



**Harmonised approaches in monitoring wildlife
population health
and ecology and abundance
(APHAEA)**

**Abgestimmte Verfahren zur Überwachung der Gesundheit, Ökologie
und Verbreitung von Wildtieren**

Zuwendungsempfänger: Friedrich-Loeffler-Institut (FLI)

Förderkennzeichen: 2811ERA117

Förderzeitraum: 01.04.2012 - 30.11.2015

Bericht von: Dr. Christoph Staubach

Inhaltsverzeichnis

1. APHAEA Projektbeschreibung	3
1.1 Übergeordnete Aufgabenbeschreibung und Ziele	3
1.2 Projektziele, Workpackages und Verantwortlichkeiten des FLI	4
1.3 Kommunikation und Kooperation	7
1.4 Abweichungen von der ursprünglichen Projektplanung	7
1.5 Ausgabenplanung und Verwendung der Mittel	8
2. Wissenschaftlich-technische Ergebnisse des Vorhabens.....	8
2.1 Harmonisierung der Methoden	8
2.2 Validierung von harmonisierten Methoden	10
2.2.1 Fallstudie Fuchs und <i>E. multilocularis</i>	10
2.2.2 Fallstudie Nagetiere und Tularämie	13
2.2.3 Simulationsstudie zum Fangprotokoll der Nagetiere	15
2.2.4 Fragebogen zur Harmonisierung von Methoden	17
2.3 Europäisches Wildtierkrankheiten Netzwerk	18
2.4 Publikationen	26
3. Zusammenfassung	28
3. Summary	29
4. Danksagung	30

1. APHAEA Projektbeschreibung

1.1 Übergeordnete Aufgabenbeschreibung und Ziele

APHAEA (harmonised Approaches in monitoring wildlife Population Health, And Ecology and Abundance; abgestimmte Verfahren zur Überwachung der Gesundheit, Ökologie und Verbreitung von Wildtieren) ist ein noch existierendes Europäisches Expertennetzwerk im Bereich Tiergesundheit und Wildtierforschung. Beteiligt an dem Projekt waren sieben Länder. APHAEA diente weiterhin als Plattform für eine Harmonisierung von Methoden zur Bestimmung des Vorkommens von Wildtieren und deren Erregern, die für die Human- und Haustiergesundheit bedeutsam sind. APHAEA setzte Arbeiten des Überwachungsnetzwerks zu europäischen Wildtierkrankheiten der European Wildlife Disease Association (EWDA; www.ewda.org), des Artemis Forschungsinstituts für Wildtiergesundheit in Europa (www.Artemiswildlifehealth.com) und des vom EU FP7 geförderten WildTech-Projekts (www.wildtechproject.com) fort. APHAEA (1) entwickelte abgestimmte Methoden zur Bestimmung des Vorkommens europäischer Schlüsseltierarten, inklusive von Empfehlungen zu einem abgestimmten Datenerfassungsverfahren des Monitorings; (2) harmonisierte Beprobungsmethoden zum Monitoring der räumlichen und zeitlichen Verteilung von besonders relevanten Pathogenen dieser Schlüsseltierarten; (3) testete diese Methoden in ausgewählten Wirtstieren für bestimmte Erreger; und (4) förderte die Anwendung solcher abgestimmter Verfahren durch aktive Beteiligung von wichtigen europäischen Partnern über die gesamte Projektdauer.

Als Ausgangsbasis wurden die 31 wichtigsten Wildtiererreger verwendet, die im WildTech-Projekt identifiziert wurden. Diesen 31 Pathogenen hat APHAEA 15 Schlüsselwildtierspezies zugeordnet. Berücksichtigt werden hierbei verschiedene Habitate, Erreger und „Goldstandards“ zur Verteilung in verschiedenen Ländern. Es wurde eine Harmonisierung der Verfahren zum Monitoring, zur Beprobung und Datenerfassung auf europäischer Ebene mit einer möglicher Erweiterung auf ein breiteres Wildartenspektrum angestrebt. Für jede Wirtstier/Erreger-Kombination wurde eine an die Lage angepasste Überwachung und Beprobung vorgeschlagen. Gegenwärtig verwendete Standard-beprobungsverfahren und -auswertungen wurden evaluiert, um Empfehlungen für ein europäisch abgestimmtes Beprobungsschema zu erstellen. Das Endprodukt dieses Prozesses waren Spezies- und Diagnostikkarten mit harmonisierten Empfehlungen für Populationsbestimmungs- und Beprobungsverfahren des APHAEA-Konsortiums, die auf der APHAEA-Webseite (www.aphaea.eu) veröffentlicht wurden. Zur Validierung der Ansätze wählten die APHAEA Partner drei ausgewählte Kombinationen von Erregern und deren Wirte aus (Fuchsbandwurm / Rotfuchs, Aujeszky'sche Krankheit / Wildschwein, Tularämie / Nagetiere). Zusätzlich wurde, um eine europäische Gesamtübersicht zu erhalten, ein Fragebogen zu den Spezieskombinationen entwickelt und nach den Rückmeldungen aus den Partnerländern ausgewertet. Das Projekt involvierte aktiv die nationalen und europäischen Experten in den relevanten Fachgebieten über den gesamten Projektzeitraum, damit auch zukünftig eine europaweite Anwendung der entwickelten Methoden gesichert ist.

1.2 Projektziele, Workpackages und Verantwortlichkeiten des FLI

Im Rahmen des APHAEA-Projektes wirkte das FLI an allen 5 WPs des Projektes mit, die insgesamt der Erfüllung der in der Projektbeschreibung niedergelegten Aufgaben dienen. In WP 3 übernahm das FLI die Leitung und Koordinierung der Forschungsvorhaben.

Das FLI fertigte im Rahmen von **WP 1** (Harmonisierte Verfahren zur Abschätzung von Wildtierpopulationsverteilungen) eine Liste der in Deutschland angewandten Verfahren zur speziesbezogenen Wildtierpopulationsschätzung an und stellte diese gemeinsam mit den Partnern in einen europäischen Kontext. Das FLI beteiligte sich in einem zweiten Schritt an der Erstellung der Spezieskarten. Gemeinsam mit den Partnern wurden die europaweit harmonisierten Protokolle entwickelt.

Die Aktivitäten für Deutschland bei der Bereitstellung von Daten konzentrierten sich auf Fuchs, Wildschwein und verschiedene Nagetierspezies. In Zusammenarbeit mit den Landesbehörden galt es, praxisrelevante Datenquellen zu Populationsdichten dieser Wildtierspezies auf Kreisebene zu identifizieren.

Milestone M1.1: Verfahren- und Literaturübersicht der Wildtierpopulationsschätzung (Monat 6)

Milestone M1.2: Erstes harmonisiertes Konzept zu den Verfahren der Wildtierpopulationsschätzung und Vorschlag von Methoden zur Kartendarstellung (Monat 15)

Milestone M1.3: Rückantwort von WP4 und Anpassung der Verfahren und Methoden an Hand der Vorgaben der Wildtierexperten im Netzwerk (Monat 18)

Milestone M1.4: Validierung und erneute Anpassung der Verfahren nach der Validierung im Feld (Monat 33)

Im Rahmen von **WP 2** (Abgestimmte Beprobungsverfahren zum Monitoring der räumlichen und zeitlichen Verteilung hochrelevanter Pathogene) entwickelte das FLI gemeinsam mit den Partnern harmonisierte Diagnostik- und Beprobungsverfahren. Auch in diesem WP beteiligte sich das FLI an der Entwicklung der harmonisierten Protokolle für die Diagnostikkarten und der Validierung von Beprobungsprotokollen mittels Simulationen, insbesondere bei Pathogenen von Nagetieren. Bei den krankheitsbezogenen Untersuchungen und der Evaluierung von neuen Methoden im Feld konzentrierte sich das FLI auf Studien zum kleinen Fuchsbandwurm (*Echinococcus multilocularis*) und Tularämieinfektionen (*Francisella tularensis*) bei Nagetieren. Bei *E. multilocularis* lag der Schwerpunkt der Untersuchungen in der räumlichen und zeitlichen Verteilung von Infektionen des Fuchses unter Berücksichtigung der molekularen Typisierungsergebnisse von Parasitenisolaten mit Hilfe von Mikrosatelliten-Analysen. Die Verfahren wurden in WP 2 harmonisiert und wurden im Rahmen der Evaluierung der Verfahren in WP3 länderübergreifend eingesetzt. Bei den Untersuchungen zur *F. tularensis* stand neben der Standardisierung von verschiedenen Methoden zum Fang von Nagetieren und der Protokolle zur Diagnostik, die Verbreitung und das Vorkommen der Tularämie im Mittelpunkt der Analyse.

Milestone M2.1: Verfahren- und Literaturübersicht zum Monitoring von Wildtierkrankheiten (Monat 6)

Milestone M2.2: Erstes harmonisiertes Konzept zu den Verfahren des Monitoring von Wildtierkrankheiten und Bereitstellung der Untersuchungsergebnisse der Evaluierung und Modellierung von Beprobungsschemata (Monat 15)

Milestone M2.3: Rückantwort von WP4 und Anpassung der Verfahren und Methoden an Hand der Vorgaben der Wildtierexperten im Netzwerk (Monat 18)

Milestone M2.4: Validierung und erneute Anpassung der Verfahren nach der Validierung im Feld (Monat 33)

In **WP 3** (Harmonisierten Verfahren werden beispielhaft für ausgewählte Wirtstiere und ausgewählte Pathogene getestet), das das FLI leitete und koordinierte, wurden die bisher entwickelten Verfahren und Konzepte in den einzelnen Partnerländern validiert. Dabei wurden als Hostspezies der Rotfuchs, das Wildschwein und verschiedene Nagetierspezies ausgewählt. Bei den Erkrankungen konzentrierte sich die praktische Evaluierung der Verfahren aus WP 2 auf den kleinen Fuchsbandwurm beim Fuchs und die Aujeszky'sche Erkrankung beim Wildschwein. Die in den Fallen mit standardisierten Methoden gefangenen Nagetiere wurden mit den harmonisierten Protokollen auf Tularämie untersucht und die Verfahren gegenüber den anderen Standards und den Simulationsergebnissen abgeglichen. Zur Evaluierung der harmonisierten Methoden wurde im Rahmen des WP3 ein Fragebogen entwickelt, mit dessen Hilfe in den Mitgliedsstaaten der EU Daten zu den ausgewählten Erreger-Wirts-Kombinationen abgefragt wurden.

