

Aus dem Friedrich-Loeffler-Institut
eingereicht über
den Fachbereich Veterinärmedizin
der Freien Universität Berlin

**Zur Epidemiologie des Bunthörnchen-Bornavirus 1
in Hörnchenhaltungen in Deutschland und Europa**

Inaugural-Dissertation
zur Erlangung des Grades eines
Doktors der Veterinärmedizin
an der
Freien Universität Berlin

vorgelegt von
Valerie Allendorf
Tierärztin aus Darmstadt

Berlin 2021
Journal-Nr.: 4272

Aus dem Friedrich-Loeffler-Institut
eingereicht über
den Fachbereich Veterinärmedizin
der Freien Universität Berlin

Zur Epidemiologie des Bunthörnchen-Bornavirus 1 in Hörnchenhaltungen in Deutschland und Europa

Inaugural-Dissertation

zur Erlangung des Grades eines
Doktors der Veterinärmedizin
an der
Freien Universität Berlin

vorgelegt von

Valerie Allendorf

Tierärztin
aus Darmstadt

Berlin 2021

Journal-Nr. 4272

Gedruckt mit Genehmigung des Fachbereichs Veterinärmedizin
der Freien Universität Berlin

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Jürgen Zentek
Erster Gutachter: Prof. Dr. Franz Josef Conraths
Zweiter Gutachter: Prof. Dr. Martin G. Beer
Dritter Gutachter: Univ.-Prof. Dr. Marcus Doherr

Deskriptoren (nach CAB-Thesaurus):

squirrels, Bornavirus, zoos, households, epidemiology, population, Germany, Europe

Tag der Promotion: 04.05.2021

Bibliografische Information der *Deutschen Nationalbibliothek*

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <<https://dnb.de>> abrufbar.

ISBN: 978-3-96729-109-4

Zugl.: Berlin, Freie Univ., Diss., 2021

Dissertation, Freie Universität Berlin

D188

Dieses Werk ist urheberrechtlich geschützt.

Alle Rechte, auch die der Übersetzung, des Nachdruckes und der Vervielfältigung des Buches, oder Teilen daraus, vorbehalten. Kein Teil des Werkes darf ohne schriftliche Genehmigung des Verlages in irgendeiner Form reproduziert oder unter Verwendung elektronischer Systeme verarbeitet, vervielfältigt oder verbreitet werden.

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Warenbezeichnungen, usw. in diesem Werk berechtigt auch ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von jedermann benutzt werden dürfen.

This document is protected by copyright law.

No part of this document may be reproduced in any form by any means without prior written authorization of the publisher.

alle Rechte vorbehalten | all rights reserved

© Mensch und Buch Verlag 2021

Choriner Str. 85 - 10119 Berlin

verlag@menschundbuch.de – www.menschundbuch.de

Inhaltsverzeichnis

1	Abkürzungsverzeichnis	6
2	Abbildungsverzeichnis	8
3	Tabellenverzeichnis	10
4	Einleitung	11
4.1	Motivation	11
4.2	Zielsetzung	12
5	Literaturübersicht	13
5.1	Exotische Säugetiere in Deutschland	13
5.1.1	Rechtlicher Hintergrund zu Haltung und Handel von exotischen Säugetieren.....	13
5.2	Hörnchen und deren Haltung	15
5.2.1	Familie der Hörnchen.....	15
5.2.2	Rechtlicher Rahmen für den Handel und die Haltung von Hörnchen....	16
5.2.3	Private Haltung von Hörnchen	17
5.2.4	Hörnchen in Zoos.....	18
5.3	Zoonotische Bornaviren.....	18
5.3.1	Borna Disease Virus 1 als Prototyp der Säugetier-Orthobornaviren	20
5.3.2	Das Bunthörnchen-Bornavirus 1	21
5.4	Epidemiologische Studien	31
5.4.1	Observationsstudien	32
5.4.2	Querschnittsstudie zur Schätzung der Prävalenz	33
5.4.3	Epidemiologische Untersuchungen zur Nachverfolgung einer Infektionskette.....	34
5.5	Survey-Designs	34
5.5.1	Mixed-mode Surveys	36

6	Material & Methoden	38
6.1	Vorabrecherche über mögliche Kommunikationsplattformen	38
6.2	Hörnchenhaltungsregister	39
6.2.1	Einteilung der Haltungen.....	39
6.2.2	Register privater Haltungen	40
6.2.3	Register der Zoothaltungen	42
6.2.4	Statistische Auswertung.....	43
6.3	Querschnittsstudien.....	44
6.3.1	Berechnung des Stichprobenumfangs	44
6.3.2	Beprobung und Diagnostik.....	45
6.3.3	Datenkonsolidierung und -analyse.....	46
6.4	Analyse des Hörnchenhandels.....	46
6.4.1	Allgemein öffentlicher Verkauf von Hörnchen	46
6.4.2	Spezielle Ermittlung des Kontaktnetzwerks im Hörnchenhandel	47
7	Ergebnisse	50
7.1	Vorabrecherche über mögliche Kommunikationsplattformen	50
7.2	Hörnchenhaltungsregister	51
7.2.1	Private Haltungen	51
7.2.2	Register der Zoothaltungen	55
7.3	Querschnittsstudien.....	59
7.3.1	Private Hörnchenhaltungen	59
7.3.2	Hörnchenhaltungen in Zoos.....	63
7.4	Analyse des Hörnchenhandels.....	67
7.4.1	Öffentlicher kommerzieller und nicht-kommerzieller Verkauf von Hörnchen	67
7.4.2	Ermittlung der Kontaktnetzwerke im Hörnchenhandel	69

Inhaltsverzeichnis

8	Diskussion.....	82
8.1	Hörnchenhaltungsregister	82
8.2	Querschnittsstudien.....	85
8.2.1	Stichprobenberechnung.....	85
8.2.2	Probennahme und Analyse der Proben	87
8.2.3	Ergebnis der Prävalenzschätzung	88
8.3	Handel und Kontaktnetzwerk.....	91
8.3.1	Öffentlicher kommerzieller und nicht-kommerzieller Handel mit Hörnchen	91
8.3.2	Ermittlung der Kontaktnetzwerke im Hörnchenhandel	93
8.4	Schlussfolgerungen	96
9	Zusammenfassung	99
10	Summary	100
11	Literaturverzeichnis.....	101
12	Verzeichnis der Rechtsvorschriften	120
13	Anhang	121
13.1	Online-Fragebogen	121
13.2	Gesamtbetrachtung der beprobten Populationen auf Einzeltierebene ...	128
13.2.1	Datensatz	128
14	Publikationsverzeichnis	150
14.1	Wissenschaftliche Artikel.....	150
14.2	Populärwissenschaftliche Artikel	150
14.3	Vorträge	150
14.4	Poster.....	151
15	Danksagung.....	153
16	Finanzierungsquellen.....	154
17	Selbstständigkeitserklärung	155

1 Abkürzungsverzeichnis

BAG	Bundesarbeitsgruppe Kleinsäuger
BNITM	Bernhard Nocht-Institut für Tropenmedizin
BoDV-1	Borna Disease Virus 1
bzw.	beziehungsweise
CI	Konfidenzintervall
CITES	Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora
DTG	Deutsche Tierpark-Gesellschaft
EAZA	European Association of Zoos and Aquaria
EG	Europäische Gemeinschaft
EID	Emerging Infectious Disease
ELISA	Enzyme-linked immunosorbent assay
EU	Europäische Union
FLI	Friedrich-Loeffler-Institut
ggf.	gegebenenfalls
i. d. R.	in der Regel
iIFT	indirekter Immunfluoreszenztest
OIE	Office International des Epizooties (Weltorganisation für Tiergesundheit)
PCR	Polymerase-Chain-Reaction
RKI	Robert Koch-Institut
RNA	Ribonukleinsäure
RT-qPCR	Reverse transcription quantitative polymerase chain reaction
TAG	Taxon Advisory Group
TRACES	Trade Control and Expert System
TSN	Tierseuchennachrichten-System
ü/NN	über Normalnull
VO	Verordnung

Abkürzungsverzeichnis

VSBV-1	Variegated Squirrel Bornavirus 1
ZIMS	Zoo Information Management System
ZNS	Zentrales Nervensystem
ZZF	Zentralverband Zoologischer Fachbetriebe

2 Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Darstellung der Schnittstellen zwischen Mensch, Haustier und Wildtieren	11
Abbildung 2: Phylogenie der Familie Sciuridae	16
Abbildung 3: Schematischer Aufbau des Virions eines Vertreters der Familie Bornaviridae	19
Abbildung 4: Genomorganisation der Vertreter der Bornaviridae	19
Abbildung 5: Phylogenie des Genus Orthobornavirus	20
Abbildung 6: Karte der Verbreitungsgebiete der Unterarten von <i>Sciurus variegatoides</i>	24
Abbildung 7: Karte der Verbreitungsgebiete von Prevost-Hörnchen in Südost-Asien	25
Abbildung 8: Hypothese des Spill-Overs von VSBV-1 aus dem Reservoirtier Hörnchen	26
Abbildung 9: Phylogenetische Analyse von Vollgenom-Isolaten des Bunthörnchen-Bornavirus 1 und anderen Mitgliedern der Familie der <i>Bornaviridae</i>	30
Abbildung 10: Bekannter Tierverkehr zwischen Beständen mit VSBV-1-positiven Bunthörnchen (VS), Prevost-Hörnchen (PS) oder Humanfällen, 2000-2014	31
Abbildung 11: Schema des Rahmenkonzepts der Risikoanalyse nach den Vorgaben der OIE	32
Abbildung 12: Taxonomie von Survey-Fehlern	35
Abbildung 13: Schematischer Aufbau einer Haltung von drei verschiedenen Hörnchenarten	40
Abbildung 14: Ausschnitt aus dem europäischen Monitoring-Zuchtbuch für Prevost-Hörnchen der EAZA	48
Abbildung 15: CONSORT-Diagramm zur Vorgehensweise und Prozess der Registrierung der Hörnchenpopulation in privaten Haushalten in Deutschland	52
Abbildung 16: Tree-Map der Häufigkeitsverteilung der Subpopulationen nach Arten und Unterfamilien in der registrierten privaten Population	53
Abbildung 17: Boxplot-Grafik zur Verteilung der Individuenanzahl der registrierten Subpopulationen nach Hörnchenart und Unterfamilie in der privaten Population	55

Abbildung 18: CONSORT-Diagramm zur Vorgehensweise und Prozess der Registrierung der Hörnchenpopulation und Subpopulationen in Zoos in Deutschland.	56
Abbildung 19: Tree-Map der Häufigkeitsverteilung nach Arten der registrierten Zoo-Subpopulationen.	57
Abbildung 20: Boxplot-Grafik zur Verteilung der Individuenanzahl in den registrierten Subpopulationen nach Hörnchenart und Unterfamilie in der Zoo-Population.	59
Abbildung 21: Stratifizierte Anzahlen der registrierten Subpopulationen (blau), der für die Stichprobe erforderlichen Probenzahl (orange) und des tatsächlichen Probeneingangs mit dem Ergebnis (grün und rot) für die private Population	62
Abbildung 22: Darstellung der Punktschätzer der adjustierten Prävalenz von 2015-2017 und der in der Querschnittsstudie ermittelten apparenten Prävalenz 2018-2020 für die private Population	63
Abbildung 23: Stratifizierte Anzahlen der registrierten Subpopulationen (blau), der für die Stichprobe erforderlichen Probenzahl (orange) und des tatsächlichen Probeneingangs mit dem Ergebnis (grün und rot) für die Zoo-Population.	65
Abbildung 24: Darstellung der Punktschätzer der adjustierten Prävalenz von 2015-2017 und der in der Querschnittsstudie ermittelten apparenten Prävalenz 2018-2020 für die Zoo-Population.	66
Abbildung 25: Frequenzen der Verkaufsanzeigen zu Hörnchen insgesamt und unterschieden nach Art bzw. Genera pro Jahr.	68
Abbildung 26: Temporales gerichtetes Handelsnetzwerk zwischen Beständen mit bestätigten oder vermuteten VSBV-1-Infektionen auf Subpopulationsebene.	74
Abbildung 27: Bayesianischer zeitabhängige phylogenetische Baum von VSBV-1, basierend auf vollständigen Genomsequenzen.	75
Abbildung 28: Temporales gerichtetes Handelssubnetzwerk zwischen Zoos mit bestätigten oder vermuteten VSBV-1-Infektionen auf Individuenebene.	79
Abbildung 29: Fragmentarisches temporales gerichtetes Handelssubnetzwerk zwischen Beständen E und R sowie Zoos J und L auf Individuenebene.	81
Abbildung 30: Überblick über die Probenanalyse auf Einzeltierebene	128

3 Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Übersicht über die von Schlottau et al. (2017a) untersuchten Einzeltiere nach Hörnchenart und Unterfamilie	23
Tabelle 2: Einordnungsschema und Verwendung der Such-Ergebnisse der Internetrecherche	38
Tabelle 3: Übersicht über die für die weitere Studienplanung relevanten Merkmale in privaten Haltungen und in Zoos	39
Tabelle 4: Übersicht über aufgefundene Plattformen zum Informationsaustausch zur Hörnchenhaltung	50
Tabelle 5: Übersicht über die Häufigkeiten nach Hörnchenarten in den registrierten privaten Subpopulationen im Vergleich zu den in der Pilotstudie in privaten Haltungen identifizierten Subpopulationen.....	54
Tabelle 6: Übersicht über die Häufigkeiten nach Hörnchenarten in den registrierten Zoo-Subpopulationen im Vergleich zu den in der Zoo-Pilotstudie identifizierten Subpopulationen.....	58
Tabelle 7: Querschnittsstudie in der Hörnchenpopulation in privatem Besitz: Übersicht über die Ergebnisse der Pilotstudie, des Registers und der Auswertung	61
Tabelle 8: Querschnittsstudie in der Hörnchenpopulation in Zoos: Übersicht über die Ergebnisse der Pilotstudie, des Registers und der Auswertung der Querschnittsstudie	64
Tabelle 9: Übersicht über die im Internet gefundenen Verkaufsportale mit Verkaufsanzeigen zu Hörnchen	67
Tabelle 10: Überblick über die in den Nachverfolgungsermittlungen untersuchten Haltungen und deren Subpopulationen.....	71
Tabelle 11: Datensatz über alle beprobten Einzeltiere innerhalb des Zeitraums der Querschnittsstudie von Januar 2018 bis Januar 2020	147
Tabelle 12: Übersicht über das Spezies- und Geschlechterverhältnis der im gesamten fünfjährigen Zeitraum nach Entdeckung von VSBV-1 im Jahr 2015 (Hoffmann et al. 2015) bis Januar 2020 befundeten Einzeltiere des privaten Sektors	148
Tabelle 13: Übersicht über das Spezies- und Geschlechterverhältnis der im gesamten fünfjährigen Zeitraum nach Entdeckung von VSBV-1 im Jahr 2015 (Hoffmann et al. 2015) bis Januar 2020 befundeten Einzeltiere des Zoosektors	149

4 Einleitung

4.1 Motivation

Schätzungen zufolge haben über drei Viertel der neu auftretenden Infektionskrankheiten des Menschen ihren Ursprung in Tieren (Taylor et al. 2001). Das Zusammenleben auf enger werdendem Raum und die Erschließung immer neuer Lebensräume durch den Menschen führt nicht nur zur Zurückdrängung, sondern auch zu mehr Kontakten von Menschen und domestizierten Haustieren mit Wildtieren und deren Pathogenen (**Abbildung 1**) (Chomel et al. 2007; Macdonald et al. 2006; Woolhouse et al. 2005; Daszak et al. 2000). Die Wahrscheinlichkeit einer Übertragung („Spill-Over“) auf den Menschen wird dadurch erhöht (Jones et al. 2008), wie unter anderem das Aufkommen des Humanen Immundefizienz-Virus (Morse 1995), die Ebola-Epidemien (Marí Saéz et al. 2015; Leendertz et al. 2006) sowie die durch zoonotische Coronaviren ausgelösten Epidemien (Zaki et al. 2012; Li et al. 2005) und die SARS-CoV-2-Pandemie (Zhou et al. 2020) belegen. Der anwachsende weltweite Handel mit landwirtschaftlichen Nutztieren, Haustieren und Zootieren verkürzt zudem die globalen Infektionsketten (Cunningham et al. 2017), sodass das Vordringen neuer Erreger in bisher naive Populationen erleichtert wird (Karesh et al. 2007). Parallel dazu

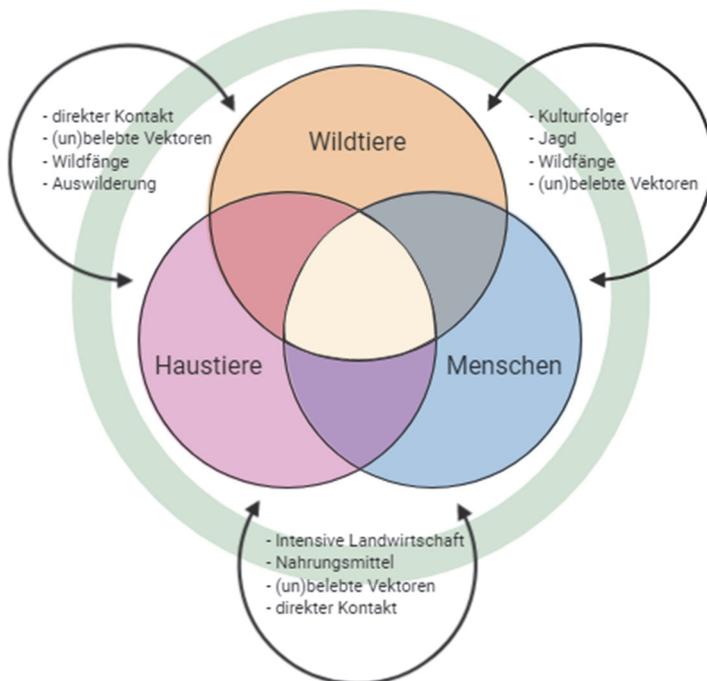


Abbildung 1: Darstellung der Schnittstellen zwischen Mensch, Haustier und Wildtieren und damit möglicher Übertragungswege zoonotischer Pathogene im Rahmen des modernen One-Health-Konzept, modifiziert nach Daszak et al. (2000)

steigt weltweit die Popularität von exotischen Haustieren unterschiedlicher Arten (Schuppli et al. 2014), wie auch in Deutschland aus Analysen von Handelsstatistiken und Verkaufsplattformen (Fischer 2015) und Schätzungen anhand steigender Verkaufszahlen von speziellem Zubehör und Futter (Zentralverband Zoologischer Fachbetriebe Deutschlands e.V. 2020) hervorgeht. Oft ohne Herkunftsnachweise und ungeachtet des Schutzstatus der Tiere in ihren Herkunftsländern lässt das im Internetzeitalter größer werdende Bestreben nach Individualität und Exotik im eigenen Wohnzimmer oder Hinterhof (Bush et al. 2014) den Markt bezüglich Exoten wachsen (Sung et al. 2018). Der Handel im Darknet vereinfacht zudem den Zugang zum Schwarzmarkt (Harrison et al. 2016; Lavorgna 2014).

