Beiträge zur
JAGD
&WILD
forschung · 40

Jorge A. Encarnação, Nina I. Becker, Sibylle Herzog, Christiane Herden, Gießen;
Markus Eickmann, Marburg

Habitatmodelle in der Virusökologie am Beispiel von *Crocidura leucodon* als Reservoirwirt für das Bornavirus

Schlagworte/key words: Mononegavirales, Zoonosen, Spitzmäuse, Risikopotentialabschätzung, Infektionsrisiko *Mononegavirales*, zoonoses, shrews, risk assessment, infection risk

1. Einleitung

Die Virusökologie ist ein Forschungsfeld, welches in den letzten Jahren zunehmend an Bedeutung gewonnen hat. Diese Wissenschaft befasst sich im Gegensatz zur Virologie nicht nur mit den Charakteristika, dem Vorkommen, dem Ausbreitungspotential und der Evolution eines Erregers, sondern fragt auch nach seinem Habitat, seiner Ökologie und entsprechenden Korrelationen. In diesem Zusammenhang spielen die Reservoir- und Endwirte bzw. ihre Lebensweise eine entscheidende Rolle. Nur auf Grundlage detaillierter Informationen über die Biologie und Ökologie der Wirte können belastbare Aussage über das Ausbreitungspotential und Infektionswege getroffen, sowie ein potentielles Infektionsrisiko abgeschätzt werden.

Zahlreiche humanpathogene Erreger sind bereits beschrieben und es werden immer neue identifiziert. Insbesondere Virusinfektionen haben das Potential sich schnell, effektiv und unkontrollierbar auszubreiten. Für die Menschen stellen virale Zoonosen eine Gefahr dar, was in jüngster Vergangenheit in Afrika am Beispiel des Ebolavirus, welches der Virusordnung *Mononegavirales* angehört, noch unterstrichen wird. Die Endwirte für das humanpathogene Ebolavirus sind Primaten, zu denen auch der Mensch zählt. Das Virus löst im Endwirt ein hämorrhagisches Fieber aus, welches in 50 – 90 % der Fälle zum Tode führt. Reservoirwirte stellen u. a. Fledermäuse dar (viralzone.expasy.org). Dieses Beispiel zeigt sehr deutlich, dass Detailinformationen zur Biologie und Ökologie von Virus, Reservoir- und Endwirt notwendig sind, um die Virusökologie dieses Systems zu verstehen bzw. entsprechende Gegenmaßnahmen frühzeitig treffen zu können.

Zu der Ordnung der *Mononegavirales* gehören nach klassischer Systematik vier Familien, von denen drei zahlreiche virale zoonotische Viren beinhalten. Dazu zählen z. B. das Lyssavirus (*Rhabdoviridae*), das Ebolavirus (*Filoviridae*) und das Henipavirus (*Paramyxoviridae*). Die Reservoirwirte dieser Viren sind alle unter den Wirbeltieren, meist Wildtieren (z. B. Rodentia, Carnivora, Insectivora, Chiroptera) zu finden. Die vierte Virusfamilie der *Mononegavirales* stellen die Bornaviridae dar, denen das Bornavirus (Borna disease virus, BDV) zugeordnet wird.

In jüngster Zeit konnten in immer mehr Spezies weitere Bornaviren bzw. virale Sequenzen entdeckt werden, so dass die Familie deutlich größer ist als bisher angenommen, so z. B. in

