

26. – 28. Februar 2024



7. Süddeutscher Zeckenkongress

Willkommen zur wissenschaftlichen Fachtagung

14.00-14.15 Begrüßung

Prof. Dr. Ute Mackenstedt
Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim

14.15-14.45 Nuttalliellidae in burmesischem Bernstein: Auswirkungen auf die Zeckenentwicklung

Lidia Chitimia-Dobler¹, S. Handschuh², J. A. Dunlop³, R. Pienaar⁴, B. J. Mans^{4,5}

¹Bundeswehr Institute of Microbiology, Munich, Germany, Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research, Penzberg, Germany,
²VetCore Facility for Research / Imaging Unit, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria,
³Museum für Naturkunde, Leibniz Institute for Evolution and Biodiversity Science, Berlin, Germany, ⁴Epidemiology, Parasites and Vectors, Agricultural Research Council-Onderstepoort Veterinary Research, Onderstepoort, South Africa,
⁵Department of Life and Consumer Sciences, University of South Africa, Pretoria, South Africa

Datenanalyse

Vorsitz: Prof. Dr. Ute Mackenstedt

14.45-15.00 Tracing tick-borne pathogen evolution in light of a mosaic phylogeography

Daniel Lang¹, M. Bestehorn-Willmann¹, H. Sill¹, G. Dobler¹, J. Riehm², M. Antwerpen¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, ²Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) Oberschleißheim

15.00-15.15 Intensivierte Surveillance zur Identifizierung möglicher FSME-Infektionsorte in Bayern, ab Mai 2023

Jasmin Metz^{1,2,3}, S. Böhm^{1,4}, M. M. Böhmer^{1,5}

¹Sachgebiet Infektionsepidemiologie und Surveillance, Daten- und Modellierungseinheit (GI-TFI2), Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, München, Deutschland,

²Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE), Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland,

³ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology Path (EPIET), Europäisches Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC), Solna, Schweden,

⁴Medizinische Fakultät Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland, ⁵Institut für Sozialmedizin und Gesundheitssystemforschung, Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg, Deutschland

15.15-15.30 Wissen, Einstellungen und Verhalten zu Zeckenprävention und zeckenübertragenen Erkrankungen – Befragung von Lyme-Borreliose-Fällen in Bayern in 2019

Stefanie Böhm¹, V. Fingerle¹, M. M. Böhmer¹

¹Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

15.30–16.00 Das natürliche Loslassverhalten der Zecken Ixodes ricinus

Oliver Heinekamp¹, Horst Stehr¹

¹Malipano GmbH, Bayreuth

16.00 - 16.40 Kaffeepause

Kurzpräsentation der Poster

Vorsitz: Prof. Dr. Ard Nijhof/ Prof. Dr. Christina Strube

16.40-16.45 A Survey on Knowledge, Attitudes and Practices on Tick-Borne Encephalitis and TBE Vaccination in Germany

Claudius Malerczyk¹, L. Schröder¹, A. Pilz², C. von Eiff¹

¹Pfizer Pharma GmbH, ²Pfizer Corporatio

16.47-16.52 In vitro feeding of all life stages of two-host *Hyalomma excavatum* and *Hyalomma scupense* and three-host *Hyalomma dromedarii* ticks

Khawla Elati¹, H. Benyedem², K. Fukatsu³, P. Hoffmann-Köhler¹,
M. Mhadhbi², S. Bakırcı⁴, H. B. Bilgiç⁴, T. Karagenç⁴, M. A. Darghouth², A. M. Nijhof¹

¹Department of Veterinary Medicine, Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität Berlin, Berlin, Germany,

²Laboratoire de Parasitologie, Institution de la Recherche et de l'Enseignement Supérieur Agricoles, École Nationale de Médecine Vétérinaire de Sidi Thabet, Univ. Manouba, Sidi Thabet, Tunisia,

³Research Center, Nihon Nohyaku Co., Ltd., Osaka, Japan,

⁴Faculty of Veterinary Medicine, Department of Parasitology, Aydın Adnan Menderes University, Isikli-Efeler, Aydın, Türkiye

16.54-16.59 Erste Untersuchung von freilebenden Zecken auf der Nordseeinsel Helgoland

Robert E. Rollins¹, J. Dierschke¹, A. Obiegala², L. Chitimia-Dobler³, M. Liedvogel¹

¹Institut für Vogelforschung "Vogelwarte Helgoland",

²Institut für Öffentliches Tiergesundheitswesen, Universität Leipzig,

³Bundeswehr Institute of Microbiology; Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research

17.01 – 17.06 Comparison of survey results from 21 European countries on TBE vaccine awareness and uptake, the perception of TBE risk and protection

Andreas Pilz¹, S. Archer¹, H. Madhava¹

¹Pfizer Pharma GmbH

17.08-17.13 Bundesweite Erhebung der Borrelia-Prävalenz und -Artverteilung bei *Ixodes ricinus*-Zecken in Deutschland

Jennifer Raasch¹, A. Springer¹, M. Pfeffer², U. Mackenstedt³, O. Kahl⁴, C. Strube¹

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

²Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Universität Leipzig

³Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart,

⁴tick-radar GmbH, Berlin

17.15-17.18 Establishing a State-of-the-Art Infrastructure for Arthropod Repellent Discovery

J. Roßberg¹, S. Leverenz¹, M. Vlot², K. Dechering², M. Vos², R. Henderson², J. Konijnenburg², D. Geuß¹, C. Ali¹, M. Jonas¹, **Hans Dautel**¹, K. Büchel¹

¹IS Insect Services GmbH,

²TropIQ Health Science

17.20-17.25 Unterschiede in der Aktivität von *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus* – Marathon- oder Etappenläufer?

Julia Probst¹, A. Springer¹ und C. Strube¹

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

17.27-17.33 Die Einschleppung von Braunen Hundezecken nach Deutschland

Katrin Fachet, A. Lindau, U. Mackenstedt

Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

17.35 -17.40 Bovine Babesiose in einem norddeutschen Rinderbestand: Endemisierung und Management

Andrea Springer¹, M. Höltershinken², D. Barutzki³, C. Strube¹

¹ Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, ² Klinik für Rinder, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover,

³ Tierärztliches Labor Freiburg GmbH

17.42 -17.47 *Metarhizium pemphigi* als vielversprechende Strategie zur Eindämmung von FSMEV Naturherden

Katrin Facht¹, A. Lindau¹, J. Oberle¹, M. Grünke¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

Ende des 1.Tages

Vorsitz: Prof. Dr. Martin Pfeffer

9.00 - 9.30 Vektorkompetenz von Zecken für Pathogene: Anwendung und zunehmender Missbrauch eines öko-epidemiologischen Schlüsselkonzepts

Olaf Kahl¹

¹tick-radar GmbH

Nachwuchswissenschaftler*innen in der Zeckenforschung

9.45 – 10.00 Borrelien-Prävalenz in *Ixodes ricinus* Zecken entlang eines Landnutzungsgradienten und in Abhängigkeit vom Zeckenalter in der Schwäbischen Alb

Sara Weilage¹, L. Chitimia-Dobler^{2,3}, M. Müller⁴, M. Pfeffer¹, A. Obiegala¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, An den Tierkliniken 1, 04103 Leipzig, Deutschland,

²Bundeswehr Institut für Mikrobiologie, Neuherbergstraße 11, 80937, München, Deutschland,

³Fraunhofer Institut für Immunologie, Infektions- und Pandemieforschung, Türkenstraße 89 Penzberg, Deutschland, ⁴Institut für Evolutionsökologie Universität Ulm, Albert-Einstein-Allee 11, 89081 Ulm, Deutschland

10.00 – 10.15 Equine Piroplasmose bei einer Pferdeherde im Landkreis Rastatt – Ein Fallbericht

Rebecca Vogt¹, A. Lindau¹, K. Facht¹, M. Grünke¹, S. Müller², U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie, Stuttgart, Deutschland

²Tierseuchenkasse Baden-Württemberg, Pferdegesundheitsdienst, Fellbach, Deutschland

10.15 – 10.30 „Lass dich nicht ZECKEN!“: Eine Informationskampagne zur Prävention zeckenübertragener Erkrankungen in Bayern als Teil der TBD-Prev-Studie

Franziska S. Saller¹, B. Greutelaers¹, L. Coyer^{1,2}, S. Böhm^{1,3}, M. M. Böhmer^{1,4}

¹Sachgebiet Infektionsepidemiologie und Surveillance, Daten- und Modellierungsunit (GI-TFI2), Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, München, Deutschland, ²ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology Path (EPIET), Europäisches Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC), Solna, Schweden, ³Medizinische Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München, München, Deutschland, ⁴Institut für Sozialmedizin und Gesundheitssystemforschung, Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg, Deutschland

10.30 – 10.45 Untersuchungen zum Vorkommen von FSME-Viren und Borrelien an ausgewählten FSME-Foci im Landkreis Ravensburg 2023

Sarah Laib¹, A. Lindau¹, K. Fachtet¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet für Parasitologie

10.45 -11.30 Kaffeepause

Zecken und Pathogene

Vorsitz: Dr. Hans Dautel

11.30-11.45 Beschreibung von Zecken (Acari: Ixodidae) aus Dominikanischem Bernstein unter Berücksichtigung der rezenten Gattung *Amblyomma*

M. Milde^{1,2}, T. F. Martins^{3,4}, D. Harms⁵, J. Hammel⁶, U. Kotthoff⁵,
Lidia Chitimia-Dobler^{7,8}

¹Institute for Geology, Universität Hamburg, Bundesstraße 55, Hamburg 20146, Germany, ²Leibniz-Institute for the Analysis of Biodiversity Change (LIB), Martin-Luther-King-Platz 3, Hamburg 20146, Germany,

³Institut Pasteur of the São Paulo State Department of Health, São Paulo, Brazil,

⁴Faculty of Veterinary Medicine and Animal Science of the University of São Paulo, São Paulo, Brazil, ⁵Leibniz-Institute for the Analysis of Biodiversity Change (LIB), Martin-Luther-King-Platz 3, Hamburg 20146, Germany, ⁶Helmholtz-Zentrum Hereon, Institute of Materials Physics, Max-Planck-Str. 1 Geesthacht 21502, Germany, ⁷Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research, Penzberg, Germany, ⁸Bundeswehr Institute of Microbiology, Neuherbergstrasse 11, 80937 Munich, Germany

11.45-12.00 Ticks parasitizing *Falco eleonora* collected from the Antikythira Island: Description of a new *Haemaphysalis* (subgenus *Ornithophysalis*) species belonging to the *Haemaphysalis doenitzi*- group based on phylogenetic and morphological data

L. Chitimia-Dobler¹, A. Bounas², C. Kassara², C. Barboutis², B. Mans³,
Anastasios Saratsis⁴

¹Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research, Penzberg, Germany,

²Antikythira Bird Observatory, Hellenic Ornithological Society/Bird Life Greece, Athens, Greece,

³Epidemiology, Parasites and Vectors, Agricultural Research Council-Onderstepoort Veterinary Research, Onderstepoort, South Africa,

⁴Veterinary Research Institute, Hellenic Agricultural Organisation-Dimitra, Thermi, Greece

12.00 -12.15 Artificial tick feeding of *Hyalomma* ticks and in vitro infection of erythrocytes with *Theileria annulata* merozoites: valuable tools in completing the *T. annulata* life cycle in vitro

Khawla Elati¹, S. Tajeri¹, E. Zwegarth¹, P. Hoffmann-Köhler¹, M. A. Darghouth²,
A. Nijhof¹

¹Department of Veterinary Medicine, Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität Berlin, Berlin, Germany,

²Laboratoire de Parasitologie, Institution de la Recherche et de l'Enseignement Supérieur Agricoles, École Nationale de Médecine Vétérinaire de Sidi Thabet, Univ. Manouba, Sidi Thabet, Tunisia

12.50-14.00 Postersession und Mittagspause (Mensa)

Pathogene I

Vorsitz: Prof. Dr. Gerhard Dobler

14.00 - 14.15 Fleckfiebrickettsien in Zecken und Kleinsäugetern in Grünland- und Waldhabitaten Mitteldeutschlands

C. Arz¹, N. Król¹, C. Imholt², K. Jeske³, Z. Rentería-Solís⁴, R. G. Ulrich³, J. Jacob², **Martin Pfeffer**¹, A. Obiegala¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, ²Julius-Kühn-Institut, ³Friedrich-Loeffler-Institut, ⁴Institut für Parasitologie, ⁴Bayer Vital GmbH, Leverkusen; ⁵Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Oberschleißheim;

14.15 - 14.30 Zecken und zecken-übertragene Bakterien in Argentinien: Ein kurzer Überblick

Patrick S. Sebastian¹, E. L. Tarragona¹, J. M. Venza², A. J. Mangold¹, A. A. Guglielomone¹, S. Nava¹

¹Dairy Chain Research Institute - National Institute of Agricultural Technology, Rafaela, Argentina, ²CENUR Litoral Norte, Universidad de la República, Uruguay

14.30-14.45 Landnutzungsintensität als Einflussfaktor auf die Prävalenz von *Neoehrlichia mikurensis* und *Borrelia burgdorferi* s.l. in Zecken aus Mitteldeutschland

S. Lassen¹, C. Imholt², N. Król¹, L. Gothe³, J. Jacob², M. Pfeffer¹, **Anna Obiegala**¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, An den Tierkliniken 1, 04103 Leipzig, Deutschland, ²Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Julius Kühn-Institut, Toppheideweg 88, 48161 Münster, Deutschland, ³Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Fachgebiet 3.6 Virologie, Bahnhofstraße 58/60, 04158 Leipzig, Deutschland

Programmablauf 27. Februar 2024, Hörsaal Ö2

10

14.45 – 15.00 Identifikation und Monitoring von FSME-Naturherden basierend auf humanen Erkrankungsfällen

J. Oberle, K. Fachet, **Alexander Lindau**, U. Mackenstedt

Universität Hohenheim, Institut für Biologie, Fachgebiet Parasitologie

15.00-15.30 Kaffeepause

Biologie und Epidemiologie von Zecken

Vorsitz: Dr. Olaf Kahl

15.30-15.45 The smell of carbon dioxide: Sensory neurobiology of tick host-seeking and host-preference

Carola Städele

Institut für Neuro- und Sinnesphysiologie, Universitätsmedizin Göttingen (UMG)

15.45 – 16.00 Jenseits von Umweltkontaminanten: Ursprung und Beschreibung des Kernmikrobioms von *Ixodes-ricinus*-Zecken

A. Wiesinger⁴, L. Chitimia-Dobler², G. Dobler², I. Lagkouvardos³, S. Hiereth⁴, **Jasmin Wenderlein⁵**, R. K. Straubinger⁴

¹LMU München, ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, ³Hellenic Centre for Marine Research, ⁴LMU München, ⁵LMU München und BfR

16.00 – 16.15 Abundanz von *Ixodes ricinus* in Norddeutschland und beeinflussende Faktoren in den Jahren 2021-2023

Andrea Springer¹, O. Bozbey¹, J. Probst¹, I. Bulling², Mathis Komorek²,
Martin Komorek², O. Kahl², C. Strube¹

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

16,15 – 16.30 Untersuchungen zur Überlebensfähigkeit von Braunen Hundezecken in Deutschland – erste Ergebnisse

Katrin Facht¹, A. Lindau¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

16.30 – 16.45 Aktivität und Bewegungsmuster von *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus* – erste Ergebnisse aus Zeckenplots und Freilanduntersuchungen

Julia Probst¹, J. Rapp¹, M.-K. Raulf¹, A. Springer¹, C. Strube¹

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

Ende des 2.Tages

Vorsitz: Prof. Dr. Christina Strube

9.30 – 10.00 FSME bei Tieren

Martin Pfeffer¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, An den Tierkliniken 1, 04103 Leipzig

FSME

10.00-10.15 Schneider'sche Krankheit - Wer war Hans Schneider, der Erstbeschreiber der heutigen FSME?

