

Die Krankheiten und Todesursachen bei Fledermäusen aus Deutschland

Von KRISTIN MÜHLDORFER, Berlin, STEPHANIE SPECK, München, THOMAS MÜLLER, Wusterhausen, ANDREAS KURTH und GUDRUN WIBBELT, Berlin

Mit 4 Abbildungen

Abstract

Diseases and causes of death in bats from Germany

In the last two decades, the importance of bats as potential vectors of human-pathogenic viruses has received growing attention. Whereas the majority of infectious disease studies have determined the prevalence of specific zoonotic agents in chiropteran species, actual bat pathogens and their impact on mortality in free-ranging bats were largely neglected. In the present study 486 deceased bats of 19 European vespertilionid species were investigated pathologically, bacteriologically and virologically. Trauma and disease represented the most important causes of death in free-ranging bats from Germany. Comparative analysis of histo-pathology and bacteriology results revealed that microbial agents indeed have an impact on bats succumbing to infectious diseases, with 22 different bacterial species that were clearly associated with inflammatory lesions. At least 12 % of all bats died due to bacterial, viral and parasitic infections.

Zusammenfassung

Die Bedeutung von Fledermäusen als potenzielle Überträger von humanpathogenen Viren hat in den vergangenen zwei Jahrzehnten wachsende Aufmerksamkeit erfahren. Während die Mehrzahl der veröffentlichten Infektionsstudien sich mit dem Vorkommen von spezifischen zoonotischen Infektionserregern bei Fledertieren (*Chiroptera*) beschäftigen, gibt es so gut wie keine Informationen hinsichtlich der für Fledermäuse selbst relevanten Pathogene oder deren Bedeutung als mögliche Todesursache bei freilebenden Fledermausarten. In der hier beschriebenen Studie wurden 486 verstorbene Fledermäuse aus 19 verschiedenen europäischen Gattungen-Fledermausarten (Familie *Vespertilionidae*) pathologisch, bakteriologisch und virologisch untersucht. Verletzungen und Erkrankungen stellten insgesamt die bedeutendsten Todesursachen bei den freilebenden Fledermäusen aus Deutschland dar. Mittels vergleichender histo-pathologischer und mikrobiologischer Analysen konnte zudem der direkte Einfluss von

mikrobiellen Erregern als Krankheitsursache bei Fledermäusen nachgewiesen werden mit insgesamt 22 verschiedenen bakteriellen Spezies, die eindeutig mit entzündlichen Veränderungen an den Organen der verstorbenen Tiere assoziiert waren. Mindestens 12 % der untersuchten Fledermäuse verstarben an einer bakteriellen, viralen oder parasitären Infektion.

Keywords

Wildlife diseases, bats, *Chiroptera*, Europe, causes of death, infectious agents, bacteria, pathology.

Schlüsselwörter

Wildtierkrankheiten, Fledermäuse, *Chiroptera*, Todesursachen, Infektionserreger, Bakterien, Pathologie.

1 Einleitung

In den vergangenen Jahrzehnten sind die Fledermäuse aufgrund ihres Potenzials, verschiedene humanpathogene Erreger beherbergen zu können, verstärkt ins wissenschaftliche und öffentliche Interesse gerückt. Im Gegensatz zu der negativen öffentlichen Wahrnehmung der Fledermäuse als Überträger von hoch virulenten Viren bleibt ihre Bedeutung in sowohl natürlichen als auch land- und forstwirtschaftlichen Ökosystemen häufig unbeachtet oder wird unterschätzt (KUNZ et al. 2011). Aufgrund der stetig wechselnden Landnutzung und der zunehmenden Fragmentierung der Landschaft sind viele Fledermausarten – einschließlich der europäischen insektivoren Spezies – in der Roten Liste der bedrohten Tierarten aufgeführt. Zunehmende

Habitat- und Quartierzerstörungen verstärken darüber hinaus die Interaktion zwischen Mensch und Fledermaus.

Trotz umfangreicher virologischer und ökologischer Studien und dem Nachweis einer Vielzahl mikrobieller Erreger (CALISHER et al. 2006, WIBBELT et al. 2009) gibt es bis jetzt fast keine Informationen zu den bei Fledermäusen selbst vorkommenden Krankheits- und Todesursachen oder den in solchen Krankheitsgeschehen involvierten Infektionserregern. In Europa konzentrieren sich derartige Untersuchungen in erster Linie auf die Verbreitung der Fledermaustollwut und deren auslösende Lysaviren (HARRIS et al. 2006, MÜLLER et al. 2007, FREULING et al. 2011) oder auf den Nachweis von Coronaviren in Fledermauskotproben (GLOZA-RAUSCH et al. 2008, RIHTARIC et al. 2010). Vergleichende pathologische und mikrobiologische Untersuchungen bei freilebenden Fledermäusen finden sich in der Literatur hingegen nur sehr selten (SIMPSON 2000, DAFFNER 2001, HAJKOVA & PIKULA 2007, WIBBELT et al. 2007) und sind häufig limitiert durch eine geringe Stichprobengröße. Die Mehrzahl der Veröffentlichungen beschreibt zufällige Krankheitsereignisse in einzelnen Individuen oder einer geringen Anzahl von Fledermäusen, hervorgerufen durch parasitäre (GRUBER et al. 1996, KÜBBER-HEISS et al. 1999), bakterielle (DAFFNER 2001, EVANS et al. 2009, MÜHLDOERFER et al. 2010, 2011) oder virale (SONNTAG et al. 2009, FREULING et al. 2011) Infektionen. Das Ziel dieser Studie ist es, basierend auf histo-pathologischen, bakteriologischen und virologischen Untersuchungen, Erkenntnisse über die Art und Häufigkeit der Erkrankungen von einheimischen Fledermäusen zu erlangen, um die Bedeutung der in Fledermäusen vorkommenden Krankheitserreger auch vor einem ökologischen Hintergrund einschätzen zu können. Histologische Untersuchungen der einzelnen Gewebe ermöglichen dabei eine Beurteilung der Art und des Ausmaßes pathologischer Organveränderungen und bilden die Grundlage, um den Einfluss und das krankmachende Potenzial der nachgewiesenen Infektionserreger für den Wirtsorganismus beurteilen zu können.

2 Material und Methoden

2.1 Probenmaterial

Von 2002-2009 wurden in Zusammenarbeit mit Fledermausforschern und -schützern aus 6 verschiedenen Bundesländern (Berlin, Brandenburg, Bayern, Baden-Württemberg, Thüringen und Niedersachsen) insgesamt 486 verstorbene Fledermäuse aus 19 verschiedenen einheimischen Arten gesammelt. Die Tiere waren überwiegend aufgrund von Verletzungen oder Schwäche flugunfähig aufgefunden und anschließend in Pflegestellen untergebracht worden. Fledermäuse, die bei der Pflege verstarben oder aufgrund ihrer Verletzungen eingeschläfert werden mussten, wurden unmittelbar nach ihrem Tod bei -20°C tiefgefroren und zur weiteren diagnostischen Untersuchung an das Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW) in Berlin übersandt. Von allen histo-pathologisch untersuchten Tierkörpern waren annähernd 90 % in einem ausreichend erhaltenen Zustand für eine bakteriologische Untersuchung. Ein geringerer Anteil (43 %) wurde zudem am Robert Koch-Institut (RKI) in Berlin auf das Vorkommen spezifischer viraler Erreger untersucht. Weiterhin wurde eine Gehirnpolprobe von jedem Tier an das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) in Wusterhausen zur Tollwutdiagnostik übersandt.

2.2 Pathologie

Im Rahmen einer vollständigen Sektion wurde von jedem Tier ein kleiner Teil der einzelnen Organe für die histologische (mikroskopische) Untersuchung entnommen, in 4%igem Formalin fixiert, routinemäßig aufgearbeitet und mittels Hämatoxylin-Eosin (HE) gefärbt. Weitere Spezialfärbungen wurden abhängig vom mikroskopischen Befund der einzelnen Gewebe zur Sicherung der Organdiagnosen angefertigt.

