

## Zu Fragen der Fledermaustollwut

Von THOMAS MÜLLER und CONRAD FREULING, Wusterhausen

Mit 1 Abbildung

### Einleitung

Die Tollwut, eine der ältesten bekannten Zoonosen, wird durch ein zu den Lyssaviren gehöriges negativ-Strang RNA-Virus der Familie *Rhabdoviridae* verursacht und ist weltweit verbreitet. Neben anderen Reservoirtieren ist vor allem der Rotfuchs (*Vulpes vulpes* L.) für die Erhaltung und Ausbreitung der Seuche in Europa, Nordasien und Nordamerika verantwortlich. In den vergangenen 20 Jahren wurden in Europa mit Hilfe der oralen Immunisierung der Füchse mittels modifizierter Tollwutlebensdimpfstoffe enorme Erfolge wie nie zuvor in der Geschichte der Tollwutbekämpfung erzielt, die zu berechtigten Hoffnungen auf eine Tilgung der Seuche in Europa und Deutschland Anlaß geben. Noch ist dieses Ziel nicht erreicht, schon mehren sich Stimmen, die auf neue Tollwutgefahren hinweisen. Warum diese Aufregung, könnte man zunächst bei oberflächlicher Betrachtung fragen? Bekanntlich kann das Tollwutvirus alle Säugetierarten befallen und wenn man die langjährige Befundstatistik ansieht, dann gibt es kaum eine Säugetierart, die darin nicht vorkommt. Dennoch galt lange Zeit als unumstößliche These, daß das einzige Tollwutreservoir in Europa die Fuchspopulation ist. So einfach liegt der Fall aber nicht, denn wer weiß schon, daß es auch Tollwut bei Fledermäusen gibt und dazu noch vor der eigenen Haustür?

### Vorkommen und Verbreitung

Fledermäuse sind wahre biologische Wunder, aber auch primäre Tollwutreservoir auf allen bewohnten Kontinenten der Welt. Das Problem der Fledermaustollwut ist nicht unbekannt.

Bereits Anfang des letzten Jahrhunderts wurde aus Trinidad (Südamerika) bekannt, daß blutleckende (hämotrophe) Vampirfledermäuse für wirtschaftlich bedeutungsvolle Tollwutverluste unter Rindern verantwortlich seien. Es wird geschätzt, daß in Mittel- und Südamerika jährlich bis zu 500.000 Weiderinder der Fledermaustollwut zum Opfer fallen. Bei ca. 70 Millionen in dieser Region gehaltenen Rindern entspricht dies zwar lediglich einer Mortalität von 0,7 %, aber in der Summe ist dies ein Schaden von 50-60 Millionen Dollar. Darüber hinaus sind bislang mehr als 500 Fälle von Tollwutübertragung auf Menschen durch blutleckende Vampirfledermäuse aus Lateinamerika bekannt geworden. Diese Tollwutgefahr ist auf das Verbreitungsgebiet der hämotophagen Fledermäuse begrenzt und hat nichts mit der Fledermaustollwut in Nordamerika und Europa zu tun. Tollwut bei einer insektenfressenden Fledermaus wurde erstmals 1953 in den USA diagnostiziert. Mittlerweile konnten Tollwutinfektionen bei nahezu allen 38 in Nordamerika vorkommenden Fledermausarten festgestellt werden. In den 50-er Jahren wurden Tollwutinfektionen von fruchtfleischfressenden Fledermäusen bzw. humane Tollwutfälle nach Kontakt mit insektenfressenden Fledermäusen aus Afrika berichtet. Auch in Asien wurden tollwutpositive Fledermäuse gefunden (ACHA 1967, BRASS 1994). Australien galt lange Zeit als der einzige tollwutfreie Kontinent. Man mag sich daher die Verwunderung vorstellen, als am 2. Juli 1996 auch Australien den ersten Fund von Tollwut bei einem fruchtfleischfressenden Flughund (*Pteropus alecto*) meldete, der an der Nordküste in Neu-Süd-Wales gefunden wurde. Am 11. Sept. 1996 wurde ein zweiter Fall aus der Region Nord-Queensland

gemeldet, und wenig später waren bereits 5 Fälle bekannt (FRASER et al. 1996).