Welchen potentiellen Gefahren und Risiken sich Halter*innen mit der Anschaffung ihres Haus-tieres aussetzen, ist vielen möglicherweise nicht bewusst bzw. weitgehend unbekannt (Moorhouse et al. 2017). Die Bandbreite an verschiedensten Arten, die ihren Weg in wenig geschulte Hände finden, übersteigt das Wissen um mögliche Krankheitserreger, welche mit den Tieren eingeschleppt werden könnten (Kuiken et al. 2005; Check 2004). Beispielsweise löste der Import einer Gambischen Beutelratte in die Vereinigten Staaten von Amerika in den 2000er Jahren eine Affenpocken-Endemie bei Menschen und einheimischen Präriehunden aus (Bernard et al. 2006; Guarner et al. 2004), Salmonelleninfektionen, insbesondere bei Kindern, wurden mit dem Besitz von Reptilien in Verbindung gebracht (Weiss et al. 2011) und selbst die „etablierte“ Haltung von Farbratten birgt das Risiko einer Kuhpockeninfektion (Becker et al. 2009).

Mit der Entdeckung des Bunthörnchen-Bornavirus 1 (VSBV-1) im Jahr 2015 wurde ein neues zoonotisches Pathogen in exotischen Haustieren gefunden, das nach der Übertragung auf den Menschen eine überwiegend tödlich verlaufende Enzephalitis verursachen kann (Tappe et al. 2019; Hoffmann et al. 2015). Die initialen Untersuchungen in Hörnchenhaltungen machten deutlich, wie wenig über die Haltung dieser Tiere bekannt ist. Dadurch wurde die Ermittlung von potentiell gefährdeten Bevölkerungsgruppen, die Intervention einer weiteren Erregerausbreitung und letztlich die Prävention weiterer Infektionen erheblich erschwert.

4.2 Zielsetzung

Die vorliegende Arbeit dient der Einschätzung der Expositionswahrscheinlichkeit von Menschen gegenüber VSBV-1 durch Kontakt zu infizierten Hörnchen. Dazu wurde zum einen das generelle Vorkommen und die Verbreitung von Hörnchenhaltungen in Deutschland erfasst, um die potentielle Risikopopulation einzugrenzen. Im gleichen Zug wurde ein Kommunikationskanal für die Weitergabe relevanter Information und neuer Erkenntnisse an Hörnchenhalter*innen geschaffen. In einem zweiten Schritt wurde die Prävalenz des Virus innerhalb der Population der gehaltenen Hörnchen in Deutschland bestimmt, um das von den Tieren ausgehende Risiko zu schätzen. Dabei wurden aufgrund fehlender Kenntnisse zur interspezifischen Suszeptibilität innerhalb der Familie der Hörnchen alle Arten der Familie erfasst und berücksichtigt.

Des Weiteren werden durch eingehende Befragung der Halter*innen der Handel und der Tausch von Hörnchen näher beleuchtet und dabei besonderer Wert auf Haltungen mit VSBV-1-positiven Tieren gelegt. So wurden Haltungen ermittelt, die durch das Vorhandensein eines VSBS-1-positiven Tieres potentiell gefährdet waren. Außerdem wurden mögliche Eintragsquellen für VSBV-1 identifiziert.

5 Literaturübersicht

5.1 Exotische Säugetiere in Deutschland

Die Dimension der Haltung exotischer Säugetiere bzw. nicht-traditioneller Haustiere in Deutschland und des Handels mit diesen Tieren ist aufgrund der Vielzahl an potentiell gehaltenen Arten und einer fehlenden allgemeinen Instanz auf Länder- oder Bundesebene zur Regulation oder Überwachung nicht bekannt. Wenige Studien haben versucht, das Ausmaß zu beziffern, um tierschutzrelevante Missstände (Erhard 2018; Krautwald-Junghanns 2018; Erhard 2017) aufzuzeigen oder das Vergehen gegen geltende Artenschutzbestimmungen (Fischer 2015) zu untersuchen. Diese Studien waren jeweils dadurch begrenzt, dass die private Haltung von Säugetieren vieler Arten und der Handel mit diesen von Seiten der Gesetzgebung und Veterinärbehörden wenig bis keine Beachtung erfuhren und damit schwer zu erfassen waren.

5.1.1 Rechtlicher Hintergrund zu Haltung und Handel von exotischen Säugetieren

Weltweit bildet das 1976 geschlossene Washingtoner Artenschutzabkommen (Übereinkommen über den internationalen Handel mit gefährdeten Arten freilebender Tiere und Pflanzen vom 3. März 1973, CITES) die Grundlage für Haltung und Handel mit exotischen Tieren. In der Europäischen Union (EU) ist es durch die Verordnung (EG) Nr. 338/97 des Rates über den Schutz von Exemplaren wildlebender Tier- und Pflanzenarten durch Überwachung des Handels (EU-Artenschutzverordnung) umgesetzt. In den zugehörigen Anhängen A, B und C werden besonders schützenswerte Arten aufgeführt, die einem generellen Handels- und Haltungsverbot unterliegen, von dem nur ausnahmsweise mit Erlaubnis der zuständigen Behörde abgewichen werden darf. Somit werden in der EU Ein- und Ausfuhr von Individuen dieser gelisteten Arten über das durch die Verordnung (EG) Nr. 865/2006 der Kommission vom 4. Mai 2006 implementierte *Trade Control and Expert System* (TRACES) erfasst. Die darüber hinaus geltenden tierseuchenrechtlichen Ein- oder Ausfuhr- sowie Verbringungsbestimmungen sind erregungs- und tierartgebunden und beziehen sich überwiegend auf wirtschaftlich relevante Tierseuchen (z.B. Maul- und Klauen-Seuche) oder Zoonosen, für die ein EU-weites Kontrollprogramm implementiert wurde (z.B. Tollwut). Sie finden sich in der Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich der Tiergesundheit. Im Bereich der nicht-kommerziellen Transporte von Heimtieren wird lediglich eine Überprüfung der deklarierten Angaben gefordert, sofern kein besonderer Tierseuchenverdacht besteht (§ 248 der Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016). Im Jahr 2014 wurde zudem durch die EU die Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Rates vom 22. Oktober 2014 über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung

invasiver gebietsfremder Arten erlassen (auch „Positivliste“ genannt), welche die Haltung und Zucht bestimmter als invasiv eingestufte Arten untersagt.

Auf der Ebene nationaler Gesetzgebung wird die Haltung und Zucht von nicht-traditionellen Haustieren im privaten Bereich über das Tierschutzgesetz (TierSchG), das Tiergesundheitsgesetz (TierGesG) sowie die Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung geregelt. Gemäß § 11 TierSchG unterliegt die kommerzielle Zucht von Wirbeltieren einer Erlaubnispflicht und wird somit behördlich erfasst. Im Tiergesundheitsgesetz wird das zuständige Bundesministerium ermächtigt, mit Rechtsverordnung, die der Zustimmung des Bundesrats bedarf, Vorschriften zur Tierseuchenprävention zu erlassen oder ein Monitoringsystem zu etablieren. Die Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung gilt nur für einige Säugetiergattungen und regelt u.a. die Genehmigungspflicht von Verbringungen dieser Arten innerhalb Deutschlands und der EU zu bestimmten Zwecken.

Handelt es sich bei den Tieren um in Deutschland endemische Arten, gilt das Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG), das diese Tierarten als besonders schützenswert einstuft und deren Entnahme aus der Natur im Allgemeinen verbietet. Lediglich Sonderregelungen, die eine Genehmigung der zuständigen unteren Naturschutzbehörde bedürfen, machen die kurzzeitige Aufnahme zur Pflege oder die längerfristige Haltung in Einzelfällen möglich.

Für zoologische Einrichtungen gelten EU-weit ebenfalls tierartspezifisch die genannten Regelungen, soweit die Ein- und Ausfuhr in und die Verbringung innerhalb der Mitgliedsstaaten betroffen ist (Verordnung (EG) Nr. 865/2006 der Kommission vom 4. Mai 2006 mit Durchführungsbestimmungen zur Verordnung (EG) Nr. 338/97 des Rates über den Schutz von Exemplaren wildlebender Tier- und Pflanzenarten durch Überwachung des Handels). In den meisten Fällen sind beim Transport Dokumente über den Ursprungszoo und damit der Nachweis über die Geburt in Gefangenschaft mitzuführen. Bei der Einfuhr werden an den entsprechenden Veterinärkontrollstellen ebenfalls tierart- und tierseuchenspezifisch vorgeschriebene Untersuchungen oder Quarantänemaßnahmen durchgeführt (Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich der Tiergesundheit).

Auf Ebene des Bundesrecht unterliegen zoologische Einrichtungen generell einer Erlaubnispflicht nach § 11 Absatz 1 Nummer 4 TierSchG sowie einer Genehmigungspflicht durch die untere Naturschutzbehörde nach § 42 BNatSchG. Alle gehaltenen Tierarten und Änderungen in der Haltung sind der Behörde zu melden. Die Daten bleiben jedoch bei der jeweiligen Behörde und werden nicht zentral gesammelt. So ist es zum Beispiel nicht möglich, die Gesamtzahl aller zoologischen Einrichtungen in Deutschland über das Statistische Bundesamt in Erfahrung zu bringen.

Für alle in Deutschland gehaltenen Säugetiere gilt das Gutachten über Mindestanforderungen an die Haltung von Säugetieren („Säugetiergutachten“),

herausgegeben durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, in seiner Fassung vom 7. Mai 2014. Darin sind tierart- oder –gattungsspezifisch die Mindestanforderungen an die Haltung festgelegt. Handelt es sich nach der jeweiligen Landesgesetzgebung um eine genehmigungspflichtige Haltung, ist die Einhaltung dieser Mindestanforderungen bei Beantragung der Genehmigung gegenüber der zuständigen Behörde zu belegen. Bei nicht genehmigungs- oder meldepflichtigen Haltungen wird die Einhaltung der Vorgaben des Gutachtens jedoch erst nach Hinweisen Dritter auf einen möglichen Verstoß durch die zuständige Behörde kontrolliert.

5.2 Hörnchen und deren Haltung

5.2.1 Familie der Hörnchen

Die Familie der Hörnchen (Sciuridae) aus der Ordnung der Nagetiere (Rodentia) gliedert sich in fünf Unterfamilien und 58 Gattungen und ist von hoher Diversität. Die mindestens 285 verschiedenen Arten der Sciuridae bewohnen alle Kontinente außer Australien und Antarktika und sind an verschiedenste Lebensräume angepasst (Wilson 2017).

Evolutionär lassen sich alle Arten auf einen gemeinsamen Vorfahren vor circa 40 Millionen Jahren zurückführen (Thorington 2012). Die ältesten Unterfamilien sind die der Riesenhörnchen (Ratufinae), die heute noch vier Spezies von südasiatischen Riesenhörnchen umfasst, sowie die der Zwerghörnchen (Sciurillinae), von der eine rezente südamerikanische Spezies bekannt ist. Die Unterfamilie der Baumhörnchen (Sciurinae) besteht aus den Flughörnchen (Pteromyini) und den Baumhörnchen (Sciurini) der amerikanischen Kontinente sowie des nördlichen Eurasiens. In die Unterfamilie der Schönhörnchen (Callosciurinae) werden die baumbewohnenden Arten Südostasiens und die kleinen Streifenhörnchen des indischen Subkontinents gezählt. Die jüngste Unterfamilie ist die der Erdhörnchen (Xerinae), die aus drei Gruppen besteht: die afrikanischen Erdhörnchen (Xerini), die afrikanischen Baumhörnchen (Protoxerini) sowie die Erdhörnchen der nördlichen Hemisphäre (Marmotini) (**Abbildung 2**) (Steppan et al. 2004).

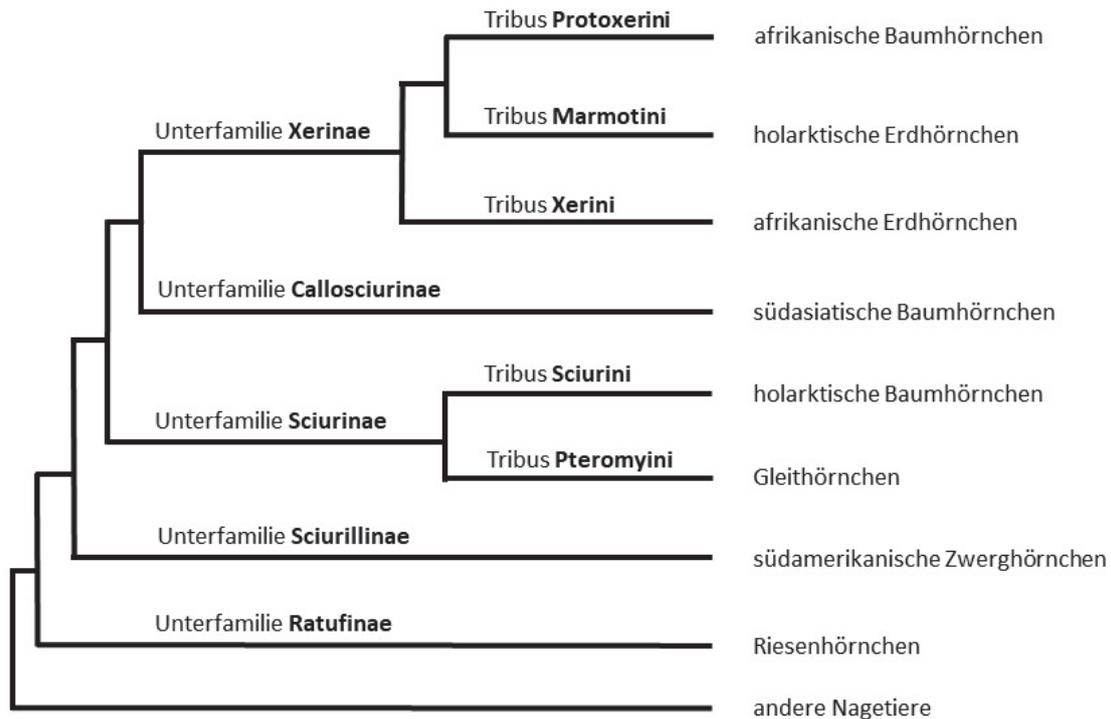


Abbildung 2: Phylogenie der Familie Sciuridae, basierend auf Stepan et al. (2004)

5.2.2 Rechtlicher Rahmen für den Handel und die Haltung von Hörnchen

Die Verordnung (EG) Nr. 338/97 des Rates über den Schutz von Exemplaren wildlebender Tier- und Pflanzenarten durch Überwachung des Handels gilt für die Hörnchenarten *Cynomys mexicanus* (Anhang A), *Ratufa* spp. (Anhang B), *Epixerus ebii*, *Marmota caudata*, *Marmota himalayana* und *Sciurus deppei* (alle Anhang C). Diese werden bei Grenzübertritten speziesgenau in TRACES erfasst, alle weiteren Arten werden nur ohne Unterscheidung der Arten unter der Rubrik „Rodentia“ geführt. Auf der Liste der gebietsfremden, potentiell invasiven Arten der Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Rates vom 22. Oktober 2014 über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten finden sich die Hörnchenarten *Tamias sibiricus*, *Callosciurus erythraeus*, *Sciurus niger* und *Sciurus carolinensis*. Durch die Melde- und Genehmigungspflicht zoologischer Haltungen ermöglicht die zuständige Behörde in diesen Einrichtungen Maßnahmen wie Kastrationen oder geschlechtergetrennte Haltungen bis zum natürlichen Ende der Haltung. Wie Entsprechendes in privaten Haushalten umgesetzt werden soll, ist nach Angaben des Bundesamts für Naturschutz nicht allgemein geregelt und liegt in der Zuständigkeit der Bundesländer. Grundsätzlich sei davon auszugehen, dass es keine allgemeine Registrierungspflicht für Unionsliste-Arten geben werde, da es nach der EU-Verordnung nicht vorgesehen sei (S. Nehring, persönliche Mitteilung vom 16.11.2017).

Die einzige vom Bundesnaturschutzgesetz berücksichtigte Hörnchenart ist *Sciurus vulgaris*. Diese Art unterliegt einem Besitz- und Vermarktungsverbot (§ 39 BNatSchG), darf jedoch ausnahmsweise zur Gesundheitspflege temporär oder permanent bei Vorliegen eines Handicaps aufgenommen werden (§ 45 Absatz 5 BNatSchG). Jedoch sind Nachzuchten aus Gefangenschaft mit entsprechenden Papieren von den Besitz- und Vermarktungsverboten ausgenommen (§ 45 Absatz 1 und 2 BNatSchG). Die in privaten Haushalten vorhandenen Haltungen der meisten Hörnchenarten bleiben somit – sofern sie keiner Anmeldung nach § 11 TierSchG bedürfen – weitestgehend behördlich unbemerkt und damit unüberwacht.

