



UNIVERSITÄT
HOHENHEIM

Fachgebiet Parasitologie



5. Süddeutscher Zeckenkongress

02. - 04. März 2020

Tagungsband

14.00-14.10 Begrüßung

Prof. Dr. Ute Mackenstedt

Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim

14.10-14.45 Neues von Zecken aus burmesischem Bernstein

L. Chitimia-Dobler¹, S. Handschuh², T. Pfeffer³, J. A. Dunlop⁴

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland; ² Institut für öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Universität Wien; ³ Keyence Deutschland GmbH, Neu-Isenburg, Deutschland; ⁴ Museum für Naturkunde, Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitäts-Forschung, Berlin, Deutschland

I. Tick-borne Encephalitis in Germany (TBENager)

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

14.45-15.00 Experimentelle FSMEV-Infektion von Rötelmäusen (*Myodes glareolus*)

A. Michelitsch¹, B. Tews², C. Klaus³, M. Bestehorn-Willmann⁴, G. Dobler⁵, M. Beer¹, K. Wernike¹

¹ Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut; ² Institut für Infektionsmedizin, Friedrich-Loeffler-Institut; ³ Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Friedrich-Loeffler-Institut; ⁴ Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim; ⁵ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München; DZIF Partner, Partner-Standort München; Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim

15.00-15.15 A mouse model demonstrates contact-dependent transmission of Langkat virus and Tick-borne encephalitis virus

S. Schreier¹, K. Cebulski², A. Kröger²

¹ Institut für Mikrobiologie, Universität Magdeburg; ² Institut für Mikrobiologie, Universität Magdeburg

15.15-15.30 TBENAGER-Projekt: Identifizierung von FSME-Naturherden in Deutschland

L. Chitimia-Dobler¹, G. Dobler¹

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland

15.30-15.45 Influence of infection route on neuropathology of tick-borne encephalitis virus in a murine infection model

M. Boelke¹, C. Puff², F. Naccache¹, F. Gusmag¹, K. Liebig¹, S. Jesse³, A. Beineke², G. Dobler⁴, A. Osterhaus³, W. Baumgärtner², C. Schulz³, S. Becker¹

¹Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases University of Veterinary Medicine, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ²Department of Pathology, University of Veterinary Medicine, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ³Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ⁴Institute of Microbiology of the Bundeswehr, Neuherbergstraße 11, 80937 Munich, Germany

15.45-16.00 Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)Virus in wilden Kleinnagern in zwei Naturherden

H. Schmuck¹; G. Dobler²; L. Chitimia-Dobler²; M. Pfeffer¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, VMF Leipzig, Deutschland; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland

16.00-16.15 Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME): Zwischenergebnisse der intensivierten Surveillance sowie Fall-Kontroll-Studie 2018–2020

T. Kreuzsch¹, M. Böhmer², C. Wagner-Wiening³, O. Wichmann¹, W. Hellenbrand¹
¹Robert Koch-Institut, Berlin; ²Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL), Oberschleißheim; ³Landesgesundheitsamt (LGA) Baden-Württemberg, Stuttgart

16.15-16.30 TBENAGER Project: Populationsgenetik von *Ixodes ricinus* und *Myodes glareolus* in FSME-Naturherden

R. Kühn¹, L. Kauer¹, L. Popp¹, H. Schmuck², M. Pfeffer², L. Chitimia-Dobler³, G. Dobler^{3,4}

¹ Molekulare Zoologie, TU München-Weihenstephan; ² Institut für Tierhygiene und öffentliches Veterinärwesen, VMF Leipzig; ³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München; ⁴ Fachgebiet Parasitologie Universität Hohenheim, Stuttgart

16.30-17.00 Kaffeepause

II. Verbreitung und Vorkommen von Zecken

Vorsitz: Prof. Dr. Martin Pfeffer/ Dr. Olaf Kahl

**17.00-17.15 Globale Verbreitung, Klimaanpassung und Vektorkompetenz der Buntzecken
Dermacentor reticulatus und *Dermacentor silvarum***

F. Rubel¹, K. Brugger¹, O. Kahl²

¹Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien; ²tick-radar GmbH

**17.15-17.30 Die Verbreitung von Zecken der Gattung *Dermacentor* in Deutschland -
Nachweis einer erneuten Ausbreitung von *Dermacentor reticulatus***

M. Drehmann¹, A. Springer², A. Lindau¹, K. Facht¹, S. Mai¹, L. Chitimia-Dobler^{1,3}, M. Bröker⁴, U. Mackenstedt¹, C. Strube²

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

17.30-17.45 Das Vorkommen von *Hyalomma* spp. in Deutschland – eine Citizen-Science-Studie

A.Lindau¹; M. Drehmann¹; A. Springer²; L. Chitimia-Dobler^{1,3}; K. Facht¹; S. Mai¹; C. Strube²; U. Mackenstedt¹

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

III. Nachwuchswissenschaftler*innen in der Zeckenforschung

Vorsitz: Prof. Dr. Andrea Kröger/ Dr. Hans Dautel

9.15-9.30 Zeckenabundanz und Prävalenz zeckenassoziierter bakterieller Pathogene im Nordwesten Deutschlands

S. Knoll¹, A. Springer¹, L. Chitimia-Dobler², B. Schunack³, S. Pachnicke⁴, V. Fingerle⁵, C. Strube¹

¹Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München; Fachgebiet Parasitologie, Institut für Zoologie, Universität Hohenheim; ³Bayer Animal Health GmbH, Leverkusen; ⁴Bayer Vital GmbH, Leverkusen; ⁵Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Oberschleißheim;

9.30-9.45 Das geht unter die Haut: *Ixodes* Zecken im subkutanen Gewebe von Rotfüchsen (*Vulpes vulpes*) in Deutschland

M. Haut¹, N. Król¹, A. Obiegala¹, J. Seeger², M. Pfeffer¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät Leipzig; ²Veterinär-Anatomisches Institut, Veterinärmedizinische Fakultät Leipzig

9.45-10.00 Competence of the vector restricting tick-borne encephalitis virus spread

K. Liebig¹, M. Boelke¹, D. Grund¹, G. Dobler², L. Chitimia-Dobler², S. Becker¹

¹Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine, Buenteweg 17, 30559 Hannover, Germany Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hannover, Germany; ²Institute of Microbiology of the Bundeswehr, Neuherbergstraße 11, 80937 Munich, Germany

10.00-10.15 Die Braune Hundezecke – Aktuelle Studien zu *Rhipicephalus sanguineus* s.l. in Deutschland

K. Facht¹, A. Lindau¹, M. Drehmann¹, U. Mackenstedt¹

¹Fachgebiet Parasitologie, Institut Zoologie, Universität Hohenheim

10.15-10.30 The artificial feeding of all successive life stages of the hard tick *Ixodes ricinus*

N. Militzer¹, A. Nijhof¹

¹Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin

10.30-11.00 Diskussion und Kaffeepaus

11.00-11.15 Abundanz von Zecken im Stadtgebiet Hannover im Jahr 2019 vergleichend mit vorjährigen Untersuchungen

A. Glass¹, D. Hauck¹, A. Springer¹, C. Strube¹

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

11.15-11.30 Tick-Borne Encephalitis Virus Nonstructural Protein 1 IgG Enzyme-Linked Immunosorbent Assay for Differentiating Infection versus Vaccination Antibody Responses

P. Gírl¹, M. Bestehorn-Willmann², S. Zange¹, J. Borde³, G. Dobler¹, H. Buttler¹

¹Bundeswehr Institute of Microbiology;²Department of Parasitology, University of Hohenheim;
³Division of Infectious Diseases, Department of Medicine II, University of Freiburg

11.30-11.45 Unerwarteter Fund von *D. reticulatus* Larven und Nymphen mittels Flag-Methode sowie Bestätigung transovarier Übertragung von *Rickettsia raoultii*

H. Schmuck¹, L. Chitimia-Dobler², N. Król¹, M. Pfeffer¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, VMF Leipzig; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

11.45-12.00 Insights to the co-infections of tick-borne pathogens in African cattle: a new way for the simultaneous molecular detection of Anaplasmidae, Rickettsiae and Piroplasmidae

B. Abanda¹, A. Pague², M. Abdoulmoumini³, T. Manchang⁴, A. Renz²,
A. Eisenbarth⁵

¹Institute of Evolution and Ecology, Department of Comparative Zoology, University of Tübingen/Programme Onchocercoses field station of the University of Tübingen/Department of Biological Sciences, University of Ngaoundéré; ²Institute of Evolution and Ecology, Department of Comparative Zoology, University of Tübingen/Programme Onchocercoses field station of the University of Tübingen; ³School of Veterinary Medicine and Sciences, Department of Parasitology and Parasitological Diseases, University of Ngaoundéré, Cameroon; ⁴Institute of Agricultural Research for Development (IRAD), Wakwa Regional Centre, Cameroon; ⁵Institute of Novel and Emerging Infectious Diseases, Friedrich-Loeffler-Institut, Riems, Germany

12.00-12.15 Fragen an die Vortragenden

12.15-13.30 Mittagessen in der Mensa

IV. Das Projekt OSWALD

Vorsitz: Prof. Dr. Stefanie Becker/ Prof. Dr. Ard Nijhof

13.30-13.45 Project OSWALD – the development of a mathematical model to assess the TBE risk in Germany

J. Schiffner-Rohe¹, C. Malerczyk²

¹Pfizer Deutschland; ²Pfizer Pharma

13.45-14.05 Tick density in different land cover classes in Germany – part of the OSWALD project

U. Mackenstedt¹, A. Lindau¹, M. Drehmann¹, Katrin Facht¹, O. Kahl², D. Kämmer², I. Bulling², M. Pfeffer³, J. Fürst³, N. Król³, A. Obiegala³, F. Rubel⁴, K. Brugger⁴, M. Walter⁴, J. Vogelgesang⁴, C. Strube⁵, A. Springer⁵, S. Knoll⁵, L. Ziegler^{3,6}, D. Fischer^{3,6}, L. Chitimia-Dobler^{1,7}

¹University of Hohenheim, Department of Parasitology, Stuttgart, ²tick-radar GmbH, Berlin, ³University of Leipzig, Institute of Animal Hygiene and Veterinary Public Health, Leipzig, ⁴University of Veterinary Medicine Vienna, Department for Farm Animals and Veterinary Public Health, Vienna, Austria, ⁵University of Veterinary Medicine Hanover, Centre for Infection Medicine, Institute for Parasitology, Hanover, ⁶Justus Liebig University Giessen, Clinic for Birds, Reptiles, Amphibians and Fish, Giessen, ⁷ Bundeswehr Institute of Microbiology, Munich

14.05-14.25 Field investigations on the developmental diapause of engorged larval and nymphal *Ixodes ricinus*: a comparison of old and new data

O. Kahl¹, D. Kämmer¹, H. Dautel^{1,2}

¹tick-radar GmbH; ²Insect Services GmbH

14.25-14.40 Diapause induction and rate of non-diapause development in engorged larvae and nymphs of *Ixodes ricinus* at different temperatures and photoperiods - a contribution to the project OSWALD

H. Dautel¹, F. Friedrich¹, R. Grichnik²

¹IS Insect Services GmbH; ²Rhein-Waal Universität

14.40-15.05 Oswald- Project: Prevalence of TBE virus in ticks in Germany and Central Europe

G. Dobler

Bundeswehr Institute of Microbiology, Munich, Germany

15.05-15.20 Immunization rate and adherence of tick-borne encephalitis vaccination in Germany

K. Schley¹, C. Malerczyk², D. Beier³, J. Schiffner-Rohe¹, C. von Eiff², D. Häckl⁴, J. Süß⁵

¹Pfizer Deutschland GmbH; ²Pfizer Pharma GmbH; ³InGef – Institute for Applied Health Research; ⁴WIG2 GmbH; ⁵Brehm Memorial Center

15.20-15.40 Tick-borne encephalitis virus presence in animal hosts and ticks as an exposure-based risk assessment for human infections – a contribution to project OSWALD

K. Brugger¹, M. Walter¹, F. Rubel¹

¹Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien

15.45-16.15 Kaffeepause

V. Immunologie, Physiologie, Biologie

Vorsitz: Prof. Dr. Martin Pfeffer/ Prof. Dr. Andrea Kröger

16.15-16.30 Evidence for diversifying selection within CD8+ T cell epitopes of the *Theileria parva* Tp2 antigen gene: Implications for development of *T. parva* subunit vaccines

M. Mwamuye¹, I. Obara², D. Odongo³, P. Gwakisa⁴, P. Clausen¹, A. Nijhof¹

¹Institute of Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität-Berlin; ²Institute of Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität-Berlin; ³2. School of Biological Sciences, University of Nairobi, Kenya; ⁴3. Genome Science laboratory, College of Veterinary Medicine and Biomedical Sciences, Sokoine University of Agriculture

16.30-16.45 Ticks: we are not always transmitting diseases!