Papageienvögeln, Finken, Gänsen und Enten, aber auch Reptilien. Daher ist jüngst eine Einteilung in fünf Virus-Spezies vorgeschlagen worden. Für das klassische BDV, das v. a. in Pferden und Schafen eine fatale neurologische Erkrankung auslöst (Borna disease, Bornasche Krankheit; Herden et al. 2013) ist kein zoonotischer Zusammenhang nachgewiesen worden.
Als Reservoirwirte sind in jüngster Vergangenheit Spitzmäuse (*Crocidura leucodon*) (z. B. Bourg et al. 2013) beschrieben worden. Kürzlich ist ein neues Bornavirus in Bunthörnchen entdeckt worden, bei dem ein Zusammenhang mit letalen Enzephalitiden beim Mensch nachgewiesen werden konnte.
BDV löst vor allem bei Pferden und Schafen die unheilbare Bornasche Krankheit, oder „hitzige Kopfkrankeit" aus, die erstmals 1885 bei Kavalleriepferden in der sächsischen Stadt Borna beschrieben wurde. Obwohl bereits der Gießener Virologe Wilhelm Zwick 1924 ein Virus als Ursache für die Bornasche Krankheit vermutete, wurde dieser erst in den 1970er Jahren identifiziert.
Erkrankte Tiere müssen aufgrund der schweren neurologischen Symptomatik euthanasiert werden. Die Bornasche Krankheit führt zu Störungen im Verhalten, Sensorium, der Bewegungsabläufe und der Nahrungsaufnahme der erkrankten Pferde. Die Übertragung findet vermutlich zumeist über die Schleimhaut der Luftwege statt, wobei der Infektionsweg von den Reservoirwirten wie der Feldspitzmaus (*C. leucodon*) zum Endwirt noch nicht vollständig geklärt ist (Nobach et al. 2015).
Im Rahmen der vorliegenden Studie sollte überprüft werden, inwieweit Habitatmodelle für virusökologische Analysen geeignet sind. Im Mittelpunkt der Untersuchung stand die Frage, inwieweit durch die Analyse des Habitatanspruchs von *C. leucodon* mit anschließender Modellierung ihrer Vorkommenswahrscheinlichkeit ein Zusammenhang mit nachgewiesenen Endemiegebieten des BDV hergestellt werden kann. Außerdem sollte überprüft werden, ob es anhand von Modellen möglich ist, ein Risikopotential für eine mögliche Ansteckung abzuschätzen.

2. Methodik

Studienobjekte

Das Hauspferd (*Equus ferus caballus*) ist ein weit verbreitetes Haus- bzw. Nutztier, das in zahlreichen Rassen auf der ganzen Welt existiert. In Deutschland werden ca. eine Million Pferde zumeist auf Weiden und angrenzenden Stallungen gehalten. Als Pflanzenfresser stellt Gras das Grundnahrungsmittel für Pferde dar. Im Sommer findet die Ernährung bei den meisten Pferden hauptsächlich durch das Weiden statt, im Winter werden insbesondere eingelagertes Heu und Stroh aufgenommen. Pferdeweiden und Stallungen befinden sich zumeist auf oder in der Nähe von landwirtschaftlichen Flächen in deren unmittelbarer Umgebung regelmäßig Wiesen, Ackerland, Trocken- und Halbtrockenrasen vorkommen. Diese stellen typische Lebensräume der Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon)* dar, die im Allgemeinen an Plätzen mit niedriger Vegetation und hoher Sonneneinstrahlung zu finden ist (Encarnação et al. 2013). In Bayern konnte Kraft (2008) zudem bei dieser Art eine ausgesprochene Tendenz zur Siedlungsfolge feststellen, da sie häufig in Heimgärten, Parkanlagen, auf Grünflächen und Sportplätzen, sogar in Großstädten, und nicht selten auch in Wohnhäusern nachgewiesen wurde (Kraft 2008). Auch wenn der Infektionsweg des BDV vom Reservoirwirt zum Endwirt noch nicht vollständig geklärt ist, wird eine Ansteckung durch mit Kot und Urin erkrankter Spitzmäuse kontaminiertes Futter vermutet, welches häufig in unmittelbarer Nähe der Stallungen gelagert wird (Nobach et al. 2015).

Untersuchungsgebiet und Datengrundlagen

Die vorliegende Untersuchung wurde im Bundesland Bayern durchgeführt. Zwischen 1990 und 2007 wurden von Richard Kraft und Kollegen für die Feldspitzmaus insgesamt 285 Nachweise durch Fallenfänge, Todfunde und Gewölleanalysen erbracht (Kraft 2008). Da die BD bis Februar 2011 als meldepflichtig eingestuft wurde, liegen für den Zeitraum von 1990 bis 2011 insgesamt 485 von den nationalen Landesuntersuchungsämtern in Bayern und dem Institut für Virologie der Justus-Liebig-

Universität Gießen dokumentierte Krankheitsfälle bei Pferden vor, die von Reichelt (2010) zusammengetragen und um das Jahr 2011 durch weitere Nachweise ergänzt wurden. Für die Landschaftsanalysen wurden flächendeckende Raumdaten zur Geographie (z. B. Höhenlage; Bundesamt für Kartographie und Geodäsie), zum Klima (z. B. Temperatur, Niederschlag; Hijmans et al. 2005) und zur Landnutzung (z. B. Wald-, Siedlungs- und Agrarlandflächen; Europäische Umweltagentur) zugrunde gelegt (Encarnação et al. 2013).