Der erste Fall des Nachweises einer Tollwutinfektion bei Fledermäusen in Europa gelang 1954 in Deutschland bei einer nicht näher identifizierten Fledermaus aus der Stadt Hamburg. Während in den darauffolgenden Jahren Tollwutinfektionen bei Fledermäusen nur sporadisch auftraten, wurden in den letzten 20 Jahren regelmäßig tollwutpositive Fledermäuse nachgewiesen. Zwischen 1954 und 2005 (2. Halbjahr) wurden europaweit insgesamt 780 tollwutpositive Fledermäuse an das WHO Collaborating Centre for Rabies Surveillance and Research des Friedrich-Loeffler-Institutes gemeldet, davon allein 279 Fälle in den Jahren 1985 bis 1987. In den folgenden Jahren ging die Zahl der Tollwutfälle bei Fledermäusen wieder zurück, und man nahm an, daß ausgehend von dieser mutmaßlichen Epidemie die Erkrankung nun endemisch in bestimmten insektenfressenden Fledermauspopulationen vorkam. Diese These ist aufgrund der unterschiedlichen Untersuchungsintensität aller-

dings reine Spekulation (Abb. 1). Über 80 % der tollwutpositiven Fledermäuse wurden aus den Niederlanden, Dänemark und Deutschland mit jeweils mehr als 100 Tollwutfällen während der letzten 45 Jahre berichtet, gefolgt von Polen, Spanien und Frankreich. Sechs Länder meldeten nur einen Fall innerhalb dieses Zeitraumes, während für die Mehrzahl der europäischen Länder Fledermaustollwut entweder offiziell nicht berichtet wurde oder entsprechende Angaben nicht verfügbar sind. Trotz lückenhafter Informationen muß davon ausgegangen werden, daß Tollwutinfektionen bei Fledermäusen in ganz Europa vorkommen (MÜLLER 1994).

### Fledermaustollwut in Deutschland

Die Überwachung (Surveillance) der Tollwut bei Fledermäusen in Deutschland stützt sich hauptsächlich auf die Untersuchung von moribunden Tieren oder Frischtotfunden, die nur gelegentlich zur Diagnose in die Veterinäruntersuchungsämter der Länder eingesandt werden. Von 793 Fledermäusen, die zwischen

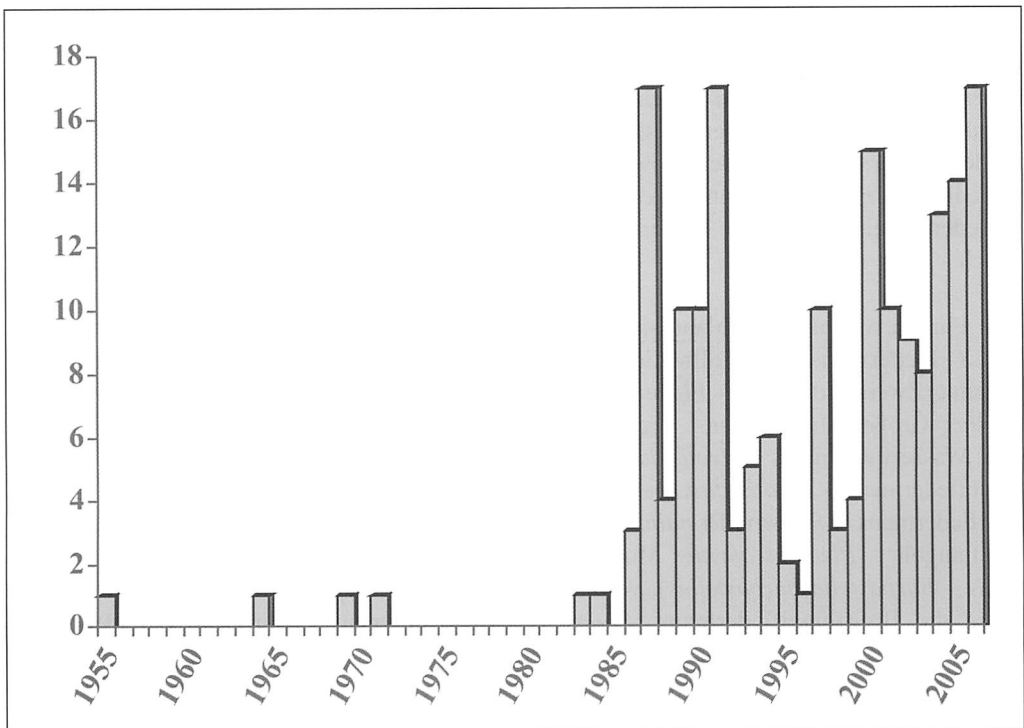


Abb. 1. Anzahl gemeldeter Fledermaustollwutfälle in Deutschland im Zeitraum 1954-2005 (n=187)

