



UNIVERSITÄT
HOHENHEIM

Fachgebiet Parasitologie



6. Süddeutscher Zeckenkongress

28. - 30. März 2022

Tagungsband

14.00 - 14.15 Begrüßung

Prof. Dr. Ute Mackenstedt

Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim

14.15 - 14.35 Zecken aus burmesischem Bernstein der mittleren Kreidezeit

L. Chitimia-Dobler¹, B.J. Mans², S. Handschuh³, J.A. Dunlop⁴

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland; ² Onderstepoort Tiermedizinische Fakultät, Abt. für Epidemiologie, Parasiten und Vektoren, Onderstepoort, Südafrika, Universität Pretoria, Abt. für Veterinärmedizinische Tropenmedizin, Pretoria, Südafrika; Universität Pretoria, Abt. für Lebenswissenschaften, Pretoria, Südafrika; ³ Veterinärmedizinische Universität Core Facility für Forschung, Wien, Österreich; ⁴ Museum für Naturkunde, Leibniz Institut für Evolution und Biodiversität, Berlin, Deutschland

I. Frühsommer-Meningoenzephalitis

Vorsitz: Prof. Dr. Martin Pfeffer

14.40 - 15.00 FSME in Deutschland – eine europäische Perspektive

G. Dobler

Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

15.00 - 15.15 Tick-Borne Encephalitis Risk Increases with Gardening, Dog Ownership and Gardens near Forests: A Case-Control Study in Southern Germany 2018–2020

T.M. Nygren¹, A. Pilic¹, M.M. Böhmer^{2,3}, C. Wagner-Wiening⁴, O. Wichmann¹, T. Harder¹, W. Hellenbrand¹

¹ Immunization Unit, Robert Koch Institute, Berlin; ² Bavarian Health and Food Safety Authority (LGL), München; ³ Institute of Social Medicine and Health Systems Research, Otto-von-Guericke-University Magdeburg; ⁴ State Health Office Baden-Wuerttemberg (LGA), Stuttgart

15.15 - 15.30 Wild- und Haustiere als Sentinels für das Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus in Niedersachsen

A.-K. Topp¹, A. Springer¹, R. Mischke², J. Rieder², K. Feige³, M. Ganter⁴, U. Nagel-Kohl⁵, M. Nordhoff⁶, M. Boelke¹, S. Becker¹, S. Pachnicke⁷, B. Schunack⁸, G. Dobler⁹, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ² Klinik für Kleintiere, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ³ Klinik für Pferde, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ⁴ Klinik für kleine Klauentiere und forensische Medizin und Ambulatorische Klinik, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ⁵ Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Lebensmittel- und Veterinärinstitut Braunschweig/Hannover; ⁶ Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Lebensmittel- und Veterinärinstitut Oldenburg; ⁷ Elanco Deutschland GmbH, ⁸ Elanco Animal Health; ⁹ Nationales Konsiliarlabor für Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME), Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

15.45 - 16.00 Nachweis von FSME Viren in *Dermacentor reticulatus* in Halle an der Saale, Sachsen-Anhalt

A. Lindau¹, I. Waiblinger¹, K. Facht¹, C. Strube², A. Springer², L. Chitimia-Dobler³, G. Dobler^{1,3}, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart; ² Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Hannover; ³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

16.00 - 16.40 Kaffeepause

II. Posterpräsentationen

Vorsitz: Prof. Dr. Christina Strube

16.40 - 16.45 ZAG - Zecken abwehrendes Grün in Zürich und der Walnussbaum

A. Heinrich¹, A. de Roos¹, **W. Tischhauser**^{2,3}, G. Müller³, D. Hügli⁴

¹ ZHAW, FG Pflanzenverwendung; ² ZHAW FG Phytomedizin; ³ Stadt Zürich UGZ Schädlingsprävention; ⁴ Stadt Zürich, Grün Stadt Zürich

16.50 - 16.55 *Ixodes ricinus* / *inopinatus*-Dichten in Norddeutschland: Ergebnisse des Jahres 2021

O. Kahl¹, A. Springer², I. Bulling¹, M. Komorek¹, C. Strube²

¹ tick-radar GmbH; ² Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Hannover

17.00 - 17.05 Vorhersage der FSME-Inzidenzen der deutschen Bundesländer

S. Hösch¹, F. Rubel¹

¹ Vetmeduni Wien

17.10 - 17.15 Hunting for TBE: a new focus in Brandenburg – a case study

N. Król¹, L. Chitimia-Dobler², G. Dobler², T. Juretzek³, M. Pfeffer¹

¹ University of Leipzig; ² Bundeswehr Institute of Microbiology; ³ Carl-Thiem-Klinikum Cottbus

17.20 - 17.25 A recombinant modified vaccinia virus Ankara-based vaccine expressing the non-structural protein 1 of tick-borne encephalitis virus induces a specific T cell response in mice

M. Kubinski¹, J. Beicht¹, T. Gerlach¹, A. Volz², A. Osterhaus¹, G. Sutter³, G. Rimmelzwaan¹

¹ Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, University of Veterinary Medicine Hannover; ² Institute of Virology, University of Veterinary Medicine Hannover; ³ Institute for Infectious Diseases and Zoonoses, Ludwig-Maximilians-University Munich

17.30 - 17.35 Artificielle Infektion von *Ixodes ricinus* Larven und Nymphen mit FSME-Viren durch Immersion

A. Lindau¹, M. Drehmann², K. Facht¹, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart; ² Naturschutzzentrum Schopflocher Alb

17.35 - 17.45 Fragen an die Vortragenden

III. Nachwuchswissenschaftler:innen in der Zeckenforschung

Vorsitz: Prof. Dr. G. Dobler / Dr. O. Kahl

9.15 - 9.30 Geo-Spatial Characteristics of 567 Places of Tick-Borne Encephalitis Infection in Southern Germany, 2018-2020

A.M. Friedsam¹, O.J. Brady², A. Pilic¹, G. Dobler³, W. Hellenbrand¹, T.M. Nygren¹

¹ Robert Koch Institut, Berlin, Germany; ² Centre of Mathematical Modelling for Infectious Diseases, London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, United Kingdom; ³ Department of Microbiology of the German Armed Forces, Munich, Germany

9.30 - 9.45 Ticks parasitizing wildlife and surveillance of potential tick-borne pathogens in different bush meat market in Cameroon, Central Africa

A. Pagueu¹, K. Manchang², P. Kamtsap¹, A. Renz¹, G. Dobler³, D.K. Bakkes⁴, L. Chitimia-Dobler³

¹ Institute of Evolution and Ecology, University of Tübingen, 72076 Tübingen, Germany; ² Faculty of Agriculture and Veterinary Medicine, University of Buea, Buea, Cameroon; ³ Bundeswehr Institute of Microbiology, Neuherbergstrasse 11, D-80937 Munich, Germany; ⁴ Gertrud Theiler Tick Museum, Agricultural Research Council - Onderstepoort Veterinary Research, Pretoria, South Africa

9.45 - 10.00 Vom Patienten zum Naturherd – Identifikation zweier FSME-Naturherde in Baden-Württemberg

F. Greiner¹, A. Lindau¹, K. Facht¹, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

10.15 - 10.30 Evaluation of Influenza A Virus-based Vaccine Candidates Expressing Tick-borne Encephalitis Virus NS1 (TBEV NS1)

J. Beicht¹, M. Kubinski¹, J. Biermann¹, P.C. Kandiyil¹, T. Gerlach¹, A.D.M.E. Osterhaus¹, G.F. Rimmelzwaan¹

¹ Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ), University of Veterinary Medicine Hannover, Foundation (TiHo), Buenteweg 17, 30559 Hannover, Germany

10.30 - 10.45 FSME-Antikörper-Seroprävalenz im Ortenaukreis

K. Euringer¹, P. Girtl², J. Peilstöcker³, M. Schmidt³, M. Müller-Steinhardt³, G. Dobler², J.P. Borde¹

¹ Abteilung für Infektionsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg; ² Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ³ DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg/Hessen

10.45 - 11.00 Fragen an die Vortragenden

11.00 - 11.40 Kaffeepause

IV. Postersession

Ab 11.40 Diskussion der Poster

Anschließend Mittagspause in der Mensa

V. Verbreitung und Vorkommen von Zecken

Vorsitz: Prof. Dr. U. Mackenstedt

13.30 - 13.45 Nachweise von Zecken (Acari: Argasidae, Ixodidae) in und um Berlin

O. Kahl¹, H. Dautel², A.M. Nijhof³, F. Rubel⁴

¹ tick-radar GmbH; ² Insect Services GmbH; ³ Freie Universität Berlin; ⁴ VetMedUni Wien

13.45 - 14.00 Zecken in Höhlen- und Quellbereich-Habitaten in Deutschland

S. Zaenker¹, S. Schaper², M. Bröker, **L. Chitimia-Dobler**²

¹ Landesverband für Höhlen- und Karstforschung Hessen; ² Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

14.00 - 14.15 Untersuchungen zur Zeckenexposition von Hunden und Katzen anhand einer einjährigen Einsendungsstudie in Deutschland und Österreich

J. Probst¹, A. Springer¹, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

14.15 - 14.30 Abundanz von Zecken im Stadtgebiet Hannover über einen Fünf-Jahres-Zeitraum (2017-2021)

A.-K. Topp¹, A. Glass¹, D. Hauck¹, A. Springer¹, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

14.30 - 15.10 Kaffeepause

VI. Verbreitung und Nachweis von Pathogenen

Vorsitz: Dr. R. Oehme

15.10 - 15.25 Tickplex: Unravelling Some of the Complexities of Laboratory Testing in Lyme disease and other infections

A. Schwarzbach

ArminLab GmbH

15.25 - 15.40 Alternde Zecken: Zusammenhang von physiologischem Zeckenalter und *Borrelia*-Infektionen bei wirtssuchenden *Ixodes ricinus*-Nymphen

A. Springer¹, D. Jordan¹, A. Glass¹, O. Kahl², V. Fingerle³, P. Girtl⁴, L. Chitimia-Dobler⁴, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ² tick-radar GmbH, Berlin; ³ Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim; ⁴ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

15.40 - 15.55 *Borrelia burgdorferi*-spezifische Antikörper: Bestimmung von Seroprävalenz, Serokonversion und Seroreversion anhand zweier bevölkerungsbasierter Studien bei Kindern und Jugendlichen in Deutschland (KiGGS), 2003-2006 und 2014-2017

S. Böhm¹, T. Woudenberg², K. Stark³, M.M. Böhmer⁴, K. Katz¹, R. Kuhnert⁵, M. Schlaud⁵, V. Fingerle⁶, H. Wilking³

¹ Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Medizinischen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München; ² Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Infectious Disease Epidemiology and Analytics Unit, Department of Global Health, Institut Pasteur, Paris, Frankreich; ³ Abteilung Infektionsepidemiologie, Robert Koch-Institut; ⁴ Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Institut für Sozialmedizin und Gesundheitssystemforschung (ISM), Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg; ⁵ Abteilung für Epidemiologie und Gesundheitsmonitoring, Robert Koch-Institut; ⁶ Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL)

15.55 - 16.10 Nachweis Vektor-übertragener Erreger in Blutproben Europäischer Braunbrustigel (*Erinaceus europaeus*)

K. Schütte^{1,2}, A. Springer¹, F. Brandes², H. Sprong³, M. Reuschel⁴, M. Fehr⁴, G. Dobler^{5,6}, **C. Strube**¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ² Wildtier- und Artenschutzstation Sachsenhagen; ³ Laboratory for Zoonoses and Environmental Microbiology, Centre for Infectious Disease Control, National Institute of Public Health and Environment, Niederlande; ⁴ Klinik für Heimtiere, Reptilien und Vögel, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ⁵ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim; ⁶ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Im Anschluss: Besuch des zoologischen und tiermedizinischen Museums der Universität Hohenheim im Schloss und/oder Gang durch den exotischen Garten von Schloss Hohenheim

ab 18.00 Sektumtrunk

danach Gemeinsames Abendessen mit Preisverleihung für die besten Erstlingsvorträge und die besten Poster

Vorsitz: Dr. O. Kahl

9.30 - 9.45 *Hyalomma* in Deutschland – 3 Jahre Citizen Science

A. Lindau¹, M. Drehmann², A. Springer³, L. Chitimia-Dobler^{1,4}, K. Facht¹, C. Strube³, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart; ² Naturschutzzentrum Schopflocher Alb; ³ Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Hannover; ⁴ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

9.45 - 10.00 Nach Deutschland importierte Zecken durch Menschen

L. Chitimia-Dobler¹, M. Bröker², S. Schaper¹, B. Mans³, S. Nava⁴

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland; ² Pappelweg 30, 35041 Marburg; ³ Onderstepoort Tiermedizinische Fakultät, Abt. für Epidemiologie, Parasiten und Vektoren, Onderstepoort, Südafrika; Universität Pretoria, Abt. für Veterinärmedizinische Tropenmedizin, Pretoria, Südafrika; Universität Pretoria, Abt. für Lebenswissenschaften, Pretoria, Südafrika; ⁴ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, and Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Rafaela, Santa Fe, Argentina

10.00 - 10.15 Aktuelle Daten zur Verbreitung der Gattung *Dermacentor* in Deutschland

A. Springer¹, A. Lindau², J. Probst¹, M. Drehmann², K. Facht², D. Thoma², G. Dobler³, U. Mackenstedt², C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ² Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart; ³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

10.15 - 10.30 Ungebetenes Souvenir – der Hund als Transportmittel für *Rhipicephalus sanguineus* s.l.