5.2.3 Private Haltung von Hörnchen

Einzug in Privathaushalte als Haustiere haben Hörnchen verschiedener Arten vermehrt erst Ende des 20. Jahrhunderts gefunden. Laut (Gabrisch et al. 2005) werden vorrangig asiatische Streifenhörnchen (*Tamias sibiricus*), auch Burunduk genannt, in den tierärztlichen Praxen vorgestellt, seltener der nah verwandte amerikanische Chipmunk (*Tamias striatus*). Beide Arten sind relativ kleine Vertreter aus der Unterfamilie der Erdhörnchen (Xerinae). Es handelt sich um territoriale Einzelgänger, die in einem ausreichend großen Käfig in der Wohnung gehalten werden können (Gabrisch et al. 2005). Da sich jedoch - vermutlich aus freigelassenen Tieren - einige neozootische Populationen in Deutschland und Europa gebildet haben, ist die Haltung durch die Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Rates vom 22. Oktober 2014 über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten seit 2016, wie bereits erwähnt, untersagt. In der 2015 bis 2017 durchgeführten Exopet-Studie zur Situationsanalyse der Haltung exotischer Tiere und Wildtiere in Privathand insbesondere unter Tierschutzaspekten wurden 26 Haltungen von Burunduks freiwillig gemeldet (Krautwald-Junghanns 2018).

Des Weiteren werden in tierärztlichen Praxen regelmäßig Europäische Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) vorgestellt (Gabrisch et al. 2005), wobei hier der Fokus auf Fundtieren zu liegen scheint. Diese mittelgroße Art aus der Unterfamilie der Baumhörnchen (Sciurinae) ist in nahezu ganz Europa, so auch in Deutschland, einheimisch (Shar et al. 2016). Da diese Art durch das Bundesnaturschutzgesetz besonders geschützt wird, dürfen die aus der Natur entnommenen Exemplare lediglich temporär bei Verletzungen o.ä. gesund gepflegt werden, um sie danach wieder auszuwildern. Dass diese temporären Haltungen überwiegen, lassen auch die Ergebnisse der Exopet-Studie vermuten, die die Meldedaten von Europäischen Eichhörnchen in den Jahren 2014 bis 2016 untersucht hat. Im gesamten Zeitraum wurden 829 Tiere angemeldet, während 422 Tiere abgemeldet wurden. Da bei der Meldung weder Herkunft noch Verbleib erfragt werden, ist davon auszugehen, dass es sich hierbei vorrangig um Tiere zur Kurzzeitpflege handelt (Erhard 2018). Für erwerbbar, in Gefangenschaft geborene Nachzuchten von Eichhörnchen gilt die Meldepflicht, wie oben erläutert, nicht. Wie häufig es zur Vorstellung von als Haustieren gehaltenen Eichhörnchen oder anderen Hörnchenarten in Tierarztpraxen kommt, wird nicht berichtet.

5.2.4 Hörnchen in Zoos

Die großen zoologischen Einrichtungen führen weltweit das *Zoo Information Management System* (ZIMS), in dem neben verschiedenen Informationen zur Haltung, Pflege und medizinischen Interventionen auch Daten von allen dort gehaltenen, geborenen und verstorbenen Tieren, somit auch allen gehaltenen Hörnchen, eingepflegt werden (ZIMS 2017). Da Zugang und Nutzung dieses Systems für die einzelnen Institutionen kostspielig sind, wird es nur von den finanzstarken und etablierten Einrichtungen geführt.

Innerhalb der EU existiert zudem die *European Association of Zoo and Aquaria* (EAZA). Die Mitgliedschaft wird nur bei Erfüllung bestimmter Vorgaben zu Haltung und Management erteilt. Innerhalb der Organisation wird, wie von der *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) für das ex-situ-Management vorgesehen (IUCN Species Survival Commission 2014), der Tausch von Tieren zur Auffrischung der Zucht bestimmter, gefährdeter oder potentiell gefährdeter Arten zentral überwacht und erleichtert. Diesbezüglich werden für diese ausgewählten Arten Zuchtbücher geführt, die Abstammung und Transfers aller gemeldeten Tiere dokumentieren. Die einzige Hörnchenart, für die ein solches *European Monitoring Studbook* existiert, ist das Prevost-Hörnchen (*Callosciurus prevostii*).

In Deutschland müssen, wie bereits erläutert, Zoos oder zooähnliche Haltungen nach § 11 Absatz 1 Nummer 4 TierSchG sowie nach § 42 BNatSchG alle gehaltenen Tierarten der zuständigen Behörde melden. Ein offizielles Register darüber wird jedoch nicht geführt. Außerdem gibt es verschiedene deutsche Zooverbände, die ihren Mitgliedern als Plattform zum Austausch und zur Besprechung gemeinsamer Interessen dienen. Doch auch hier werden keine Haltungsdaten zentral gesammelt.

5.3 Zoonotische Bornaviren

Die Familie der *Bornaviridae* innerhalb der Ordnung *Mononegavirales* besteht aus behüllten, kugelförmigen Viren mit einem Durchmesser von 80 bis 130 nm (**Abbildung 3**). Sie besitzen eine einzelsträngige, 8,9 kbp lange RNA negativer Polarität, die für das Glykoprotein G, das Nukleoprotein N, das Phosphoprotein X, das Matrixprotein M und die RNA-abhängige RNA-Polymerase L codiert (Briese et al. 1994)(**Abbildung 4**).

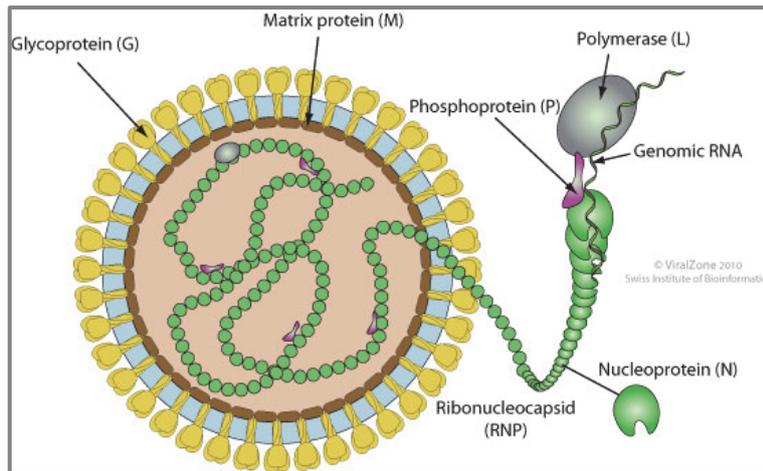


Abbildung 3: Schematischer Aufbau des Virions eines Vertreters der Familie Bornaviridae (Viral Zone 2010), Lizenz: Creative Commons Attribution 4.0 International License

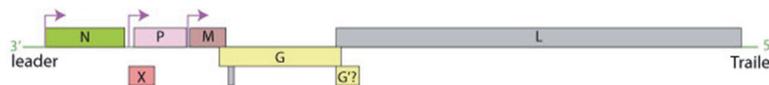


Abbildung 4: Genomorganisation der Vertreter der Familie Bornaviridae (Viral Zone 2010), Lizenz: Creative Commons Attribution 4.0 International License

Als einzige bislang bekannte RNA-Viren replizieren Bornaviren im Nukleus infizierter Zellen (Honda et al. 2013), wo durch alternatives Spleißen das Kodierungspotential des relativ kleinen Genoms optimal genutzt wird (Cubitt et al. 1994; Schneider et al. 1994). Die Replikation mündet nicht in einer Zytolyse der Wirtszellen, sondern in einer persistierenden Infektion mit geringer Replikationsrate (Stitz et al. 2002; Tomonaga et al. 2002). Mitglieder der Familie weisen einen starken Neurotropismus auf (Tizard et al. 2016; Ludwig et al. 1988), der letztendlich in der immun-medierten Degeneration der betroffenen Zellen und Areale mündet (Nobach et al. 2020; Hatalski et al. 1998).

Phylogenetische Analysen, die nach der molekularen Charakterisierung einiger neu entdeckter Spezies stattfanden (Amarasinghe et al. 2019; Amarasinghe et al. 2018; Amarasinghe et al. 2017), führten in den letzten Jahren zu einer taxonomischen Neuorganisation der Familie durch das Internationale Komitee für Virustaxonomie (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV). Es werden drei Genera unterschieden, *Cultervirus*, *Carbovirus* und *Orthobornavirus*. Das Genus *Orthobornavirus* (**Abbildung 5**) als das größte der drei umfasst Orthobornaviren der Reptilien, Vögel und Säuger (Amarasinghe et al. 2019).

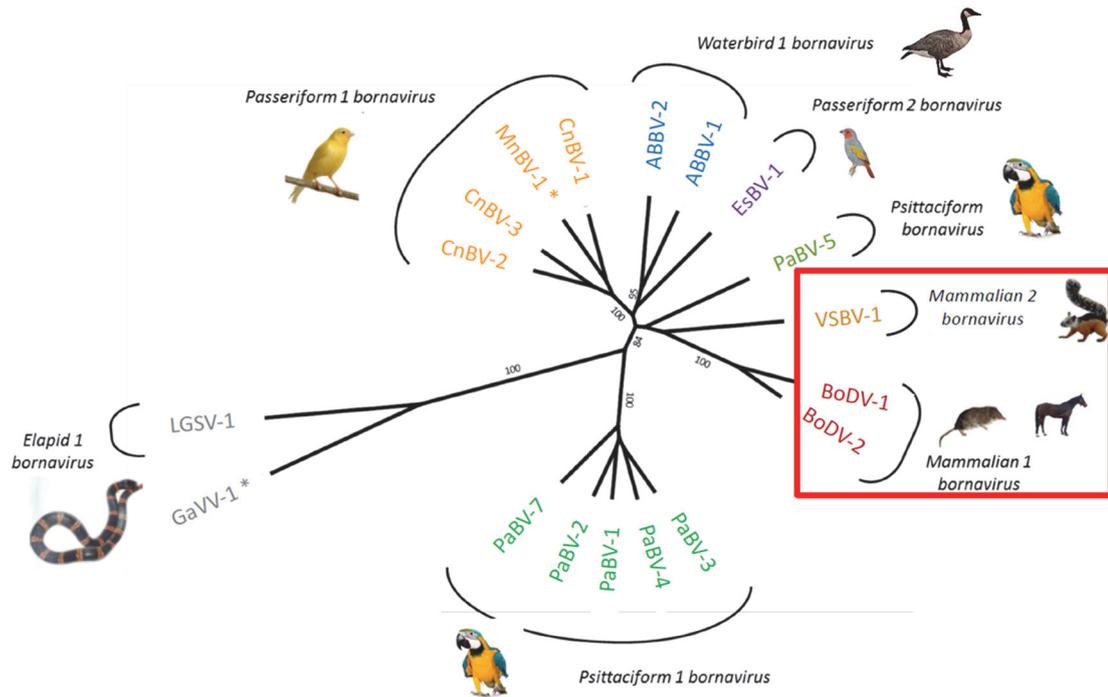


Abbildung 5: Phylogenie des Genus Orthobornavirus, modifiziert nach Rubbenstroth et al.(2016); rot umrandet sind die Säugetier-Bornaviren, von denen mindestens VSBV-1 und BoDV-1 zoonotisches Potential aufweisen.

Innerhalb dieses Genus wurde bislang für zwei der drei bekannten Säugetier-Bornaviren ein erhebliches zoonotisches Potential nachgewiesen (Niller et al. 2020; Hoffmann et al. 2015). Auf diese Viren soll im Weiteren näher eingegangen werden.

5.3.1 Borna Disease Virus 1 als Prototyp der Säugetier-Orthobornaviren

Prototyp der Orthobornaviren ist das Borna Disease Virus 1 (BoDV-1) (Lipkin et al. 2011). Auch wenn noch nicht alle Einzelheiten seiner Pathogenesemechanismen bekannt sind, lassen sich Annahmen zur Pathogenese der Säugetier-Orthobornavirus-Infektionen aus dem Wissen über BoDV-1 ableiten.

Zuerst 1895 als der Erreger der „Hitzigen Kopfkrankeheit der Pferde“ in Pferdehaltungen rund um die sächsische Stadt Borna beschrieben (Durrwald et al. 1997; Zwick 1929), ist BoDV-1 für in bestimmten zentraleuropäischen Regionen endemisch auftretende, neurologische Erkrankungen vor allem bei Pferden und Schafen sowie sporadisch bei verschiedenen anderen Säugetieren wie Rindern, Katzen und Hunden (Staheli et al. 2000), Füchsen (Kinnunen et al. 2013) und Neuweltkameliden (Schulze et al. 2020a) verantwortlich. Nach einer progressiv fortschreitenden, zentralnervös betonten Klinik, während der nach bisherigem Erkenntnisstand kein Virus ausgeschieden wird, erliegen 80 % der Tiere der Erkrankung oder werden euthanasiert (Lipkin et al. 2011; Richt et al. 2000). Damit tragen erkrankte Tiere vermutlich nicht zu einer Übertragung und Infektion weiterer Tiere bei, weswegen sie als akzidentelle Wirte oder Fehlwirte betrachtet werden (Rubbenstroth et al. 2019).

Wie erst 2006 gezeigt wurde, bildet die Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon*) das Reservoir für BoDV-1 (Bourg et al. 2013; Hilbe et al. 2006). In der Feldspitzmaus ist die Replikation des Virus nicht auf das zentrale Nervensystem beschränkt, sondern findet disseminiert in verschiedenen Organen (Puorger et al. 2010) einschließlich solcher mit sekretorischer oder exkretorischer Funktion statt. Dadurch kommt es zur Ausscheidung von infektiösen Viruspartikeln in effektiven Infektionsdosen (Nobach et al. 2015). Fehlwirte infizieren sich vermutlich über Schleimhäute oder Hautläsionen bzw. darin befindlicher peripherer neurologischer Strukturen, wie z.B. das Riechepithel oder freie Nervenendigungen, nach Exposition gegenüber den infektiösen Ausscheidungen von Feldspitzmäusen (Sauder et al. 2003). Nach retrogradem axonalen Transport (Charlier et al. 2016) erreicht BoDV-1 das ZNS, wo seine Replikation zu einer immun-medierten, akuten, progressiven, nicht-eitrigen Enzephalomyelitis mit neuronaler Degeneration der betroffenen Strukturen und in vielen Fällen zum Tod führt (Liesche et al. 2019; Tizard et al. 2016). Therapeutische Ansätze mit dem antiviralen Wirkstoff Amantadin werden in der Literatur unterschiedlich bewertet (Dietrich et al. 2020; Rubbenstroth et al. 2020); nach heutigem Kenntnisstand gibt es keine erprobte Therapie bei Infektionen mit BoDV-1 oder anderen Orthobornaviren.

Seit den 1980er Jahren wurde das zoonotische Potential von BoDV-1 immer wieder diskutiert (Richt et al. 2001; Rott et al. 1985). Lange Zeit stand das Virus unter Verdacht, weltweit verbreitet und für diverse psychiatrische Erkrankungen wie Schizophrenie, Bipolare Störung und Depression mit verantwortlich zu sein (Salvatore et al. 1997). Aufgrund widersprüchlicher Ergebnisse und nachweislichen Verunreinigungen mit Laborstämmen (Durrwald et al. 2007) kam die Forschung zum zoonotischen Potential des BoDV-1 zum Erliegen (Robert Koch-Institut 2007). Erst in den vergangenen Jahren wurde zweifelsfrei bestätigt, dass BoDV-1 in Deutschland zwischen 1998 und 2019 in bisher mindestens 12 bekannten Fällen für eine schwere, akute, meist letal verlaufende Enzephalomyelitis beim Menschen verantwortlich war (Niller et al. 2020; Korn et al. 2018; Schlottau et al. 2018). Das pathologische Bild scheint in etwa vergleichbar mit dem beim Pferd und bei anderen Fehlwirten. Wie bei diesen Tieren wird auch beim Menschen die Infektion durch Schleimhautkontakt mit virushaltigen Ausscheidungen von infizierten Feldspitzmäusen diskutiert (Rubbenstroth et al. 2019).

5.3.2 Das Bunthörnchen-Bornavirus 1

Das Bunthörnchen-Bornavirus 1 (Variegated squirrel bornavirus 1, VSBV-1) ist ein neuartiges zoonotisches Pathogen. Es ist innerhalb der Familie *Bornaviridae* der bislang einzige Vertreter der Spezies *Mammalian 2 orthobornavirus* (Amarasinghe et al. 2019). In mindestens vier dokumentierten Fällen führte es zu einer progressiven tödlichen Enzephalitis bei Menschen (Tappe et al. 2018; Hoffmann et al. 2015). Wegen der genetischen Ähnlichkeit zu BoDV-1 und der vergleichbaren klinischen Manifestation in seinen Wirtsspezies sind Annahmen zur Transmission, Infektion und Pathogenese an das Wissen über BoDV-1 angelehnt und teilweise bestätigt worden (Nobach et al. 2020; Petzold et al. 2019).

5.3.2.1 Entdeckung

In den Jahren 2011 bis 2014 verstarben in Sachsen-Anhalt drei untereinander gut bekannte Züchter zentralamerikanischer Bunthörnchen an einer ähnlich verlaufenden progressiven Enzephalitis ungeklärter Ursache. Mittels einer Metagenomanalyse wurde im Gehirngewebe des 2014 verstorbenen Züchters und in einem seiner Tiere ein neuartiges Bornavirus, folglich Bunthörnchen-Bornavirus 1 benannt, nachgewiesen, welches im Nachgang auch in archivierten Gehirnschnitten der beiden zuvor an progressiv verlaufenden Enzephalitiden gestorbenen Bunthörnchen-Züchter gefunden wurde (Hoffmann et al., 2015). Die Abgrenzung zu den vorher einzigen bekannten Säugetier-Bornaviren BoDV-1 und BoDV-2 war durch eine Übereinstimmung der Genome von weniger als 75 % möglich (Hoffmann et al. 2015).