1985 und 2005 untersucht wurden, waren 176 (22,2 %) tollwut-positiv. Unter Einbeziehung von Einzelnachweisen vor diesem Zeitraum erhöht sich die Anzahl positiver Fledermäuse bis dato auf insgesamt 182 (WHO Collaborating Centre for Rabies Surveillance and Research). Interessanterweise werden tollwut-positive Fledermäuse häufig in den Monaten Mai bis Juli sowie August bis September diagnostiziert, also in saisonalen Zeitabschnitten, die in Zusammenhang mit der Geburt und Aufzucht der Jungen, der Paarung sowie der Migration der meisten Fledermauspopulation in Verbindung stehen. In diesen Zeiträumen suchen auch ehrenamtliche Fledermausschützer und Wildbiologen regelmäßig Fledermauskolonien auf, um Wochenstuben zu kontrollieren, Beringungsaktionen und Populationszählungen durchzuführen. Das wiederum erhöht die Chancen zum Auffinden frischtoter sowie klinisch tollwutverdächtiger Tiere. Obwohl in den letzten 50 Jahren in nahezu allen Teilen Deutschlands Tollwutinfektionen bei Fledermäusen nachgewiesen wurden, zeigt das norddeutsche Tiefland, insbesondere die Länder Niedersachsen, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern die höchste Inzidenz. Daraus generelle Schlußfolgerungen auf ein endemisches Vorkommen in diesen Regionen abzuleiten, wäre jedoch aufgrund stark variierender Untersuchungszahlen sowie unterschiedlicher regionaler Abundanzen von verschiedenen einheimischen Fledermausarten falsch.

In Europa wie in Deutschland sind bislang bei 8 Fledermausarten Tollwutinfektionen bekannt (Zwergfledermaus – *Pipistrellus pipistrellus*; Großer Abendsegler – *Nyctalus noctula*; Wasserfledermaus – *Myotis daubentonii*; Teichfledermaus – *Myotis dasycneme*; Rauhhautfledermaus – *Pipistrellus nathusii*; Braunes Langohr – *Plecotus auritus*; Mopsfledermaus – *Barbastella barbastellus*), von denen allein die Breitflügelfledermaus (*Eptesicus serotinus*) 95 % aller Tollwutfälle auf sich vereint. Über die hohe Beteiligung dieser Art am Tollwutgeschehen ist viel spekuliert worden, offensichtlich scheint jedoch ihre Anpassung

an humane Lebensräume eine wesentliche Rolle zu spielen, die den Kontakt mit Menschen im Gegensatz zu anderen Arten erhöht.

### Viruscharakterisierung

Daß Fledermäuse primäre Tollwutreservoirare sind, wird eindrucksvoll durch die Tatsache unterstützt, daß die Säugetierordnung der *Chiroptera* (Fledermausartige) nach derzeitigem Kenntnisstand immerhin Wirt für 6 von 7 beschriebenen Lyssavirus-Genotypen ist.

Von dem zur Familie der Rhabdoviren gehörenden Tollwutvirus waren nur 4 Genotypen bekannt. Genotyp I umfaßt alle bekannten Labor- und Straßenvirusstämme der ganzen Welt, und zu den Genotypen II bis IV gehören Virusstämme, die in Afrika aus verschiedenen Tieren und Menschen isoliert wurden. Diese werden als Lagos Bat-, Mokola- und Duvenhage-Virus bezeichnet und gehören zu den sogenannten tollwutähnlichen Viren (Tab. 1). Die in Europa von Fledermäusen isolierten Lyssaviren wurden zunächst entsprechend ihren Antigeneigenschaften dem Typ Duvenhage-Virus zugeordnet. Weitergehende Untersuchungen mit Hilfe von monoklonalen Antikörpern zeigten jedoch, daß die europäischen Fledermaustollwutviren zwar verwandt mit dem Duvenhage-Virus, aber dennoch verschieden von ihm sind. Es gelang daraufhin, zwei unterschiedliche antigenetische Profile zu identifizieren (KING et al. 1990, MONTANO HIROSE et al. 1990). Erst in jüngster Zeit konnten durch die molekularbiologische Charakterisierung von konservierten Bereichen des Tollwutvirusgenoms neue Erkenntnisse zur Evolution und Taxonomie von europäischen Fledermausviren erzielt werden, die die Antigeneigenschaften untermauerten. Molekularbiologische Analysen von Teilen des Gens, das für das Nukleoprotein des Tollwutvirus kodiert ist, konnten belegen, daß es sich in Europa um taxonomisch neue Typen des Lyssavirus handelt, die als Genotypen V (European Bat Lyssavirus, EBLV-1) und VI (EBLV-2) klassifiziert wurden (Tab. 1). Damit war deutlich geworden, daß die von Fledermäusen isolierten Viren in Europa nicht mit denen bei Füchsen oder ande-