M. Tonk¹, A. Cabezas-Cruz², R. Rego³, J. Valdes³, L. Grubhoffer³, A. Vilcinskas⁴

¹Justus-Liebig University, LOEWE Center, Germany; ²INRA, ANSES, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Université, France; ³Institute of Parasitology, Czech Academy of Sciences, Czech Republic; ⁴Justus-Liebig University, Fraunhofer IME, Germany

16.45-17.00 Neues zum Vorkommen und Verteilung von alpha-Gal in *Ixodes ricinus*

J. Fischer¹, S. Riel¹, A. Frank², B. Fehrenbacher¹, U. Mackenstedt²

¹Universitäts-Hautklinik Tübingen; ²Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim

IV. Postersession

17.00-18.00 Postervorstellung und Diskussion

anschließend Besuch des zoologischen und tiermedizinischen Museums der Universität Hohenheim im Schloss

ab 19.00 Gemeinsames Abendessen mit Preisverleihung für die besten Erstlingsvorträge im Balkonsaal des Schlosses

Pathogene von Zecken

Vorsitz: Prof. Dr. Ute Mackenstedt/Dr. Rainer Oehme

9.30- 9.45 Zeckenbefall und Zecken-übertragene Erkrankungen bei Nutztieren im Sudan und in Somalia

A. Springer¹, A. Elhag², Y. Brima³, M. Abdalla⁴, A. Bakiet⁴, S. Mohmed-Noor², A. Said⁵, S. Schaper⁶, R. Rieß⁶, G. Dobler⁷, C. Strube¹, D. Bakkes⁸, L. Chitimia-Dobler⁶, Y. Shuaib⁴

¹Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Bünteweg 17, 30559 Hannover, Deutschland; ²Veterinary Ambulance, Khartoum, Sudan; ³Ministry of Animal Resources, Al-Jenainah, West Darfur State, Sudan; ⁴College of Veterinary Medicine, Sudan University of Science and Technology, Khartoum North, Sudan; ⁵College of Veterinary Medicine, East Africa University, P.O. Box 111, Bosaso, Somalia; ⁶Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, Neuherbergstr. 11, 80937 München; ⁷Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, Neuherbergstr. 11, 80937 München und Fachgebiet Parasitologie, Institut für Zoologie, Universität Hohenheim, Emil Wolff-Strasse 34, 70599 Stuttgart; ⁸Gertrud Theiler Tick Museum, Onderstepoort Veterinary Research, Pretoria, Südafrika und Evolutionary Genomics Group, Department of Botany and Zoology, Stellenbosch University, Südafrika

9.45-10.00 Experimental infection of *Ixodes ricinus* ticks with different *Bartonella* species via artificial feeding – preliminary results

N. Krol¹, N. Militzer², A. Nijhof², V. Kempf³, M. Pfeffer¹, M. Obiegala¹

¹Institute of Animal Hygiene and Veterinary Public Health, University of Leipzig; ²Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, The Free University of Berlin; ³Institute for Medical Microbiology and Infection Control, University Hospital, Goethe-University

10.00-10.20 Ein FSME-Milchhausbruch in Baden-Württemberg im Jahr 2017

G. Dobler¹, U. Mackenstedt², M. Bestehorn-Willmanns², R. Oehme³, M. Drehmann², A. Lindau², L. Chitimia-Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ²Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim; ³Landesgesundheitsamt Baden-Württemberg im Regierungspräsidium Stuttgart, Stuttgart

10.20-10.35 Harz mountain virus, a new member of the zoonotic Alongshan virus group, is prevalent in ticks, tick saliva and game animals from Lower Saxony/Germany

M. Boelke², M. Kubinski³, K. Dümmer³, A. Oelke², J. Glanz², E. Gregersen⁴, D. Grund², L. Wiesner⁵, K. Liebig², S. Knoll⁶, F. Naccache², U. Nagel-Kohl⁷, M. Nordhoff⁸, A. Springer⁶, P. Becher⁴, I. Steffen⁵, C. Strube⁹, J. Schmidt-Chanasit⁹, D. Cadar⁹, S. Becker²

²Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine Hannover, Buenteweg Hanover, Germany; Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, Hanover, Germany; ³Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, Hanover, Germany; ⁴Institute of Virology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine Hannover, Buenteweg 17, Hanover, Germany; ⁵Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, Hanover, Germany; Institute for Biochemistry, University of Veterinary Medicine Hannover, Buenteweg 17, Hanover, Germany; ⁶Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine Hannover, Buenteweg 17, Hanover, Germany; ⁷Lower Saxony State Office for Consumer Protection and Food Safety (LAVES), Food and Veterinary Institute Braunschweig/Hannover, Eintrachtweg 17, Hanover, Germany; ⁸Lower Saxony State Office for Consumer Protection and Food Safety (LAVES), Food and Veterinary Institute Oldenburg, Philosophenweg 38, Oldenburg, Germany

10.35-10.50 Phylogeographie neu nachgewiesener FSME-Viren in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen

G. Dobler¹, M. Bröker², B. Marchwald⁴, M. Bestehorn-Willmanns³, M. Monazahian⁴, L. Chitimia-Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ² Marburg; ³Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim; ⁴Niedersächsisches Landesgesundheitsamt

10.50-11.05 Neutralisation unterschiedlicher FSME Virusstämme des europäischen Subtyps

Malena Bestehorn-Willmann^{1,2}, Gerhard Dobler^{1,2}, Ute Mackenstedt¹

¹Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim, Stuttgart
²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Neues von Zecken aus burmesischem Bernstein

Chitimia-Dobler L¹, Handschuh S², Pfeffer T³, Würzinger F³, Dunlop J⁴

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

² Institut für Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

³ Keyence Deutschland GmbH, Neu-Isenburg

⁴ Naturkunde-Museum Berlin

Zecken gelten als die ältesten bekannten Vektoren von Krankheitserregern. Nach aktuellen genetischen Schätzungen sind sie vor ca. 350 Millionen Jahren aus Milben-ähnlichen Spinnentieren entstanden. Die ersten bekannten Tiere stammen aus burmesischem Bernstein und sind etwa 100 Millionen Jahre alt. Bisher wurden morphologisch im sog. Birmitt fünf Arten (*Deinocroton*, *Amblyomma*, *Compluriscutula*, *Cornupalpatum*, *Haemaphysalis*) aus zwei unterschiedlichen Familien (Deinocrotonidae, Ixodidae) nachgewiesen werden.

Umfangreiche Analysen in verfügbaren Bernsteinen, u.a. mittels Röntgen-Mikroskopie ergaben in der beschriebenen Art *Compluriscutula vetulum* bisher nicht bekannte Zahnstrukturen an den Palpen und am Hypostom. Weitehirn konnte die Zahl der Fестоone von 13 auf 14 korrigiert werden. Es werden zwei neue Arten von Schildzecken beschrieben: die deutliche Ähnlichkeiten mit noch rezenten Arten in Australien und Neuseeland aufweisen.

Die in der Kreidezeit vorhandene hohe Variabilität und Vielfalt der Zeckenarten spricht für länger stattgefundenen Evolution der Zecken. Mit der Zunahme von Zeckenfunden im Birmitt ist mit weiteren Neubeschreibungen von Zeckenarten zu rechnen. Die aktuellen Daten werfen neue Fragen zur Kontinentalverschiebung und Artverbreitung auf.

Experimentelle FSMEV-Infektion von Rötelmäusen (*Myodes glareolus*)

A. Michelitsch¹, B. Tews², C. Klaus³, M. Bestehorn-Willmann⁴, G. Dobler⁵, M. Beer¹, K. Wernike¹

¹Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut; ²Institut für Infektionsmedizin, Friedrich-Loeffler-Institut; ³Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Friedrich-Loeffler-Institut; ⁴Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim; ⁵Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München; DZIF Partner, Partner-Standort München;

Die Rötelmaus (*Myodes glareolus*) gehört zu den am häufigsten vorkommenden Säugetierarten in europäischen Wäldern. Durch ihre bodennahe Lebensweise steht sie in intensivem Kontakt mit der Zeckenpopulation und damit auch mit deren Pathogenen. Das wichtigste durch Zecken übertragene Virus in Europa ist das Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus (FSMEV). Im Rahmen des TBENager-Projekts wurde nun die Rolle der Rötelmaus im FSMEV-Übertragungszyklus untersucht. Hierfür wurden Rötelmäuse unterschiedlicher genetischer Linien mit verschiedenen FSMEV-Isolaten inokuliert. Alle inokulierten Rötelmäuse zeigten eine Serokonversion, allerdings wurden keine neurologischen Symptome beobachtet. Nach 28 Tagen konnte in Vollblutproben virale RNA nachgewiesen werden, die korrespondierenden Serumproben waren jedoch zumeist negativ. Zusätzlich konnte virale RNA auch im ZNS einiger Tiere detektiert werden. In den gemeinsam mit den inokulierten Tieren gehaltenen Kontakttieren wurde keine FSMEV-Infektion nachgewiesen, was gegen eine horizontale Verbreitung von FMEV innerhalb der Rötelmauspopulation spricht. Die verlängerte Virämie deutet auf eine potentielle Rolle der Rötelmaus als amplifizierender Wirt im FSMEV Übertragungszyklus hin. Die Virusdynamik innerhalb der ersten Wochen der Infektion sowie der Status nach 2 Monaten wurden in einer zweiten Phase anhand ausgewählter Isolate untersucht, um ein noch genaueres Bild über die Interaktion zwischen FSMEV und dem natürlichen Nagetierwirt zu erhalten.

A mouse model demonstrates contact-dependent transmission of Langkat virus and Tick-borne encephalitis virus

S. Schreier¹, K. Cebulski², A. Kröger²

¹Institut für Mikrobiologie Universität Magdeburg; ²Institut für Mikrobiologie, Universität Magdeburg

Tick-borne encephalitis virus (TBEV) is primarily transmitted to humans through tick bites or oral consumption of unpasteurized milk products. The excretion and persistence of contagious TBEV in various body fluids have been well documented. Here we determine whether the virus can be transmitted by direct contact exposure in a mouse model of TBEV infection using the tick-borne flavivirus Langkat virus (LGTV). Highly susceptible *Ifnar1* deficient mice presented seroconversion and significant viral secretion in feces, urine, sera and saliva upon subcutaneous infection. Notably, LGTV and TBEV were efficiently transmitted from infected index mice to naïve-cocaged animals. In particular, intranasal and oral infection of LGTV was fully capable to establishing infection in mice and viral antigens were detected in multiple tissues including the brain. However, both, index and bystander mice, must be susceptible for virus infection, indicating that a high viral titer and a susceptible host were necessary to transmit the virus. These results highlight the risks of exposure to TBEV contaminants and raised the possibility of close contact transmission of TBEV in mice.

TBENAGER-Projekt: Identifizierung von FSME-Naturherden in Deutschland

L. Chitimia-Dobler¹, G. Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Die Bioökologie der FSME und die Struktur der Naturherde der FSME-Übertragung sind bisher nicht geklärt, aber eine Grund-Voraussetzung für das Verständnis der Epidemiologie der FSME. Zum besseren Verständnis der FSME-Naturherdstruktur sollen pro Projekt-Jahr jeweils 10 FSME-Naturherde identifiziert und die FSMEV-Stämme isoliert und einer genetischen und phänotypischen Charakterisierung unterzogen werden. Gleichzeitig soll in den beiden letzten Jahren mit den nachgewiesenen Naturherden ein ökologisches Nischenmodell entwickelt werden, was eine Vorhersage von FSME-Naturherden vor Auftreten von ersten menschlichen Erkrankungsfällen ermöglicht.

Naturherd-Regionen wurden durch Angaben von Infektionsorten von Patienten identifiziert und dort Zecken gesammelt. 2018 wurden 15 neue FSME-Naturherde durch Virusisolierung in Zecken entdeckt. Darunter waren erstmals FSMEV-Stämme von Patienten mit Impfversagen. 2019 wurden 13 neue Naturherde entdeckt, darunter zwei Herde in Lettland mit sibirischen Subtypen des FSME-Virus mit unterschiedlicher Pathogenität. Die monatliche Untersuchung eines Naturherds zeigt eine deutliche Verschiebung des Auftretens der FSME-Virus in der Landschafts-Struktur weg vom Ökoton und hin in das Innere der Wälder. Bestimmte Virustypen scheinen gehäuft aufzutreten.

Influence of infection route on neuropathology of tick-borne encephalitis virus in a murine infection model

M. Boelke¹, C. Puff², F. Naccache¹, F. Gusmag¹, K. Liebig¹, S. Jesse³, A. Beineke², G. Dobler⁴, A. Osterhaus³, W. Baumgärtner², C. Schulz³, S. Becker¹

¹Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases University of Veterinary Medicine, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ²Department of Pathology, University of Veterinary Medicine, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ³Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ⁴Institute of Microbiology of the Bundeswehr, Neuherbergstraße 11, 80937 Munich, Germany

Tick-borne encephalitis virus (TBEV) is an important vector-borne zoonotic flavivirus with a high impact on public health. Mechanisms of TBEV- invasion and damage in the central nervous system are scarcely understood. Potential determinates are genetic factors within the host or virus strain and might be influenced by the route of transmission. Regarding the question of disease severity, it is of special interest that TBEV may not only be transmitted by a bite of a TBEV-infected tick, but also directly between vertebrate hosts via consumption of unpasteurized milk or dairy products of infected animals. While the subcutaneous route is a well-established method to test the neuroinvasiveness of TBEV strains, few studies have been conducted using oral application or tick bite infection in a murine infection model. Therefore, we compared different natural TBEV-infection routes in a murine infection model using C57BL/6 mice. The mice were experimentally infected with the TBEV strain Neudoerfl either by tick bite, subcutaneous injection or by oral application. Virus replication kinetics in various organs and disease development were compared to find potential associations of infection route-specific influences on the neuropathogenesis. Furthermore, virus sequences obtained from mouse samples collected during the different trials will be analyzed for potential infection route-specific adaptations using Next Generation Sequencing.

Acknowledgement: This project is funded by the Niedersachsen Research Network on Neuroinfectiology of the Ministry of Science and Culture of Lower Saxony (N-RENNT) and the Volkswagen Foundation. Further funding for this work is provided by the Federal Ministry of Education and Research (BMBF) under project number FKZ 01KI1728F (TBENAGER). We would like to thank the Bundeswehr for financial support.

Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) Virus in wilden Kleinnagern in zwei Naturherden

H. Schmuck¹, G. Dobler²; L. Chitimia-Dobler²; M. Pfeffer¹

²Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, VMF Leipzig. ¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Die FSME ist die wichtigste zeckenübertragene Viruserkrankung Zentraleuropas. Obwohl sie im Allgemeinen gut erforscht ist, gibt es immer noch keine komplette Erklärung für die kleinräumige Verteilung der Naturherde.

Eine Hypothese ist, dass diese Verteilung zustande kommt, weil das FSMEV innerhalb einer Nagerfamilie durch nestassoziierte Zeckenarten im Nagerbau übertragen wird. Dafür werden in zwei bekannten bayrischen Naturherden monatlich *Myodes glareolus* und *Apodemus* spp. in einer Capture – Mark – Release – Recapture – Studie gefangen und auf Zecken, genetische Verwandtschaft und Antikörper gegen das FSMEV untersucht.

Im Jahr 2019 wurden insgesamt 276 Tiere gefangen, davon 86 *Apodemus* spp und 190 *M. glareolus*. 40 davon waren serologisch positiv, davon sind 5 innerhalb des Beobachtungszeitraums serokonvertiert. Insgesamt pendelt der Anteil der positiven Tiere monatlich etwa zwischen 10 und 20%. 88 tote Tiere wurden seziiert und mittels RT-PCR auf das Virus untersucht, davon waren 6 Tiere im Gehirn und kein Tier in der Haut positiv. Die Ergebnisse der genetischen Untersuchung befinden sich aktuell in der Analyse und werden im Vortrag präsentiert und diskutiert.

Die Wiederfangdaten zeigen, dass praktisch keine Migration zwischen den verschiedenen Unterstandorten besteht. Dies ist besonders deshalb bemerkenswert, weil auch Nager an Stellen positiv waren, an denen in vorherigen Flaggstudien keine positiven Zecken gefunden wurden.

Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME): Zwischenergebnisse der intensivierten Surveillance sowie Fall-Kontroll-Studie 2018–2020

T. Kreuzsch¹, M. Böhmer², C. Wagner-Wiening³, O. Wichmann¹, W. Hellenbrand¹

¹Robert Koch-Institut, Berlin; ²Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL), Oberschleißheim; ³Landesgesundheitsamt (LGA) Baden-Württemberg, Stuttgart

In Deutschland werden ~300 FSME-Fälle/Jahr gemeldet. Wir führen eine intensivierte Surveillance und Fall-Kontroll-Studie durch, um Risikofaktoren zu identifizieren und die Prävention zu verbessern.

FSME-Meldefälle (2018–19) aus Bayern und Baden-Württemberg sowie je 2 gematchte Kontrollpersonen wurden per Interview befragt. Nach Ausschluss vollständig FSME-Geimpfter wurden Odds ratios (OR) mittels logistischer Regression berechnet, adjustiert für die Confounder Alter, Geschlecht und Zecken-Schutzmaßnahmen.

Von 751 Fällen nahmen 330 (44%) teil. Ihr Altersmedian betrug 53 Jahre (Spanne 4–88); 62% waren männlich; 97% ohne Impfschutz (Kontrollen: 78%). Hospitalisiert waren 89%. Ca. 3 Monate nach Symptombeginn waren 46% genesen, 32% hatten milde und 21% moderate Beschwerden. Im letzten Jahr hatten 66% Zeckenstiche bemerkt (Kontrollen: 28%), doch im Expositionszeitraum nur 44%. Fälle und Kontrollen entfernten Zecken ähnlich rasch, 82% in <1 Stunde (Kinder: 95%). Die FSME war assoziiert mit abseits von Wegen gehen (OR=3,1; 95% Konfidenzintervall(KI)=2,0–4,8), Waldspaziergängen (OR=3,0; 95%KI=2,0–4,7), Hundebesitz (OR=2,3; 95%KI=1,6–3,4), Wiesenspaziergängen (OR=2,2; 95%KI=1,5–3,3) und waldnahe Garten (OR=2,0; 95%KI=1,3–3,1). Anwendung von Zecken-Schutzmaßnahmen war negativ assoziiert (OR=0,6; 95%KI=0,4–0,8). Die Ergebnisse charakterisieren die FSME als teils schwere Erkrankung. Aufklärung über eine breitere Anwendung von Schutzmaßnahmen und der FSME-Impfung ist dringend notwendig.

TBENAGER Project: Populationsgenetik von *Ixodes ricinus* und *Myodes glareolus* in FSME-Naturherden

Kühn R¹, Kauer L¹, Popp L¹, Schmuck H², Pfeffer M², Chitimia-Dobler L³, Dobler G^{3,4}

¹ Molekulare Zoologie, TU München-Weihenstephan

² Institut für Tierhygiene und Tiergesundheit, Universität Leipzig

³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

⁴ Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

Bisher gibt es nur wenige Daten zur Populationsgenetik von *Ixodes (I.) ricinus* und *Myodes glareolus*, insbesondere im Hinblick ihrer Bedeutung für Vektor-Wirts-Virus-Beziehungen von Naturzyklen des FSME-Virus. Im laufenden Projekt sollen daher mehr Daten über die genetische Zusammensetzung der genetischen Struktur und ihr Zusammenhang mit FSME-Virus auf einer überregionalen, regionalen und lokalen Ebene untersucht werden.

In einem Explorationsareal von ca. 20 x 40 km in Ostbayern wurden insgesamt 266 Rötelmäuse in 15 FSME- und Nicht-FSME-Naturherden gesammelt. In insgesamt 7 regionalen und 5 überregionalen Arealen wurden 521 Zecken gesammelt. Die genetische Struktur von Zecken und Rötelmäusen wurde mittels Single Random Repeat (Mikrosatelliten)-Analyse analysiert. Für *I. ricinus* konnte für ganz Deutschland eine panmiktische Verteilung der Population nachgewiesen werden. Die genetische Diversität innerhalb eines FSME- bzw. Nicht-FSME-Naturherds war der von Populationen in hunderten Kilometer Entfernung sehr ähnlich. Im Gegensatz dazu zeigen Rötelmäuse grundsätzlich eine Distanz-korrelierte genetische Variabilität. Jedoch fallen die beiden langer bekannten und gut untersuchten FSME-Naturherde gänzlich aus dieser kontinuierlichen genetischen Distanz-Struktur in der untersuchten explorations-Region heraus. Diese Ergebnisse zeigen, dass die genetische Struktur von Nagetieren eine weitaus größere Rolle für FSME-Naturherde spielt als bisher angenommen.

Globale Verbreitung, Klimaanpassung und Vektorkompetenz der Buntzecken *Dermacentor reticulatus* und *Dermacentor silvarum*

F. Rubel¹, K. Brugger¹, O. Kahl²

¹Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien; ²tick-radar GmbH

Präsentiert werden die ersten globalen Karten zur geografischen Verteilung und Klimaanpassung von *Dermacentor reticulatus* (Fabricius, 1794) und *Dermacentor silvarum* (Olenev, 1931). Das Verbreitungsgebiet der beiden Zeckenarten an der nördlichen Verbreitungsgrenze der Gattung *Dermacentor* in Eurasien liegt im Breitengürtel 34–60° N. Während das Verbreitungsgebiet von *D. reticulatus* von der Atlantikküste Portugals bis Westsibirien reicht, erstreckt sich jenes von *D. silvarum* von Westsibirien bis zur Pazifikküste vor Kamtschatka. In Westsibirien überlappen sich die Verbreitungsgebiete der beiden Zeckenarten. In der vorgestellten Studie wurden mehr als 2.200 georeferenzierte Fundorte von *D. reticulatus* und 523 georeferenzierte Fundorte von *D. silvarum* gesammelt. Neue Karten zeigen die detaillierte geografische Verbreitung und die Klimaanpassung beider Arten. Um letztere darzustellen, wurden die Fundorte über eine hochauflösende Köppen-Geiger-Klimakarte gelegt. Die Häufigkeitsverteilung der *D. reticulatus*-Fundorte in den einzelnen Klimaklassen zeigt zwei Maxima. Im warmgemäßigten Klima mit ganzjährigem Niederschlag liegen 57 % und im borealen (kontinentalen) Klima mit ganzjährigem Niederschlag liegen 40 % der Fundorte. Die Häufigkeitsverteilung von *D. silvarum*-Fundorten zeigt ebenfalls zwei Maxima. Demnach liegen 30 % der Fundorte im borealen Klima mit ganzjährigem Niederschlag und 60 % im borealen, winter trockenen Klima.

Die Verbreitung von Zecken der Gattung *Dermacentor* in Deutschland - Nachweis einer erneuten Ausbreitung von *Dermacentor reticulatus*

M. Drehmann^{1*}, A. Springer^{2*}, A. Lindau¹, K. Facht¹, S. Mai¹, L. Chitimia-Dobler³, M. Bröker⁴, U. Mackenstedt¹, C. Strube²

¹Fachgebiet für Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart; ²Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover, Deutschland;

³Fachgebiet für Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart & Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München; ⁴Pappelweg 30, 35041, Marburg

In Deutschland kommen zwei Zecken der Gattung *Dermacentor* vor: *Dermacentor marginatus* und *Dermacentor reticulatus*. Die Larven und Nymphen beider Arten sind fast ausschließlich endophile Parasiten von Nagetieren. Die adulten Zecken sind exophil und neben den Weibchen sind auch die Männchen haematophag. Sie befallen häufig größere Säugetiere wie Pferde, Schafe, Ziegen und Hunde, aber auch Menschen. Beide Arten sind Vektoren und Träger zahlreicher Krankheitserreger von medizinischer und veterinärmedizinischer Bedeutung. *Dermacentor reticulatus* ist in Mitteleuropa der wichtigste Vektor für *Babesia canis canis*. Des Weiteren werden zwei Erreger der zeckenübertragenen Lymphadenopathie durch *Dermacentor* spp. übertragen: *Rickettsia slovaca* durch *D. marginatus* und *R. raoultii* durch *D. reticulatus*.

Die hier vorgestellten Daten sind das Ergebnis einer einjährigen Citizen Science-Studie, in der die Bevölkerung gebeten wurde, alle „ungewöhnlich erscheinenden“ Zecken und insbesondere die der Gattungen *Dermacentor* und *Hyalomma* einzusenden. Die Einsendungen bestätigen, dass die adulten Exemplare der Art *D. reticulatus* das ganze Jahr über aktiv sind. Darüber hinaus werden detaillierte Daten zur Verbreitung beider Arten dargestellt. Es zeigt sich, dass die Verbreitung von *D. marginatus* in den letzten Jahrzehnten vergleichsweise stabil blieb, während *D. reticulatus* wesentlich weiter verbreitet ist als bisher bekannt.

*Diese Autoren teilen die Erstautorenschaft

Das Vorkommen von *Hyalomma* spp. in Deutschland – eine Citizen-Science-Studie

Lindau, A.^{1,*}; Drehmann, M.^{1,*}; Springer, A.²; Chitimia-Dobler, L.^{1,3}; Fachtet, K.¹; Mai, S.¹; Strube, C.²; Mackenstedt, U.¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet für Parasitologie, Stuttgart, Deutschland

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

³ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Deutschland

2018 wurden zum ersten Mal Zecken der Gattung *Hyalomma* in größerer Individuenzahl an die Kooperationspartner der drei oben genannten Institute geschickt. Mittels einer Pressemitteilung wurde um weitere Einsendungen von *Hyalomma*-Zecken gebeten. Um den Aufruf aktuell zu halten, wurden im Laufe des Jahres 2019 weitere Pressemitteilungen von allen Institutionen veröffentlicht. So wurde das Auftreten von 145 Exemplaren der Gattung *Hyalomma* in einem Zeitraum von zwei Jahren in Deutschland gemeldet. Dabei wurden im Jahr 2018 35 Funde registriert. Im Jahr 2019 wurden 112 *Hyalomma* spp. eingesendet, von denen 95 aus Deutschland stammten. Die aus Deutschland stammenden Zecken wurden in 74 Fällen als *Hyalomma marginatum* und 20-mal als *Hyalomma rufipes* identifiziert.

Diese Ergebnisse bestätigen, dass exotische Zeckenarten mit Zugvögeln nach Deutschland eingeschleppt werden und sich hier erfolgreich zu Adulti entwickeln und Wirtstiere befallen können. Sie müssen daher als mögliche Gesundheitsrisiko für Menschen und Nutztiere in Deutschland angesehen werden. Zusätzlich konnte gezeigt werden, dass sich Citizen-Science-Studien eignen, um wichtige Informationen über neu auftretende Zeckenarten in Deutschland zu sammeln.

*Die Autoren haben zu gleichen Teilen beigetragen

Zeckenabundanz und Prävalenz zeckenassoziierter bakterieller Pathogene im Nordwesten Deutschlands

S. Knoll¹, A. Springer¹, L. Chitimia-Dobler², B. Schunack³, S. Pachnicke⁴, V. Fingerle⁵, C. Strube¹

¹Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München; Fachgebiet Parasitologie, Institut für Zoologie, Universität Hohenheim; ³Bayer Animal Health GmbH, Leverkusen; ⁴Bayer Vital GmbH, Leverkusen; ⁵Nationales Referenzzentrum für Borrelien, Oberschleißheim;

Zecken der Gattung *Ixodes* spielen aufgrund ihrer Vektorfunktion für zahlreiche Pathogene, z.B. Borrelien, Rickettsien und Anaplasmen, eine große Rolle in der Human- und Veterinärmedizin. Kenntnisse über das Vorkommen von Zecken und die Verbreitung Zecken-assoziiertes Krankheitserreger sind zur Einschätzung des Infektionsrisikos von Bedeutung.