Milestone M3.1: Beginn der Validierungsstudie zum Rotfuchs (Monat 19)

Milestone M3.2: Beginn der Validierungsstudie zum Wildschwein (Monat 19)

Milestone M3.3: Beginn der Validierungsstudie zu selektierten Nagetierspezies (Monat 19)

Milestone M3.4: Validierungsstudie zum Rotfuchs abgeschlossen und zur Review an WP 1 und 2 übergeben (Monat 30)

Milestone M3.5: Validierungsstudien zum Wildschwein abgeschlossen und zur Review an WP 1 und 2 übergeben (Monat 30)

Milestone M3.6: Validierungsstudien zu selektierten Nagetierspezies abgeschlossen und zur Review an WP 1 und 2 übergeben (Monat 30)

Im Rahmen von **WP 4** (Entwicklung eines Europäischen Netzwerkes zu Wildtierkrankheiten) entwickelte das FLI eine interaktive Webseite zur Unterstützung der Netzwerkaktivitäten (www.aphaea.eu). Die Webseite ermöglicht die Verbreitung von Diagnostik- bzw. Spezieskarten, Publikationen und Literaturübersichten sowie von Projektergebnissen unter der Thematik der Harmonisierung von Monitoring-, Beprobungs- und

Datenerfassungsverfahren auf europäischer Ebene für die Projektpartner, relevante Behörden und wissenschaftlichen Experten. Weiterhin beteiligten sich alle Wissenschaftler auch mittels der Webseite an den Diskussionen und Validierung der vorgeschlagenen Verfahren im Rahmen des Netzwerkes und der Präsentation der Ergebnisse z.B. auf Konferenzen und Symposien mit den Wildtierexperten und Entscheidungsträgern in Deutschland und Europa.

Milestone M4.1: Externe Stakeholder-Gruppen und Experten aus Deutschland werden bereitgestellt (Monat 2)

Milestone M4.2: Konsultation von europäischen Partnern außerhalb des APHAEA-Projektes zur Benennung von Methoden zur Populationsbestimmung und Krankheitsüberwachung in Wildtierbeständen (Monat 6)

Milestone M4.3: Bereitstellung der harmonisierten Verfahren aus WP 1 und WP 2 zur Review (Monat 15)

Milestone M4.4: Feedback der Experten auf dem ersten Workshop des Netzwerkes zu den harmonisierten Verfahren aus WP 1 und WP 2 (Monat 17)

Milestone M4.5: Präsentation der Validierungsdaten aus den Feldversuchen und Vorstellung der endgültigen Verfahren auf dem zweiten Workshop des Netzwerkes mit den Stakeholdern und Experten (Monat 34)

Das FLI liefert für **WP 5** (Konsortium Management & Koordination) die entsprechenden Berichte und stellt die Forschungsergebnisse bzw. Publikationen zur Verfügung.

M5.1: Die WP-Leiter wurden offiziell benannt und das Kickoff-Treffen hat stattgefunden (Monat 2)

M5.2: Erster Jahresbericht wurde vom EMIDA Büro akzeptiert (Monat 14)

M5.3: Zweiter Jahresbericht wurde vom EMIDA Büro akzeptiert (Monat 25)

M5.4: Letzter Jahresbericht wurde vom EMIDA Büro akzeptiert (Monat 36)

1.3 Kommunikation und Kooperation

In dem Projektvorhaben wurden regelmäßig Projekttreffen durchgeführt, wechselweise bei den Partnerinstitutionen, wie z.B. einmal auch im BMEL in Berlin. Weiterhin hat man sich 2012 und 2014 auf der Konferenz der European Wildlife Association (EWDA) getroffen, die in enger Verbindung mit dem Projekt steht, so dass hier die Netzwerkfähigkeit mit der Präsentation von Ergebnissen verbunden werden konnte. Auf diesen Konferenzen wurde das Projekt vorgestellt, Zusammenarbeit und Datenfluss von beteiligten und noch nicht beteiligten Institutionen bzw. Ländern initialisiert. Im ersten Jahr nahm außerdem eine Mitarbeiterin an der ISVEE-Konferenz (Weltkonferenz der Veterinärepidemiologen, -statistiker und -ökonomen) teil, um die Grundlagen und Zusammenarbeit für die statistische-mathematische Entwicklung der harmonisierten Surveillance-Schemata und Beprobungsverfahren zu erarbeiten. Im letzten Projektjahr wurde das Abschlusstreffen als Satellitenveranstaltung des Third International One Health Congress (IOHC 2015) organisiert, um ein möglichst großes Publikum zu erreichen. Regelmäßige Telekonferenzen (i.d.R. alle 2 Monate) ergänzten den Kommunikationsfluss zwischen den Projektpartnern.

Das FLI knüpfte im Rahmen des Projektes Kontakte mit den zuständigen Behörden der Bundesländer (z.B. Jagd-, Naturschutz- und Veterinärbehörden), um die notwendigen Daten zu Wildtiervorkommen und -krankheiten für das Projekt zu generieren. Für die notwendigen direkten Absprachen waren die Mitarbeiter vor Ort, um die vorhandenen Datenbanken der Bundesländer zu begutachten. Der Fang von Nagetieren in ausgewählten Bundesländern im Rahmen der Tularämieuntersuchungen zur Evaluierung der Überwachungsschemen war ein weiterer Grund für Dienstreisen im Inland.

1.4 Abweichungen von der ursprünglichen Projektplanung

Aufgrund der Erkrankung einer Projektmitarbeiterin von November 2012 bis Ende Juni 2013 kam es zu Verzögerungen bei der Erstellung des Stichprobenbereichs einer jeden Spezies- und Diagnostikkarte als Beitrag zum WP 1 und WP 2, da hierzu statistische Kenntnisse und Analysen der Mitarbeiterin Voraussetzung für den Abschluss der Arbeiten zu diesem Milestone waren. Jedoch hatte dieser Ausfall keine Auswirkungen auf die Fertigstellung der Karten, da die Review der einzelnen Spezies- und Diagnostikkarten sehr viel Zeit in Anspruch nahm. Es erfolgte ausschließlich eine Anpassung der zeitlichen Vorgaben auf einen späteren Berichtszeitraum. Der Schwerpunkt der Arbeiten wurde nach Rückkehr der Mitarbeiterin in Abstimmung mit den Projektkoordinatoren auf Erstellung, Versand und Auswertung des Fragebogens gelegt.

Die personellen Umbesetzungen in der Arbeitsgruppe von Dr. Ulrich führten zu einer geringfügig verzögerten Kontaktaufnahme mit externen Partnern, die sich an der Abundanz- und Francisellenuntersuchung beteiligen. Durch Festlegung der Herbstsaison 2014 als Probennahmezeitraum wurde die Projektbearbeitung nicht beeinträchtigt. Außerdem erfolgte eine erste Pilotstudie zum Vorkommen von *F. tularensis* anhand von bereits in Deutschland gesammelten Proben.

Außerdem kam es zu Verzögerungen im WP 2 durch die Standortverlagerung des Instituts für Epidemiologie von Wusterhausen auf die Insel Riems. Labortätigkeiten waren nur in begrenztem Umfang möglich. Durch die Verlängerung des Arbeitsvertrages der betreffenden Projektmitarbeiterin konnten diese Rückstände aufgeholt werden. Die Verzögerungen haben keine Auswirkungen auf die Aussichten für die Erreichung der Ziele des Vorhabens.

Durch die kostenneutrale Verlängerung des Projektes konnte alle Projektziele bis zum Ende der Förderperiode erreicht werden.

1.5 Ausgabenplanung und Verwendung der Mittel

Im Rahmen des Projektes wurden insgesamt Mittel in Höhe von 398.656,11 € verausgabt. Der größte Teil davon wurde für die Finanzierung der Personalkosten verwendet (315.701,56 €). Ohne die finanzierten Stellen unter den Positionen 0812 und 0817 wäre die Durchführung des Projektes am FLI (bspw. die Erstellung der interaktiven Webseite als Unterstützung der Netzwerkaktivitäten) nicht möglich gewesen.

Es fielen über den Förderzeitraum Sachmittel in Höhe von 39.794,76 € an. Diese wurden hauptsächlich für die Untersuchungen zum kleinen Fuchsbandwurm und im Rahmen der Nagetieruntersuchungen für die Nukleinsäureisolationen und die molekulare Artbestimmung von Kleinsäugetern verwendet, die sich morphologisch nicht bestimmen ließen.

In der Position Reisemittel wurden Mittel in Höhe von 29.010,69 € verausgabt. Die Mittel wurden für die jährlichen Projekttreffen, für Probensammlung und für die Vorstellung der Ergebnisse auf nationalen und internationalen Konferenzen verwendet (z. B. ISVEE-Konferenz in Mexiko). Dabei wurde darauf geachtet, die Meetings zeitlich und räumlich so zu legen, dass möglichst wenige Reisekosten anfallen.

In der Position 0850 wurden antragsgemäß 14.149,10 € für einen Applikations-Server für die Simulationsarbeiten im Rahmen des Projektes verausgabt.

Alle im Projekt getätigten Ausgaben waren notwendig. Es wurde wirtschaftlich und sparsam mit den Mitteln umgegangen.

2. Wissenschaftlich-technische Ergebnisse des Vorhabens

2.1 Harmonisierung der Methoden

Im Rahmen von WP1 (Harmonisierte Methoden, um das Vorkommen von Wildtierwirtsarten in Europa abzuschätzen) und WP2 (Harmonisierte Methoden für die Beprobung und die Diagnostik von Wildtiererregern in Europa) wurden „Artenkarten“ (WP1) und „Diagnostikkarten“ (WP2) entwickelt und auf der APHAEA Webseite (www.aphaea.eu) publiziert.

Zuerst waren sie nur intern als Entwürfe für Diskussionen und Rückmeldungen von externen Projektpartnern und das FLI sichtbar. Danach wurden die Karten von Experten außerhalb des Konsortiums einer Review unterzogen. Im Gesamten haben sich 52 Reviewer aus 19 Ländern an dem Prüfungsprozess beteiligt. Nach der Korrektur durch die Autoren und Überprüfung durch die Reviewer wurden die Karten auf dem externen Teil der Webseite veröffentlicht und waren dementsprechend für alle Benutzer der Webseite sichtbar.