5.3.2.2 Erste Untersuchungen in Hörnchenhaltungen

Ausgehend von den Haltungen, in denen VSBV-1 zuerst nachgewiesen worden war, ermittelten Schlottau et al. (2017a) und Schlottau et al. (2017b) Kontakthaltungen sowie weitere private und Zoohaltungen von vorrangig exotischen Hörnchenarten, um den Halter*innen eine Beprobung und Untersuchung der Hörnchen nahezu legen. Die spärliche oder vielfach nicht vorhandene Dokumentation über Herkunft und Verbleib der Hörnchen erschwerte diese Ermittlungen, die sich letztendlich auf die Erinnerungen der Hinterbliebenen der verstorbenen Bunthörnchen-Züchter stützten. In ersten Screening-Studien, die in den so identifizierten Haltungen stattfanden, wurden Maultupfer von insgesamt 796 Hörnchen 18 verschiedener Arten mittels RT-qPCR auf das Vorhandensein von VSBV-1-spezifischer RNA untersucht (**Tabelle 1**). Dabei gelang der Nachweis bei insgesamt 28 Tieren aus elf unterschiedlichen Haltungen in Deutschland, den Niederlanden und Kroatien. Neben den Bunthörnchen (*Sciurus variegatoides*) waren vor allem südostasiatische Prevost-Hörnchen (*Callosciurus prevostii*) betroffen, außerdem jeweils ein Burma-Hörnchen (*Callosciurus finlaysonii*), ein Chinesisches Baumstreifenhörnchen (*Tamiops swinhoei*) und ein Rotschwanz-Hörnchen (*Sciurus granatensis*) (Schlottau et al. 2017a).

Unterfamilie	Spezies	beprobt	positiv
Ratufinae	<i>Ratufa macroura</i>	2	0
Sciurinae	<i>Sciurus variegatoides</i>	231	7
	<i>Sciurus granatensis</i>	24	1
	<i>Sciurus niger</i>	2	0
	<i>Sciurus vulgaris</i>	261	0
	<i>Sciurus sp.</i>	17	0
	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	2	0
Callosciurinae	<i>Callosciurus prevostii</i>	132	18
	<i>Callosciurus finlaysonii</i>	6	1
	<i>Callosciurus erythraeus</i>	15	0
	<i>Tamiops swinhoei</i>	80	1
Xerinae	<i>Xerus inauris</i>	1	0
	<i>Tamias striatus</i>	6	0
	<i>Tamias sibiricus</i>	1	0
	<i>Sciurotamias davidianus</i>	14	0
Individuen beprobt total		796	28

Tabelle 1: Übersicht über die von Schlottau et al. (2017a) untersuchten Einzeltiere nach Hörnchenart und Unterfamilie

5.3.2.3 Hörnchenarten mit VSBV-1-Nachweis

Die bislang betroffenen Arten waren zum einen zwei mittelamerikanische Vertreter der Unterfamilie der Sciurinae und drei südostasiatische Vertreter der Unterfamilie der Callosciurinae.

5.3.2.3.1 Bunthörnchen

Der deutsche Begriff Bunthörnchen wird teilweise für mehrere zentralamerikanische Arten von Hörnchen verwendet, meist sind jedoch ausschließlich die Vertreter der Art *Sciurus variegatoides* (*S. v.*) gemeint. Mit ihren 15 verschiedenen Unterarten bewohnt die vom südlichen Mexiko bis nach Panama beheimatete Art trockene und feuchte tropische Wälder in bis zu 2600 m ü/ NN sowie Plantagen (Thorington 2012).

Die Unterart *S. v. atrirufus* ist in Costa Rica auf der Halbinsel Nicoya zu finden. Das Verbreitungsgebiet von *S. v. dorsalis* umfasst eher trockene Regionen um den Nicaragua-See in Nicaragua bis hin zur Halbinsel Nicoya, Costa Rica (Best 1995) (**Abbildung 6**).

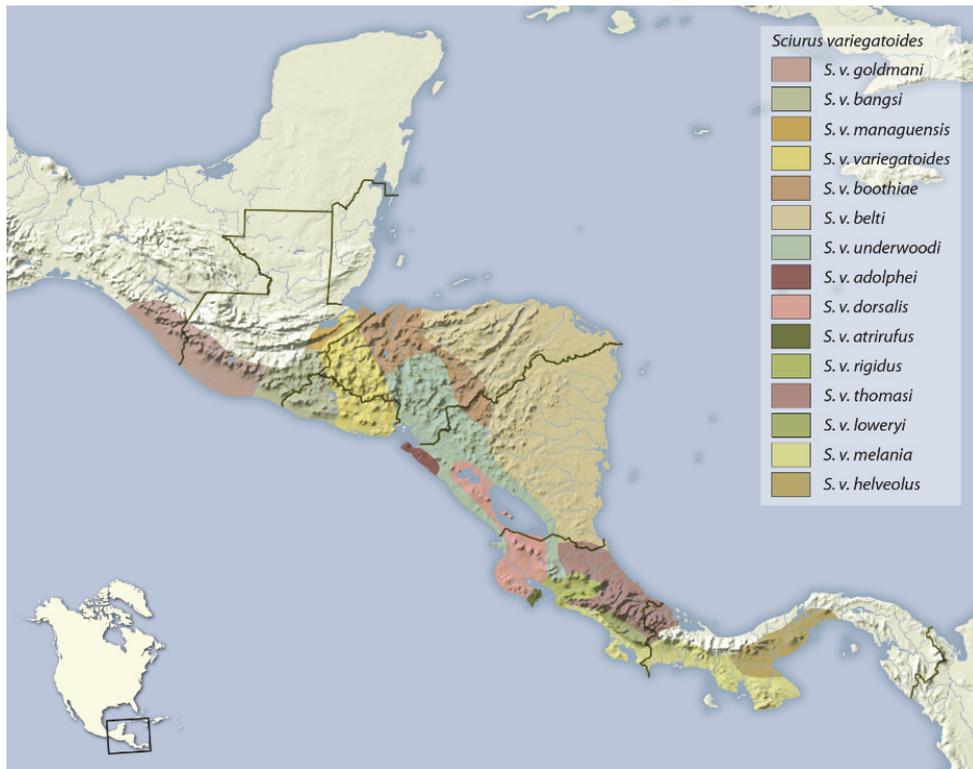


Abbildung 6: Karte der Verbreitungsgebiete der Unterarten von *Sciurus variegatoides* nach Best (Best 1995), Karte: erstellt von NordNordWest (2016), Lizenz: [Creative Commons by-sa-3.0 de](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/de/)

5.3.2.3.2 Rotschwanzhörnchen

Ein mit dem Verbreitungsgebiet der Bunthörnchen teilweise überlappendes, jedoch nach Süden viel ausgedehnteres Verbreitungsgebiet besitzen die Rotschwanzhörnchen *Sciurus granatensis* (*S. g.*). Diese Art wird von Costa Rica bis Ecuador im Westen und Venezuela im Osten gefunden und ist an verschiedene Waldtypen inklusive Sekundärwälder in unterschiedlichen Höhenlagen angepasst (Heaney et al. 1978). Teilweise werden ihre Vertreter zur Schädlingsbekämpfung, aber auch als Nahrungsquelle bejagt (Thorington 2012).

Die Unterart *S. g. hoffmannii* der insgesamt 32 unterschiedenen Unterarten stammt aus der Umgebung der Stadt San José in Costa Rica (Nitikman 1985).

5.3.2.3.3 Prevost-Hörnchen

Innerhalb der sehr variablen Art des südost-asiatischen Prevost-Hörnchens *Callosciurus prevostii* (*C. p.*) werden 47 Unterarten unterschieden. Diese sind vor allem durch ihre geographische Begrenzung auf bestimmte Inseln voneinander zu unterscheiden, phänotypisch sind sie sich teilweise sehr ähnlich (Thorington 2012). So stammt die Unterart *C. p. rafflesii* von der Insel Sumatra, wo sie im Süden zu finden ist; die Unterart *C. p. borneoensis* ist auf Borneo im südwestlichen Sarawak (Malaysia) und dem benachbarten westlichen Teil des Kalimantan (Indonesien) beheimatet (Heaney 1978) (**Abbildung 7**).



Abbildung 7: Karte der Verbreitungsgebiete von Prevost-Hörnchen in Südost-Asien (Cassola 2016); Karte: IUCN Red List of Threatened Species, species assessors and the authors of the spatial data, Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 3.0 Unported

Die Rote Liste bedrohter Arten der *International Union for Conservation of Nature* (IUCN Red List of Threatened Species™) führt die Art in der Kategorie *Least Concern*, jedoch mit dem Hinweis auf einen sinkenden Populationstrend, der auf die vermehrte Zerstörung ihrer Lebensräume einerseits und auf die intensivierete Bejagung zu Verkaufszwecken andererseits zurückzuführen ist (Cassola 2016).

5.3.2.3.4 Burma-Hörnchen

Die 16 unterschiedenen Unterarten des Burma-Hörnchen *Callosciurus finlaysonii* (*C. f.*) sind heimisch im zentralen bis südlichen Myanmar, Thailand, Laos, Kambodscha und Vietnam (Thorington 2012). Als invasive Art wurden sie unter anderem nach Italien und Singapur eingeführt, wo sie eine stabile Population errichten konnten (Bertolino et al. 2013). Von der IUCN wird ihr Populationstrend als stabil bei einem Bedrohungsstatus von *Least Concern* eingestuft (Duckworth 2017a).

5.3.2.3.5 Chinesische Baumstreifenhörnchen

Das kleine Chinesische Baumstreifenhörnchen *Tamiops swinhoei* ist in den chinesischen Provinzen Gansu, Shaanxi, Henan, Sichuan, Yunnan und in Tibet beheimatet, darüber hinaus in angrenzenden Regionen in Indien, Myanmar und Vietnam (Thorington 2012). Es lebt in Höhen bis zu 3900 m ü/ NN in Laub- und Nadelwäldern sowie in Buschland (Duckworth 2017b).

5.3.2.4 Reservoir-Charakter der Hörnchen

Sektionsbefunde der klinisch unauffälligen Hörnchen ergaben keine makroskopischen Veränderungen, jedoch wurden erhebliche Virusgenomlasten nicht nur im ZNS,

sondern auch disseminiert in verschiedenen Organen nachgewiesen, darunter solche mit Sekretions- oder Exkretionsfunktion (Petzold et al. 2019; Schlottau et al. 2017b). Dies lässt darauf schließen, dass die betreffenden Hörnchen die Funktion eines Reservoirs für VSBV-1 erfüllen können (Schlottau et al. 2017a). Es wird vermutet, dass die Übertragung von Hörnchen zu Hörnchen und auf den Menschen wird durch Biss- und Kratzverletzungen oder den Kontakt von Schleimhäuten mit Ausscheidungen von erregerspositiven Tieren erfolgt (Tappe et al. 2018), (**Abbildung 8**).



Abbildung 8: Hypothese des Spill-Overs von VSBV-1 aus dem Reservoirtier Hörnchen, auf der Grundlage des Kenntnisstandes zu BoDV-1, seinem Reservoirwirt und akzidentellen Wirten.

Bei der Nachuntersuchung einer insgesamt 38 Hörnchen umfassenden Haltung vier Monate nach dem Erstnachweis von VSBV-1 in drei Prevost-Hörnchen und der Euthanasie dieser Tiere wurde in Maultupfern sechs weiterer Tiere, darunter neben Prevost-Hörnchen auch erstmals in einem Burma-Hörnchen sowie einem Chinesischen Baumstreifenhörnchen, VSBV-1-RNA nachgewiesen (Schlottau et al. 2017a). Als Ursache dafür wurden neben dem Wiedereintrag des Virus durch ein noch nicht identifiziertes Wildtierreservoir oder ein neu zugekauftes Hörnchen auch die intermittierende Virusausscheidung durch Hörnchen, ähnlich der des Tollwutvirus, oder eine Reaktivierung einer latenten Infektion durch Stress, wie für Herpesviren beschrieben, diskutiert.

5.3.2.5 Erkrankung des Menschen als Fehlwirt

Bei einer Infektion des Menschen setzen nach einer Inkubationszeit von bislang unbekannter Dauer zunächst leichte neurologische Symptome ein. Beschrieben sind u. a. Kopfschmerzen, Visus-Einschränkungen, Schwindel, Erschöpfung, Verwirrtheit, psychomotorische Verlangsamung, Parästhesien, sowie allgemein Schüttelfrost und

Fieber (Hoffmann et al. 2015). Im weiteren Verlauf kommen Myoclonus, partielle Paresen der Skelettmuskulatur bis zu Sopor und Koma hinzu (Tappe et al. 2019; Tappe et al. 2018; Hoffmann et al. 2015). In magnetresonanztomographischen Aufnahmen waren in dieser späteren Phase in der T2-Wichtung meist hyperintense Läsionen im Temporal-, Parietal- und Frontalcortex sowie im Bereich des Zwischenhirns und den Basalganglien erkennbar. Im Liquor sowie im Blutserum ließen sich geringgradig erhöhte Entzündungsparameter feststellen (Tappe et al. 2018). Bei Untersuchung mittels eines indirekten Immunfluoreszenztests auf Orthobornaviren-spezifische Immunglobuline G (IgG) wurden Titer von bis zu 1:2560 in Zerebrospinalflüssigkeit (CSF) und 1:5120 im Serum festgestellt (Hoffmann et al. 2015). Die Mehrzahl der Erkrankten erlag zwei bis vier Monate nach Beginn der Symptome der Infektion (Tappe et al. 2019).

Durch die zuständigen Arbeitsgruppen des Bernhard-Nocht-Instituts für Tropenmedizin (BNITM) und des Robert-Koch-Instituts (RKI) wurden folgende Falldefinitionen für akute humane VSBV-1-Infektionen (Tappe et al. 2019) eingeführt:

- bestätigter Fall:
- neu aufgetretene Enzephalitis/ Enzephalopathie UND
 - Detektion von VSBV-1-RNA im Liquor oder ZNS-Gewebe ODER
 - Detektion von Serokonversion in Blut oder Liquor mit IgG gegen VSBV-1 ODER
 - vierfacher Antikörpertiter-Anstieg in Blut/ Liquor in Nachfolgeuntersuchungen
- wahrscheinlicher Fall:
- neu aufgetretene Enzephalitis/ Enzephalopathie UND
 - Detektion von IgG-Antikörpern gegen VSBV-1 in Blut oder Liquor UND
 - kein Hinweis auf andere Ursache für das klinische Bild
- möglicher Fall:
- neu aufgetretene Enzephalitis/ Enzephalopathie UND
 - Kontakt zu exotischen Hörnchen UND
 - kein Hinweis auf andere Ursache für das klinische Bild

In denhaltungen mit Erregernachweis in Hörnchen wurden Halter*innen und Tierpfleger*innen auf das Vorhandensein von gegen VSBV-1 gerichtete Antikörper untersucht sowie nach Erkrankungs- oder Todesfällen mit entsprechender neurologischer Symptomatik befragt. So wurden noch ein weiterer bestätigter Fall

einer Tierpflegerin in einem Tierpark im Jahre 2013 (Tappe et al. 2018) und ein rekonvaleszenter serokonvertierter Züchter – ein wahrscheinlicher Fall - mit vorberichtlich schwerer neurologischer Erkrankung in den Jahren 2005/06 ausfindig gemacht (Tappe et al. 2019). Außerdem wird bei zwei Todesfällen von Bunt- und Schönhörnchenzüchtern in den Jahren 2005 und 2006 anhand der klinischen Bilder und der Berichte der Angehörigen von einer möglichen VSBV-1-Infektion ausgegangen (Tappe et al. 2019).

5.3.2.6 Diagnostische Verfahren

Für die Diagnostik wird eine von Hoffmann et al. (2015) und Schlottau et al. (2017a) etablierte quantitative Reverse Transkriptase Realtime-Polymerase-Kettenreaktion (RT-qPCR) unter Verwendung einer VSBV-1-spezifischen sowie einer ein breites Spektrum an Orthobornaviren abdeckenden Primersonde durchgeführt. Die untere Nachweisgrenze dieses Tests liegt bei 10 Genomkopien/ µl Template, die analytische Spezifität wurde auf nahezu 100 % geschätzt (Schlottau et al. 2017a). Da die Ergebnisse der Untersuchungen von trockenen Maultupfern und Kotproben von Hörnchen immer kongruent waren zu denen der ZNS-Proben (Schlottau et al. 2017a), werden diese wenig bis nicht invasiven Probenmaterialien für den direkten Virusnachweis im lebenden Hörnchen empfohlen (Friedrich-Loeffler-Institut 2019). Beim Menschen eignen sich für den direkten Virusnachweis intra vitam mittels RT-qPCR Gehirnbioptate oder Liquor (Tappe et al. 2018).

Serologisch kann der Nachweis von Orthobornavirus-spezifischen Antikörpern im Blut oder im Liquor mittels eines indirekten Immunfluoreszenztests auf eine Infektion mit Orthobornaviren hinweisen (Schlottau et al. 2017b; Hoffmann et al. 2015). Dies gilt für den Menschen wie für das Hörnchen gleichermaßen. Aufgrund des Fehlens von allgemein akzeptierten Kriterien für dieses Verfahren reicht dieser Nachweis jedoch nicht zur Bestätigung einer Infektion aus (Arbeitskreis Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 2019). Andere serologische Testverfahren, die vor allem zur Diagnostik von BoDV-1-Infektionen kommerziell angeboten werden (Dedimed GmbH et al. 2020; Bode et al. 2001), sind bisher nicht für einen Nachweis von Orthobornavirus-spezifischen Antikörpern validiert und somit nicht geeignet (Rubbenstroth et al. 2020).

Postmortal lassen sich sowohl im Reservoir- als auch im Fehlwirt hohe VSBV-1-Genomlasten im ZNS mittels der RT-qPCR nachweisen (Schlottau et al. 2017b; Hoffmann et al. 2015). Im Fehlwirt wird der histologische Befund einer nonpurulenten, lymphoplasmazellulären Enzephalitis mit perivaskulären Cuffs, Astrogliose und Degeneration von Ganglienzellen vorrangig im Hippocampus durch den immunhistologischen Nachweis von Orthobornavirus-Antigenen als pathognostisch für eine Infektion mit Orthobornaviren angesehen (Liesche et al. 2019; Tappe et al. 2018). Im Reservoir liegen histologisch keine deutlichen Entzündungszeichen vor, doch auch hier können immunhistologisch spezifische Antigene nachgewiesen werden (Petzold et al. 2019). Zusätzlich lässt sich das Virus hier mittels RT-qPCR auch in vielen anderen Geweben des Körpers detektieren (Schlottau et al. 2017b).