K. Facht¹, A. Lindau¹, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

Vorsitz: Prof. Dr. U. Mackenstedt

11.10 - 11.25 Neu auftretende FSME im Landkreis Ravensburg

G. Dobler¹, M. Bestehorn¹, A. Lindau², M. Drehmann², G. Stroppel³, H. Hengge³, U. Mackenstedt², K. Kaier⁴, L. Chitimia-Dobler¹, J. Borde⁵

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ² Abt. Parasitologie, Universität Hohenheim;
³ Gesundheitsamt Landkreis Ravensburg; ⁴ Institut für Medizinische Biometrie und Biostatistik, Universität Freiburg; ⁵ Praxis Prof. Borde & Kollegen, Gesundheitszentrum Oberkirch

11.25 - 11.40 Einfluss von FSME-Viren auf das Verhalten von Zecken? Erste Laborergebnisse

A. Lindau¹, K. Fachet¹, M. Drehmann², U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart;
² Naturschutzzentrum Schopflocher Alb

11.40 - 11.55 Winteraktivität von Zecken – Erkenntnisse aus Feldarbeit, Zeckenplots und tierärztlichen Einsendungen

J. Probst¹, A. Springer¹, H. Williams², O. Kahl³, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ² Research Antiparasitics, MSD Animal Health Innovation GmbH; ³ tick-radar GmbH, Berlin

11.55 - 12.10 Enterische Ganglioneuritis, ein häufiges Merkmal in einem subkutanen FSME-Mausinfektionsmodell

M. Boelke¹, C. Puff², K. Becker², F. Hellhammer¹, F. Gusmag¹, H. Marks², K. Liebig¹, K. Stiasny³, G. Dobler⁴, W. Baumgärtner², C. Schulz¹, S. Becker¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ² Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover;
³ Zentrum für Virologie, Medizinische Universität Wien; ⁴ Nationales Konsiliarlabor für Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME), Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Abschlussdiskussion und Ende der Tagung

Zecken aus burmesischem Bernstein der mittleren Kreidezeit

L. Chitimia-Dobler¹, B.J. Mans², S. Handschuh³, J.A Dunlop⁴

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland

² Onderstepoort Tiermedizinische Fakultät, Abt. für Epidemiologie, Parasiten und Vektoren, Onderstepoort, Südafrika; Universität Pretoria, Abt für Veterinärmedizinische Tropenmedizin, Pretoria, Südafrika; Universität Pretoria, Abt. für Lebenswissenschaften, Pretoria, Südafrika

³ Veterinärmedizinische Universität Core Facility für Forschung, Wien, Österreich

⁴ Museum für Naturkunde, Leibniz Institut für Evolution und Biodiversität, Berlin, Deutschland

Bisher ist die Evolution von Zecken nur unvollständig bekannt. Die meisten Kenntnisse zu den ältesten bekannten Zecken beruhen auf wenigen Exemplaren, die in Bernstein aus Burma entdeckt wurden. Wir berichten über weitere vier Exemplare von Bernsteinzecken in burmesischem Bernstein, die unsere Kenntnisse zur Evolution der Zecken deutlich erweitern. Die vier fossilen Zecken (Arachnida: Parasitiformes: Ixodida) aus burmesischem Bernstein stammen aus der mittleren Kreidezeit (ca. 100 Millionen Jahre) aus Myanmar. *Ixodes antiquorum* sp. nov. (Ixodidae) ist der erste mesozoische Nachweis einer Zecke der Gattung *Ixodes* und der älteste bekannte Vertreter dieser artenreichsten noch existierenden Zeckengattung. Die teilweise vorhandenen inneren anatomischen Strukturen (Synganglion, Muskulatur) scheinen modernen australischen Zecken ähnlich zu sein, was die Hypothese unterstützt, dass burmesischer Bernstein Faunenelemente von Gondwana beherbergt.

Eine noch bemerkenswertere Zecke ist *Khimaira fossus* gen. et sp. nov., die einen Körper ähnlich Lederzecken (Argasidae) mit einem Capitulum ähnlich einer Schildzecke (Ixodidae) aufweist. Damit könnte *Khimairidae* fam. nov. eine mögliche Übergangsform zwischen den beiden heute lebenden Hauptfamilien der Zecken darstellen. Für die ausgestorbenen Zeckenfamilie Deinocrotonidae, konnte erstmals ein erwachsenes Weibchen von *Deinocroton copia* sp. nov. beschrieben werden. Das erste beschriebene erwachsene Weibchen von *Cornupalpatum burmanicum* wurde mit einer Dinosaurierfeder in Verbindung gebracht.

FSME in Deutschland – eine europäische Perspektive**G. Dobler¹**¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Die FSME ist die wichtigste durch Zecken übertragene Virusinfektion in Europa. In Deutschland treten mehr als 85% aller Fälle in den südlich der Mittelgebirgsschwelle gelegenen Bundesländern auf.

Ein Vergleich der FSME-Erkrankungszahlen in den südlichen und nördlichen Verbreitungsgebieten in Deutschland zeigt, dass in den südlich gelegenen hoch endemischen Risikogebieten die Erkrankungsfälle parallel zu den benachbarten Ländern, u.a. Österreich, Schweiz und Tschechien verlaufen, während in den nördlich gelegenen bisher gering endemischen Risikogebieten ein paralleler Verlauf der Erkrankungszahlen mit den östlichen und nördlichen Ländern, u.a. Polen, Lettland, Finnland und Schweden aufweisen. Die Zahlen zeigen, dass in Bayern und Baden-Württemberg jeweils ein Rückgang der Erkrankungszahlen von 2020 zu 2021 um durchschnittlich 40% (u.a. in Baden-Württemberg von 336 auf 147 Fälle, in Bayern von 281 auf 186 Fälle, in Österreich von 250 auf 128 Fälle, in der Schweiz von 454 auf 285 Fälle) zu verzeichnen ist. Im gleichen Zeitraum kam es allerdings zu einem Anstieg der FSME-Fälle in Finnland (91 Fälle vs. 160 Fälle; Lettland 200 vs. 233 Fälle; Schweden 274 vs. 533 Fälle). Auch in den deutschen Bundesländern Sachsen, Sachsen-Anhalt, Hessen, Nordrhein-Westfalen und Brandenburg wurden stabile oder ansteigende Erkrankungsfälle im Zeitraum 2020 zu 2021 an das RKI berichtet.

Entlang der mitteldeutschen Mittelgebirgsschwelle scheint eine bisher nicht genau zu definierende Grenze eines großräumigen südeuropäischen von einem großflächigen nordeuropäischen FSME-Verbreitungsgebiet zu existieren, die beide eine gegensätzliche Dynamik aufweisen. Die Gründe hierfür sind bisher unklar, es scheinen jedoch großflächige biologische Faktoren eine Rolle zu spielen. Diese Kenntnis ist u.a. auch deswegen wichtig, da daher Deutschland in zwei unterschiedliche FSME-Areale unterteilt werden muss, die in ihrer Dynamik und Epidemiologie gesondert betrachtet werden müssen.

Tick-Borne Encephalitis Risk Increases with Gardening, Dog Ownership and Gardens near Forests: A Case-Control Study in Southern Germany 2018–2020

T.M. Nygren¹, A. Pilic¹, M.M. Böhmer^{2,3}, C. Wagner-Wiening⁴, O. Wichmann¹, T. Harder¹, W. Hellenbrand¹

¹ Immunization Unit, Robert Koch Institute, Berlin

² Bavarian Health and Food Safety Authority (LGL), München

³ Institute of Social Medicine and Health Systems Research, Otto-von-Guericke-University Magdeburg

⁴ State Health Office Baden-Wuerttemberg (LGA), Stuttgart

Tick-borne encephalitis (TBE) is a vaccine-preventable disease with 529 annually notified cases in Germany from 2017–2020. About 85% of cases originate from the southern federal states Bavaria and Baden-Wuerttemberg. Despite recent increases in incidence, TBE vaccination coverage remains low in risk areas, necessitating additional preventive strategies.

The primary aims of this case-control study in Bavaria and Baden-Wuerttemberg from 2018–2020 were to map participants' knowledge and application of tick-protective strategies and to identify TBE risk factors.

We interviewed 581 TBE cases and 975 matched population controls. Of cases, 63% were male (controls: 62%) and 97% of both groups lived in TBE risk areas. Most participants recalled ≥ 1 lifetime tick bite, mainly while walking, gardening, or hiking. However, only 45% of cases noticed ticks during the specified illness-related exposure time. A further 12% of cases reported unpasteurised milk intake as a possible source of infection. While tick-protection knowledge was satisfactory, application was insufficient. Risk factors, shown as odds ratios with 95% confidence intervals, included gardening (≥ 4 x/week): 3.47 (2.51–4.81), garden's proximity to forest (< 250 m): 2.54 (1.82–3.56), taking walks (≥ 4 x/week): 1.95 (1.16–3.29), dog ownership: 2.43 (1.84–3.23). Applying ≥ 2 tick-protective strategies was inversely associated with TBE: 0.52 (0.40–0.68), as was keeping lawns mowed: 0.63 (0.43–0.91). Cases notified in 2020 reported significantly more frequent gardening and walks (likely due to the pandemic) than cases from 2018–2019, potentially explaining the record high case numbers in 2020.

Findings provide guidance on targets for TBE prevention strategies. Population groups with gardens near forests, frequent outdoor activities, and dog owners could particularly benefit from targeted information, including tick protective measures and TBE vaccination.

Wild- und Haustiere als Sentinels für das Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus in Niedersachsen

A.-K. Topp¹, A. Springer¹, R. Mischke², J. Rieder², K. Feige³, M. Ganter⁴, U. Nagel-Kohl⁵, M. Nordhoff⁶, M. Boelke¹, S. Becker¹, S. Pachnicke⁷, B. Schunack⁸, G. Dobler⁹, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

² Klinik für Kleintiere, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

³ Klinik für Pferde, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

⁴ Klinik für kleine Klautiere und forensische Medizin und Ambulatorische Klinik, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

⁵ Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Lebensmittel- und Veterinärinstitut Braunschweig/Hannover

⁶ Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Lebensmittel- und Veterinärinstitut Oldenburg

⁷ Elanco Deutschland GmbH

⁸ Elanco Animal Health

⁹ Nationales Konsiliarlabor für Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME), Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) gilt als eine der wichtigsten von Zecken übertragenen Viruserkrankungen. Die Symptome, welche von grippeähnlichen bis hin zu schweren neurologischen Erscheinungen reichen können, treten vorwiegend bei Mensch, Hund und Pferd auf, während Wildtiere und Wiederkäuer in der Regel nicht erkranken, jedoch serokonvertieren. Über den Nachweis von Antikörpern bei Haus- und Wildtieren können somit indirekt Rückschlüsse über die Verbreitung des FSME-Virus gezogen werden. Die meisten FSME-Risikogebiete befinden sich in Süddeutschland, allerdings ist eine Ausbreitung nach Norden zu beobachten. So wurde der niedersächsische Landkreis „Emsland“ im Jahr 2019 zum Risikogebiet erklärt, und einige FSME-Naturherde konnten in Norddeutschland nachgewiesen werden.