In WP1 wurden von Autoren des FLIs vier von zehn Artenkarten erstellt und an allen Karten als Reviewer mitgearbeitet: für Fuchs und Waschbär und entsprechend der ökologischen Ähnlichkeiten zwei Artenkarten für Nagetiere, eine für die Feldmaus (*Microtus arvalis*), die Rötelmaus (*Myodes glareolus*), die Gelbhalsmaus (*Apodemus flavicollis*), die Waldmaus (*Apodemus sylvaticus*), die Wühlmaus (*Arvicola amphibius*), die Westschermaus (*Arvicola sapidus*) und eine für die Hausratte (*Rattus rattus*), die Wanderratte (*Rattus norvegicus*) und die Hausmaus (*Mus musculus species complex*). Die Artenkarten der Nagetiere wurden in enger Zusammenarbeit mit langjährigen Partnern des Julius Kühn-Instituts in Münster, Deutschland, erstellt. Alle zehn erstellten Artenkarten des Konsortiums können der Tabelle 1 entnommen werden (s.a. Kapitel 2.3; <http://aphaea.org/cards/species>).

Tabelle 1: Bisher publizierte Artenkarten des APHAEA-Konsortiums

Red deer
Wild boar
Lagomorphs
Badger
Roe deer
Rattus und Mus
Voles / Mouses
Wild birds (general)
Mouflon
Chamois

In WP2 wurden sieben von 21 Karten von Autoren des FLIs geschrieben (Aujeszkysche Krankheit, Alveolare Echinokokkose, Hepatitis E-Virus, Lymphozytäres Choriomeningitis-Virus, Tollwut, Q-Fieber, Hantaviren). Wobei insbesondere bei allen Diagnostikkarten die Mitarbeiter des Projektes sowie die Nationalen Referenzlaborleiter des FLI mit ihrer Kompetenz auf dem Gebiet der Diagnostik hilfreich zur Seite standen und in die Erstellung miteinbezogen wurden. Alle 21 erstellten Artenkarten des Konsortiums können der Tabelle 2 entnommen werden (s.a. Kapitel 2.3; <http://aphaea.org/cards/diagnosis>).

Tabelle 2: Bisher publizierte Diagnostikkarten des APHA EA-Konsortiums

Anaplasmosis
Anthrax
Aujeszky's Disease
African swine Fever
Bluetongue
Brucellosis
Echinococose
European Brown Hare Syndrom
Tularemia
Hepatitis E
Avian Influenza
Bovine tuberculosis
Rabies
West Nile virus infection
Classical Swine Fever
Hantavirus infection
Listeriosis
LCV infection
Toxoplasmosis
Trichinellosis
Campylobacter infection

2.2 Validierung von harmonisierten Methoden

2.2.1 Fallstudie Fuchs und *E. multilocularis*

Im Rahmen von WP3 (Validierung von harmonisierten Methoden bei ausgewählten Wirt - Erreger Paaren) und den *Echinococcus multilocularis* Untersuchungen wurden Proben mit Finnland, Polen und den Niederlanden ausgetauscht. Zusätzlich wurden 100 deutsche Füchse untersucht.

Im Falle von den Niederlanden (interner Projektpartner) und von Polen (externer Projektpartner) wurden DNA-Proben für die Genotypisierung mit drei mitochondrialen (cox1, nd1 und atp6) und einem mikrosatelliten (EmsB) Marker an das FLI gesendet. Finnland hat 222 Fuchsdärme an das FLI gesendet. Die Proben wurden mittels zweier Methoden (IST and SCT) untersucht und die Ergebnisse den finnischen Partnern mitgeteilt.

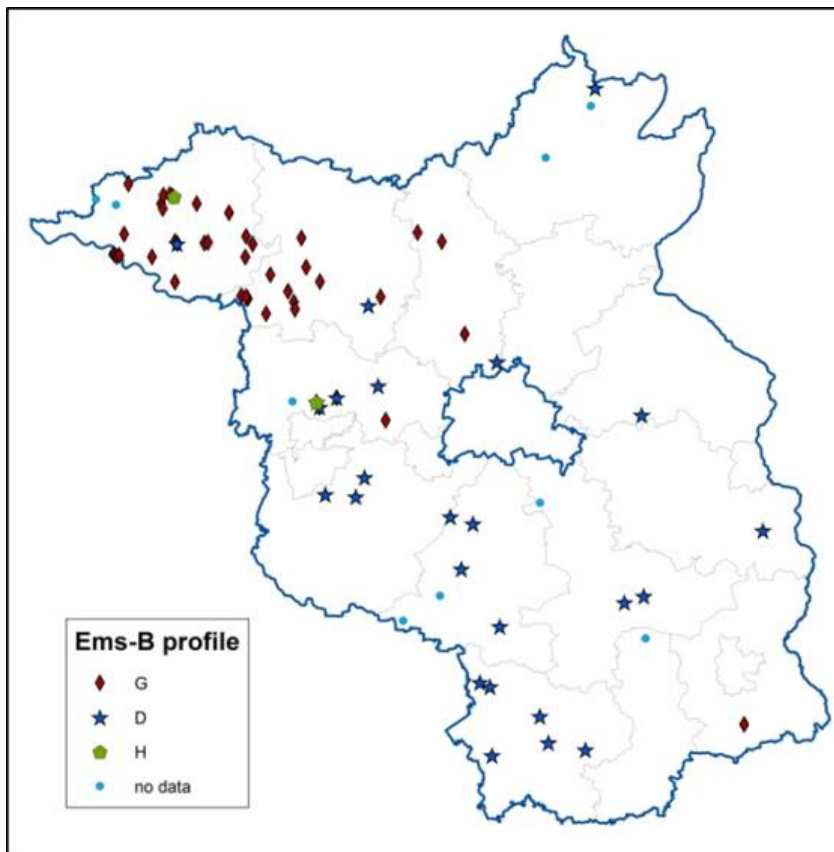


Abbildung 1: EmsB Profile in Brandenburg.

Um die Methoden zu vereinheitlichen, wurden 90 Füchse aus Brandenburg und zehn aus Nordrhein-Westfalen untersucht. Von jedem Fuchs wurden fünf adulte *Echinococcus multilocularis* Würmer isoliert, die DNA wurde von jedem Wurm separat extrahiert. Mit Hilfe der oben genannten mitochondrialen Marker und den EmsB mikrosatellit Markern wurden die Proben ebenfalls genotypisiert. Zusammenfassend konnte in Brandenburg eine genetische Diversität festgestellt werden. Es wurden vier EmsB Profile für Brandenburg und Nordrhein-Westfalen festgestellt. Die Hauptprofile waren D und G (Abbildung 1). Profil G wurde clusterartig hauptsächlich im Nordwesten Brandenburgs festgestellt. Profil D bildete ein zweites Cluster des EmsB Profils und wurde hauptsächlich im zentralen und südlichen Brandenburg gefunden. Die Cluster wurden durch statistische Analysen bestätigt (Moran's I).

Mithilfe der mitochondrialen Marker konnten vier cox1-, zwei nd1- und vier atp6- Typen gefunden werden (Abbildung 2). Ein Fuchs wies in zwei mitochondrialen Markern aller fünf Wurmsequenzen einen Einzelnukleotid-Polymorphismus (SNP) auf. Innerhalb eines Durchmessers von 20 km im Nordwesten Brandenburgs wurde ein SNP in der atp6-Sequenz der Wurmsequenz dreier Füchse gefunden. Ein weiterer SNP konnte in der cox1- Sequenz der Wurmsequenz zweier Füchse nachgewiesen werden. Diese Füchse waren 80 km entfernt voneinander erlegt worden.

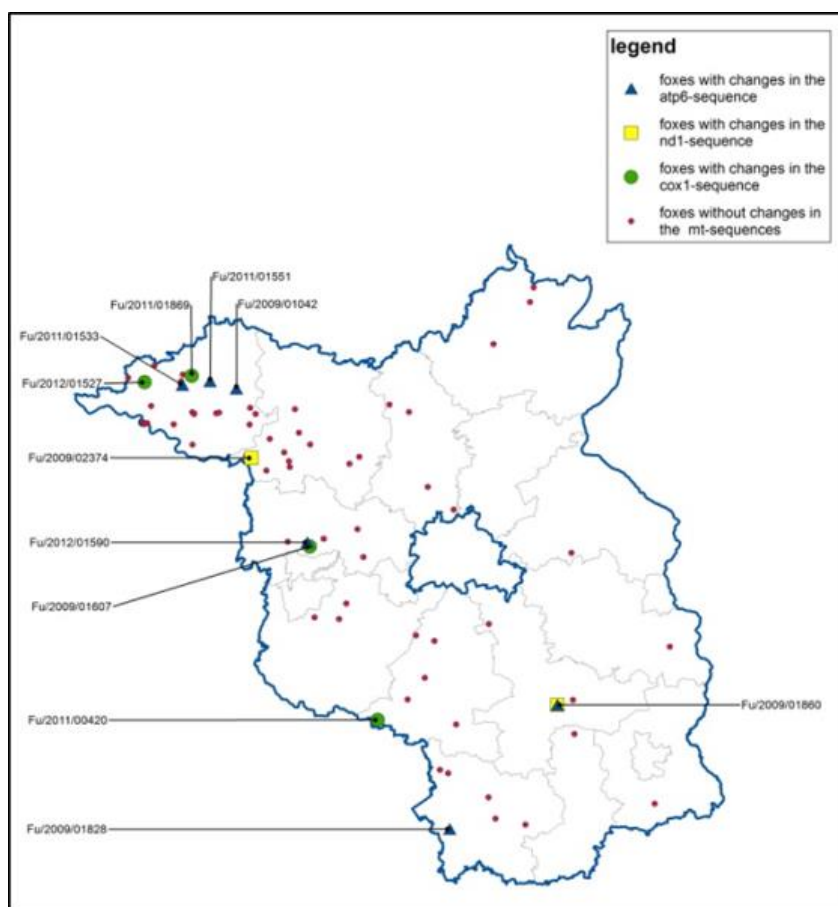


Abbildung 2: Füchse mit Sequenzunterschieden in mindestens einer Wurmsequenz und einem mitochondrialen Marker.