Tabelle 1. Sero- bzw. Genotypen der Lyssaviren

Virus	Serotyp	Genotyp	Wirtsspektrum	Verbreitung
Lyssavirus	1	1	Wild- & Haustiere, hämatophage und insektenfressende Fledermäuse (Nord-, Südamerika), Mensch	Europa, Amerika, Asien, Afrika
Lagos Bat-Virus	2	2	fruchtfleischfressende Fledermäuse	Afrika
Mokola-Virus	3	3	Spitzmäuse, Katzen, Hunde, Mensch	Afrika
Duvenhage	4	4	fruchtfleischfressende Fledermäuse	Afrika
EBLV-1		5	insektenfressende Fledermäuse	Europa
EBLV-2		6	insektenfressende Fledermäuse	Europa
ABLV		7	insektenfressende Flughunde, Mensch	Australien
Aravan		?	insektenfressende Fledermäuse	Asien
Irkhut		?	insektenfressende Fledermäuse	Asien
Khujand		?	insektenfressende Fledermäuse	Asien
Westkaukasisches Fledermausvirus		?	insektenfressende Fledermäuse	Asien

Legende: EBLV = European Bat Lyssavirus, ABLV = Australian Bat Lyssavirus

ren sekundär infizierten Säugetieren übereinstimmen. Epidemiologisch gewertet heißt das, daß das Tollwutgeschehen bei europäischen Fledermäusen eine eigenständige und keine zufällig von der Fuchspopulation übergesprungene Infektion ist. Innerhalb dieser beiden Genotypen können weitere Subgruppierungen vorgenommen werden (EBLV-1a, EBLV-1b, EBLV-2a, EBLV-2b). EBLV-2 Virusvarianten sind bisher nur aus den Niederlanden, der Schweiz und aus dem Vereinigten Königreich bekannt, während in Deutschland und anderen europäischen Ländern nur EBLV-1 nachgewiesen wurden. Man geht derzeit davon aus, daß EBLV-1 und EBLV-2 vornehmlich mit *Eptesicus*- bzw. *Myotis*-Arten assoziiert sind (AMENGUAL et al. 1997).

Interessanterweise können die von Fledermäusen isolierten Lyssaviren in Nordamerika völlig anders charakterisiert werden. Sie entsprechen sowohl von den Antigeneigenschaften her als auch genetisch dem Genotyp I des Lyssavirus, also Tollwutviren wie sie bei einer Reihe von uns bekannten Tollwutreservoirvorkommen. Somit, wurde resümiert, ist die Fledermaustollwut in Europa im Gegensatz zu Amerika ein neues Problem, eine Hypothese, die allerdings schwer zu beweisen ist. Die in Australien isolierten Tollwutviren von Flughunden sind inzwischen ebenfalls charakterisiert worden. Sie bilden einen weiteren neuen Genotyp (VII) und werden auch als Australian

Bat Lyssavirus (ABL) bezeichnet (BADRANE et al. 2001). Inzwischen wurden vier weitere Lyssaviren bei Fledermäusen aus Asien isoliert, die wahrscheinlich als neue Genotypen eingestuft werden (Tab. 1).

### Übertragung von Fledermaustollwut auf andere Tierarten und den Menschen

Die Frage, ob Fledermaustollwut auch auf andere Tierarten oder den Menschen übertragen werden kann, ist nicht nur aus epidemiologischer, sondern vor allem auch aus gesundheitspolitischer Sicht von entscheidender Bedeutung. Eine Übertragung oder Spill-over von Fledermaustollwutviren auf andere Tierarten und Menschen war bislang nur aus Nordamerika bekannt, wo dies relativ häufig beobachtet wird. Allerdings handelt es sich hier im Gegensatz zu den aus Europa bekannten Fledermaustollwutviren um Tollwutviren, die dem Genotyp 1 der Lyssaviren angehören und demnach dem klassischen Tollwutvirus ähneln. Bisher wurden Spill-over-Infektionen als blindende Infektionsketten angesehen. Neueste Untersuchungen ergaben aber Hinweise darauf, daß sich eine Spill-over-Infektion von Fledermaustollwutvirus erfolgreich unter Skunks in einem Gebiet in Arizona, USA, verbreitet (SMITH et al. 2001). In den USA sind in den letzten 50 Jahren nachweislich 38 Tollwutfälle

beim Menschen direkt (Viruscharakterisierung) oder indirekt (Fallgeschichte) mit Fledermaustollwut in Verbindung gebracht worden (RUPPRECHT 2001).