Um die Epidemiologie des Virus in Niedersachsen näher zu untersuchen, wurden insgesamt 4226 Serumproben von Wild- und Haustieren gesammelt. Davon stammten 1429 von Wildtieren und 2797 von Haustieren, vorwiegend Hund, Katze, Pferd, Schaf und Ziege. Der Nachweis der FSME-Antikörper erfolgte mittels ELISA und anschließender Bestätigung mittels Serumneutralisationstest. Insgesamt ergab sich eine Seroprävalenz von 1,44 %. Am häufigsten waren Wildtiere seropositiv, nämlich 1,59 % (1/63) der Rothirsche, 2,73 % (33/1210) der Wildschweine und 2,90 % (4/138) der Rehe. Bei den Pferden lag die Seroprävalenz bei 0,66 % (4/602), bei Hunden und bei Schafen bei 0,37 % (1/272). Bei den 345 Katzen und den 72 Ziegen wurden keine Antikörper nachgewiesen.

Ein Großteil der positiven Proben stammte aus Landkreisen, in denen bereits FSME-Naturherde bekannt sind (Emsland, Cuxhaven und Hannover), einige weitere aus Landkreisen, in denen humane FSME-Fälle dokumentiert sind (z.B. Celle), eine Naturherdsuche aber bisher erfolglos war. Somit bestätigt diese Sentinelstudie die Vermutung, dass in Niedersachsen bisher unentdeckte FSME-Naturherde existieren.

Nachweis von FSME Viren in *Dermacentor reticulatus* in Halle an der Saale, Sachsen-Anhalt

A. Lindau¹, I. Waiblinger¹, K. Facht¹, C. Strube², A. Springer², L. Chitimia-Dobler³, G. Dobler^{1,3}, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

² Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Hannover

³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Im Rahmen einer Citizen Science-Studie wurde 2019 eine Zecke eingeschickt, die in einer Wohnung in Halle an der Saale, Sachsen-Anhalt, gefunden worden war, in der auch eine Freigänger-Katze lebt. Die Zecke wurde als männliches Exemplar von *Dermacentor reticulatus* identifiziert und auf Pathogene untersucht.

Aufgrund des Nachweises des FSME-Virus (FSMEV) in der Zecke wurde die nähere Umgebung der Wohnung mittels Fernerkundung und Begehungen untersucht, um einen möglichen FSME-Naturherd zu identifizieren. In der Nähe der Wohnung liegt der Stadtwald, die Dölauer Heide, welcher als Untersuchungsgebiet festgelegt wurde. Das Gebiet wurde in verschiedene Sektoren eingeteilt, deren Größen zwischen 200 m² und 1200 m² lagen. Im März 2021 wurden insgesamt 998 Zecken geflaggt, von denen 577 der Art *Dermacentor reticulatus* zugeordnet werden konnten (222 Männchen, 355 Weibchen). 421 Zecken wurden als *Ixodes ricinus* identifiziert, die 2 Larven, 274 Nymphen und 145 adulte Zecken (62 Männchen, 83 Weibchen) repräsentierten.

Die Zecken wurden mittels RT-qrt-PCR untersucht und neun Zecken wurden FSMEV-positiv getestet. Dies waren drei männliche und fünf weibliche *D. reticulatus*-Exemplare sowie ein *I. ricinus*-Männchen. Aus vier FSMEV-positiven *D. reticulatus*-Zecken wurden die E-Gene amplifiziert, sequenziert und anschließend ein phylogenetischer Stammbaum erstellt. Hier zeigte sich eine enge verwandtschaftliche Beziehung zu Isolaten aus Battaune, dem Raum Hannover und Polen, während Sequenzen aus Nordwestdeutschland ein völlig eigenständiges Cluster bildeten.

ZAG - Zecken abwehrendes Grün in Zürich und der Walnussbaum

A. Heinrich¹, A. de Roos¹, **W. Tischhauser**^{2,3}, G. Müller³, D. Hügli⁴

¹ ZHAW, FG Pflanzenverwendung

² ZHAW FG Phytomedizin

³ Stadt Zürich UGZ Schädlingsprävention

⁴ Stadt Zürich, Grün Stadt Zürich

Im Pilotprojekt «ZAG – Zecken abwehrendes Grün» kommen präventive gartenbauliche Massnahmen zur Anwendung. Der Chäferberg in Zürich ist ein stark frequentierter urbaner Grün Raum und als Zecken-Hotspot ein geeigneter Versuchsstandort für die dreijährige Pilotstudie (2019 bis 2021). Das zeckenfeindliche Unterhaltsmanagement besteht aus diesen Massnahmen: Häufigere Mahd, Wegführen des Schnittguts, breiter Sauberkeitsstreifen und Aufasten von Gehölzen. Mittels Klimaloggern wurden relevante Klimadaten (rel. Luftfeuchtigkeit und Temperatur auf Bodennähe) gesammelt und statistisch ausgewertet.

Am Versuchsstandort konnte eine Abtrocknung der Testfläche durch die frühere Mahd nachgewiesen werden, die Anlage eines 60cm breiten Sauberkeitsstreifens ergab auf der Testfläche keinen signifikanten Unterschied zur Nullvariante. Das Aufasten der Gehölze am Waldrand müsste bei Fortsetzung des Projekts unter Einbezug des Stadtförstes realisiert werden.

Die «ZAG-Methodik» zeigt den direkten Einfluss des Mähregimes mit vorgezogenem Sommerschnitt auf das Zeckenhabitat. Eine fast 4% tiefere Bodenfeuchtigkeit kann lokal entscheidend sein, ob Zecken in Bodennähe verharren oder in der bodennahen Vegetation aktiv auf Wirte auflauern.

Am stärksten ist der Unterschied bei stabilen Schönwetterlagen; dann, wenn sich am meisten Zürcherinnen und Zürcher im Zeckenrevier aktiv sind und sich exponieren.

Das Zecken Monitoring 2019 bis 2021 bestätigt die Resultate der Vorjahre am Waidberg / Chäferberg, wo Werner Tischhauser seit 2014 ein konstantes Zeckenvorkommen nachweist. Während den Sommermonaten war der Einfluss eines Nussbaumes mit tiefhängenden Ästen markant. Auch bei grösster Sommerhitze und vollem Sonnenschein liessen sich dort immer auflauernde Zecken einsammeln. Nach dem Sommersturm im Juli 2021 wurde dieser Nussbaum gefällt. Welchen Einfluss diese Veränderung des Standorts auf die lokale Zeckenaktivität hat, ist Gegenstand des laufenden Monitorings 2022 des UGZ Zürich.

***Ixodes ricinus/inopinatus*-Dichten in Norddeutschland: Ergebnisse des Jahres 2021**

O. Kahl¹, A. Springer², I. Bulling¹, M. Komorek¹, C. Strube²

¹ tick-radar GmbH

² Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Die große Mehrzahl an publizierten Studien zur Ökologie von *Ixodes ricinus* in Deutschland wurde in der Südhälfte Deutschlands durchgeführt. Die vorliegende, auf mehrere Jahre angelegte Freilandstudie hat zum Ziel, anhand von bereits bekannten und neuen Standorten unsere Kenntnisse über die Ökologie von *I. ricinus* in Norddeutschland, insbesondere seiner Dichte, zu vermehren. Dazu wurden auf 43 Flächen in Nordwest- und Nordostdeutschland mithilfe der Flaggmethode von April bis Juli 2021, d.h. während der im Allgemeinen höchsten Zeckenaktivität im Jahr, 1x pro Monat auf jeweils 100 m² Zecken gefangen. Darunter waren 12 Flächen in einem aktuellen FSME-Risikogebiet (Landkreis Emsland) und weitere 24 Flächen, die in Landkreisen liegen, in denen bereits autochthone FSME-Fälle aufgetreten sind oder das FSME-Virus nachgewiesen wurde. Berücksichtigt wurden nur Zeckennymphen und Adulti.

Auf insgesamt 172 Exkursionen wurden auf 16.700 m² 13.934 ungesogene Zecken gefangen (Ø: 83 Zecken pro 100 m²). Davon gehörten 13.918 Zecken dem *I. ricinus/inopinatus*-Artenkomplex an (12.299 Nymphen [88,4%], 1.619 Adulti). Weitere Zecken waren *I. frontalis*-Nymphen (n=4) und adulte *Dermacentor reticulatus* (n=12).

In der vorliegenden Studie wurden Flächen sowohl mit geringer als auch mit hoher Zeckendichte berücksichtigt. Die durchschnittlichen Nymphendichten pro Monat auf den verschiedenen Flächen reichten von 1/100 m² bis 359/100 m². Die entsprechenden Werte für das Adultstadium betrugen 0,5/100 m² und 41/100 m². Die Medianwerte aller monatlichen Zeckendichten betrugen 47,0/100 m² für das Nymphenstadium und 6,0/100 m² für das Adultstadium, vergleichsweise hohe Werte für Zecken des *I. ricinus/inopinatus*-Komplexes.

Vorhersage der FSME-Inzidenzen der deutschen Bundesländer

S. Hösch¹, F. Rubel¹

¹ Vetmeduni Wien

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist eine virale Infektionskrankheit, die durch Zecken wie *Ixodes ricinus* aber auch *Dermacentor reticulatus* übertragen wird. In Deutschland werden die FSME-Inzidenzen seit dem Jahr 2001 dem Robert Koch-Institut (RKI) gemeldet. Diese Daten, erweitert auf die Periode 1991-2019, bilden die Basis zur Vorhersage der FSME-Inzidenzen der nächsten zwei Jahre, also 2020 und 2021.

Die wichtigsten Prädiktoren zur FSME-Vorhersage sind die demographische Entwicklung der Bevölkerung und deren Durchimpfung, ein Klimaindex und die Buchenmast vor zwei Jahren. Damit werden der Trend, die niederfrequenten (11-jähriger Zyklus) und die hochfrequenten (2-3 jähriger Zyklus) Schwankungen der FSME-Inzidenzen erklärt. Für die Vorhersage der FSME-Inzidenzen der nächsten zwei Jahre ist die Buchenmast entscheidend. Gute Mastjahre führen zu einer Intensivierung der natürlichen Übertragungszyklen des FSME-Virus zwischen kleinen Nagetieren und Zecken, die zwei Jahre später zu erhöhten FSME-Fallzahlen in der Bevölkerung führen. Das FSME-Modell wurde ursprünglich für nationale Vorhersagen entwickelt (Rubel and Brugger, 2020). Danach wurde es im Rahmen einer Bachelorarbeit auf die FSME-Inzidenzen der einzelnen Bundesländer erweitert (Hösch, 2020).

Die Ergebnisse werden hier präsentiert. Dazu gehören die Vorhersagen der Jahre 2020 und 2021 für die einzelnen Bundesländer inklusive der Verifikation mit gemeldeten FSME-Inzidenzen. Letztere sind jeweils im Frühjahr des Folgejahres aus der RKI-Datenbank des RKI abrufbar. Zum Beispiel können die im Frühjahr 2021 erstellten Vorhersagen im Frühjahr 2022 (aktuell zum Zeckenkongress) verifiziert werden.

Hösch, S., 2020: Statistische Prognose humaner FSME-Fälle für die Bundesländer Deutschlands. Bachelorarbeit, Vetmeduni Wien, 44pp.