Zusätzlich zu den Probenuntersuchungen wurden Daten ausgetauscht. Das FLI bekam für die Wirt-Erreger Kombination Fuchs und *E. multilocularis* Daten aus Finnland, den Niederlanden, Italien und Deutschland. Sowohl die Fuchs- als auch die Parasitendaten wiesen eine hohe Heterogenität auf. Finnland stellte beispielsweise Daten von Schneespuren und Jagdzahlen über 25 und 18 Jahre auf regionaler oder nationaler Ebene zur Verfügung. Im Gegensatz dazu konnte Italien für Wirt und Parasit nur Daten einer Region über sechs Jahre liefern. Deutschland, eine historische Region für *E. multilocularis*, stellte Jagddaten aus Baden-Württemberg über fast 60 Jahre und für Thüringen und Brandenburg über 20 Jahre zur Verfügung. Die Niederlande, die in den letzten Jahren auf diesem Gebiet einige wissenschaftliche Studien durchgeführt haben, haben ebenfalls sowohl Wirts- als auch Erregerdaten über 16 Jahre zur Verfügung gestellt. Diese Daten waren hinsichtlich der Zeitintervalle und der Regionen jedoch sehr unterschiedlich. Von der Schweiz wurden Daten der Fuchspopulationen der Kantone bereitgestellt. *E. multilocularis* Prävalenzdaten werden innerhalb der nächsten Monate von einem anderen Kooperationspartner erwartet.

Zusammenfassend konnte hinsichtlich der Diagnostik von *E. multilocularis* Infektionen in Füchsen ein wesentliches Maß an Vereinheitlichungen erreicht werden. Bezüglich der Monitoring-Aktivitäten der Fuchsdichte und von *E. multilocularis* bedarf es weiterer

Vereinheitlichungen. Die Arten- und Diagnostikkarten stellen einen ersten Schritt dar. Die Verwendung einheitlicher Beprobungsprotokolle und verbesserte Tests werden in der Zukunft notwendig. Der Daten- und Probenaustausch innerhalb des Netzwerkes funktionierte gut und sollte beibehalten werden. Für die räumliche Verteilung von *E. multilocularis* in Endwirten (wild lebende Fleischfresser) existieren verlässliche Daten, historische Daten sollten allerdings hin und wieder überprüft werden. In endemischen Regionen ist ein geringerer Monitoring-Aufwand gerechtfertigt. Momentan müssen aus rechtlichen Gründen Länder mit einem „*E. multilocularis*-frei“-Status jährlich überprüft werden. Es werden Studien benötigt, um den kausalen Zusammenhang (z.B. Fall-Kontroll-Studien) zwischen Infektionen im Endwirt und der humanen AE zu untersuchen (Bestimmung von Risikofaktoren).

2.2.2 Fallstudie Nagetiere und Tularämie

Da die Feldmaus (*Microtus arvalis*) bekannt dafür ist, *Francisella tularensis* zu beherbergen (Kaysser et al., 2008), haben sich die Untersuchenden auf diese Nagetierart konzentriert, um die Ziele von WP3 bezüglich Nagetieren/*Francisella tularensis* zu erfüllen.

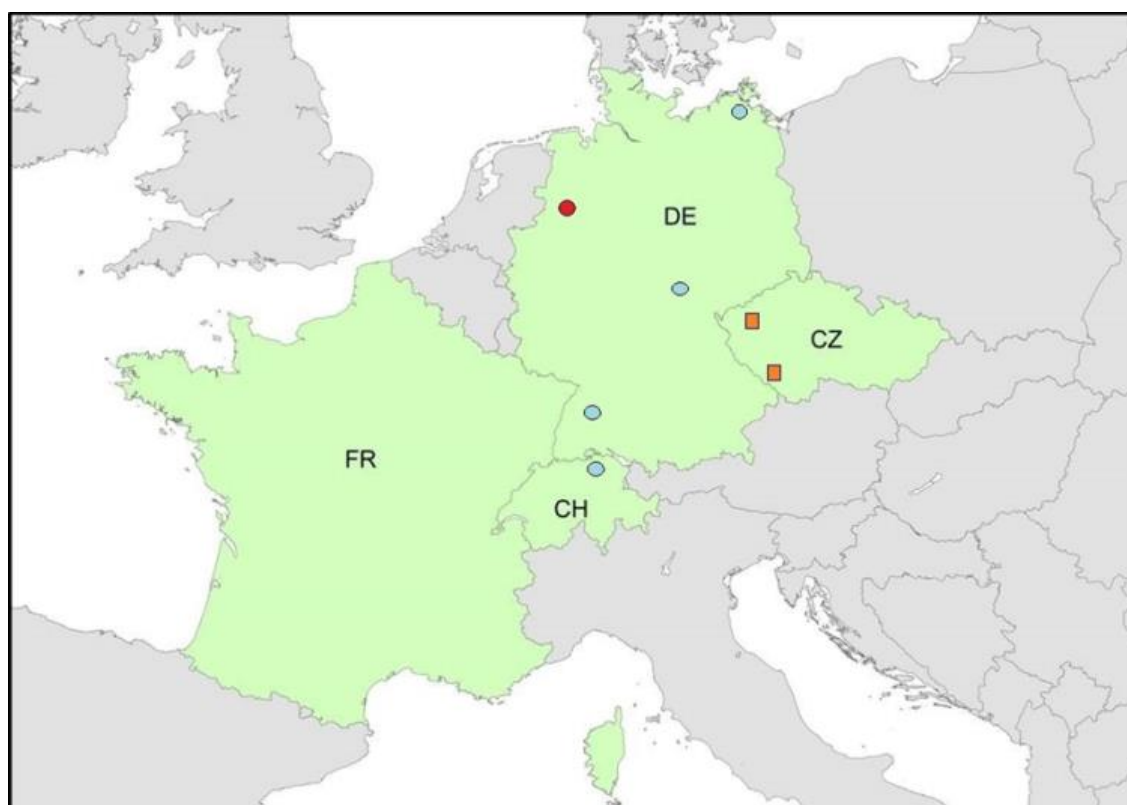


Abbildung 3: Überwachungsfallen in Deutschland (DE), der Tschechei (CZ), der Schweiz (CH) und Frankreich (FR), wo Nagetiere gefangen wurden oder geplante Fangstellen für *Francisella* Untersuchungen. An bestimmten Stellen wurde das Fangen nach dem APHAEA Standardprotokoll durchgeführt. In der Schweiz und an zwei Orten der Tschechei wurde das Standardprotokoll nicht angewendet, trotzdem wurden diese Stellen in die *Francisella* Untersuchungen miteinbezogen, um die geografische Abdeckung der Studie zu vergrößern.

Eine anfängliche Pilotstudie von Blutproben von 1.375 kleinen Säugetieren von 50 Stellen in neun deutschen Bundesländern, die aus dem “Rodent-borne pathogens” Netzwerk (Koordinator: Dr. R.G. Ulrich; siehe Ulrich et al., 2008) stammten, wurden von unserem Kooperationspartner (Dr. Roland Grunow (Robert Koch-Institut, Berlin) auf *Francisella*-reaktive Antikörper getestet. Keines der untersuchten Tiere zeigte eine spezifische Reaktivität. In einer zweiten Pilotstudie wurden 768 Leber-DNA-Proben durch eine *tul4*-specific real-time PCR(qPCR) für *Francisella*-spezifische DNA untersucht (Dr. Herbert Tomaso, Institute of Bacterial Infections and Zoonoses, FLI, Jena). Die Proben wurden im Rahmen eines Monitorings von kleinen Säugetieren zwischen 2010 und 2012 aus vier Regionen Deutschlands gewonnen (Abbildung 1). Erneut war keines der untersuchten Nagetiere, einschließlich der Feldmaus positiv in der qPCR. In einer dritten Pilotstudie wurden von einer Stelle Brandenburgs, an der zuvor ein humaner Tularämie Fall und verseuchte Wasserproben aufgetreten waren, 30 Nagetiere und Spitzmäuse, im einzelnen 20 Rötelmäuse (*Myodes glareolus*), vier Gelbhalsmäuse (*Apodemus flavicollis*), drei Brandmäuse (*A. agrarius*) und drei Spitzmäuse gesammelt. Eine molekulare Analyse, durchgeführt von Dr. Christoph Schultze (Landeslabor Berlin-Brandenburg, Frankfurt/Oder) ergab keine *Francisella*-positiven Proben.

Nagetierfallen in Beobachtungsstellen Mecklenburg-Vorpommerns, Thüringens und Baden-Württembergs wurden im Frühling und Sommer 2014 verwendet, um das Standardprotokoll zu testen (Abbildung 4). Im Herbst 2014 wurde eine einheitliche Fangstudie für verschiedene europäische Länder geplant. Insgesamt wurden 76 Partner in 28 europäischen Ländern kontaktiert. Schließlich resultierte aus Nagetierfallen von drei Stellen in Deutschland die Sammlung von 85 Feldmäusen. Zusätzlich stammten die Feldmäuse aus der Schweiz, freundlicherweise von Olivia Beerli (Institute of Parasitology, University of Zurich, Switzerland) zur Verfügung gestellt, und der Tschechei (Dr. Marta Heroldova, Institute of Vertebrate Biology, Academy of Sciences of the Czech Republic, Brno, Czech Republic; Dr. Gerald Heckel, Institute of Ecology and Evolution, Bern, Switzerland) (Abbildung 3). Weitere Wühlmäuse werden von einem französischen Partner (Dr. Emilie Tricaud, Institut Claude Bourgelat, Laboratoire de Toxicologie, BIOLYTICS, Marcy-l'Étoile, France) erwartet, sind aber noch nicht am FLI eingetroffen.

Die Fänge der drei Stellen in Deutschland resultierten während der drei Jahreszeiten in 2014 insgesamt in 154 Feldmäusen. Das lässt für die Stellen in Thüringen (TH), in Baden-Württemberg (BW) und in Mecklenburg-Vorpommern (MV) auf eine Häufigkeit von 34,7, 12,2 bzw. von 10,8 pro 100 Fallennächten im Herbst schließen (Abbildung 4; für sechs Tiere standen keine Milzprobe für die Untersuchung mittels qPCR zur Verfügung). Die Häufigkeiten an den Stellen der Tschechei waren 26,6, 35,0 und 48,6.