Landschaftsanalyse und Modellierung

Die Vorkommenswahrscheinlichkeit für die Feldspitzmaus und das BDV wurde für das gesamte Bundesland Bayern mittels Boosted Regression Trees (BRT) in der Statistik-Software R modelliert (Elith et al. 2008). Die Hauptparameter der Modelle wurden nach 10-facher Kreuzvalidierung und der Devianzreduktion gesetzt: Lernrate: 0,001; Komplexität: 5; Stochastik: 0,5. Die aussagekräftigsten Variablen wurden mittels der Funktion gbm.simplify (Elith et al. 2008) identifiziert. Für die Modelle wurden die Variablen Höhenlage (Bundesamtes für Kartographie und Geodäsie), mittlere Jahrestemperatur (BIOCLIM), mittlerer Jahresniederschlag (BIOCLIM) und die Landschaftszusammensetzung (CORINE, Europäische Umweltagentur) genutzt. Zur Anwendung kam ein Modellierungsverfahren, welches neben den Nachweisen auch zufällig generierte Pseudo-Absenz-Punkte in gleicher Anzahl zugrundelegt (ArcMap Version 9.3.1, ESRI Inc., Redlands: Hawth's Analysis Tools (Beyer 2004)). Somit wurden 285 Pseudo-Absenz-Punkte für die Analyse der Feldspitzmaushabitate und 485 Pseudo-Absenz-Punkte für die Analyse der BDV-Endemiegebiete verwendet. Um eine räumliche Aggregation im Datensatz zu vermeiden wurden die Pseudo-Absenz-Punkte in einem Minimalabstand von 1000 m zu anderen Punkten generiert. Obwohl diese Punkte das Modell stark beeinflussen können, sind diese Modelle dennoch robuster und zuverlässiger als diejenigen, die nur mit Anwesenheitspunkten arbeiten (Chefaoui & Lobo 2008). Die Unschärfe der räumlichen Informationen wurde durch die Analyse einer Fläche im Radius von 100m um die Punkte minimiert. Die Güte der Modelle wurde anhand des AUC bestimmt, wobei ein AUC > 0,9 = 'sehr gutes', AUC > 0,8 = 'gutes' and AUC > 0,7 = 'akzeptables' Modell beschreibt (Hosmer & Lemeshow 2000). Um die Zusammenhänge zwischen *C. leucodon* und dem BDV zu validieren, wurde das Verbreitungsmodell der Feldspitzmaus genutzt, um das BDV-Vorkommen vorherzusagen. Wenn das Spitzmausmodell in der Lage ist, dieses Vorkommen korrekt zu prognostizieren, erwarten wir einen hohen AUC. Für die statistische Analyse wurde das Programm Statistica 9 (StatSoft, Tulsa, Oklahoma) genutzt. Da die Daten nicht normalverteilt waren, wurde der Mann-Whitney-U-Test angewendet.

3. Ergebnisse

Vorkommen und Habitatanspruch der Feldspitzmaus in Bayern

Die Nachweise der Feldspitzmaus verteilen sich über das Bundesland Bayern, wobei eine Konzentration im Nordwesten und dem zentralen Süden zu erkennen ist (Abb. 1). Basierend auf dem relativen Einfluss auf das Modell konnten die mittlere Jahrestemperatur (28,2 %) und die Waldfläche (22,4 %) als wichtigste Habitatfaktoren für *C. leucodon* identifiziert werden, wobei Optimalhabitate einen Jahresniederschlag von weniger als 900 mm/m², eine mittlere Jahrestemperatur von ca. 8 °C, eine Höhenlage von unter 350 m ü. NN, wenig umgebende Waldfläche, dafür umfangreiche Agrar- und Siedlungsflächen aufweisen sollten (Abb. 2). Das resultierende Habitatmodell für Bayern wies eine sehr gute Aussagekraft auf (AUC 0,9, Abb. 3).