5.3.2.7 Therapie und Bekämpfung

Bislang stehen keine antiviralen Therapeutika zur Behandlung einer Infektion mit VSBV-1 oder anderen Orthobornaviren zur Verfügung (Arbeitskreis Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 2019). Zur Bekämpfung der weiteren Ausbreitung von VSBV-1 innerhalb einer Hörnchenhaltung sowie zur Prävention der Übertragung auf den Menschen ist gemäß den Empfehlungen des Friedrich-Loeffler-Instituts (FLI) (Friedrich-Loeffler-Institut 2019) die Entfernung aller positiv getesteten Hörnchen aus dem Bestand daher das Mittel der Wahl. Es wird empfohlen, die in der Haltung verbliebenen Tiere in regelmäßigen, ggf. größer werdenden Intervallen auf die Ausscheidung von Virusgenom mittels Maultupfer-Beprobung untersuchen zu lassen. Hierbei sollte der ungeschützte direkte Kontakt zu den Tieren und deren Ausscheidungen zum Schutz vor Übertragung auf den Menschen vermieden werden.

Diese Vorgehensweise ist jedoch keine behördliche Anweisung, sondern besitzt nur Empfehlungscharakter, weswegen sich der einzelne Halter oder die einzelne Halterin gegen die Tötung der betroffenen Tiere entscheiden kann. Nur im äußersten Fall kann eine Anordnung zur Umsetzung dieser Maßnahme durch die zuständige Behörde erfolgen, beispielsweise wenn eine Gefährdung der öffentlichen Gesundheit befürchtet werden muss (§ 38 Absatz 11 TierGesG).

5.3.2.8 Phylogenetische Analyse von VSBV-1

Die molekularbiologische Untersuchung und die sich anschließende phylogenetische Analyse (**Abbildung 9**) der aus den verstorbenen Menschen und den beprobten Hörnchen gewonnenen Virusisolate ergaben hohe Sequenzhomologien (Schlottau et al. 2017a). Die Abgrenzung zu den einzigen zuvor bekannten Säugetier-Bornaviren BoDV-1 und BoDV-2 ist mit einer Übereinstimmung von weniger als 75 % deutlich (Hoffmann et al. 2015).

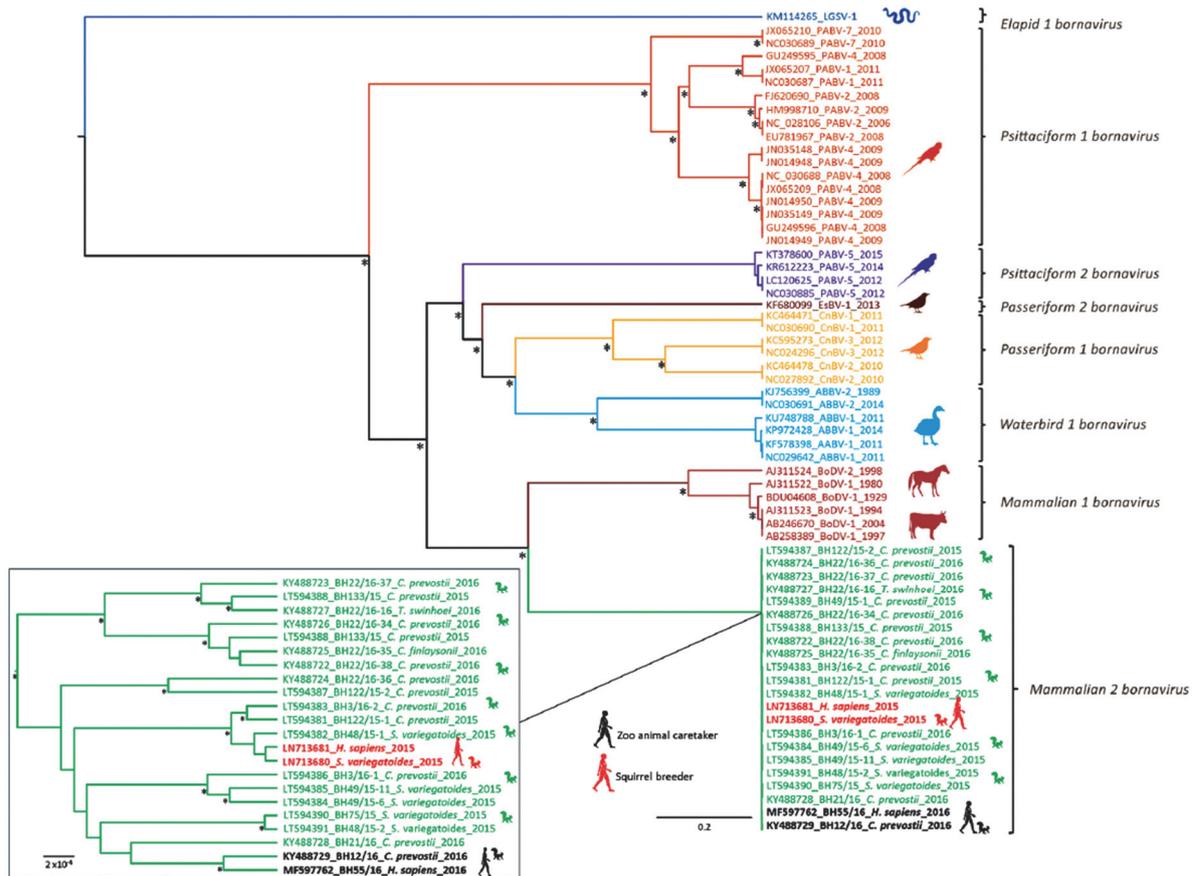


Abbildung 9: Phylogenetische Analyse von Vollgenom-Isolaten des Buntörnchen-Bornavirus 1 und anderen Mitgliedern der Familie der *Bornaviridae*. Der phylogenetische Baum wurde unter Verwendung des Markov-Chain-Monte-Carlo-Verfahrens abgeleitet. Die statistische Unterstützung der Gruppierung durch Bayes'sche posteriore Wahrscheinlichkeiten (clade credibility >90 %) und Maximum-Likelihood-Bootstrap-Replikate (>70 %) sind mit einem Sternchen gekennzeichnet. Entnommen aus Tappe et al. (2018).

5.3.2.9 Epidemiologische Hypothesen zum Eintrag von VSBV-1

Wie der Erreger initial in die betroffenen Haltungen gelangte, blieb nach den ersten Studien unklar, zumal Arten aus unterschiedlichen Unterfamilien und ursprünglich unterschiedlichen Kontinenten betroffen waren (Schlottau et al. 2017b). Zum einen wurde vermutet, dass ein endemisches Reservoir in europäischen Kleinsäugetern existiert haben könnte, aus dem sich das Virus die verschiedenen neue Reservoir-Spezies erschlossen hat. Zum anderen wurde ein ein- oder mehrmaliger Eintrag von VSBV-1 aus der Herkunftsregion einer der betroffenen Hörnchenarten und der Übertrag in die weiteren Arten in den Haltungen in Europa diskutiert. Die Ergebnisse der ersten epidemiologischen Ermittlungen (Tappe et al. 2019) deckten den Kontakt einiger betroffener Haltungen untereinander auf (**Abbildung 10**). Dies legte nahe, dass der Austausch von Zuchttieren und der Verkauf von Nachzuchten eine Rolle bei der Ausbreitung des Virus spielten.

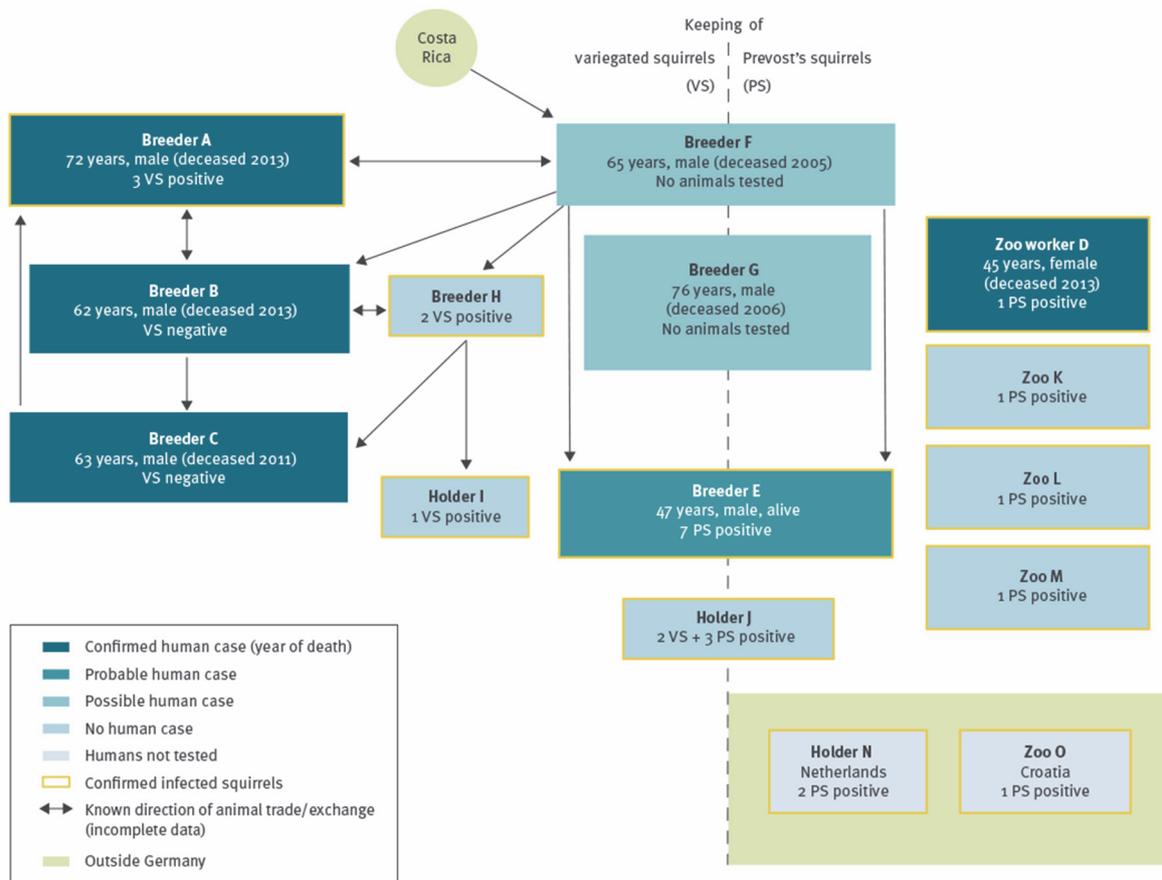


Abbildung 10: Bekannter Tierverschiff zwischen Beständen mit VSBV-1-positiven Bunthörnchen (VS), Prevost-Hörnchen (PS) oder Humanfällen, 2000-2014. Basierend auf den positiven VSBV-1-Ergebnissen wird ein zusammenhängendes Handelsnetz dargestellt, einschließlich des Falldefinitionsstatus der Kontaktpersonen. Bestände, von denen bekannt ist, dass sie beide Hörnchenarten zu irgendeinem Zeitpunkt gehalten haben, sind auf der gestrichelten Trennlinie aufgeführt. Bestände mit unbekanntem VSBV-1-Status wurden weggelassen. Pfeile symbolisieren Richtungen des Tierverschiffs. Entnommen aus Tappe et al. (2019)

Bei den Ermittlungen durch (Tappe et al. 2019) trat zu Tage, dass aufgrund der fehlenden Dokumentationspflicht viele Halter*innen oder deren Angehörige bei Angaben zu ihren Tieren nicht auf schriftliche Unterlagen, sondern nur auf ihr Gedächtnis zurückgreifen konnten. Des Weiteren wurde deutlich, dass mit den initialen Bekämpfungsmaßnahmen, die die Tötung der ganzen Haltung zur Folge hatten, die Bereitschaft zur Beteiligung an weiteren Untersuchungen bei vielen Züchter*innen sank, da sie den Verlust ihrer mitunter sehr wertvollen Zuchttiere befürchteten.

5.4 Epidemiologische Studien

Für bekannte und neuartige Tierseuchen- oder Zoonose-Erreger ist die Einschätzung, Bewertung und wiederkehrende Evaluierung von Eintragungswahrscheinlichkeit, Expositionswahrscheinlichkeit und Ausbreitungswahrscheinlichkeit für die betroffene Risikopopulation im Speziellen und die öffentliche Gesundheit im Allgemeinen von

großem Interesse. Diese von der OIE als Risikobewertung bezeichnete Vorgehensweise als zentraler Bestandteil der Risikoanalyse (**Abbildung 11**) schafft die Grundlage für einen evidenzbasierten und erfolgreichen Umgang mit dem identifizierten Risiko (OIE 2019; Sugiura et al. 2011).

Rahmenkonzept der Risikoanalyse der OIE

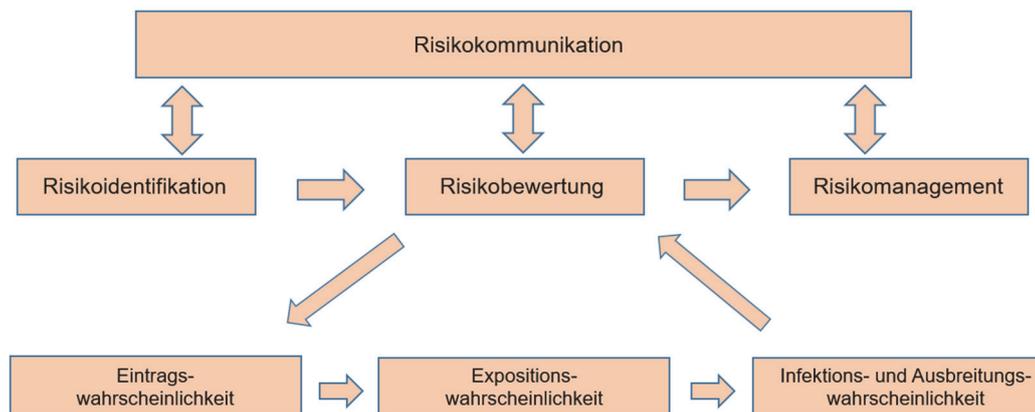


Abbildung 11: Schema des Rahmenkonzepts der Risikoanalyse nach den Vorgaben der OIE.

Die Risikopopulation, oder auch Zielpopulation, ist die Gesamtheit aller epidemiologischen Einheiten, für die das Ergebnis der Untersuchung Gültigkeit besitzen soll (Kreienbrock et al. 2012). Diese Größe ist in ihrer Gesamtheit in vielen Fällen unbekannt, da selbst bei Bezugnahme auf Daten eines Melderegisters o.ä. immer ein Teil der Zielpopulation nicht zugänglich ist (zum Beispiel im Melderegister nicht registriert). Will man zur Untersuchung eines Merkmals eine Stichprobe aus der Zielpopulation ziehen, so stehen i.d.R. nicht sämtliche Einheiten dieser Zielpopulation zur Verfügung. Die Stichprobe kann nur aus der so genannten Auswahlpopulation gezogen werden. Zur Erhöhung der Genauigkeit und der Übertragbarkeit der Aussage der Studie sollte die Auswahlpopulation daher so weit wie möglich der Zielpopulation entsprechen oder sie in den wesentlichen bzw. relevanten Merkmalen repräsentieren. Auf Grundlage der Auswahlpopulation kann dann im Weiteren eine repräsentative Stichprobe untersucht werden.

Unter anderem, um die Eintragswahrscheinlichkeit, Expositionswahrscheinlichkeit und Ausbreitungswahrscheinlichkeit innerhalb einer Risikopopulation zu untersuchen, werden in der epidemiologischen Forschung Observationsstudien durchgeführt.

5.4.1 Observationsstudien

Zur Erhebung von epidemiologisch relevanten Kenngrößen und zur Aufarbeitung von Infektionsgeschehen werden Observationsstudien in der Regel in der zu definierenden Risikopopulation durchgeführt. Solche Studien haben zum Ziel, den Anteil von

Merkmalsträgern (z.B. infizierte Individuen, Antikörper-Träger) zu schätzen (Querschnittsstudie) oder durch Erfassung epidemiologischer Daten die Wahrscheinlichkeit eines Eintrags und des Ausbruchs von Krankheiten sowie von Faktoren zu ermitteln, die den Eintrag oder Ausbruch begünstigen (Risikofaktoren) oder vermeiden (Schutzfaktoren) können (Fall-Kontroll-Studien, Kohortenstudien). Zur Auswahl des passenden Studiendesigns zur Beobachtung einer unabhängigen Kenngröße ist zum einen das zu bestimmende epidemiologische Maß ausschlaggebend, zum anderen die Datengrundlage der zu messenden Kenngröße, auch bezüglich bekannter oder vermuteter Risikofaktoren, sowie die zeitliche und finanzielle Ausstattung des Projekts (Pfeiffer 2010a). Weiterhin sind die Zugänglichkeit zur Auswahlpopulation und deren Motivation zur Teilnahme für die praktische Durchführung entscheidend und daher bei der Planung möglichst zu berücksichtigen (Cameron 1999).

5.4.2 Querschnittsstudie zur Schätzung der Prävalenz

Im Falle dieser Arbeit ist das einzuschätzende Risiko das Vorliegen von mindestens einem mit dem neuartigen zoonotischen VSBV-1 infizierten Hörnchen in einer Haltung. Um die Wahrscheinlichkeit einer Exposition eines Menschen zu einem erregerspositiven Hörnchen zu ermitteln, ist die Prävalenz, also die Häufigkeit des Vorkommens des Pathogens innerhalb des Reservoirs, ein wichtiges und grundlegendes epidemiologisches Maß. Die wahre Prävalenz ist der Anteil der VSBV-1-positiven Haltungseinheiten an der Gesamtzahl aller Hörnchenhaltungen.