Mirko Lange¹, L. Chitimia-Dobler¹, G. Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

10.15 – 10.30 FSME-Impf- und - Infektionsprävalenz bei Blutspendern im österreichischen Bundesland Oberösterreich

Gerhard Dobler¹, J. Borde², S. Süßner³

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr,

²Gesundheitszentrum Oberkirch,

³Blutspendedienst Oberösterreichisches Rotes Kreuz

10.30 – 10.45 Untersuchungen zur Wirtssuchaktivität FSME-infizierter und nichtinfizierter *Ixodes ricinus* unter Freilandbedingungen

Alexander Lindau¹, K. Facht¹, M. Grünke¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

10.45 - 11.20 Kaffeepause

Pathogene II

Vorsitz: Prof. Dr. Martin Pfeffer

11.20 – 11.35 Differenzierung von FSME-Subtyp-Infektionen mittels NS1-IgG Antikörper-Testung

Gerhard Dobler¹, Z. Freimane², L. Chitimia-Dobler³, D. Zavadska²

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr,

²Dept. of Pediatrics, Stradins University Riga, Latvia,

³Fraunhofer-Institut für Immunologie, Infektions- und Pandemieforschung

11.35-12.00 *Francisella tularensis holarctica* in Zecken aus dem Schlosspark Nymphenburg – Ein Naturherd

G. Dobler¹, L. Chitimia-Dobler¹, M. Böhmer², H. Sill¹, M. Antwerpen¹,
Heiner von Buttlar¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr,

²Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

12.00 – 12.15 Der Einfluss von Temperatur auf FSME-Viren in Zecken

Alexander Lindau¹, K. Facht¹, F. Greiner¹, G. Dobler^{1,2}, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie, Stuttgart,

²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

12.15 – 12.30 *Babesia canis*-Infektionen bei *Dermacentor reticulatus* aus Deutschland

Andrea Springer¹, A. Lindau², J. Probst¹, K. Facht², G. Dobler³, U. Mackenstedt²,
C. Strube¹

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

²Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim,

³Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Abschließende Diskussion und Ende der Tagung

Nuttalliellidae in burmesischem Bernstein: Auswirkungen auf die Zeckenentwicklung**Lidia Chitimia-Dobler¹, S. Handschuh², J. A. Dunlop³, R. Pienaar⁴, B. J. Mans^{4,5}**

1Bundeswehr Institute of Microbiology, Munich, Germany, Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research, Penzberg, Germany

2VetCore Facility for Research / Imaging Unit, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria

3Museum für Naturkunde, Leibniz Institute for Evolution and Biodiversity Science, Berlin, Germany

4Epidemiology, Parasites and Vectors, Agricultural Research Council-Onderstepoort Veterinary Research, Onderstepoort, South Africa

5Department of Life and Consumer Sciences, University of South Africa, Pretoria, South Africa

Die Ordnung Ixodida besteht aus drei existierenden Familien (Argasidae, Ixodidae, Nuttalliellidae) und zwei ausgestorbenen Familien (Deinocrotonidae, Khimairidae). Die Familie Nuttalliellidae enthält nur eine vorhandene Art, *Nuttalliella namaqua*, die auf die Afrotropen begrenzt ist. Eine basale Verwandtschaft mit Schild- und Lederzecken und ihre begrenzte Verbreitung lassen auf einen Ursprung der Zecken in den Afrotropen schließen. Die Deinocrotonidae wurden in Bernstein aus Myanmar und Spanien gefunden, was auf eine größere Verbreitung dieser Linie schließen lässt. Die aktuelle Studie beschreibt acht Fossilien aus burmesischem Bernstein aus der mittleren Kreidezeit: zwei *Deinocroton*-Arten, fünf *Nuttalliella*-Arten, sowie eine neue Gattung und Art. Diese Ergebnisse zeigen, dass *Deinocroton* keine eigene Familie mehr rechtfertigt, sondern Teil der Nuttalliellidae ist, die drei Gattungen umfasst: *Deinocroton*, *Nuttalliella*, sowie eine neue Gattung. Ähnlichkeiten burmesischer Zeckenfossilien zu Zecken der australasiatischen Region, insbesondere im Zusammenhang mit der Abspaltung des Burma-Terrains aus Nordaustralien vor etwa 150 Millionen Jahren, lassen darauf schließen, dass *Nuttalliella* früher eine größere Verbreitung hatte. Die Verbreitung von *Nuttalliella* erstreckte sich wahrscheinlich von Afrika über die Antarktis und weite Teile Australiens, was darauf hindeutet, dass möglicherweise noch heute Mitglieder von *Nuttalliella* in Australien gefunden werden könnten. Überlegungen zum biogeografischen Ursprung von Zecken können aktuell allerdings einen afrotropischen Ursprung nicht ausschließen.

Datenanalyse

Tracing tick-borne pathogen evolution in light of a mosaic phylogeography

Daniel Lang¹, M. Bestehorn-Willmann¹, H. Sill¹, G. Dobler¹, J. Riehm², M. Antwerpen¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

²Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) Oberschleißheim

The SARS-COV-2 pandemic once more demonstrated the necessity to delineate evolutionary clades in order to monitor, trace and control the threats posed by pathogens. The definition and study of these viral clades was community-driven and heavily relied on the expertise of hundreds of scientists. These labor-intensive efforts involved the manual definition of clades and mutations that enabled the AI-driven high-throughput classification with tools like PANGOLIN and Nextclade.

While they represent success stories, these approaches cannot be readily transferred to other pathogens. The underlying phylogenetics require continued manual intervention and expert knowledge and strongly depend on the quality and composition of datasets. Clearly, not all pathogens are studied on such a global scale as SARS-COV-2. Thus, applying such approaches to molecular epidemiology and bioforensics in a growing number of viral and bacterial pathogens, does not scale well.

To tackle these issues, I have developed Tree and Forest Graph algorithms which enable the automated clade definition and study of evolutionary relationships as networks of pathogen isolates that can be mined and overlaid with patient/tick metadata using graph algorithms and other AI approaches. I will demonstrate the application of the novel forest2net approach for the study of tick-borne viral and bacterial pathogens.

Driven by the complex, highly variable host-dependent migration patterns of the tick vectors, tick-borne pathogens often display mosaic phylogeography. As these factors obfuscate the relationship of phylogenetic and physical distance, they need to be modelled correctly in e.g. epidemiological and bioforensics analyses. I will present example of these patterns and discuss approaches to tackle them.

Intensivierte Surveillance zur Identifizierung möglicher FSME-Infektionsorte in Bayern, ab Mai 2023

Jasmin Metz^{1,2,3}, S. Böhm^{1,4}, M. M. Böhmer^{1,5}

¹Sachgebiet Infektionsepidemiologie und Surveillance, Daten- und Modellierungseinheit (GI-TF12), Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, München, Deutschland

²Postgraduiertenausbildung für angewandte Epidemiologie (PAE), Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland;

³ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology Path (EPIET), Europäisches Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC), Solna, Schweden

⁴Medizinische Fakultät Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland

⁵Institut für Sozialmedizin und Gesundheitssystemforschung, Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg, Deutschland

Hintergrund: In Bayern ist ein Anstieg und eine geografische Ausbreitung von Erkrankungsfällen der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) zu verzeichnen. Ein erhöhtes Risiko geht von FSME-Naturherden aus, in denen das FSME-Virus zirkuliert. In der Surveillance nach Infektionsschutzgesetz wird der Infektionsort (IO) nur auf Landkreisebene erfasst. Im Jahr 2023 wurde in Bayern eine intensivierte Surveillance zur detaillierten Erfassung von FSME-IO initiiert. Ziel war es, Übertragungsorte kleinräumiger zu erfassen, um Hinweise auf unbekannte Naturherde zu erhalten und den Ansatz zur Datenerhebung zu evaluieren.

Methoden: Ab Mai 2023 wurden gemeldete FSME-Fälle zu einer anonymen Online-Befragung eingeladen. Teilnehmende lokalisierten IO mittels eines digitalen Kartierungstools. Die Befragungsdaten wurden mit den Surveillancedaten verknüpft, um die Rücklaufquote zu analysieren. Die erhobenen IO wurden in einer Heatmap dargestellt, um lokale Cluster zu visualisieren und sie mit bekannten Naturherden zu vergleichen.

Vorläufige Ergebnisse: Von 219 eingeladenen Fällen nahmen 58 teil (Response: 27%). Der Rücklauf war am höchsten in den Altersgruppen der 50-59 (39%) und 70-79-Jährigen (31%), am geringsten bei den 0-10-Jährigen (0%). Die Teilnehmenden gaben 82 IO in Bayern und mehrheitlich einen IO an (68%). Für 6 IO (9%) befindet sich ein bestätigter Naturherd in der Umgebung, 60% liegen in Landkreisen mit hoher Inzidenz.

Diskussion: Die Daten weisen auf lokale Häufungen von IO hin. Detaillierte Informationen zu IO können dazu beitragen, unbekannte Naturherde zu identifizieren. Die Bereitstellung dieser Information für die Bevölkerung kann bestehende FSME-Präventionsstrategien ergänzen. Die am stärksten betroffenen Altersgruppen (>60 Jahre) konnten mit dem Befragungstool erreicht werden. Durch die zunehmende Verbreitung von FSME ändert sich das regionale Infektionsrisiko. Um dies zu adressieren, sollte die Erhebung verstetigt werden, z.B. in Form eines Citizen-Science Projekts.

Datenanalyse

Wissen, Einstellungen und Verhalten zu Zeckenprävention und zeckenübertragenen Erkrankungen – Befragung von Lyme-Borreliose-Fällen in Bayern in 2019

Stefanie Böhm¹, V. Fingerle¹, M. M. Böhmer¹

¹Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

Hintergrund: Für die Lyme-Borreliose (LB), die häufigste zeckenübertragene Erkrankung in Deutschland, gibt es keine zugelassene Impfung, weshalb individuelle Maßnahmen zum Schutz vor Zeckenstichen die Hauptpräventionsmöglichkeit darstellen. Deren Anwendung hängt maßgeblich von Wissens- und Einstellungsfaktoren ab. Mit dem Ziel, Informationsbedarf für künftige Präventionskampagnen zu ermitteln, befragten wir LB-Fälle zu deren Wissen, Einstellungen und Verhalten in Bezug auf Zeckenprävention und zeckenübertragene Krankheiten vor ihrer LB.

Methoden: Hierzu entwickelten wir einen Fragebogen und luden einen Teil der zwischen Kalenderwoche 23–35 2019 in Bayern gemeldeten LB-Fälle zur Teilnahme (online/Papierform) ein. Neben der deskriptiven Auswertung wurden mittels inferentieller Methoden Zusammenhänge zwischen Variablen untersucht.

Ergebnisse: Es nahmen 377 (34%) der 1.105 eingeladenen Fälle an der Studie teil, 300 Jugendliche/Erwachsene (Median: 59 Jahre (14–89)) und 77 Kinder (Median: 6 Jahre (0–14)). Falschwissen oder Unwissenheit zeigten sich vor allem in den Annahmen, es gäbe keine verfügbaren zeckenspezifischen Abwehrmittel (48%), es bestünde kein Risiko einer Borrelien-Infektion im Wohnlandkreis (25%), Zecken fielen von Bäumen (22%) und es gäbe einen LB-Impfstoff (21%). Obwohl die meisten das Absuchen nach Zecken nach einem Aufenthalt im Freien, das Tragen langer Kleidung, geschlossener Schuhe und die Hose in Socken zu stecken als einen wirksamen Schutz vor Zeckenstichen einschätzen, wendet ein geringerer Anteil diese Maßnahmen regelmäßig an (99% vs. 72%; 94% vs. 40%, 88% vs. 51%; 85% vs. 16%).

Diskussion: Obschon Teilnehmende zumeist gut informiert waren, wurde Falschwissen identifiziert. Allein das Wissen über Schutzmaßnahmen und diese als effektiv einzuschätzen war kein Garant für deren Anwendung. Zukünftige Informationskampagnen sollten auf detektierte Wissenslücken eingehen und noch zu klärende Gründe für eine Anwendung von Schutzmaßnahmen einbeziehen.

Das natürliche Loslassverhalten der Zecken *Ixodes ricinus***Oliver Heinekamp¹, Horst Stehr¹**¹Malipano GmbH, Bayreuth

Der Referent hat sich in einem kleinen Team wissenschaftlicher Laien intensiv damit befasst, wie Zecken auf natürliche Weise ihren Wirt verlassen, und dazu umfassende Beobachtungen gemacht. Dieses Team hat seine Studien begonnen mit der Beobachtung von Zecken, die sich aus der Haut erlegter Rehe herausbewegten und unter anderem im Selbstversuch Laborzecken auf der eigenen Haut angesetzt. Die Erkenntnis ist, dass das natürliche Loslassverhalten der Zecken (*Ixodes ricinus*) in unterschiedlich ausgeprägten Rotationsbewegungen besteht, je nach Entwicklungsstadium der Zecke (Larven, Nymphen oder Adulte). In dem Vortrag werden überraschende Videoaufnahmen gezeigt und es wird eine logische Erklärung vorgetragen, weshalb die Zecken in der Natur durch Drehbewegungen ihre Hypostome aus dem Wirt lösen.

Posterpräsentation

A Survey on Knowledge, Attitudes and Practices on Tick-Borne Encephalitis and TBE Vaccination in Germany

Claudius Malerczyk¹, L. Schröder¹, A. Pilz², C. von Eiff¹

¹Pfizer Pharma GmbH

²Pfizer Corporation

TBE is a viral infectious disease that can be associated with a severe course and with long-term sequelae. Adequate vaccination is effective in preventing TBE, but vaccination rates remain relatively low, even in areas with high TBE incidence.

In 2023, a population survey in Germany on knowledge, attitudes and practices on TBE and its prevention through vaccination was performed with 27,394 individuals, including 17,169 household members (conducted by Ipsos GmbH).

While 66% of all respondents were aware of TBE disease, 63% of respondents were aware of TBE vaccines and 56% (of all with clarified vaccination status) had ever received one or more injections. Vaccination rates, however, differed widely between TBE-endemic and non-endemic Federal States (states with no or only single RKI-designated TBE risk areas), ranging from 38 to 70%.