2.3 Bakteriologie

Von insgesamt 430 Tieren wurden routinemäßig Gewebeproben von Lunge, Leber, Herz

und Niere sowie makroskopisch auffällige Gewebe (z. B. eine vergrößerte Milz) bakteriologisch untersucht. Die Kultivierung der Bakterien erfolgte auf selektiven und nicht-selektiven Nährböden bei 37°C für 24-48h. Verwendet wurden Columbia-Schafblutagar, Schokoladen- (5 % CO₂), Gassner- und MacConkey-Agar (Oxid). Eine Speziesidentifizierung erfolgte mittels kommerzieller (API System von bioMérieux) und konventioneller biochemischer Testsysteme. In Einzelfällen wurde zudem eine exakte Speziesbestimmung mittels PCR und Sequenzierung des 16S rRNA-Gens durchgeführt (MÜHLDOERFER et al. 2011).

2.4 Virologie

Von insgesamt 210 Tieren wurden Organhomogenate von Lunge, Leber, Herz, Niere, Milz, Gehirn und Speicheldrüse für die RNA/DNA-Extraktion (Macherey-Nagel) und die weiterführenden molekularbiologischen Analysen hinsichtlich verschiedener generischer PCR-Verfahren für den Nachweis von Flavi- (SÁNCHEZ-SECHO et al. 2005), Hanta- (KLEMPA et al. 2006), Corona- (DE SOUZA LUNA et al. 2007) und Influenza A Viren (SPACKMAN et al. 2002) und/oder spezifischer PCR-Verfahren für den Nachweis von Adeno- (SONNTAG et al. 2009) und Herpesviren (WIBBELT et al. 2007) verwendet. Die Untersuchung auf Lyssavirus Antigen in den Fledermausgehirnproben erfolgte mittels des Fluoreszenz-Antikörper-Tests (FAT, DEAN & ABELSETH 1996). Die Isolierung der Lyssaviren aus FAT-positiven Gehirnproben wurde mittels spezifischer Zellkulturverfahren (RTCIT, WEBSTER & CASEY 1996) durchgeführt, die anschließende Charakterisierung der Lyssavirusisolate erfolgte mittels monoklonaler Antikörper (MAb, SCHNEIDER et al. 1985) und partialer Sequenzierung eines Nukleoprotein-Genfragmentes (MÜLLER et al. 2007).

3 Ergebnisse

3.1 Fledermausproben

Die untersuchten Tierkörper gehörten zu 7 verschiedenen Gattungen (*Pipistrellus*, *Nycta-*

lus, *Myotis*, *Eptesicus*, *Plecotus*, *Vespertilio* und *Barbastella*) und 19 europäischen Glattnasen-Fledermausarten (Familie *Vespertilionidae*). Drei Fledermausspezies, die Zwergfledermaus (*Pipistrellus pipistrellus*, n = 138), der Große Abendsegler (*Nyctalus noctula*, n = 92) und die Breitflügelfledermaus (*Eptesicus serotinus*, n = 53), umfassten 60 % der eingesandten Proben, während andere Fledermausarten wie *Pipistrellus pygmaeus*, *Nyctalus leisleri*, *Myotis brandtii*, *M. bechsteinii*, *M. dasycneme*, *Plecotus austriacus* und *Barbastella barbastellus* nur mit einer geringen Individuenanzahl von 1-4 Tieren vertreten waren. Das Geschlechterverhältnis von männlichen zu weiblichen Tieren war 1,5:1. Fledermäuse im 1. Lebensjahr (neonate, juvenile und subadulte Tiere) machten ein Drittel (32,5 %) der untersuchten Fledermausproben aus.

3.2 Todesursachen

Insgesamt konnte bei 70 % der untersuchten Tiere anhand des Vorberichts und der Kombination der verschiedenen diagnostischen Untersuchungsmethoden eine Todesursache hinsichtlich der Schwere der Verletzungen Art und Ausmaß der Organveränderungen und/oder des Nachweises einer mikrobiellen Infektion festgestellt werden. Zwei Drittel der so ermittelten Sterblichkeiten erfolgten aufgrund von Traumen/Verletzungen (33,5 %, v. a. Frakturen und Flughautzerreißen) oder Krankheiten (33,3 %, häufig Lungenentzündungen), während bei einem geringen Anteil (3,5 %) der untersuchten Tiere andere nicht-infektiöse Ursachen (z. B. deutliche Flüssigkeitsansammlungen in der Lunge unbekannter Ursache, mangelnde Futter-/Wasseraufnahme oder Unterkühlung/Überhitzung) als Todesursache in Frage kamen. Bei annähernd 30 % der Fledermäuse fanden sich keine ausreichenden Befunde, die eine Zuordnung der Todesursache zuließen.

Innerhalb der klassifizierten traumatischen Todesfälle wies die Hälfte der untersuchten Tierkörper weiterhin gering- (29 %), mittel- (19,3 %) oder hochgradige (2,8 %) entzündliche Organveränderungen auf und mindestens

23 % der Fledermäuse zeigten zudem eine bakterielle und/oder parasitäre Infektion. Die krankheitsbedingten Sterblichkeiten umfassten sowohl tödliche bakterielle (37,5 %) und parasitäre (1,4 %) als auch virale (3,5 %) Infektionen. Bei einem neugeborenen Großen Abendsegler (*N. noctula*) wurden entzündliche Lungenveränderungen aufgrund des Einatmens von Geburtsflüssigkeit (Fruchtwasseraspiration) festgestellt und eine juvenile Zwergfledermaus (*P. pipistrellus*) musste aufgrund von schweren Deformationen beider Unterarmknochen eingeschläfert werden. Die verbleibenden Tierkörper (56,3 %) der krankheitsbedingten Todesursachen wiesen mittel- bis hochgradige Veränderungen in einem oder mehreren Organen auf, deren Ursache im Rahmen der Studie nicht ermittelt werden konnte.

3.3 Bakteriologie

Annähernd 90 % (n = 430) der Fledermausproben wurden bakteriologisch untersucht und 42 verschiedene bakterielle Gattungen mit mehr als 53 Bakterienspezies nachgewiesen. Bei 37 % der Tiere wurde kein Bakterienwachstum in der Kultur festgestellt. Vergleichende bakteriologische und histo-pathologische Analysen identifizierten 22 verschiedene bakterielle Spezies, die eindeutig mit entzündlichen Organveränderungen und/oder systemischen Infektionen bei 17 % der bakteriologisch untersuchten Fledermäuse assoziiert waren. Die vorherrschenden Bakterienspezies im Zusammenhang mit bakteriellen Infektionen gehörten zu den Familien *Pasteurellaceae* (vor allem *Pasteurella multocida*, 41,1 %), *Enterobacteriaceae* (28,8 %) und *Streptococcaceae* (vor allem *Enterococcus* spp., 21,9 %). Mehr als die Hälfte (54,8 %) der bakteriellen Infektionen wurden bei Fledermäusen mit Verletzungen nachgewiesen. Weiterhin zeigten insgesamt 44 % der vermeintlichen Katzenopfer eine bakterielle Infektion. Die Klassifizierung der Fledermäuse als mögliche Katzenopfer erfolgte dabei anhand eines entsprechenden Vorberichts und aufgrund der festgestellten Verletzungen.

3.4 Virologie

Von den 486 Fledermäusen, die auf eine Tollwutinfektion getestet wurden, waren 2 Breitflügelfledermäuse (*Eptesicus serotinus*) positiv für das European Bat Lyssavirus Typ 1 (EBLV-1, Untergruppe a). Hingegen war keine der insgesamt 210 Fledermäuse, die auf weitere spezifisch humanpathogene, zoonotische Viren untersucht wurden, positiv für Influenza A Virus, Flavi-, Hanta- oder Coronaviren.