In dieser Studie wurden die Zeckenabundanz sowie die Prävalenz der genannten bakteriellen Erreger im Nordwesten Deutschlands untersucht. Zur Bestimmung der Zeckenabundanz wurden in den Jahren 2018 und 2019 monatlich 100 m² an jeweils drei Standorten in Bremen, Hannover, Kassel, Uelzen und im Emsland mittels Flaggmethode beprobt. Zur Erregeruntersuchung mittels qPCR wurden von April bis Oktober jeweils 15 zusätzliche Zecken (5 Weibchen, 5 Männchen und 5 Nymphen) pro Standort und Monat gesammelt. Im Jahr 2018 variierte die Zeckenabundanz zwischen 2,1 Zecken/100 m² in der Parkanlage „Kassel-Wilhelmshöhe“ und 61,7 Zecken/100 m² in einem Mischwald im Emsland. Von den untersuchten Zecken aus 2018 waren 31,6 % (497/1575) mit *Borrelia* spp., 35,4 % (558/1575) mit *Rickettsia* spp. und 8,0 % (126/1575) mit *Anaplasma phagocytophilum* infiziert. Zwischen den einzelnen Regionen wurden signifikante Unterschiede in der Pathogenprävalenz festgestellt. Ein Vergleich mit den Ergebnissen von 2019 wird präsentiert.

Das geht unter die Haut: *Ixodes* Zecken im subkutanen Gewebe von Rotfüchsen (*Vulpes vulpes*) in Deutschland

M. Haut¹, N. Król¹, A. Obiegala¹, J. Seeger², M. Pfeffer¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät Leipzig; ²Veterinär-Anatomisches Institut, Veterinärmedizinische Fakultät Leipzig

Hintergrund: *Ixodes* spp. sind Parasiten, die für das Blutsaugen fest verankert in der Haut ihres Wirtes sitzen. Interessanterweise findet man Zecken im subkutanen Gewebe bei einer Reihe von Wirten, wie zum Beispiel beim Rotfuchs (*Vulpes vulpes*), Marderhund (*Nyctereutes procyonoides*) und Hund.

Methoden: 126 Fuchsfelle wurden untersucht, die Lokalisation jeder Zecke wurde dokumentiert und zehn Körperregionen zugeordnet. Die Speziesbestimmung erfolgte morphologisch. Die Zecken, bei denen dies erfolglos war, wurden genetisch untersucht via konventioneller PCR. Hautbiopsien wurden entnommen und mit H&E gefärbt.

Ergebnisse: Bei 111 der 126 (88,1%) untersuchten Felle wurde mindestens eine Zecke im subkutanen Gewebe gefunden. Insgesamt wurden 1203 Zecken gesammelt. Die morphologische Bestimmung ergab folgende Spezies: *Ixodes ricinus* (female n=289; male n=8; nymph n=1), *I. hexagonus* (female n=2), *I. kaiseri* (female n=1). Die meisten Zecken waren fortgeschritten zersetzt, bei diesen war weder eine morphologische Speziesbestimmung noch eine PCR erfolgreich. Die subkutanen Zecken wurden hauptsächlich in drei Körperregionen gefunden: Ohr, Axillar und Inguinalregion. Die histologische Untersuchung ergab eine granulomatöse Panniculitis. Zusammenfassung: Die subkutane Lokalisation der Zecken scheint beim Fuchs die Regel statt die Ausnahme zu sein. Das tiefe Eindringen der Longirostra, sowie die langen Saugzeiten der Weibchen scheinen die subkutane Lokalisation zu begünstigen.

Competence of the vector restricting tick-borne encephalitis virus spread

K. Liebig¹, M. Boelke¹, D. Grund¹, G. Dobler², L. Chitimia-Dobler², S. Becker¹

¹Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine, Buenteweg 17, 30559 Hannover, Germany Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hannover, Germany; ²Institute of Microbiology of the Bundeswehr, Neuherbergstraße 11, 80937 Munich, Germany

Tick-borne encephalitis virus (TBEV) causes one of the most important central nervous system (CNS) viral disease. In Germany, 444 human cases have been registered in 2019. Despite the nationwide distribution of the tick vector *Ixodes ricinus*, risk areas of TBEV are mainly located in the south of Germany. However, the number of cases in northern parts of Germany is increasing. To further our understanding of TBEV-tick interactions we used ticks of different endemic (Haselmühl, Barsinghausen and Rauher Busch) and non-endemic (Hannover) areas in Germany and infected them via an in vitro feeding system. In two experiment series in 2018 and 2019, ticks sampled at the respective TBEV foci in Bavaria showed higher feeding rates (2018, May: Haselmühl 44% engorged ticks/Hannover 19% and 2019, April: Haselmühl 83%/Hannover 53%) as well as higher infections rates (2019, October: Haselmühl 47%/Hannover 13%). Similar, ticks from the TBEV focus Barsinghausen were more susceptible for infection with the TBEV isolate Barsinghausen (Barsinghausen 53%) than ticks of the other foci (Rauher Busch 8%) and vice versa with the TBEV isolate Rauher Busch (Rauher Busch 80%/Barsinghausen 67%). Taken together, these findings suggest a specific adaptation of the tick populations to the respective TBEV virus isolate. This is in line with the observation that TBEV endemic foci usually remain stable for extended periods regarding location, prevalence and stability of the viral sequences.

Die Braune Hundezecke – Aktuelle Studien zu *Rhipicephalus sanguineus* s.l. in Deutschland

Fachet, K.¹; Lindau, A.¹; Drehmann, M.¹; Mackenstedt, U.¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet für Parasitologie, Stuttgart, Deutschland

Die Braune Hundezecke (*Rhipicephalus sanguineus* s.l.) ist die Zeckenart mit der weltweit größten Verbreitung. Der Hund wird als Wirt bevorzugt, doch auch Menschen und andere Säuger sind betroffen. Da sie aus Afrika stammt, ist sie an heißes und trockenes Klima angepasst. So können sie in Gebäuden überleben und sich dort vermehren. Seit einigen Jahren kommt es immer wieder zu Einschleppungen nach Deutschland. Vermutlich mit Hunden, bei denen keine ausreichende Zeckenprophylaxe durchgeführt wurde oder durch die Einfuhr von Hunden aus dem Mittelmeerraum. In Wohnräumen finden die Zecken ideale Bedingungen vor und können innerhalb eines Jahres vier Generationen bilden, sodass Tausende von Zecken in Wohnungen und Häusern vorkommen können. Diese Massenbefälle stellen primär für Hunde eine Gefahr dar, doch auch Menschen können befallen werden.

2019 wurden im Rahmen einer Citizen-Science-Studie der Uni Hohenheim zehn unabhängige Fälle von *Rhipicephalus* in Süddeutschland gemeldet. Untersucht wurden der Befall, der Import sowie der anschließende Umgang mit den Zecken.

Klimaveränderungen und veränderte Wetterbedingungen können evtl. dazu führen, dass sich *Rhipicephalus* auch außerhalb von Wohnungen halten kann. Entsprechende Untersuchungen zur Überwachung von autochthonen Fällen sowie das Vorkommen von *Rhipicephalus* in Deutschland sind von großer Bedeutung.

The artificial feeding of all successive life stages of the hard tick *Ixodes ricinus***N. Militzer¹, A. Nijhof¹**¹Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin

Ixodes ricinus is a common hard tick species which is widespread in Europe and a primary vector for zoonotic tick-borne diseases such as Lyme borreliosis and tick-borne encephalitis. Here, we report on the successive feeding of all life stages of *I. ricinus* with the aim of completing its life cycle using an artificial tick feeding system (ATFS).

The ATFS consists of a glass tube, which contained the ticks and was closed on one side by a silicone enforced membrane and an air-permeable foam plug on the other side. Feeding units were placed in a sterile 6-well plate for adults or in a 12-well plate for the juvenile stages. These wells were filled with 3.1 ml or 1 ml of sterile heparinized bovine blood. The blood meal was changed twice daily. Furthermore, data on all life stages feeding on cattle was collected.

Experiments were initiated by the in vitro feeding of 30 female and 30 male *I. ricinus* ticks. The females had an engorgement rate of 17%, with an average engorgement mass of 137 ± 45 mg. Of the larvae that hatched, 1,003 were fed artificially with an engorgement rate of 55.2%. Eighty percent of the engorged larvae molted successfully to nymphs. When these nymphs were fed in vitro, an engorgement rate of 49% was observed with a mean engorgement weight of 2.8 ± 0.8 mg. In conclusion, all successive life stages of *I. ricinus* could be fed in vitro within one year using the ATFS and we expect to fully close the life cycle by the feeding of F1 adults early 2020.

Abundanz von Zecken im Stadtgebiet Hannover im Jahr 2019 vergleichend mit vorjährigen Untersuchungen

A. Glass¹, D. Hauck¹, A. Springer¹, C. Strube¹

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

Zecken sind blutsaugende Ektoparasiten, die als Vektoren für bakterielle, virale und parasitäre Pathogene dienen. Die verbreitetste Zeckenart in Deutschland ist *Ixodes ricinus*. Um das Infektionsrisiko im Raum Hannover mit Zecken-übertragenen Erregern abschätzen zu können, ist es nicht nur wichtig die Erregerprävalenz, sondern auch die Zeckendichte zu untersuchen. Für die Abundanzstudie wurden 10 Standorte in unterschiedlichen Habitaten (Laubwald, Mischwald und Park) im Stadtgebiet Hannover in den Jahren 2017, 2018 und 2019 von April bis Oktober mittels Flaggmethode untersucht. Pro Monat wurde an jedem Standort eine Gesamtfläche von 100 m² beprobt, wobei Anfang und Ende des Monats jeweils 50 m² beflaggt wurden. Zusätzlich wurden verschiedene Klima- und Umweltfaktoren aufgezeichnet, um deren Einfluss auf die Zeckendichte analysieren zu können. Anhand morphologischer Merkmale erfolgten eine Speziesdifferenzierung und die Bestimmung des Entwicklungsstadiums der Zecken. Im Jahr 2019 betrug die durchschnittliche Zeckendichte 20 Zecken/100 m². Im Vergleich dazu wurden 2017 durchschnittlich 25 Zecken/100 m² und im Jahr 2018 27 Zecken/100 m² geflaggt. In allen 3 Jahren konnte ein typischer saisonaler Frühsommer-Peak beobachtet werden. Der 2017 und 2018 auftretende Herbst-Peak konnte 2019 nicht beobachtet werden. Um das Infektionsrisiko für Menschen verlässlich abschätzen zu können, wird die Studie 2020 fortgeführt und zusätzlich die Prävalenz von pathogenen Mikroorganismen analysiert.

Tick-Borne Encephalitis Virus Nonstructural Protein 1 IgG Enzyme-Linked Immunosorbent Assay for Differentiating Infection versus Vaccination Antibody Responses

P. G¹, M. Bestehorn-Willmann², S. Zange¹, J. Borde³, G. Dobler¹, H. Buttlar¹

¹Bundeswehr Institute of Microbiology; ²Department of Parasitology, University of Hohenheim; ³Division of Infectious Diseases, Department of Medicine II, University of Freiburg

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist eine wichtige Infektion des Zentralnervensystems in Europa und Asien. Ihr Erreger ist das FSME-Virus (FSMEV), ein Mitglied der Tick-borne Gruppe aus der Familie der Flaviviren. In den betroffenen Ländern sind effektive Impfstoffe gegen FSME verfügbar. Durch kreuzreagierende Antikörper zwischen verschiedenen Flaviviren ist die FSME-Diagnostik eine Herausforderung. Darüber hinaus ist die Unterscheidung von Antikörpern nach Infektion oder Impfung vor dem Hintergrund steigender FSMEV-Impfraten schwierig und oft unmöglich. Hier wird ein neuer Ansatz vorgestellt, der den Nachweis von Antikörpern gegen das FSMEV Nicht-Strukturprotein 1 (NS1) als diagnostischen Marker auf Basis eines ELISAs nutzt. Der Nachweis von NS1-Antikörpern gilt als beweisend für eine natürliche Infektion mit Virusreplikation. Insgesamt wurden in unserer Studie 188 anonymisierte Serumproben aus dem nationalen Konsiliarlabor für FSMEV aufgenommen und der Test gemäß den Vorgaben der DIN EN ISO 15189 für den Einsatz in akkreditierten Diagnostiklabors validiert. Der NS1-ELISA erreichte bei der Testung potentiell kreuzreaktiver Serumproben von Patienten mit einer Flavivirusimpfung oder -infektion(en) eine Sensitivität von >94% bei gleichzeitiger Spezifität von >93%. Der NS1-Nachweis ist damit ein praktikabler Diagnostikansatz und erlaubt eine zuverlässige Unterscheidung zwischen verschiedenen Flavivirusinfektionen sowie zwischen TBEV-Infektion und TBE-Impfung.