Completion of the 3-dose vaccination schedule among TBE-vaccinated in due time (where immunization data was available, n=5,862) was observed in 38%, with 43% in endemic areas and 33% in non-endemic areas. Overall, only 20% of in due time vaccinated respondents reported to have received one or more booster injections; 77% believed to be vaccinated according to recommendations, however in this group only up to 36% are currently vaccinated according to the recommended schedule (as measured among those where injection data was available), hence can be considered as fully protected.

Altogether, 54% of all participants self-reported that they had been bitten by a tick in the past, which was among the top 3 motivations of getting vaccinated (18%). Main barriers to vaccination were the perception of not living in a risk area (37%) and not travelling to a risk area (35%).

This survey demonstrates that general awareness and knowledge about TBE and existing vaccines is quite high, however more education is needed to inform on the nationwide risk of TBE infection and to motivate for vaccination as the most effective prevention approach.

In vitro feeding of all life stages of two-host *Hyalomma excavatum* and *Hyalomma scupense* and three-host *Hyalomma dromedarii* ticks

Khawla Elati¹, H. Benyedem², K. Fukatsu³, P. Hoffmann-Köhler¹, M. Mhadhbi², S. Bakırcı⁴, H. B. Bilgiç⁴, T. Karagenç⁴, M. A. Darghouth², A. M. Nijhof¹

¹Department of Veterinary Medicine, Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität Berlin, Berlin, Germany

²Laboratoire de Parasitologie, Institution de la Recherche et de l'Enseignement Supérieur Agricoles, École Nationale de Médecine Vétérinaire de Sidi Thabet, Univ. Manouba, Sidi Thabet, Tunisia

³Research Center, Nihon Nohyaku Co., Ltd., Osaka, Japan

⁴Faculty of Veterinary Medicine, Department of Parasitology, Aydın Adnan Menderes University, Isıklı-Efeler, Aydın, Türkiye

Ticks are ectoparasites and vectors for various pathogens infecting humans and animals worldwide. This includes several species of the *Hyalomma* genus that are associated with the transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever virus in humans and *Theileria annulata* in livestock. Studies on the biology of these ticks frequently require laboratory tick colonies that are reared and maintained on animals. However, the artificial feeding of ticks has attracted increased interest as an alternative method to feeding on animals.

Life stages of two-host ticks *H. scupense* and *H. excavatum* and the three-host tick *H. dromedarii* were fed in vitro following methods previously described for *Ixodes ricinus*.

The attachment and engorgement rates of adults were 84% (21/25) and 76% (19/25) for *H. scupense* females. For adult *H. excavatum* and *H. dromedarii*, 70% (21/30) and 34.4% (11/32) of the females attached and all attached females successfully fed to repletion. The oviposition rates of the artificially fed females were 36.4%, 57.1% and 63.1% for *H. dromedarii*, *H. excavatum* and *H. scupense*, respectively, with a reproductive efficiency index varying between 44.3 and 60.7%.

For the larvae, the attachment and engorgement rates were 44.2% (313/708) and 42.8% (303/708) for *H. dromedarii*, 70.5% (129/183) and 56.8% (104/183) for *H. excavatum* and 92.6% (113/122) and 55.7% (68/122) for *H. scupense*. The attachment and engorgement rates for the nymphs were 90.2% (129/143) and 47.6% (68/143) for *H. dromedarii*, 66.7% (34/51) and 41.2% (21/51) for *H. excavatum*, and 44.1% (30/68) and 36.8% (25/68) for *H. scupense*. Molting rates of the immature stages varied between 71.3% (216/303) and 100% (68/68) for the larvae and between 61.9% (13/21) and 96% (24/25) for the nymphs.

We report on the successful in vitro feeding of all stages of the three *Hyalomma* species however further investigations are required to assess the long-term impact of the ATFS on tick microbiota, tick fitness and tick fecundity.

Posterpräsentation

Erste Untersuchung von freilebenden Zecken auf der Nordseeinsel Helgoland

Robert E. Rollins¹, J. Dierschke¹, A. Obiegala², L. Chitimia-Dobler³, M. Liedvogel¹

¹Institut für Vogelforschung "Vogelwarte Helgoland"

²Institut für Öffentliches Tiergesundheitswesen, Universität Leipzig

³Bundeswehr Institute of Microbiology; Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research

Es ist bekannt, dass Zecken Zugvögel parasitieren, und das Zugverhalten ihrer Wirte dazu nutzen können, um neue Lebensräume zu besiedeln. Inselsysteme wie Helgoland bieten die Möglichkeit, dieses Phänomen/Verhalten in einem geografisch isolierten Gebiet zu untersuchen. Um die Voraussetzungen hierfür zu schaffen, wurde die lokale Zeckenpopulation auf der Insel in 2023 beprobt. Ebenfalls wurde das Probenmaterial auf zeckenübertragbare Krankheitserreger untersucht, um das potenzielle Gesundheitsrisiko für den Menschen zu charakterisieren. Im Juni 2023 wurde an drei Orten auf der Insel Helgoland über 6 Tage (2 Tage pro Ort) Zecken gesammelt: Oberland, Nordostgelände und Mittelland. Während dieser Zeit wurden 50 Zecken gesammelt und morphologisch als *Ixodes ricinus* (n=24) und *Haemaphysalis punctata* (n=26) identifiziert. Die Zecken wurden zusätzlich mit verschiedenen spezifischen Screening-PCRs getestet, die zeigten, dass 42 % der *I. ricinus* positiv auf *Borrelia burgdorferi* s.l. und 15 % der *H. punctata* positiv auf *Rickettsia* waren. In den gesammelten *H. punctata* Zecken wurden keine anderen gängigen durch Zecken übertragbaren Krankheitserreger gefunden (TBEV, *Coxiella*, *Francisella*, *Babesia*). *Haemaphysalis punctata* ist in Deutschland nicht weit verbreitete Zeckenart, von der nur drei Nachweise bekannt sind, wobei ein Nachweis aus den 1970er Jahren auch von Ostfriesischen Inseln stammen. Da *H. punctata* auf Laub und nicht auf einem Wirt gefunden wurden, zeigen unsere Ergebnisse, dass auf Helgoland eine lokale Zeckenpopulation vorhanden ist, wodurch ein System zur Untersuchung des Austauschs von durch Zecken übertragenen Krankheitserregern in einem geografisch begrenzten Umfeld gegeben ist. Unsere Ergebnisse verdeutlichen auch das potenzielle Gesundheitsrisiko, das Zecken auf Helgoland für Nutztiere, Haustiere und Menschen darstellen könnten, was die Notwendigkeit weiterer Untersuchungen unterstützt.

Comparison of survey results from 21 European countries on TBE vaccine awareness and uptake, the perception of TBE risk and protection

Andreas Pilz¹, S. Archer¹, H. Madhava¹

¹Pfizer Pharma GmbH

Tick-borne encephalitis (TBE) is the second most important vector borne disease in the northern hemisphere after Lyme Borreliosis with nearly 3000 cases reported to the ECDC across Europe in 2021. Despite vaccination being the most effective prevention measure, according to the WHO, vaccination rates remain relatively low in most countries across Europe.

In 2023, a Pfizer sponsored population survey including questions, from TBE awareness, vaccine uptake and compliance to vaccination knowledge and TBE risk perception, was conducted by Ipsos GmbH in 21 countries in Europe which included 51961 respondents representing 155952 household members.

On average across all countries, 56% of all respondents were aware of TBE disease, 42% of TBE vaccines and 27% of clarified cases had received at least one TBE vaccination. For all measures, a broad variation was observed especially between TBE endemic and non-endemic countries.

The completion rate among vaccinated for the primary vaccination schedule including 3 doses ranged from 8% in the UK to 68% in Austria and for the first booster vaccination from 3% in the UK to 56% in Austria. The percentage of all vaccinated subjects, who were within the licensed vaccination schedule at the time of the survey and therefore considered “protected” ranged from 12% in Denmark to 65% in Lithuania.

Even in countries considered fully endemic for TBE only 43-86% of people perceived themselves as living in a risk area. Although 56% to 80% of TBE vaccinated people believe to be vaccinated according to recommendations, in reality only 18% to 75% of those subjects are according to their own vaccination records.

This survey shows that across Europe, despite high TBE disease and vaccine awareness among the general population, additional information and education is needed as a substantial proportion of people do not recognize that they are living in a TBE risk area or that they are currently not vaccinated according to recommendations.

Posterpräsentation

Bundesweite Erhebung der *Borrelia*-Prävalenz und -Artverteilung bei *Ixodes ricinus*-Zecken in Deutschland

Jennifer Raasch¹, A. Springer¹, M. Pfeffer², U. Mackenstedt³, O. Kahl⁴, C. Strube¹

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

²Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Universität Leipzig

³Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

⁴tick-radar GmbH, Berlin

Der Gemeine Holzbock *Ixodes ricinus* ist durch seine Vektorfunktion für verschiedene Krankheitserreger in weiten Teilen Europas inklusive Deutschlands die bedeutendste Zeckenart. Die häufigste durch Zecken übertragene Krankheit ist die Lyme-Borreliose (LB), die durch spirochätale Bakterien des *Borrelia burgdorferi* sensu lato (s.l.)-Komplexes ausgelöst wird. Eine Auswertung von Krankenkassendaten lässt auf bis zu 300.000 Neuerkrankungen pro Jahr in Deutschland schließen und zeigte regionale Unterschiede in der Diagnosehäufigkeit der LB auf, wobei höhere Werte im Osten Deutschlands sowie in Rheinland-Pfalz festgestellt wurden (Akmatov et al. 2021). Ziel der vorliegenden Studie ist es, die Häufigkeit *Borrelia*-infizierter wirtsuchender *I. ricinus*-Nymphen an verschiedenen bundesweit verteilten Standorten zu ermitteln, um ein für Deutschland repräsentatives Bild zu erhalten und gegebenenfalls regionale Unterschiede aufzeigen zu können. Eine Verknüpfung der Ergebnisse dieser Studie mit bereits vorliegenden Daten zur Zeckenabundanz wird wesentliche Erkenntnisse zum *Borrelia*-Infektionsrisiko in Deutschland generieren. Um das Gesundheitsrisiko für den Menschen genauer einschätzen zu können, ist des Weiteren eine *Borrelia*-Artdifferenzierung der positiven Zecken geplant. Das Untersuchungsmaterial wurde in den Jahren 2018-2020 jeweils von Februar bis November mittels Flaggmethode gesammelt. Von jedem Standort werden bis zu 300 Zecken mittels quantitativer real-time PCR auf Borrelien untersucht, sodass sich eine Gesamtstichprobengröße von ca. 13.000 Exemplaren ergibt. Für 15 Standorte aus den Regionen Hannover, Emsland, Bremen, Uelzen und Kassel liegen für die Jahre 2018 und 2019 bereits erste Daten vor. In dieser nordwestdeutschen Region lag die *Borrelia*-Prävalenz bei 28,6 % (300/1050) positiver Nymphen (Knoll et al. 2021). Weitere vorläufige Ergebnisse werden präsentiert.

Akmatov, M. K., J. Holstiege, L. Dammertz, C. Kohring, J. Heuer and J. Bätzing (2021). Bundesweite und kleinräumige Kennzahlen zur Morbidität von Lyme-Borreliose in Deutschland anhand vertragsärztlicher Abrechnungsdaten, 2010 bis 2019: Zentralinstitut für die kassenärztliche Versorgung in Deutschland (Zi).

Knoll, S., A. Springer, D. Hauck, B. Schunack, S. Pachnicke, V. Fingerle and C. Strube (2021). "Distribution of *Borrelia burgdorferi* s.l. and *Borrelia miyamotoi* in *Ixodes* tick populations in Northern Germany, co-infections with Rickettsiales and assessment of potential influencing factors." *Med Vet Entomol* 35: 595-606.

Establishing a State-of-the-Art Infrastructure for Arthropod Repellent Discovery

J. Roßberg¹, S. Leverenz¹, M. Vlot², K. Dechering², M. Vos², R. Henderson², J. Konijnenburg², D. Geuß¹, C. Ali¹, M. Jonas¹, **Hans Dautel**¹, K. Büchel¹

¹IS Insect Services GmbH

²TropiQ Health Sciences

Despite a 5% annual growth of the insect repellent market, diversity of available repellents remains limited. We have established a screening pipeline aimed at discovering novel repellents against arthropod pest species. Employing machine learning strategies as delineated by Vlot et al. (2023), we pre-screened approximately 500 candidate compounds using the malaria vector *Anopheles stephensi*. A total of 90 compounds were screened further against a baseline panel of species: ticks (*Ixodes ricinus*), cat fleas (*Ctenocephalides felis*), bed bugs (*Cimex lectularius*), and body lice (*Pediculus humanus humanus*). The most promising test substances are further evaluated against an expanded panel, including additional tick species (genera *Dermacentor*, *Rhipicephalus*, *Hyalomma*), clothes moths (*Tineola bisselliella*), and house dust mites (*Dermatophagoides pteronyssinus*). Customised test systems have been developed for each species. We report on the promising first results of the baseline panel. A surprisingly high percentage of the compounds exhibited levels of repellency equal or superior to DEET, and many were effective across multiple test species, confirming the effectiveness of our approach. We are confident that the continued development and validation of these compounds will lead to the introduction of innovative repellents to the market, providing new solutions for arthropod control and protection.

Reference

Marnix Vlot, Martijn Vos, Rob Henderson, Luuk Berning, Koen Dechering (2023): Use of machine learning to identify novel mosquito repellents. Abstract DDDS 2023.

Posterpräsentation

Unterschiede in der Aktivität von *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus* – Marathon- oder Etappenläufer?

Julia Probst¹, A. Springer¹ und C. Strube¹

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

Das individuelle Verhalten unterschiedlicher Zeckenarten bei der Wirtsuche wurde bislang wenig untersucht, könnte aber eine wichtige Rolle bei der Etablierung neuer und der Ausbreitung heimischer Zeckenarten spielen. Hierbei entscheidet der nachhaltige Einsatz von Energie- und Wasserreserven über die erfolgreiche Infestation von Wirten und schließlich den Fortpflanzungserfolg. In dieser Studie wurden die Dauer und Frequenz der Wirtsuche von *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus* anhand individuell markierter Exemplare untersucht, um die Populationsdynamiken dieser beiden Arten besser zu verstehen. Es wurden jeweils 20 im Freiland gefangene und anschließend farblich markierte adulte Exemplare beider Zeckenarten im März (*D. reticulatus*) bzw. April (*I. ricinus*) 2023 in quasi-natürliche Zeckenplots eingesetzt, um das Verhalten der Zecken im Jahresverlauf zu dokumentieren. Die jahreszeitliche Aktivität der Zecken entsprach den bekannten Aktivitätsmustern für *I. ricinus* und *D. reticulatus*. Auffällig war, dass *I. ricinus*-Exemplare während einer bis zu viermonatigen Aktivitätsphase einen hohen Grad an Mobilität mit mehrfachem Auf- und Absteigen aus und in die Laubstreu zeigten, während *D. reticulatus*-Exemplare vergleichsweise kurze Aktivitätsphasen aufwiesen, während dieser jedoch länger am gleichen Ablesestab verweilten. Weibliche *I. ricinus* Zecken waren im Mittel mit 65,7 Tagen (± 50 Tage) länger aktiv als männliche Exemplare mit 47,9 Tagen ($\pm 29,7$ Tage). Im Gegensatz zu *I. ricinus* wurden *D. reticulatus*-Exemplare nach einer mehrmonatigen Pause wieder in gleichem Maße aktiv. Eine gegenseitige Beeinflussung der Zecken durch die jeweils andere Art konnte nicht beobachtet werden.

