

Einleitung

Ziele der Wildtierepidemiologie

Die Epidemiologie befaßt sich mit Untersuchungen über Verteilungen und Determinanten krankheitsbezogener Zustände oder Ereignisse in definierten Populationen. Kernelemente der Epidemiologie sind:

- 1) Methoden zur Erfassung von Krankheit und Gesundheit in Gesamtpopulationen oder Populationsuntergruppen und Bestimmung von Attributen (intrinsische Faktoren) sowie Expositionen (extrinsische Faktoren), die Krankheit und Gesundheit beeinflussen;
- 2) Untersuchungen über das Vorkommen von Krankheiten in ihrer natürlichen Umgebung anstatt unter kontrollierten Laborbedingungen;
- 3) Methoden zur quantitativen Bestimmung von Verteilungen, Variationen und Determinanten krankheitsbezogener Ereignisse in spezifizierten Gruppen (Populationen) von Individuen (Last, 1995).

Ein weiteres Ziel der Wildtierepidemiologie ist es, neue Erkenntnisse über Infektionskrankheiten in Wildtierpopulationen zu gewinnen sowie über die Faktoren, die ihr Auftreten und ihren Verlauf beeinflussen (Blaha, 1988; Murphy et al., 1993). Im Gegensatz zu Haustieren, die größtenteils in kontrollierten Beständen gehalten werden, ist das Wissen über die epidemiologische Situation bei wildlebenden Tieren noch sehr lückenhaft (May, 1988; Dedek, 1992; Gulland, 1995). Für diese bisher unvollständigen Kenntnisse sind eine Reihe von Gründen verantwortlich. So verlaufen Infektionskrankheiten häufig verdeckt und entgehen meist der Aufmerksamkeit des Menschen. Teilweise ist dies mit dem Verhalten der Wildtiere zu begründen, die sich bei Erkrankungen i.d.R. in schwer zugängliche Einstände zurückziehen. Das Auffinden dieser Tiere ist dabei oft zufallsabhängig. Darüber hinaus wird ein Großteil der verendeten oder erkrankten Wildtiere von Raubtieren gefressen. Allerdings gewinnen epidemiologische Untersuchungen über bisher unbeachtete Krankheiten von Wildtieren aus Gründen des Artenschutzes, des Wildtiermanagements und durch die durch die Intensivierung der Landwirtschaft hervorgerufenen neuen Beziehungen zwischen Haus- und Wildtieren immer mehr an Bedeutung (Dedek, 1992; Hudson, 1997; Wobeser, 1999; Woodroffe, 1999; Daszak et al., 2000).

Zugleich bestehen Probleme in der Übertragung oben genannter Methoden der Epidemiologie von Haustieren auf Wildtiere. In der Wildtierepidemiologie ist der klassische Populationsansatz, die Untersuchung expliziter, physischer Populationen, grundsätzlich die

Ausnahme; Untersuchungen müssen vielmehr an Jagdstrecken, gefangenen oder an tot aufgefundenen Tieren durchgeführt werden. Die Ergebnisse an derart notwendigerweise nicht-randomisiert ausgewählten Untersuchungsgruppen werfen Fragen auf nach "Repräsentativität", systematischen Fehlern (Verzerrungen, Bias) und Störgrößen (Confounder). Dieses Problem der Möglichkeit und Zulässigkeit der Verallgemeinerung, der externen Validität, von Ergebnissen des Untersuchungsguts auf die Zielpopulation schließt ein, daß diese als konzeptionelle und nicht als tatsächliche, explizit physische Population zu verstehen ist.

Epidemiologische Ansätze an Wildtierpopulationen sind dennoch möglich, sie gehen eher in Richtung "klinische Epidemiologie" (Smith, 1995). Dieser induktive Ansatz der klinischen Epidemiologie erkennt die Beschränkungen von Verzerrungen und statistischer Validität an. Die Ergebnisse von "Patienten" ermöglichen gleichwohl Beschreibungen von seltenen oder unbekanntem Krankheiten und eignen sich für Überwachungs- (Surveillance-) funktionen.

Auch die vorliegende Arbeit basiert auf einem "klinisch-epidemiologischen" Ansatz. Die Zukunft und Weiterentwicklung dieses Ansatzes geht in Richtung der sogenannten "auf Evidenz-basierenden Veterinärmedizin" ("evidence-based medicine", EBM). EBM ist die Anwendung systematischer Beobachtung von klinischen Patienten und der Regeln der empirischen Evidenz, um zur kritischen Beurteilung und Interpretation der Ergebnisse klinischer Forschung (Krankheitsursachen, Prognose, diagnostische Tests, Behandlungsstrategien) auf individuelle Patienten zu gelangen. Die Methoden der EBM zielen auf die Anwendung epidemiologischer Prinzipien bei individuellen Tierpatienten ab. Die Zukunft der Wildtierepidemiologie über die EBM geht somit über die traditionellen Ansätze der Mikrobiologie, Pathophysiologie und Pharmakologie hinaus und ist ein Ansatz, bei dem aus Einzeltier-Problemen Fragestellungen entwickelt und anschließend einer systematischen, epidemiologisch quantitativ orientierten Bewertung unterworfen werden (Anonymus, 1992; Rosenberg und Donald, 1995; Sackett und Rosenberg, 1995).