Unerwarteter Fund von *D. reticulatus* Larven und Nymphen mittels Flag-Methode sowie Bestätigung transovarier Übertragung von *Rickettsia raoultii*

H. Schmuck¹, L. Chitimia-Dobler², N. Król¹, M. Pfeffer¹

¹Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, VMF Leipzig; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Die vorherrschende Lehrmeinung bezüglich *Dermacentor reticulatus* Larven und Nymphen ist, dass sie sich in den Nagetierbauten aufhalten und darum nicht von der Vegetation geflaggt werden können. In dieser Studie beschreiben wir jedoch, dass im Juni und Juli 2018 und 2019 insgesamt 55 wirtssuchende *D. reticulatus* Larven und 2 Nymphen an zwei verschiedenen Orten in Leipzig geflaggt wurden. Um ihre Rolle bei der Übertragung von Krankheiten zu ergründen, wurden die 45 Larven (in Pools zu zweit bzw. dritt) und eine Nymphe mittels konventioneller und real-time PCR auf *Babesia* spp., *Bartonella* spp., *Rickettsia* spp. und Candidatus *Neoehrlichia mikurensis* (CNM) untersucht. Dabei war die minimale Infektionsrate für *Rickettsia* spp. bei den Larven 42,2% und auch die Nymphe war positiv. Durch Sequenzieren wurden die Rickettsien alle als *Rickettsia raoultii* identifiziert; dies beweist, dass auch unter natürlichen Bedingungen im Feld transovarier Übertragung von *R. raoultii* zu einem hohen Maß stattfindet. Alle getesteten *D. reticulatus* waren negativ für *Babesia* spp., *Bartonella* spp. sowie CNM. Weitere Forschung ist nötig, um zu ergründen, unter welchen Bedingungen *D. reticulatus* Larven und Nymphen von der Vegetation gesammelt werden können. Für Prävalenzschätzungen der oben genannten Pathogene ist eine größere Probenzahl nötig.

Insights to the co-infections of tick-borne pathogens in African cattle: a new way for the simultaneous molecular detection of Anaplasmidae, Rickettsiae and Piropasmidae**B. Abanda**¹, A. Paguem², M. Abdoulmoumini³, T. Manchang⁴, A. Renz², A. Eisenbarth⁵

¹Institute of Evolution and Ecology, Department of Comparative Zoology, University of Tübingen/Programme Onchocercoses field station of the University of Tübingen/Department of Biological Sciences, University of Ngaoundéré; ²Institute of Evolution and Ecology, Department of Comparative Zoology, University of Tübingen/Programme Onchocercoses field station of the University of Tübingen; ³School of Veterinary Medicine and Sciences, Department of Parasitology and Parasitological Diseases, University of Ngaoundéré, Cameroon; ⁴Institute of Agricultural Research for Development (IRAD), Wakwa Regional Centre, Cameroon; ⁵Institute of Novel and Emerging Infectious Diseases, Friedrich-Loeffler-Institut; Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, Germany

Tick-borne pathogens (TBP) are responsible for substantial losses in the livestock sector, with a significant risk for the human population. Their prevalence vary widely according to climatic and environmental factors, as well as to vector and host density. Microscopic detection in blood smears or by serology is more prone for identification of single pathogens, although co-infections are the norm. Those limitations arise especially in laboratories of developing countries with restricted access to technology and funding. To identify the prevailing bacterial and parasitic TBPs in Northern Cameroon, I have combined conventional PCR with a newly developed DNA microarray. Hence, blood samples of 1260 cattle were collected and screened for the presence of *Anaplasma*, *Babesia*, *Borrelia*, *Ehrlichia*, *Rickettsia* and *Theileria*. Altogether, eleven species were found in all genera, except *Babesia*. Furthermore, seven of those species have been reported for the first time in Cameroonian cattle, and two even in cattle worldwide. Overall, 89% of the studied population was infected with at least one TBP, and more than 70% had multiple infections. The high level of co-infection inspired the development of a chip-based diagnostic array on a commercially produced platform. The microarray was significantly more sensitive and specific than Sanger sequencing, in particular for the co-infected specimens. This technology can be easily adapted and implemented in small laboratories in endemic countries.

Project OSWALD – the development of a mathematical model to assess the TBE risk in Germany

J. Schiffner-Rohe¹, C. Malerczyk²

¹Pfizer Deutschland; ²Pfizer Pharma

Background: Vaccination against TBE is recommended and reimbursed to persons living in, working in, or travelling to endemic areas, which are annually defined on the level of districts (“Landkreis”) by the Robert-Koch Institute (RKI) based on the incidence of human TBE cases (case-based definition). Endemic areas are predominantly located in the south of Germany. However, an unneglectable number of autochthone cases occur outside these areas.

The aim of this interdisciplinary three-year project is to identify areas of risk for TBE, using an epidemiological modelling approach.

Methods: For development of a spatio-temporal mathematical model, experts pre-defined the following variables as most relevant:

- Regional map of tick density
- Seasonality of tick activity
- (regional variation of) Pathology of the ticks
- Vaccination rates

Results: Data for the mathematical model are sparse for Germany. Project OSWALD is currently collecting data to be used for the modelling. Several working groups present their findings in separate presentations (AG Flaggen – U. Mackenstedt et al. , AG Zeckenaktivität in vivo – O. Kahl, AG Zeckenaktivität in vitro – H. Dautel, AG Pathogenität – G. Dobler, AG Impfraten – C. Malerczyk).

Discussion: While the aim of the project is to identify areas of risk for TBE by a spatio-temporal epidemiological model, this approach will be aligned with other modelling approaches (statistical model).

Tick density in different land cover classes in Germany – part of the OSWALD project

Mackenstedt U.¹, Lindau A.¹, Drehmann M.¹, Kahl O.², Kämmer D.², Bulling I.², Pfeffer M.³, Fürst J.³, Król N.³, Obiegala A.³, Rubel F.⁴, Brugger K.⁴, Walter M.⁴, Vogelgesang J.⁴, Strube C.⁵, Springer A.⁵, Knoll S.⁵, Fischer L.^{3,6}, Fischer D.^{3,6}, Chitimia-Dobler L.^{1,7},

¹University of Hohenheim, Department of Parasitology, Stuttgart, Germany, ²tick-radar GmbH, Berlin, Germany, ³University of Leipzig, Institute of Animal Hygiene and Veterinary Public Health, Leipzig, Germany, ⁴University of Veterinary Medicine Vienna, Department for Farm Animals and Veterinary Public Health, Vienna, Austria, ⁵University of Veterinary Medicine Hannover, Centre for Infection Medicine, Institute for Parasitology, Hannover, Germany, ⁶Justus Liebig University Giessen, Clinic for Birds, Reptiles, Amphibians and Fish, Giessen, Germany, ⁷Bundeswehr Institute of Microbiology, Munich, Germany

Background: *Ixodes ricinus* is the most competent vector tick for TBE virus. Although *I. ricinus* is present throughout Germany, there is no comprehensive knowledge about the spatial and temporal distribution as relevant studies were only done in restricted areas.

Within the OSWALD project, the working group AG FLAGGEN combines the activities of five institutions to collect information on the spatial and temporal densities of hard ticks in Germany over a period of three years (2018-2020).

Methods: Using the CORINE land cover classification system, 29 areas with a total of 86 collection sites were selected throughout Germany. These sites were assigned to 5 different land cover classes, namely agricultural areas, broad-leaved forest, coniferous forest, mixed forest and urban areas.

The project started in February 2018 and ticks were collected monthly until now using the flagging method. Tick species identification was carried out in participating institutions.

Results: The data on tick densities in 2018 and 2019 will be presented. The data set revealed differences in mean tick densities between the different CORINE land cover classes. Furthermore, the tick densities varied between the north and the south of Germany. Selected examples will be presented.

Conclusion: This is the first large-scale study on tick densities throughout Germany. By selecting 86 collection sites within five different CORINE land cover classes and using standardized protocols for tick collection, this project provides valuable data on the temporal and spatial distribution of hard ticks in Germany.

Field investigations on the developmental diapause of engorged larval and nymphal *Ixodes ricinus*: a comparison of old and new data

O. Kahl¹, D. Kämmer¹, H. Dautel^{1,2}

¹tick-radar GmbH; ²Insect Services GmbH

Immature *Ixodes ricinus* feed and detach over the whole vegetation growing season in central Europe. Engorged individuals develop to the next life stage, a complex physiological process called the moult during which they are not able to overwinter. Engorged immatures detached in spring or early summer moult in the same year, those detached in late summer or autumn enter a developmental diapause, overwinter, and moult in the next summer. Aim of the present study was (i) to determine the seasonal time of the switch from direct development to diapause and (ii) to find out whether this seasonal switch changed from 1986 to 2018, i.e. over a span of 32 years. These results might help assess whether the duration of the life cycle of *I. ricinus* will distinctly change in the coming decades under the influence of increasing temperatures.

Field-collected larval and nymphal *I. ricinus* were allowed to feed to repletion on Mongolian gerbils at different times of the year (in 1986, 1987, 2013, and as a part of the project “Oswald” in 2018). They were then placed into field plots in the forest leaf litter, where they were checked regularly for development to the following life stage.

The switch from direct development to diapause in engorged nymphs occurred in July/early August, always 2–3 weeks earlier than in engorged larvae. In 2013 and 2018, the switch in both stages occurred 2 weeks later than in 1986 and 1987, seemingly a simple result, but which needs careful biological interpretation.

Diapause induction and rate of non-diapause development in engorged larvae and nymphs of *Ixodes ricinus* at different temperatures and photoperiods - a contribution to the project Oswald

H. Dautel¹, F. Friedrich¹, R. Grichnik²

¹IS Insect Services GmbH; ²Rhein-Waal Universität

Background

In arthropods, photoperiod is regarded the most reliable seasonal cue to induce diapause, while temperature plays only a minor role. *I. ricinus* nymphs and larvae enter diapause when feeding later than early and mid August, respectively. It is unknown, how a changing climate may affect the seasonality of the tick's life cycle.

Material & Methods

We investigated diapause induction in a local strain of *I. ricinus* at 6 photoperiods (11-17h light) and 8 temperatures (10-30°C). We also investigated the development rate of non-diapausing specimens and calculated their development zero temperature and thermal constant.

Results

Photoperiod significantly affected diapause induction only in a temperature range between ≈15-25°C. Temperatures below 12°C induced diapause irrespective of photoperiod, while temperatures of 30.1 °C (nymphs) and 25.2°C (larvae) inhibited diapause. As a side effect, very low diapause incidences were observed in physiologically old larvae. Non-diapausing *I. ricinus* ticks developed faster than ticks from a Scottish population as depicted from the literature.

Conclusion

Future investigations should consider not only photoperiod, but also temperature and physiological age of ticks as relevant factors for diapause induction. The results suggest that summer temperatures may shift the seasonal timing of diapause in the field. There may also be differences between geographical populations of *I. ricinus* concerning the rate of non-diapause development.

Oswald-Projekt: Prävalenz von FSME-Virus in Zecken in Deutschland und MitteleuropaG. Dobler¹¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist die wichtigste durch Zecken oder andere Gliederfüßler incl. Insekten übertragene Virusinfektion in Mitteleuropa. Der Erreger, das FSME-Virus, wird überwiegend durch die Zeckenart *Ixodes (I.) ricinus* auf den Menschen übertragen. Daneben konnte es in mindestens 13 weiteren Zeckenarten nachgewiesen werden, deren medizinische Bedeutung jedoch als gering eingeschätzt wird.

Bisher existiert keine zusammenfassende Analyse von Durchseuchungsdaten bei Zecken. Ziel der vorliegenden Metaanalyse ist die Zusammenfassung der in der Literatur aufgeführten und in Deutschland durchgeführten Studien zur Zecken-Durchseuchung. Die Arbeiten wurden analysiert nach Jahr, nach Zeckenart, Zeckenstadium nach Saugzustand der Zecken und Sammelmethode und Nachweis-Methode. Die Ergebnisse werden mit Daten aus anderen ausgewählten europäischen Studien verglichen und es erfolgt eine kritische Bewertung der erhobenen Daten. Es wurden Daten von rund 65.000 Zecken in der Metaanalyse einbezogen. Insgesamt sind allerdings nur ca. 15% der endemischen Regionen in Deutschland (17/146 endemische Landkreise) einbezogen. Die Daten zeigen, dass die FSME in Deutschland sehr ungleichmäßig verteilt ist. Selbst in den sog. endemischen oder Risiko-Landkreisen (nach Definition des RKI) sind weisen nur kleine Areale Naturherde auf. Nur in den Herden liegt die Durchseuchung bei Nymphen weniger als 1%, bei adulten Zecken 2-5%. Die Zahlen sind stark vom Nachweisverfahren abhängig.

Immunization rate and adherence of tick-borne encephalitis vaccination in Germany

K. Schley¹, C. Malerczyk², D. Beier³, J. Schiffner-Rohe¹, C. von Eiff², D. Häckl⁴, J. Süß⁵

¹Pfizer Deutschland GmbH; ²Pfizer Pharma GmbH; ³InGef – Institute for Applied Health Research; ⁴WIG2 GmbH; ⁵Brehm Memorial Center

Background: Full immunization against tick-borne-encephalitis (TBE) requires a three-dose primary vaccination schedule and periodic booster doses. No robust data on immunization rates in Germany exist thus far.

Methods: By analyzing German health claims data from the InGef database, TBE primary immunization rates in the years 2012-2015 were assessed by federal state. Adherence to the TBE vaccination scheme was analyzed and TBE protection rates for the birth cohort of 2011 were evaluated. Moreover, vaccination coverage was simulated based on a compartmental model.

Results: Regional primary immunization rates differed by state, from about 3% in southern to less than 1% in northern federal states. Adherence to the vaccination schedule decreased in all states with each subsequent vaccination. Slightly higher TBE protection rates were detected in the birth cohort of 2011, than those reported in the German school entry health examination statistics of 2017. The simulation of vaccination coverage estimates protection rates to be between 0.17 and 0.60 for the different federal states.

