

Wildtiere sind auch für das Gesundheitswesen wichtige Indikatoren

Marie-Pierre Ryser-Degiorgis, Dr. med. vet.

Zentrum für Fisch- und Wildtiermedizin, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Postfach 8466, CH-3001 Bern, <http://www.itpa.vetsuisse.unibe.ch/fiwi/>, Email marie-pierre.ryser@itpa.unibe.ch

Freilebende Wildtiere sind im Gegensatz zu Haustieren das ganze Jahr über allen Umwelteinflüssen ausgesetzt und können deshalb als Bioindikatoren angesehen werden. So können z.B. anthropologisch bedingte Veränderungen ihres Lebensraumes, die Freilassung toxischer Stoffe, oder auch Klimaschwankungen direkte oder indirekte Folgen auf ihr Vorkommen und/oder Gesundheitsstatus haben. Wildtiere können aber auch als sogenanntes Erreger-Reservoir eine Rolle spielen, und sowohl für Haustiere wie auch Menschen eine Ansteckungsquelle für Krankheiten darstellen. Die Häufung von Interaktionen zwischen Menschen/Haustieren und Wildtieren kann deshalb eine Zunahme von bei Mensch oder Haustier bisher nur selten oder noch gar nicht vorkommenden Krankheiten führen. Tatsächlich werden Wildtiere von der OIE (World Organisation for Animal Health) und von den veterinären Bundesbehörden (BVET) nun immer mehr auch als wichtige Bestandteile der Seuchenüberwachung berücksichtigt. Diese zwei wichtigen Aspekte der Wildtiergesundheit werden aufgrund zweier aktueller Beispiele illustriert.

Die Babesiose ist eine durch Zecken übertragene Krankheit, die bisher bei der Gämse nicht bekannt war. Neuerdings wurde sie aber in mindestens drei Alpengebieten bei insgesamt sechs Tieren diagnostiziert (Hoby et al., 2007a; P. Revelli, pers. comm.). Molekularbiologische Untersuchungen deuten darauf hin, dass der Erreger ursprünglich nur beim Reh vorkam, das selber aber scheinbar resistent ist (Hoby et al. 2007b; Schmid et al., in prep.). Die Frage stellt sich nun, warum neu auch Gämsen von der Krankheit betroffen sind, bzw. ob rezente Umweltveränderungen nun vermehrt Kontakte zwischen Gämsen und infizierten Zecken zur Folge haben.

Im Rahmen eines anderen Projektes wurde nachgewiesen, dass der Erreger der Schweinebrucellose nicht selten auch bei einheimischen Wildschweinen vorkommt (Leuenberger 2006, Köppel et al. 2007), obwohl die Schweiz offiziell frei von dieser Krankheit ist. Haustierbestände sind bisher tatsächlich nicht betroffen. Erfahrungen aus Frankreich (Garin-Bastuji et al., 2000) zeigen aber, dass die Übertragung des Erregers zwischen Wild- und Hausschweinen in Freilandhaltung ein ernsthaftes Problem mit ökonomischen Folgen darstellen kann. In Aufgründes aktuellen Anstiegs der Wildschweinbestände und durch die steigende Tendenz zur Freilandhaltung von Hausschweinen wird das Risiko einer Ansteckung von Hausschweinebetrieben immer grösser.

Garin-Bastuji, B., J. Hars, D. Calvez, M. Thiébaud, M. Artois. 2000. Brucellose du porc domestique et du sanglier sauvage due à *Brucella suis biovar 2* en France. *Epidemiol. et santé anim.* 38: 1-5.

Hoby, S., N. Robert, A. Mathis, N. Schmid, M. L. Meli, R. Hofmann-Lehmann, H. Lutz, P. Deplazes, M.-P. Ryser-Degiorgis. 2007a. Babesiosis in free-ranging chamois (*Rupicapra r. rupicapra*) from Switzerland. *Vet. Paras.* 148: 341-345.

Hoby, S., N. Schmid, A. Mathis, P. Deplazes, N. Robert, M.-P. Ryser. 2007b. Epizootiologic investigations after fatal *Babesia divergens*-like infections in chamois from Switzerland. *Verh.ber. Erkrq. Zootiere* 43.

Köppel, C., L. Knopf, M.-P. Ryser, R. Miserez, B. Thür, K. D. C. Stärk. 2007. Serosurveillance for selected infectious disease agents in wild boar (*Sus scrofa*) and outdoor pigs in Switzerland. *Eur. J. Wildl. Res.* 53: 212-220.

Leuenberger, R., P. Boujon, B. Thür, R. Miserez, B. Garin-Bastuji, J. Rüfenacht, K. D. C. Stärk. 2007. Prevalence of classical swine fever, Aujeszky's disease and brucellosis in a surveyed population of wild boar in Switzerland. *Vet. Rec.* 160(11): 362-8.

Schmid, N., P. Deplazes, S. Hoby, M.-P. Ryser, R. Edelhofer, A. Mathis. *B. divergens*-like organisms from wild ruminants (chamois, roe deer) are distinct from *B. divergens* of cattle origin – an epidemiological and molecular-genetic investigation. In prep.