Das Risiko einer Infektionskrankheit in einer Nutztier- wie einer Wildtierpopulation hängt von vielen Faktoren ab. Dazu gehören die Art und Eigenschaften des infektiösen Agens, die besonderen Charakteristika des Wirtes bzw. der Wirtspopulation sowie zahlreiche ökologische Faktoren (Murphy et al., 1993). Für die Beurteilung von Infektionskrankheiten und die Erarbeitung von Strategien zu deren Bekämpfung sind Informationen über diese Faktoren erforderlich. Die methodischen Schwierigkeiten der Bereitstellung dieser Informationen wurden oben angesprochen, eine Orientierung der Wildtierepidemiologie in Richtung EBM und unter Nutzung derer Methoden kann potentiell jedoch Annäherungen an

Prävalenz, Inzidenz, Morbidität und Mortalität als Minimum-Maßzahlen zur Quantifizierung von Krankheiten liefern. Weiterhin bedarf es umfassender Kenntnisse über Infektionswege innerhalb einzelner und zwischen verschiedenen Tierspezies. Zusätzliche Voraussetzungen für die Beurteilung von Infektionskrankheiten sind schließlich Kenntnisse über Erregerreservoir und die Art und Rolle von Vektoren. All diese Daten bilden die Grundlage für Überlegungen zu gezielten Maßnahmen hinsichtlich einer möglichen Kontrolle von Infektionskrankheiten bei Tieren in freier Wildbahn (Murphy et al., 1993; Woodroffe, 1999).

Durch überwiegend anthropogen bedingte Umweltveränderungen gehen die Bestände vieler Wildtierpopulationen regional und global immer mehr zurück. Mit diesem fortschreitenden Rückgang und der damit stets größer werdenden Gefahr des Aussterbens von heute bereits seltenen Wildtierarten gewinnen Untersuchungen über den Einfluß von Krankheiten auf diese Wildtierpopulationen eine zunehmende Bedeutung (Thorne et al., 1982; Dobson und May, 1986; Scott, 1988; Cooper, 1989; Gulland, 1995, Woodroffe, 1999). Andererseits gibt es aber auch einige Beispiele dafür, daß Wildtierpopulationen anthropogen bedingt zunehmen können, wie z.B. die Rotfuchspopulationen (*Vulpes vulpes*) in Mitteleuropa (Breitenmoser et al., 1995; White et al., 1995; Travaini et al., 1996, Chautan et al., im Druck). In diesem Zusammenhang betrachten immer mehr Wildbiologen und Ökologen Krankheiten als eine potentiell regulatorische Kraft in Wildtierpopulationen (Scott, 1988), d.h., sie werden zunehmend als Ökofaktor angesehen (Anderson and May, 1979; May, 1988). Krankheiten können im Einzelfall auch das Wachstum von Tierpopulationen begrenzen und insbesondere kleine und isolierte Populationen so weit reduzieren, daß sie an den Rand des Aussterbens gebracht werden (Lyles und Dobson, 1993; Woodroffe, 1999). Die Wildtierepidemiologie steht deshalb zu den Aufgaben des Artenschutzes in enger Beziehung (May, 1988; Dedek, 1992; Dedek und Steineck, 1994).

Einfluß von Infektionskrankheiten auf Wildtierpopulationen

In freilebenden Tierpopulationen auftretende Infektionskrankheiten sind im allgemeinen nicht populationsgefährdend (Hassell, 1982; Holmes, 1982; Frölich, 2000). Es kommt gewöhnlich zur Ausbildung einer Grundimmunität bzw. zu einem Gleichgewicht zwischen Erreger und Wirt (Gulland, 1995). Wenn Infektionskrankheiten Wildtierpopulationen reduzieren, kann dies prinzipiell auf zwei Wegen geschehen. Einerseits direkt, indem sie mehr Wirte töten als diese Nachkommen produzieren können, und andererseits indirekt, indem sie die Reproduktionsrate vermindern (Woodroffe, 1999). Generell sind aber detaillierte

Kenntnisse über den Einfluß von Infektionskrankheiten auf Wildtierpopulationen noch sehr lückenhaft.

Informationen über das Vorhandensein und die Verbreitung pathogener Erreger in einer bestimmten Tierpopulation sind nur durch gezielte diagnostische Untersuchungen von aufgefundenen kranken oder toten Tieren sowie durch stichprobenartige serologische, mikrobiologische, parasitologische und pathologische Untersuchungen zu erhalten (Monitoring bzw. Surveillance). Auf die Schwierigkeiten bei der Gewinnung zuverlässiger quantitativer Daten über den Einfluß von Krankheiten auf Wildtierpopulationen weisen Scott (1988), Plowright (1988a) und Gulland (1995) hin. Das ungenügende Wissen über die epidemiologische Situation führt ohne diese Daten oft zu der falschen Annahme, daß Krankheiten in Wildtierpopulationen nur selten auftreten und so gut wie keine Rolle spielen (Scott, 1988).