Conclusions: While low vaccination rates and a remarkable discrepancy in rates between TBE risk areas and non-risk areas were revealed, this study indicates an alarming decline in adherence, independent of the federal state. Further research in the field of behavioral sciences is suggested, and vaccinators should stress the importance of adherence upon initiation of the TBE vaccination.

Tick-borne encephalitis virus presence in animal hosts and ticks as an exposure-based risk assessment for human infections – a contribution to project OSWALD

K. Brugger¹, M. Walter¹, F. Rubel¹

¹Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien

Background: Tick-borne encephalitis (TBE) is the most common viral tick-borne disease in Europe causing thousands of human infections every year. The available risk maps in Europe depicting incidences of human disease cases or endemic areas are solely based on human cases, but often underestimate areas with TBE virus circulations as shown by several autochthonous cases detected outside known risk areas each year.

Methods: A dataset with more than 1,300 georeferenced TBE virus detections in animal hosts and ticks was compiled. Using this dataset, a random forest model was implemented to estimate and depict the probability of TBE virus presence in Europe. Temperature- and precipitation-dependent bioclimatic variables of the WorldClim dataset, altitude, as well as land use and land coverage of the ESA GlobCover dataset were selected as environmental predictors.

Results: Here, we present a distribution map of the probability of TBE virus presence in Europe. The highest probabilities of TBE virus presence were identified in Central Europe, in the south of the Nordic countries, and in the Baltic countries. The model performance was evaluated by an out-of-bag error of OOB=0.176 and a high area under the curve value of AUC=0.903.

Discussion: This exposure-based map can support decision makers to identify TBE risk areas and to encourage people to take appropriate actions to avoid tick bites and TBE virus infections.

Evidence for diversifying selection within CD8+ T cell epitopes of the *Theileria parva* Tp2 antigen gene: Implications for development of *T. parva* subunit vaccines

M. Mwamuye¹, I. Obara², D. Odongo³, P. Gwakisa⁴, P. Clausen¹, A. Nijhof¹

¹Institute of Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität-Berlin; ²Institute of Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Freie Universität-Berlin; ³2. School of Biological Sciences, University of Nairobi, Kenya; ⁴3. Genome Science laboratory, College of Veterinary Medicine and Biomedical Sciences, Sokoine University of Agriculture

An infection and treatment method (ITM) is used in East Africa against *Theileria parva* infections, transmitted mainly by brown ear ticks (*Rhipicephalus appendiculatus*). However, it is ineffective against buffalo-derived *T. parva*, with breakthroughs reported from Kenya but not Tanzania. Additionally, the long-term effects of ITM components in the field remain unknown; hence, an urgent need for an efficacious subunit vaccine. ITM immunity is known to be due to CD8+ T cell responses, and the *T. parva* CD8+ target antigen Tp2 is a promising candidate for inclusion in a subunit vaccine. Multiple epitopes on Tp2 suggests a likely host immunity driven selection and previous analyses indicate non-neutral nucleotide variation patterns but with positive selection signatures outside known epitopes. We investigated whether there are different selection patterns on Tp2 in the field in Kenya and Tanzania. We analysed sequences from pastoralist cattle (n=36), and buffalo (n=6) from Tanzania compared to vaccinated cattle (n=39) from Kenya exposed to buffalo *T. parva* challenge. Analyses based on site models of codon evolution showed two positively selected codon positions within epitope Tp27-37 from both countries. An additional two Kenya Tp2 epitopes had one positively selected codon each, with corresponding positions in Buffalo Tp2 having similar evolution. We reason that these results raise important considerations for the inclusion of Tp2 amino acid variants in a subunit vaccine.

Ticks: we are not always transmitting diseases!

M. Tonk¹, A. Cabezas-Cruz², R. Rego³, J. Valdes³, L. Grubhoffer³, A. Vilcinskas⁴

¹Justus-Liebig University, LOEWE Center, Germany; ²INRA, ANSES, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Université, France; ³Institute of Parasitology, Czech Academy of Sciences, Czech Republic; ⁴Justus-Liebig University, Fraunhofer IME, Germany

Infectious diseases have plagued humanity through history and still remain among the leading cause of death in human and animals. Medicines have helped to turn the tide against pathogens, however, the arsenal of effective medicines decrease due to the resistance to current treatments. The pressing demand for new treatments has encouraged researchers to search for natural products with special activities. Antimicrobial peptides (AMPs) are important components of the innate immune system of many organisms. They have been isolated from diverse species including ticks, insects, plants and mammals. Currently, it is widely recognised that many organisms use AMPs as defense molecules against various infections. They have broad spectrum of activity against bacteria, fungi and viruses. The potential activity of AMPs against protozoan parasites is less known. Defensins are a well-known class of AMPs and have been discovered in ticks. Previously, we identified defensins in three Ixodes species. We investigated antimicrobial, antifungal and antiplasmodial activity of the defensins. They showed activity against bacteria, fungi and even plasmodium. We further tested the antiplasmodial activity of three defensins in a mouse model of *Plasmodium chabaudi*. Defensin treatment inhibited significantly the parasite replication. These findings justify further studies on the use of AMPs to control many infectious diseases including malaria. Therefore, ticks are not always transmitting diseases.

Neues zum Vorkommen und Verteilung von alpha-Gal in *Ixodes ricinus*

J. Fischer¹, S. Riel¹, A. Frank², B. Fehrenbacher¹, U. Mackenstedt²

¹Universitäts-Hautklinik Tübingen; ²Universität Hohenheim

Hintergrund: Das alpha-Gal-Syndrom ist eine Allergie beim Menschen und wird durch spezifisches IgE (sIgE) gegen Galaktose-alpha-1,3-Galaktose (alpha-Gal) ausgelöst. Alpha-Gal findet sich auf Glykoproteinen von Säugetieren, die nicht zur Gruppe der Primaten gehören. Der Verzehr von Säugetierfleisch kann daher Anaphylaxien hervorrufen. In Zeckenspeichel konnte alpha-GAL nachgewiesen werden und Zeckenstiche gelten weltweit als wichtigster Induktor für alpha-GAL-sIgE beim Menschen.

Ziele: Ziel dieser Untersuchungen war es alpha-GAL in Zeckengewebe nachzuweisen und über die Verteilung in den Organen Rückschlüsse auf den Ursprung vorzunehmen.

Methoden: Gesogene und ungesogene *Ixodes ricinus* Weibchen wurden mittels (Immun-)Histologie, Immunfluoreszenz und Elektronenmikroskopie mittels MOA-Lektin und Antikörper M86 untersucht.

Ergebnisse: Auf in der Frontalebene geschnittenen Zecken-Präparaten fand sich keine generelle Expression von alpha-GAL. Bei gesogenen Zecken Anhalt für einen Transport von alpha-Gal-haltigen Molekülen vom Darm über die Hämolymphe zu den Speicheldrüsen. Alpha-Gal-positive Moleküle wurden in Endosomen im Darmendothel und in Hämolymphe angefärbt. Die intensivste Färbung fand sich in granulären Typ II/III-Azini der Speicheldrüsen bei gesogenen und ungesogenen Zecken.

Zusammenfassung: Alpha-Gal in Zecken-Speichel wahrscheinlich überwiegend metabolisch inkorporiert ist und seinen Ursprung in einer vorangegangenen Blutmahlzeit an einem Säugetier.

Zeckenbefall und Zecken-übertragene Erkrankungen bei Nutztieren im Sudan und in Somalia

A. Springer¹, A. Elhag², Y. Brima³, M. Abdalla⁴, A. Bakiet⁴, S. Mohmed-Noor², A. Said⁵, S. Schaper⁶, R. Rieß⁶, G. Dobler^{6,7}, C. Strube¹, D. Bakkes⁸, L. Chitimia-Dobler⁶, Y. Shuaib⁴

¹Institut für Parasitologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Bünteweg 17, 30559 Hannover, Deutschland; ²Veterinary Ambulance, Khartoum, Sudan; ³Ministry of Animal Resources, Al-Jenainah, West Darfur State, Sudan; ⁴College of Veterinary Medicine, Sudan University of Science and Technology, Khartoum North, Sudan; ⁵College of Veterinary Medicine, East Africa University, P.O. Box 111, Bosaso, Somalia; ⁶Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, Neuherbergstr. 11, 80937 München; ⁷Fachgebiet Parasitologie, Institut für Zoologie, Universität Hohenheim, Emil Wolff-Strasse 34, 70599 Stuttgart; ⁸Gertrud Theiler Tick Museum, Onderstepoort Veterinary Research, Pretoria, Südafrika und Evolutionary Genomics Group, Department of Botany and Zoology, Stellenbosch University, Südafrika

Zecken-übertragene Erkrankungen bei Nutztieren stellen insbesondere in Entwicklungsländern ein Problem für die Ernährungssicherung der Bevölkerung dar. In dieser Studie wurde der Zeckenbefall bei verschiedenen Nutztieren im Sudan sowie bei Kamelen in Somalia untersucht. Gepoolte Zecken wurden molekularbiologisch auf Rickettsien, Piroplasmen und Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber-Virus untersucht. Im Sudan wurden insgesamt 2410 Zecken von Schafen, Ziegen, Kamelen, Rindern und Pferden gesammelt. Insgesamt wurden 15 Schildzecken-Arten morphologisch identifiziert. Am häufigsten kamen *Hyalomma impeltatum*, *Rhipicephalus evertsi evertsi*, *Amblyomma lepidum* und *Rhipicephalus camicasi* vor. Außerdem wurden 5 weitere *Hyalomma*- und 5 weitere *Rhipicephalus*-Arten sowie *Amblyomma variegatum* gefunden. In Somalia wurden 289 Zecken von Kamelen gesammelt, überwiegend *H. dromedarii* sowie *Hyalomma rufipes*. Drei weitere *Hyalomma*- und 2 weitere *Amblyomma*-Arten sowie *Rhipicephalus pulchellus* traten seltener auf. Molekulare Untersuchungen zur Überprüfung der morphologischen Speziesbestimmung werden derzeit durchgeführt. Insgesamt waren 15,8 % (124/784) der Zeckenpools aus dem Sudan und 10,6 % (25/237) der Pools aus Somalia *Rickettsia*-positiv. Des Weiteren wurden in den sudanesischen Pools verschiedene *Theileria*- und *Babesia*-Arten nachgewiesen, unter anderem die für Rinder hochpathogene *Th. annulata*. Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber-Virus wurde in einem Zeckenpool aus dem Sudan nachgewiesen.

Experimental infection of *Ixodes ricinus* ticks with different *Bartonella* species via artificial feeding – preliminary results

N. Krol¹, N. Militzer², A. Nijhof², V. Kempf³, M. Pfeffer¹, M. Obiegala¹

¹Institute of Animal Hygiene and Veterinary Public Health, University of Leipzig; ²Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, The Free University of Berlin; ³Institute for Medical Microbiology and Infection Control, University Hospital, Goethe-University

Ixodes ricinus is the most important vector for arthropod-borne zoonotic pathogens in Europe. However, its vector competence for *Bartonella* spp. is still unclear. This study aims to experimentally compare the competence of *I. ricinus* regarding 3 *Bartonella* species: *B. henselae*, *B. grahamii*, *B. schoenbuchensis*. Therefore, ticks were divided into 3 groups and fed on bovine blood spiked with 109 CFU/μL of each *Bartonella* spp. respectively. Ticks were kept at 80% relative humidity, 22°C and a 15:9 day/night regime until engorgement. DNA was extracted from selected engorged ticks in order to verify *Bartonella* infection by qPCR. In general, out of 2308 ticks, 38.5% (n=884) engorged and detached. The highest engorgement rate was reached by ticks feeding on *B. henselae*-spiked blood (41.7%), followed by *B. schoenbuchensis* (36.6%) and *B. grahamii* (29.8%) ($\chi^2=21.029$, df=2, P<0.01) which, interestingly, was statistically lower than the control group (39.8%; P<0.01). Overall, 61.4% of tested ticks feeding on *Bartonella*-infected blood were positive by PCR. The highest prevalence was noted for *B. henselae* (64.5%) and *B. schoenbuchensis* (61.5%), followed by *B. grahamii* (35.7%) ($\chi^2=6.018$, df=2, P<0.05). Concluding, *I. ricinus* ticks can be infected with *Bartonella* spp. in vitro. The feeding success differs between ticks fed on different *Bartonella* spp. spiked blood. Further studies are required to examine whether infected ticks can also transmit *Bartonella*.

Ein FSME-Milchausbruch in Baden-Württemberg im Jahr 2017

Chitimia-Dobler L¹, Mackenstedt U², Bestehorn M², Oehme R³, Drehmann M², Lindau A², Hierl T⁴,
Dobler G^{1,2}

¹ Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

² Fachgebiet Parasitologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

³ Landesgesundheitsamt Baden-Württemberg im RP Stuttgart, Stuttgart

⁴ Gesundheitsamt Tübingen

Im Mai 2017 wurden 5 serologisch bestätigte FSME-Fälle mit einem möglichen Milchausbruch durch rohe Ziegenmilch in einer Schule in Verbindung gebracht. Vom zuständigen Gesundheitsamt wurde eine umfangreiche Untersuchung durchgeführt. Dabei konnten insgesamt 27 Exponierte identifiziert werden, die am besagten Tag Ziegenmilch getrunken hatten. Von 27 potentiell Exponierten konnten für 20 Personen weitere anamnestische Daten erhoben werden. Insgesamt waren 14/20 Personen ungeimpft. Davon erkrankten 12/14 (85%) Personen. Von den sechs geimpften Exponierten erkrankte nur eine Person. Diese hatte allerdings die letzte FSME-Impfung vor 15 Jahren erhalten und kann damit als nicht ausreichend geschützt gelten. Damit waren 5/5 (100%) vollständig geimpften Exponierten vor einer Infektion geschützt. Durch mehrmaliges Zeckensammeln konnte in zwei *Ixodes ricinus* Pools direkt hinter dem Ziegenstall FSME-Virus nachgewiesen werden. Die phylogenetische Untersuchung des isolierten Virusstamms zeigte eine nahe Verwandtschaft mit Virusstämmen aus Baden-Württemberg (Emmendingen, Aubachstrasse). Mittels einer serologischen Untersuchung konnten in einer der fünf Ziegen FSME-Antikörper nachgewiesen werden, so dass diese als das übertragende Tier identifiziert ist. Dieser Ausbruch zeigt erstmals, dass die FSME-Impfung auch vor dem alimentären Übertragungsweg schützt.