Bovine Babesiose in einem norddeutschen Rinderbestand: Endemisierung und Management

Andrea Springer¹, M. Höltershinken², D. Barutzki³, C. Strube¹

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

² Klinik für Rinder, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

³ Tierärztliches Labor Freiburg GmbH

Babesia divergens ist in Nordeuropa der häufigste Erreger der enzootischen Hämoglobinurie des Rindes. Zudem ist diese von *Ixodes ricinus* übertragene Piroplasmenart von zoonotischer Bedeutung, da sie bei immunsupprimierten bzw. splenektomierten Patienten Erkrankungen hervorrufen kann. Beim Rind treten in Endemiegebieten nur selten klinische Erkrankungen auf, da Jungtiere bis zu einem Alter von 9 Monaten eine Resistenz aufweisen und eine Prämunität ausbilden, welche sie als Adulte schützt. Auf dem untersuchten Mutterkuh-haltenden Betrieb kam es im Juni 2018 zu einem Ausbruch klinischer Babesiose mit einem Verlust von 21 Tieren (25 % einer Herde), die zum größten Teil aus eigener Nachzucht stammten. Der Bestand wies zu dem damaligen Zeitpunkt keine Vorgeschichte bezüglich Babesiose auf. In den Jahren 2018 und 2019 konnten keine *B. divergens*-positiven *I. ricinus* auf den Weiden des Betriebs nachgewiesen werden, trotz weiterer Erkrankungsfälle im Jahr 2019 und einer Seroprävalenz von 37,9 % (36/95) im März 2020 (Springer et al. 2020). Seit dem Jahr 2019 erfolgte ein metaphylaktischer Einsatz von Imidocarb und es wurden keine weiteren klinischen Erkrankungsfälle diagnostiziert. Das Ausbleiben klinischer Erkrankungen lässt sich vor allem durch eine zunehmende Prämunität erklären, wobei auch die metaphylaktische Behandlung mit Imidocarb insbesondere in Bezug auf zugekaufte, immunologisch naive Tiere eine geeignete Management-Option zu sein scheint. Um die epidemiologische Situation dennoch weiter zu verfolgen, wurden im März 2022 Blutproben von 46 Rindern gewonnen. Bei sieben Tieren (15,2 %) wurde *B. divergens*-DNA mittels PCR im Blut nachgewiesen. Die mittels IFAT ermittelte Seroprävalenz lag bei 26,1 % (12/46), während weitere 10,9 % (5/46) einen grenzwertigen Antikörpertiter aufwiesen. Von 23 Tieren war der serologische Status bereits im Jahr 2018 und/oder 2020 erhoben worden, davon waren fünf (21,7 %) im Jahr 2022 erneut seropositiv, elf (47,8 %) seronegativ und ein Tier (4,3 %) wies einen Titeranstieg von einem seronegativen zu einem grenzwertigen Ergebnis auf. Sechs Tiere (26,1 %) zeigten sich erneut seronegativ. Die Endemisierung von *B. divergens* wurde durch 1,1 % (3/280) positive *I. ricinus* belegt, die im Mai 2022 mittels Flaggmethode auf den Weiden des Betriebs gesammelt und mittels PCR und anschließender Sequenzierung des 18S-Gens untersucht wurden. Diese Endemisierung ist auch von zoonotischer Bedeutung, da sich die Weiden nahe an einem touristischen Ausflugsziel befinden und ein beliebtes Wandergebiet sind.

Springer, A., Höltershinken, M., Lienhart, F., Ermel, S., Rehage, J., Hülskötter, K., Lehmbecker, A., Wohlsein, P., Barutzki, D., Gietl, C., Baumgärtner, W., Hoedemaker, M., Strube, C. (2020): Emergence and epidemiology of bovine babesiosis due to *Babesia divergens* on a northern German beef production farm. *Front. Vet. Sci.* 7: 649.

Posterpräsentation

Die Einschleppung von Braunen Hundezecken nach Deutschland

Katrin Facht¹, A. Lindau¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

Bereits seit mehr als 40 Jahren wurde der Import von Zecken des Artkomplexes *Rh. sanguineus* s.l. mit Hunden nach Deutschland beobachtet. Anders als heimische Zeckenarten ist die Braune Hundezecke (*Rh. sanguineus* s.s.) in der Lage in Innenräumen nicht nur zu überleben, sondern auch sich zu reproduzieren. Nach einem ersten Bericht im Jahr 2017 wurde eine drei-jährige Citizen-Science Studie gestartet, um Einschleppungen der Braunen Hundezecke nach Deutschland systematisch zu erfassen und die Befallsituationen zu dokumentieren. Zu diesem Zweck wurden Hundebesitzer zur Einsendung ungewöhnlicher Zecken gebeten und die Hintergrundgeschichte der Einschleppung darzulegen. Für die Auswertung wurden neben Fotografien von Zecken auch solche Fälle berücksichtigt, in denen Zecken zur morphologischen Bestimmung eingeschickt wurden. Auch nach der Studie ab 2021 wurden weiterhin Zecken der Gattung *Rhipicephalus* gemeldet und die entstehenden Fälle betreut.

Diese Einschleppungen wurden anhand der Kriterien „Art der Einschleppung“, „Ursprung der Zecken“, „Befallsstärke“, „Zeckenprophylaxe des Hundes“ und „Umgang mit dem Befall“ qualitativ bewertet und eingeordnet. Seit 2019 wurden mehr als 700 Zecken für molekularbiologische Untersuchungen eingeschickt und über 1000 Zecken aus über 40 Fällen dokumentiert. Überwiegend wurde *Rh. sanguineus* s.s., als endemische *Rhipicephalus*-Art des Mittelmeerraumes, nachgewiesen. In den meisten Fällen wurde keine ausreichende oder sogar gar keine Prophylaxe des Hundes gegen Zecken durchgeführt.

***Metarhizium pemphigi* als vielversprechende Strategie zur Eindämmung von FSMEV Naturherden**

Katrin Fachtet¹, A. Lindau¹, J. Oberle¹, M. Grünke¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

In diesem Forschungsprojekt wurde der Einsatz des entomopathogenen Pilzes *Metarhizium pemphigi* als potenzielle Maßnahme zur Bekämpfung eines FSMEV-"Hotspots" untersucht. Der Pilz wurde ursprünglich 2005 in der Parasitologie Hohenheim aus einer pilzbefallenen Zecke isoliert. Es wurde bereits 2016 gezeigt, dass der Pilz zum Absterben der Zecken führt (Wassermann et al., 2016). Durch seine Fähigkeit, aktiv in Zecken einzudringen, sich in ihnen zu vermehren und schließlich zum Tod der Zecke zu führen, wurde *Metarhizium pemphigi* als vielversprechende Strategie zur Reduzierung der Zeckenpopulation in einem spezifischen FSME-Hotspot ausgewählt. Die Anwendung des Pilzes erfolgte durch die Applikation von Pilzkonidien auf Watte, die in Papprollen monatlich ausgebracht wurden. Diese präparierte Watte wird durch Nager als Nistmaterial genutzt, und damit in deren Bauten eingebracht, so dass dort juvenile Zeckenstadien befallen und abgetötet werden können.

Die Reduzierung der Seroprävalenz von FSMEV-Antikörpern in Nagetieren diene als indirekter Nachweis für die Effektivität der Pilzanwendung. Die Studie erstreckte sich über die Jahre 2021 bis 2023, wobei im Jahr 2021 vor der Pilzausbringung eine Seroprävalenz von ca. 15% in den Nagetieren festgestellt wurde. Nach der Anwendung im Jahr 2022 wurden bei den untersuchten Nagetieren keine FSMEV-Antikörper nachgewiesen. Zusätzlich wurden Zecken im Hotspot geflaggt und auf FSMEV getestet. Während 2022 keine FSME-Viren in Zecken nachgewiesen wurden, erwies sich 2023 ein Weibchen als positiv. Sequenzanalysen ergaben jedoch, dass dieser Stamm sich von dem bereits bekannten FSME-Stamm des untersuchten FSME-Hotspots unterscheidet.

Die Ergebnisse zeigen, dass die FSME-Prävalenz in den Zecken des untersuchten Hotspots durch die Anwendung von *M. pemphigi* eliminiert wurde. Allerdings kann nicht verhindert werden, dass neue FSME-Viren neu eingeschleppt werden. Die hohe Fluktuation von Wildtieren im Hotspot könnte eine mögliche Ursache für diese Neueinschleppung sein.

Insgesamt liefert diese Forschung wichtige Erkenntnisse über den Einsatz von *M. pemphigi* als wirksame Methode zur Reduzierung der Zeckenpopulation in einem FSME-Hotspot. Aber sie offenbart auch, wie schwierig nachhaltige Bekämpfung von FSME-Viren in Naturherden ist.

Vektorkompetenz von Zecken für Pathogene: Anwendung und zunehmender Missbrauch eines öko-epidemiologischen Schlüsselkonzepts**Olaf Kahl¹**¹tick-radar GmbH

Im Laufe ihrer Blutmahlzeit auf einem Wirbeltierwirt kann eine Zecke verschiedene Mikroorganismen aufnehmen. Einige Zeckenarten besitzen die Fähigkeit, eine solche Infektion zu bewahren und an den nächsten Wirt weiterzugeben. Sie fungieren als Vektoren für bestimmte Mikroorganismen, die für daran angepasste Wildtiere in der Regel unkritisch sind, bei Menschen und Haustieren nach einem infektiösen Zeckenstich aber zu Krankheitszuständen führen können. Diese Mikroorganismen, hauptsächlich Viren, Bakterien und Apicomplexa, zirkulieren in sogenannten Naturherden zwischen Vektorzeckenarten und Reservoirwirten, ein erfolgreiches Konzept, das von E.N. Pavlovsky in den späten 1930er-Jahren entwickelt wurde und das auch für die Prävention von größter Bedeutung ist. Um Zecken auf ihre spezifische Vektorkompetenz für bestimmte Erreger zu untersuchen, sind in der Regel Übertragungsversuche notwendig. Die Theorie erscheint klar und einfach, die Praxis ist meist komplex, insbesondere wenn der Erreger gefährlich ist. Mithilfe moderner Nachweismethoden wurden in den letzten Jahrzehnten eine Vielzahl neuer Erreger in Zecken nachgewiesen. Allein auf Grund derartiger statischer Nachweise, oft lediglich auf der Basis relativ kleiner DNA/RNA-Stücke, werden die betreffenden Zeckenarten in Publikationen mitunter als Vektoren oder potenzielle Vektoren bezeichnet, ein völlig unakzeptables Vorgehen. Träger von Pathogenen sind nicht notwendigerweise auch ihre Überträger. Es gibt leider zahlreiche Beispiele in der Literatur dafür, dass aus ursprünglich „potenziellen Vektoren“ in darauffolgenden Publikationen fälschlicherweise „Vektoren“ werden, eine Aufweichung des Naturherdkonzepts und eine Verfälschung der bekannten Fakten. Die Folge ist eine wachsende Unklarheit, welche Zeckenarten für welche Erreger nachgewiesenermaßen Vektor oder nur ein vermuteter Vektor sind. Der vorliegende Beitrag möchte auf diesen unakzeptablen Missstand hinweisen.

Borrelien-Prävalenz in *Ixodes ricinus* Zecken entlang eines Landnutzungsgradienten und in Abhängigkeit vom Zeckenalter in der Schwäbischen Alb

Sara Weilage¹, L. Chitimia-Dobler^{2,3}, M. Müller⁴, M. Pfeffer¹, A. Obiegala¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, An den Tierkliniken 1, 04103 Leipzig, Deutschland

²Bundeswehr Institut für Mikrobiologie, Neuherbergstraße 11, 80937, München, Deutschland

³Fraunhofer Institut für Immunologie, Infektions- und Pandemieforschung, Türkenstraße 89 Penzberg, Deutschland

⁴Institut für Evolutionsökologie Universität Ulm, Albert-Einstein-Allee 11, 89081 Ulm, Deutschland

Zecken des *Ixodes ricinus*-Komplexes sind von besonderer Bedeutung im Bereich One Health, was nicht nur an deren breiten Wirtsspektrum liegt, sondern auch an der großen Bandbreite an zoonotischen bakteriellen, viralen und parasitären Erregern, die sie beherbergen und übertragen können. Daten über die Zeckenaktivität in Abhängigkeit von individuellen intrinsischen Faktoren (Alter der Zecke, Infektionsstatus mit *Borrelia* spp.) sind sehr rar und wurden bisher noch nicht im Zusammenhang mit einem Landnutzungsgradienten betrachtet.

In den Monaten Mai, August und Oktober 2023 wurden an 25 Standorten im Untersuchungsgebiet „Schwäbische Alb“, einem von drei Biodiversitätsexploratorien in Deutschland, Zecken geflaggt und nach Art bestimmt. Daraufhin erfolgte sowohl eine morphometrische Altersmessung der Nymphen sowie eine molekularbiologische Testung auf *Borrelia* spp. Für alle der 25 Standorte wurde die Zeckendichte pro 100 Quadratmeter berechnet.

Insgesamt wurden 1163 *Ixodes ricinus* Zecken geflaggt (56 weiblich (4,8%), 28 männlich (2,4%), 975 Nymphen (83,8%), 104 Larven (8,9%)). Das Vorkommen der 787 untersuchten Nymphen variierte in den Altersgruppen, wobei der Altersgruppe IV (alt) 7,6%, der Altersgruppe II (jung) 1,0% und der Altersgruppe III (mittelalt) 91,4% zugeteilt wurden. 71 von 1060 (6,7%) Zecken wurden mittels Real-Time PCR positiv auf *Borrelia* spp. getestet.

Die statistische Auswertung lässt bereits einen Zusammenhang zwischen Zeckenalter und Borrelien-Infektionsstatus erkennen, denn mittelalte Zecken sind signifikant häufiger positiv für *Borrelia* spp. als die der anderen Altersgruppen. Außerdem lässt die statistische Auswertung vermuten, dass sowohl Borrelienprävalenz als auch Zeckendichte mit steigendem Landnutzungsgradienten abnehmen.

Equine Piroplasmose bei einer Pferdeherde im Landkreis Rastatt – Ein Fallbericht

Rebecca Vogt¹, A. Lindau¹, K. Fachtet¹, M. Grünke¹, S. Müller², U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie, Stuttgart, Deutschland

²Tierseuchenkasse Baden-Württemberg, Pferdegesundheitsdienst, Fellbach, Deutschland

Die equine Piroplasmose ist eine Erkrankung von Pferden, die durch zwei Vertreter der Apicomplexa, *Theileria equi* und *Babesia caballi*, hervorgerufen wird und in Südeuropa endemisch ist. Als Vektoren dieser beiden parasitischen Protisten treten unter anderem Schildzecken der Gattung *Dermacentor* auf, die in Südeuropa, aber auch in Deutschland vorkommen. Allerdings ist die equine Piroplasmose in Deutschland eine sehr selten auftretende Parasitose.