Verschiedene seuchenartig verlaufende Infektionskrankheiten, die bei ihrem Einbrechen in immunologisch naive Populationen gewöhnlich mit einer hohen Morbidität und z.T. Mortalität einhergehen, können Wildtierpopulationen regional erheblich reduzieren. Trotzdem gefährden sie meist nicht ihr Fortbestehen (Gulland, 1995). Beispiele hierfür stellen die Myxomatose der Kaninchen dar, die bei ihren ersten Seuchenzügen in Mitteleuropa und Australien zu großen Verlusten unter den Wild- und Hauskaninchen geführt hat (Fenner und Fantini, 1999), sowie die Geflügelcholeraepidemien beim Wassergeflügel in den USA (Friend, 1987; Mulcahy et al., 1988). Als weitere Beispiele aus der jüngsten Vergangenheit für Infektionskrankheiten mit hoher Mortalität können auch die durch ein Calicivirus verursachte Rabbit Haemorrhagic Disease (RHD) der Haus- und Wildkaninchen (Ohlinger et al., 1989; Fenner und Fantini, 1999), die Räude bei Steinböcken (*Capra ibex*) und Gemsen (*Rupicapra rupicapra*) in den Alpen (Miller, 1985; Rossi et al., 1995), Staupevirusinfektionen bei Löwen (*Panthera leo*) in der Serengeti (Roelke-Parker et al., 1996) sowie das vorwiegend durch das Phocine Distemper-Virus (PDV) verursachte Massensterben von Seehunden (*Phoca vitulina*) in der Nordsee im Jahre 1988 angeführt werden. Trotz einer geschätzten mittleren Mortalitätsrate von anfänglich 60% und ca. 18.000 Todesfällen ist die Seehund-Population in der Nordsee bis 1993 dabei wieder annähernd auf die Populationsstärke von 1987 angewachsen (Anonymus, 1993). Neben der Morbillivirusinfektion wurden dabei auch Infektionen mit Herpesviren nachgewiesen (Stenvers et al., 1992).

Die bislang gültige Auffassung, daß Wildtiere die durch Krankheiten verursachten Verminderungen ihrer Bestandsgrößen wieder ausgleichen können, trifft jedoch nur auf genügend große Populationen zu. Je mehr sich ein Wildtierbestand verkleinert und in

Isolation gerät, um so größer wird die Gefahr, daß selbst Erreger mit relativ niedriger Virulenz einen erheblichen Einfluß auf die Bestandsgröße sowie auf das genetische Potential ausüben können (Cooper, 1989; Gulland, 1995). Langzeitige Beobachtungen bei Dickhornschafen (*Ovis ammon canadensis*) haben gezeigt, daß größere Populationen (100 Tiere und mehr) gegenüber einer Auslöschung durch Infektionskrankheiten aufgrund von Pasteurellen weniger gefährdet sind als kleine Populationen mit ≤ 50 Tieren (Woodroffe, 1999). Besonders bestandsgefährdend für kleine Wildtierpopulationen sind Erreger mit breitem Wirtsspektrum, wie z.B. das Tollwut- und das Hundestaupevirus (CDV). Ein markantes Beispiel für die Auslöschung einer kleinen Wildtierpopulation stellen die Infektionen des Schwarzfußiltis (*Mustela nigripes*) mit CDV in den USA dar (Williams et al., 1988). In diesem Kontext sind auch die Tollwut-Epidemien beim Afrikanischen Wildhund (*Lycaon picta*) und beim Äthiopischen Wolf (*Canis simensis*) anzuführen, die zu einer Beinahe-Auslöschung dieser Tierspezies geführt haben. Quelle der Tollwutinfektionen waren vermutlich Haushunde (Gascoyne et al., 1993; Laurenson et al., 1997) und Schakale (Scheepers und Venzke, 1995; Hofmeyr et al., 2000).