Vorkommen und Risikopotential für das BDV in Bayern

Die Bornasche Krankheit bei Pferden konzentriert sich insbesondere auf die Endemiegebiete im zentralen Südwesten (Abb. 1). Auch das Verbreitungsmodell für das BDV weist eine sehr gute Aussagekraft auf (AUC 0,9), für das die mittlere Jahrestemperatur (44,7 %) und die mittlere Jahresniederschlag (24,4 %) als wich-

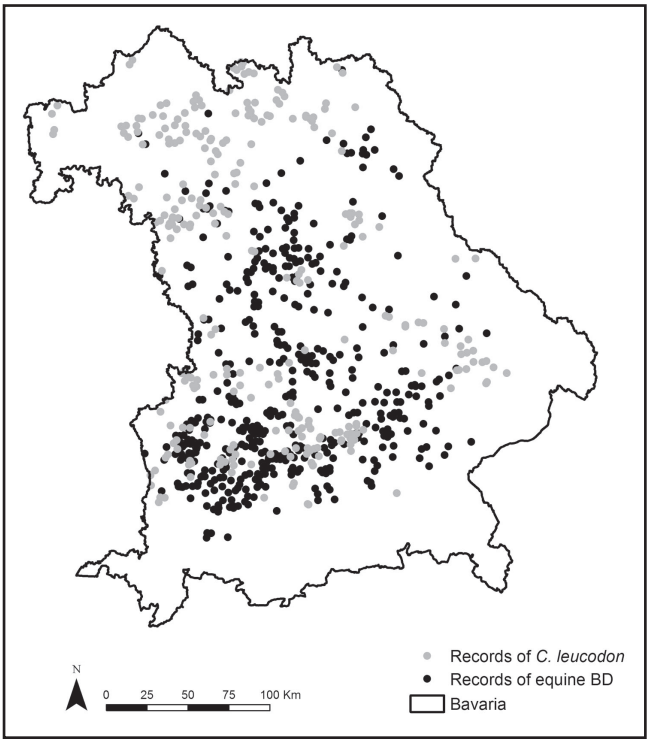

Abb. 1 Das Bundesland Bayern mit den zugrundeliegenden Nachweisen zur Feldspitzmaus (Kraft 2008, n=285) und zur Bornaschen-Krankheit (Reichelt 2010 u. w., n=485)

tigste Einflussfaktoren identifiziert werden konnten (Abb. 4). Die Endemiegebiete für das BDV zeichnen sich durch einen jährlichen Niederschlag zwischen 750 und 900 mm/m², eine mittlere Jahrestemperatur von ca. 8 °C, einer Höhenlage von mehr als 500 m ü. NN und einem hohen Anteil von Siedlungsflächen aus.

Kreuzvalidierung der Modelle

Die Kreuzvalidierung der Endemiegebiete des BDV mit der Vorkommenswahrscheinlichkeit der Feldspitzmaus zeigt, dass das Feldspitzmaus-Modell mit einer 70 %-igen Wahrscheinlichkeit die Endemiegebiete vorhersagt (AUC 0,7). Gleichzeitig ist die Vorkommenswahrscheinlichkeit von *C. leucodon* in nachgewiesenen Endemiegebieten signifikant höher, als in den zufällig ausgewählten Pseudo-Absenz-Gebieten ($p < 0{,}001$). Zudem wurden die BDV-Nachweise aus den Jahren 2009–2011 von dem BDV-Modell mit einer 70 %-igen Wahrscheinlichkeit bestätigt (AUC 0,8), wobei die Vorkommenswahrscheinlichkeit des BDV in diesen Endemiegebieten ebenfalls höher war, als in zufällig ausgewählten Pseudo-Absenz-Gebieten ($p < 0{,}001$).

4. Diskussion

Im Rahmen der vorliegenden Studie konnte am Beispiel von *Crocidura leucodon* als Reservoirwirt für das klassische Säuger-Bornavirus (BDV) die Einsatzmöglichkeiten von Habitatmodellen in der Virusökologie demonstriert werden. Auf der Grundlage existierender Datensätze wurden aussagekräftige Modelle zur Vorkommenswahrscheinlichkeit des Reservoirwirts und der Bornaschen Krankheit generiert. Ebenfalls wurde der arttypische Habitatanspruch durch statistisch belastbare Verfahren identifiziert. Die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Feldspitzmaus war in nachgewiesenen BDV-Endemiegebieten höher. Aktuelle Nachweise der Bornasche Krankheit wurden in Gebieten mit hohem Risikopotential erbracht.
Da das BDV (*Bornaviridae*) zu den Mononegavirales gezählt wird und sehr nah mit viralen