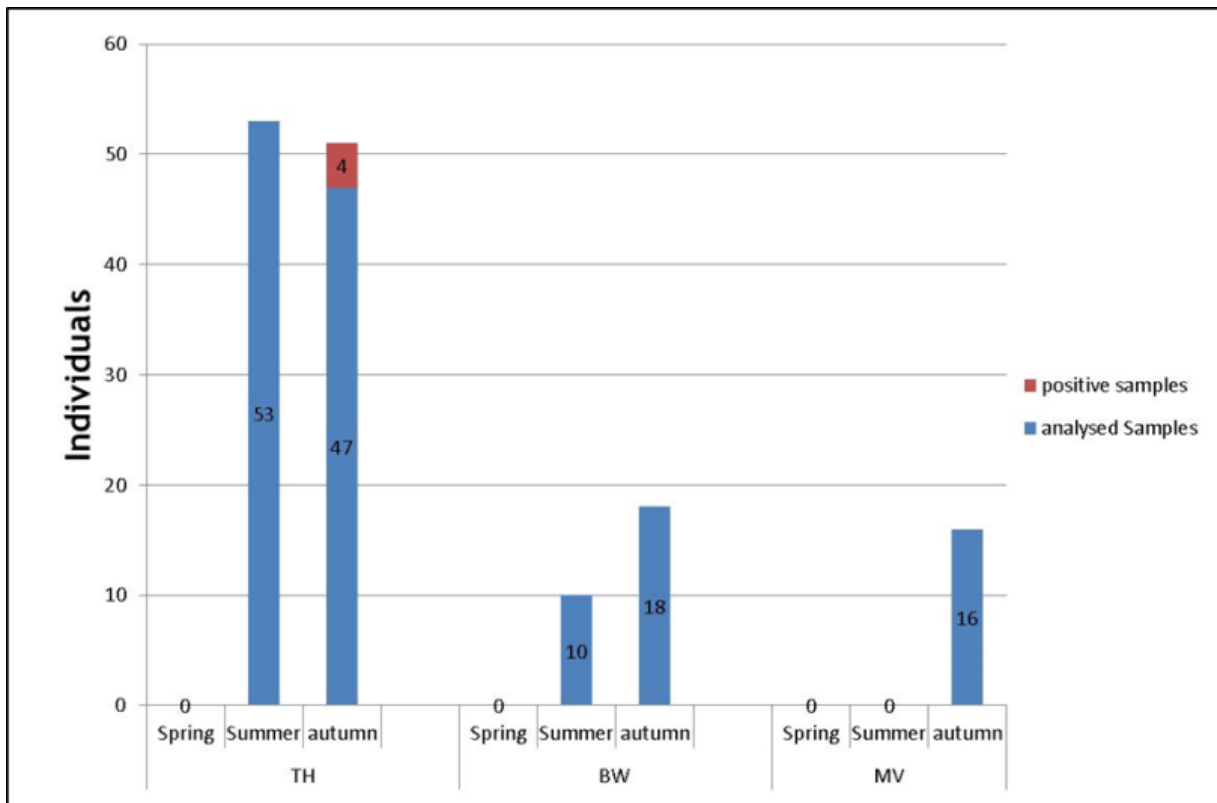


Abbildung 4: Ergebnisse der Feldmausfänge von Wiesen dreier Beobachtungsstellen in Deutschland und Ergebnisse der molekularen *Francisella* Untersuchungen.

Die *tul4*-qPCR Untersuchungen der deutschen Wühlmäuse ergaben von 148 untersuchten vier *Francisella*-positive Proben. Alle vier positiven Proben stammten von der Überwachungsstelle in Thüringen. Die molekulare Typisierung, die mittels einer konventionellen duplex PCR durchgeführt wurde, ergab *Francisella tularensis* subspecies *holarctica*. An den zwei anderen Stellen in Deutschland wurde keine Probe positiv getestet. Auch die molekularen Untersuchungen der 36 tschechischen Proben ergaben keine positiven Ergebnisse, wohingegen fünf der 158 Wühlmäuse aus der Schweiz PCR-positiv waren. Diese stammten alle von einer Untersuchungsstelle. Die Untersuchungen wurden von PD Dr. Herbert Tomaso, Jena, durchgeführt.

2.2.3 Simulationsstudie zum Fangprotokoll der Nagetiere

Um das standardisierte Schlagfallenprotokoll zu beurteilen, wurde eine Simulationsstudie durchgeführt. Um das Simulationskonzept für die Überwachung von Nagetierbedingten Erregern zu entwickeln, wurden Daten über das Vorkommen der Rötelmaus innerhalb des Studiengebiets (Waldgebiet in der Nähe von Heimerdingen in Baden-Württemberg, Deutschland) verwendet. In Abhängigkeit der geschätzten Populationsdichte wurde die Anzahl der Individuen als fixe Parameter und während der kurzen Simulationsperiode (maximal drei Tage) als konstant angenommen. Weiterhin wurde die Erregerprävalenz während eines Simulationslaufes als konstant angesehen. Auf der Basis von Häufigkeitsdaten wurde ein neues Simulationsmodell entwickelt.

Mit Hilfe der vorhandenen Populationsdichteschätzungen wurde zuerst die Rötelmauspopulation innerhalb eines Rasters gemodelt. Das Fangen wurde anhand von Fangwahrscheinlichkeiten und den individuellen Bewegungsmustern simuliert. In Abhängigkeit des Simulationsszenariums konnte entweder das Fangen mit einer Schlagfalle oder die Einfang-Markieren-Wiedereinfang- Methode gewählt werden. Es wurden bis zu fünf Überprüfungen der Fallen simuliert. Eine Sensitivitätsanalyse der Populationsdichte, der Populationsverteilung innerhalb des Modelrasters und der Fangwahrscheinlichkeit zeigte die Bedeutung von Häufigkeitsdaten zusammen mit Informationen über die An- oder Abwesenheit des Erregers. Eine hohe Variabilität der Dichte, welche im Feld häufig vorkommt, kann für eine niedrige Erregerprävalenz ein zusätzliches Problem darstellen. Die simulierten Prävalenzen für zufällig infizierte Individuen reflektieren die angenommenen Werte mit einem hohen Maß an Genauigkeit, wenn (1) der Wert für die Populationsdichteschätzung hoch ist, (2) die Fangwahrscheinlichkeit mäßig bis hoch ist, (3) wenn mindestens drei bis fünf Kontrollen der Fallen durchgeführt werden und (4) wenn Lebendfallen oder mehrere Schlagfallen per Raster verwendet werden (Abbildung 5).

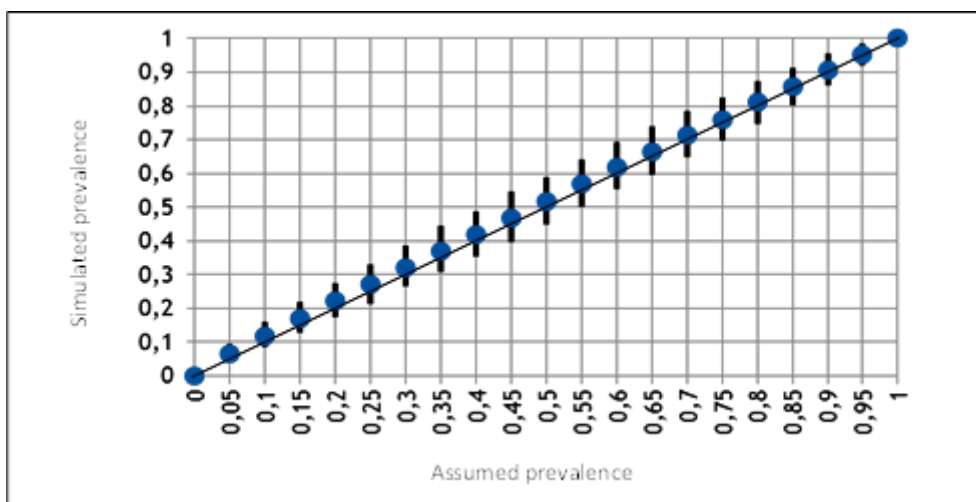


Abbildung 5: Beispiel für ein Simulationsergebnis einer zufällig verteilten Infektion mit einer 10%igen Prävalenz innerhalb einer Population mit einer geschätzten Dichte von 174,3 Individuen per ha. Die Fangwahrscheinlichkeit wurde als 44 % angenommen.

Zusammenfassend kann man sagen, dass unsere Untersuchungen die Feldmaus als potentiell Reservoir für *Francisella tularensis* bestätigen und seine zeitlich und örtlich begrenzte Anwesenheit in dieser Nagetierart aufzeigen. Die Vereinheitlichung der Untersuchungen von Nagetieren und nagetierbedingten Erregern sollte fortgeführt und die Erfahrungen dieses Projekts und dem Netzwerk “Rodent-borne pathogens” in Deutschland genutzt werden.

Schlussendlich hat das APHAEA-Projekt den Weg für zukünftige Projekte bezüglich harmonisierter Methoden, um das Ziel von Wildtierüberwachung und Surveillance in Europa zu erfüllen, geebnet. Besonders wurde der Grundstein auch dafür gelegt,

Krankheiten durch bessere Diagnostik gefolgt von Wissen und dem Vergleich von Daten zu verhindern.

2.2.4 Fragebogen zur Harmonisierung von Methoden

In WP3 wurden zusätzlich Fragebögen entwickelt, um die vereinheitlichten Methoden abzufragen (Sonnenburg et al., 2017). Die Fragebögen über die drei Wirt-Erreger Kombinationen wurden innerhalb der EU Mitgliedstaaten verteilt. Insgesamt wurde 70 Fragebögen aus 19 europäischen Ländern zurückgesendet (Abbildung 6). Detaillierte Zahlen sind in Tabelle 3 dargestellt.