Rubel, F., K. and Brugger, 2020: Tick-borne encephalitis incidence forecasts for Austria, Germany, and Switzerland. Ticks Tick Borne Dis., 11, 101437.

Hunting for TBE: a new focus in Brandenburg – a case study

N. Król¹, L. Chitimia-Dobler², G. Dobler², T. Juretzek³, M. Pfeffer¹

¹ University of Leipzig

² Bundeswehr Institute of Microbiology

³ Carl-Thiem-Klinikum Cottbus

Tick-borne encephalitis virus (TBEV) is the etiological agent of tick-borne encephalitis, the medically most important tick-borne virus in Europe. The virus is thought to circulate in very strictly defined natural foci. The main tick species serving as a vector for the TBEV in Central Europe is *Ixodes ricinus*, however, it is also found in *Dermacentor reticulatus* and *Haemaphysalis concinna*.

In this study, we followed a case of a hunter who was diagnosed with TBE in 2021. The man provided a precise map of 14 sites visited in a forest close to Löhsten where he most probably was bitten by a tick. The forest is located in the administrative district Elbe-Elster (Brandenburg) which as of today is not designated as a 'TBE risk area'. In September 2021, ticks were collected from vegetation at all sites indicated by the hunter. Next, ticks were morphologically identified and tested in pools for the presence of the TBEV using RT-qPCR. In total, 669 ticks were collected. The predominant species was *D. reticulatus* (96.6%; n=646, 303 females and 343 males), followed by *I. ricinus* (2.4%; n=16, 1 female, 3 males, and 12 nymphs) and *H. concinna* (1%; n=7, 6 nymphs, and 1 larva). TBEV was found in seven pools (minimal infection rate, MIR: 1.1%; 95% CI: 0.5-2.2) from 2 sites: one pool of *I. ricinus* male, two pools of *D. reticulatus* females, and four of *D. reticulatus* males. At the first site, one pool out of 90 ticks collected was positive (MIR: 1.1%; 95% CI: <0.01-6.6), and at the second site – six pools out of 160 ticks (MIR: 3.8%; 95% CI: 1.6-10.2). Further phylogenetic analyses are still ongoing.

Our findings support the hypothesis that *D. reticulatus* ticks play an important role in virus circulation in the newly established TBE foci. Interestingly, 4 years ago another focus was identified in a forest located 30 km away from this one which suggests that this area is of high risk.

A recombinant modified vaccinia virus Ankara-based vaccine expressing the non-structural protein 1 of tick-borne encephalitis virus induces a specific T cell response in mice

M. Kubinski¹, J. Beicht¹, T. Gerlach¹, A. Volz², A. Osterhaus¹, G. Sutter³, G. Rimmelzwaan¹

¹ Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, University of Veterinary Medicine Hannover

² Institute of Virology, University of Veterinary Medicine Hannover

³ Institute for Infectious Diseases and Zoonoses, Ludwig-Maximilians-University Munich

Tick-borne encephalitis virus (TBEV), family Flaviviridae, is one of the most important tick-transmitted viruses in Europe and Asia. TBEV infection of humans causes disease of variable severity ranging from asymptomatic infection to severe disease with long-term neurological disorders. Treatment is supportive only, making vaccination an important preventive measure. Incidence of tick-borne encephalitis cases fluctuates annually with an upward trend in European countries.

Possible reasons are spreading of TBEV-positive ticks, a relatively low vaccination coverage, limited immunogenicity of the vaccines and breakthrough infections. TBEV infection induces virus-neutralizing antibodies and cellular immunity (CD4+/CD8+ T cells), whereas vaccination provokes protective antibodies and CD4+ T cells. Here, we developed a novel vaccine approach against TBEV using the modified vaccinia virus Ankara (MVA) as vaccine vector delivering the non-structural protein 1 (NS1) of TBEV. Therefore, a recombinant MVA vector plasmid was generated by cloning NS1 under transcriptional control of a vaccinia virus-specific promoter. Chicken embryo fibroblast cells were infected with MVA-GFP and transfected with the plasmid allowing homologous recombination within deletion site III. Thus, recombinant MVAs expressing NS1 were generated. In vitro characterization of MVA-NS1 showed expression of NS1, high genetic stability and restricted (attenuated) growth properties. Mice were vaccinated to analyze the NS1-specific T cell response by ELISpot. Re-stimulation of spleen cells obtained from vaccinated mice with NS1 peptides showed a NS1-specific T cell response. Vaccinated mice did not show clinical signs or body weight loss.

To summarize, MVA-NS1 is a suitable vaccine candidate tested in vitro and in vivo. Induction of virus-specific antibodies and protective efficacy of MVA-NS1 are currently under investigation.

Artifizielle Infektion von *Ixodes ricinus* Larven und Nymphen mit FSME-Viren durch Immersion

A. Lindau¹, M. Drehmann², K. Facht¹, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

² Naturschutzzentrum Schopflocher Alb

Ixodes ricinus ist der medizinisch relevanteste Vektor des FSME-Virus in Europa. Dennoch ist die Interaktion zwischen Vektor und Virus nur teilweise erforscht. Einer der Gründe liegt darin, dass FSME positive Zecken in der Natur nur selten vorkommen und die experimentelle Infektion von Zecken mit dem Virus mit großem Aufwand verbunden ist. Neben der direkten Injektion, bei der FSME Viren in die Zecken injiziert werden, können Zecken auch über künstliche Fütterungssysteme infiziert werden. Beide Techniken sind in der Regel mit einer erhöhten Sterblichkeit der Zecken verbunden.

Die hier vorgestellten Ergebnisse zeigen, dass die artifizielle Infektion von Larven und Nymphen von *Ixodes ricinus* mit geringem Aufwand möglich ist. Die Zecken wurden dafür über einen längeren, stadiumabhängigen Zeitraum einer niedrigen relativen Luftfeuchte ausgesetzt. Im Anschluss wurden sie in FSME-Virus haltiges Zellkulturmedium überführt und eine Stunde bei 37° C inkubiert. Um eine permanente Benetzung der Zecken zu gewährleisten, wurden sie regelmäßig geschüttelt. Um falschpositive Virusnachweise in der RT-qrt-PCR ausschließen zu können, wurden im Anschluss sämtliche topischen Viruspartikel in mehreren Waschschritten inaktiviert und vollständig entfernt. Nach der Infektion wurden die Zecken bei Raumtemperatur und 95% Luftfeuchtigkeit gelagert.

Die Sterblichkeit der so behandelten Zecken lag nach drei Tagen bei 11% (Larven; 22/200), bzw. 8% (Nymphen; 16/200) und änderte sich bis Tag 15 nicht. Der Virusnachweis erfolgte im Anschluss mittels RT-qrt-PCR. In 96% der Larven und 96,5 % der Nymphen konnte das Virus nachgewiesen werden.

Geo-Spatial Characteristics of 567 Places of Tick-Borne Encephalitis Infection in Southern Germany, 2018-2020

A.M. Friedsam¹, O.J. Brady², A. Pilic¹, G. Dobler³, W. Hellenbrand¹, T.M. Nygren¹

¹ Robert Koch Institut, Berlin, Germany

² Centre of Mathematical Modelling for Infectious Diseases, London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, United Kingdom

³ Department of Microbiology of the German Armed Forces, Munich, Germany

Background: Tick-borne encephalitis (TBE) is a growing public health problem with recent increases in incidence and expanding risk areas. Improved prevention requires a better understanding of the spatial distribution and ecological determinants of TBE transmission. However, a TBE risk map at the sub-district level is still missing for Germany.

Methods: We investigated the spatial distribution and characteristics of 567 self-reported places of potential TBE infection (POI) from 359 TBE cases notified in 2018-2020 in the study area Bavaria and Baden-Wuerttemberg, compared to confirmed natural TBE foci and random comparator places. We built an ecological niche model including parameters like land cover, altitude, weather data, population density, vaccination coverage, and tick density to interpolate TBE risk to the entire study area. A sensitivity analysis was performed to assess the quality of the self-reported data.

Results: POI were distributed heterogeneously at district and sub-district levels with predicted probabilities varying markedly across regions (range 0-93%). POI presence was spatially associated with selected abiotic, biotic, and anthropogenic factors including summer precipitation, annual frost days, and population density (OR 2.8, 2.3, and 1.8, respectively). The model performed with an area under the curve of 0.73, sensitivity of 94% and specificity of 20% at a 0.5 cut-off point for the predicted probability of POI presence.

Conclusions: The various potential determinants for TBE infection risk are best considered in combination and multivariable ecological niche modelling appears to be a valuable tool for predicting TBE risk. We observed high probabilities in small-scale areas, consistent with the known circulation of the TBE-virus in spatially restricted microfoci. In conjunction with further field work, our findings may help identify new TBE foci. A fine-grained risk map could facilitate more targeted prevention in risk areas.

Ticks parasitizing wildlife and surveillance of potential tick-borne pathogens in different bush meat market in Cameroon, Central Africa

A. Paguem¹, K. Manchang², P. Kamtsap¹, A. Renz¹, G. Dobler³, D.K. Bakkes⁴, L. Chitimia-Dobler³

¹ Institute of Evolution and Ecology, University of Tübingen, 72076 Tübingen, Germany

² Faculty of Agriculture and Veterinary Medicine, University of Buea, Buea, Cameroon

³ Bundeswehr Institute of Microbiology, Neuherbergstrasse 11, D-80937 Munich, Germany

⁴ Gertrud Theiler Tick Museum, Agricultural Research Council - Onderstepoort Veterinary Research, Pretoria, South Africa

Ticks are obligate blood-sucking arthropods attacking every class of terrestrial vertebrates, including mammals, birds, reptiles, and even amphibians. Ticks are primarily parasites of wild animals with only 10% of the species feeding on domestic animals.

The aim of the study was to identify the tick species parasitizing wild animals sold in the bush meat market in Cameroon. Ticks were removed manually from different wild animals: pangolin, varan, boa constrictor, African civet, African golden cat, brush-tailed porcupine, monkeys, warthog, hares, four-toed hedgehogs, red flanked duikers, and antelopes. Ticks were identified to the species level based on morphological characteristics and some were confirmed using phylogenetic analysis of the 16S rDNA gene. The collected ticks belong to the genera *Amblyomma*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma*, *Ixodes*, and *Rhipicephalus*. Additionally, all ticks were screened for *Rickettsia* spp., individual or in pools (2 to 10 ticks/pool) according to the host and tick life stages. Furthermore, all *Rickettsia* spp. positive pools were further investigated, and three *Rickettsia* species were found: *Rickettsia africae*, *Rickettsia aeschlimannii*, and *Rickettsia* sp.

Vom Patienten zum Naturherd – Identifikation zweier FSME-Naturherde in Baden-Württemberg

F. Greiner¹, A. Lindau¹, K. Facht¹, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

Im vergangenen Jahr wurden 417 humane Erkrankungen mit dem Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus (FSMEV) in Deutschland gemeldet. In den meisten Fällen erfolgt die Infektion durch die Übertragung von FSMEV während der Blutmahlzeit einer Zecke. Das Virus kommt nicht flächendeckend vor, sondern ist auf mehr oder weniger große Naturherde beschränkt. Daher ist die Identifikation solcher Naturherde durch Zeckensammeln ohne weitere Hinweise selten erfolgreich.

Im Rahmen dieser Untersuchungen wurde Kontakt zu zwei Patienten (ein Fall vermittelt durch: RKI TBENAGER) aufgenommen und mit deren Hilfe der jeweilig wahrscheinliche Infektionsort eingegrenzt und anschließend in Teilbereiche gegliedert.

Während die erste Patientin den wahrscheinlichen Infektionsort auf einen Waldspielplatz bei Rübgarten (Kreis Reutlingen) einschränken konnte, kamen für den zweiten Patienten sowohl ein Grillplatz in Renfritzhausen (Kreis Rottweil) als auch ein Garten in Glatt (Kreis Rottweil) in Frage.