Im Rahmen der spezifischen PCR-Verfahren für den Nachweis von Adeno- oder Herpesviren wurde ein neues Adenovirus (AdV-2) als Todesursache in 3 adulten Zwergfledermäusen (*P. pipistrellus*) nachgewiesen (SONNTAG et al. 2009). Zudem waren 63 der insgesamt 210 untersuchten Fledermäuse positiv für 7 der ehemals 8 beschriebenen europäischen Herpesviren. Die höchste Prävalenz von 65 % wurde für das Bat Gammaherpesvirus 6 (BatGHV6) in Zwergfledermäusen (*P. pipistrellus*) ermittelt, gefolgt von dem Bat Gammaherpesvirus 5 (BatGHV5) in Rauhhautfledermäusen (*Pipistrellus nathusii*) und Bat Gammaherpesvirus 4 (BatGHV4) in Großen Abendseglern (*N. noctula*). Weiterhin wurde eine Koinfektion mit verschiedenen Herpesviren in 4 *N. noctula* nachgewiesen, die gleichzeitig mit Bat Gammaherpesvirus 3 (BatGHV3) und BatGHV4 infiziert waren, sowie einem weiteren *N. noctula*, der positiv auf BatGHV4 und BatGHV5 getestet wurde. BatGHV5 wurde dementsprechend nicht nur in dem spezifischen Wirt *P. nathusii* identifiziert, sondern auch mit geringer Prävalenz bzw. geringer Individuenzahl in 3 weiteren Fledermausarten, *N. noctula* (1,5 %), *Myotis myotis* (1/2 Tieren) und *M. mystacinus* (4,8 %). Altersbedingte Unterschiede innerhalb der Herpesvirusinfektionen wiesen auf eine signifikant höhere Prävalenz (72,7 %) bei Jungtieren innerhalb der für BatGHV6 positiv getesteten Zwergfledermäuse (*P. pipistrellus*) hin. Weiterhin waren 2 juvenile Große Abendsegler (*N. noctula*) positiv für BatGHV4.

3.5 Parasitologie

Ektoparasiten (Milben, Flöhe und Zecken) wurden bei 14 % der Tierkörper gefunden mit deutlichen Unterschieden in den Befallsraten der einzelnen Fledermausarten. Während bei den meisten Arten nur ein geringer Anteil der Individuen einen Ektoparasitenbefall aufwies (Spanne von 5,3-11,8 %), waren die Großen Abendsegler (*N. noctula*) in 43 % mit Milben und/oder Flöhen parasitiert. Bei den geschlechts- und altersabhängigen Unterschieden zeigte sich insgesamt eine marginal höhere Prävalenz bei weiblichen Fledermäusen (17,1 %) im Vergleich zu den männlichen Tieren (14,7 %), während der Ektoparasitenbefall innerhalb der einzelnen Altersstufen ausgeglichen war.

Anhand der mikroskopischen Untersuchungen der Gewebe wurde ein Endoparasitenbefall mit Protozoen (Familien *Eimeriidae* und *Sarcocystidae*) und/oder Helminthen

(Trematoden, Cestoden und Nematoden) bei 29 % der untersuchten Fledermäuse nachgewiesen. Helminthen fanden sich mit unterschiedlichen Befallsintensitäten vorwiegend im Magen-Darmtrakt der Fledermäuse, während bei 18 % der Tiere wandernde Nematodenstadien in Parasitengranulomen in verschiedenen Organen (Abb. 1) sowie als filaroid Larvenanschnitte innerhalb von Arterien, Kapillaren und der rechten Herzvorkammer in Erscheinung traten. Darüber hinaus wurde eine renale Kokzidiose (Abb. 2) mit zystischer Erweiterung der Nierengänge bei 11 Fledermäusen aus 6 Arten (*Pipistrellus pipistrellus*, *P. nathusii*, *Nyctalus noctula*, *Myotis mystacinus*, *M. brandtii*, *Eptesicus serotinus*) nachgewiesen, ebenso wie intramuskuläre, reaktionslose *Sarcosporidia*-ähnliche Protozoenzysten (Abb. 3) bei 5 Zwergfledermäusen (*Pipistrellus pipistrellus*), 2 Großen Abendseglern (*Nyctalus noctula*) und einem Großen Mausohr (*Myotis myotis*). Auch zeigten sich hinsichtlich eines Endoparasitenbefalls deutliche

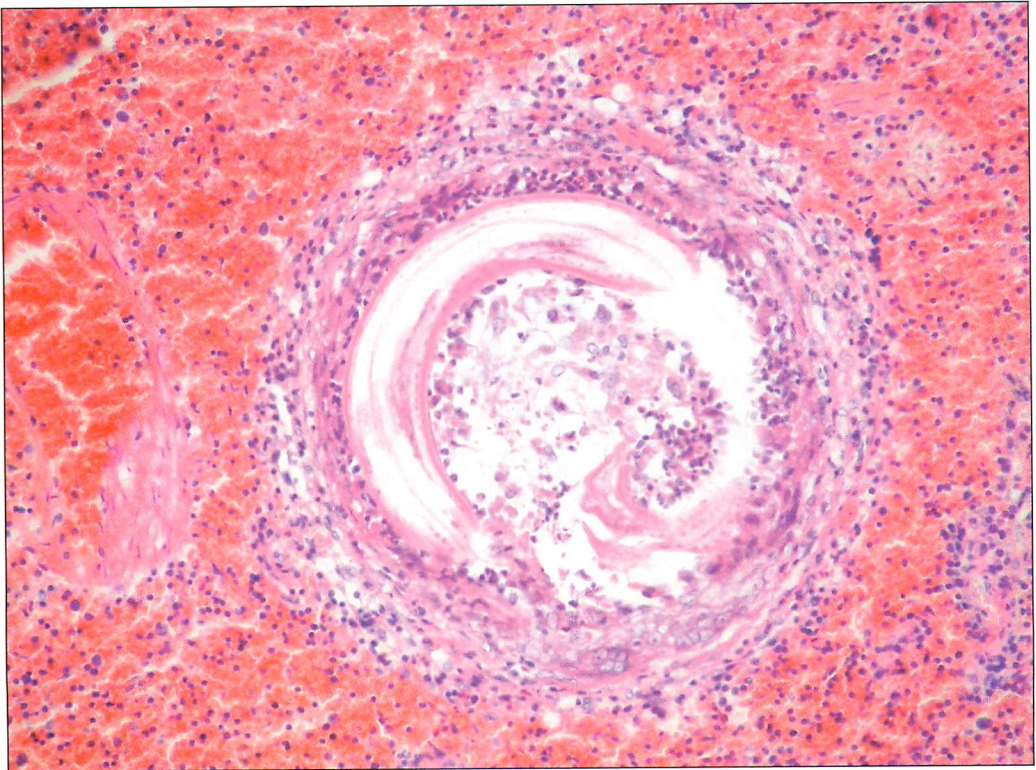


Abb. 1. Parasitengranulom in der Milz; Großer Abendsegler (*Nyctalus noctula*), x 100 HE.

Fig. 1. Parasitic granuloma within spleen; Noctule bat (*Nyctalus noctula*), x 100 HE.

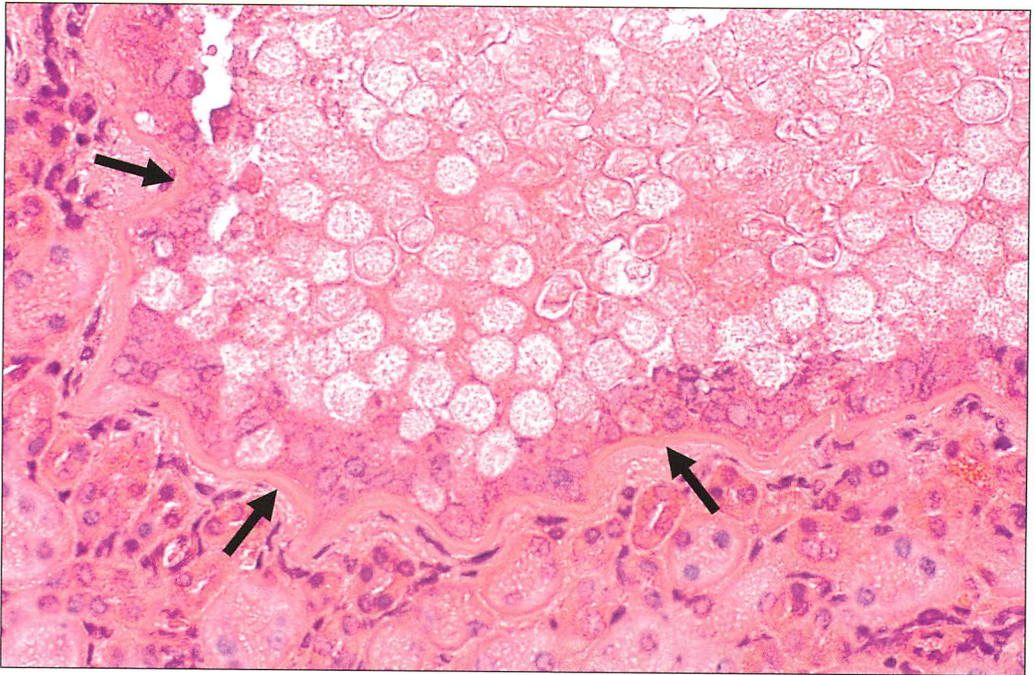


Abb. 2. Renale Kokzidiose mit zystischer Erweiterung der Nierengänge (Pfeile) durch eine Vielzahl von kugelförmigen Protozoenstadien; Große Bartfledermaus (*Myotis brandtii*), x 400 HE.