Ein Weg, auf dem Infektionskrankheiten Wildpopulationen reduzieren können, ist wie bereits eingangs erwähnt, die Verminderung der Reproduktionsrate. Als Folgen dieser Infektionen kommen eine Beeinträchtigung der Fortpflanzungsfähigkeit, ein erhöhtes Auftreten von Aborten oder eine erhöhte Sterblichkeit von Jungtieren in Betracht. Ein Beispiel für das erhöhte Auftreten von Aborten stellen Infektionen mit *Brucella abortus* Biovar 1 in verschiedenen Bisonherden (*Bison bison*) Nordamerikas dar (Davis et al., 1991; Williams et al., 1993). Weitere Beispiele für die Beeinträchtigung der Fortpflanzungsfähigkeit sind die *Trichostrongylus tenuis*-Infektion beim Schottischen Moorschneehuhn (*Lagopus scoticus*) (Hudson, 1986) sowie die ulzerative Balanoposthitis der Wisentbullen (*Bison bonasus*) im Bialowieza Nationalpark (Polen und Weißrußland). Wisentbullen im fortgeschrittenen Stadium dieser Erkrankung können nicht mehr am Reproduktionsprozeß teilnehmen (Kita et al., 1994; Schildger et al., 1996; Jakob et al., 2000). Die Ätiologie dieser Erkrankung ist gegenwärtig noch unklar. Da die Gesamtpopulation der Wisente im Bialowieza Nationalpark gegenwärtig nicht mehr als ca. 520 Tiere (Wolf et al., 2000) beträgt, kann diese Erkrankung bei ihrer weiteren Ausbreitung die Reproduktion dieser Tierspezies möglicherweise gefährden. Das gleiche trifft auch auf Erreger zu, die zu einer erhöhten Jungtiersterblichkeit führen. So wird beispielsweise vermutet, daß Infektionen mit dem caninen Parvovirus (CPV) den Reproduktionserfolg kleiner Wolfspopulationen (*Canis lupus*) im USA-Staat Minnesota negativ beeinflusst haben (Mech and Goyal, 1995; Woodroffe,

1999). Ferner wird angenommen, daß starke Infektionen mit Ohrmilben bei Polarfüchsen (*Alopex lagopus*) für eine hohe Jungtiersterblichkeit verantwortlich sind (Goltsman et al., 1996).

Übertragungsrisiken von Infektionskrankheiten zwischen Wild- und Haustieren

Die Rolle von Wildtieren als eine potentielle Quelle von Krankheiten für Haustiere wird vielfach angenommen. Klassische Beispiele hierfür sind die Schweinepest beim Wildschwein (Loepelmann und Dedek, 1991) sowie die bovine Tuberkulose bei Dachsen (Krebs, 1997; Delahay et al., 2000). Jedes Erregerreservoir in Wildtierpopulationen stellt somit prinzipiell auch eine Quelle für Infektionen von Haustieren dar (Pastoret et al., 1988; Daszak et al., 2000). In umgekehrter Richtung sind, z.B. bei gemeinsamer Nutzung von Weideland, ebenso Übertragungen von Krankheiten von Haustieren auf Wildtiere möglich. Hohe Wildtierpopulationsdichten bedingen dabei eine größere Wahrscheinlichkeit, daß die Wildtiere in Kontakt mit Haustieren und damit auch potentiell mit Infektionskrankheiten kommen (Thorne et al., 1982). Beispiele von Krankheitsübertragungen zwischen Haus- und Wildtieren sind z.B. Pasteurella-Infektionen von Haus- auf Dickhornschafe (Foreyt and Jessup, 1982; Foreyt and Lagerquist, 1996) sowie *Mycoplasma conjunctivae*-Infektionen von Schafen auf Gamsen und Steinböcke (Giacometti et al., 2000). Generell ist aber die Bedeutung von Wildtieren als eine potentielle Quelle von Krankheiten für Haustiere vielfach noch schwer abzuschätzen, und umgekehrt gibt es viele offene Fragen hinsichtlich möglicher Erregerübertragungen von Haustieren auf Wildtiere.

Translokationen

Erhöhte Mortalitätsraten in Wildtierpopulationen können auch nach der Umsetzung von Wildtieren in andere Habitate auftreten, wie z.B. bei Aktionen zur Wiederansiedlung bedrohter Arten (Frölich, 1986; Frölich, 1993) oder bei Überführungen von Wildtieren in andere natürliche Lebensräume oder auch Zoos (Griffith et al., 1993; Meltzer, 1993; Jacobson, 1993; Woodford, 1993; Cunningham, 1996; Frölich, 1997; Daszak et al., 2000).

Ein markantes, historisches Beispiel für die Verbreitung von Krankheiten durch Tiertranslokationen ist die Einschleppung der Rinderpest 1888 nach Afrika. Sie richtete sowohl unter den Nutztieren als auch unter den Wildtieren gewaltigen Schaden an und wurde wahrscheinlich mit italienischen Treck-Ochsen während der militärischen Okkupation Eritreas eingeschleppt. Rinderpest führte u.a. dazu, daß weite Gebiete, die zuvor durch ständigen Beweidungsdruck Weideland blieben, sich in unbewohnbares Buschland verwandelten. Darüber hinaus reduzierte sie in einigen Gebieten Ostafrikas durch den Verlust