Zur Schätzung der Prävalenz eines neuen zoonotischen Pathogens in einer Zielpopulation zu einem bestimmten Zeitpunkt eignet sich die Querschnittsstudie. Hierfür wird als binäre Zielgröße das Vorhandensein oder Nichtvorhandensein der Infektion in einer zu definierenden Studienpopulation untersucht, wobei auch weitere Einflussgrößen erhoben werden können (Diepgen 2008). Die Studienpopulation sollte bezüglich ihrer Zusammensetzung in Bezug auf die etwaigen Einflussgrößen repräsentativ für die gesamte Zielpopulation sein, auf die das Ergebnis der Studie – die apparente Prävalenz – verallgemeinert werden soll. Die apparente Prävalenz ist der Anteil der Anzahl positiv befundeter Einheiten an der Gesamtanzahl der untersuchten epidemiologischen Einheiten.

Für die Auswahl der repräsentativen Studienpopulation, in der das Vorkommen des Pathogens untersucht werden soll, also die Ziehung der Stichprobe, muss die Zusammensetzung der Grundgesamtheit bezüglich zu berücksichtigender Einflussgrößen bekannt sein (Horvitz et al. 1952). Daraus ergeben sich bestimmte innerhalb der Grundgesamtheit zu unterscheidende Gruppen, so genannte Strata oder Schichten. Die Ziehung der Stichprobe sollte möglichst zufällig erfolgen, jedoch nach der Häufigkeit des Vorliegens der eventuell die Kenngröße beeinflussenden Charakteristika der Grundgesamtheit stratifiziert (Cochran 1977). Die Studienteilnehmer sollten also innerhalb der unterschiedlichen Strata zufällig ausgewählt werden, um die höchst mögliche Aussagekraft der Querschnittsstudie zu gewährleisten (Cameron 1999). Zufällige Auswahl bedeutet, dass jedes Element der

Grundgesamtheit die gleiche Wahrscheinlichkeit hat, in die Stichprobe zu gelangen (Yates et al. 2008).

Auch im Rahmen einer Querschnittsstudie können mögliche Assoziationen von Expositionsfaktoren und dem Auftreten des untersuchten Ereignisses untersucht werden. Dazu werden im Verlauf der Studie parallel zur Probennahme Daten zu vermuteten Einflussvariablen erhoben, die im weiteren Verlauf auf ihre prognostische Relevanz geprüft werden (Dohoo et al. 2010).

5.4.3 Epidemiologische Untersuchungen zur Nachverfolgung einer Infektionskette

Um die Hintergründe und Zusammenhänge zwischen einer zeitlich zusammenfallenden Serie von Erkrankungsfällen aufzudecken, werden der Detektion eines Ausbruchs systematische epidemiologische Untersuchungen angeschlossen (Conraths et al. 2016). Die Ergebnisse solcher Untersuchungen können in wichtigen Erkenntnissen zur Verbreitungsstrategie des Erregers führen, welche im Idealfall in die Entwicklung von Kontroll- und Präventionsmaßnahmen für zukünftige Infektionsereignisse münden.

Die Wahrscheinlichkeit des Eintrags eines Pathogens in eine Haltung und der Ausbreitung in ihr wird wesentlich vom Übertragungsweg und dessen Effizienz zwischen den Tieren und zwischen unterschiedlichen Haltungen beeinflusst (Ferguson et al. 2001). Sofern die Übertragung durch (in-)direkten Kontakt eines infizierten Tieres mit einem empfänglichen erfolgt, ist die Eintragswahrscheinlichkeit von der Prävalenz des Pathogens in der zu untersuchenden Population abhängig (Pfeiffer 2010b). Diese Faktoren sind im Falle von VSBV-1 bislang noch unklar. Auch die Empfänglichkeit aller bisher noch nicht betroffenen Hörnchenarten für das Virus ist ungeklärt und die gesamte Größe der in diesem Zusammenhang zu betrachtenden Population (d.h. die Anzahl der Hörnchenhaltungen in Deutschland) nicht bekannt. Ebenso unklar ist, wie VSBV-1 in deutsche Hörnchenhaltungen gelangt ist. Zur Klärung des Eintragsweges ist - neben der Suche nach einem eventuellen europäischen Wildtierreservoir - die Rückverfolgung der VSBV-1-positiven Tiere und die Untersuchung der insgesamt vorliegenden Hörnchenhandelsstrukturen von großer Bedeutung. Ein unter Umständen bestehendes Import-Risiko aus bestimmten Regionen der Welt oder aus bestimmten Haltungen kann wesentlich zur Risikobewertung beitragen (Murray 2004).

5.5 Survey-Designs

Um eine Population auf das Vorhandensein bestimmter Eigenschaften zu untersuchen, stehen eine Reihe von insbesondere in den Sozialwissenschaften etablierten Methoden zur Erhebung von Daten zur Verfügung (Atteslander 2010). Diese sind unter dem Begriff der Survey-Forschung zusammengefasst. Grundlegend sind hier vier Techniken der Survey-Forschung zu unterscheiden (Fink 2003):

- von den Survey-Teilnehmer*innen selbst auszufüllende Fragebögen

- Interviews mit den Survey-Teilnehmer*innen
- Datenerhebung auf Grundlage von Register-Einträgen
- strukturierte Beobachtung der Survey-Teilnehmer*innen

Diese Techniken unterscheiden sich in erster Linie in ihrer Anwendbarkeit auf die zu untersuchende Fragestellung. Ferner sind unter anderem der aufzubringende personelle, finanzielle und zeitliche Aufwand, der Zugang zur Zielpopulation, deren Aufgeschlossenheit gegenüber einer Studienteilnahme zu nennen. Im Anschluss an die Festlegung auf die Survey-Technik erfolgt die Auswahl der zur Durchführung anzuwendenden Mittel. Bei der Technik der Befragung von Proband*innen ist beispielsweise die Art der Kommunikation ein entscheidender Faktor. Daher sollten Survey-Designs immer auf die anzusprechende Zielpopulation und die Fragestellung zugeschnitten sein (Dillman et al. 2014).

Bei der Auswahl und Zusammenstellung von des Survey-Designs sind nach Bethlehem (2010) die folgenden Fehlerquellen zu berücksichtigen, um mögliche Verzerrungen zu vermeiden oder ihren Einfluss zu mindern:

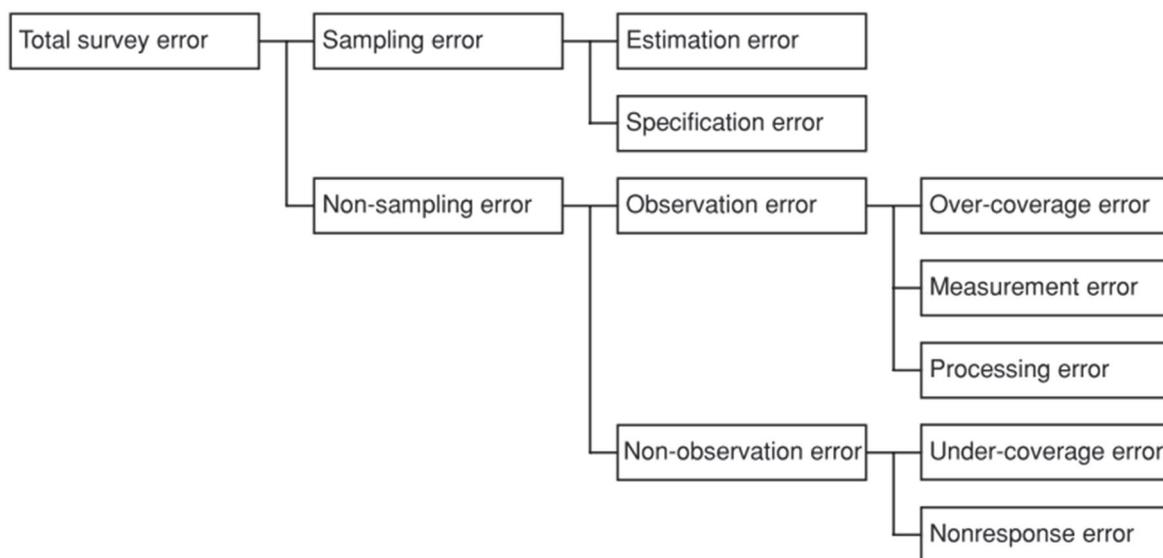


Abbildung 12: Taxonomie von Survey-Fehlern nach Bethlehem (2010)

Der *Sampling Error* entsteht bei der Stichprobenauswahl und kann nicht vermieden werden, sofern nicht die gesamte Zielpopulation untersucht wird. Ein *Estimation Error* entsteht, wenn die Beprobung einer Zufallsselektion folgt, bei der möglicherweise das Ergebnis beeinflussende Charakteristika der Zielpopulation nicht beachtet werden. Dem kann durch eine an die entsprechenden Charakteristika angepasste proportionale, d.h. stratifizierte Probennahme entgegengewirkt werden. Der *Specification Error* bezeichnet die Schere zwischen der theoretischen

Wahrscheinlichkeit der Selektion für die Stichprobe und der tatsächlichen durch das gesamte Surveydesign vorgegebenen Wahrscheinlichkeit.

Non-sampling Errors entstehen laut Bethlehem (2010) unabhängig von der Stichprobenauswahl. Sie sind gekennzeichnet durch die Möglichkeiten eines ausgewählten Elements, durch Teilnahme zum Survey-Ergebnis beizutragen. *Over-coverage* entsteht bei Einbezug von Teilnehmer*innen in den Survey, die nicht der Zielpopulation angehören. Dem kann durch gezielte Präselektionsfragen vorgebeugt werden. *Measurement Errors* sind Folge von falsch beantworteten Fragen, sei es durch Missverstehen der Frage oder durch willentliche Falschangabe. Ein *Processing Error* kann bei der Datenverarbeitung entstehen. *Under-coverage* entsteht, wenn bestimmte Elemente der Zielpopulation nicht die Möglichkeit wahrnehmen können, im Rahmen des Surveys berücksichtigt zu werden. Als *Nonresponse Error* bezeichnet man die fehlende Beantwortung bzw. die fehlende Teilnahme am Survey, obwohl die erforderlichen Voraussetzungen zur Teilnahme erfüllt sind.

Die genannten möglichen Fehlerquellen sind im Nachhinein auch für die Beurteilung der Eignung und Durchführung der Surveys, dem *Total Survey Error*, zu diskutieren.

5.5.1 Mixed-mode Surveys

Durch multiple Verwendung von unterschiedlichen Methoden und Herangehensweisen können die vielfältigen möglichen Fehlerquellen in so genannten *Mixed-mode Surveys* berücksichtigt und somit der *Total Survey Error* reduziert werden (Dillman et al. 2014). Insbesondere für die Ansprache und die Kommunikation mit der Zielpopulation steht eine breite Auswahl an Medien zur Verfügung. Die heute bei über 90 % liegende Abdeckung Deutschlands mit Internetanschlüssen und die weite Verbreitung von mobilen Internetzugängen (Statistisches Bundesamt 2018) rückt die Durchführung von Web-Surveys immer mehr ins Zentrum. Sie stellen eine kostengünstige und schnelle Alternative zu traditionellen Modellen in der Survey-Forschung dar. Entsprechende Fähigkeiten zur Nutzung des Internets zur Kommunikation, Austausch in sozialen Medien, Information und Handel sind mittlerweile in fast allen Generationen und Schichten vertreten (Statistisches Bundesamt 2018). Web-basierte Studien und Online-Fragebögen nutzen dabei die hohe Flexibilität in Zeit und Raum bei der Akquise und Studie von Teilnehmer*innen zu bestimmten Fragestellungen über das Internet aus (Monzon et al. 2018). Vor allem angewandt in soziodemographischen oder psychologischen Studien, können Interessierte nach gezielter oder ungezielter Ansprache selbst entscheiden, wann und in welchem Ausmaß ein Fragebogen beantwortet wird. Ein Gespräch findet nicht statt, dafür sollte der Online-Fragebogen verständlich, selbst erklärend, übersichtlich und nicht zu umfangreich gestaltet sein. Zusätzlich können materielle oder immaterielle Anreize die Teilnahmebereitschaft erhöhen (Dillman et al. 2014).

Entscheidend bei der Verbreitung von selbst auszufüllenden Fragebögen ist das Medium der Verbreitung, die Form der Ansprache sowie die Motivation der Teilnehmer*innen. Durch die Verwendung von unterschiedlichen Medien zur

Verbreitung kann einem *Coverage Error* entgegengewirkt werden (Dillman et al. 2014). Die Ansprache sollte dem gewählten Medium und der Zielpopulation angepasst sein. Sie wirkt sich entscheidend auf die Motivation zur Teilnahme aus. Positive Auswirkungen auf die Survey-Response-Rate haben u.a. der Hinweis auf die Relevanz der Umfrage und auf die Notwendigkeit der Teilnahme (Ajzen et al. 1980), die Einhaltung einer Kommunikation auf Augenhöhe („Adult-to-Adult Communication Style“) (Dillman et al. 2014), die Betonung der seltenen Gelegenheit zur Einbringung, die Einfachheit der Teilnahme (Cialdini 1984) sowie die Aufführung einer Kosten-Nutzen-Abwägung bei Teilnahme (Singer 2011).

Zur Dokumentation, Veröffentlichung und zur Überprüfbarkeit der Güte von Web-Surveys stehen Checklisten zur Verfügung, wie beispielsweise die „Checklist for Reporting Results of Internet E-Surveys (CHERRIES)“ (Eysenbach 2004).

6 Material & Methoden

6.1 Vorabrecherche über mögliche Kommunikationsplattformen

Für einen ersten Überblick zu den in Deutschland vorhandenen Haltungen von Hörnchen wurden Vorabrecherchen durchgeführt. Dazu wurde im Zeitraum von August 2017 bis Oktober 2018 das sichtbare Web durchsucht, indem in der deutschen Version der Suchmaschine Google (www.google.de) Kombinationen der Suchbegriffe „*hoernchen“/ „*hörnchen“ und „halt“/ „zucht“/ „züchter“/ „kaufen“/ „haustier“/ „zoo“/ „park“ eingegeben wurden. Die bei dieser Suche gefundenen Seiten wurden auf ihre Aktualität geprüft und nach ihrem Inhalt und Zweck in verschiedene Kategorien einsortiert, von denen die weitere Verwendung der vorgefundenen Informationen abhing (**Tabelle 2**).

Kategorie	extrahierte Daten	Verwendung
allgemeine Informationen	URL, allgemeine relevante Informationen, Links	Vorabrecherche
Plattformen zum Informationsaustausch	URL, ggf. Kontaktdaten von Züchter*innen, allgemeine Informationen	Vorabrecherche, Informationsweitergabe, Register-Teilnahmeakquise
private Website von Halter*in/ Züchter*in	URL, Kontaktdaten, präsentierte Hörnchenarten	Register, Informationsweitergabe, Teilnahmeakquise für QS
Web-Auftritt eines Vereins/ anderer Zusammenschluss	URL, Kontaktinformation	Informationsweitergabe, Kontaktaufnahme

Tabelle 2: Einordnungsschema und Verwendung der Such-Ergebnisse der Internetrecherche

Die Seiten mit allgemeinen Informationen und die Plattformen zum Informationsaustausch wurden durchgesehen, um einen ersten Eindruck von den Themen, Einflüssen und Problemen zu erhalten, die für Hörnchenhalter*innen Relevanz haben. Außerdem ergab sich so ein Bild über die Offenheit und Ansprechbarkeit der jeweiligen Community für sensible Themen wie die Registrierung von Haltungen durch eine Behörde oder die Erforschung von Krankheitserregern.

6.2 Hörnchenhaltungsregister

6.2.1 Einteilung der Haltungen

Die in Deutschland vorhandenen Haltungen von Hörnchen wurden in zwei Populationen aufgeteilt: Haltungen in privaten Haushalten und in Zoos oder zooähnlichen Einrichtungen (Tierparks, Wildparks, Wildgehege, Stadtparks mit Tiergehegen, u.a.). Für diese Populationen wurden separate Register angelegt, da sie sich in für das weitere Vorgehen wesentlichen Merkmalen unterscheiden (**Tabelle 3**). Während Zoos und zooähnliche Einrichtungen unter anderem für den Zweck, Publikum anziehen zu können, in irgendeiner Art und Weise öffentlich verzeichnet sein müssen, sind Haltungen in privaten Händen im Allgemeinen wie bereits dargelegt nicht registriert. Eine direkte Adressierbarkeit ist im Allgemeinen ausgeschlossen. Hörnchen haltende Personen können lediglich indirekt angesprochen und müssen für eine freiwillige Beteiligung motiviert werden. Ausnahmen bilden hier lediglich kommerziell ausgerichtete Zuchten oder solche Halter*innen, die Hörnchen zum Verkauf oder Tausch anbieten und somit die Öffentlichkeit suchen.

Erwartungen an eine Dokumentation des Tierbestands wurden an die Erfahrungen aus den initialen Untersuchungen in Hörnchenhaltungen geknüpft. Die mitunter sehr akkurat geführten Register der einzelnen zoologischen Einrichtungen standen dabei in Kontrast zu den teils nicht vorhandenen und teils nur aus einzelnen Zetteln bestehenden „Dokumentationen“ im privaten Bereich. Die Bereitschaft der jeweiligen Zielpopulation zur Mitwirkung (Compliance) wurde ebenfalls aus den Pilotstudien abgeschätzt und durch ein vorsichtiges Vorfühlen bei Gesprächen während der Vorabrecherchen und bei Treffen in den jeweiligen Gruppen angepasst.

