin.de

PD Dr. Norbert Becker

KABS, Universität Heidelberg, Ludwigstr. 99, 67165 Waldsee,
Norbert.Becker@kabs-gfs.de

Christina Brandt

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 67, 14163 Berlin,
brandt.christina@vetmed.fu-berlin.de

PD Dr. Peter-Henning Clausen

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 67, 14163 Berlin,
clausen.ph@vetmed.fu-berlin.de

PD Dr. Franz Josef Conraths

Institut für Epidemiologie, Friedrich-Loeffler-Institut, Seestr. 55, 16868 Wusterhausen,
franz.conraths@fli.bund.de

Prof. Dr. Janina Demeler

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 67, 14163 Berlin,
demeler.janina@vetmed.fu-berlin.de

Prof. Dr. Friedrich-Wilhelm Gerstengarbe

Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung (PIK), PF 601203, 14412 Potsdam, gerstengarbe@pik-potsdam.de

Prof. Dr. Alex Greenwood

Leibniz Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW), A.-Kowalke-Str. 17, 10315 Berlin,
greenwood@izw-berlin.de

Prof. Dr. Theodor Hiepe

Institut für Molekulare Parasitologie, Humboldt-Universität zu Berlin, Philippstr. 13, 10115 Berlin,
theodor.hiepe@hu-berlin.de

Dr. Jansen-Rosseck

Bezirksamt Treptow-Köpenick, Süd-Ost Allee 132, 12487 Berlin, rolf.jansen-rosseck@ba-tk.berlin.de

Prof. Dr. Peter Kimmig

Institut für Zoologie/Parasitologie, Universität Hohenheim, Emil-Wolff-Str. 34, 70599 Stuttgart,
peter.kimmig@uni-hohenheim.de

Prof. Dr. Sven Klimpel

Biodiversität und Klima Forschungszentrum, Senckenberganlage 25, 60325 Frankfurt am Main,
sven.klimpel@senckenberg.de

Dr. Stefan Klose

Institut für Experimentelle Ökologie, Universität Ulm, Albert-Einstein-Allee 11, 89069 Ulm,
stefan.klose@uni-ulm.de

Mareen Kohn

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 67, 14163 Berlin,
kohn.mareen@vetmed.fu-berlin.de

Dr. Stephanie Kramer-Schadt

Leibniz Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW), A.-Kowalke-Str. 17, 10315 Berlin,
kramer@izw-berlin.de

PD Dr. Jürgen Krücken

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 67, 14163 Berlin, kruecken.juergen@vetmed.fu-berlin.de

PD Dr. Andreas Krüger

Bundeswehr am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Bernhard-Nocht-Str. 74, 20359 Hamburg,
krueger@bni-hamburg.de

Dr. Carola Kuhn

Umweltbundesamt, Corrensplatz 1, 14195 Berlin,
Carola.Kuhn@uba.de

Denny Maaz

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 67, 14163 Berlin

Dr. Norbert Marwan

Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung (PIK), 14412 Potsdam,
marwan@pik-potsdam.de

Prof. Dr. Jürgen May

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Bernhard-Nocht-Str. 74, 20359 Hamburg,
may@bni-hamburg.de

Prof. Dr. Dieter Mehlitz

Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin, Königsweg 65, 14163 Berlin,
d.mehlitz@gmx.de

Prof. Dr. Norbert Mencke

Bayer Animal Health, Kaiser-Wilhelm-Allee 50, 51373 Leverkusen,
norbert.mencke@bayer.com

PD Dr. Christine Müller-Graf

Bundesinstitut für Risikobewertung, Thielallee 88-92, 14052 Berlin,
Christine.Mueller-Graf@bfr.bund.de

Dr. Torsten Naucke

Parasitus Ex e.V., Vollbergstr. 37, 53859 Niederkassel, Institut für Zoologie/Parasitologie, Universität Hohenheim, Emil-Wolff-Str. 34, 70599 Stuttgart,
TJNaucke@aol.com

Dr. Stefan Pachnicke

Bayer Vital, Kaiser-Wilhelm-Allee, Geb. K56, 51368 Leverkusen,
Stefan.Pachnicke@Bayer.com

Dr. Axel Paulsch

Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Permoserstraße 15, 04318 Leipzig,
axel.paulsch@ufz.de

Dr. Matthias Premke-Kraus

Leibniz-Verbund Biodiversität (LVB), Schützenstr. 6a, 10117 Berlin,
premke@leibniz-gemeinschaft.de

Dr. Jean-François Renault

Forschungszentrum Jülich GmbH, Projektträger Jülich – Umwelt, Zimmerstraße 26-27, 10969 Berlin,
j.f.renault@fz-juelich.de

Prof. Dr. Günter Schaub

AG Zoologie/Parasitologie, Ruhr-Universität Bochum, Universitätsstr. 150, 44801 Bochum,
guenter.schaub@rub.de

PD Dr. Dr. Jonas Schmidt-Chanasit

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Bernhard-Nocht-Str. 74, 20359 Hamburg,
jonassi@gmx.de

PD Dr. Erik Schmolz

Umweltbundesamt, Corrensplatz 1, 14195 Berlin, FG IV 1.4 – Gesundheitsschädlinge und ihre Bekämpfung, erik.schmolz@uba.de

Dr. Clara Stefen

Senckenberg Naturhistorische Sammlungen Dresden, Museum für Tierkunde, Mammalogie, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden,
Clara.Stefen@senckenberg.de

Prof. Dr. Bernd Sures

Universität Duisburg-Essen, Angewandte Zoologie/Hydrobiologie, 45117 Essen,
bernd.sures@uni-due.de

Stephanie Thomas

Universität Bayreuth, Lehrstuhl Biogeografie, Universitätsstr. 30, Bayreuth,
stephanie.thomas@uni-bayreuth.de

PD Dr. Rainer G. Ulrich

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger, Südufer 10, 17493
Greifswald - Insel Riems,
rainer.ulrich@fli.bund.de

Dr. Petra van Rūth

Umweltbundesamt, Kompetenzzentrum Klimafolgen u. Anpassung, Wörlitzer Platz 1, 06844 Dessau,
Petra.vanRueth@uba.de

Dr. Katrin Vohland

Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland, Museum für Naturkunde, Invalidenstr. 43,
10115 Berlin, katrin.vohland@mfn-berlin.de

Andreas Weck-Heimann

Senckenberg Naturhistorische Sammlungen Dresden, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden,
Andreas.Weck-Heimann@senckenberg.de

Dr. Doreen Werner

Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF), Eberswalder Str. 74, 15374 Müncheberg,
Doreen.Werner@zalf.de

Netzwerk-Forum zur Biodiversitätsforschung Deutschland ist ein Projekt im Rahmen von DIVERSITAS-Deutschland e.V. (www.diversitas-deutschland.de), gefördert durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung. Das Projekt wird maßgeblich durchgeführt durch das Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ in Leipzig, das Museum für Naturkunde Berlin und die Universität Potsdam sowie die Mitglieder des DIVERSITAS-Deutschland Beirates.

Weitere Informationen und Hinweise zum NeFo-Projekt und Team unter www.biodiversity.de.