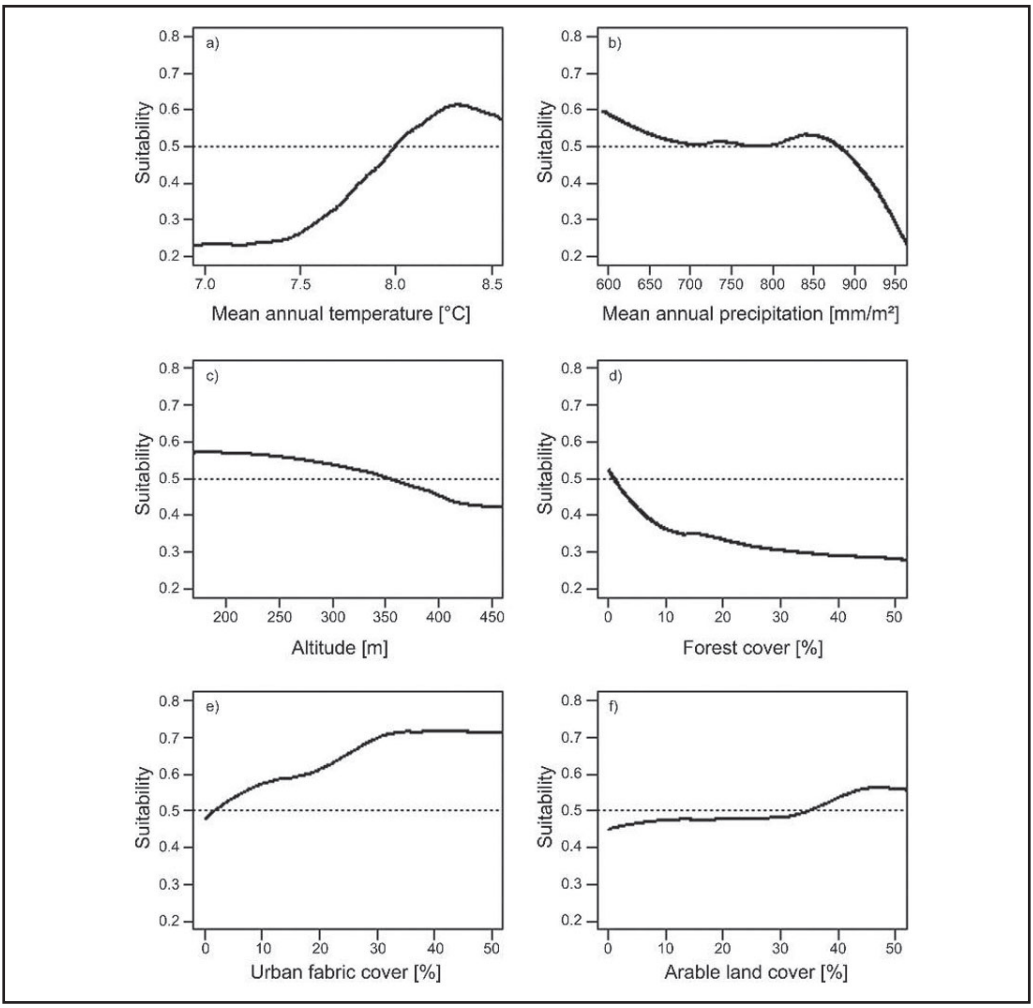

Abb. 2 Durch statistische Verfahren konnte der artspezifische Habitatanspruch der Feldspitzmaus hinsichtlich der mittleren Jahrestemperatur (a), dem mittleren Jahresniederschlag (b), der Höhenlage (c), sowie der entsprechenden Landnutzung (d-f) in den Habitaten bestätigt werden.

Zoonosen wie z. B. Infektion mit dem Lyssavirus (Rhabdoviridae), dem Henipavirus (Paramyxoviridae) oder dem Marburgvirus (Filoviridae) verwandt ist, ist es vorstellbar, dass die vorgestellte Studie als Modellsystem für Risikopotentialabschätzungen anderer zoonotisch übertragbarer Virusinfektionskrankheiten wie z. B. der Fledermaustollwut dienen kann (Schatz et al. 2014).

Eine Anwendung auf das kürzlich entdeckte Bornavirus in Bunthörnchen ist ebenfalls denkbar. Bei der Fledermaustollwut stellt die Infektion ein tödliches Risiko für den Endwirt (Mensch) dar und Informationen über Gebiete mit einem erhöhten Infektionsrisiko könnten für frühzeitige Schutzmaßnahmen sehr hilfreich sein.