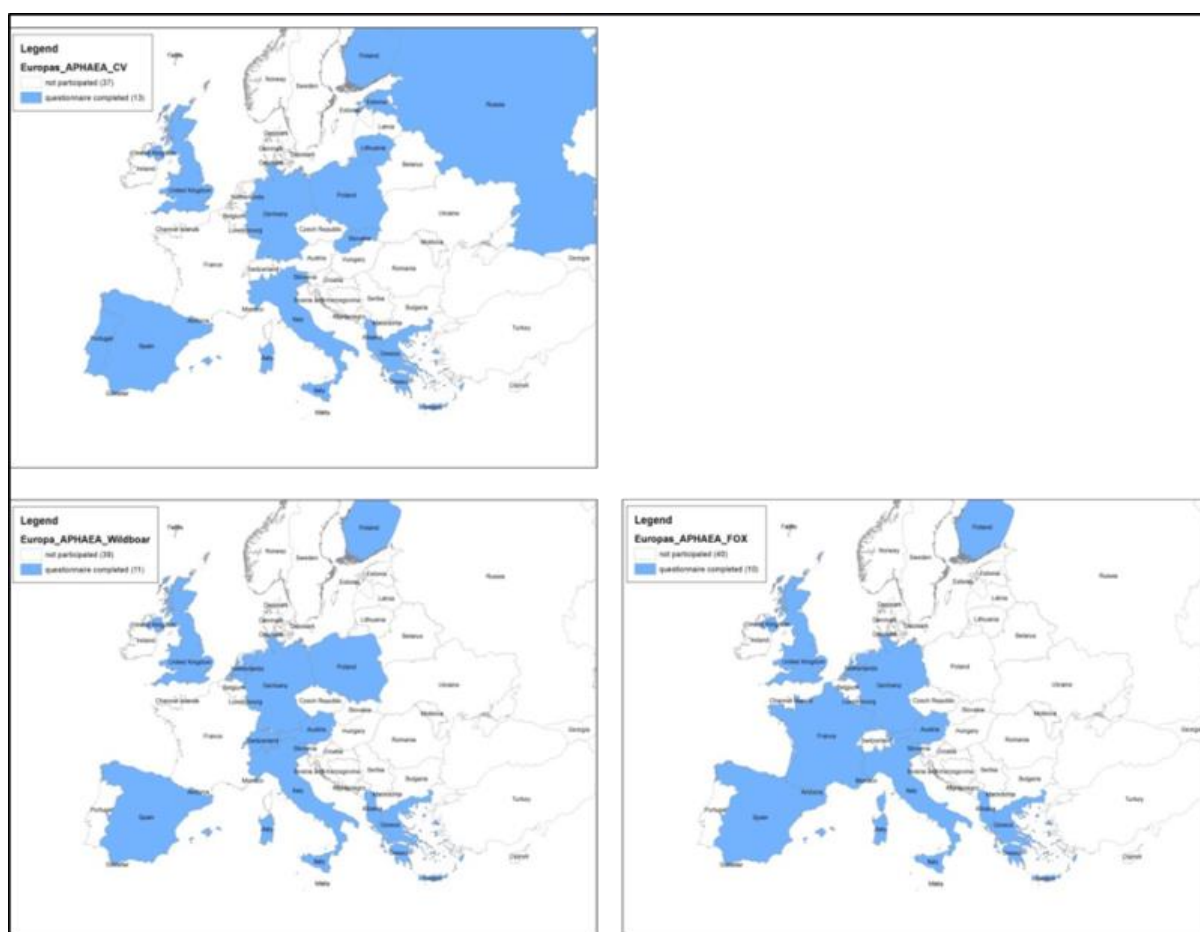


Abbildung 6: Karten der teilnehmenden europäischen Länder für alle drei Wirt-Erreger Kombinationen.

Tabelle 3: Anzahl der ausgefüllten Fragebögen und der teilnehmenden Länder für die drei Wirt-Erreger Kombinationen

	Wildschwein & Aujeszky'sche Krankheit	Fuchs & <i>Echinococcus multilocularis</i>	Feldmaus & <i>Francisella tularensis</i>
Anzahl der ausgefüllten Fragebögen	31	22	17
Teilnehmende Länder	13	11	13

Von sieben Ländern wurden alle drei Fragebögen zurückerhalten, von fünf Ländern nur zwei verschiedene Wirt-Erreger Kombinationen und sechs Länder stellten nur einen ausgefüllten Fragebogen zur Verfügung.

Durch vereinheitlichte Protokolle sammelten die Fragebögen detaillierte Informationen bezüglich historischer Daten, momentan verfügbarer Daten oder Daten, die gegebenenfalls in Zukunft zugänglich gemacht werden könnten über das Vorkommen der Wirte und dem Auftreten der Erregern für jede der Wirt-Erreger Kombinationen. Es wurden auch Informationen über verwendete oder in Zukunft verwendbare Methoden, um Dichten und Prävalenzen zu messen, zusammengetragen.

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass Wildtierüberwachungen und Schätzungen über das Vorkommen von Wildtierpopulationen in Europa durchgeführt werden, sie allerdings zwischen den Ländern in ihrem Fokus, der Intensität und den Methoden variieren. Durch die Entwicklung einheitlicher Methoden für Populationsschätzungen, die Beprobung und die Diagnostik von bedeutenden Wildtierkrankheitserregern und deren Wirtsspezies, hat APHAEA sowohl einen hervorragenden Grundstein gelegt, um Methoden innerhalb Europas zu vereinheitlichen als auch eine Basis geschaffen, um ein weiteres Spektrum an Wildtierarten abzudecken.

2.3 Europäisches Wildtierkrankheiten Netzwerk

Im Rahmen von WP4 (Entwicklung eines europäischen Wildtierkrankheiten-Netzwerkes) wurde die APHAEA Webseite durch das FLI aufgebaut und unter www.aphaea.eu veröffentlicht. Die Webseite wird genutzt, um Partner miteinzubeziehen, Informationen über das Projekt zu verbreiten und um Dokumente der Workshops und der Arten- und Diagnostikkarten zu teilen. Zusätzlich diente die Webseite als Instrument, um die Karten zu überprüfen. Insgesamt sind 24 Institute aus 16 europäischen Ländern involviert und auf der Webseite registriert. Prüfer der Karten sind teilweise nicht registriert aber trotzdem in das Netzwerk miteinbezogen.

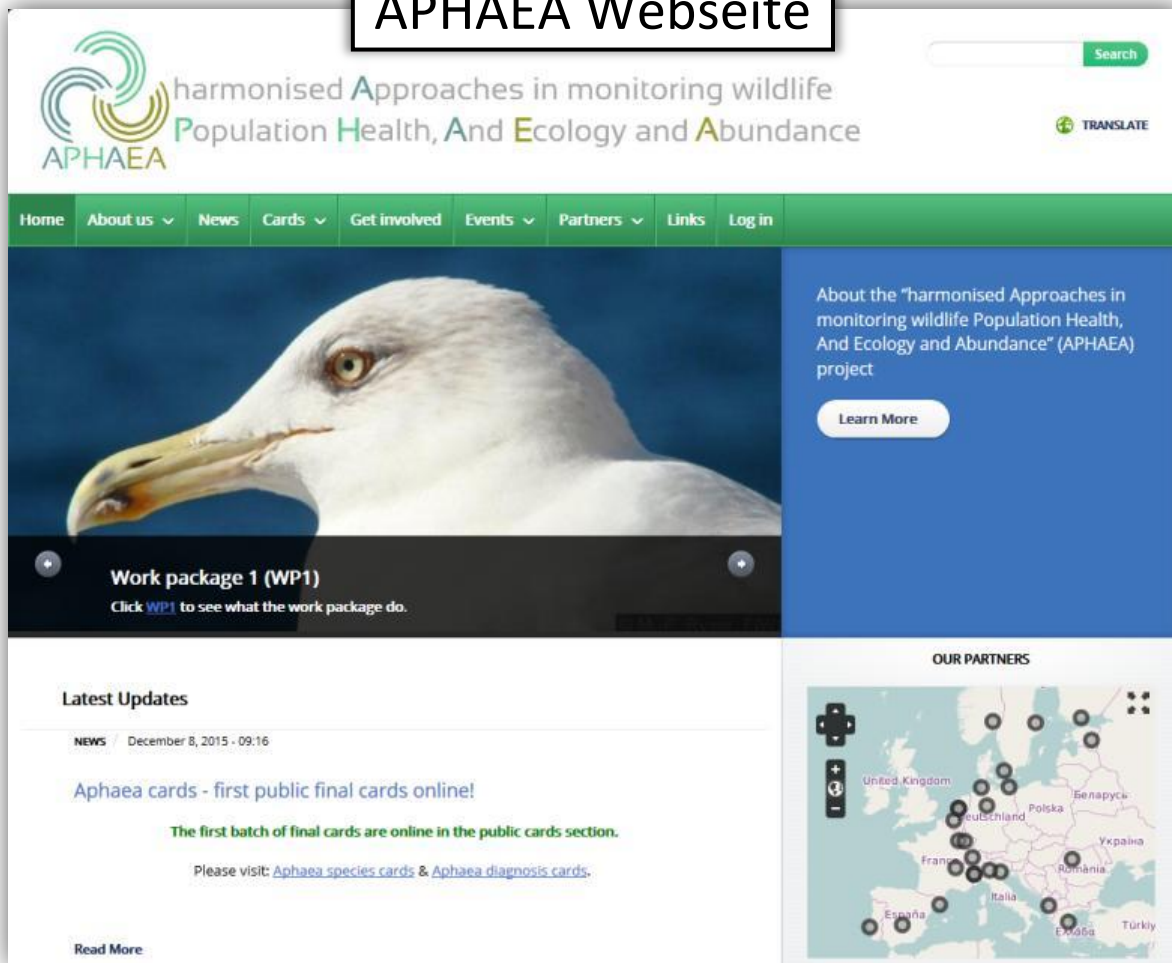
Die Webseite wurde ebenfalls im Rahmen von WP5 (Konsortium Management) genutzt, um zwei Konsultationsworkshops mit externen Partnern und ein Satellitensymposium innerhalb des IOHC (International Health Congress), zu unterstützen. Zusätzlich wurden einige Newsletter verbreitet. Mittlerweile hat sich die Webseite zu einem Hub für das europäische Netzwerk entwickelt und wird auch in weiteren Projekten als Basis dienen,



wie z.B. dem Projekt *Enetwild* der European Food and Safety Agency (EFSA), um das sich die Konsortiummitglieder erfolgreich beworben haben.

Auf den folgenden Seiten sind Screenshots von einigen wenigen Bereichen der APHAEA-Webseite dargestellt, um einen Eindruck des vielfältigen Angebots und der Möglichkeiten zu erhalten.