Fig. 2. Renal coccidiosis with cystic tubular dilatation; the cystic tubular lumen (arrows) contains numerous protozoan parasite stages; Brandt's bat (*Myotis brandtii*), x 400 HE.

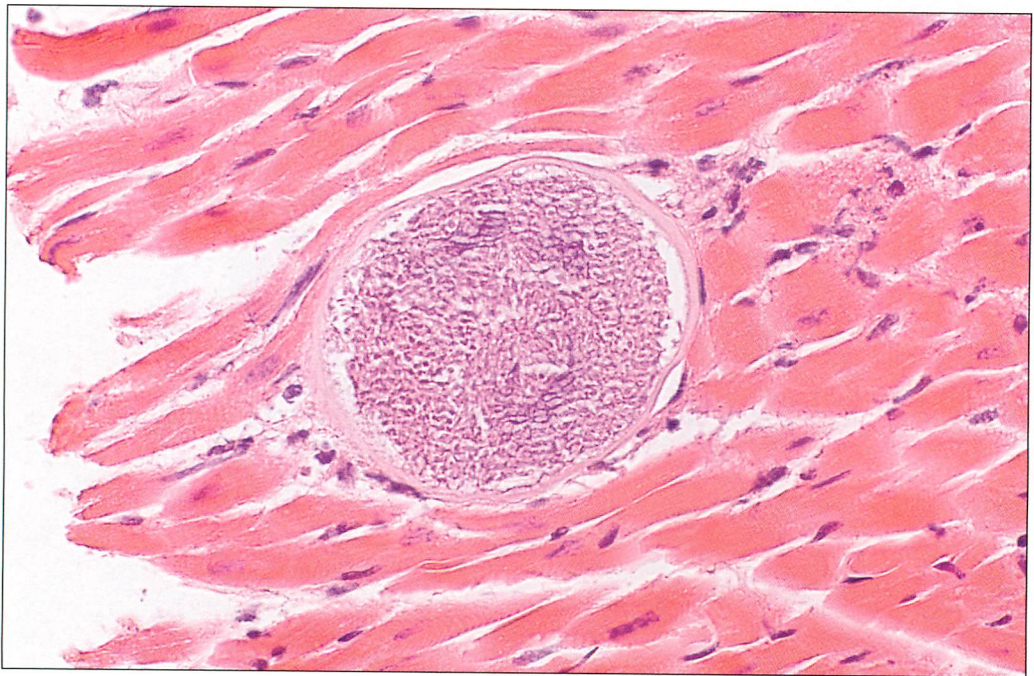


Abb. 3. *Sarcosporidia*-ähnliche Protozoenzyste in der Herzmuskulatur; Zwergfledermaus (*Pipistrellus pipistrellus*), x 400 HE.

Fig. 3. Intramyocardial *Sarcosporidia*-like protozoal cyst; Common pipistrelle bat (*Pipistrellus pipistrellus*), x 400 HE.

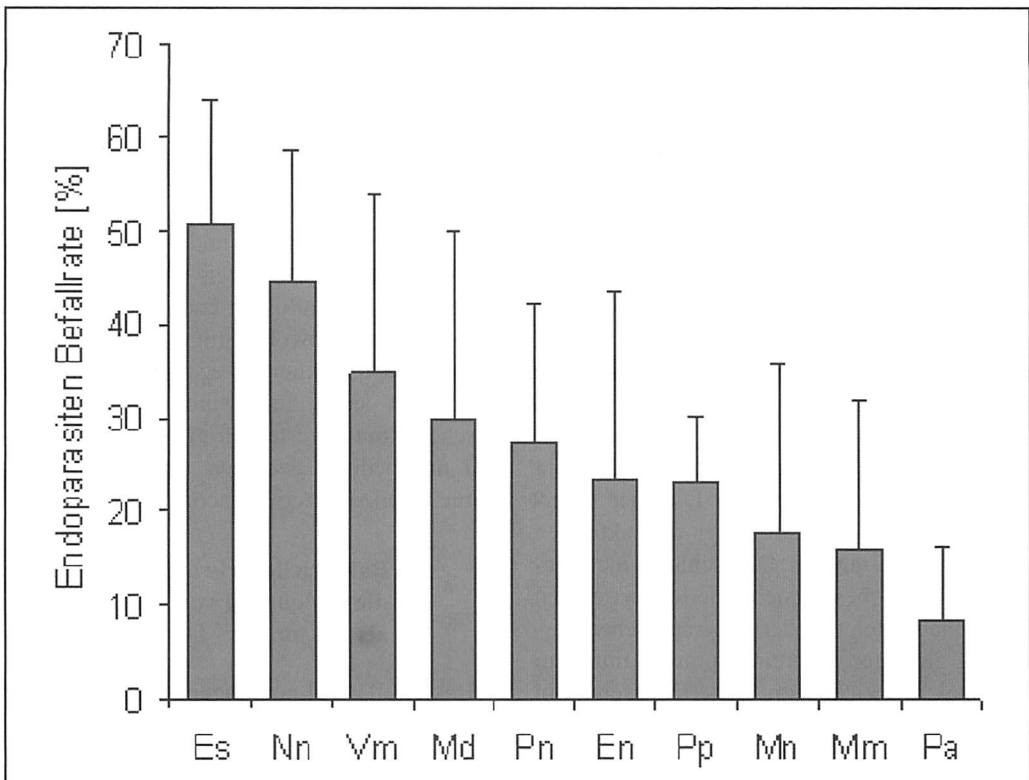


Abb. 4. Artspezifische Unterschiede im Endoparasitenbefall; dargestellt sind Fledermausarten mit >10 Individuen; die Fehlerbalken entsprechen 95 % Konfidenzintervallen; Abkürzungen: Es – *Eptesicus serotinus*; Nn – *Nyctalus noctula*; Vm – *Vespertilio murinus*; Md – *Myotis daubentonii*; Pn – *Pipistrellus nathusii*; En – *Eptesicus nilssonii*; Pp – *Pipistrellus pipistrellus*; Mn – *Myotis nattereri*; Mm – *Myotis myotis*; Pa – *Plecotus auritus*.

Fig. 4. Species-specific endoparasite prevalence; bat species >10 individuals; error bars represent 95 % binomial confidence intervals. Abbreviations s. above.

alters- und speziesabhängige Unterschiede. Der Anteil der parasitierten Fledermäuse nahm mit steigendem Alter signifikant zu, wobei der Anstieg zwischen juvenilen und subadulten Tieren mit 8,5 % im Vergleich zu den beiden älteren Altersstufen (4,5 %) fast das Doppelte betrug. Geringe Prävalenzunterschiede traten auch zwischen den Geschlechtern auf, bei denen weibliche Tiere (30,4 %) wiederum stärker parasitiert waren als männliche Fledermäuse (24,4 %). Bei den artspezifischen Unterschieden zeigte sich eine Tendenz hinsichtlich der Körpergröße der jeweiligen Fledermauspezies, wobei große Arten (*Nyctalus noctula*, *Eptesicus serotinus* und *Vespertilio murinus*) im Vergleich zu den mittleren und kleinen Fledermauspezies eine höhere Befallrate mit Endoparasiten aufwiesen (Abb. 4).