EBLV-Infektionen bei Menschen in Europa sind entgegen den Berichten aus Nordamerika vergleichsweise gering. Dennoch beunruhigen einzelne Fallschilderungen wie zwei EBLV-1 Todesfälle (1977, 1985) aus der Ukraine und Rußland sowie der nachweisliche Tod zweier Wildbiologen (1985, 2002) infolge EBLV-2 (SELIMOV et al. 1989, 1990, LUMIO et al. 1986, FOOKS et al. 2003). In 1998 und 2002 gelang erstmals der Nachweis von Tollwutfällen bei Schafen im als tollwutfrei geltenden Dänemark, die nachweislich durch Infektion mit EBLV-1 hervorgerufen wurden. Da bislang keine EBLVs bei anderen Tierarten außer Fledermäusen gefunden wurden, ging man davon aus, daß die Übertragung direkt von einer Fledermaus auf die Nutztiere erfolgte (STOU-GAARD & AMMENDRUP 1998, RONSHOLT 2002). Dies war der Erstnachweis einer Spill-over-Infektion von EBLVs auf eine andere Tierart in Europa überhaupt. Mittels Sequenzierung des Nukleo- bzw. Phosphoproteins des Tollwutvirus konnte im November 2001 zum ersten Mal auch ein Spill-over einer EBLV-1 Infektion von Fledermäusen auf eine wildlebende terrestrische Tierart (Steinmarder) in Deutschland nachgewiesen werden. Mit den Berichten von EBLV-1 Infektionen bei terrestrischen Tierarten werden neue epidemiologische Fragen aufgeworfen, die einer wissenschaftlichen Klärung bedürfen (MÜLLER et al. 2001).

### **Tierseuchenrechtliche Regelung der Fledermaustollwut**

Damit sind wir zwangsläufig bei einer wichtigen Frage angekommen. Noch bis vor kurzem war die Fledermaustollwut allen anderen Tollwutformen gleichgestellt. Die zuständige Behörde hatte keinen Ermessensspielraum bei der Feststellung der Tollwut, unabhängig davon, bei welcher Tierart Tollwut aufgetreten war. Die Maßregelungen im Tollwut-gefährdeten Bezirk betrafen vorwiegend andere Tierarten;

Hunde- und Katzensperre, ggf. Ausstellungsverbote etc. Der Radius des gefährdeten Gebietes wurde unter Berücksichtigung des Aktionsradius von Füchsen festgelegt. Welchen Aktionsradius haben Fledermäuse? Schon diese eine Frage verdeutlichte die absurde Lage.

Die Auffassungen über diese Regelung in der damaligen Tollwutverordnung gingen jedoch extrem auseinander:

1. Die Fledermaustollwut ist ein eigenständiges Geschehen, in das andere Tierarten nicht (oder nur ganz selten) einbezogen sind, und deshalb soll sie auch nicht tierseuchenrechtlich geahndet werden.
2. Eindeutige Regelungen sollen ein für allemal das Gerede über den notwendigen Ermessungsspielraum beenden. In die Ausführungsverordnung ist einzufügen: „Die Bestimmungen für die Errichtung eines gefährdeten Bezirkes gelten auch für den Fall des Auftretens der Fledermaustollwut“.

Dennoch, folgten wir dem ersten Standpunkt, und stirbt ein Mensch an einer durch eine Fledermaus übertragenen Tollwut, dann rauscht es aus dem Blätterwald: „Warnende Hinweise von Spezialisten jahrzehntelang ignoriert“. Folgt dem zweiten Standpunkt, bestand die Gefahr, rechtliche Normen aufzustellen, die wissenschaftlich kaum zu begründen sind.

Das internationale Tierseuchenamt in Paris, das in der Tierseuchenbekämpfung eine weltweit koordinierende Funktion ausübt, hat im „International Animal Health Code“ ein einheitlich anzuwendendes Regelwerk geschaffen, das auch die Verseuchung oder Seuchenfreiheit eines Landes definiert. In den Updates (1993 & 1994) heißt es dazu unter Artikel 3.1.5.2. „Rabies free country... this status would not be affected by the isolation of an European Bat Lyssavirus (EBLV-1 or EBLV-2)“.

Mit der Neufassung der Verordnung zum Schutz gegen die Tollwut vom 23. April 2001 wurde endlich den wissenschaftlichen Erkenntnissen Rechnung getragen, daß die Fleder-

maustollwut in Europa einen eigenen unabhängigen Infektionszyklus darstellt und somit von der Bekämpfung der Fuchstollwut zu trennen ist. In bezug auf die Gesundheitsgefährdung des Menschen ist eine Aufklärung unverzichtbar.