APHAEA Webseite

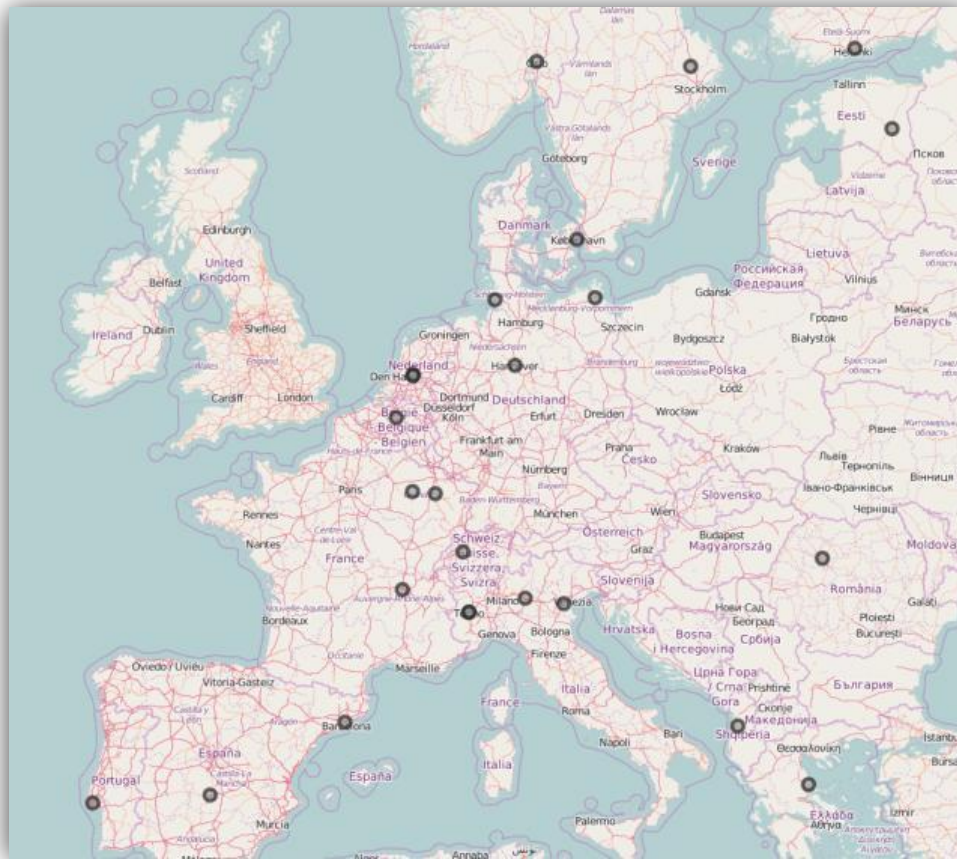


The screenshot shows the APHAEA website homepage. At the top left is the APHAEA logo and the full name: "harmonised Approaches in monitoring wildlife Population Health, And Ecology and Abundance". To the right is a search bar and a "TRANSLATE" button. Below this is a green navigation menu with items: Home, About us, News, Cards, Get involved, Events, Partners, Links, and Log in. The main content area features a large image of a seagull's head. To the right of the image is a blue box with the text: "About the 'harmonised Approaches in monitoring wildlife Population Health, And Ecology and Abundance' (APHAEA) project" and a "Learn More" button. Below the seagull image is a dark banner for "Work package 1 (WP1)" with the text "Click WP1 to see what the work package do." Below this is a "Latest Updates" section with a news item dated December 8, 2015, titled "Aphaea cards - first public final cards online!". To the right of the updates is a map titled "OUR PARTNERS" showing various European countries with location markers.

Final Event



The screenshot shows the event page for the "APHAEA Final Consultation Workshop". The breadcrumb trail is "Home / Events / APHAEA Final Consultation Workshop". The main heading is "APHAEA Final Consultation Workshop" followed by the text: "during the Third International One Health Congress (IOHC 2015), March 18, 2015, The Netherlands". Below this are logos for EMIDA, ERA-NET, dwhc (dutch wildlife health centre), and APHAEA. On the right side, there is a "SOCIAL SHARING" section with icons for Facebook, Google+, LinkedIn, Twitter, Email, and Print, and a "DOWNLOADS" section with a link to "APHAEA final meeting - Program/Agenda/Abstracts (03.2015)". At the bottom left, under "Information:", there is a bullet point stating: "APHAEA Final Consultation Workshop will be held in Utrecht, the Netherlands on March 18, 2015, 9h00-18h00." Below this is a paragraph describing the workshop's aims: "The workshop aims to present the final results obtained by project partners on estimates of abundance of selected key wildlife host species and on the distribution of selected pathogens in their wild hosts in Europe. The proposed harmonized methods will be discussed before spreading them to a wider public. The future development of the European wildlife disease surveillance network will also be addressed."



Home / Partners / FLI
SOCIAL SHARING


FLI

<http://www.fli.bund.de>

FLI is the leading German institution in animal health. It has contacts to German authorities and wildlife associations. The established databases at FLI for classical swine fever (European database on classical swine fever in wild boar), avian influenza (German AI-DB, FP6 New FluBird database), rabies (WHO Rabies database for Europe - Rabies Bulletin Europe) and echinococcosis (research database), which already contain wildlife population-related data and ecological parameters, will be extended for data obtained by the other partners. FLI coordinates the network "Rodent-borne pathogens" in Germany, which will be highly beneficial for the APHAEA project.


Contact: Christoph.Staubach@fli.bund.de


LOCATION:



LOCATION DESCRIPTION:
FLI - Insel Riems - Greifswald - Germany

RELATED COUNTRIES:
[Germany](#)






Partner overview

Home / Get involved

Get involved



How can you contribute to APHAEA?

Framework and funding:

APHAEA is an EMIDA ERA-NET project. Although it is a transnational research project, project partners are funded by national organizations. No funding will be provided by APHAEA to external partners joining the project network, though collaborations are welcome.

External partners are welcome to:

1. **Contribute to reviews** carried out by the project team in providing published and unpublished information on methods applied at national level for host abundance estimation and pathogen diagnostics
2. **Provide consultancy** all along the project duration (evaluation and endorsement of reviews and harmonized protocols), i.e., send feedbacks on submitted documents within the attributed deadline, and participate in the two consultation workshops
3. **Contact and consult experts in their respective countries** regarding 1+2, i.e., act as national contact person (unless an APHAEA partner already represents the country)


External partners also may:

Contribute to WP3 (protocol validation) by applying the harmonized protocols proposed by APHAEA and sharing their results with APHAEA partners, provided they have access to an own funding source.

Contact:

[Marie-Pierre.Pyser \[a\] vetsuisse.unibe.ch](mailto:Marie-Pierre.Pyser [a] vetsuisse.unibe.ch) (please)

SOCIAL SHARING



Get involved

User/Member Account Login

Log in Request

Home / User account

User account

E-mail *

Enter your e-mail address.

Password *

Enter the password that accompanies your e-mail.

Log in

Diagnosis Cards Overview

Home / Cards / Diagnosis cards

Diagnosis cards

Anaplasmosis	Anthrax	African Swine Fever	Avian influenza	Aujeszky's disease	Bluetongue virus
Brucellosis	Campylobacter jejuni	Classical swine fever	Coxiella burnetii	Echinococcosis	EMC virus
European brown hare syndrome	Hantavirus	Hepatitis E	Leptospira spp.	Listeria monocytogenes	Lymphocytic Choriomeningitis Virus Infection
Tuberculosis	Neospora caninum	Pasteurella multocida	Pathogenic Escherichia coli	Rabies virus	Salmonella enteritidis, Salmonella typhimurium
Tick-borne encephalitis virus	Toxoplasmosis	Trichinella spp.	Tularaemia	West Nile virus	

Species Cards Overview

Home / Cards / Species cards

Species cards

Red fox	Wild boar	Lagomorphs	Badger	Raccoon dog	Roe deer
Red deer	Chamois	Rattus / Mus	Mouflon	Wild birds	Voiles - Mouses

Diagnosis Card

Home / African Swine Fever



Network for wildlife health surveillance in Europe
Diagnosis Card



African Swine Fever

Author(s) (*corresponding author)

Francisco Ruiz-Fons, Health & Biotechnology (SaBio) Group, Spanish Wildlife Research Institute IREC (CSIC-UCLM), Ronda de Toledo s/n, 13005 Ciudad Real, Spain, josefrancisco.ruiz@uclm.es

Reviewers

Ferrán Jori, CIRAD, UR AGIRs, Mammal Research Institute, Department of Zoology and Entomology, University of Pretoria, Pretoria 0002, South Africa, ferran.jori@cirad.fr

Lina Mur, VISAVET, University Complutense of Madrid, Av. Puerta de Hierro s/n. 28040 Madrid, Spain, lina@sanidadanimal.info

Last update

10.12.15

Etiology


African swine fever virus (ASFV), only member of the genus *Asfivirus* in the family *Asfarviridae*.

Affected species (wildlife, domestic animals, humans)


ASFV infects mainly suids: the Warthog (*Phacochoerus africanus*), the Bushpig (*Potamochoerus larvatus*), the Red River Hog (*Potamochoerus porcus*), the Giant Forest Hog (*Hylochoerus meinertzhageni*) and the Eurasian wild boar and feral/domestic pig (*Sus scrofa*).

Species Card

Home / Rattus / Mus



Network for wildlife health surveillance in Europe
Species Card



Black rat - *Rattus rattus* Norway rat - *Rattus norvegicus* House mouse - *Mus musculus* spec.-complex

Author(s) (first name, last name, affiliation, country, email, *corresponding author)

Christian Imholt^{1,2}, **Stephan Drewes**¹, **Sabrina Schmidt**¹, **Jens Jacob**², **Rainer G. Ulrich**^{1*}
¹ Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald-Insel Riems; rainer.ulrich@fli.bund.de
² Julius Kühn-Institute, Münster

Reviewers (first name, last name, affiliation, country, email)

Heikki Henttonen, Natural Resources Institute, Helsinki, Finland, heikki.henttonen@luke.fi

Last update

17.03.2016

Brief description of the species/group of species: basic ecology and its relevance from an epidemiological perspective

The species in this review have been grouped due to their synanthropic nature. Both genera are highly adaptable to the human environment and have consequently spread worldwide. Their commensal nature requires methodological adaptations that make them suitable species for this review. Various pathogens have been identified previously with pathogen-specific methods (for reviews see Meerburg et al., 2009; Ulrich et al., 2009; Himsforth et al., 2013), but recently also using next-generation sequencing (Phan et al., 2011; Sachsenröder et al., 2014). The species were found to carry also non-zoonotic pathogens, such as herpesviruses (Ehlers et al., 2007) and papillomaviruses (Schulz et al., 2012), but here only pathogens with zoonotic potential are summarized.