Im Jahr 2022 erkrankten mehrere Pferde im Landkreis Rastatt an equiner Piroplasmose und einige der Pferde mussten auf Grund der Schwere der Erkrankung eingeschläfert werden. Es wurden serologische und molekularbiologische Untersuchungen an den Pferden durchgeführt, aber auch die Zeckenpopulation auf Piroplasmen untersucht. Zu diesem Zweck wurden im Frühjahr 2023 mehr als 1000 Zecken gesammelt, von denen 961 als adulte *Dermacentor reticulatus* bestimmt wurden (589 Weibchen/372 Männchen). In vier *Dermacentor*-Männchen wurde *B. caballi* und in sieben weiteren *Dermacentor*-Zecken *Babesia microti* nachgewiesen.

Zusätzlich sind im September 2023 Blutproben von 34 Pferden genommen und mikroskopisch, molekularbiologisch und serologisch untersucht worden. Dabei wurde *B. caballi* in 18 Pferden und zusätzlich *T. equi* bei 24 Pferden mittels konventioneller und quantitativer real-time PCR detektiert. Auch in zwei Blutausstrichen konnte jeweils *B. caballi* und in *T. equi* identifiziert werden. Die serologischen Untersuchungen ergaben, dass in 25 Pferden Antikörper gegen *B. caballi* und in 21 gegen *T. equi* nachgewiesen werden konnten.

„Lass dich nicht ZECKEN!“: Eine Informationskampagne zur Prävention zeckenübertragener Erkrankungen in Bayern als Teil der TBD-Prev-Studie

Franziska S. Saller¹, B. Greutelaers¹, L. Coyer^{1,2}, S. Böhm^{1,3}, M. M. Böhmer^{1,4}

¹Sachgebiet Infektionsepidemiologie und Surveillance, Daten- und Modellierungseinheit (GI-TF12), Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, München, Deutschland

²ECDC Fellowship Programme, Field Epidemiology Path (EPIET), Europäisches Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC), Solna, Schweden

³Medizinische Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München, München, Deutschland

⁴Institut für Sozialmedizin und Gesundheitssystemforschung, Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg, Deutschland

Lyme-Borreliose und Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) sind die häufigsten zeckenübertragenen Krankheiten (ZK) in Europa. Seit Jahren wird ein steigender Trend verzeichnet, auch in den FSME-Hauptendemiegebieten Bayern (BY) und Baden-Württemberg (BW). Neben Vermeidung von Zeckenstichen und richtigem Verhalten im Falle eines Stichs bildet für die FSME die Impfung die Basis effektiver Prävention. Die Impfquoten sind dennoch selbst in Hochinzidenzgebieten niedrig. Mit dem Ziel der Erarbeitung effektiver ZK-Präventionsstrategien und Erhöhung der FSME-Impfakzeptanz wurde von den Landesgesundheitsämtern BW und BY die TBD-Prev (Tick Borne Disease Prevention)-Studie initiiert.

Mit den Gesundheitsämtern (GÄ) (BY; 2021; N=76) und der niedergelassenen Ärzteschaft (BY+BW; 2022; N=14.046) wurden die bedeutendsten präventionsleistenden Gruppen zu ihrem Beratungsverhalten, der Anwendung von und dem Bedarf an Informationsmaterialien zu ZK und der FSME-Impfung befragt. Hierauf basierend wurden zusammen mit relevanten Public-Health-Akteuren Materialien entwickelt und anhand einer Befragung ausgesuchter GÄ evaluiert.

Unter teilnehmenden GÄ (n=56, 74%) bzw. Ärzt*innen (n=2.321, 17%) besteht trotz breiter Nutzung von Informationsmaterialien (jeweils 71%) ein zusätzlicher Bedarf (61% bzw. 24%), v. a. an Flyern (50% bzw. 82%) und Postern (39% bzw. 50%), die aktuell, qualitätsgesichert, leicht verständlich und pharmaunabhängig sein sollen. Die entsprechend entwickelte „Lass dich nicht ZECKEN!“-Informationskampagne wurde 2023 in BY ausgerollt. Flyer, Poster und Aufkleber vermitteln anschaulich wichtige Informationen zu ZK, der Vermeidung von sowie dem richtigen Verhalten bei Zeckenstichen. Sie wurden von GÄ mehrheitlich positiv bewertet, lokal und national beworben und kostenfrei für Beratungs- und Präventionsarbeit zur Verfügung gestellt.

Eine umfassende Aufklärung der Bevölkerung ist essentiell für die Prävention von ZK. Unsere Kampagne stellt hierbei einen entscheidenden Schritt dar.

Nachwuchswissenschaftler:innen

Untersuchungen zum Vorkommen von FSME-Viren und Borrelien an ausgewählten FSME-Foci im Landkreis Ravensburg 2023

Sarah Laib¹; A. Lindau¹; K. Facht¹; U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet für Parasitologie

Die Frühsommer-Meningo-Enzephalitis (FSME) und die Lyme-Borreliose sind die wichtigsten zeckenübertragenen Infektionskrankheiten in Deutschland. Als Vektor ist besonders *Ixodes ricinus* von Bedeutung, da er Hauptüberträger des FSME-Virus und verschiedener *Borrelia*-Spezies ist. Borrelien sind flächendeckend in Deutschland nachgewiesen, während das FSME-Virus nur in kleinräumigen Foci verbreitet ist. Die Gründe für dieses begrenzte Vorkommen sind bislang unklar. Auch die Interaktionen der beiden Pathogene in den Zecken sind bislang unerforscht, obwohl Ko-Lokalisierungen von verschiedenen Erregern in ihren Vektoren mehrfach beschrieben wurden.

Es wurden Zecken an fünf bekannten FSME-Standorten im Landkreis Ravensburg, sowie zwei Vergleichsflächen in der jeweiligen Nähe gesammelt. Diese verschiedenen Entwicklungsstadien von *Ixodes ricinus* wurden mittels PCR auf FSME-Viren und Borrelien untersucht, wobei letztere molekularbiologisch auf Artniveau bestimmt wurden. Insgesamt wurden so 2514 *I. ricinus* Zecken auf FSME untersucht, wobei das Virus in sechs Proben detektiert wurde. Die nachgewiesene Prävalenz von *Borrelia burgdorferi* s.l. variierte in den Untersuchungsgebieten zwischen 17 % und 25 %, wobei vier Genospezies (*B. afzelii*, *B. valaisiana*, *B. garinii* und *B. burgdorferi* s.s.) mit unterschiedlichen Anteilen in den Standorten identifiziert wurden. Desweiteren war *B. miyamotoi* in 2 – 7 % der *I. ricinus* Stadien nachweisbar. In drei dieser Zecken wurde ebenfalls eine Koinfektion mit Borrelien nachgewiesen. Dabei handelte es sich um *B. burgdorferi* sensu stricto und *B. afzelii*.

Beschreibung von Zecken (Acari: Ixodidae) aus Dominikanischem Bernstein unter Berücksichtigung der rezenten Gattung *Amblyomma*

M. Milde^{1,2}, T. F. Martins^{3,4}, D. Harms⁵, J. Hammel⁶, U. Kotthoff⁵, Lidia Chitimia-Dobler^{7,8}

¹Institute for Geology, Universität Hamburg, Bundesstraße 55, Hamburg 20146, Germany

²Leibniz-Institute for the Analysis of Biodiversity Change (LIB), Martin-Luther-King-Platz 3, Hamburg 20146, Germany

³Institut Pasteur of the São Paulo State Department of Health, São Paulo, Brazil

⁴Faculty of Veterinary Medicine and Animal Science of the University of São Paulo, São Paulo, Brazil

⁵Leibniz-Institute for the Analysis of Biodiversity Change (LIB), Martin-Luther-King-Platz 3, Hamburg 20146, Germany

⁶Helmholtz-Zentrum Hereon, Institute of Materials Physics, Max-Planck-Str. 1 Geesthacht 21502, Germany

⁷Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research, Penzberg, Germany

⁸Bundeswehr Institute of Microbiology, Neuherbergstrasse 11, 80937 Munich, Germany

Dominikanischer Bernstein ist eine wichtige Quelle für Inkluden von Wirbellosen und stammt aus dem Norden und Osten des Landes, wo er in einigen kleinen Minen von Hand gefördert wird. Sein Alter wird je nach Fundort zwischen dem Eozän und Miozän (40-15Ma) datiert. Trotz der ständigen Förderung von neuen Bernsteinen mit Inkluden sind fossile Zecken im Dominikanischen Bernstein eine große Seltenheit. Bei zwei noch unbeschriebenen fossilen Zecken aus dem Dominikanischen Bernstein handelt es sich um eine Larve und ein fast vollgesogenes Weibchen. Das Weibchen wurde unter den morphologischen Aspekten der Gattung *Amblyomma* mit einer rezenten Zecke dieser Gattung aus Brasilien verglichen. Es wurden lichtmikroskopische Aufnahmen für den morphologischen Vergleich angefertigt. Zusätzlich wurden an den Zecken hochauflösende μ CT-Scans durchgeführt. Dies geschah unter Zuhilfenahme von Synchrotronstrahlung am Deutschen Elektronen Synchrotron (DESY). Anhand der anschließend erstellten Modelle ist ein genauer Vergleich vollzogen worden. Durch die nachträgliche Bearbeitung der digitalen 3D-Modelle konnten im Falle des adulten Weibchens störende Einschlüsse im Bernstein entfernt werden. Die Bestimmung der Gattungszugehörigkeit der Larve und des Weibchens zur Gattung *Amblyomma* konnte somit erfolgen und die fossilen Zecken konnten der rezenten Gattung zweifelsfrei zugeordnet werden.

Zecken und Pathogene

Ticks parasitizing *Falco eleonora* collected from the Antikythira Island: Description of a new *Haemaphysalis* (subgenus *Ornithophysalis*) species belonging to the *Haemaphysalis doenitzi*-group based on phylogenetic and morphological data

L. Chitimia-Dobler¹, A. Bounas², C. Kassara², C. Barboutis², B. Mans³, **Anastasios Saratsis⁴**

¹Fraunhofer Institute of Immunology, Infection and Pandemic Research, Penzberg, Germany

²Antikythira Bird Observatory, Hellenic Ornithological Society/Bird Life Greece, Athens, Greece

³Epidemiology, Parasites and Vectors, Agricultural Research Council-Onderstepoort Veterinary Research, Onderstepoort, South Africa

⁴Veterinary Research Institute, Hellenic Agricultural Organisation-Dimitra, Thessaloniki, Greece

Eleonora's falcon (*Falco eleonora* G n , 1839) is a well-known long-distance migrant of the Afro-Palearctic flyway, a summer breeder of the Mediterranean region and North-West Africa and a winter resident of Madagascar and surrounding areas, thus characterized as a double endemic. Within the context of a long-term monitoring and conservation program on Antikythira Island, Greece, which accommodates one of the world's most substantial and densely populated colonies of Eleonora's falcons, birds were subjected to regular inspections for the presence of ticks from 2017 to 2023. A total of 110 Eleonora's falcons, comprising both adults and subadults (the latter being non-reproductively mature) were captured utilizing mist nets. Of these, 25 individuals were tick infested, constituting 22.7% of the overall sample. In addition, our survey encompassed 11 nestlings, with seven of them exhibiting tick infestations, corresponding to an infestation rate of 63.6% within this specific cohort. In total, 104 adults and 149 nymphs (all belonging to *Haemaphysalis* genus) were collected. All ticks exhibited broadly salient palpi and did not possess the pronounced palpal segment 2 spurs or spur-like angles that are characteristic of adults, nymphs, and most larvae of *Rhipistoma*, thus placed them in the *Ornithophysalis* subgenus. Following comprehensive morphological assessment and genetic analysis of both adult and nymphal stages of the ticks, our empirical findings substantiate the delineation of a previously unclassified species, designated as *Haemaphysalis* cf. *hoodi*. This taxonomic assignment situates the species within the *Ornithophysalis* subgenus and the *Haemaphysalis doenitzi*-group, marking its presence for the first time within the Western Palearctic region.

Artificial tick feeding of *Hyalomma ticks* and in vitro infection of erythrocytes with *Theileria annulata* merozoites: valuable tools in completing the *T. annulata* life cycle in vitro

Khawla Elati¹, S. Tajeri¹, E. Zweygarth¹, P. Hoffmann-Köhler¹, M. A. Darghouth², A. Nijhof¹

¹Department of Veterinary Medicine, Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität Berlin, Berlin, Germany

²Laboratoire de Parasitologie, Institution de la Recherche et de l'Enseignement Supérieur Agricoles, École Nationale de Médecine Vétérinaire de Sidi Thabet, Univ. Manouba, Sidi Thabet, Tunisia

Understanding the biology of different *Theileria annulata* life stages is critical for control of the disease and to study tick-pathogen interactions, *Hyalomma* ticks are needed. The development and optimization of methods to generate *T. annulata* piroplasms in vitro and to infect ticks artificially, for instance by artificial tick feeding (ATF), would contribute to the 3Rs principle in research.

Bovine red blood cells (RBCs) were infected in vitro with *T. annulata* differentiated schizonts by culturing the Ankara cell line of *T. annulata* at 41°C to induce merogony and subsequent incubation with purified RBCs for one to three days. Life stages of *H. scupense*, *H. dromedarii* and *H. excavatum* were fed in vitro following previously described methods.

The percentage of parasitized erythrocyte (PPE) was estimated by Giemsa staining to be 0.007-0.01%, by flow cytometry activated sorting (FACS) to be 0.02-1.1% and by observation of FACS-sorted cells using confocal microscopy to be 0.05-0.4%. The attachment and engorgement rates of adults were 84% (21/25) and 76% (19/25) for *H. scupense* females. For *H. excavatum* and *H. dromedarii*, 70% (21/30) and 34.4% (11/32) of the females attached and all attached females successfully fed to repletion. For the larvae, the attachment and engorgement rates were 44.2% (313/708) and 42.8% (303/708) for *H. dromedarii*, 70.5% (129/183) and 56.8% (104/183) for *H. excavatum* and 92.6% (113/122) and 55.7% (68/122) for *H. scupense*. The attachment and engorgement rates for the nymphs were 90.2% (129/143) and 47.6% (68/143) for *H. dromedarii*, 66.7% (34/51) and 41.2% (21/51) for *H. excavatum*, and 44.1% (30/68) and 36.8% (25/68) for *H. scupense*.

We validated the infection of bovine RBCs with *T. annulata* merozoites in vitro by three complimentary techniques. Together with the successful in vitro feeding of all *Hyalomma* life stages, infected erythrocytes could be a source for the in vitro infection of ticks to complete the life cycle of *T. annulata* in vitro.