Zwischen April und Mai 2021 wurden Zecken an diesen Orten gesammelt. Die Zecken wurden gepoolt und mittels RT-qrt-PCR auf FSME-Viren getestet. Die Zecken der positiven Pools wurden anschließend vereinzelt erneut getestet, deren E-Gen sequenziert und phylogenetisch analysiert.

Am mutmaßlichen Infektionsort der ersten Patientin wurden 1768 Zecken geflaggt, von denen das Virus in 16 Zecken nachgewiesen wurde. Während im Falle des zweiten Patienten insgesamt 1782 Zecken an den Standorten Glatt (485) und Renfritzhausen (1297) gesammelt wurden. Das Virus wurde ausschließlich in 9 Zecken aus Renfritzhausen, nicht aber in Exemplaren aus Glatt nachgewiesen. Durch die Unterteilung der Standorte in einzelne Abschnitte, konnten die Naturherde näher eingegrenzt werden.

Es zeigt sich, dass sich mit Hilfe der Angaben von Patienten häufig zuverlässig neue FSME-Naturherde identifizieren lassen, sofern sich diese daran erinnern, wo sie sich zum vermutlichen Zeitpunkt der Infektion aufgehalten hatten.

Evaluation of Influenza A Virus-based Vaccine Candidates Expressing Tick-borne Encephalitis Virus NS1 (TBEV NS1)

J. Beicht¹, M. Kubinski¹, J. Biermann¹, P.C. Kandiyil¹, T. Gerlach¹, A.D.M.E. Osterhaus¹, G.F. Rimmelzwaan¹

¹ Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ), University of Veterinary Medicine Hannover, Foundation (TiHo), Buenteweg 17, 30559 Hannover, Germany

Tick-borne encephalitis virus (TBEV), member of the genus *Flavivirus*, is the causative agent of tick-borne encephalitis (TBE), one of the most important tick-transmitted diseases in Europe and Asia. Due to the lack of specific antiviral treatment, vaccination remains the main protective measure against TBE. However, vaccination coverage is low and incidence of TBE is increasing, reaching a new high in Germany 2020. It is known that virus-neutralizing antibodies contribute to protective immunity upon infection and vaccination. However, the role of virus-specific CD4⁺ and CD8⁺ T cells in protective immunity to TBEV is not well understood.

To obtain a better understanding of the immune correlates of protection against TBEV and investigate novel TBEV-vaccine approaches, based on viral vectors, we use neuraminidase-deficient Influenza A viruses (IAVs) as a vaccine vector to deliver TBEV antigens. TBEV non-structural protein 1 (NS1) was investigated as a vaccine target since it induces robust antibody responses upon infection and afforded protection against TBEV infection in previous studies.

The vaccine candidates were characterized *in vitro* in terms of attenuation, antigen expression and genetic stability. All candidates showed a highly attenuated phenotype and expression of TBEV NS1 was confirmed. Genetic stability varied after serial passaging. Subsequently, immunogenicity of the vaccine candidates was determined *in vivo* by immunization of C57BL/6 mice. Serum was tested for the presence of virus-specific antibodies by virus neutralization assay and Haemagglutination inhibition assay. Presence of virus-specific T cells was assessed by IFN- γ ELISpot. Induction of cellular immune responses against TBEV NS1 as well as against IAV could be demonstrated, whereas only neutralizing antibodies against IAV were detectable. Experiments are ongoing to test the protective efficacy of the vaccine candidates in further mouse studies.

FSME-Antikörper-Seroprävalenz im Ortenaukreis

K. Euringer¹, P. Girtl², J. Peilstöcker³, M. Schmidt³, M. Müller-Steinhardt³, G. Dobler², J.P. Borde¹

¹ Abteilung für Infektionsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg

² Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

³ DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg/Hessen

Das FSME-Virus ist die bedeutendste zeckenübertragene Zoonose in unseren Breiten. Jedes Jahr werden in Europa zwischen 2500 und 3500 Fälle registriert. Die Datenlage zur FSME-Seroprävalenz, zur Durchimpfungsrate sowie zum Manifestationsindex sind unzureichend. Der Nachweis von NS1-FSME Antikörpern ermöglicht erstmals die Unterscheidung von Impfantikörpern und Serokonversion nach durchgemachter FSME Infektion.

Restproben von Blutspenden im für FSME hochendemischen Landkreis Ortenaukreis (Baden-Württemberg) wurden vom DRK Blutspendedienst BW-Hessen zur Verfügung gestellt. Alle Proben wurden mit einem kommerziell erhältlichen FSME IgG-ELISA (Euroimmun) gescreent, positive Plasmaproben wurden in einen laboreigenen NS1-ELISA, der eine vorangegangene Infektion detektiert, getestet und mittels Mikroneutralisationstest (NT) bestätigt.

Es wurden insgesamt 2220 Blutproben untersucht. 1369/2220 (62%) der Proben zeigten FSME-IgG Antikörper im Screening-ELISA. 125 von diesen 1369 FSME-positiven Proben (125/2220 Proben, 5,6%) reagierten im NS1-ELISA positiv, hinweisend auf eine durchgemachte FSME-Infektion. Die 1244 FSME-IgG-positiven, aber NS1-IgG-negativen Proben wurden mittels NT getestet. 98% der Proben wiesen NT-Titer von $\geq 1:20$ auf, wodurch Kreuzreaktionen mit anderen Flaviviren ausgeschlossen werden können.

Die Daten zeigen, dass etwa 5,6% der Einwohner des Ortenaukreises eine Infektion mit FSME durchgemacht haben. Der Vergleich mit einer ähnlichen Studie aus dem Jahr 1986 (Ackermann et al. 1986), in der die Seroprävalenzrate bei Blutspendern im Ortenaukreis ermittelt wurde, zeigt jetzt einen etwa siebenfachen Anstieg der Infektionsraten in den letzten 35 Jahren. Außerdem scheint ein weitaus höherer Anteil der Bevölkerung einen Schutz gegen FSME-Infektionen zu haben (etwa 62%), als es die bisherigen Erhebungen zu FSME-Impfquoten zeigen (etwa 30%, RKI-KV-Impfsurveillance, 2019).

Nachweise von Zecken (Acari: Argasidae, Ixodidae) in und um Berlin

O. Kahl¹, H. Dautel², A.M. Nijhof³, F. Rubel⁴

¹ tick-radar GmbH

² Insect Services GmbH

³ Freie Universität Berlin

⁴ VetMedUni Wien

Präsentiert wird eine hochauflösende Karte zum Vorkommen von 13 bisher in und um Berlin nachgewiesenen Zeckenarten. Die Sammlung umfasst historische Funde aus der Literatur und weitere bisher noch unveröffentlichte Fänge.

Dazu gehören die folgenden 11 Arten von Schildzecken: *Ixodes ricinus*, *Dermacentor reticulatus*, *I. inopinatus*, *I. hexagonus*, *I. canisuga*, *I. trianguliceps*, *I. arboricola*, *I. frontalis*, *Haemaphysalis concinna*, *Hyalomma rufipes* und *Rhipicephalus sanguineus* s.l. Während die meisten dieser Zeckenarten in Deutschland endemisch sind, handelt es sich bei den Funden der letztgenannten Zeckenspezies vermutlich durchgehend um Einschleppungen aus wärmeren Gegenden auf von Reisen mitgebrachten Hunden. Gesogene Nymphen der zweiwirtigen afrikanischen Spezies *H. rufipes* gelangen alljährlich mit Zugvögeln im Frühjahr nach Mitteleuropa, wo sie in aller Regel nach dem Abfallen vom Wirt früher oder später eingehen, ohne sich weiterzuentwickeln. Die ungewöhnlich warme und trockene Witterung im Frühjahr und Sommer 2018 hat einigen *Hyalomma*-Zecken offenbar die Entwicklung zum Adultstadium im Raum Berlin ermöglicht. Ferner wurden Vorkommen der Taubenzecke *Argas reflexus* und der kurzbeinigen Fledermauszecke *Carios vespertilionis* kartiert, die beide zur Familie der Lederzecken gehören.

Im Beitrag wird kurz auf die Biologie und Ökologie jeder Zeckenart sowie auf ihre aktuelle medizinische bzw. veterinärmedizinische Bedeutung eingegangen.

Zecken in Höhlen- und Quellbereich-Habitaten in Deutschland

S. Zaenker¹, S. Schaper², M. Bröker, L. Chitimia-Dobler²

¹ Landesverband für Höhlen- und Karstforschung Hessen

² Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Höhlen, Stollen und ähnliche unterirdische Hohlräume sowie Quellbereiche stellen besondere Habitate dar. Sie werden von zahlreichen Tieren für kurze oder längere Zeit aufgesucht, und hier können besondere Tierarten aufgefunden werden, für die diese Habitate Rückzugsorte oder Lebensräume darstellen und die zum Teil andernorts nicht oder nur schwer zu finden sind (z.B. winterschlafende Fledermäuse).

Über einen Zeitraum von 1997 bis 2021 wurden in unterirdischen Hohlräumen und Quell-Biotopen in Deutschland, insbesondere im Gebiet der Rhön, Zecken gesammelt und in 96% Alkohol konserviert. Die Bestimmung erfolgte morphologisch. Seltene Arten wurden molekularbiologisch bestätigt.

Insgesamt wurden 373 Zecken (118 Männchen, 132 Weibchen, 119 Nymphen und 4 Larven) gesammelt und untersucht. Darunter fanden sich Zecken von insgesamt sechs Schildzecken-Arten: *Ixodes ricinus*, *Ixodes canisuga*, *Ixodes hexagonus*, *Ixodes trianguliceps*, *Ixodes ariadnae* und *Dermacentor marginatus*.

Während es sich bei *Ixodes ricinus* und *Dermacentor marginatus*, um exophile Zeckenarten handelt, wurden die Zecken dieser beiden Arten vermutlich durch Tiere in die Höhlensysteme eingeschleppt. Bei *Ixodes hexagonus*, *Ixodes canisuga* und *Ixodes trianguliceps* handelt es sich dagegen um überwiegend endophil lebende Arten. Diese Arten finden sich meist in Höhlen, Tierbauten oder auf Tieren. Der Nachweis von *Ixodes ariadnae*, einer an das Große Mausohr (*Myotis myotis*) adaptierten Zeckenart, ist besonders bemerkenswert. Es handelt sich erst um den zweiten Nachweis dieser Zeckenart in Deutschland und den ersten Nachweis überhaupt im Bundesland Hessen.

Die vorliegenden Ergebnisse zeigen, dass alleiniges Flaggen von Zecken nur einen begrenzten Einblick in die Zeckenfauna Deutschlands geben. Das Sammeln in ungewöhnlichen Biotopen und an dort anzutreffenden Wirtstieren gibt weitere Einblicke über ungewöhnliche Zeckenarten und ggf. ungewöhnliche Pathogen-Vektor-Beziehungen.