der Beutetiere (Wildungulaten) auch indirekt die Populationen von Löwen, Leoparden (*Panthera pardus*) und Wildhunden. Einige Kudu (*Tragelaphus strepsiceros*)-, Bongo (*Taurotragus euryceros*)- und Elenantilopenpopulationen (*Taurotragus oryx*) wurden in ihrer Anzahl so reduziert, daß ihre Bestände nie wieder auf ihre ursprüngliche Dichte anwuchsen. Solche Epidemien sind sicherlich in der Lage, Langzeitveränderungen in der Dynamik und Verteilung ihrer Wirtspopulation herbeizuführen (Plowright, 1988b). Ein weiteres Beispiel in dieser Hinsicht stellt die Ausbreitung der Vogelmalaria und der Vogelpocken auf den Hawaiiischen Inseln dar (Warner, 1968). Die unbeabsichtigte Einführung der Erreger dieser Erkrankungen und vor allem ihrer Vektoren (*Culex pipiens fatigans* und Hippoboscid-Fliegen) hatte eine verheerende Wirkung auf die einheimische Vogelfauna. Als Folge davon sind mindestens 25 einheimische Vogelarten ausgestorben (Wobeser, 1994). Weitere Beispiele dieser Art sind z.B. der Import der Afrikanischen Pferdepest nach Spanien im Jahre 1987 durch eingeführte Zebras aus Namibia (Meltzer, 1993) sowie die Ausbreitung der Tollwut in den östlichen Regionen der USA nach der Ansiedlung von in Florida gefangenen Waschbären (*Procyon lotor*) in West-Virginia (Wobeser, 1994).

Gefahren für gesunde Wildtiere können, wie bereits angedeutet, auch dadurch entstehen, daß sie in neuen Ökosystemen angesiedelt werden, in denen sie mit potentiell gefährlichen Erregern konfrontiert werden (Frölich, 1997). Beispielsweise verendeten vom Aussterben bedrohte amerikanische Schreikraniche (*Grus americana*), die zur Vermehrung in menschlicher Obhut in östliche Gebiete der USA verbracht wurden, an der Eastern Equine Encephalitis (Carpenter et al., 1989; Wobeser, 1994). In diesem Zusammenhang ist auch der mißlungene Versuch der Wiederansiedlung von Hawaiiigänsen (*Branta sandvicensis*) auf den Hawaiiischen Inseln zu erwähnen, die sich mit dem unter den lokalen Wildvögeln verbreiteten Vogelpocken-Virus tödlich infizierten (Woodford, 1993; Woodford und Rossiter, 1993).

Infektionskrankheiten und Evolution

Infektionskrankheiten sind ein wichtiger evolutionärer Faktor und viele Autoren nehmen an, daß sie eine größere Rolle spielen als z.B. Feindvermeidungsstrategien. Die natürliche Selektion wird bei Individuen mit einer geringen Immunität ansetzen; d.h. unter dem Einfluß einer Infektionskrankheit in einer Population werden in evolutionären Zeiträumen diejenigen Individuen favorisiert, die resistent gegenüber verschiedenen Erregern sind. In diesem Zusammenhang spielen Mutabilität, Polymorphismus und genetische Diversität eine bedeutende Rolle (Haldane, 1949; Anderson and May, 1982; Woodroffe, 1999).

Gefahren für den Menschen durch von Wildtieren ausgehende Infektionskrankheiten

Wildtiere können ein bedeutendes Reservoir für Erreger sein, die auch auf den Menschen übertragbar sind (Dedek, 1992; Dedek und Steineck, 1994; Daszak et al., 2000). Abgesehen von der Tollwut spielen unter mitteleuropäischen Verhältnissen vor allem die Frühsommer-Meningoenzephalitis (Kienholz, 1991) sowie die Lyme-Borreliose (Anderson, 1991; Gern et al., 1998) eine derartige Rolle. Ferner ist auf eine mögliche Infektion mit Hantaviren und dem Encephalomyocarditisvirus hinzuweisen. Der in Europa vorherrschende Hantavirusserotyp führt zu grippeähnlichen Symptomen mit Nierenbeteiligung, wobei schwere Verlaufsformen selten sind. Menschliche Infektionen entstehen durch Inhalation von Aerosolen aus Exkrementen persistent infizierter Nagetiere (Nowotny, 1996). Generell sind für Menschen aber besonders Arbovirusinfektionen gefährlich. Ein markantes Beispiel aus jüngster Zeit für eine Übertragung eines in Tierpopulationen zirkulierenden Virus auf den Menschen stellt das West Nile Virus dar, das im Sommer 1999 in New York zu 62 bestätigten Infektionen beim Menschen mit 7 Todesfällen geführt hat (Rappole et al., 2000). Weiterhin waren in New York City zahlreiche einheimische und exotische Vögel, aber auch einige Pferde erkrankt. Dieses Flavivirus, das in den letzten Jahren auch in südlichen Ländern Europas aufgetaucht ist, wird durch Zugvögel verbreitet und durch Mücken übertragen. Die schwerste Manifestation dieser Erkrankung ist eine Enzephalomyelitis, die bei erkrankten Menschen, Pferden und Vögeln (Cantile et al., 2000) auftritt. Menschen und Pferde werden dabei als zufällige Endwirte angesehen. Eine sehr aktuelle Zoonose, die vorwiegend Equiden aber auch Menschen betreffen kann, ist die Bornasche Krankheit (BK), ausgelöst durch das Borna Disease Virus. Das Virus hat ein breites Wirtsspektrum (neben Pferden und Schafen z.B. auch Katzen, Strauße (*Struthio camelus*) und Rhesusaffen (*Macaca mulatta*). Darüber hinaus werden auch freilebende Ratten und Kaninchen als Reservoir des Erregers vermutet (Ludwig und Bode, 2000). Nachdem die Infektion beim Menschen nachgewiesen werden konnte (Bode et al., 1995) sind diese hoch interessanten Untersuchungen Gegenstand aktueller Forschungen (Bode und Ludwig, 2001). Eine weitere Quelle für Zoonose-Erreger in anderen Kontinenten stellen frei lebende Primaten dar, die u.a. einige für den Menschen sehr gefährliche Viren, wie das Ebola-Virus, oder Hepatitis B-Viren, beherbergen können (Brack, 1987). Durch Mutationen bzw. Gen-Drift von in Wildtierpopulationen zirkulierenden Erregern besteht stets eine latente Gefahr des Auftauchens neuer Krankheiten, wobei die neuen Erreger von Wildtieren auf Menschen überspringen können (Daszak et al., 2000).