Pathogene I

Fleckfiebrickettsien in Zecken und Kleinsäugetern in Grünland- und Waldhabitaten Mitteldeutschlands

C. Arz¹, N. Król¹, C. Imholt², K. Jeske³, Z. Rentería-Solís⁴, R. G. Ulrich³, J. Jacob², **Martin Pfeffer¹**, A. Obiegala¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen

²Julius-Kühn-Institut

³Friedrich-Loeffler-Institut

⁴Institut für Parasitologie

Rickettsien der Fleckfieberguppe (SFG) sind zoonotische, durch Zecken übertragene Krankheitserreger. Kleine Säugetiere sind wichtige Wirte für die unreifen Lebensstadien von zwei der häufigsten Zeckenarten in Europa, *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus*. Diese Wirte und Vektoren sind in unterschiedlichen Lebensräumen mit verschiedenen Vegetationstypen wie Grünland und Wäldern zu finden. In dieser Studie sollte der Einfluss von Umwelt- und individuellen Faktoren auf die Rickettsienprävalenz in verschiedenen Lebensräumen in Mitteldeutschland analysiert werden. Zehn Arten von Kleinsäugetern und die beiden genannten Zeckenarten wurden zwischen 2017-2019 auf Grünland und in Wäldern in der Region Hainich-Dün gesammelt. Nach der Artbestimmung wurden DNA-Proben von 1098 Zecken und Ohrstanzproben von 1167 Kleinsäugetern mittels *gltA*-Gen-spezifischer qPCR auf Rickettsien-DNA untersucht. Positive Proben wurden mittels *ompB*-Gen-PCR und anschließender Sequenzierung charakterisiert. Rickettsien-DNA wurde bei acht von zehn Kleinsäugeterarten nachgewiesen. Kleinsäugeter-Wirte aus Wäldern (14,0 %) waren signifikant häufiger infiziert als solche vom Grünland (4,4 %) ($p \leq 0,001$). Die höchste Prävalenz wurde bei der überwiegend in Wäldern lebenden Gattung *Apodemus* (14,8 %) festgestellt, die niedrigste bei *Microtus*-Arten (6,6 %), die auf Grünland lebt. Die Prävalenz war bei *D. reticulatus* (46,3 %) höher als bei *I. ricinus*-Zecken (8,6 %). Adulte Zecken waren häufiger infiziert als Nymphen ($p = 0,0199$). Alle Sequenzen in *I. ricinus*-Zecken stammten von *R. helvetica*, die in *D. reticulatus* waren sämtlich *R. raoultii*. Die bei den adulten *I. ricinus*-Tieren beobachtete höhere Prävalenz ist auf die höhere Zahl der Blutmahlzeiten zurückzuführen. Interessanterweise beeinflusste der Lebensraumtyp die Infektionswahrscheinlichkeit bei kleinen Säugetieren, nicht aber bei Zecken. Eine mögliche Erklärung dafür ist die hohe Prävalenz bei *Apodemus flavicollis*, die hauptsächlich im Wald vorkommt.

Zecken und zecken-übertragene Bakterien in Argentinien: Ein kurzer Überblick

Patrick S. Sebastian¹, E. L. Tarragona¹, J. M. Venzal², A. J. Mangold¹, A. A. Guglielomone¹, S. Nava¹

¹Dairy Chain Research Institute - National Institute of Agricultural Technology, Rafaela, Argentina

²CENUR Litoral Norte, Universidad de la República, Uruguay

Argentinien ist das zweitgrößte Land und die zweitwichtigste Volkswirtschaft in Südamerika. Schildzecken kommen in nahezu ganz Argentinien vor und einige Zeckenarten sind exklusiv dort heimisch. Zum jetzigen Zeitpunkt sind 43 verschiedene Arten von Schildzecken beschrieben, wobei die Gattungen *Amblyomma* mit 25 und *Ixodes* mit 13 Arten die Hauptvertreter sind. Nichtsdestotrotz ist *Rhipicephalus microplus* die ökonomisch wichtigste Art, da ihr Befall beziehungsweise die durch diese Art übertragenen Krankheiten einen großen Einfluss auf die Fleischindustrie haben, die einen der wichtigsten Industriezweige Argentiniens darstellen. Hierbei spielen die Krankheitserreger *Anaplasma marginale* und *Babesia* spp. eine wichtige Rolle. Neben weiteren für die Tiermedizin relevanten zecken-übertragenen Bakterien wie *Anaplasma platys* und *Ehrlichia canis*, kommen auch für die Humanmedizin wichtige Erreger in argentinischen Schildzecken vor. So wurden die zwei Fleckfieber-Rickettsien – *Rickettsia parkeri* und *Rickettsia rickettsii* – in Zecken der Gattung *Amblyomma* nachgewiesen die im Zusammenhang mit klinischen und tödlichen Krankheitsverläufen steht. Des Weiteren gibt es Nachweise von verschiedenen *Rickettsien*-Arten mit unbekannter Pathogenität. Auch Vertreter des *Borrelia burgdorferii* sensu lato Komplexes wurden in *Ixodes* sp. nachgewiesen, jedoch ohne bekannte Hinweise auf Übertragungseignisse. Die bisherigen Ergebnisse zeigen eine große Vielfalt von Zeckenarten und von ihnen übertragenen Bakterien in Argentinien. Das Wissen über die Diversität, Ökologie und Wirte von Schildzecken sowie die Verbreitung, Prävalenz und Pathogenität von zecken-übertragenen Bakterien ist von Interesse für die Veterinär- und Humanmedizin auch hinsichtlich der Entwicklung von Therapie- und oder Präventionsmaßnahmen.

Landnutzungsintensität als Einflussfaktor auf die Prävalenz von *Neoehrlichia mikurensis* und *Borrelia burgdorferi* s.l. in Zecken aus Mitteldeutschland

S. Lassen¹, C. Imholt², N. Król¹, L. Gothe³, J. Jacob², M. Pfeffer¹, **Anna Obiegala¹**

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, An den Tierkliniken 1, 04103 Leipzig, Deutschland

²Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Julius Kühn-Institut, Toppheideweg 88, 48161 Münster, Deutschland

³Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Fachgebiet 3.6 Virologie, Bahnhofstraße 58/60, 04158 Leipzig, Deutschland

Zecken sind Überträger zoonotischer Krankheitserreger, wobei *Ixodes ricinus* der häufigste Vektor von z.B. *Neoehrlichia mikurensis* und *Borrelia burgdorferi* s. l. ist. Das Vorkommen der Vektoren von *Borrelia burgdorferi* ist stark von der Habitatstruktur abhängig, die wiederum anthropogen durch die Intensität der Landnutzung beeinflusst wird. Für *N. mikurensis* wurde der Habitat-Einfluss auf deren Prävalenz in Zecken nicht untersucht. Ziel dieser Studie war es, die Prävalenz von *N. mikurensis* und *B. burgdorferi* s.l. in Zecken entlang eines Landnutzungsgradienten zu analysieren. Insgesamt wurden 1896 Zecken auf 25 Grünland- und 25 Waldstandorten in Mitteldeutschland geflaggt. Nach der Bestimmung von Art und Entwicklungsstadium wurden sie mittels real-time PCR auf Neoehrlichien- und Borrelien-DNA mit anschließender Multilokus-Sequenztypisierung analysiert. Es wurden drei Zeckenarten, *Ixodes ricinus* (n=1757), *I. frontalis* (n=2) und *Dermacentor reticulatus* (n=137), gefunden. Neoehrlichia-DNA wurde in 74 *I. ricinus* (3,9%), davon 43 Nymphen, 13 Weibchen und 18 Männchen nachgewiesen. *I. ricinus*-Zecken aus dem Grasland waren signifikant häufiger infiziert (12 %) als Zecken aus Waldgebieten (1,8 %). Die Landnutzungsintensität hatte im Wald, jedoch nicht im Grasland, einen positiven Einfluss auf die Neoehrlichien-Prävalenz. Borrelien-DNA wurde in 210 von 1896 *I. ricinus*-Zecken (11,08 %) nachgewiesen. Die Prävalenz in *I. ricinus*-Zecken war bei Weibchen (48/156; 30,8 %) und Männchen (44/143; 30,8 %) höher als bei Nymphen (118/1152; 10,2 %). *I. ricinus*-Zecken aus dem Grasland waren häufiger infiziert (29,4 %) als Zecken aus dem Wald (6,4 %). Die Landnutzungsintensität hatte im Wald und im Grasland einen Einfluss auf die Borrelien-Prävalenz. Es wurden vier Borrelienspezies nachgewiesen (*B. afzelii* (65,8 %), *B. garinii* (17,9 %), *B. valaisiana* (13,6 %) und *B. burgdorferi* s. s. (2,7 %)). Es wurden 100 Sequenztypen gefunden. Die genetische Variabilität ist somit als hoch einzuschätzen.

Identifikation und Monitoring von FSME-Naturherden basierend auf humanen Erkrankungsfällen

J. Oberle¹, K. Facht¹, **Alexander Lindau**¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Institut für Biologie, Fachgebiet Parasitologie

In den letzten Jahren zeichnete sich ein deutlicher Trend zur Zunahme der vom Robert Koch-Institut (RKI) aufgezeichneten humanen FSME-Fälle ab. Baden-Württemberg als FSME-Risikogebiet, bedarf größerer Aufmerksamkeit, weshalb die Identifikation und Untersuchung von Naturherden einen großen Stellenwert hat. Zu diesem Zweck wurden bekannte FSME-Naturherde überwacht und neue, mittels humaner Infektionsdaten identifiziert. Daraus resultierten sieben Untersuchungsgebiete in Baden-Württemberg. Die Georeferenzdaten wurden durch das RKI vermittelt.

Durch mehrmaliges Flaggen an diesen Standorten in Baden-Württemberg wurden von März bis August 2023 insgesamt 3647 Zecken gesammelt und in Pools mittels One-Step RT-qrt-PCR auf FSME-Viren untersucht. Durch Amplifizierung und Sequenzierung des E-Gens, wurden positive Nachweise phylogenetisch eingeordnet.

Insgesamt wurden fünf positive Zeckenpools identifiziert und durch positive Einzelproben bestätigt. Mit Fünf Nachweisen konnten drei der sieben Untersuchungsgebiete als FSME-Naturherde identifiziert bzw. bestätigt werden. Dabei handelte es sich um die Standorte Stuttgart Botnang (ein positives Weibchen), Balingen (drei positive Nymphen), und Zwiefalten (eine positive Nymphe). Dadurch ergaben sich in den positiven Gebieten Prävalenzen von 0,16% in Stuttgart Botnang, 0,29% in Balingen und 0,61% in Zwiefalten. Die phylogenetische Analyse zeigte nahe Verwandtschaften des Isolats aus Balingen mit Stämmen aus der Schweiz. An den übrigen vier Standorten wurden keine FSME-Viren in Zecken nachgewiesen.

Die Ergebnisse zeigen, dass eine Identifikation von FSME-Naturherden auf Basis von humanen Erkrankungsfällen möglich und zielführend ist.

The smell of carbon dioxide: Sensory neurobiology of tick host-seeking and host-preference

Carola Städele¹

¹Institut für Neuro- und Sinnesphysiologie, Universitätsmedizin Göttingen (UMG)

Sowohl männliche als auch weibliche Zecken haben einen starken angeborenen Drang, Wirte zu finden und sich von ihnen mit Blut zu ernähren. Kohlendioxid (CO₂) gilt als entscheidender Verhaltensaktivator und Lockstoff für Zecken und als wesentlicher sensorischer Hinweis bei der Wirtssuche. Wie CO₂ die Wirtssuche bei Zecken aktiviert und fördert, ist jedoch kaum verstanden. Wir untersuchten CO₂-Reaktionen bei *Ixodes scapularis* (Nordamerika) und *Ixodes ricinus* (Europa) Zecken. Adulte Tiere wurden 1, 2, 4 und 8 % CO₂ ausgesetzt und Veränderungen im Gehverhalten und der Vorderbeinbewegung wurden analysiert.

Wir stellten fest, dass CO₂ selbst in geringeren Konzentrationen (1 %) ein starkes Stimulans für die getesteten *Ixodes* Arten ist. Die Verhaltensreaktionen hingen vom Zustand der Tiere ab: Gehende Zecken erhöhten ihre Gehgeschwindigkeit, während stationäre Zecken begannen, mit den Vorderbeinen zu wedeln und Suchverhalten (questing) zu zeigen – beides Verhaltensweisen, welchen Aspekten der Wirtssuche ähneln. Darüber hinaus zeigten beide *Ixodes* Arten keine klare Konzentrationspräferenz und waren nicht sensitiver für atemähnliche CO₂-Konzentrationen (~4 %) als für die anderen getesteten Konzentrationen. Sobald der CO₂-Gehalt einen bestimmten Schwellenwert überschritt, reagierten die Tiere, was darauf hindeutet, dass CO₂ als Verhaltensaktivator fungiert und als Signal für die Erkennung von sich nähernden Wirten über weitere Entfernungen verwendet werden kann. Darüber hinaus fanden wir, dass das Vorderbein Hallersche Organ an der CO₂-Detektion vermutlich beteiligt, aber nicht notwendig ist. Selbst bei abgeklebtem oder amputiertem Hallerschen Organ reagierten beide *Ixodes* Arten stark auf CO₂. Dies bedeutet, dass es CO₂-sensitive Strukturen geben muss, die für die Wirtssuche von Zecken wichtig sind, jedoch noch nicht identifiziert wurden.

Jenseits von Umweltkontaminanten: Ursprung und Beschreibung des Kernmikrobioms von *Ixodes-ricinus*-Zecken

A. Wiesinger⁴, L. Chitimia-Dobler², G. Dobler², I. Lagkouvardos³, S. Hiereth⁴,
Jasmin Wenderlein⁵, R. K. Straubinger⁴

¹LMU München

²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

³Hellenic Centre for Marine Research

⁴LMU München

⁵LMU München und BfR

Die *Ixodes ricinus* Zecke (IR) ist die wichtigste Zeckenspezies in Europa und überträgt zahlreiche human- und tiermedizinisch bedeutsame Pathogene. In den letzten Jahren hat die Erforschung des Mikrobioms der Zecken an Bedeutung gewonnen und soll zum besseren Verständnis der Zecken sowie zur Entwicklung neuer Bekämpfungsstrategien beitragen. Dabei wurde die Untersuchung von IR aus Deutschland bisher vernachlässigt.

Ziel der Studie war es, Zecken von verschiedenen Standorten und zu unterschiedlichen Jahreszeiten zu sammeln und mittels 16S rRNA-Gen-Amplikon-Sequenzierung ein core microbiome (CM) der Zecke zu beschreiben, um diese jahreszeitlich und standortbezogen zu vergleichen. Dafür wurde die DNA aus insgesamt 560 IR einzeln und 287 seziierten Zeckengeweben (d.h. separierte Speicheldrüsen (SG), Mitteldärme (MG) und Restmaterial (ResTm)) in Dreier-Pools isoliert und anschließend die V1-V3-Region des 16S rRNA-Gens sequenziert. Die so gewonnenen Daten wurden bioinformatisch mittels IMNGS, Rhea und DivCom ausgewertet.