Untersuchungen zur Zeckenexposition von Hunden und Katzen anhand einer einjährigen Einsendungsstudie in Deutschland und Österreich

J. Probst¹, A. Springer¹, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Zecken sind als Vektoren verschiedener Infektionskrankheiten von Bedeutung. Neben sich ändernden klimatischen und ökologischen Faktoren, können haltungs- und ortsabhängige Einflüsse sowie individuelle Eigenschaften des Wirtes das Infestationsrisiko beeinflussen. Um die Zeckenexposition von Hunden und Katzen sowie beeinflussende Faktoren zu untersuchen, wurden durch Tierärzte entfernte Zecken in einer einjährige Einsendungsstudie zusammen mit einem Fragebogen monatlich eingesandt, morphologisch untersucht und weibliche *I. ricinus*-Exemplare vermessen, um die Saugdauer abzuschätzen. Insgesamt wurden 19.514 Zecken eingesandt, darunter 15.943 *I. ricinus*- und 2.013 *D. reticulatus*-Exemplare. Von Hunden stammten 10.287 (52,7 %) der Zecken, von Katzen 8.005 (41,0 %). Hierbei kamen 17.789 Zecken (91,2 %) aus Deutschland und 1.506 (7,7 %) aus Österreich. Für Deutschland zeigten die Daten ein flächendeckendes *I. ricinus*- und weit verbreitetes *D. reticulatus*-Vorkommen. Österreich konnte leider nicht flächendeckend beprobt werden. Weiterhin stammten 69,3 % der Zecken von Tieren aus ländlichem und nur 17,0 % aus städtischem Umfeld. Die am häufigsten betroffenen Körperregionen waren beim Hund Kopf (19,9 %) und Rumpf (19,3 %) und bei der Katze der Hals (38,1 %). Die Ansatzstellen unterschieden sich auch zwischen den Zeckenarten. So wurden die meisten *I. ricinus*-Exemplare vom Hals (27,0 %) und Kopf (20,9 %) entfernt, während *D. reticulatus* hauptsächlich an Rumpf (33,4 %) und Hals (19,4 %) von Hunden (1.860/2.013; 92,4 %), selten Katzen (56/2.013; 2,8 %), gestochen hatte. Die Saugdauer betrug an Hunden durchschnittlich 73,9 Stunden (SD: 96,4), an Katzen 80,3 Stunden (SD: 65,8). Interessanterweise unterschieden sich die Zeckenansatzstellen zwischen Hund und Katze. Die durchschnittliche Saugdauer verdeutlicht, dass viele Zecken nicht ausreichend früh entdeckt werden und Hunde und Katzen ohne Zeckenschutz einem erheblichen Risiko der Pathogenübertragung ausgesetzt sind.

1. Gray, J, Stanek G, Kundi M, Kocianova E (2005): Dimensions of engorging *Ixodes ricinus* as a measure of feeding duration. Int J Med Microbiol 295(8): 567- 572.

Abundanz von Zecken im Stadtgebiet Hannover über einen Fünf-Jahres-Zeitraum (2017-2021)

A.-K. Topp¹, A. Glass¹, D. Hauck¹, A. Springer¹, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Zecken können als Vektoren für bakterielle, virale und parasitäre Pathogene dienen. Die verbreitetste Zeckenart in Deutschland ist *Ixodes ricinus*. Um das Infektionsrisiko mit Zecken-übertragenen Erregern abschätzen zu können, sind nicht nur Langzeitstudien zur Erregerprävalenz, sondern auch bezüglich der Zeckendichte von Bedeutung.

Für diese Abundanzstudie wurden 10 Standorte in unterschiedlichen Habitaten (Laubwald, Mischwald und Park) im Stadtgebiet Hannover über einen Fünf-Jahres-Zeitraum (2017-2021) jeweils von April bis Oktober mittels Flaggmethode untersucht. Pro Monat wurde an jedem Standort eine Gesamtfläche von 100 m² beprobt, wobei in der ersten und zweiten Monatshälfte jeweils 50 m² beflaggt wurden. Zusätzlich wurden verschiedene Klima- und Umweltfaktoren aufgezeichnet, um deren Einfluss auf die Zeckendichte analysieren zu können. Anhand morphologischer Merkmale erfolgte eine Speziesdifferenzierung und die Bestimmung des Entwicklungsstadiums der Zecken. Die durchschnittliche Dichte aktiver Zecken nahm über den Untersuchungszeitraum von 25 Zecken/100 m² im Jahr 2017 zu 6 Zecken/100 m² im Jahr 2021 kontinuierlich ab. Der Frühsommer-Peak fiel in dem deutlich kälteren Frühjahr 2021 wesentlich kleiner aus als in den Vorjahren und fand später statt (April-Mai vs. Mai-Juni). Ein Herbstpeak blieb bereits im Jahre 2018 aus und auch im Jahr 2021 konnte das bimodale Aktivitätsmuster in Hannover nicht beobachtet werden.

Um zu untersuchen, ob die Zeckenpopulationen an den Standorten wieder einen Anstieg erfahren oder weiter sinken, wird die Abundanzstudie auch im Jahr 2022 fortgeführt.

Tickplex: Unravelling Some of the Complexities of Laboratory Testing in Lyme disease and other infections

A. Schwarzbach¹

¹ ArminLab GmbH

Tick-borne diseases (TBDs) have become a growing public health threat worldwide. The literature demonstrates that co-infections in ticks is a rule rather than the exception as ticks may carry several bacteria, viruses, and parasites. As a result, the co-infection rate among Lyme disease (LD) patients is between 4% to 60%. Ongoing LD tests offer only 53.7% sensitivity. In 2018, a European Parliament resolution recognized that the current TBD diagnostic tools are inaccurate as they test for only one microbe at a time. Consequently, Tezted Ltd developed Tickplex Plus, which enables clinical laboratories to simultaneously test multiple patients for 15 microbial epitopes associated with TBDs and two disease stages. In particular, the test includes three *Borrelia* species in two distinct morphologies (spirochete and persistent form), TBD associated co-infections (such as *Babesia microti*, *Ehrlichia chaffeensis*, and others), and opportunistic infections (for example, Epstein-Barr virus, Human Parvovirus B19, and more). Tickplex is a CE and IVD marked ELISA with sensitivity and specificity for all antigens between 80% to 100 %. Given the ubiquity of microbes harboured by ticks, screening for various microbes with Tickplex could decrease the rate of misdiagnosed or undiagnosed cases and increase the health-related quality of life for all patients.

More information: www.tezted.com

Alternde Zecken: Zusammenhang von physiologischem Zeckenalter und *Borrelia*-Infektionen bei wirtssuchenden *Ixodes ricinus*-Nymphen

A. Springer¹, D. Jordan¹, A. Glass¹, O. Kahl², V. Fingerle³, P. Girtl⁴, L. Chitimia-Dobler⁴, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

² tick-radar GmbH, Berlin

³ Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim

⁴ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Ixodes ricinus spielt in Europa als Vektor für *Borrelia burgdorferi* sensu lato eine wichtige Rolle. In wirtssuchenden Zecken sind *Borrelia*-Spirochäten einer anhaltenden Nährstoffrestriktion ausgesetzt. Bislang existieren jedoch nur wenige Studien zum Einfluss des physiologischen Alters wirtssuchender Zecken auf *Borrelia*-Infektionen. Da sich die Größe des Alloscutums aufgrund des Verbrauchs von Energiereserven über die Zeit ändert, während die Dimensionen des Scutums konstant bleiben, ist eine zuverlässige Schätzung des physiologischen Alters wirtssuchender Zecken anhand morphometrischer Messungen möglich.

In dieser Studie wurde der Zusammenhang zwischen physiologischem Zeckenalter, *Borrelia*-Prävalenz und -Infektionsintensität im Sinne nachgewiesener Nukleinsäureäquivalente anhand von 1882 wirtssuchenden *I. ricinus*-Nymphen untersucht, die im Jahr 2020 an zwei Standorten in Norddeutschland mittels Flaggmethode gesammelt wurden. *Borrelia*-Prävalenz und -Infektionsintensität wurden mittels Sonden-basierter, quantitativer real-time PCR bestimmt. Darüber hinaus wurden die *Borrelia*-Arten mittels Reverse Line Blot (RLB) differenziert. Insgesamt lag die *Borrelia*-Prävalenz bei 25,8 % (485/1882). Ein statistisch signifikanter Unterschied zwischen den verschiedenen morphometrischen Altersgruppen bezüglich der Prävalenz wurde nicht festgestellt. Die ermittelte *Borrelia*-Infektionsintensität nahm jedoch mit zunehmendem Alter signifikant ab.

Die Artdifferenzierung mittels RLB war bei 29,5 % (143/485) der *Borrelia*-positiven Zecken erfolgreich und zeigte *B. afzelii* als die dominierende Art (65,0 % [93/143] der differenzierten Infektionen). Zusätzlich wurden *B. garinii*, *B. valaisiana*, *B. burgdorferi* sensu stricto, *B. spielmanii* und *B. miyamotoi* nachgewiesen, zum Teil auch in Koinfektionen.

***Borrelia burgdorferi*-spezifische Antikörper: Bestimmung von Seroprävalenz, Serokonversion und Seroreversion anhand zweier bevölkerungsbasierter Studien bei Kindern und Jugendlichen in Deutschland (KiGGS), 2003-2006 und 2014-2017**

S. Böhm¹, T. Woudenberg², K. Stark³, M.M. Böhmer⁴, K. Katz¹, R. Kuhnert⁵, M. Schlaud⁵, V. Fingerle⁶, H. Wilking³

¹ Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Medizinischen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München

² Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Infectious Disease Epidemiology and Analytics Unit, Department of Global Health, Institut Pasteur, Paris, Frankreich

³ Abteilung Infektionsepidemiologie, Robert Koch-Institut

⁴ Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Institut für Sozialmedizin und Gesundheitssystemforschung (ISMG), Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg

⁵ Abteilung für Epidemiologie und Gesundheitsmonitoring, Robert Koch-Institut

⁶ Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL)

Einleitung: Lyme-Borreliose (LB) ist die häufigste zeckenübertragene Erkrankung in Deutschland. Antikörper gegen *Borrelia burgdorferi* (Bb) sind in der Bevölkerung weit verbreitet. Daten zur Bb-Seroprävalenz (SP) bieten die Chance für bevölkerungsrepräsentative Analysen zu zeitlichen, geografischen und demografischen Aspekten sowie Serokonversions- (SKR) und Seroreversionsraten (SRR) bei wiederholten Testungen.

Methode: Die SP wurde basierend auf zwei aufeinanderfolgenden Querschnitterhebungen, die repräsentativ für 3- bis 17-Jährige in Deutschland sind, geschätzt. Anhand gepaarter Proben derselben Personen aus Erst- und Folgeuntersuchung wurden jährliche SKR und SRR ermittelt. Untersucht wurden Faktoren, die mit Seropositivität, Serokonversion und Seroreversion assoziiert sind.

Ergebnisse: Die SP betrug 4,4% (95%-KI: 3,9%–4,9%) in der ersten (2003–2006) und 4,1% (95%-KI: 3,2%–5,1%) in der zweiten Erhebung (2014–2017). Jungen hatten eine höhere Wahrscheinlichkeit seropositiv zu sein und zu serokonvertieren. Die SP stieg mit dem Alter und war in südöstlichen Regionen sowie bei Teilnehmenden mit hohem sozioökonomischem Status höher. Die jährliche SKR betrug 0,3%; die jährliche SRR 3,9%. Niedrige Antikörperspiegel waren der wichtigste Prädiktor für eine Seroreversion.

Schlussfolgerung: Wir konnten keine Veränderung der SP bei Kindern und Jugendlichen in Deutschland über einen Zeitraum von 11 Jahren feststellen. Mögliche Auswirkungen durch klimatische Veränderungen sollten weiter untersucht werden. SKR sind bei Kindern und Jugendlichen beträchtlich und höher als bei jungen Erwachsenen, was die Notwendigkeit gezielter Präventionsmaßnahmen zeigt. SRR sind bei Kindern und Jugendlichen im Vergleich zu Erwachsenen erstaunlich hoch. Die regelmäßige Bestimmung der SP ist nützlich, um Trends im Zeitverlauf zu bewerten, den öffentlichen Gesundheitsdienst über geeignete Maßnahmen zu informieren und Informationen für serologische Tests in der klinischen Praxis zu liefern.