### Was wissen wir wirklich?

In Europa gibt es ca. 30 verschiedene Arten von Fledermäusen, die zu den Familien *Vespertilionidae* (25), *Rhinolophidae* (4) und *Molossidae* (1) gehören. Sie sind ausnahmslos insektenfressend, für den Menschen völlig harmlos und spielen eine wichtige Rolle im Ökosystem unserer Kulturlandschaft. Entgegen dem noch immer existierendem Aberglauben haben sie demzufolge nichts mit blutrünstigen Monstern zu tun, die in allseits bekannten Horrorfilmen verunglimpft werden. Im Gegensatz zu Nordamerika sind europäische Fledermäuse in ihrem Bestand stark gefährdet oder stehen auf der Liste der vom Aussterben bedrohten Tierarten. Sie sind daher gesetzlich streng geschützt (FFH-Richtlinie 92/43/EWG, Bundesartenschutzverordnung § 1). Und genau dies macht die Tollwutsurveillance so schwierig, denn jede Manipulation ist strengstens verboten. Damit ist die Tollwutsurveillance auch ein Konflikt zwischen gesundheitspolitischen Interessen und Interessen von Wildbiologen, Tierschützern und Fledermaussachverständigen in bezug auf den Artenschutz, die von Land zu Land unterschiedlich sind. Dadurch ist eine routinemäßige Tollwutsurveillance bei Fledermäusen a priori sehr limitiert, aber es drängen sich unweigerlich Fragen auf, die einer Beantwortung bedürfen.

Welche Aussagekraft hat die uns vorliegende Befundstatistik? Die Untersuchungszahlen sind europaweit derart gering, daß an der Repräsentanz der Ergebnisse gezweifelt werden muß. Selbst in Deutschland schwanken die Untersuchungszahlen regional extrem. Wir müssen also etwas tun, um aussagefähiger in Sachen Fledermaustollwut zu werden. Vor allem kommt es darauf an, durch eine enge Zusammenarbeit mit den Sachverständigen die

Befundhäufigkeiten in Zusammenhang mit populationsdynamischen Aussagen zu bringen. Die meisten Tollwutbefunde wurden bei der Spezies *Eptesicus serotinus*, der Breitflügel-fledermaus, erhoben. Ist diese Spezies anfälliger oder ganz einfach nur zahlenmäßig anderen Spezies überlegen oder spielt ihre Anpassung an humane Lebensräume eine Rolle? Vor ca. 10 Jahren wurde auf Initiative des nationalen Referenzzentrums für Tollwut am Friedrich-Loeffler-Institut eine bundesweite Studie begonnen, die auf die retrospektive und laufende Untersuchung von noch verfügbaren Fledermäusen in Museen, wissenschaftlichen Instituten, Koordinierungsstellen für Fledermausschutz und anderen Einrichtungen zielt. Bislang sind innerhalb dieses Zeitraumes ca. 1600 Fledermäuse aus 12 Bundesländern auf Tollwut untersucht worden. Das ist fast das Doppelte der Stichprobe, die in den letzten 50 Jahren in Deutschland untersucht wurde. Weitere Untersuchungen sind bereits abzusehen.

Gibt es erkennbare Erklärungen für die regionale Häufung der Tollwutfälle und deren zeitliche Dynamik? Die größte Fallhäufung trat 1986 in Dänemark auf, und zwei Jahre später gelangte Tollwut dort nicht mehr zur amtlichen Kenntnis. Sind es Zufälligkeiten oder Gesetzmäßigkeiten und, falls letzteres zutrifft, welche Gesetzmäßigkeiten bedingen dann diese Dynamik? Die Befundstatistik in Deutschland zeigt dagegen ein anderes Bild.

Welches Risiko tragen Personen, die engen Kontakt zu Fledermäusen haben? Die WHO empfiehlt, alle Personen, die mit Fledermäusen verstärkten Kontakt haben, prophylaktisch zu impfen und Personen, die von Fledermäusen gebissen wurden, einer post-expositionellen Impfung zu unterziehen. Generell sind die derzeit verfügbaren Tollwutimpfstoffe auch gegen EBLVs wirksam.

Darüber hinaus gibt es zahlreiche Fragen in bezug auf die Pathogenese einer EBLV-Infektion, z. B. nach der Inkubationszeit und dem klinischen Krankheitsverlauf der Tollwut bei Fledermäusen, der Letalität, nach den Übertragungswegen insbesondere auch zwischen verschiedenen Fledermausspezies, nach der Virus-

charakteristik und den antigenen Eigenschaften und so weiter. Zwar sind in diesem Zusammenhang experimentelle Studien an Fledermäusen in den USA unternommen worden, doch die Ergebnisse lassen aufgrund der verschiedenen Genotypen sich nicht ohne weiteres auf europäische Verhältnisse übertragen.