In dieser Studie wurde erstmalig ein CM der IR und einzelner Gewebe (d.h. SG, MG, ResTm) beschrieben. Ergebnisse zeigten, dass IR und resTm ein diverses Mikrobiom und ein breites CM besaßen, während MG und SG deutlich weniger Spezies mit einem engen CM aufwiesen. Zusätzliche Datenbankvergleich der molekularen Spezies aus dem CM verdeutlichen, dass die Ergebnisse der Sequenzierung ganzer Individuen durch Umweltorganismen auf der Cuticula verzerrt werden. Damit sind diese Proben für eine detaillierte Beschreibung des zeckenspezifischen Mikrobioms weniger geeignet. Im de novo clustering erfolgte eine Einteilung der Proben hinsichtlich der Endosymbionten, wobei Proben von verschiedenen Standorten und Jahreszeiten Präferenzen zu bestimmten Clustern zeigten. Die hier gewonnenen Daten tragen zu einem genaueren Verständnis der Mikrobiota in IR bei und erlauben zukünftig eine zielgerichtete Erforschung des Zusammenspiels zwischen Zecken und ihren Endosymbionten.

Biologie und Epidemiologie der Zecken

Abundanz von *Ixodes ricinus* in Norddeutschland und beeinflussende Faktoren in den Jahren 2021-2023

Andrea Springer¹, O. Bozbey¹, J. Probst¹, I. Bulling², Mathis Komorek², Martin Komorek², O. Kahl², C. Strube¹

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

²tick-radar GmbH, Berlin, Germany

Ixodes ricinus ist in weiten Teilen Europas der wichtigste Vektor Zecken-übertragener Erreger. Trotz zahlreicher Feldstudien sind die Ursachen für lokale Variationen in der Zeckendichte bislang insgesamt unzureichend bekannt. In Norddeutschland wurden im Vergleich zu Süddeutschland bisher nur wenige Untersuchungen zur Zeckenabundanz durchgeführt. Ziel der vorgestellten Studie ist es daher, die Zeckenabundanz in Norddeutschland zu untersuchen und ökologische Einflussfaktoren zu identifizieren.

Von April bis Juli der Jahre 2021-2023, d. h. während der Hauptaktivitätszeit von *I. ricinus*, wurde an 43 Standorten in 13 norddeutschen Gebieten die Zeckenabundanz einmal monatlich auf 100 m² mit der Flaggmethode bestimmt. Insgesamt wurden in den drei Studienjahren 38.465 *I. ricinus*-Exemplare gesammelt (34.928 Nymphen und 3.537 adulte Zecken), dabei betrug die durchschnittliche Dichte wirtssuchender Nymphen im Jahr 2021 72.5/100 m², in 2022 52.4/100 m² und in 2023 68.6/100 m². Mit Hilfe von generalisierten linearen gemischten Modellen wurden Zusammenhänge mit Habitatmerkmalen und Klimadaten untersucht. Es zeigten sich signifikant niedrigere Nymphendichten an Nadel- verglichen mit Laub- und Mischwald-Standorten sowie signifikante Korrelationen mit Temperatur und Niederschlag. Um auch das Wirtsspektrum der Zecken in die Untersuchungen einbeziehen zu können, wurden 1456 Zecken (1062 Nymphen und 391 adulte Zecken) von 25 Flächen an 7 Standorten einer Blutmahlzeit-Analyse mittels Amplifikation der 12S rDNA von Vertebraten und anschließendem Reverse Line Blot unterzogen. Bei 37.3% (543/1465) der Zecken konnte Vertebraten-DNA nachgewiesen werden. Davon hatten 22.7% (123/543) an Vögeln, 22.5% (122/543) an Huftieren, 21.6% (117/543) an Nagern und 49.0% (266/543) an anderen Säugetieren gesogen, während bei 6.1% der Zecken DNA von Eidechsen nachgewiesen wurde. Es zeigten sich größere Unterschiede im Wirtsspektrum zwischen unterschiedlichen Standorten als zwischen dem Nymphen- und Adultenstadium. Zusammenhänge mit der Zeckendichte werden diskutiert.

Untersuchungen zur Überlebensfähigkeit von Braunen Hundezecken in Deutschland – erste Ergebnisse

Katrin Facht¹, A. Lindau¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

Regelmäßig kommt es zur Einschleppung von Zecken des Artkomplexes *Rh. sanguineus* s.l., der braunen Hundezecke, nach Deutschland. Eine besondere Rolle kommt dabei reisenden Hunden zu, die entweder zusammen mit ihren Besitzern die Grenze passieren, oder im Rahmen von Tierrettungsprogrammen nach Deutschland gebracht werden. Besonders häufig handelt es sich dabei um *Rh. sanguineus* s.s., die unter anderem im temperierten Klima des Mittelmeerraumes heimisch ist. Aber auch *Rh. linnaei* wurde nach Deutschland eingetragen, die eher an trockenes und heißes Klima angepasst ist. Bereits seit den siebziger Jahren wurde angenommen, dass Zecken des Artkomplexes unter hiesigen Klimabedingungen nicht im Freiland überleben können, sondern nur in Wohnungen Kolonien entstehen. Obwohl es Studien zur Überlebensfähigkeit der Zeckenarten unter standardisierten und konstanten Bedingungen im Labor gibt, fehlen Untersuchungen, die diese Vermutung im Feld adressiert haben... bisher!

In umfassenden Freilandversuchen wurden wöchentlich Daten über ein Jahr zur Überlebensfähigkeit von *Rh. sanguineus* s.s. und *Rh. linnaei* erhoben. Beobachtet wurden dabei, sowohl die Überlebensdauer von Larven, Nymphen und adulten Zecken unter Einbeziehung von Klimadaten. Ebenso wurde überprüft ob gesogene Weibchen in der Lage sind Eier zu legen, aus denen Larven schlüpfen. Die im Rahmen dieser Studie gewonnen Erkenntnisse lassen vermuten, dass die Entwicklungsstadien von *Rh. sanguineus* s.s. in der Lage ist, unter den hiesigen Bedingungen auch unter Freilandbedingungen zu überleben. Auch die an wärmere Klimata angepasste *Rh. linnaei* kann über einen erstaunlich langen Zeitraum in Deutschland überleben.

Biologie und Epidemiologie der Zecken

Aktivität und Bewegungsmuster von *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus* – erste Ergebnisse aus Zeckenplots und Freilanduntersuchungen

Julia Probst¹, J. Rapp¹, M.-K. Raulf¹, A. Springer¹, C. Strube¹

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

Die klimatischen und ökologischen Veränderungen der letzten Jahrzehnte haben zu einer zunehmenden geographischen Verbreitung sowie einer weitestgehend ganzjährigen Aktivität der Zeckenarten *Dermacentor reticulatus* und *Ixodes ricinus* in Deutschland geführt. Um Populationsdynamiken und individuelle Bewegungsmuster dieser beiden Arten besser zu verstehen, wurde die Aktivität individuell markierter Zecken in quasi-natürlichen Zeckenplots sowie im Freiland untersucht. In zwei Zeckenplots wurden 105 *I. ricinus*- (35 Nymphen, 70 Adulte) und 70 adulte *D. reticulatus*-Exemplare gemeinsam eingesetzt, von denen je 20 Adulte farblich markiert waren.

Aktivität, Kletterhöhe und Position der Zecken wurden im Jahresverlauf dokumentiert. Im Mittelwert lag die Kletterhöhe adulter *D. reticulatus* bei 62,8 cm ± 19,8 cm, während adulte *I. ricinus*-Exemplare in einer mittleren Höhe von 80,9 cm ± 31,58 cm und Nymphen in 59,8 cm Höhe ± 29,1 cm auf Wirtssuche gingen. Während farblich markierte Exemplare von *I. ricinus* über eine Dauer von bis zu zwei Monaten regelmäßig aktiv waren und danach nicht mehr beobachtet werden konnten, wurden *D. reticulatus*-Zecken auch nach einer Pause von bis zu sechs Monaten erneut aktiv. Farblich markierte *D. reticulatus*-Exemplare blieben häufig über eine längere Zeit stationär auf einem Ablesestab, während *I. ricinus*-Exemplare häufiger die Position wechselten und hierbei eine Distanz von bis zu 88 cm in zwei Tagen zurücklegten. Im Zuge der Freilanduntersuchungen wurden an insgesamt vier Standorten zwei Mal pro Monat Zecken auf einer Fläche von 200 m² mit der Flaggmethode erfasst. *Dermacentor reticulatus*-Exemplare wurden farblich markiert und wieder in die Vegetation entlassen. Im Durchschnitt wurden vier *D. reticulatus*-Exemplare pro Besuch und Standort gesammelt, wobei bereits in den ersten zwei Monaten sieben markierte Exemplare erneut geflaggt wurden. An den untersuchten Standorten konnte zusätzlich durch Wildtierkameras eine hohe Wirtsdichte dokumentiert werden.

Die beiden Versuchsansätze deuten auf eine ausdauernde Wirtssuche beider Zeckenarten hin, wobei *I. ricinus* mobiler und *D. reticulatus* über einen längeren Zeitraum aktiv zu sein scheint. Die beobachteten Kletterhöhen weichen von bereits publizierten Ergebnissen ab und erfordern weitere Untersuchungen.

FSME bei Tieren**Martin Pfeffer¹**

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig, An den Tierkliniken 1, 04103 Leipzig

In diesem Übersichtsvortrag soll die oft vernachlässigte veterinärmedizinische Seite des Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus (FSMEV) dargestellt werden. Hierbei geht es neben den Zecken selbst um Tierarten wie Hunde und Pferde, die eine Krankheit mit auffallend ähnlichen klinischen Symptomen wie der Mensch entwickeln. Für die alimentäre Infektion des Menschen sind Rohmilch und deren Produkte von Hauswiederkäuern verantwortlich. Diese Tiere infizieren sich mit FSMEV ohne selbst eine Krankheit zu entwickeln.

Die epidemiologische Situation des Menschen wird bekanntermaßen nach den gemeldeten Fallzahlen für Regionen auf Landkreisebene beschrieben. Dieses System hat seine Schwächen, da Impfraten nicht erfasst werden, der Infektionsort nicht notgedrungen mit dem Infektionsort übereinstimmt und für Regionen mit Inzidenzen unter 1/100.000 absolut kein Infektionsrisiko für den Menschen suggeriert wird, obwohl sporadische Infektionen gemeldet werden. Hier könnten serologische Untersuchungen bei Wildtieren ein gutes Sentinel für ein Infektionsrisiko des Menschen darstellen. Hierzu sollen Daten zu Wildschweinen, Rehen und Füchsen präsentiert werden. Auch die Nagetiere, die als primäre Reservoiertiere in den sogenannten Naturherden eine wichtige Rolle spielen, können zur Identifikation dieser Herde dienen. In den Naturherden selbst können Untersuchungen an den Nagern helfen die Übertragungszyklen und -dynamiken besser zu verstehen. Schließlich gehen wir derzeit davon aus, dass Sie der Schlüssel zur FSMEV-Prävalenz bei den Zecken und damit auch des Infektionsrisikos bei Menschen sind.

Pathogene II

Schneider'sche Krankheit - Wer war Hans Schneider, der Erstbeschreiber der heutigen FSME?

Mirko Lange¹, L. Chitimia-Dobler¹, G. Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist die häufigste und wichtigste durch Zecken übertragene Virusinfektion in Europa und Asien. Die Geschichte der Entdeckung und Erstbeschreibung wurde bisher überwiegend den russischen Forschern Zilber und Pawlowski im Jahr 1936/37 zugeschrieben. Weniger bekannt ist, dass die klinische Erstbeschreibung der FSME bereits 1931 durch einen Internisten im niederösterreichischen Neunkirchen erfolgte, also sechs Jahre vor dem Erstrnachweis des Virus im Fernen Osten Russlands. Bisher war über Primararzt Dr. Hans Schneider wenig bekannt.

Die Erkrankung (FSME) trug in Österreich lange Jahre seinen Namen und war und ist sogar bis heute in der Ärzteschaft unter dem Namen „Schneider'sche Krankheit“ bekannt. Sie war zudem die erste anerkannte Berufskrankheit (auch als „Pecherschlag“ bekannt) in Österreich. Nach der Erstveröffentlichung im Jahr 1931 veröffentlichte Schneider 1932 seine umfangreiche Monografie „Die epidemische akute Meningitis serosa“, in der er 66 Fälle mit klinischen und epidemiologischen Angaben zusammenfasste. Hier wurden auch erste Hinweise auf eine mögliche Milch-Übertragung geliefert. Weiterhin konnte er nicht zuletzt durch Virusisolierung bei Affen die Differenzialdiagnose zur Poliomyelitis stellen. Schneider kann daher mit Fug und Recht als Pionier der Beschreibung der klinischen Entität „FSME“ bezeichnet werden. Die vorliegenden Ergebnisse beleuchten erstmals sein Leben und Wirken und würdigen seinen epidemiologischen und klinischen Beitrag zur heute als Frühsommer-Meningoenzephalitis bekannten Virus-Infektion.

FSME-Impf- und -Infektionsprävalenz bei Blutspendern im österreichischen Bundesland Oberösterreich

Gerhard Dobler¹, J. Borde², S. Süßner³

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

²Gesundheitszentrum Oberkirch

³Blutspendedienst Oberösterreichisches Rotes Kreuz

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist die medizinisch wichtigste durch Zecken übertragene Virusinfektion in Europa. Trotz gut wirksamer Impfstoffe wird in den letzten Jahren ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen in Teilen Europas registriert. Auch in Österreich steigen trotz der höchsten Durchimpfungsrate in Europa die Erkrankungszahlen in den letzten Jahren deutlich an. Die Gründe hierfür sind unklar.

In allen Bezirken des österreichischen Bundeslandes Oberösterreich wurden insgesamt 2219 Proben von Blutspendern gesammelt. Alle Proben wurden mittels eines FSME-IgG ELISA und eines WNV-IgG (beide Fa. Euroimmun Lübeck) auf IgG-Antikörper gegen FSME und West Nil-Virus getestet. Positive Proben im FSME-IgG Test wurden in einem FSME-NS1-IgG ELISA auf Vorhandensein von FSME-NS1-IgG Antikörpern als Infektions-Marker getestet. Blutproben mit Reaktivität gegen West Nil-Virus IgG und FSME-Virus IgG wurden in einem Neutralisationstest auf Spezifität getestet.

Für insgesamt 2190 Proben lagen ausreichende Daten für die Auswertung vor. 1847/2190 (84,3%) wiesen FSME-IgG auf und konnten als geimpft klassifiziert werden. Die Durchimpfungsraten in den einzelnen Bezirken schwankten von 71% (Braunau am Inn) bis zu 100% (Wels-Stadt). 28/2190 (1,28%) der Proben zeigten Antikörper gegen FSME NS1-IgG. In der Ungeimpften-Population ergab sich eine Infektionsprävalenz von 7,5%. Die Infektionsprävalenz der einzelnen Bezirke reichte von 0% bis 50%. Es konnten keine IgG-Antikörper gegen West Nil-Virus nachgewiesen werden.