Nachweis Vektor-übertragener Erreger in Blutproben Europäischer Braunbrustigel (*Erinaceus europaeus*)

K. Schütte^{1,2}, A. Springer¹, F. Brandes², H. Sprong³, M. Reuschel⁴, M. Fehr⁴, G. Dobler^{5,6}, **C. Strube**¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

² Wildtier- und Artenschutzstation Sachsenhagen

³ Laboratory for Zoonoses and Environmental Microbiology, Centre for Infectious Disease Control, National Institute of Public Health and Environment, Niederlande

⁴ Klinik für Heimtiere, Reptilien und Vögel, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

⁵ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Zoologie, Universität Hohenheim

⁶ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Der Lebensraum des Kulturfolgers Igel überschneidet sich immer stärker mit dem des Menschen. Zudem werden Igel häufig in menschliche Obhut genommen, woraus sich das Potenzial der Übertragung von Zoonoseerregern ergibt. Da Igel oft einen starken Ektoparasitenbefall aufweisen, sind durch Vektoren übertragene Erreger von besonderer Bedeutung. In der vorgestellten Studie wurde das Vorkommen Vektor-übertragener Pathogene in Blutproben von Europäischen Braunbrustigeln aus Niedersachsen untersucht. Zu diesem Zweck wurden Serumproben der Igel mittels ELISA auf Antikörper gegen *Borrelia burgdorferi* sensu lato sowie das Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)-Virus getestet. Zur weiteren Abklärung positiver und fraglicher FSME-ELISA-Ergebnisse wurde ein Serumneutralisationstest (SNT) durchgeführt. Des Weiteren wurden die Blutproben mittels Sonden-basierter quantitativer Real-time PCR auf DNA von *Borrelia* spp., *A. phagocytophilum*, *Rickettsia* spp., *Babesia* spp., *Bartonella* spp., *Neoehrlichia mikurensis* und *Spiroplasma* spp. untersucht.

In 84,8 % (457/539) der Seren konnten anti-*Borrelia*-Antikörper detektiert werden, 1,5 % (8/539) der *Borrelia*-ELISA-Ergebnisse wurden als fraglich eingestuft. FSME-Antikörper wurden bei einem von 526 Igeln mittels ELISA und Serumneutralisationstest nachgewiesen. *Borrelia*-DNA wurde in 31,4 % (169/539) der mittels qPCR untersuchten Blutproben nachgewiesen. Leider konnte die Borrelienart aufgrund sehr geringer Kopienzahlen nicht determiniert werden. Bei 49,7 % (261/525) der untersuchten Igel wurde *A. phagocytophilum* nachgewiesen. Davon wiesen 31,4 % (165/525) Ökotyp I auf, die restlichen Proben konnten keinem Ökotyp zugeordnet werden. Darüber hinaus betrug die Prävalenz von *Bartonella* spp. 13,0 % (68/525), *Rickettsia* spp. 8,0 % (42/525), *Spiroplasma* spp. 8,2 % (43/525) und *Babesia* spp. 1,3 % (7/525). *Neoehrlichia mikurensis* konnte in keiner der Proben nachgewiesen werden.

Die hohe Prävalenz von *A. phagocytophilum* Ökotyp I und von *Borrelia* spp. deuten darauf hin, dass Igel möglicherweise eine bislang unterschätzte Rolle als Reservoirwirte dieser Zoonose-Erreger spielen.

***Hyalomma* in Deutschland – 3 Jahre Citizen Science**

A. Lindau¹, M. Drehmann², A. Springer³, L. Chitimia-Dobler^{1,4}, K. Facht¹, C. Strube³, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

² Naturschutzzentrum Schopflocher Alb

³ Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Hannover

⁴ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Nachdem im Jahr 2018 zum ersten Mal Zecken der Gattung *Hyalomma* in größerer Anzahl in Deutschland aufgetreten waren, wurde 2019 die interessierte Öffentlichkeit mittels Pressemitteilungen dazu aufgerufen, weitere *Hyalomma* Zecken und andere, auffällige Zecken einzuschicken. Dieser Aufruf wurde auch in den folgenden Jahren 2020 und 2021 erneuert.

Im Untersuchungszeitraum 2019-2021 wurden insgesamt 205 Exemplare verschiedener *Hyalomma*-Arten gemeldet. Der größte Anteil entstammte den beiden Jahren 2019 und 2020, deren Sommer von besonders intensiven und langen Trockenphasen und hohen Temperaturen geprägt waren. Im Jahr 2019 wurden 112 *Hyalomma*-Zecken eingeschickt, von denen 95 aus Deutschland stammten. Zusätzlich wurde für 14 weitere Exemplare ein Bildnachweis eingereicht. Im Folgejahr erhielten wir 65 *Hyalomma*-Zecken, von denen 57 aus Deutschland stammten. Im Jahr 2021, dem feuchtesten Jahr des Untersuchungszeitraums, wurden nur 13 Zecken eingesandt, von denen nur 10 aus Deutschland stammten. Zusätzlich erhielten wir einen Bildnachweis aus der Region Leipzig. Bei den eingesendeten *Hyalomma*-Zecken handelte es sich um *H. marginatum* (145), *H. rufipes* (38) und *H. lusitanicum* (3).

Diese Ergebnisse zeigen, dass exotische Zeckenarten nach Deutschland eingeschleppt werden. Dies geschieht im Falle von *Hyalomma* spp. vorrangig durch Zugvögel. Die so eingeschleppten Nymphen können sich in heißen und trockenen Jahren hier zu Adulten häuten und auf Wirtssuche gehen, während dies im deutlich feuchteren und kälteren Jahr 2021 nur selten der Fall war. Aufgrund ihrer Vektorkompetenz für verschiedene Pathogene wie das Krim-Kongo-Hämorrhagische-Fieber-Virus oder Rickettsien müssen sie daher als mögliche Risikofaktoren für Menschen und Nutztiere angesehen werden. Des Weiteren zeigt diese Arbeit, dass der Ansatz einer Citizen Science-Studie gut geeignet ist, um auffällige Zeckenarten aus ganz Deutschland zu untersuchen.

Nach Deutschland importierte Zecken durch Menschen

L. Chitimia-Dobler¹, M. Bröker², S. Schaper¹, B. Mans³, S. Nava⁴

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland

² Pappelweg 30, 35041 Marburg

³ Onderstepoort Tiermedizinische Fakultät, Abt. für Epidemiologie, Parasiten und Vektoren, Onderstepoort, Südafrika; Universität Pretoria, Abt für Veteinärmedizinische Tropenmedizin, Pretoria, Südafrika; Universität Pretoria, Abt. für Lebenswissenschaften, Pretoria, Südafrika

⁴ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, and Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Rafaela, Santa Fe, Argentina

Durch ihr lang andauerndes Saugverhalten können Zecken über große Distanzen transportiert werden. Üblicherweise werden Zecken durch Tiere (u.a. Vögel, Hunde, Pferde, Rinder) nach Deutschland eingeschleppt. Auch der Mensch kann Zecken aus tropischen Regionen nach Deutschland importieren.

Wir berichten über drei Einschleppungen von tropischen Zecken durch Reisende nach Deutschland. Ein Reise-Rückkehrer aus Kuba importierte eine Zecke der Art *Amblyomma mixtum*. Die Zecke hatte an der Schulter gestochen. Die morphologische Identifizierung konnte durch eine molekularbiologische Charakterisierung mittels Sequenzierung der 16S rDNA bestätigt werden. Die Testung auf Rickettsien ergab den Nachweis von *Rickettsia amblyommii*, dem Erreger einer Fleckfieberform auf dem amerikanischen Kontinent. Bei einer zweiten Einschleppung durch einen Reiserückkehrer aus Kambodscha wurde *Dermacentor auratus* identifiziert, die am Unterschenkel gesaugt hatte. Auch diese Zeckenart wurde molekularbiologisch (12S rDNA, 16S rDNA; *coxI*) bestätigt. Der molekularbiologische Nachweis von Rickettsien verlief negativ. Eine Reise-Rückkehrerin aus Südafrika brachte eine *Rhipicephalus maculatus* mit, die sie am Tag der Abreise an ihrer Hüfte entdeckt und entfernt hatte. Diese Zeckenart wurde durch eine Sequenzierung der 16S rDNA und 12S rDNA bestätigt. Auch in dieser Zecke konnten molekularbiologisch keine Rickettsien nachgewiesen werden.

Die drei genannten Beispiele von Einschleppungen durch Reiserückkehrer zeigen, dass auch durch Menschen Zecken von ungewöhnlichen und z.T. schwer identifizierbaren Arten eingeschleppt werden können. Neben der lokalen Hautsymptomatik können diese Zecken auch seltene und möglicherweise in Deutschland wenig bekannte Krankheitserreger auf den Menschen übertragen. Daher sollte bei Reiserückkehrern ggf. auch eine Ganzkörper-Inspektion durchgeführt werden, um Blut-saugende Zecken zu entdecken, nach Entfernung zu identifizieren und auf Pathogene zu testen.

Aktuelle Daten zur Verbreitung der Gattung *Dermacentor* in Deutschland

A. Springer¹, A. Lindau², J. Probst¹, M. Drehmann², K. Facht², D. Thoma², G. Dobler³, U. Mackenstedt², C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

² Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Zecken der Gattung *Dermacentor* sind u. a. als Vektoren von *Babesia canis*, *Babesia caballi* und *Theileria equi* von hoher veterinärmedizinischer Bedeutung, und spielen als Überträger verschiedener *Rickettsia*-Arten und, im Fall von *Dermacentor reticulatus*, des Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)-Virus auch in der Humanmedizin eine Rolle.

Das Verbreitungsgebiet von *D. reticulatus* hat sich in den vergangenen Jahrzehnten in Europa stark ausgeweitet. Die vorliegende Studie gibt einen aktuellen Überblick über die Verbreitung von *Dermacentor*-Zecken in Deutschland. Insgesamt wurden im Zeitraum März 2020 bis Mai 2021 3289 *Dermacentor*-Exemplare im Rahmen einer „Citizen Science“-Studie eingesandt. Von diesen wurden 76,4 % (2512/3289) als *D. reticulatus* und 23,0 % (758/3289) als *D. marginatus* identifiziert, während 0,6 % (19/3289) zu stark beschädigt waren, um die Art zu bestimmen. *Dermacentor reticulatus* wurde aus allen Bundesländern Deutschlands eingesandt. Funde in der Vegetation oder an Weidetieren bestätigen das Vorkommen dieser Zeckenart bis in das nördlichste Bundesland Schleswig-Holstein. Im Gegensatz dazu scheint sich die Verbreitung von *D. marginatus* nach wie vor auf den Südwesten Deutschlands zu beschränken. Die meisten *D. reticulatus*-Exemplare wurden von Hunden abgesammelt (1308/1957, 66,8 %), während *D. marginatus* hauptsächlich an Huftieren (197/621, 31,7 %) und Menschen (182/621, 29,3 %) entdeckt wurde. Zeckenstiche des Menschen wurden für 0,7 % (14/1957) der *D. reticulatus*- und 3,4 % (21/621) der *D. marginatus*-Exemplare gemeldet.

Weitere Studien zur Pathogenprävalenz bei *Dermacentor*-Zecken sind erforderlich, um das Risiko einer Erregerübertragung besser einschätzen zu können.

Ungebetenes Souvenir – der Hund als Transportmittel für *Rhipicephalus sanguineus* s.l.

K. Fachtel¹, A. Lindau¹, U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

Zecken der Gattung *Rhipicephalus* sind kosmopolitisch lebende Schildzecken, wobei der Artkomplex *Rh. sanguineus* s.l. wohl am weitesten verbreitet ist. In Europa ist er in der Mittelmeerregion und den südslavischen Ländern nachzuweisen. Zu den besonderen Eigenschaften von *Rh. sanguineus* s.l. gehört unter anderem, dass die Zecken innerhalb von Häusern überleben und sich vermehren können. Schon in nur einem Jahr kann unbehandelt ein Massenbefall mit mehreren tausend Individuen entstehen. In einer 3-jährigen Citizen Science Studie wurde untersucht, wie *Rhipicephalus*-Zecken bisher nach Deutschland eingeschleppt wurden.

Zwischen 2019 und 2021 konnten insgesamt 26 unabhängige Einschleppungen von *Rhipicephalus* sp. nach Deutschland dokumentiert und ausgewertet werden. In 17 Fällen konnten 596 Zeckenindividuen morphologisch und anhand des 16S Gens phylogenetisch charakterisiert werden. Dabei wurden Zecken der Arten *Rh. sanguineus* s.s., *Rh. sanguineus* s.l., *Rh. turanicus* und *Rh. haemaphysaloides* identifiziert. Die übrigen Fälle wurden durch Fotografien der Zecken belegt. Die vorhandenen Zecken wurden molekularbiologisch auf die Pathogene *Hepatozoon canis*, *Ehrlichia canis*, *Babesia vogeli* und *Rickettsia* sp. untersucht. Dabei wurden 36 Zecken aus 6 unabhängigen Fällen positiv auf *Rickettsia* sp. getestet. 30 dieser Infektionen wurden als *Rickettsia massiliae* identifiziert. Weitere Zeckenpathogene wurden nicht detektiert.