Harz mountain virus, a new member of the zoonotic Alongshan virus group, is prevalent in ticks, tick saliva and game animals from Lower Saxony/Germany

M. Boelke², M. Kubinski³, K. Dümmer³, A. Oelke², J. Glanz², E. Gregersen⁴, D. Grund², L. Wiesner⁵, K. Liebig², S. Knoll⁶, F. Naccache², U. Nagel-Kohl⁷, M. Nordhoff⁸, A. Springer⁶, P. Becher⁴, I. Steffen⁵, C. Strube⁹, J. Schmidt-Chanasit⁹, D. Cadar⁹, S. Becker²

²Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine Hannover, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ³Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ⁴Institute of Virology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine Hanover, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ⁵Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; Institute for Biochemistry, University of Veterinary Medicine Hanover, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ⁶Institute for Parasitology, Department of Infectious Diseases, University of Veterinary Medicine Hanover, Buenteweg 17, 30559 Hanover, Germany; ⁷Lower Saxony State Office for Consumer Protection and Food Safety (LAVES), Food and Veterinary Institute Braunschweig/Hannover, Eintrachtweg 17, 30173 Hanover, Germany; ⁸Lower Saxony State Office for Consumer Protection and Food Safety (LAVES), Food and Veterinary Institute Oldenburg, Philosophenweg 38, 26121 Oldenburg, Germany

Jingmen tick virus (JMTV) belongs to the newly described phylogenetic group Jingmenviruses associated with the family Flaviviridae and was first isolated from *Rhipicephalus microplus* ticks collected between 2010 and 2011 in the region Jingmen, China. JMTV have a segmented positive-strand RNA genome with four genome segments. Segment 1 and 3 show homology to the unsegmented non-structural 5 (NS5) and NS3 proteins of the genus Flavivirus, segments 2 and 4 are unique to JMTV. Detection of novel JMT viruses in different countries worldwide show its global distribution and dispersion across continents. In 2019, infection with a JMT related virus, Alongshan virus (ALSV), was reported in China in a patient presenting febrile illness. In our ongoing virome study in *Ixodes* ticks in Lower Saxony, viral sequences with 90% homology to ALSV from China were detected. A survey in questing ticks, ticks attached to game animals and blood and serum samples of the respective game animals was conducted. NS5 RNA of our new ALSV-like virus, provisionally called “Harz mountain virus”, was found in 46.43% of tick pools collected from hunted game animals, whereas only 6.80% of questing ticks were positive. Furthermore, one red deer plasma sample and tick saliva from game animal ticks were found positive for viral RNA indicating the possibility of Harz mountain virus transmission to mammals. These findings underline the importance of virome studies in ticks to detect potential arboviral pathogens.

Acknowledgement: This project is funded by the Niedersachsen Research Network on Neuroinfectiology of the Ministry of Science and Culture of Lower Saxony (N-RENNT) and the Volkswagen Foundation. Further funding for this work is provided by the Federal Ministry of Education and Research (BMBF) under project numbers FKZ 01KI1728F (TBENAGER) and 01KI1719 (RNA-VIRT) as part of the Research Network Zoonotic Infectious Diseases. We would like to thank the Bundeswehr for financial support. We thank the Niedersächsische Landesforsten for cooperation.

Phylogeographie neu nachgewiesener FSME-Viren in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen

G. Dobler¹, M. Bröker², B. Marchwald⁴, M. Bestehorn-Willmanns³, M. Monazahian⁴, L. Chitimia-Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ²Pappelweg 30, 35041, Marburg; ³Fachbereich Parasitologie, Universität Hohenheim; ⁴Niedersächsisches Landesgesundheitsamt

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist die wichtigste durch Zecken übertragene Virusinfektion in Europa. Der Erreger, das FSME-Virus, zeigt eine deutliche Ausbreitungstendenz und ist daher als „emerging“ Erreger einzustufen. In den letzten Jahren wurden vermehrt FSME-Fälle im Landkreis Lingen, Niedersachsen registriert, so dass der Landkreis als 2019 als einziger in Norddeutschland vom RKI als FSME-Risiko-Landkreis ausgewiesen wurde. Zum besseren Verständnis ist es wichtig zu wissen, woher und wie die verantwortlichen Viren eingeschleppt wurden und sich etablieren konnten.

Mit Hilfe der Informationen zu Patienten-Infektionsorten des NLGA Hannover wurde an drei Orten in der Stadt Lingen (Niedersachsen) und an einem Infektionsort in der Stadt Rheine (Nordrhein-Westfalen) großflächig Zecken gesammelt und molekularbiologisch auf FSME-Virus getestet. Insgesamt wurden in Lingen 660 Zecken und in Rheine 286 Zecken gesammelt. In Rheine wurde ein Nymphenpool und in Lingen wurde jeweils ein Weibchenpool positiv getestet. Beide Viren konnten isoliert und angezüchtet werden. Die phylogenetische Analyse des E-Gens ergab eine enge genetische Verwandtschaft mit einem Virusisolat aus Finnland.

Es gelang erstmals aus Nordwest-Deutschland FSME-Virusisolate zu generieren und zu analysieren. Die phylogenetische Analyse legt eine Verbindung mit skandinavischen Virusstämmen nahe, die vermutlich über Vogelflug importiert wurden.

Neutralisation unterschiedlicher FSME Virusstämme des europäischen Subtyps

Malena Bestehorn-Willmann^{1,2}, Gerhard Dobler^{1,2}, Ute Mackenstedt¹

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

²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine Virusinfektion ausgelöst wird. Das FSME-Virus wird durch einen Zeckenstich oder den Konsum von Rohmilchprodukten auf den Menschen übertragen. Bisher war die Erkrankung vor allem in Zentraleuropa, dem Balkan sowie dem Baltikum bekannt. Die einzige sicher schützende Präventivmaßnahme ist die aktive Immunisierung. Zwei Impfstoffe, Encepur und FSME-Immun sind aktuell verfügbar. Bisher ist nicht abschließend geklärt, ob die Impfstoffe alle zirkulierenden FSME-Virusstämme neutralisieren und damit schützen. Die meisten Untersuchungen dazu wurden mit den Impfstämmen durchgeführt.

In der vorliegenden Studie wurden die Seren von 36 geimpften Individuen gegen 31 Virusstämme im Plaque Reduktion Neutralisationstest getestet. Die Virusstämme wurden so gewählt, dass sie möglichst einen geographischen sowie genetischen Querschnitt der vorhandenen Virusstämme darstellen. Die Seren wurden anhand der verwendeten Impfungen in drei Gruppen geteilt, Encepur-Geimpfte, FSME-Immun-Geimpfte und Misch-Geimpfte. In den Neutralisations-Assays zeigte sich, dass der Neutralisationstiter (NT90) stark von der jeweiligen Impfung abhängig ist. Darüber hinaus zeigte sich, dass nicht alle Virusstämme des europäischen Subtyps gleich gut neutralisiert werden. Die Ergebnisse der Neutralisationstest wurden anschließend mit genetischen sowie phänotypischen Eigenschaften der Viren verglichen, um mögliche Korrelationen zu identifizieren. Dabei zeigte sich ein Zusammenhang zwischen den Neutralisationstitern und einer Heparin Sensitivität.

Zecken (Acari: Ixodidae) und deren Pathogene bei Zugvögeln in Ponza (Italien)

R. Rollins¹, S. Schaper², C. Kahlhofer², N. Becker¹, D. Frangoulidis², A. Strauss³, M. Cardinale⁴, A. Springer⁵, C. Strube⁵, D. Bakkes⁶, **L. Chitimia-Dobler**²

¹Division of Evolutionary Biology, Faculty of Biology, LMU Munich, Großhaderner Str. 2, 82512 Planegg-Martinsried, Germany; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ³Research Group Evolution of Sensory Systems, Max Planck Institute for Ornithology, Eberhard-Gwinner-Strasse 5, 82319 Seewiesen, Germany; ⁴Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Aquatic Resources, Institute of Marine Research, Lysekil, 45330, Turistgatan 5, Sweden; ⁵Institut für Parasitologie, TiHo Hannover; ⁶Gertrud Theiler Tick Museum, Onderstepoort Veterinary Research, Pretoria, South Africa

Das jahreszeitliche Zugverhalten von Vögeln zwischen Überwinterungs- und Brutplätzen begünstigt die Verbreitung von Vektoren, v.a. Zecken und deren Pathogene über Länder und Kontinente hinweg. Daher ist die Untersuchung von Zugvögeln und deren Ektoparasiten ein wichtiges Instrument der Surveillance bezüglich eingeschleppter Zecken und deren Pathogene. In der vorliegenden Untersuchung wurden 151 Vögel von 10 Arten auf der italienischen Insel Ponza gefangen und auf ihre Zecken-Infestation untersucht. Die Zecken wurden gesammelt und Art und Stadium morphologisch bestimmt und durch Sequenzierung der 16S mtRNA bestätigt. Insgesamt wurden auf 16 Vögeln (10,6%) Zecken im Larven- oder Nymphenstadium nachgewiesen: *Hyalomma rufipes* (n=14), *Amblyomma variegatum* (n=1), *Amblyomma* sp. (n=1), *Ixodes ventalloi* (n=2). In 6/14 *H. rufipes* wurde *Rickettsia aeschlimannii* gefunden. Die *A. variegatum* Nymphe reagierte positiv für *R. africae*. Alle *H. rufipes*-Zecken enthielten Francisella-like Endosymbionten. In 4/14 *H. rufipes* wurden Borrelien nachgewiesen, die allerdings nicht weiter differenziert werden konnten. Alle Zecken waren negativ für FSME- und CCHF-Viren, für Coxiella und Coxiella-like Organismen, Babesien und Theilerien. Die Prävalenzen bei *Hyalomma* entsprechen den Resultaten der in Deutschland gefundenen *Hyalomma*-Zecken. Der Nachweis von *R. africae* in einer *A. variegatum*-Zecke zeigt erneut das Potential von Zugvögeln für die Einschleppung von Pathogenen aus anderen Kontinenten.

Bestimmung des physiologischen Alters von *Ixodes ricinus*-Nymphen in einem FSME-Naturherd

P. Girtl¹, G. Dobler¹, O. Kahl², L. Chitimia-Dobler¹

¹Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr; ²tick-radar GmbH, Berlin

Ixodes ricinus ist der wichtigste Überträger des FSME-Virus in Mitteleuropa. Der Lebenszyklus dieser Zeckenart dauert 4-6 Jahre. Die Entwicklung der gesogenen Larven und Nymphen in zu Nymphen und Adulten findet ausschließlich im Sommer und Frühherbst statt. Die Bestimmung des physiologischen Alters von ungesogenen *I. ricinus* kann daher wichtige Hinweise für die Lebensdauer unter natürlichen Bedingungen und damit für die Zirkulation des FSME-Virus liefern. Im Jahr 2019 wurden insgesamt 1.753 ungesogene *Ixodes*-Nymphen im FSME-Naturherd Haselmühl gesammelt, davon 1.572 Nymphen von *I. ricinus* und 181 Nymphen von *Ixodes inopinatus*. Zur Bestimmung des physiologischen Alters der Nymphen wurde der sog. Skutal-Index für jede einzelne Nymphe von *I. ricinus* errechnet und drei Altersgruppen gebildet. Altersgruppe II enthielt die physiologisch jüngsten und Altersgruppe IV die ältesten Zecken.

Die jüngste physiologische Altersgruppe wurde v.a. von März bis Juni nachgewiesen, verschwand im Juli und August und hatte einen weiteren kleinen Gipfel im September. Die mittlere Altersgruppe dominierte über das gesamte Jahr. Die Gruppe der physiologisch älteren Nymphen stieg erst im Juli an und blieb hoch bis in den Oktober hinein. Von den im Jahr 2019 gesammelten Zecken waren 5 FSME-Virus-positive Pools von Zeckenweibchen und zwei viruspositive

Für definitive Schlussfolgerungen reicht das eine Untersuchungsjahr nicht aus. Die Studie wird mit derselben Methodik im Jahr 2020 fortgesetzt.

Welche Rolle spielt der Mensch bei Krankheitsübertragungen durch Zecken?

D. Böhnke¹

¹Karlsruhe Institut für Technologie (KIT)

Dieser Beitrag stellt die kurze Zusammenfassung einer umfassenden Literaturstudie dar, basierend auf der Fragestellung, auf welche Weise der Mensch selbst sein individuelles Risiko einer Infektion mit zeckenübertragenen Krankheiten erhöht.