Merkmal	Private Haltungen	Zoohaltungen
Populationsgröße	nicht bezifferbar	bezifferbar
Zugänglichkeit/ Adressierbarkeit	eingeschränkt/ nur indirekt	direkt möglich
Dokumentation des Tierbestands	nur begrenzt erwartbar	erwartbar
Bereitschaft zur Mitwirkung (Compliance)	mittel bis gering	hoch

Tabelle 3: Übersicht über die für die weitere Studienplanung relevanten Merkmale in privaten Haltungen und in Zoos

Da durch die Voruntersuchung (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b) und die Vorabrecherchen davon ausgegangen werden konnte, dass Hörnchen

unterschiedlicher Arten generell in unterschiedlichen Haltungseinheiten gehalten werden, jedoch Hörnchen gleicher Art innerhalb derselben Haltung insbesondere zur Zucht zwischen den unterschiedlichen Haltungseinheiten wechseln, wurde als zu betrachtende epidemiologische und damit zu registrierende Einheit die Hörnchen-Subpopulation eingeführt. Diese umfasst jeweils alle Individuen einer Art in derselben Haltung (**Abbildung 13**).

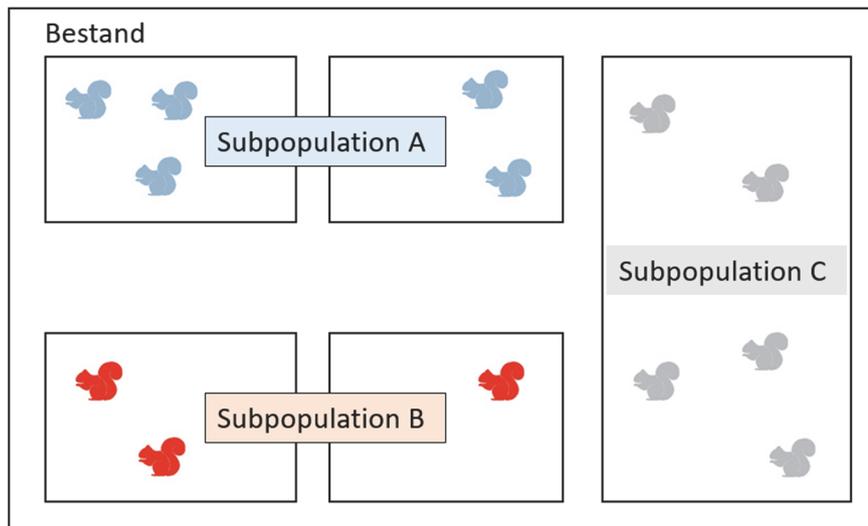


Abbildung 13: Schematischer Aufbau einer Haltung von drei verschiedenen Hörnchenarten (blau, rot und grau) in fünf Haltungseinheiten. Die Betrachtung kann auf Bestandsebene, auf Subpopulationsebene und auf Ebene der Individuen erfolgen.

Zur Vergleichbarkeit wurden die durch Schlottau et al. (2017a); Schlottau et al. (2017b) untersuchten Haltungen der Pilotstudie, die bislang nur auf Individualebene und Bestandsebene erfasst worden war, entsprechend klassifiziert.

6.2.2 Register privater Haltungen

6.2.2.1 Datenquellen und Kontaktaufnahme

Der private Sektor wurde in drei für die Teilnehmerakquise wesentliche Gruppen aufgeteilt.

- Halter*innen ohne Interesse an Vermehrung ihrer Tiere und Abgabe der Nachzucht
- Züchter*innen mit kommerziellem Interesse
- Züchter*innen mit dem Schwerpunkt Arterhalt

Um die Gruppe der nicht züchtenden, daher auch nicht notwendigerweise öffentlich in Erscheinung tretenden Hörnchenhalter*innen zu erreichen, wurden die in der Vorabrecherche identifizierten Online-Plattformen zum Informationsaustausch zu exotischen Nagetieren und Hörnchen genutzt, bei denen der letzte Eintrag nicht älter war als sechs Monate. Parallel dazu wurde in einem Magazin für Kleinsäuger-

Halter*innen und Enthusiast*innen ein Artikel mit den entsprechenden Informationen zu VSBV-1 und dem Vorhaben veröffentlicht (Allendorf et al. 2017).

Private Züchter*innen mit kommerziellem Interesse sind beim Verkauf in der Regel auf Verkaufsanzeigen angewiesen. Daher wurden aus Anzeigen in Sozialen Medien, wie z.B. hörnchen- oder kleinsäugerspezifischen Foren oder Facebook-Gruppen, auf Online-Tierverkaufsplattformen oder in Kleinsäuger-Fachzeitschriften die personenbezogenen Daten, sofern veröffentlicht, und die angebotenen Hörnchenarten extrahiert.

Des Weiteren wurde im Rahmen der Internetrecherchen eine Vereinigung von privaten Züchter*innen verschiedener Arten von Kleinsäufern ausfindig gemacht. Die „Bundesarbeitsgruppe Kleinsäuger e.V.“, die sich der Erhaltungszucht vieler seltener, in Zoos kaum noch vertretener Arten von Kleinsäufern verschrieben hat, führt Listen über die Aktivitäten ihrer Mitglieder, in die Einblick gewährt wurde. Außerdem wurde im Oktober 2017 eines der zwei Mal jährlich stattfindenden Treffen für die Vorstellung des Vorhabens, die Herstellung von Kontakten und die Gewinnung von Teilnehmer*innen genutzt. Im Nachgang wurden diese Informationen auch über den BAG-internen Mailverteiler versandt und für die regelmäßig erscheinende Mitgliederzeitschrift „Eliomys“ ein Artikel zur Information und Teilnehmerakquise verfasst (Allendorf et al. 2018).

6.2.2.2 Datensammlung

Zur Erhebung von privaten Haushalten mit Hörnchenhaltung wurde ein Online-Fragebogen erstellt, über den sich Teilnehmer*innen freiwillig mit der Art und Anzahl der gehaltenen Hörnchen im Zeitraum von Dezember 2017 bis Dezember 2018 registrieren konnten (Anhang 13.1). Dafür wurden unter Berücksichtigung der datenschutzrechtlichen Vorgaben auch personenbezogene Daten mit dem Einverständnis der Teilnehmer*innen erhoben, um die Haltungen zuordnen zu können („*informed consent*“). Im Weiteren wurden die Teilnehmer*innen eingeladen, sich in einen E-Mail-Verteiler für aktuelle Informationen zur Studie und VSBV-1 einzutragen sowie ihr ggf. Interesse an der Teilnahme der sich dem Register anschließenden Querschnittsstudie zu bekunden.

Für die Erstellung des Online-Fragebogens wurde die Plattform „umbuzoo.de“ ausgewählt. Mit den Plattformbetreibern mit Sitz in Deutschland wurde hierzu eine Datenschutzvereinbarung getroffen. Die Beantwortung der Fragen zu den Haltungsdaten war für die Teilnehmer*innen obligatorisch, die Angabe der persönlichen Daten fakultativ. Wenn der Fragebogen nicht vollständig bearbeitet wurde, wurden die Zwischenergebnisse trotzdem erfasst. Die Überprüfung auf Duplikate fand durch den Abgleich der angegebenen personenbezogenen Daten statt. Die Nutzungsfreundlichkeit des Fragebogens und die Eindeutigkeit der Fragen wurde zusammen mit Mitarbeiter*innen und Doktorand*innen des Instituts für Epidemiologie des FLI erprobt und unter Berücksichtigung der Erprobungsergebnisse optimiert. Im weiteren Verlauf wurde die Befragung an zwei durch vorhergehende Untersuchungen

bereits bekannte Hörnchenzüchter versandt, um die Funktionalität und Nutzungsfreundlichkeit des Online-Fragebogens kritisch überprüfen und bestätigen zu lassen.

Der Aufruf zur Beteiligung an der Online-Befragung wurde auf den identifizierten Plattformen geteilt, die von Hörnchenhalter*innen oder -züchter*innen frequentiert wurden. Des Weiteren wurde der Fragebogen in E-Mails an die auf den persönlichen Websites oder Internet-Verkaufsportalen gesammelten Kontaktdaten von Züchter*innen versandt. Entsprechend wurden die aufgefundenen Vereinigungen von Kleinsäugerenthusiast*innen gebeten, über ihre internen E-Mailverteiler eine Mitteilung zu versenden, die den Link zum Fragebogen enthielt. Für die Offline-Verbreitung war auf einem Flyer, der auf Kleinsäuger-Börsen und ähnlichen Treffen verteilt wurde, und in dem in Kleinsäuger-Magazinen erschienenen Artikel neben der Information über VSBV-1 die Befragungs-URL und ein QR-Code abgedruckt, der zur Online-Befragung führte. In diesen Schriften und am Ende der Online-Befragung wurden darüber hinaus telefonische und postalische Kontaktmöglichkeiten angeboten.

6.2.3 Register der Zoonhaltungen

6.2.3.1 Datenquellen und Kontaktaufnahme

In Deutschland listet die Arbeitsgruppe Zoobiologie der Universität Bielefeld, die eine Datenbank über aktuelle und ehemalige Zoos sowie zooähnliche Einrichtungen führt, 798 Einrichtungen, die im Jahr 2020 Säugetiere hielten (D. Petzold, persönliche Mitteilung, 21.09.2020). Aus dem Zoo Information Management System (ZIMS) wurden Auszüge über die gemeldeten Haltungen aller Arten der Familie Sciuridae durch den zuständigen Ansprechpartner im deutschsprachigen Raum freundlicherweise zur Verfügung gestellt (ZIMS 2017). Der Zugang und die Nutzung von ZIMS sind für die einzelnen Institutionen jedoch kostenpflichtig, sodass sich fast nur die finanzkräftigen und etablierten Einrichtungen beteiligen. Daher liefert das Verzeichnis vermutlich kein vollständiges Bild aller in deutschen Zoos oder zooähnlichen Einrichtungen vorhandenen Subpopulationen von Hörnchenarten. Daher wurde zusätzlich auf eine web-basierte *Open source*-Datenbank zurückgegriffen, in der Freiwillige, z.B. Kurator*innen, Pfleger*innen, Leiter*innen, Besucher*innen, die in der Haltung befindlichen Tiere von zoologischen Einrichtungen in Deutschland ein- und auch wieder austragen können (Graf et al. 2017). Hier wurden ebenfalls die Haltungen sämtlicher Arten der Familie der Hörnchen extrahiert. Das Vorhandensein der vermutlichen Subpopulationen wurde in einem ersten Schritt über die Internetpräsenz (eigene Website oder Auftritt in sozialen Medien, soweit vorhanden) der zoologischen Einrichtung kreuzvalidiert. Außerdem wurden sie mit den Auszügen zu den in ZIMS gemeldeten europäischen Subpopulationen aller Hörnchenarten und deren Größe verglichen und ggf. ergänzt.

Parallel dazu wurden Zooverbände kontaktiert. Über die E-Mailverteiler des Verbands der Zoologischen Gärten e.V., des Verbands der Zootierärzte, des Deutschen Wildgehegeverbands e.V., der Deutschen Tierpark-Gesellschaft (DTG) sowie der

European Association of Zoo and Aquaria (EAZA) wurden Rundschreiben versandt, um über das Auftreten von VSBV-1 zu informieren und auf die geplante Studie aufmerksam zu machen. Darüber hinaus wurden bei den Jahrestreffen der DTG (25.-27.04.2018 in Weißwasser) und der *Small Mammal Taxonomy Advisory Group* (SMTAG) der EAZA (23.-27.05.2018 in Halle) das Vorhaben vorgestellt und um Teilnahme an der Studie geworben.

Die jährliche Ausgabe des *European Monitoring-Studbook* für Prevost-Hörnchen (Kibbey 2018), welche die Arbeitsgruppe der SMTAG der EAZA freundlicherweise zur Verfügung stellte, wurde bezüglich der dort verzeichneten Prevost-Hörnchen ausgewertet. Im Gegenzug wurde in den aktuelleren Ausgaben (2018 und 2019) jeweils ein Kapitel ergänzt, in dem auf VSBV-1 und die im Rahmen der vorliegenden Studie am FLI stattfindenden Untersuchungen hingewiesen wurde und um Teilnahme an der Studie gebeten wurde.

6.2.3.2 Datensammlung

Die als potentiell Hörnchen haltend identifizierten zoologischen Einrichtungen wurden telefonisch kontaktiert. Wenn der Kontakt hergestellt werden konnte, wurden die Einrichtungen zuerst zur Aktualität der verzeichneten Hörnchenhaltungen befragt. Wenn dort Hörnchen gehalten wurden, erfolgte eine Aufklärung über das Auftreten von VSBV-1, falls hierzu noch kein Wissen vorhanden war. Im weiteren Verlauf wurden Angaben zur Zahl der gehaltenen Individuen und zur Geschlechterverteilung in der jeweiligen Subpopulation erfragt. Schließlich wurde die Teilnahme an weiteren Untersuchungen angeboten (vgl. Kapitel 6.3).

Blieben nach dreimaligem Versuch, die Einrichtungen zu unterschiedlichen Daten und Uhrzeiten zu erreichen, die Anrufe unbeantwortet, wurde eine E-Mail mit allgemeiner Information zu VSBV-1, der Studie und der Bitte um Meldung der aktuellen Hörnchenzahlen versandt.

Blieben Haltungen nach mehrmaligen Kontaktversuchen unbestätigt, wurden sie als N/A eingestuft, im Register als gelöscht vermerkt und von den weiteren Analysen ausgeschlossen.

6.2.4 Statistische Auswertung

Alle erhobenen Daten wurden in einer Tabelle zusammengeführt, die in Microsoft Excel (Version Microsoft Office Professional Plus 2016) erstellt wurde (Anhang **Tabelle 11**). Dabei erhielt jede Haltung zur Pseudonymisierung der Registerdaten eine vierstellige Identitätskennziffer, die mit einer weiteren vierstelligen Kennziffer für die jeweilige Subpopulation kombiniert wurde. Außerdem wurden die Variablen Art, Unterfamilienzugehörigkeit und Individuenzahl der Subpopulationen, die geografischen Koordinaten der Standorte sowie das Bundesland registriert.

Die Datenverarbeitung und statistische Analysen wurden mit R Version 4.0.0 (R Core Team 2020) vorgenommen. Die Visualisierung von Daten erfolgte unter Verwendung des Pakets *treemap* (Tennekes 2017).

Nach Abschluss des Registrierungsprozesses wurden die registrierten privaten und zoologischen Populationen zunächst mit den aus den Pilotstudien bekannten, auf die Subpopulationsebene angepassten Populationen (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b) verglichen. Um festzustellen, ob die beobachteten Häufigkeiten der Studien- und der Pilotdaten der gleichen Verteilung folgten, wurde nach Fertigstellung des Registers ein Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson (Pearson 1900) durchgeführt.

6.3 Querschnittsstudien

In der privaten und der Zoo-Population wurde je eine Querschnittsstudie durchgeführt. Grundlage für die Stichprobenberechnung bildete das jeweilige Register. Die Subpopulation wurde als die epidemiologische und damit zu beprobende Einheit festgelegt. Die Stichprobe wurde zweistufig berechnet, um eine Stratifizierung nach Häufigkeitsverteilung der Subpopulationen innerhalb der jeweiligen Population bei der Zusammensetzung des zu beprobenden Querschnitts zu gewährleisten.

6.3.1 Berechnung des Stichprobenumfangs

Die Anzahl der zu beprobenden Tiere (Stichprobenumfang) ist abhängig von der zu erwartenden Proportion p der Population, bei der das zu untersuchende Merkmal (Vorhandensein einer Infektion) vorliegt. Weiterhin beeinflussen die Präzision e , also der akzeptierte Fehler des Schätzers, sowie der mit dem angestrebten Konfidenzintervall der Zielgröße korrespondierende Wert Z der Standardnormalverteilung die Größe der zu untersuchenden Stichprobe. Für die Berechnung der Stichprobengröße n der Querschnittsstudien auf Subpopulationsebene innerhalb beider Populationen wurde folgende Formel nach (Cochran 1977) angewandt:

$$n = \left(\frac{Z \cdot \sqrt{p \cdot (1 - p)}}{e} \right)^2 = \frac{Z^2 \cdot p \cdot (1 - p)}{e^2}$$

Bei Grundgesamtheiten mit bekannter Größe N kann die errechnete Stichprobengröße n mit folgender Formel nach (Thrusfield et al. 2018) korrigiert werden:

$$n(\text{cor}) \equiv \frac{N \cdot n}{(N + n)}$$

Diese Korrektur wurde für die Zoo-Population vorgenommen, mit N als Summe aller Subpopulationen (Pilot und neues Register).

Der Stichprobenumfang für die Schätzung der Prävalenz in der Privat- und Zoo-Population wurde allgemeinen Konventionen entsprechend für ein Konfidenzintervall von 95 % ($Z=1,96$) berechnet. Die Präzision e wurde der zu erwartenden Compliance innerhalb der zu untersuchenden Population angepasst. Für den Prävalenzschätzer p lagen die Ergebnisse der Pilotstudien zu Grunde, die in neun privaten (15,3 %) und

vier zoologischen (14,8 %) Subpopulationen mindestens ein positives Individuum nachgewiesen hatten (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b). Um aus diesen Pilotdaten weniger verzerrte Schätzer für die Berechnungen der Stichprobengrößen zu generieren, wurden die Anteile positiver Subpopulationen innerhalb jeder Art (d.h. in jedem Stratum) an die während des Registrierungsprozesses gemessene, vermutlich wahre Häufigkeitsverteilung aller Arten innerhalb der jeweiligen Population angepasst. Angelehnt an die Formel von Thrusfield et al. (2018) ergab sich somit für das den jeweiligen adjustierten Schätzer p

$$p(\text{adj}) = \sum p_i \cdot \frac{r_i}{R}$$

wobei p_i die im jeweiligen Stratum i vorliegende Proportion der in der Pilotpopulation positiven Subpopulationen ist, r_i die Anzahl der registrierten Subpopulationen des entsprechenden Stratoms, und R die Gesamtzahl aller registrierten Subpopulationen.