Insbesondere wenn es sich bei den Reservoirwirten um stark bedrohte und streng geschützte Tierarten handelt, wäre eine frühzeitige Identifikation von Risikogebieten auch vor dem Hintergrund des Artenschutz sinnvoll, um z. B. in bestimmten Gebieten gezielte Öffentlichkeitsarbeit durchführen zu können oder wenn möglich entsprechende Schutzimpfungen in ausreichenden Mengen vorrätig zu haben.

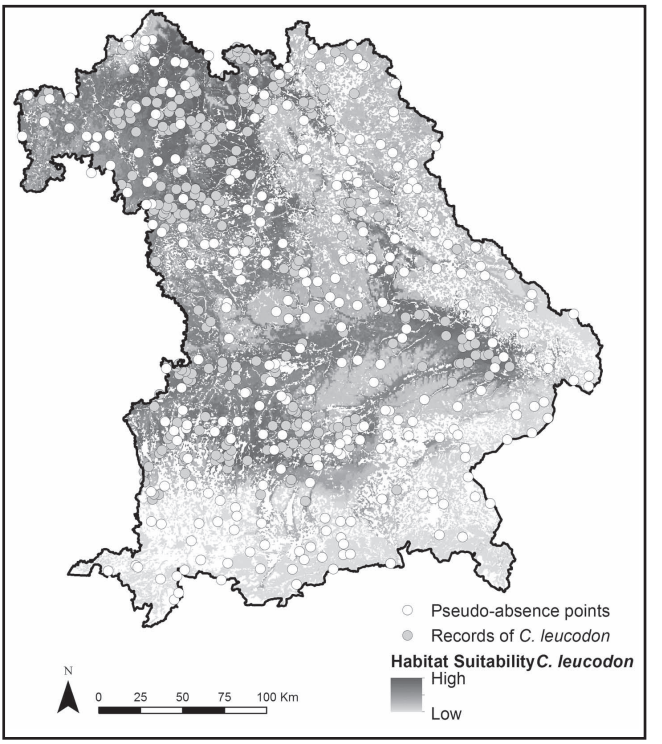

Abb. 3 Auf der Grundlage von Artnachweisen (Kraft 2008, n=285) und zufällig generierten Pseudo-Absenz-Punkten (n=285) errechnetes Modell zur Vorkommenswahrscheinlichkeit der Feldspitzmaus in Bayern.

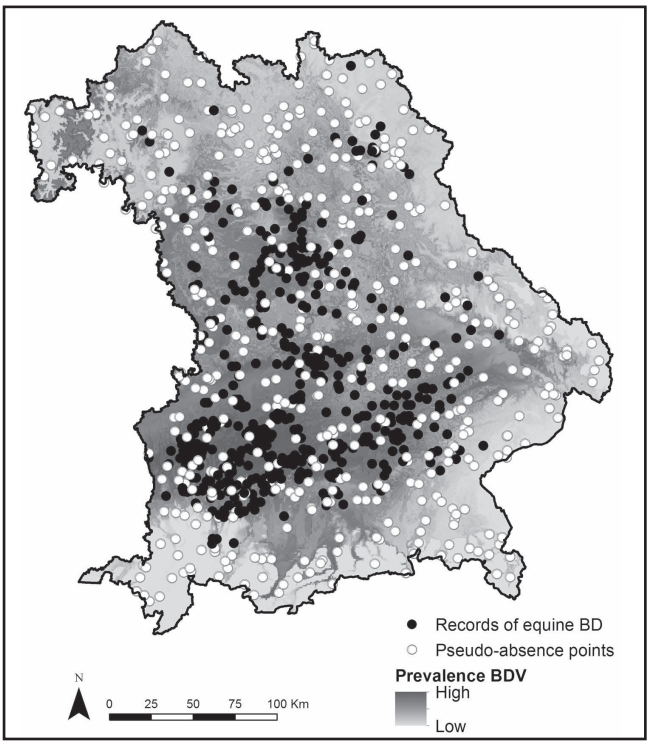

Abb. 4 Auf der Grundlage von nachgewiesenen Krankheitsfällen bei Pferden (Reichelt 2010 u. w., n=485) und zufällig generierten Pseudo-Absenz-Punkten (n=485) errechnetes Modell zur Vorkommenswahrscheinlichkeit des BDV in Bayern.