Management von Infektionskrankheiten bei Wildtieren

Umfassende Kenntnisse über die epidemiologische Situation in Wildtierpopulationen sind eine der wichtigsten Voraussetzungen für die Krankheitsbekämpfung bzw. -beurteilung. Dies erfordert die Notwendigkeit eines kontinuierlichen Screenings für Krankheiten (Plowright, 1988a,b; Spalding and Forrester, 1993, Dedek und Steineck, 1994). In solche Surveillance-Programme sollten auch Haustiere einbezogen werden, wenn der Verdacht besteht, daß sie als Krankheitsreservoir für Wildtiere in Betracht kommen können (Woodroffe, 1999; Giacometti et al., 2000). In diesem Fall muß ein Schwerpunkt der Infektionsbekämpfung bei den Haustierbeständen liegen, wie beispielsweise bei der Eindämmung von *Mycoplasma conjunctivae* bei Schafen als Erreger der Gemsblindheit bei Steinböcken und Gemsen in den Alpen (Giacometti et al., 2000). Andererseits liegt oft die besondere epidemiologische Bedeutung von Wildtieren in der Bildung von Reservoiren und Naturherden. Als Beispiel dafür kann die afrikanische Schweinepest auf Sardinien gelten, die dort inzwischen seit Jahren auch bei Wildschweinen (*Sus scrofa*) enzootisch verbreitet ist (Laddomada et al., 1994). Als weitere Beispiele sollen die bovine Tuberkulose bei Dachsen (*Meles meles*) in England (Krebs, 1997; Delahay et al., 2000), die europäische Schweinepest (ESP) bei Wildschweinen (Dedek, 1992), die Brucellose bei Feldhasen (*Lepus europeus*) und Wildschweinen (Dedek, 1992; Szulowski et al., 1999) sowie die Tularämie bei Feldhasen, Schneehasen (*Lepus timidus*) und Nagetieren (Mörner, 1986; Selbitz, 1988) genannt werden. Dabei erfolgt die Ansteckung der Wildschweine mit ESP hauptsächlich auf der Weide durch Kontakt mit infizierten Hausschweinen oder indirekt über Kadaver, Stallprodukte oder Küchenabfälle. Aus epidemiologischer Sicht stellen infizierte Wildschweine ein temporäres Virusreservoir und damit ein potentielles Risiko für Hausschweine dar (Loepelmann und Dedek, 1991).

Im Frühjahr 2001 hat sich die Maul- und Klauenseuche (MKS) bei Nutztieren in einigen westeuropäischen Ländern ausgebreitet und vor allem in England zu erheblichen ökonomischen Verlusten geführt. Von der MKS werden aber nicht nur domestizierte Klautiere befallen, sondern es können sich praktisch alle Artiodactyla (aber auch Elephanten [Proboscidea]) mit dem MKS-Virus infizieren (Göltenboth und Klös, 1995; Rea-Min et al., 1997). MKS ist unter den einheimischen Wildtieren beim Rothirsch (*Cervus elaphus*), Damhirsch (*Dama dama*), Elch, Reh, Mufflon (*O. ammon musimon*), Gemse, Steinbock (*Capra ibex*), Wisent und Wildschwein beschrieben worden (Hoffmann, 1984; Barrat et al., 1988; Rea-Min et al., 1997). Während bei den *Cervinae* klinische Zeichen der MKS meist nur mild ausgeprägt oder unauffällig sind, scheinen nach den bisher vorliegenden Daten Rehe (*Odocoileinae*) etwas schwerer zu erkranken (Cohrs u. Weber-Springe, 1939;

