

Verbreitung, Uebertragung und genetische Typisierung von bovinen Babesien in der Schweiz

Peter Deplazes¹, Alexander Mathis¹, Heidi Hilpertshauser¹, Nicole Schmid¹, Hans Lutz², Lise Gern³

¹Institut für Parasitologie, ²Veterinärmedizinisches Labor, Universität Zürich, CH-8057 Zürich, ³Institut de Zoologie, Université Neuchâtel, CH-2000 Neuchâtel.

Schlüsselwörter

Bovine Babesien, Diagnostik, molekulare Charakterisierung, Zecken

Problemstellung und Zielsetzung

Unerwartete Ausbrüche von durch Zecken übertragenen, bovinen Babesien (*B. bigemina* in einem Rinderbestand, *B. divergens* in Gämsen) haben in der Schweiz Aufmerksamkeit erregt. In diesem Projekt wurde die serologische (IFAT) und molekulare (PCR) Diagnostik von bovinen Babesien entwickelt und evaluiert sowie die Epidemiologie dieser Erreger durch molekulargenetische Charakterisierung der Isolate und der Bestimmung des Spektrums von Babesien in Zecken in drei Gebieten der Schweiz untersucht.

Material und Methoden

IFAT wurde mit definierten Rinderseren validiert und verschiedene genetische Loci wurden als Zielsequenz für diagnostische PCRs geprüft. Babesien-Isolate aus der Schweiz und aus dem Ausland wurden an mehrere Loci typisiert. Zecken von Nutztieren (v.a. Schafe, Ziegen und Rinder), von Wild (Rehe, Gämsen und Hirsche) und aus der Umwelt wurde morphologisch bestimmt und mittels PCR auf Babesien untersucht.

Ergebnisse und Bedeutung

Der IFAT zeigte eine gute Sensitivität (73%), doch lässt er keine Art-spezifische Diagnose zu. Er ist somit geeignet, um eine Rinder-Population auf Antikörper gegen *B. divergens* zu überprüfen, und der Test wurde zur Akkreditierung im Jahre 2007 eingereicht (Diagnostikzentrum, Institut für Parasitologie, Universität Zürich).

Die diagnostischen PCRs erlauben, die verschiedenen Babesia-Arten/Genotypen entweder direkt oder nach Sequenzierung zu identifizieren. Die genetischen Analysen von *B. bigemina* ergaben den höchsten Verwandtschaftsgrad mit einem Spanischen Isolat, doch konnten keine klaren Aussagen über die Herkunft des Schweizer Isolates gemacht werden, und der Weg der Einschleppung bleibt unklar. Die Untersuchung von über 2000 gesammelten Zecken (hauptsächlich *Ixodes ricinus*, vereinzelt *Dermacentor marginatus* und *Haemaphysalis punctata*) war negativ auf *B. bigemina*, womit kein Hinweis auf dessen Etablierung in der Schweiz besteht. Hingegen konnten in diesen Zecken *Babesia* sp. EU1, ein zoonotischer Genotyp, *B. divergens*, *B. major* und ein neuer Genotyp, *Babesia* sp. CH1 identifiziert werden. Während nur die ersten beiden *Babesia* spp in Zecken von Nutztieren gefunden wurden, konnten alle vier in Zecken von Wild identifiziert werden, was die Frage nach deren Rolle als Reservoirwirten aufwirft.

Publikationen, Poster und Präsentationen

Hilpertshauser, H. P.; Deplazes, M.; Schnyder, L.; Gern, A.; Mathis. (2006) *Babesia* spp. identified by PCR in ticks collected from domestic and wild ruminants in southern Switzerland. *Appl. Environ. Microbiol.* 72: 6503-6507.

Mathis, A.; Hilpertshauser, H.; Deplazes, P. (2006) Piroplasmen der Wiederkäuer in der Schweiz und zoonotische Bedeutung der Babesien. *Schweiz. Arch. Tierheilkd.* 148:151-159.

Hilpertshauser, H.; Deplazes, P.; Meli, M.L.; Hofmann-Lehmann, R.; Lutz, H.; Mathis, A. (2007) Genotyping of *Babesia bigemina* from cattle from a non-endemic area (Switzerland). *Vet. Parasitol.* 145: 1-2, 59

Jahrestagung Schweiz. Ges. Tropenmed. Parasitol., Monte Verità, 3.-4.11.2005

Hoby, S.; Robert, N.; Meli, M.; Mathis, A.; Deplazes, P.; Lutz, H.; Schmid, N.; Ryser, M.-P. (2006) „Fatal *Babesia divergens* infection in free-ranging chamois (*Rupicapra r. rupicapra*) in Switzerland“. VII Conf. Europ. Wildl. Dis. Assoc., Aosta Valley (Italy), September 27-30, 2006. (Poster)

Projekt 1.04.05

Projektdauer Februar 2005 - Februar 2007