Es werden Aspekte der Berufswahl und der Freizeitgestaltung aufgezeigt, die durch verschiedenste Feldstudien belegt sind. Darüber hinaus wird die besondere Exposition von Kindern und Jugendlichen dargestellt, die sich einerseits durch die Freizeitgestaltung und andererseits durch spezifische Verhaltensweisen erklärt. Besonders interessant ist der Aspekt des menschlichen Verhaltens im Umgang mit Zecken und des individuellen Wissensstandes rund um das Thema, wenn auch der Forschungsstand in diesem Bereich noch stark fragmentiert ist. Dabei geht es vor allem um Fragen des Erkennens von Zecken und der Nutzung von Präventionsmaßnahmen. Eine Sonderstellung hat die alimentäre Übertragung der FSME, bei der der Mensch nicht durch einen Zeckenstich, sondern durch den Genuss von unpasteurisierten Milchprodukten von infizierten Nutztieren infiziert wird.

Überraschender Parasitenfund in einem Haus in Thüringen: *Ixodes hexagonus*, die Igelzecke

O. Kahl¹, I. Bulling¹, L. Chitimia-Dobler²

¹tick-radar GmbH; ²Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr

Die Igelzecke, *Ixodes hexagonus*, ist ein in Europa weit verbreiteter und häufiger Parasit von Carnivoren (z.B. dem Rotfuchs, aber auch von Hund und Katze) und Igel. Obwohl nachgewiesenermaßen ein Vektor für *Borrelia burgdorferi* sensu lato und dem Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus führt diese Zeckenart im Allgemeinen ein recht verborgenes Dasein, da sie die Phasen zwischen den Blutmahlzeiten in den Bauten/Nestern ihrer Wirte verbringt und den Menschen nur ausnahmsweise sticht.

Im vorliegenden Fall bat die Bewohnerin eines Einfamilienhauses in Thüringen (07751 Jena, Ortsteil Isserstedt) im Juli 2019 telefonisch um Expertenrat. Sie hatte im Schlafzimmer ihres Hauses erstmalig ca. 3 Dutzend gesogene Zecken gefunden, und es war zunächst unklar, wie es zu diesem häuslichen Befall kommen konnte und um welche Zeckenart es sich handelte. Drei dieser Zecken wurden uns zugeschickt. Ein Männchen, ein seltener Fund bei dieser Zeckenart, wurde morphologisch und 2 gesogene Larven genetisch als *I. hexagonus* identifiziert. Die Untersuchung der Larven auf FSME-Virus mithilfe einer Real-time-PCR verlief negativ. Im Oktober 2019 wurden einmalig noch einmal 3 erwachsene Zecken im Haus gefunden (ein Weibchen, 2 Männchen), die von den Bewohnern leider entsorgt wurden. Im weiteren Verlauf ließ sich auch weitgehend klären, wie es zu diesem ungewöhnlichen häuslichen Zeckenbefall kommen konnte.

Phenology and phylogeny of *Hyalomma* ticks infesting camels in the Tunisian saharan bioclimatic zone

K. Elati¹, F. Bouaicha², M. Dhibi², B. Ben Smida³, M. Mhadhbi², I. Obara¹, S. Amairia², M. Bouajila³, M. Rekik⁴, M. Gharbi²

¹Freie Universität Berlin, Institute for Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, Robert-von-Ostertag-Str. 7-13, 14163, Berlin, Germany; ²Laboratoire de Parasitologie. Univ. Manouba. Institution de la Recherche et de l'Enseignement Supérieur Agricoles. École Nationale de Médecine Vétérinaire de Sidi Thabet. 2020 Sidi Thabet. Tunisia; ³Commissariat Régional de Développement Agricole (CRDA) Tataouine, 3200 Tunisie; ⁴International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), P.O. Box, 15 950764 Amman 11195, Jordan

We undertook a survey aimed at assessing the phenology and phylogeny of *Hyalomma* tick populations infesting camels in Southern Tunisia. A bimonthly survey was conducted in Tataouine district between April 2018 and October 2019. The animals were of the Maghrebi breed, the herd size was between 30 and 67 heads and consisted mainly of females. A total of 1,902 ticks belonging to *Hyalomma* genus were collected. The ticks were identified as *H. impeltatum* (41.1%), *H. dromedarii* (32.9%), *H. excavatum* (25.9%) and a single specimen of *H. marginatum*. The ticks were active throughout the year, with highest infestation prevalence in April 2019 ($p < 0.01$). The infestation intensity varied between 2.7 and 7.4 ticks/ animal. There was no statistically significant difference in tick infestation based on age categories and the overall infestation prevalence was between 77.3 and 97.4%. Female camels sampled were significantly more infested by ticks (88.3%) than males (65.5%) ($p < 0.01$).

The preferred attachment sites for *Hyalomma* ticks were sternum (39%), around the anus (35%), udder (18.3%) and inner thigh (6.9%) ($p < 0.01$). Fully engorged *Hyalomma* ticks were observed to lay eggs in the shade under plants and stones. The morphological classifications were corroborated by sequencing of the cox I and 16S rRNA genes. Further analyses need to be undertaken in order to better understand the biology of *Hyalomma* tick populations and more attention needs to be devoted to the tick infestation of camels

Epidemiologie der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Deutschland – aktuelle Entwicklungen

W. Hellenbrand¹, D. Altmann¹, **T. Kreusch**¹

¹Robert Koch-Institut, Berlin

Das Robert Koch-Institut weist FSME-Risikogebiete aus basierend auf Kreisinzidenzen. Dort ist die FSME-Impfung für zeckenexponierte Personen empfohlen.

Wir haben nach IfSG übermittelte FSME-Erkrankungen (2001-2019) nach demographischen, klinischen und regionalen Merkmalen ausgewertet und kreisbezogene FSME-Impfquoten bei Schulanfängern 2017-18 analysiert.

Die Zahl der Erkrankungen schwankte von 195 (2012) bis 584 (2018) (im Mittel 342) mit leicht ansteigendem Trend (IRR: 1.019, 95% KI: 0.996-1.044, $p=0.11$). 89% der Fälle mit Infektionsort in Deutschland infizierten sich in Bayern oder Baden-Württemberg, wo die jährliche Inzidenz zwischen 0,7 bis 2,0 Erkr./100.000 Einw. lag.

Männer erkrankten häufiger als Frauen (1,8 vs. 1,1 Erkr./100.000 Einw.). Meningitis, Enzephalitis oder Myelitis waren bei 53% der Fälle angegeben und mit Hospitalisierung assoziiert ($p < 0,001$).

Die Letalität war 0,4% (27 Todesfälle), steigend auf 2,4% bei ≥ 70 -jährigen Fällen ($P \text{ trend} < 0.001$).

Die Zahl der FSME-Risikogebiete stieg von 2006 bis 2019 von 129 auf 164, meist grenzend an bestehende. Seit 2015 kamen 7 Kreise in Sachsen hinzu und 2018 erstmalig ein niedersächsischer Kreis (LK Emsland). Die Impfquoten bei Schulanfängern in den Risikogebieten waren unzureichend (Median 37%; Spanne: 6-74%).

Die FSME bleibt primär auf den süddeutschen Raum beschränkt, aber mit stetiger nordöstlicher und lückenhafterer nordwestlicher Ausdehnung. Eine Steigerung der Impfquoten ist notwendig, um die Krankheitslast zu senken.

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

Alexander Lindau*, Marco Drehmann*, Ute Mackenstedt

Fachgebiet Parasitologie, Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Stuttgart

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

Die ersten hier vorgestellten vorläufigen Ergebnisse zeigen, dass die artifizielle Infektion von *Ixodes ricinus* Nymphen mit geringem Aufwand möglich ist. Die Zecken wurden dafür über einen längeren Zeitraum einer niedrigen relativen Luftfeuchte ausgesetzt. Im Anschluss wurden sie in FSME virushaltiges Zellkulturmedium überführt und bei 37° C inkubiert. Fünfzehn Tage nach der Immersion wurden die Zecken durch waschen mit 70 % Ethanol, spülen mit PBS und zwei anschließenden Waschschrte mit 3 % H₂O₂ vollständig von topischen Viruspartikeln befreit. Der Virusnachweis erfolgte im Anschluss mittels qrt-PCR. In 75% der Zecken erfolgte ein eindeutiger Virusnachweis.

*Beide Autoren haben zu gleichen Teilen beigetragen

RNA interference by electroporation of dsRNA in *Ixodes ricinus* nymphs

S. Pinecki¹, A. Nijhof¹

¹Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Freie Universität Berlin

Introduction: To analyze gene function in ticks, gene silencing by RNA interference (RNAi) and subsequent studies on the resulting loss-of-function phenotype, is a frequently used tool. A drawback of RNAi is that it is not easily achievable in juvenile ticks due to their small size and resulting difficulties to administer dsRNA, the RNAi mediator, by individual injection. A viable alternative might be the electroporation of dsRNA.

Materials and Methods: Groups, consisting of approx. 50 nymphs each, were electroporated with dsRNA. The control group was electroporated with dsRNA coding for Green Fluorescent Protein (GFP), whereas other groups were electroporated with dsRNAs complementary to target genes previously identified as candidate tick-protective antigens. After feeding to repletion, total RNA was extracted from the nymphs and gene expression levels were analysed by quantitative real-time PCR to confirm gene silencing.

Results: The reduction in normalized transcript levels following gene silencing by electroporation and determined in replete nymphs ranged from 19 to 76%. Significant differences in the weights of replete nymphs were not observed.

Conclusion: Electroporation as a means to induce gene silencing in *I. ricinus* nymphs is possible, but further optimization and standardisation of the method using different dsRNA concentrations and electroporation settings is required.

Nachweis von Pathogenen in *Hyalomma* spp. in Deutschland – Ergebnisse einer Citizen-Science-Studie

Lindau, A.^{1,*}; Chitimia-Dobler, L.^{1,2,*}; Springer, A.^{3,*}; Drehmann, M.¹; Fachet, K.¹; Mai, S.¹; Riess, R.²; Schaper, S.²; Strube, C.³; Mackenstedt, U.¹

¹Universität Hohenheim, Fachgebiet für Parasitologie, Stuttgart, Deutschland

²Bundeswehr Institut für Mikrobiologie, München, Deutschland

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

2018 wurden zum ersten Mal Zecken der Gattung *Hyalomma* in größerer Individuenzahl an die Kooperationspartner der drei oben genannten Institute geschickt. Mittels einer Pressemitteilung wurde um weitere Einsendungen von *Hyalomma*-Zecken gebeten. Um den Aufruf aktuell zu halten, wurden im Laufe des Jahres 2019 weitere Pressemitteilungen von allen Institutionen veröffentlicht. Im Jahr 2019 wurden insgesamt 95 *Hyalomma* spp. aus Deutschland eingesendet und untersucht, davon wurden 20 als *H. rufipes* und 74 als *H. marginatum* bestimmt. Die Untersuchung auf Piroplasmen und CCHF-V verlief bei allen Zecken negativ. *R. aeschlimannii* wurde in 38 (40%) Zecken nachgewiesen.

Diese Ergebnisse zeigen, dass Citizen-Science-Studien für ein Monitoring der Pathogenbelastung bestimmter Zeckenarten geeignet sind. Der Nachweis von *R. aeschlimannii* ist für das öffentliche Gesundheitswesen wichtig, da es sich hierbei um einen humanpathogenen Erreger handelt.

* Die Autoren haben zu gleichen Teilen beigetragen

Die Zecke in der Kaffeemaschine? – Heimische Zeckenarten und ihre teils exotischen Fundorte

M. Drehmann*¹, A. Lindau*¹, K. Facht¹, S. Mai¹, U. Mackenstedt¹

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

Im Februar 2019 bat die Universität Hohenheim die Bevölkerung Deutschlands um die Einsendung „ungewöhnlicher“ Zecken. Seitdem wurden mehr als 2500 Zecken der Gattung Dermacentor und über hundert aus der Gattung Hyalomma gemeldet, verpackt und nach Hohenheim geschickt (Februar 2020). Ein Männchen der Art *D. marginatus* wurde tatsächlich im Wassertank einer Kaffeemaschine gefunden.

Allerdings kam es auch häufig zu Meldungen von Zecken anderer Gattungen. Hier sollen besonders die etwas seltener gefundenen, heimischen Zeckenarten hervorgehoben werden, die häufig an ungewöhnlichen Orten nachgewiesen wurden. Eingeschickt wurden unter anderem 43 Zecken der Art *Ixodes hexagonus* von 40 Fundorten (19 Weibchen, 8 Männchen, 9 Nymphen und 7 Larven), die häufig von Hunden und Katzen entfernt, aber auch in Gebäuden und in einem Fall auf einem Kopfkissen in einem Bett gefunden wurden. Zwei der Weibchen stachen Menschen.

Weiterhin kam es zu elf Einsendungen von *Ixodes frontalis*. Erst seit kurzem ist bekannt, dass diese hierzulande bisher kaum gefundene Zecke in Deutschland sehr weit verbreitet ist (Drehmann et al. 2019). Die Zecke wurde unter anderem drei Mal auf Menschen und drei Mal in Gebäuden laufend entdeckt. Auch Lederzecken wurden eingeschickt. Insgesamt 6 Exemplare der Art *Argas vespertilionis* (5 Adulte, eine Nymphe) und zwei adulte *A. reflexus*. Alle Lederzecken wurden in Gebäuden gefunden, eine *A. reflexus* an einem Mädchen.

*Diese Autoren leisteten einen gleichwertigen Beitrag

5. Süddeutscher Zeckenkongress

Die Fachtagung wird von folgenden Firmen unterstützt:

Pfizer Pharma GmbH

Bavarian Nordic GmbH

Bayer Vital GmbH

Hermes Arzneimittel GmbH

Labor Enders