4 Diskussion

4.1 Stichprobenzusammensetzung

Eine Vielzahl an verschiedenen Faktoren erschweren Krankheitsstudien bei freilebenden Wildtieren. Für diagnostische Untersuchungen hinsichtlich der Differenzierung der Todesursache oder des Nachweises einer bestehenden Infektion sind frischtote, gut erhaltene Tierkörper eine entscheidende Voraussetzung, vor allem weil Fledermäuse aufgrund ihrer geringen Körpergröße einer sehr schnellen Verwesung unterliegen. Im Gegensatz zu anderen kleinen Säugern wie den Nagetieren verbietet der hohe Schutzstatus der Fledermausarten in Europa eine invasive Probennahme zu Forschungszwecken bei freilebenden Individuen. Aus diesem Grund war die enge Zusammen-

arbeit mit den im Fledermausschutz Aktiven und überwiegend ehrenamtlich Tätigen eine Grundvoraussetzung für unsere Studie, da gerade Fledermaus-Pflegestellen die Möglichkeit haben, verstorbene Tiere umgehend einzufrieren und zur weiteren Diagnostik aufzubewahren.

Die Mehrzahl der untersuchten Fledermausproben stammte aus Berlin-Brandenburg und Bayern. Überwiegend handelte es sich bei den eingesandten Tierkörpern um Einzelfunde, die zufällig in der unmittelbaren Umgebung des Menschen oder in der Nähe von Fledermausquartieren verletzt, sterbend oder geschwächt aufgefunden worden waren. Die hier untersuchte Stichprobe kann daher den aktuellen Fledermausbestand in Deutschland nicht reflektieren, ist aber hinsichtlich der vertretenen Fledermausarten und der geographischen Verteilung in guter Übereinstimmung mit dem Nationalen Bericht zum Fledermausschutz in Deutschland (2006-2009) vom Bundesamt für Naturschutz (BfN) (http://www.eurobats.org/documents/pdf/MoP6/Inf_MoP6_21_NatRepGermany.pdf). Arten, die an urbane Habitate angepasst sind oder vorwiegend ihre Quartiere in direkter Nähe des Menschen beziehen, waren die am stärksten vertretenen Fledermausspezies, in welchen vor allem Fledermäuse mit einem großen Verbreitungsgebiet (z. B. *Pipistrellus pipistrellus*, *Eptesicus serotinus*) oder wandernde Arten (z. B. *Nyctalus noctula*, *Pipistrellus nathusii*) überwogen.

4.2 Todesursachen

Verletzungen und Erkrankungen waren in unserer Studie die am häufigsten festgestellten Todesursachen. Diese Beobachtung steht im Gegensatz zu den wenigen veröffentlichten Untersuchungen verstorbener freilebender Fledermäuse aus Europa (SIMPSON 2000, DAFFNER 2001) und Neuseeland (DUGNAN et al. 2003), bei denen krankheitsbedingte Todesfälle überwiegend eine untergeordnete Bedeutung einnahmen. Bakterielle Infektionen stellen mit 38 % den größten Anteil der von uns nachgewiesenen infektiösen Todesursachen dar. Allerdings wurden entzündliche Organ-

veränderungen unbekannter Ursache, die ein bakterielles und/oder virales Infektionsgeschehen vermuten lassen, in weiteren 50 % der krankheitsbedingt verstorbenen Tiere nachgewiesen. Da die virologischen Untersuchungen gegenwärtig noch nicht abgeschlossen sind und der Zustand der Proben, einschließlich des langsamen Gefrier- und Auftauprozesses der Gewebe, den Nachweis von Infektionserregern stark beeinflussen kann, ist davon auszugehen, dass sowohl einige virale als auch bakterielle Krankheitserreger dem Nachweis entgangen sind. Auch sind die bakteriologischen Routineverfahren in bestimmten Fällen nur bedingt geeignet, um kulturell anspruchsvolle Bakterien nachzuweisen.

4.3 Bakterielle Erkrankungen und die Bedeutung von Hauskatzen als Vektor

Bakterielle Erkrankungen wurden bisher nur sehr selten bei freilebenden Fledermäusen beschrieben. Infektionen von *Pasteurella multocida* stellen dabei die häufigsten infektiösen Todesursachen von europäischen Fledermäusen dar und wurden im Zusammenhang mit Septikämien in bis zu 22 % der bakteriologisch untersuchten Tierkörper nachgewiesen (SIMPSON 2000, DAFFNER 2001). Eine Übertragung der Pasteurellen durch Bisswunden von Hauskatzen wird als direkte Infektionsquelle bei infizierten Tieren angenommen (SIMPSON 2000, DAFFNER 2001, MÜHLDOERFER et al. 2011). Weitere bakterielle Infektionen mit *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* (DAFFNER 2001, WALTHER et al. 2008), *Borrelia* (EVANS et al. 2009), *Escherichia*, *Salmonella* und *Morganella* spp. (SIMPSON 1994, DAFFNER 2001, HAJKOVA & PIKULA 2007) sind nur in Einzelfällen publiziert. In dieser Studie wurden Bakterien als ursächliche Krankheitserreger in 17 % der bakteriologisch untersuchten Fledermäuse nachgewiesen. *Pasteurella* spp. waren dabei die am häufigsten identifizierten bakteriellen Pathogene, während *Enterococcus* spp. und Bakterien der Familie der *Enterobacteriaceae* eine weitere Hälfte der Bakterieninfektionen ausmachten. Die im Zusammenhang mit den Organverän-

derungen nachgewiesenen Bakterienisolate sind überwiegend als Opportunisten einzuordnen (PETERSON 1996), die häufig erst zu einer Infektion führen, wenn das Immunsystem des Wirtsorganismus geschwächt ist oder die natürliche Barrierefunktion gestört wurde (z. B. durch Verletzungen). Primär krankheitsauslösende bakterielle Infektionserreger wie *Salmonella* oder *Yersinia* spp. (MÜHLDOERFER et al. 2010) wurden in annähernd 12 % der bakteriellen Infektionen identifiziert. Zudem fanden sich mehrere bakterielle Spezies (z. B. *Burkholderia cepacia*, *Cedecea davisae* und *Clostridium sordellii*), die in dieser Studie erstmals bei freilebenden Fledermäusen nachgewiesen wurden und schwere Erkrankungen beim Menschen hervorrufen können.

Weiterhin wiesen die bakteriologischen Analysen auf einen Zusammenhang zwischen dem Auftreten von bakteriellen Infektionen bei Fledermäusen und der Predation durch Hauskatzen hin. Wildtierfänge durch Katzen und deren negative Auswirkungen auf die Artenvielfalt wurden mehrfach beschrieben (z. B. WOODS et al. 2003). Auch ist bekannt, dass durch Katzenbisse eine Vielzahl an verschiedenen Bakterien übertragen werden können (TALAN et al. 1999). Es ist somit durchaus denkbar, dass Fledermäuse, die von Katzen gefangen wurden, unabhängig von der Schwere der Verletzungen eine bakterielle Infektion ausprägen und daran versterben. Dieser Zusammenhang wurde bereits mehrfach für *Pasteurella* Infektionen diskutiert (SIMPSON 2000, DAFFNER 2001, MÜHLDOERFER et al. 2011). Auf der anderen Seite sind Fledermäuse mit einer zugrundeliegenden Erkrankung ein leichtes Opfer für Predatoren wie beispielsweise Katzen. Dementsprechend können Fledermäuse möglicherweise auch als Vektoren für zoonotische Pathogene fungieren, indem Hauskatzen, die sich an kranken Tieren infiziert haben, die Infektionserreger weiter zum Menschen tragen. Entsprechende Übertragungseignisse zwischen Fledermäusen und Haus- und Nutztieren sind bereits gut dokumentiert (KUZMIN et al. 2011), z. B. wurden zwei Hauskatzen in Frankreich positiv auf EBLV-1 getestet, ein Tollwutvirus, das inner-

halb der europäischen Fledermäuse zirkuliert (DACHEUX et al. 2009).