Die Ergebnisse zeigen erstmals die Durchimpfungsrate und Infektions-Prävalenz in einem österreichischen Bundesland seit Einführung der FSME-Impfung. Es zeigen sich deutliche Unterschiede in Durchimpfung und Durchseuchung für einzelne Bezirke. Diese Ergebnisse können als Grundlage dienen für gezielte Präventions-Maßnahmen. Die eingeschlagene Teststrategie und die verwendeten Teste zeigen auch ihre Eignung für den Einsatz in epidemiologischen Studien.

Pathogene II

Untersuchungen zur Wirtssuchaktivität FSME-Virus infizierter und nichtinfizierter *Ixodes ricinus* unter Freilandbedingungen

Alexander Lindau¹, K. Facht¹, M. Grünke¹, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie

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

Um ein standardisierbares Verfahren zur Zeckenbeobachtung zu verwenden und viele externe Einflussfaktoren zu vermeiden, wurde ein kameraüberwachter Versuchsaufbau gewählt. Dieser erlaubte eine kontinuierliche Datenerhebung und reduzierte den Einfluss des Beobachters auf ein Minimum.

Um den Einfluss des Virus auf das Questingverhalten von *I. ricinus* zu untersuchen, wurden 400 Nymphen artifiziell mit FSME-Viren infiziert. Diese Zecken wurden in zwei Gruppen je 200 Tieren im Mai 2021 in unabhängigen Fieldplots eingesetzt und das Wirtssuchverhalten bis Mai 2022 dokumentiert. Als Kontrolle dienten dabei Exemplare, die der gleichen Infektionsmethodik mit Wasser statt Viren unterzogen worden waren. Die Monate November 2021 und Januar 2022 wurden nicht ausgewertet, da keine Zeckenaktivitäten registriert wurden und/oder durch Schneefälle keine Auswertungen möglich waren. Auf Grund der kurzen Tageslichtdauer in den Wintermonaten wurde die Zeckenaktivität im Zeitraum zwischen 6:10 Uhr und 20:10 Uhr ausgewertet.

Eine Betrachtung einzelner Monatszeiträume zeigt signifikante Unterschiede in der Aktivität für Juli 2021, sowie Februar, März, April und Mai 2022. In den übrigen Monaten ist dieser Unterschied nicht signifikant. Ein Vergleich der Daten zwischen den beiden Versuchsgruppen, über den gesamten Zeitraum hinweg, zeigt eine signifikant höhere Aktivität der infizierten Zecken.

Diese Ergebnisse zeigen, dass auch unter naturnahen Bedingungen, FSME-Viren das Wirtssuchverhalten von Zecken modifizieren und eine erhöhte Wirtssuchaktivität über einen langen Zeitraum bewirken. Bemerkenswert ist außerdem, dass dieses veränderte Verhalten auch nach einer Dormanz erhalten bleibt. Es ist daher davon auszugehen, dass FSME-Viren das Verhalten von Zecken dauerhaft beeinflussen.

Differenzierung von FSME-Subtyp-Infektionen mittels NS1-IgG Antikörper-Testung

Gerhard Dobler¹, Z. Freimane², L. Chitimia-Dobler³, D. Zavadska²

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

²Dept. of Pediatrics, Stradins University Riga, Latvia

³Fraunhofer-Institut für Immunologie, Infektions- und Pandemieforschung

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist die wichtigste in Europa und Asien vorkommende durch Zecken übertragene Virusinfektion. Die modernen molekularbiologischen verfahren konnten bisher mindestens 6 verschiedene FSME-Subtypen identifizieren. Eine Unterscheidung in Regionen mit vorkommen mehrerer FSME-Subtypen (z.B. Baltikum) ist bisher mittels serologischer Antikörper-Nachweisverfahren nicht möglich. Damit lassen sich weder klinische noch epidemiologische Untersuchungen zur Bedeutung einzelner Subtypen durchführen.

Auf der Basis des verfügbaren FSME-NS1-IgG Tests wurde ein ELISA-Verfahren entwickelt, bei dem NS1-IgG-Proteine aller drei wichtigen Subtypen (Europäischer, Sibirischer, Fernöstlicher Subtyp) als Antigen verwendet werden. Es sollte geprüft werden inwieweit sich dieser Test eignet zur serologischen Differenzierung von Subtyp-Infektionen.

Es wurden insgesamt 142 Seren zur Austestung von Sensitivität und Spezifität des entwickelten ELISA verwendet. Dabei handelte es sich um 14 FSME-Akutseren (europäischer Subtyp), 32 Seren russischer Patienten (Sibirischer/Fernöstlicher Subtyp), 16 Seren mit anderen Flavivirus-Impfungen/-Infektionen und jeweils 40 Seren von FSME-Geimpften und FSME-IgG negativen.

Es konnte eine Sensitivität des etablierten Tests für FSME-EU von 100% und für FSME-Sib/FE von 89-100% gefunden werden. Nur 1/46 der eingesetzten Seren konnte nicht eindeutig unterschieden werden (diskriminierende Sensitivität 96%). Die Spezifität wurde mit 99% ermittelt.

Der entwickelte Test ist in der Lage eindeutig zwischen europäischen und nicht-europäischen Subtyp-Infektionen des FSME-Virus zu unterscheiden. Aufgrund der schlecht charakterisierten russischen Seren konnte nicht ermittelt werden inwieweit eine diskriminierende Unterscheidung zwischen Infektionen vom sibirischen und fernöstlichen Subtyp möglich sind. Aufgrund der hohen Sensitivität und Spezifität kann der Test für diagnostische und epidemiologische Zwecke eingesetzt werden.

Pathogene II

***Francisella tularensis holarctica* in Zecken aus dem Schlosspark Nymphenburg – Ein Naturherd**

G. Dobler¹, L. Chitimia-Dobler¹, M. Böhmer², H. Sill¹, M. Antwerpen¹, **Heiner von Buttlar¹**

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

²Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

Tularämie ist eine zoonotische Erkrankung nach Infektion mit dem Gram-negativen Bakterium *Francisella tularensis*. In Mitteleuropa dominiert die Subspezies *Francisella tularensis holarctica*. Neben der Infektion über Kontakt mit infizierten Tieren ist die Infektion nach Kontakt mit infizierten Zecken der Hauptübertragungsweg für humane Fälle der Tularämie in Deutschland. Im Dezember 2020 wurde die Tularämie-Erkrankung eines Säuglings bekannt, der sich mutmaßlich über einen Zeckenstich im Schlosspark Nymphenburg infiziert hatte.

Nachdem in Zecken aus dem Schlosspark, die 2021 gesammelt wurden, *Francisella tularensis holarctica* mittels PCR nachgewiesen werden konnte, wurde eine systematische Beprobung der Zeckenpopulation initiiert. 2022 und 2023 wurde in der Aktivitätszeit der Zecken einmal monatlich mittels Flagging Zecken im Schlosspark Nymphenburg gesammelt. Nach Bestimmung der Spezies und Entwicklungsstadien der Zecken wurden diese zu Pools von je 10 Tieren zusammengeführt und mittels PCR auf das Vorhandensein von *Francisella* spp. spezifischer DNA untersucht. Positiv getestete Pools wurden in einer weiteren PCR spezifisch auf *Francisella tularensis holarctica* untersucht. Mit allen *F.tularensis holarctica* positiven Zeckenpools wurden kulturelle Anzuchtversuche in selektivem Flüssigmedium und auf Selektiv-Agars unternommen. Von allen+ so erhaltenen *F.tularensis holarctica* Isolaten wurden Vollgenome mittels Next Generation Sequencing (NGS) erstellt und anschließend phylogenetisch analysiert.

Die isolierten Stämme können alle dem gleichen Zweig (B33) im phylogenetischen Baum von *Francisella tularensis* zugeordnet werden und zeigen eine sehr hohe genetische Stabilität, die klar für das Vorliegen eines Naturherdes von *Francisella tularensis holarctica* an dieser Stelle spricht. Dies soll durch das Weiterführen dieser longitudinalen Studie zukünftig weiter verifiziert und die Dynamik in einem solchen Naturherd untersucht werden.

Der Einfluss von Temperatur auf FSME-Viren in Zecken

Alexander Lindau¹, K. Facht¹, F. Greiner¹, G. Dobler^{1,2}, U. Mackenstedt¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet Parasitologie, Stuttgart

²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

FSME-Viren zirkulieren in der Natur zwischen Zecken und Wirbeltierwirten. Zecken können, im Gegensatz zu Wirbeltieren, ihre Körpertemperatur nicht kontrollieren und sind daher anfällig für Veränderungen in der Umwelt. Bereits andere Studien konnten zeigen, dass Temperaturen sowohl das Auftreten von Vektoren, als auch die Übertragung von Krankheitserregern beeinflussen können.

An einem FSME-Standort in Bayern zeigte sich, dass während der überdurchschnittlich warmen Jahre 2018-2020 ein lange detektierbarer Virusstamm von einer Wiese verschwand und dafür ein anderer Virusstamm in einem angrenzenden Wald verstärkt nachweisbar war. Dieses Waldisolat war jedoch während der vier vorherigen Jahre (2014-2017), die unterdurchschnittlich warm waren, nur vereinzelt nachweisbar. Es stellt sich daher die Frage, ob die Temperatur einen Einfluss auf die Replikation bestimmter Virusstämme im Zeckenvektor haben, wobei höhere Temperaturen zu vermehrter Replikation in Zecken und damit zum Auftreten latenter FSME-Naturherde und ggf. zu menschlichen Erkrankungsfällen führen können in Regionen, in denen ansonsten keine FSME-Fälle beim Menschen bekannt sind.

Im Rahmen dieser Studie wurden daher Zecken sowohl künstlich, als auch im Tiermodell mit den beiden FSME-Virusisolaten infiziert und anschließend bei unterschiedlichen Temperaturen für bis zu 12 Wochen gehalten. Anschließend wurden sowohl die Viruslast semiquantitativ bestimmt als auch Virusisolate aus den infizierten Zecken gewonnen und molekularbiologisch verglichen.

So zeigte sich bereits während der Haltungsphasen signifikant höhere Überlebensraten in den Zeckengruppen, welche bei 22°C und 27°C gehalten wurden im Vergleich zur Haltung bei 32°C oder gar 37°C. Die Überlebensraten waren dabei unabhängig vom verwendeten Virusstamm. Die Bestimmung der Infektionsraten erfolgte mittels RT-qrt-PCR und betrug bei allen Versuchsgruppen 100%. Lediglich in einer Larve, die im Tiermodell mit dem Kontrollstamm (Neudoerfl) infiziert worden war, konnte kein Virusmaterial nachgewiesen werden, was einer Rate von 97,5% entspricht. Die Virus-Detektionsrate nach Versuchsende zeigte signifikante Unterschiede zwischen den Virusstämmen und Temperaturgruppen.

Nach Versuchsende zeigten sich außerdem signifikante Unterschiede in der Virusnachweisrate zwischen den verschiedenen Virusstämmen. Auch die verschiedenen Haltungsbedingungen führten zu signifikanten Unterschieden hinsichtlich der Virusnachweise. Die Ergebnisse geben erste Erklärungsversuche für das immer wieder beobachtete sporadische Auftreten von FSME-Erkrankungsfällen in Regionen, die vorher als FSME-frei galten.

Pathogene II

Babesia canis-Infektionen bei Dermacentor reticulatus aus Deutschland

Andrea Springer¹, A. Lindau², J. Probst¹, K. Fachtet², G. Dobler³, U. Mackenstedt², C. Strube¹

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

²Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim

³Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Die Wiesenzecke *Dermacentor reticulatus*, Vektor der potentiell tödlichen caninen Babesiose, hat ihr europäisches Verbreitungsgebiet in den letzten Jahrzehnten stark ausgedehnt und kommt mittlerweile in ganz Deutschland vor. Im Zuge dieser Ausbreitung ist auch eine steigende Inzidenz autochthoner caniner Babesiose-Fälle zu beobachten. Um das Infektionsrisiko für die deutsche Hundepopulation besser einschätzen zu können, wurden in dieser Studie 5770 *D. reticulatus*-Exemplare, die in den Jahren 2019-2022 im Rahmen einer Citizen Science-Studie landesweit gesammelt wurden (Drehmann et al. 2020, Springer et al. 2022), mittels quantitativer real-time PCR auf *Babesia canis* untersucht.

Bei vier Exemplaren (0,07 %) konnte eine *B. canis*-Infektion mittels Sequenzierung des 18S-Gens bestätigt werden. Alle vier Zecken wurden an Hunden gefunden. Drei der positiven Zecken stammten aus Gebieten, in denen die canine Babesiose bereits seit langem als endemisch gilt, davon eine aus dem Saarland und zwei aus der Gegend um Freiburg im Breisgau, Baden-Württemberg. Eine dieser Zecken wurde jedoch erst einen Tag nach der Rückkehr von einem Aufenthalt im Breisgau am Heimatort des Hundes in der Stadt Fürth, Bayern, entdeckt. Die vierte positive Zecke wurde von einem Hund in Bad Waldsee im Landkreis Ravensburg, Baden-Württemberg, entfernt. Diese Gegend ist bislang nicht als Endemiegebiet bekannt, der Hund war jedoch zuvor nicht gereist.

Auch wenn das Vorkommen von *B. canis* derzeit noch vorrangig auf endemische Foci beschränkt zu sein scheint, demonstriert die Studie, dass reisende Hunde zu einer Ausbreitung von *B. canis* in nicht-endemische Regionen und somit zu einem steigenden Infektionsrisiko beitragen. Eine effektive ganzjährige Zeckenprophylaxe ist daher nicht nur zum Schutz des individuellen eigenen Tieres, sondern auch zur Vermeidung einer *B. canis*-Verschleppung und damit zum Schutz der heimischen Hundepopulation unbedingt zu empfehlen.

Drehmann, M., Springer, A., Lindau, A., Fachtet, K., Mai, S., Thoma, D., Schneider, C., Chitimia-Dobler, L., Bröker, M., Dobler, G., Mackenstedt, U. und C. Strube (2020): The spatial distribution of *Dermacentor* ticks (Ixodidae) in Germany - evidence of a continuing spread of *Dermacentor reticulatus*. *Front. Vet. Sci.* 7: 578220.

Springer, A., Lindau, A., Probst, J., Drehmann, M., Fachtet, K., Thoma, D., Rose Vineer, H., Noll, M., Dobler, G., Mackenstedt, U. und C. Strube (2022): Update and prognosis of *Dermacentor* distribution in Germany: Nationwide occurrence of *Dermacentor reticulatus*. *Front. Vet. Sci.* 9: 1044597.

7. Süddeutscher Zeckenkongress

Die Organisator:innen bedanken sich bei folgenden Firmen für finanzielle Zuwendungen:

Gold:



Pfizer Pharma GmbH

Silber:



BAVARIAN NORDIC

Bavarian Nordic GmbH

Weitere Sponsoren:



Malipano GmbH, Bayreuth