Zusammenfassung

Die Berücksichtigung der Biologie und Ökologie von Reservoirwirten und Endwirten spielt in virusökologischen Untersuchungen eine entscheidende Rolle. Nur durch detaillierte Informationen über das Vorkommen der Wirte, die Infektionswege und populationsökologische Zusammenhänge können Aussage über das Ausbreitungspotential getroffen werden. Insbesondere virale Zoonosen sind hierbei von gesteigertem Interesse. Die Virusordnung der *Mononegavirales* besteht aus vier Familien, von denen drei eine Vielzahl an viralen Zoonoseerregern wie z. B. das Lyssavirus, das Henipavirus oder das Marburgvirus enthalten. Alle genannten Viren sind humanpathogene und besitzen Reservoirwirte unter Wildtieren. Säugetier-Bornaviren sind die Ursache der Bornaschen Krankheit, insbesondere bei Pferden und Schafen, die bei Krankheitsausbruch aufgrund der schweren neurologischen Symptomatik euthanasiert werden müssen. Als Reservoirwirt wurde bereits die Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon*) identifiziert. Das Bornavirus gehört ebenfalls zu den *Mononegavirales* und weist entsprechende Charakteristika auf. Für das neue in Bunthörnchen (*Sciurus variegatoides*) nachgewiesene Bornavirus wird ein zoonotischer Zusammenhang vermutet, der für typische Säugetier-Bornaviren nicht nachgewiesen wurde. Am Beispiel von *Crocidura leucodon* als Reservoirwirt für das Bornavirus wurde überprüft, inwieweit Habitatmodelle für virusökologische Analysen geeignet sind. Auf der Grundlage von existierenden Datensätzen zum Vorkommen der Feldspitzmaus und des Bornavirus in Bayern wurde der Habitatanspruch der Feldspitzmaus durch statistisch belastbare Verfahren bestätigt. Das resultierende Habitatmodell zeigt, dass die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Feldspitzmaus in Bornavirus-Endemiegebieten höher ist, als in zufällig ausgewählten Gebieten und das Habitatmodell mit einer 70 %igen Wahrscheinlichkeit Bornavirus-Endemiegebiete vorhersagen kann. Auch für das Bornavirus konnten aussagekräftige Faktoren, die sein Vorkommen bestimmen, identifiziert werden. Das resultierende Modell zeigt, dass aktuelle Krankheitsfälle aufgrund Bornavirus-Infektionen bei Pferden in Gebieten mit höherer Vorkommenswahrscheinlichkeit auftraten. Die Ergebnisse dieser Studie verdeutlichen, dass Habitatmodelle zur Klärung virusökologischer Fragestellungen, wie z. B. zur Biologie und Ökologie des Reservoirwirts oder Infektionswegen geeignet sind. Es ist davon auszugehen, dass die hier vorgestellte Vorgehensweise auch auf andere virale Zoonosen, wie z. B. der Fledermaustollwut übertragen werden kann. Gerade bei stark bedrohten und streng geschützten Reservoirwirten könnten frühzeitige Risikopotentialabschätzungen auf der Grundlage von belastbaren Habitatmodellen gezielte und artenschutzkonforme Schutzmaßnahmen ermöglichen.

Summary

Prevalence modeling using the example of *Crocidura leucodon* as a reservoir species of Borna virus

In virus research it is essential to understand the biology and ecology of reservoirs, end and spill over hosts. Assessments of disease spread can only be made with detailed knowledge of host occurrence, route of infection, and population ecology of all hosts. Especially viral and zoonotic diseases are in the focus of attention. The viral order *Mononegavirales* comprises four families and three of them contain zoonoitic viruses, e.g. lyssavirus, henipavirus, or Marburgvirus and all of these have reservoirs in wildlife. Borna disease virus (BDV) also belongs to the order *Mononegavirales* and shows the typical characteristics. For the classical BDV, no definite zoonotic potential has been confirmed in contrast to the recently discovered distantly related Bornavirus in variegated squirrels (*Sciurus variegatoides*). BDV ist the etiological agent of Borna disease which occurs especially in horse and sheep which have to be euthanatized during the course of the disease due to the severe eurological signs. A known reservoir species is the bicoloured white-toothed shrew (*Crocidura leucodon*). Using *C. leucodon* and BDV as a model system it was assessed if prevalence modeling can be a useful tool for virological studies. Based on data sets on the occurrence of *C. leucodon* and BDV virus the prevalence was modeled for Bavaria, Germany. The resulting models showed that the occurrence of

C. leucodon in endemic areas is higher than in randomly chosen areas. The model was able to predict BDV endemic areas with 70 % accuracy and important characteristics promoting an outbreak were identified. Outbreaks were more likely in areas with high occurrence probability of *C. leucodon*. This study showed that prevalence modeling can help to understand virus ecology e.g., the ecology of reservoirs or possible paths of infections. The presented methodology can be used for other model systems e.g., bat rabies. Especially when reservoirs are strictly protected by law prevalence modeling may allow for an early and reliable assessment of risk potential and for specific and action plans that are compliant with animal welfare.