Hofmann, 1984). Außer bei Cerviden sind MKS-Ausbrüche mit meist schwerem Verlauf auch beim Wisent in Polen und bei Saiga-Antilopen in der früheren Sowjetunion beschrieben worden (Hoffman, 1984; Kruglikov et al., 1985). Insgesamt sind die Kenntnisse über Empfänglichkeit, Krankheitsverläufe und Epidemiologie der MKS bei wildlebenden Paarhufern jedoch noch sehr unvollständig. Bei ausreichend hoher Wildtierdichte besteht prinzipiell die Möglichkeit, daß sich eine von der Haustierpopulation unabhängige Erregerzirkulation aufbaut, wobei jederzeit auch Rückübertragungen („spill-back“) von Wild- auf Haustiere möglich sind (Cohrs u. Weber-Springe, 1939; Forman and Gibbs, 1974). Da prinzipiell die Übertragung des MKS-Virus auf frei lebende Paarhufer („spill-over“) gegeben ist, erscheint es sinnvoll, weiterführende Untersuchungen in bezug auf die Epidemiologie der MKS bei Wildtieren vorzunehmen.

Für das Management von Infektionskrankheiten in kritischen Situationen, vor allem wenn es sich um kleine, vom Aussterben bedrohte Tierpopulationen handelt, können Vakzinierungen notwendig werden. Dazu muß allerdings auf sichere und effektive, an Wildtieren getestete Vakzine bzw. Vakzinationsregime zurückgegriffen werden können. Außerdem müssen die potentiellen Auswirkungen derartiger Impfaktionen im voraus analysiert werden (Plowright, 1988b; Bittle, 1993; Woodroffe, 1999). Generell ist aber der Erfolg von Impfstrategien bei freilebenden Wildpopulation umstritten (Gascoyne et al., 1993; Cleaveland, 1996; Williams et al., 1996; Woodroffe, 1997; Woodroffe, 1999). Die seit geraumer Zeit erfolgreich durchgeführte orale Tollwut-Immunsierung der Füchse stellt dabei eine der bedeutensten Vakzinierungsprogramme bei Wildtieren dar (Steck et al., 1982; Artois et al., 1997). Auch zur Bekämpfung der ESP in den Schwarzwildbeständen werden zur Zeit Versuche zur oralen Immunsierung mit Hilfe von Ködern durchgeführt. Das Ergebnis erwies sich bisher als sehr erfolgsversprechend. Dabei wurde Quetschmais verfüttert, der mit einem Lebendimpfstoff versehen war. Eine einmalige Applikation von markierten Ködern hatte zum Ergebnis, daß bei 53% der erlegten Wildschweine im Untersuchungsgebiet eine Köderaufnahme festgestellt werden konnte (Loepelmann und Dedek, 1991; Kaden et al., 2000). Ein wichtiges Beispiel für ein erfolgreiches Vakzinierungsprogramm in Nordamerika ist die Vakzinierung von Wapitis (*Cervus elaphus canadensis*) und Bisons gegen Brucellose. Ihre Vakzinierung mit sogenannten „Bio-bullets“ (Kunststoffkugeln mit integriertem Impfstoff) hat zu einer signifikanten Abnahme der Aborthäufigkeit geführt (Davis et al., 1991; Williams et al., 1993).

Die Bekämpfung von Infektionskrankheiten bei Wildtieren stellt nicht nur eine Herausforderung an die Vertreter verschiedener veterinärmedizinischer Disziplinen dar,

sondern hierzu bedarf es ebenso der Unterstützung durch das Jagdwesen, durch die Institutionen des Natur- und Umweltschutzes sowie durch Ökologen und Wildtierbiologen (Woodroffe, 1999). Veterinärmedizinische Interventionen dürften vor allem bei kleinen Populationen und für virulente Erreger angezeigt sein, während in größeren Populationen oder für weniger virulente Erreger wohl eher ein Populations-Management in Betracht kommt (Woodroffe, 1999). Wenn Haustiere das Krankheitsreservoir darstellen, stellt dabei die Minimierung des Kontakts zwischen Wild- und Haustieren eine effiziente Strategie dar, wie die Einrichtung von Pufferzonen zwischen Dickhornschafen und Hausschafen zur Verhinderung von Pneumonien und Räude bei Dickhornschafen in Nordamerika zeigt (Jessup et al., 1995). Die Minimierung der Kontaktrate kann man auch durch andere Managementstrategien erreichen: Beim Florida-Panther (*Felis concolor*) konnte das Infektionsrisiko für Tollwut reduziert werden, indem Maßnahmen zur Unterstützung der Weißwedelhirschpopulation (*Odocoileus virginianus*) durchgeführt wurden. Damit bejagte der Panther diese häufiger verfügbaren größeren Beutetiere, anstatt tollwutinfizierte Waschbären zu bevorzugen (Roelke et al., 1991).