4.4 Virologische Untersuchungen

Hinsichtlich der spezifisch humanpathogenen, zoonotischen Viren fand sich mit Ausnahme der 2/486 Tollwut positiven Fledermäuse kein weiterer positiver Virusnachweis, was darauf schließen lässt, dass die insektivoren europäischen Fledermausarten kein Reservoir für Influenza A, Flavi- oder Hantaviren darstellen. Hinsichtlich der Coronavirusinfektionen gibt es mehrere molekularbiologische Studien in Europa, die das Vorkommen von Coronavirus-Nukleinsäuren in Fledermauskotproben beschreiben (GLOZA-RAUSCH et al. 2008, RIHTARIC et al. 2010, DREXLER et al. 2011). Aus diesem Grund war es unser Anliegen weitere Organe auf eine Infektion mit Coronaviren zu testen. Die negativen Ergebnisse lassen darauf schließen, dass bei den Coronaviren der Fledermäuse der Darm das vornehmliche Zielorgan ist. Vergleichbare Coronavirus Infektionen, die Durchfallerkrankungen bei juvenilen Haus- und Nutztieren hervorrufen, sind in der Tiermedizin gut bekannt (EVERMANN & BENFIELD 2001).

Die Fledermaustollwut ist in Europa die einzige von Fledermäusen übertragene Zoonose, die mit Todesfällen beim Menschen assoziiert ist (JOHNSON et al. 2010). Ungleich zu anderen Säugetieren, bei denen Lyssaviren generell eine Tollwuterkrankung mit tödlichem Ausgang hervorrufen, treten bei Fledermäusen auch nicht letale Tollwutinfektionen auf, die mit einer Immunität bei den infizierten Tieren einhergehen (GEORGE et al. 2011). Mit dem Nachweis von EBLV-1 in der hier beschriebenen Studie bestätigen wir, dass dieser Virustyp in *Eptesicus serotinus* zirkuliert, wie vorangegangene Untersuchungen in Deutschland zeigen (MÜLLER et al. 2007). Weiterhin wird die Fledermaustollwut in Deutschland durch das European Bat Lyssavirus Typ 2 (EBLV-2) und das Bokeloh Bat Lyssavirus (BBLV) hervorgerufen (FREULING et al. 2008, 2011). Während das letztere erst kürzlich von einer erkrankten Fransenfledermaus (*Myotis*

nattereri) isoliert wurde, ist EBLV-2 hingegen assoziiert mit der Wasser- (*Myotis daubentonii*) und der Teichfledermaus (*M. dasycneme*) (KUZMIN & RUPPRECHT 2007). In unseren Untersuchungen wurden weder EBLV-2 noch BBLV in den Fledermausproben nachgewiesen, was auf die bei Fledermäusen im Allgemeinen sehr geringen Nachweishäufigkeiten dieser beiden Lyssaviruspezies (MÜLLER et al. 2007) und auf die in unserer Stichprobe nur in einer geringen Individuenanzahl vertretenen relevanten Fledermausarten (*Myotis daubentonii*, *M. dasycneme* und *M. nattereri*) zurückzuführen ist.

Insgesamt gibt es eine hohe Prävalenz für Herpesviren in den verschiedenen insektivoren Fledermausarten in Deutschland (diese Studie, WIBBELT et al. 2007). Die vorangegangene Untersuchung identifizierte insgesamt 8 verschiedene Herpesviren in einer Stichprobe aus 25 Tieren, von denen die einzelnen Virustypen vorwiegend mit geringer Individuenanzahl in mehr als einer Fledermausart nachgewiesen wurden. In dieser Studie konnten wir überwiegend eine sehr artspezifische Herpesvirus Prävalenz nachweisen, die darauf hindeutet, dass ein Herpesvirustyp vorrangig mit einer Fledermausart assoziiert ist. Diese Beobachtung ist zudem gestützt von BatGHV6 und BatGHV7, die wiederholt nur in ihrer ursprünglichen Wirtsspezies *Pipistrellus pipistrellus* bzw. *Plecotus auritus* nachgewiesen wurden und die typische, sehr ausgeprägte Wirtsspezifität der Herpesviren verdeutlichen. Dennoch können gemeinsame Verbreitungsgebiete der Fledermausarten und die gemeinsame Nutzung von Quartieren eine zwischenartliche Übertragung der Herpesviren begünstigen und die hier festgestellte Überwindung der Artbarriere innerhalb der Fledermausarten möglicherweise erklären (diese Studie BatGHV5, WIBBELT et al. 2007). Der Nachweis einer erhöhten Anzahl an Jungtierinfektionen weist zudem darauf hin, dass Herpesvirusinfektionen in den Wochenstuben durch die Mutter- auf die Jungtiere übertragen werden. Insgesamt konnten die Herpesvirusinfektionen bei den betroffenen Tieren weder mit entzündlichen Organveränderungen noch

mit Todesfällen in einen direkten Zusammenhang gebracht werden (diese Studie, WIBBELT et al. 2007).

4.5 Parasitologische Untersuchungen

Parasitäre Infektionen bei freilebenden Wildtieren verlaufen häufig ohne klinische Relevanz, allerdings kann ein schwerer Befall durchaus zu Todesfällen oder einer eingeschränkten Reproduktion führen (HART 1992). Informationen zur Dynamik von Infektionen bei freilebenden Fledermäusen stammen überwiegend von parasitologischen Studien (z. B. ZAHN & RUPP 2004, LUČAN 2006, TER HOFSTEDÉ & FENTON 2005). Hierbei werden vor allem die Individuendichte, Quartierwahl und Quartierwechsel als bedeutende Faktoren hinsichtlich der individuellen und artspezifischen Unterschiede bei parasitären Infektionen angeführt (ZAHN & RUPP 2004, LUČAN 2006, CHRISTE et al. 2007). Innerhalb der europäischen Glattnasen-Fledermausarten sind geschlechtsspezifische Unterschiede im Parasitenbefall vordergründig mit den saisonalen physiologischen Schwankungen durch Reproduktion und Laktation und mit der Ausbildung von Wochenstuben assoziiert (ZAHN & RUPP 2004, CHRISTE et al. 2000, 2007). Zudem zeigten sich in unserer Studie artspezifische saisonale Variationen bei *Nyctalus noctula* und *Myotis daubentonii*, die vergleichbar mit den Ergebnissen von ZAHN & RUPP (2004) mit einer höheren Ektoparasitenprävalenz im Frühling und Herbst einhergingen.

Interessanterweise fanden sich in unserer Studie klare Unterschiede im Ekto- und Endoparasitenbefall innerhalb der einzelnen Fledermausarten. Fledermäuse, die vorwiegend in Bäumen oder Fledermauskästen ihr Quartier beziehen, wie *Nyctalus noctula* (43 %) und *Myotis daubentonii* (25 %), wiesen im Vergleich zu den anderen Fledermausarten (5-12 %) häufiger einen Ektoparasitenbefall auf. Entsprechende Beobachtungen wurden auch von Fledermäusen dokumentiert, die abgeschlossene Quartiere wie Baumhöhlen und andere Hohlräume bevorzugen (TER HOFSTEDÉ & FENTON 2005, PATTERSON et al. 2007), was

die Vermutung nahe legt, dass die Beschaffenheit der Quartiere und das dort vorherrschende Mikroklima das Überleben der Ektoparasiten und die Reinfektion der Fledermäuse begünstigen. Hingegen wiesen die artspezifischen Unterschiede im Endoparasitenbefall auf einen direkten Zusammenhang mit der Körpergröße der einzelnen Fledermausarten hin. Vor allem große Arten waren in unserer Studie häufiger parasitiert, was möglicherweise auf ein breiteres Nahrungsspektrum an Beutetieren einschließlich stark chitinhaltiger Insekten zurückzuführen ist, die von kleineren Arten eher gemieden werden (AGUIRRE et al. 2003, FELDHAMMER et al. 2009, JOHNSON et al. 2010). Diese Vermutung wird weiterhin gestützt von dem deutlichen Anstieg der Befallsraten in den subadulten und adulten Tieren, während Jungtiere, die sich noch vorwiegend von Milch ernähren, hingegen nur eine geringe Endoparasitenprävalenz aufwiesen.