Oft wird bedauert, daß das Vorkommen von Tollwut bei Fledermäusen nicht selten von einem unverantwortlichen Sensationsjournalismus mißbraucht und damit Angst erzeugt wird, die in ihrem Ausmaß unbegründet und den Belangen des Schutzes bedrohter Tierarten abträglich ist (BRASS 1994). Leider ist dies nicht nur ein amerikanisches Problem, aber um objektiv aufklären zu können, müssen noch zahlreiche Erkenntnislücken zur Epidemiologie der Tollwut bei Fledermäusen geschlossen werden. Dabei kommt es darauf an, Augenmaß zu bewahren und die Belange des Schutzes bedrohter Tierarten in die Überlegungen einzubeziehen. Dem hat das Friedrich-Loeffler-Institut mit intensiven Kontakten zu Fledermaussachverständigen der Länder und der gemeinsamen Erstellung eines Informationsfaltblattes zu „Fledermaustollwut und Artenschutz“ bereits Rechnung getragen.

### Zusammenfassung

Die Fledermaustollwut in Europa wird durch zwei verschiedene Lyssavirusgenotypen, den Europäischen Fledermaustollwutviren 1 und 2 (EBLV-1 & -2) verursacht, die mit dem klassischen Tollwutvirus nahe verwandt sind. Es gibt Hinweise, daß EBLV-1 und EBLV-2 vornehmlich mit *Eptesicus*- bzw. *Myotis*-Arten assoziiert sind. Damit ist die Tollwut der Fledermäuse ein von der Fuchstollwut unabhängiges Infektionsgeschehen. Die Kenntnis über das Vorkommen von Fledermaustollwut und deren Epidemiologie ist durch den Schutzstatus europäischer Fledermäuse, unterschiedliches Risikobewußtsein sowie unzureichende Surveillance stark eingeschränkt. In den letzten 50 Jahren wurden die meisten Fälle von Fledermaustollwut bislang in den Niederlanden, Dänemark und Deutschland festgestellt. Man muß jedoch davon ausgehen, daß Fledermaustollwut in ganz Europa vorkommt. Die Fledermaustollwut ist eine tödliche Zoonose, und Übertragungen auf Haus- und Wildtiere sowie den Menschen sind nachgewiesen, wengleich seltene Ereignisse. Seit 1977 sind insgesamt 4 Fälle von Fledermaustollwut beim Menschen nachgewiesen. Daher sollte jede Exposition mit einer Fledermaus unverzüglich zu einer post-expositionellen Prophylaxe füh-

ren. Ehrenamtliche Fledermausberinger und -schützer sollten sich vorbeugend impfen lassen. Um mehr Informationen über die Epidemiologie und Pathogenese der Fledermaustollwut zu erlangen, ist eine Intensivierung der Kooperation zwischen Fledermausschutz, Veterinärmedizin und Gesundheitsbehörden dringend notwendig.

### Summary

#### About questions on bat rabies

In Europe, bat rabies is caused by two lyssavirus genotypes referred to as European bat lyssaviruses (EBLVs) types 1 and 2 (genotypes 5 and 6 respectively) which are closely related to classical rabies virus. There is evidence that EBLV-1 and -2 are host restricted to *Eptesicus*- and *Myotis* species, respectively. Hence, bat rabies forms is characterised by an own infectious cycle among bats independent of fox rabies. Due to the protected status of bats in Europe, different risk awareness and insufficient rabies surveillance our knowledge of EBLV prevalence and epidemiology is strongly limited. Nevertheless, during the past 50 years most of the bat rabies cases in Europe were reported from the Netherlands, Denmark and Germany. It is assumed, however, that bat rabies occurs throughout Europe. Bat rabies is a fatal zoonosis and spillover infections to terrestrial mammals including domestic livestock, wildlife and man have been reported in rare circumstances. Since 1977, four human deaths from EBLVs have been reported. For this reason, any exposure of man with bats should immediately result in a post-exposure prophylaxis. Voluntary bat workers should get preventive rabies vaccination. To gain more information on the epidemiology and pathogenesis of bat rabies, intensive co-operation between bat workers, veterinary and public health authorities is necessary.