Problemstellung

1. Hauptziel der vorliegenden Arbeit waren exemplarische Untersuchungen über wechselseitige Übertragungsmöglichkeiten von Virusinfektionen zwischen Wild- und Haustieren sowie zwischen verschiedenen Wildtierarten. Im Vordergrund stehen Analysen über die Spezifität von Infektionsabläufen in Wildpopulationen sowie die Bedeutung der Wildtiere im epidemiologischen Prozeß für Haustiere. Zu dieser Problematik gibt es bislang nur lückenhafte Informationen (Plowright, 1988b; Dedek und Steineck, 1994; Singer et al., 1997). Die Untersuchungen wurden überwiegend bei freilebenden Wildtieren, aber auch z.T. bei Tieren aus zoologischen Einrichtungen durchgeführt. Im einzelnen wurden folgende Projekte in dieser Fragestellung bearbeitet: Bovine Virusdiarrhoe/ Mucosal Disease (BVD/MD) bei Cerviden und Wildkaninchen, α -Herpesviren und Bösartiges Katarrhalfieber (BKF) bei Cerviden, Staupevirusinfektionen bei Wildkarnivoren, Calicivirusinfektionen beim Rotfuchs sowie Untersuchungen über diverse Virusinfektionen bei Ungulatenarten im Whipsnade Wild Animal Park. Hierbei wurden sowohl serologische Methoden und epidemiologisch-statistische Analysen, als auch Verfahren zur Isolierung von Erregern sowie molekularbiologische Techniken und phylogenetische Analysen eingesetzt.

2. Ein weiteres Ziel war es, epidemiologische Arbeiten im Rahmen der Rückgangsursachen von Wildtierpopulationen auszuwerten. Daß Krankheiten zum Rückgang von Wildtierpopulationen erheblich beitragen können, wurde bereits an den Beispielen der Staupe beim Schwarzfußiltis (Williams et al., 1988) und der Tollwut beim Afrikanischen Wildhund (Gascoyne et al., 1993) gezeigt.

In Mitteleuropa ist in den letzten Jahrzehnten ein deutlicher Rückgang der Feldhasenpopulation zu verzeichnen, wobei die Rolle von Infektionskrankheiten, wie z.B. dem European brown hare syndrome (EBHS), der Yersiose und der Kokzidiose in diesem Prozeß bislang noch nicht ausreichend geklärt sind (Poli et al., 1991, Gavier-Widen and Mörner, 1993; Steineck und Nowotny, 1993; Seck-Lanzendorf, 1997). Daher stehen verschiedene Studien zum EBHS beim Feldhasen (Deutschland, Polen, Schweiz) im Mittelpunkt dieser Fragestellung. Darüber hinaus wurden umfangreiche Untersuchungen zur Balanoposthitis bei freilebenden Wisenten im Urwald von Bialowieza (Polen) durchgeführt. Ferner sind epidemiologische Untersuchungen bei freilebenden Greifvögeln (Deutschland) sowie Spitz- und Breitmaulnashörnern (Afrika) in die Betrachtungen eingeflossen. Hierbei wurden sowohl diverse serologische Verfahren als auch pathologisch-anatomische und

pathologisch-histologische Methoden sowie epidemiologisch-statistische Analysen eingesetzt. Darüber hinaus konnten verschiedene Erreger isoliert werden.

3. Ein drittes Anliegen war, die Identifizierung neuer Erreger sowie regionale und lokale Erstnachweise von Infektionen bei Wildtieren vorzunehmen. Ein klassisches Beispiel stellt die bereits erwähnte RHD dar. Diese bis dahin weltweit unbekannt Infektionskrankheit trat erstmals im Frühjahr 1984 in China bei aus Deutschland importierten Kaninchen auf (Liu et al., 1984). In der Folge wurde aus verschiedenen Teilen der Erde über Enzootien derselben Krankheit berichtet (Marcato et al., 1988; Schlüter u. Schirrmeier, 1988; Smid et al., 1989; Ohlinger et al., 1989; Nowotny et al., 1990). Als anderes Beispiel soll das PDV als primäres ätiologisches Agens des sogenannten „Seehundsterbens“ genannt werden (Anonymus, 1993).

Folgende Einzelprojekte fallen in diesen Bereich: equine Herpesviren bei Wildequiden, Hepadnaviren bei Schneegänsen sowie Erstnachweise von EBHS in Polen und der Schweiz. Hierbei kamen sowohl diverse serologische Methoden als auch verschiedene molekularbiologische Techniken und phylogenetische Analysen zum Einsatz.

Übergeordnetes Ziel der vorliegenden Untersuchungen war es, neue Erkenntnisse zu gewinnen zu Vorkommen und Verbreitung von Infektionskrankheiten in Wildtierpopulationen sowie Informationen zu erlangen über Faktoren, die ihr Auftreten und ihren Verlauf bestimmen. Ferner sollen Verbesserungen im Rahmen der Diagnostik von Wildkrankheiten vorgeschlagen werden. Diese Erkenntnisse können u.a. zu einem professionellen, die Infektionskrankheiten miteinbeziehenden Management von Wild- und Zootierpopulationen führen und z.B. in sorgfältig durchdachte Vakzinierungsstrategien einmünden.