Die Auswertung der Fälle zeigt, dass Urlauber mit Hund und Hundeimporte die Ursache der eingeschleppten Zecken darstellen. In Regionen wie Deutschland ist sowohl die Zeckengattung *Rhipicephalus* in der Bevölkerung weitgehend unbekannt als auch die Überlebensfähigkeit in Wohnungen sehr hoch. Zusätzlich besteht das Risiko, humanpathogene Erreger wie Rickettsien und veterinärmedizinisch relevante Pathogene einzutragen, die teils schwerwiegende Folgen haben können. Die Untersuchungen zeigen, dass Importe von *Rhipicephalus* nicht unterschätzt werden dürfen.

Neu auftretende FSME im Landkreis Ravensburg

G. Dobler¹, M. Bestehorn¹, A. Lindau², M. Drehmann², G. Stroppel³, H. Hengge³, U. Mackenstedt², K. Kaier⁴, L. Chitimia-Dobler¹, J. Borde⁵

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

² Abt. Parasitologie, Universität Hohenheim

³ Gesundheitsamt Landkreis Ravensburg

⁴ Institut für Medizinische Biometrie und Biostatistik, Universität Freiburg

⁵ Praxis Prof. Borde & Kollegen, Gesundheitszentrum Oberkirch

Die FSME ist die wichtigste durch Zecken übertragene Virusinfektion in Mitteleuropa. In den letzten Jahren wird u.a. in Mitteleuropa, ein deutlicher Anstieg der humanen FSME-Fälle registriert. Es ist ungeklärt, ob es sich um eine Aktivierung von schon vorhandenen FSME-Herden oder um eine Neueinschleppung von FSME-Virusstämmen handelt. Dazu wurden im Landkreis Ravensburg, einem aktuell hyperendemischen FSME-Landkreis, FSME-Naturherde identifiziert und FSME-Virusstämme phylogenetisch charakterisiert.

Die über das RKI-Meldesystem SurvSTAT gemeldeten FSME-Fälle der untersuchten Landkreise wurden biostatistisch ausgewertet. FSME-Infektionsorte wurden anhand von Patientendaten identifiziert. Die gesammelten Zecken wurden molekularbiologisch auf das FSME-Virus getestet. Die entsprechenden E-Gene wurden sequenziert und phylogenetisch und geographisch ausgewertet.

Insgesamt wurden von 2017-2020 an 13 Orten im LK Ravensburg 2.955 Zecken gesammelt. Alle gesammelten Zecken wurden als *Ixodes ricinus* bestimmt und in Pools mittels real-time rt-PCR getestet. Es konnten insgesamt 14 Virusstämme aus 8 verschiedenen Lokalisationen nachgewiesen werden. Die minimale Infektionsrate in den Naturherd-Arealen lag bei 0,8%. Insgesamt konnten durch Sequenzierung mindestens 3 genetische Cluster identifiziert werden. Ein Cluster zeigte eine enge genetische Verwandtschaft mit dem FSME-Virus aus Zwiefalten, die beiden anderen Cluster waren mit Virusstämmen aus der Schweiz enger verwandt. Es konnte eine lokale kontinuierliche Ausbreitung in mindestens zwei Clustern nachgewiesen werden.

Die erhöhte FSME-Aktivität im LK Ravensburg ist durch die Einschleppung mehrerer genetisch unterschiedlicher FSME-Virusstämme bedingt. Diese breiten sich z.T. lokal aus und können großflächige FSME-Naturherde bilden mit einem hohen Infektionsrisiko für die jeweilige Bevölkerung. Die biostatistischen Analysen zeigen eine weitere Zunahme der FSME-Zahlen für den Landkreis und die angrenzenden Regionen.

Einfluss von FSME-Viren auf das Verhalten von Zecken? Erste Laborergebnisse

A. Lindau¹, K. Facht¹, M. Drehmann², U. Mackenstedt¹

¹ Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

² Naturschutzzentrum Schopflocher Alb

Eine Infektion mit dem FSME Virus beeinflusst das Verhalten von Zecken. So wurden bereits in einer früheren Studie (Belova OA et al., 2012) beobachtet, dass sich das Questingverhalten von künstlich mit FSMEV infizierter Zecken, von dem nicht infizierter Zecken unterscheidet.

Um ein standardisierbares Verfahren zur Zeckenbeobachtung zu verwenden und um viele, externe Einflussfaktoren zu vermeiden, wurde ein kameraüberwachter Versuchsaufbau verwendet. Dieser erlaubte eine durchgängigere Datenerhebung und reduzierte den Einfluss des Beobachters auf ein Minimum. Dabei wurden die Untersuchungen bei einem Licht-Dunkelverhältnis von 14h:10h bei Raumtemperatur mit einer schwankenden rel. Luftfeuchte von 63% (Tag) zu 96% (Nacht) durchgeführt. Um das Questingverhalten von *I. ricinus* zu untersuchen, wurden mit experimentell FMSEV infizierte Nymphen und Kontrollzecken (Medium/PBS) in unabhängigen Arenen über einen Zeitraum von 28 Tagen untersucht.

Auf Grund der Ergebnisse kann der Untersuchungszeitraum in zwei Abschnitte unterteilt werden: in den ersten zwei Wochen waren die infizierten Zecken sehr aktiv, während die Kontrollzecken erst im zweiten Abschnitt aktiver wurden. Betrachtet man das Questingverhalten der aktiven Zecken auf den Stäben der Arenen, so zeigt sich, dass signifikant mehr PBS-Zecken, als infizierte, oder mit Medium behandelte Zecken im oberen Bereich nachgewiesen wurden. Im mittleren Bereich waren signifikant mehr infizierte Zecken als PBS- und Medium-Zecken detektierbar, während im unteren Bereich signifikant mehr Medium-Zecken als infizierte oder Kontrollzecken nachgewiesen wurden.

Dieser Laborversuch zeigt, dass FSME Viren sowohl die Questinghöhe als auch die -aktivität der Zecken beeinflussen.

Winteraktivität von Zecken – Erkenntnisse aus Feldarbeit, Zeckenplots und tierärztlichen Einsendungen

J. Probst¹, A. Springer¹, H. Williams², O. Kahl³, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

² Research Antiparasitics, MSD Animal Health Innovation GmbH

³ tick-radar GmbH, Berlin

Zecken stellen insbesondere durch ihre Vektorfunktion für human- und veterinärmedizinisch bedeutsame Erreger ein Problem dar. Derzeit lassen klimatische und ökologische Veränderungen, z.B. zunehmend mildere Winter und die Ausbreitung der Zeckenart *Dermacentor reticulatus*, die kältetoleranter als *Ixodes ricinus* ist, ein zunehmend ganzjähriges Zeckeninfestationsrisiko für Haustiere vermuten. Um die Winteraktivität von Zecken in Deutschland zu untersuchen, wurden drei verschiedene methodische Ansätze genutzt.

In Freilanduntersuchungen (Fänge von ungesogenen Zecken mit der Flaggmethode) zeigten sich erwartungsgemäß unterschiedliche Aktivitätspeaks von *I. ricinus* und *D. reticulatus*. Während *D. reticulatus* im Februar 2021 und jeweils im Oktober 2020 und 2021 deutliche Aktivitätspeaks zeigte, lagen diese für *I. ricinus* im (Früh)Sommer (2020: Mai/Juni; 2021: Juli), gefolgt von einem geringeren Peak im September. In den Wintermonaten Dezember-Februar war 2020/21 mit durchschnittlich 3 *I. ricinus*/100 m² und 13 *D. reticulatus*/100 m² eine deutlichere Zeckenaktivität zu verzeichnen als 2021/22 mit jeweils 1 *I. ricinus* bzw. 3 *D. reticulatus* pro 100 m². In sogenannten Zeckenplots waren in der Winterperiode 2021/22 im Durchschnitt pro Beobachtungstag 23 der 150 *D. reticulatus* (15,3 %) und 4 der 350 *I. ricinus* (1,1 %) aktiv. Im Rahmen einer einjährigen Einsendungsstudie von Zecken durch Tierärzte wurden 19.514 Zecken ausgewertet, davon wurden 15.943 (81,7 %) als *I. ricinus* und 2.013 (10,3 %) als *D. reticulatus* bestimmt. Im Zeitraum Dezember 2020-Februar 2021 wurden durchschnittlich 70 *I. ricinus* und 108 *D. reticulatus* pro Monat eingesandt.

Jeder methodische Ansatz zeigte somit für beide Zeckenarten auch in den Wintermonaten eine Aktivität. Zusätzlich besteht im Zusammenhang mit der Ausbreitung von *D. reticulatus* nunmehr bundesweit die Gefahr einer lebensbedrohlichen caninen Babesiose. Insbesondere für Hunde ist daher eine ganzjährige Zeckenprophylaxe unbedingt anzuraten.

Enterische Ganglioneuritis, ein häufiges Merkmal in einem subkutanen FSME-Mausinfektionsmodell

M. Boelke¹, C. Puff², K. Becker², F. Hellhammer¹, F. Gusmag¹, H. Marks², K. Liebig¹, K. Stiasny³, G. Dobler⁴, W. Baumgärtner², C. Schulz¹, S. Becker¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

² Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

³ Zentrum für Virologie, Medizinische Universität Wien

⁴ Nationales Konsiliarlabor für Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME), Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist eine schwere neurologische von Zecken-übertragene Erkrankung in Europa und Asien. Die Ausprägung der Krankheit reicht von asymptomatischen und milden bis zu schweren neurologischen Krankheitsbildern mit Meningitis, Enzephalitis, Meningoenzephalitis, mit potenziell tödlichem Ausgang. Der Mensch infiziert sich meist durch den Stich einer infizierten Zecke mit dem FSME-Virus (FSMEV). Gastrointestinale (GI) Symptome beim Menschen werden hauptsächlich der ersten virämischen Phase der FSME-Infektion mit unspezifischer Symptomatik zugeschrieben und/oder treten bedingt durch schwere neurologische Beeinträchtigungen des zentralen Nervensystems (ZNS) auf.

In dieser Studie wurde die subkutane FSMEV-Infektion von C57BL/6-Mäusen als Modell zur Untersuchung der GI-Komplikationen von FSME verwendet. Bei 10 von 22 subkutan infizierten Mäusen konnte eine akute Dehnung und segmentale Dilatation des Darmtraktes beobachtet werden. Die histologische Analyse zeigte eine Ganglioneuritis im myenterischen und submukösen Plexus des Dün- und Dickdarms. Der Schweregrad der Ganglioneuritis korrelierte mit der Anzahl an infiltrierenden Makrophagen und CD3+ T- Lymphozyten, was auf eine immunvermittelte Pathogenese aufgrund einer FSME-Infektion des Plexus entericus hinweist. Diese Studie zeigt, dass die Entzündung der intramuralen Ganglien des GI- Traktes ein gemeinsames Merkmal von FSME-infizierten Mäusen ist.

Dementsprechend unterstreichen die Ergebnisse dieses Mausmodells, dass die Manifestation der Erkrankung im GI-Trakt und die Konsequenzen für Langzeitfolgen bei FSMEV-Infektionen beim Menschen nicht vernachlässigt werden sollten und weitere Untersuchungen erforderlich sind.

6. Süddeutscher Zeckenkongress

Die Fachtagung wird von folgenden Firmen unterstützt:



Pfizer Pharma GmbH



BAVARIAN NORDIC

Bavarian Nordic GmbH



Hecht International GmbH



Hermes Arzneimittel GmbH



GPK Berg Apotheke



Labor Enders