### Schrifttum

- ACHA, P. N. (1967): Epidemiology of paralytic bovine rabies and bat rabies. Bulletin Office International des Epizooties 67, 343.
- AMENGUAL, B., WITHBY, J. E., KING, A., SERRA COBO, J., & BOURHY, H. (1997): Evolution of European bat lyssaviruses. Journal of General Virology 78, 2319-2328.
- BADRANE, H., BAHLOUL, C., PERRIN, P., & TORDO, N. (2001): Evidence of two Lyssavirus phylogroups with distinct pathogenicity and immunogenicity. Journal of Virology 75(7), 3268-3276.
- BRASS, D. A., (1994): Rabies in bats – Natural History and Public Health Implications. Livia Press, Ridgefield, Connecticut.
- FOOKS, A. R., MCELHINNEY, L. M., POUNDER, D. J., FINNEGAN, C. J., MANSFIELD, K., JOHNSON, N., BROOKES, S. M., PARSONS, G., WHITE, K., MCINTYRE, P. G., & NATHWANI, D. (2003): Case report: Isolation of an European bat lyssavirus type-2a from a Fatal Human case of Rabies Encephalitis. Journal of Medical Virology 71(2), 281-289.

- FRASER, C. F., HOOPER, P. T., LUNT, R. A., GOULD, A. R., GLEESON, L. J., HYATT, A. D., RUSSEL, G. M., & KATTENBELT, J. A. (1996): Encephalitis caused by a lyssavirus in fruit bats in Australia. *Emerging Infectious Diseases* **2**, 327-331.
- KING, A., DAVIS, P., & LAWRIE, A. (1990): The viruses of bats. *Veterinary Microbiology* **23**, 165-174.
- LUMIO, J., HILLBORN, M., ROINE, R., KETONEN, L., HALTIA, M., VALLE, M., NEUVONEN, E., & LÄHDEVIRTA, J. (1986): Human rabies of bat origin in Europe. *Lancet* **1**, 378.
- MONTANO HIROSE, J. A., BOURHY, H., & LAFON, M. (1990): A reduced panel of anti-nucleocapsid monoclonal antibodies for bat rabies virus identification in Europe. *Research in Virology* **141**, 571-581.
- Müller, T., COX, J., PETER, W., SCHÄFER, R., BODAMER, P., WULLE, U., BUROW, J., & MÜLLER, W. (2001): Infection of a stone marten with European bat lyssavirus (EBL 1). *Rabies Bulletin Europe* **3**, 9-11.
- MÜLLER, W. W. (1994): Review of reported rabies case data in Europe to the WHO Collaborative Centre Tübingen from 1977 to 1994. *Rabies Bulletin Europe* **4**, 17-21.
- RONSOULT, L. (2002): A new case of European Bat Lyssavirus (EBL) infection on Danish sheep. *Rabies Bulletin Europe* **26**(2), 15.
- RUPPRECHT, C. E. (2001): The role of bats in human rabies cases in the United States. In: **12<sup>th</sup> International Meeting on Advances in Rabies Research and Control in the Americas**. Peterborough, Canada, Nov. 12-16, 2001, 39.
- SELIMOV, M. A., TATAROV, A. G., BOTVINKIN, A. D., KLUEVA, E. V., KULIKOVA, L. G., & KHISMATULLINA, N. A. (1989): Rabies related Yuli virus: identification with a panel of monoclonal antibodies. *Rabies Bulletin Europe* **6**, 690-692.
- SELIMOV, S. A., BOTVINKIN, A. D., KHOZINSKI, V. V., KLYIEVA, E. V., KING, A., PETRENK, L. G., DOLZHANOV, P. B., CHERRYAVSKI, V. F., KOLOTVINA, P. V., MACHIDZE, C. Z., KORNEEVA, S. A., BARINAOVA, L. I., & KORZHENKOVA, A. A. (1990): Lyssavirus characterization with monoclonal antibodies and strains of certain regions of the USSR. *Rabies Bulletin Europe* **14**, 8-9.
- SMITH, J. S., MESSENGER, S., DAVIDS, A., YAGER, P., & RUPPRECHT, C. (2001): Bat rabies: spillover infection and reservoir establishment. In: **12<sup>th</sup> International Meeting on Advances in Rabies Research and Control in the Americas**. Peterborough, Canada, Nov. 12-16, 2001, 46.
- STOUGAARD, E., & AMMENDRUP, E. (1998): Rabies in individual countries: Denmark. *Rabies Bulletin Europe* **22**(4), 6.



# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Nyctalus – Internationale Fledermaus-Fachzeitschrift](#)

Jahr/Year: 2006

Band/Volume: [NF\\_11](#)

Autor(en)/Author(s): Müller Thomas, Freuling Conrad

Artikel/Article: [Zu Fragen der Fledermaustollwut 190-197](#)