2.4 Publikationen

Sonnenburg, J., M. P. Ryser-Degiorgis, T. Kuiken, E. Ferroglio, R. G. Ulrich, F. J. Conraths, C. Gortazar and C. Staubach (2017). "Harmonizing methods for wildlife abundance estimation and pathogen detection in Europe-a questionnaire survey on three selected host-pathogen combinations." *BMC Vet Res* 13(1): 53.

Chiari, M., N. Ferrari, M. Bertoletti, D. Avisani, M. Cerioli, M. Zanoni, L. G. Alborali, P. Lanfranchi, D. Lelli, A. M. Martin and L. Antonio (2015). "Long-Term Surveillance of Aujeszky's Disease in the Alpine Wild Boar (*Sus scrofa*)." *Ecohealth* 12(4): 563-570.

Haas, C., S. Rossi, R. Meier and M.-P. Ryser-Degiorgis (2015). "Evaluation of a Commercial ELISA for the Detection of Antibodies to *Sarcoptes scabiei* in Wild Boar (*Sus scrofa*)." *Journal of Wildlife Diseases* 51(3): 729-733.

Meier, R., F. Ruiz-Fons and M.-P. Ryser-Degiorgis (2015). "A picture of trends in Aujeszky's disease virus exposure in wild boar in the Swiss and European contexts." *BMC Veterinary Research* 11(1): 277.

Acevedo, P., A. Balseiro, C. Gortázar and J. M. Prieto (2014). "Generalizing and transferring spatial models: A case study to predict Eurasian badger abundance in Atlantic Spain." *Ecological Modelling* 8: 1-8.

Acevedo, P., F. Quiros-Fernandez, J. Casal and J. Vicente (2014). "Spatial distribution of wild boar population abundance: Basic information for spatial epidemiology and wildlife management." *Ecol Indic* 36: 594-600.

Beerli, O., S. Blatter, M. Boadella, J. Schöning, S. Schmitt and M.-P. Ryser-Degiorgis (2015). "Towards harmonised procedures in wildlife epidemiological investigations: A serosurvey of infection with *Mycobacterium bovis* and closely related agents in wild boar (*Sus scrofa*) in Switzerland." *The Veterinary Journal*. 203(1): 131-133.

Byrne, A. W., P. Acevedo, S. Green and J. O'Keeffe (2014). "Estimating badger social-group abundance in the Republic of Ireland using cross-validated species distribution modelling." *Ecological Indicators* 43: 94-102.

Queiros, J., J. Vicente, M. Boadella, C. Gortázar and P. C. Alves (2014). "The impact of management practices and past demographic history on the genetic diversity of red deer (*Cervus elaphus*): an assessment of population and individual fitness." *Biological Journal of the Linnean Society* 111(1): 209-223.

Ruiz-Fons, F., A. Sanchez-Matamoros, C. Gortazar and J. M. Sanchez-Vizcaino (2014). "The role of wildlife in bluetongue virus maintenance in Europe: lessons learned after the natural infection in Spain." *Virus Res* 182: 50-58.

Segura, A., P. Acevedo, O. Rodríguez, J. Naves and J.R. Obeso (2014). "Biotic and abiotic factors modulating wild boar relative abundance in Atlantic Spain." *Eur J Wildlife Res* 60: 469-476.

Mentaberre, G., C. Gutierrez, N. F. Rodriguez, S. Joseph, D. Gonzalez-Barrio, O. Cabezon, J. de la Fuente, C. Gortazar and M. Boadella (2013). "A transversal study on antibodies against selected pathogens in dromedary camels in the Canary Islands, Spain." *Vet Microbiol* 167(3-4): 468-473.

Munoz-Mendoza, M., N. Marreros, M. Boadella, C. Gortazar, S. Menendez, L. de Juan, J. Bezos, B. Romero, M. F. Copano, J. Amado, J. L. Saez, J. Mourelo and A. Balseiro (2013). "Wild boar tuberculosis in Iberian Atlantic Spain: a different picture from Mediterranean habitats." *BMC Vet Res* 9: 176.

Richomme, C., M. Boadella, A. Courcoul, B. Durand, A. Drapeau, Y. Corde, J. Hars, A. Payne, A. Fediaevsky and M. L. Boschioli (2013). "Exposure of Wild Boar to Mycobacterium tuberculosis Complex in France since 2000 Is Consistent with the Distribution of Bovine Tuberculosis Outbreaks in Cattle." *PLOS ONE* 8(10): e77842.

Ruiz-Fons, F., E. Ferroglio and C. Gortázar (2013). "Leishmania infantum in free-ranging hares, Spain, 2004-2010." *Euro Surveill.* 18(30).

Santos, J.P.V., I. G. Fernandez de Mera, P. Acevedo, M. Boadella, Y. Fierro, J. Vicente and C. Gortazar (2013). "Optimizing the sampling effort to evaluate body condition in ungulates: A case study on red deer." *Ecological Indicators.* 30: 65-71.

Vicente, J., J. A. Barasona, P. Acevedo, J. F. Ruiz-Fons, M. Boadella, I. Diez-Delgado, B. Beltran-Beck, D. Gonzalez-Barrio, J. Queiros, V. Montoro, J. de la Fuente and C. Gortazar (2013). "Temporal trend of tuberculosis in wild ungulates from Mediterranean Spain." *Transbound Emerg Dis* 60 Suppl 1: 92-103.

Boadella, M., J. A. Barasona, E. Pozio, V. Montoro, J. Vicente, C. Gortazar and P. Acevedo (2012). "Spatio-temporal trends and risk factors for Trichinella species infection in wild boar (Sus scrofa) populations of central Spain: a long-term study." *Int J Parasitol* 42(8): 739-745.

3. Zusammenfassung

Europa ist in zunehmendem Maße von Humaninfektionen oder Infektionen von Nutztieren betroffen, für die auch Wildtiere empfänglich sind. Beispiele aus jüngster Vergangenheit sind das Auftreten der Afrikanischen Schweinepest in Polen und den baltischen Staaten in der Wildschweinpopulation, das Wiederauftreten der Tuberkulose bei Tieren in vielen Ländern mit verschiedenen Wildtierwirten einschließlich Huftieren und Dachsen sowie die mit Hasen und Kaninchen in Verbindung stehende Leishmaniose beim Menschen in Spanien. Die für Europa so charakteristische Diversität machte es hingegen sehr schwer, sowohl den Krankheitserreger als auch die Wildtierwirte in einer einheitlichen und zentral koordinierten Weise zu überwachen.

Das EU-Konsortium APHAEA (EMIDA ERA-NET) hat Instrumentarien entwickelt, um eben diese Lücken zu schließen. Dazu zählen zum einen „Krankheitskarten“, mittels derer für die wichtigsten Krankheiten an der Schnittstelle von Wildtieren, Nutztieren und Mensch einheitliche Beprobungs- und Diagnostikprotokolle erstellt wurden und zum anderen „Spezieskarten“ mit Reviews zu verschiedenen Methoden der Populationserschätzung sowie Empfehlungen über die am besten geeignete Methode in Abhängigkeit verschiedener räumlicher Skalen. Darüber hinaus hat sich APHAEA auch zum Ziel gesetzt, ein europäisches Netzwerk zur Wildtiergesundheit zu etablieren, das über das Projektende hinaus aktiv bestehen soll und damit zu einer nachhaltig verbesserten Überwachung der Wildtiergesundheit in Europa beitragen wird. Eine eigens eingerichtete Webseite (www.APHAES.eu), jährliche Tagungen sowie Konsultationsworkshops mit externen Partnern und Interessensgruppen ermöglichen die aktive Teilnahme und den Informationsaustausch.

In Zusammenarbeit mit einem erweiterten Netzwerk kooperierender Partner erstellte APHAEA einen Fragebogen und führte grenzübergreifende Umfragen mit standardisierten Methoden zu ausgewählten Erreger-Wirt Kombinationen wie beispielsweise der Aujeszkyschen Krankheit in Wildschweinen, *Francisella tularensis* in Nagetieren und *Echinococcus multilocularis* in Füchsen durch. Dieser Versuch deckte die Stärken und Schwächen des aufzubauenden europäischen Überwachungssystems auf.

Ein Hauptziel des Netzwerks zur Überwachung der Wildtiergesundheit ist es, bereits seit langer Zeit bestehende internationale Gesundheitsüberwachungssysteme für Nutztiere und Menschen durch die Entwicklung eines Frühwarnsystems für das (Wieder)Auftreten von durch Wildtiere übertragene Krankheiten zu vervollständigen.

3. Summary

Europe is increasingly concerned about infections of humans or domestic livestock that are shared with wildlife. Recent examples include: the emergence of African Swine Fever in Poland and the Baltic countries in relation with wild boar; the re-emergence of animal tuberculosis in many countries in relation with different wildlife hosts including ungulates and badgers; and the lagomorph-related increase of leishmaniosis in human in Spain. However, Europe's characteristic diversity makes it difficult to monitor both the disease agents and their wildlife host populations in a harmonized and coordinated way.

The EU consortium APHAEA (EMIDA ERA-NET) has set up tools that aim to overcome these limitations. First, "Disease Cards" including recommended sampling and diagnostic protocols are now available for the most relevant diseases shared between wildlife and livestock or humans. Second, host "Species Cards" include reviews on abundance estimation methods and recommendations of the most suitable methods at different spatial scales. Additionally, APHAEA also aims at strengthening a European Wildlife Health Network that will continue beyond the end of the project and contribute to sustained and improved wildlife health surveillance in Europe. A specific website (www.APHAEA.eu) and annual meetings as well as consultation workshops with external partners and stakeholders facilitate participation and information exchange.

In collaboration with an extended network of collaborating partners, APHAEA performed a questionnaire and transnational surveys using standardized methods on selected pathogen and host binomial including Aujeszky's disease virus in wild boar, *Francisella tularensis* in rodents and *Echinococcus multilocularis* in foxes. This exercise revealed the strengths and weaknesses of this incipient European monitoring scheme.

One goal of this wildlife health surveillance network is to complement longer established international health surveillance programs for domestic animals and people, and in this way to contribute to early warning of emergence and re-emergence of wildlife-related diseases.

4. Danksagung

Die durchgeführten Studien wurde im Rahmen des von EMIDA-ERA-NET geförderten Projektes APHAEA (Harmonised approaches in monitoring wildlife population health and ecology and abundance) durch das Bundesamt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) finanziert (2811ERA117). Wir danken dem BLE und unseren Projektpartnern für die gute Kooperation.