Literatur

Beyer, H.L. (2004): Hawth's Analysis Tools for ArcGIS. – Version 3.27 Verfügbar bei: www.spatialecology.com/htools.

Bourg, M.; Herzog, S.; Encarnação, J.A.; Nobach, D.; Lange-Herbst, H.; Eickmann, M.; Herden, C. (2013): Bicolored white-toothed shrews as reservoir for Borna disease virus, Bavaria, Germany. – Emerg. Infect. Dis. **19**: 2064.

Chefaoui, R.M.; Lobo, J.M. (2008): Assessing the effects of pseudo-absences on predictive distribution model performance. – Ecol. Model. **210**: 478–486.

Elith, J., Leathwick, J.R.; Hastie, T. (2008): A working guide to boosted regression trees. – J. Anim. Ecol. **77**: 802–813.

Encarnação, J.A.; Herzog, S.; Eickmann, M.; Becker, N.I.; Hermes, N.; Herden, C. (2013): Landscape features and reservoir occurrence affecting the risk for equine infection with Borna disease virus. – J. Wildl. Dis. **49**: 860–868.

Herden, C.; Briese, T.; Lipkin, W.I.L.; Richt, J.A. (2013): Bornaviridae. Fields Virology, Knipe, Howly (Hrsg.), 6. Auflage, Lippincott Williams & Wilkins: 1124–1150.

Hosmer, D.W. & Lemeshow, S. (2000): Applied Logistic Regression. – John Wiley & Sons Inc, New York, United States.

Kraft, R. (2008): Mäuse und Spitzmäuse in Bayern: Verbreitung, Lebensraum, Bestandssituation. – Ulmer Verlag, Stuttgart, Germany.

Nobach, D.; Bourg, M.; Herzog, S.; Lange-Herbst, H.; Encarnação, J.; Eickmann, M.; Herden, C. (2015): Shedding of infectious borna disease virus in living bicoloured white-toothed shrews. – J. Comp. Pathol. **1**: 52.

Reichelt, U. (2010): Epizootiologische Untersuchungen zur Bornaschen Krankheit bei Pferden in Bayern und Darstellung des monoklonalen Antikörpers 38/15H7. – Berlin mbv, Mensch-und-Buch-Verlag, Berlin, Germany.

Schatz, J.; Ohlendorf, B.; Busse, P.; Pelz, G.; Dolch, D.; Teubner, J.; Encarnação, J.; Mühle, R.-U.; Fischer, M.; Hoffmann, B. (2014): Twenty years of active bat rabies surveillance in Germany: a detailed analysis and future perspectives. – Epidemiol. Infect. **142**: 1155–1166.

Anschriften der Verfasser:

Jorge A. Encarnação
Nina I. Becker
Arbeitsgruppe Säugetierökologie (MEG)
Institut für Tierökologie und spezielle Zoologie
Justus-Liebig-Universität Gießen
Heinrich-Buff-Ring 26 (IFZ)
D-35392 Gießen
E-Mail: J.Encarnacao@bio.uni-giessen.de

Sibylle Herzog
Institut für Virologie
Justus-Liebig-Universität Gießen
Schubertstraße 81
D-35392 Gießen

Christiane Herden
Institut für Veterinär-Pathologie
Justus-Liebig-Universität Gießen
Frankfurter Straße 96
D-35392 Gießen

Markus Eickmann
Institut für Virologie
Philipps-Universität Marburg
Hans-Meerwein-Straße 2
D-35043 Marburg

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Beiträge zur Jagd- und Wildforschung

Jahr/Year: 2015

Band/Volume: 40

Autor(en)/Author(s): Encarnacao Jorge A., Becker Nina I., Herzog Sibylle, Herden Christiane, Eickmann Markus

Artikel/Article: Habitatmodelle in der Virusökologie am Beispiel von Crocidura leucodon als Reservoirwirt für das Bornavirus 289-296