5 Schlussfolgerungen

Während eine Vielzahl von Veröffentlichungen auf den Nachweis von spezifischen Pathogenen in verschiedenen *Chiroptera*-Spezies beschränkt ist, zeigen wir in unserer Studie die Revalenz von Krankheiten und Infektionserregern für die Fledermäuse selbst. Neben Traumen und ungeklärten Sterblichkeiten machten Krankheiten ein Drittel der festgestellten Todesursachen in den 486 untersuchten Fledermäusen aus. Verletzungen (vorwiegend Frakturen und Flughautzerreißen im Bereich der Flughand) stellten eine weitere bedeutende Todesursache bei den verstorbenen Fledermäusen dar. Eine Predation durch Hauskatzen wurde bei annähernd der Hälfte der Tiere als direkte Ursache des Traumas diagnostiziert. Der Vergleich der pathologischen und bakteriologischen Untersuchungsergebnisse ermöglichte zudem den Nachweis von 22 verschiedenen bakteriellen Spezies, die ursächlich für entzündliche Organveränderungen und/oder systemische Infektionen bei den Fledermäusen waren. Mindestens 12 % der untersuchten Tiere verstarben an einer bakteriellen, viralen oder parasitären Infektion. Die hier beschriebenen Untersuchungen

zum Gesundheitsstatus der einheimischen Fledermäuse helfen Einzelerkrankungen rechtzeitig zu erkennen und die möglichen Erreger-Wirt-Interaktionen zu verstehen, um unter anderem verletzte und kranke Tiere gezielter zu behandeln und erfolgreich wieder auszuwildern. Diese Informationen können weiterhin dazu beitragen, eine Ausbreitung von Infektionen innerhalb einer Population oder auf andere Arten einzuschränken oder möglicherweise sogar zu verhindern, um den Schutz der gefährdeten europäischen Fledermausarten zu gewährleisten.

Danksagung

Unser ganz besonderer Dank geht an die Aktiven im Fledermausschutz für ihr hohes Engagement und die Bereitschaft Fledermaustierkörper für unsere Studie zur Verfügung zu stellen, vor allem an das Berliner Artenschutz Team (BAT) e. V. mit seinem Leiter JÖRG HARDE, des weiteren an Dr. FLORIAN BRANDES, IRENE FREY-MANN, HARTMUT GEIGER, Dr. JOACHIM HAENSEL, LUTZ ITTERMANN, MARGARETE KISTLER, MECHTHILD KREDLER, SUSANNE MORGENROTH, ELKE MÜHLBACH, Dr. KERSTIN MÜLLER, RENATE PFEIFFER, SUSANNE ROSENAU, RICHARD STRAUB, Dr. GÜNTHER STRAUSS, Dr. ANDREAS ZAHN und dem Ehepaar WALTRAUD und HELMUT ZOELS – ohne sie wäre diese Arbeit nicht möglich gewesen. Weiterhin möchten wir uns bei NADINE JAHN, CLAUDIA KOHL, JEANETTE KLIEMT, DORIS KRUMNOW, RENÉ LESNIK, DIETMAR LIECKFELDT, PATRYCIA MACHNOWSKA und MICHAEL SONNTAG für ihre exzellente Assistenz in der Histologie, Bakteriologie und Virologie bedanken und bei der Adolf und Hildegard Isler-Stiftung, der Klara Samariter-Stiftung und der FAZIT Stiftung für die finanzielle Unterstützung.

Schrifttum

- AGUIRRE, L. F., HERREL, A., VAN DAMME, R., & MATTHYSEN, E. (2003): The implication of food hardness for diet in bats. *Funct. Ecol.* **17**, 201-212.
- CALISHER, C. H., CHILDS, J. E., FIELD, H. E., HOLMES, K. V., & SCHOINTZ, T. (2006): Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin. Microbiol. Rev.* **19**, 531-545.
- CHRISTE, P., ARLETTAZ, R., & VOGEL, P. (2000): Variation of intensity of a parasitic mite (*Spinturnix myotis*) in relation to the reproductive cycle and immunocompetence of its bat host (*Myotis myotis*). *Ecol. Letters* **3**, 207-212.
- , GLAIZOT, O., EVANNO, G., BRUYNDONCKX, N., DEVEVEY, G., YANNIC, G., PATTHEY, P., MAEDER, A., VOGEL, P., & ARLETTAZ, R. (2007): Host sex and ectoparasites choose: preference for, and higher survival on female host. *J. Anim. Ecol.* **76**, 703-710.
- DACHEUX, L., LATTOS, F., MAILLES, A., BOISSELEAU, D., DELMAS, O., BIRON, C., BOUCHIER, C., CAPEK, I.,

- MULLER, M., ILARIC, F., LAFRANC, T., RAFFI, F., GOUDAL, M., & BOURHY, H. (2009): European bat lyssavirus transmission among cats, Europe. *Emerg. Infect. Dis.* **15**, 280-284.
- DAFFNER, B. L. (2001): Causes of morbidity and mortality in British bat species and prevalence of selected zoonotic pathogens. Thesis for MSc in Wild Animal Health, Univ. London.
- DEAN, D., & ABELSETH, M. K. (1996): The fluorescent antibody test, p. 88-95. In: MESLIN, F. X., KAPLAN, M. M., & KOPROWSKI, H. (eds.): *Laboratory Techniques in Rabies*. 4th ed. World Health Organization.
- DE SOUZA LUNA, L. K., HEISER, V., REGAMEY, N., PANNING, M., DREXLER, J. F., MULANGU, S., POON, L., BAUMGARTEN, S., HAIJEMA, B. J., KAISER, L., & DROSTEN, C. (2007): Generic detection of coronaviruses and differentiation at the prototype strain level by reverse transcription-PCR and nonfluorescent low-density microarray. *J. Clin. Microbiol.* **45**, 1049-1052.
- DREXLER, J. F., CORMAN, V. M., WEGNER, T., TATENO, A. F., ZERBINATI, R. M., GLOZA-RAUSCH, F., SEEBENS, A., MÜLLER, M. A., & DROSTEN, C. (2011): Amplification of emerging viruses in a bat colony. *Emerg. Infect. Dis.* **17**, 449-456.
- DUIGNAN, P., HORNER, G., & O'KEEFE, J. (2003): Infectious and emerging diseases of bats, and health status of bats in New Zealand. *Surveillance* **30**, 15-18.
- EVANS, N. J., BOWN, K., TIMOFTE, D., SIMPSON, V. R., & BIRTLES, R. J. (2009): Fatal borreliosis in bat caused by relapsing fever spirochete, United Kingdom. *Emerg. Infect. Dis.* **15**, 1331-1333.
- EVERMANN, J. F., & BENFIELD, D. A. (2001): Chapter 13. Coronaviral infections, p. 245-253. In: WILLIAMS, E. S., & BARKER, I. K. (eds.): *Infectious Diseases of Wild Mammals*. 3rd ed. Iowa State Univ. Press.
- FELDHAMMER, G. A., CARTER, T. C., & WHITAKER, J. O. jr. (2009): Prey consumed by eight species of insectivorous bats from Southern Illinois. *Amer. Midl. Natural.* **162**, 43-51.
- FREULING, C., BEER, M., CONRATHS, F. J., FINKE, S., HOFFMANN, B., KELLER, B., KLIEMT, J., METTENLEITER, T. C., MÜHLBACH, E., TEIFKE, J. P., WOHLSEIN, P., & MÜLLER, T. (2011): Novel lyssavirus in Natterer's bat, Germany. *Emerg. Infect. Dis.* **17**, 1519-1522.
- , GROSSMANN, E., CONRATHS, F., SCHAMEITAT, A., KLIEMT, J., AUER, E., GREISER-WILKE, I., & MÜLLER, T. (2008): First isolation of EBLV-2 in Germany. *Vet. Microbiol.* **131**, 26-34.
- GEORGE, D. B., WEBB, C. T., FARNSWORTH, M. L., O'SHEA, T. J., BOWEN, R. A., SMITH, D. L., STANLEY, T. R., ELLISON, L. E., & RUPPRECHT, C. E. (2011): Host and viral ecology determine bat rabies seasonality and maintenance. *Proceed. Nat. Acad. Science, USA*, **108**, 10208-10213.
- GLOZA-RAUSCH, F., IPSEN, A., SEEBENS, A., GÖTTSCHE, M., PANNING, M., DREXLER, J. F., PETERSEN, N., ANNAN, A., GRYWNA, K., MÜLLER, M., PFEFFERLE, S., & DROSTEN, C. (2008): Detection and prevalence patterns of group I coronaviruses in bats, northern Germany. *Emerg. Infect. Dis.* **14**, 626-631.
- GRUBER, A. D., SCHULZE, C. A., BRÜGMANN, M., & POHLENZ, J. (1996): Renal coccidiosis with cystic tubular dilatation in four bats. *Vet. Pathology* **33**, 442-445.
- HAJKOVA, P., & PIKULA, J. (2007): Veterinary treatment of evening bats (*Vespertilionidae*) in the Czech Republic. *Vet. Record* **161**, 139-140.
- HARRIS, S. L., BROOKES, S. M., JONES, G., HUTSON, A. M., RACEY, P. A., AEGERTER, J., SMITH, G. C., MCELHINNEY, L. M., & FOOKS, A. R. (2006): European bat lyssaviruses: distribution, prevalence and implications for conservation. *Biol. Conserv.* **131**, 193-210.
- HART, B. L. (1992): Behavioral adaptations to parasites: an ethological approach. *J. Parasitol.* **78**, 256-265.
- JOHNSON, N., VOS, A., FREULING, C., TORDO, N., FOOKS, A. R., & MÜLLER, T. (2010): Human rabies due lyssavirus infection of bat origin. *Vet. Microbiol.* **142**, 151-159.
- JOHNSON, P. T. J., DOBSON, A., LAFFERTY, K. D., MARCOGLIESE, D. J., MEMMOTT, J., ORLOFSKE, S. A., POULIN, R., & THIELTGES, D. W. (2010): When parasites become prey: ecological and epidemiological significance of eating parasites. *Trends Ecol. Evolut.* **25**, 362-371.
- KLEMPA, B., FICHET-CALVET, E., LECOMPT, E., AUSTE, B., ANISKIN, V., MEISEL, H., DENYS, C., KOIVOGUI, L., TER MEULEN, J., & KRÜGER, D. H. (2006): Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg. Infect. Dis.* **12**, 838-840.
- KÜBBER-HEISS, A., & REIFINGER, M. (1999): Cardiopulmonary filariasis in bats (*Microchiroptera*) in Austria. *Erkrank. Zootiere* **39**, 423-427.
- KUNZ, T. H., BRAUN DE TORREZ, E., BAUER, D., LOBOVA, T., & FLEMING, T. H. (2011): Ecosystem services provided by bats. *Ann. New York Acad. Sciences* **1223**, 1-23.
- KUZMIN, I. V., BOZICK, B., GUAGLIARDO, S. A., KUNKEL, R., SHAK, J. R., TONG, S., & RUPPRECHT, C. E. (2011): Bats, emerging infectious diseases, and the rabies paradigm revisited. *Emerg. Health Threats Journ.* **4**, 7159.
- , & RUPPRECHT, C. E. (2007): Bat rabies, p. 259-307. In: JACKSON, A. C., & WUNNER, W. (eds.): *Rabies*. 2nd ed. Acad. Press, New York.
- LUČAN, R. K. (2006): Relationships between the parasitic mite *Spinturnix andegavinus* (Acari: Spinturnicidae) and its bat host, *Myotis daubentonii* (Chiroptera: Vespertilionidae): seasonal, sex- and age-related variation in infestation and possible impact of the parasite on the host condition and roosting behavior. *Fol. Parasitol.* **53**, 147-152.
- MÜHLDOERFER, K., SCHWARZ, S., FICKEL, J., WIBBELT, G., & SPECK, S. (2011): Genetic diversity of *Pasteurella* species isolated from European vespertilionid bats. *Vet. Microbiol.* **149**, 163-171.
- , WIBBELT, G., HAENSEL, J., RIEHM, J., & SPECK, S. (2010): *Yersinia* species isolated from bats, Germany. *Emerg. Infect. Dis.* **16**, 578-580.
- MÜLLER, T., JOHNSON, N., FREULING, C. M., FOOKS, A. S., SELHORST, T., & VOS, A. (2007): Epidemiology of bat rabies in Germany. *Arch. Virol.* **152**, 273-288.

- PATTERSON, B. D., DICK, C. W., & DITTMAR, K. (2007): Roosting habits of bats affect their parasitism by bat flies (*Diptera: Streblidae*). *J. Trop. Ecol.* **23**, 177-189.
- PETERSON, J. W. (1996): Chapter 7. Bacterial Pathogenesis. In: BARON, S. (ed.): *Medical Microbiology*. 4th ed. Galveston (TX): Univ. Texas Medical Branch at Galveston.
- RIHTARIC, D., HOSTNIK, P., STEYER, A., GROM, J., & TOPLAK, I. (2010): Identification of SARS-like coronavirus in horseshoe bats (*Rhinolophus hipposideros*) in Slovenia. *Arch. Virol.* **155**, 507-514.
- SÁNCHEZ-SECO, M. P., ROSARIO, D., DOMINGO, C., HERNÁNDEZ, L., VALDÉS, K., GUZMÁN, M. G., & TENORIO, A. (2005): Generic RT-nested-PCR for detection of flaviviruses using degenerated primers and internal control followed by sequencing for specific identification. *J. Virol. Methods* **126**, 101-109.
- SCHNEIDER, L. G., BARNARD, B. J. H., & SCHNEIDER, H. P. (1985): Application of monoclonal antibodies for epidemiological investigations and oral vaccination studies, p. 47-59. In: KUWERT, E., MÉRIEUX, C., KOPROWSKI, H., & BÖGEL, K. (eds.): *Rabies in the Tropics*. Springer, Berlin.
- SIMPSON, V. R. (1994): Pathological conditions in British bats. *Proc. Wildlife Dis. Assoc., First Europ. Conf.* 1994 Nov 22-24, p. 47. Paris.
- (2000): Veterinary advances in the investigation of wildlife diseases in Britain. *Res. Vet. Science* **69**, 11-16.
- SONNTAG, M., MÜHLDOERFER, K., SPECK, S., WIBBELT, G., & KURTH, A. (2009): New adenovirus in bats, Germany. *Emerg. Infect. Dis.* **15**, 2052-2055.
- SPACKMAN, E., SENNE, D. A., MYERS, T. J., BULAGA, J. L., GARBER, L. P., PERDUE, M. L., LOHMAN, K., DAUM, L. T., & SUAREZ, D. L. (2002): Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. *J. Clin. Microbiol.* **40**, 3256-3260.
- TALAN, D. A., CITRON, D. M., ABRAHAMIAN, F. M., MORAN, G. J., & GOLDSTEIN, E. J. C. (1999): Bacteriologic analysis of infected dog and cat bites. *The New England J. Med.* **340**, 85-92.
- TER HOFSTEDE, H. M., & FENTON, M. B. (2005): Relationships between roost preferences, ectoparasite density, and grooming behaviour of neotropical bats. *J. Zool., Lond.*, **266**, 333-340.
- WALTHER, B., WIELER, L. H., FRIEDRICH, A. W., HANSSEN, A.-M., KOHN, B., BRUNNBERG, L., & LÜBKE-BECKER, A. (2008): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from small and exotic animals at a university hospital during routine microbiological examinations. *Vet. Microbiol.* **127**, 171-178.
- WEBSTER, W. A., & CASEY, G. A. (1996): Virus isolation in neuroblastoma cell culture, p. 96-103. In: MESLIN, F. X., KAPLAN, M. M., & KOPROWSKI, H. (eds.): *Laboratory Techniques in Rabies*. 4th ed. World Health Organization.
- WIBBELT, G., KURTH, A., YASMUM, N., BANNERT, M., NAGEL, S., NITSCHKE, A., & EHLERS, B. (2007): Discovery of herpesviruses in bats. *J. Gen. Virol.* **88**, 2651-2655.
- , SPECK, S., & FIELD, H. (2009): Methods for assessing diseases in bats, p. 775-794. In: KUNZ, T. H., & PARSONS, S. (eds.): *Ecological and Behavioral Methods for the Study of Bats*. 2nd ed. The Johns Hopkins Univ. Press.
- WOODS, M., McDONALD, R. A., & HARRIS, S. (2003): Predation of wildlife by domestic cats *Felis catus* in Great Britain. *Mamm. Rev.* **33**, 174-188.
- ZAHN, A., & RUPP, D. (2004): Ectoparasite load in European vespertilionid bats. *J. Zool., Lond.*, **262**, 383-391.