6.3.2 Beprobung und Diagnostik

Es wurden alle registrierten Halter*innen und Zoos kontaktiert und motiviert, möglichst alle ihre Hörnchen durch trockene Maultupfer oder Kotproben zu beproben. Bei Zusage wurde den Teilnehmer*innen ein auf die registrierte Anzahl von Hörnchen zugeschnittenes Beprobungskit zugesandt. Das Kit umfasste eine bebilderte Anleitung zur Beprobung, zwei Tupfersysteme (Rayon Abstrichtupfer mit Aluminiumträger, Hain Lifesciences GmbH) pro Individuum für die Maultupfer-Entnahme, eine entsprechende Anzahl von Plastikbeuteln zur Kotprobensammlung sowie ein Probenbegleitschreiben und einen adressierten und frankierten Rücksendeumschlag für den Versand an das FLI. Wenn keine individuellen Tupfer oder Kotproben entnommen werden konnten, wurden gepoolte Kotproben aus dem Gehege der jeweiligen Subpopulation entnommen. Um zu prüfen, ob die Häufigkeiten der untersuchten Subpopulationen der gleichen Verteilung wie im Register folgten, wurde der Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson (Pearson 1900) durchgeführt. Falls notwendig, wurde eine Stratifizierung der eingegangenen Proben nach der im Register gemessenen Häufigkeitsverteilung der Stichprobe nachträglich vorgenommen.

Die Proben wurden mittels RT-qPCR analysiert, wobei das in früheren Studien etablierte System verwendet wurde (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b; Hoffmann et al. 2015). Nach einem Extraktionsschritt mit Trizol-Reagenz (Life Technologies, Darmstadt, Deutschland) wurde RNA aus Tupfern oder Kotproben mit dem Nucleo Mag Vet Kit (Macherey & Nagel, Düren, Deutschland) und dem KingFisher™ Flex Purification System (Thermo Fisher Scientific, Darmstadt, Deutschland) nach den Anweisungen des Herstellers extrahiert. Anschließend wurden zwei RT-qPCR-Assays auf einem BioRad CFX96 Cyclyer (BioRad, Hercules, Kalifornien, USA) durchgeführt, die sich in ihren Primer-Mixen unterschieden. Zum einen wurde mit dem VSBV-1-Mix 10 eventuell vorhandene VSBV-1-spezifische RNA nachgewiesen, zum anderen diente der panBorna-Mix 7.2 zum Nachweis eines breiten Spektrums anderer Orthobornaviren. Alle Proben wurden zusammen mit Positiv-, Negativ- und RNA-Isolationskontrollen analysiert. Die analytische und die

diagnostische Spezifität der Assays liegen bei 100 %, das Detektionslimit bei weniger als 10 Genomkopien/µl Template (Schlottau et al. 2017a). Ein positives Ergebnis in der RT-qPCR wurde anschließend durch Sanger-Sequenzierung des Voll- oder Teilgenoms bestätigt (Sanger et al. 1977).

6.3.3 Datenkonsolidierung und -analyse

Die Datenkonsolidierung wurde mit Microsoft Excel (Version Microsoft Office Professional Plus 2016) vorgenommen. Hierzu wurden im bereits bestehenden Datensatz des Registers alle eingesandten Proben von Einzeltieren den registrierten Subpopulationen und Haltungen zugeordnet und individuenpezifisch um eine weitere vierstellige Ziffer ergänzt, um Wiederholungsuntersuchungen von Tieren nachverfolgen zu können. Des Weiteren wurden – sofern angegeben – das Geschlecht der Tiere und ggf. die Unterart vermerkt. Diese Daten wurden mit der Probennummer des Labors, Datum des Probeneingangs, Art der Probe sowie Ergebnis der RT-qPCR zusammengeführt. Für die Auswertung auf Ebene der Subpopulationen wurden die Untersuchungsergebnisse aller Individuen der jeweiligen Subpopulation kumuliert, sodass bei Auftreten mindestens eines positiven Testergebnisses eines Einzeltieres die Subpopulation als positiv galt.

Die Berechnung der Stichproben, die weitere Datenverarbeitung und die statistische Analysen wurden mit der Statistiksoftware R (www.r-project.org), Version 4.0.0 (R Core Team 2020), durchgeführt. Für die deskriptive Statistik, die Datenverarbeitung und die Berechnungen wurden dafür die Pakete dplyr (Wickham 2020) und propCIs (Scherer 2018) verwendet, die Datenvisualisierung wurde unter Verwendung des Pakets ggplot2 (Wickham 2016) vorgenommen. Die Konfidenzintervalle der geschätzten und der apparenten Prävalenzen wurden mit der exakten Methode nach Clopper und Pearson berechnet (Clopper et al. 1934).

6.4 Analyse des Hörnchenhandels

6.4.1 Allgemein öffentlicher Verkauf von Hörnchen

Als potentielle Bezugsquellen für Hörnchen zur Haltung im Privathaushalt wurden folgende Möglichkeiten angenommen:

- privater Verkauf auf Internetportalen
- Verkauf in Zoohandelsfachgeschäften
- Verkauf auf Tierbörsen
- Abgabe in Tierheimen
- Abgabe in Wildtierauffangstationen

In eingehenden Internetrecherchen wurde das sichtbare Web über die deutsche Version der Suchmaschine Google (www.google.de) unter Verwendung der Suchbegriffe „hörnchen“ oder „hoernchen“ und „kauf“ durchsucht. Die dabei gefundenen Portale wurden auf die Anzahl der auf ihnen geposteten aktuellen Inserate

überprüft. Sofern vorhanden, wurden die Archive der Portale ebenfalls nach Verkaufsanzeigen von Hörnchen durchsucht. Aus den Inseraten wurden – sofern angegeben - die Art und Anzahl der abzugebenden Tiere, der Standort der Haltung, der Verkaufspreis sowie das Datum des Eintrags extrahiert.

Im Zoofachhandel wurde der Dachverband der Zoothandelsfachgeschäfte in Deutschland, der Zentralverband Zoologischer Fachbetriebe e.V., kontaktiert, um mehr über das Angebot und die Strukturen beim Handel mit Hörnchen und anderen exotischen Kleinsäugetern zu erfahren.

Um dem Verkauf von Hörnchen und anderen Kleinsäugetern auf Tierbörsen nachzugehen, wurden zwei große Börsen für den Handel mit exotischen Tieren besucht. Die viermal jährlich stattfindende „Terraristika“ in Hamm/ Westfalen gilt als die größte Tierbörse für Reptilien und exotische Kleinsäugeter in Europa. Die „Exoknaag“ in Houten/ Niederlande, die dreimal im Jahr veranstaltet wird, wird als Europas größte Börse speziell für exotische Nagetiere und andere Kleinsäugeter beschrieben.

6.4.2 Spezielle Ermittlung des Kontaktnetzwerks im Hörnchenhandel

Über die in der Querschnittsstudie identifizierten Züchter*innen und zoologischen Organisationen wurden Informationen über die Geschichte und die Struktur der Haltung exotischer Hörnchen in Deutschland und anderen europäischen Ländern gesammelt. Die Nachforschungen in allen nachweislich betroffenen und den vermutlich involvierten Haltungen wurden zudem wieder aufgenommen und intensiviert. Soweit möglich, wurden eingehende Befragungen der Halter*innen oder ihrer Angehörigen bzw. den zuständigen Zoomitarbeiter*innen durchgeführt. Sie wurden zu ihren Handelskontakten im Zeitraum der letzten 20 Jahre interviewt. Hierbei wurde der Schwerpunkt auf exotische Baum- und Schönhörnchen gelegt. Ausgehend von den Aussagen der Befragten wurden weitere Halter*innen, Händler*innen und Zoos ausfindig gemacht, um nach Herkunft und Verbleib der einzelnen Tiere zu fragen. Sofern verfügbar, wurden die in den jeweiligen Haltungen vorhandenen Aufzeichnungen jedes einzelnen Hörnchens über Geburt, Herkunft bzw. Eingang, Transfer und Verbleib bzw. Tod abgeglichen. Bei fehlender Dokumentation wurden beide beteiligte Handelsparteien um eine möglichst genaue Schätzung der jeweiligen Angaben zu Einzeltieren gebeten.

Als Datenquelle für die Analyse des Tierverkehrs wurde auch das jährlich aktualisierte *European Monitoring Studbook* für Prevost-Hörnchen der EAZA (Kibbey 2018) genutzt. Die Ausgabe von 2018 enthält alle Daten über die damals aktuell und die in der Vergangenheit in europäischen und nordamerikanischen Zoos gehaltene Individuen. Die Aufzeichnungen reichen zurück bis in das Jahr 1962. Daten von insgesamt 753 Einzeltieren wurden aufgezeichnet. Einen Einblick in die Struktur des Zuchtbuchs gibt **Abbildung 14**.

Material & Methoden

Stud#	Sex	Birth Date	Sire	Dam	Location	Date	[LocalID]	Event	Name	Taxon
176	?	~15 Jan 1998	140	97	LONDON RP	~15 Jan 1998 18 Feb 1998	A3831	Birth Death		generic
[Death by: Unknown means]										
177	F	~ 1998	UNK	UNK	PRIVATE VAN WEES ROTTERDAM VAN WEES	~ 1998 ???? 5 Feb 2000 24 Mar 2005	 NONE 106039 NONE	Birth Transfer Loan to ltf	Hazel	prevostii
178	F	20 Mar 1998	63	134	FRANKFURT VELDHOVEN	20 Mar 1998 5 Jul 1998	38467	Birth ltf		rafflesii
179	M	21 Mar 1998	64	144	MINNESOTA LOSANGELE	21 Mar 1998 29 Mar 2000 8 Apr 2004	9305 990172	Birth Transfer Death		generic
[Death by: Euthanasia (medical) Given to an institution: Unknown (after necropsy)]										

Abbildung 14: Ausschnitt aus dem europäischen Monitoring-Zuchtbuch für Prevost-Hörnchen der EAZA

Die Einzeltierdaten der Hörnchen zum Geburtsdatum, Herkunft, Verbringungen, Aufhalten sowie dem Verbleib wurden extrahiert.

Alle ausfindig gemachten privaten Bestände und zoologischen Einrichtungen wurden gebeten, nach Möglichkeit von den vorhandenen Hörnchen Maultupfer-, Kot- oder Serumproben zu nehmen. Mit den eingesandten Proben wurde eine VSBV-1-spezifische Diagnostik wie in Kapitel 6.3.2 beschrieben durchgeführt. Im gleichen Zug wurde die Diagnostik der Pfleger*innen, Halter*innen und weiterer Kontaktpersonen durch das BNITM angeboten.

Die sich aus den Interviews mit den privaten Züchter*innen und nicht im Zuchtbuch gelisteten Zoos ergebenden Datensätze wurden mit denen des Zuchtbuchs zusammengefügt. Zu den Handels- und Halungsdaten der Einzeltiere wurden diagnostische Ergebnisse – sofern vorhanden - hinzugefügt und um die epidemiologischen und diagnostischen Ergebnisse aus der Humanmedizin ergänzt. Das aus den betroffenen oder involvierten Halungen entstandene temporale gerichtete Kontaktnetzwerk enthielt die Standorte, Subpopulationen und Individuen als Knoten und die Verbringungen eines Individuums in eine andere Haltung bzw. Subpopulation als Kanten. Es wurde in einer grafischen Darstellung konsolidiert. Dabei wurden die möglichen Verbreitungswege zwischen den betroffenen Halungen über die Tiere als VSBV-1-Vektoren auf Schlüssigkeit geprüft.

Die aus dem Netzwerk resultierenden Annahmen wurden anschließend mittels einer vom Projektpartner am BNITM durchgeführten phylogenetischen temporalen Analyse nach Bayes (Rambaut et al. 2016; Drummond et al. 2012) aller verfügbaren Vollgenom-Sequenzen der VSBV-1-Isolate verglichen. Diese Analyse wurde nach dem retrospektiven Nachweis eines zweiten Humanfalls in dem bereits betroffenen Zoo möglich, da ein archiviertes Gehirn-Bioptat des schwer erkrankten Patienten aus dem Jahr 2007 zur Verfügung stand. Zudem flossen die durch die Querschnittsstudien

aus Hörnchen gewonnenen Sequenzen der VSBV-1-Isolate mit ein. Durch die Zusammenführung des berechneten zeitabhängigen phylogenetischen Baums einerseits und des zeitabhängigen Handelsnetzwerks der beteiligten Haltungen andererseits wurden in Zusammenarbeit mit dem BNITM die Eintrags- und Herkunftshypothesen geprüft.

7 Ergebnisse

7.1 Vorabrecherche über mögliche Kommunikationsplattformen

Bei der Google-Suche mit den in Kapitel 6.1 genannten Suchbegriffen stellten insbesondere die Internetforen für Halter*innen von Hörnchen und anderen exotischen Kleinsäufern sowie die themenbezogenen Gruppen in sozialen Medien wie Facebook die beste Quelle dar, um die Vielfältigkeit und Verbreitung von Hörnchenhaltungen in Privathaushalten zu erfassen. Im Vordergrund standen hier die Haltung von Sibirischen Streifenhörnchen und Chinesischen Baumstreifenhörnchen, die erstere seit dem Erlass der Positivliste abgelöst zu haben scheinen, sowie Europäische Eichhörnchen. Foreninterne Gruppen und Facebook-Gruppen zu anderen Hörnchenarten finden sich in geringerer Zahl. Eine Übersicht über die gefundenen Plattformen gibt **Tabelle 4**.

Kategorie	Name der Website/ Gruppe	Zeitraum des Zugriffs
eigene Plattform	www.hoernchenvilla.de	Dez 2017
	www.eichhoernchenforum.de	Dez 2017
	www.streifi-forum.de	Dez 2017
	www.forum-burunduk.com	Dez 2017
	www.haustierforumonline.de	Dez 2017
	www.nagetierforum.de	Dez 2017
Facebook	Baumis & Co	Dez 2017
	Exotische Nagetiere	Jan 2018
	Exotische Kleinsäuger	Jan 2018
	Haltung & Zucht exotischer Nagetiere	Jan 2018
	Hoernchenvilla	Dez 2017
	Kleinsäuger F / A	Jan 2018
	Nagetierfreunde Deutschland	Jan 2018
	Schönhörnchen	Jan 2018
	Streifenhörnchen	Dez 2017
	Streifenhörnchen & Co	Jan 2018
	Streifenhörnchen-Liebe	Dez 2017
	Streifenhörnchen-Vermittlung	Jan 2018
Rund ums Eichhörnchen	Jan 2018	

Tabelle 4: Übersicht über aufgefundene Plattformen zum Informationsaustausch zur Hörnchenhaltung

In den Foren-internen Untergruppen fanden themenbezogene Unterhaltungen (so genannte Threads) statt, in denen u.a. allgemeine Tipps zur Haltung, Fütterung und

Beschäftigung, zu möglichen Bezugsquellen von Tieren und Zubehör und zu gängigen Erkrankungen (vor allem Mangelerscheinungen, Zahnerkrankungen, Endo- und Ektoparasitosen) erörtert wurden. In den Threads zu Erkrankungen wurde vielfach auf die Unwissenheit bzw. Unerfahrenheit von Tierärzt*innen im Umgang mit Hörnchen und bei deren Behandlung hingewiesen. Außerdem wurde auf die extreme Stresssituation für Hörnchen in Tierarztpraxen aufmerksam gemacht, die daher nach Auffassung von Forist*innen nur in Ausnahmefällen besucht werden sollten.

Auf Seiten mit allgemeinen Informationen und Ratschlägen zum Erwerb und zur Haltung von Hörnchen standen die Arten Streifenhörnchen und Baumstreifenhörnchen im Vordergrund. Themen waren hier vor allem Platzbedarf, Freilauf und Gehegegestaltung, Gruppengröße, Fütterung und Pflege. Zu Infektionserkrankungen wurde in keinem Fall informiert, es wurden lediglich mögliche Ernährungsmängel erwähnt. Der Gang zum Tierarzt wurde als extreme Stresssituation mit möglicher Todesfolge beschrieben und nur in extremen Ausnahmefällen empfohlen.

Auf einigen Plattformen und Informationsseiten wurden bereits in der Vergangenheit Themen bezüglich einer Genehmigungs- oder Registrierungspflicht der Haltung von exotischen Haustieren oder eines Verbots solcher Haltungen kontrovers diskutiert. Dabei schien weitgehend Konsens darüber zu bestehen, dass eine behördliche Registrierung unerwünscht sei, da sie als Einschränkung und mögliche Vorstufe zum Verbot des Haltens exotischer Haustiere empfunden wurde.

Die über die Google-Suche, Verkaufsanzeigen und Links in entsprechenden Foren und Gruppen gefundenen 44 privaten Züchter*innen waren mit Ausnahme von dreien durch einen Internetauftritt im sichtbaren Web vertreten. Hier wurde jeweils der Bestand vorgestellt und die Abgabe von Tieren beworben. Etwa 60 % (n = 27) der so ausfindig gemachten Haltungen züchteten zwei oder mehr Arten. Die größte Vielfalt bestand in 18 Arten. Über die Hälfte der Bestände (n = 25) warb mit der Zucht von Chinesischen Baumstreifenhörnchen, etwa ein Drittel (n = 16) gab an, Sibirische Streifenhörnchen zu züchten. Andere Arten wurden in weitaus geringerer Zahl angeboten.

7.2 Hörnchenhaltungsregister

7.2.1 Private Haltungen

Der Online-Fragebogen für die selbstständige freiwillige Registrierung im privaten Sektor wurde 182 Mal aufgerufen. Ausgefüllt wurde er von 133 Teilnehmer*innen, von denen 117 angaben, dass sie zum Zeitpunkt der Durchführung der Studie ein oder mehrere Hörnchen hielten. 106 Personen beantworteten den Fragebogen vollständig. Davon mussten 13 Teilnehmer*innen ausgeschlossen werden, da sich ihre Hörnchenhaltung nicht in Deutschland befand. In den verbliebenen 93 aktiven deutschen Hörnchenhaltungen wurden Daten über 117 Subpopulationen gesammelt.

Diese Selbstregistrierungsdaten wurden durch 54 passiv erhobene Datensätze über Besitzer*innen und Züchter*innen ergänzt. Von den 44 über die Online-Präsentation ihres Bestands identifizierten Halter*innen wurden nach Kontaktaufnahme 37 als aktuell Hörnchen haltend identifiziert, bei denen 84 Subpopulationen registriert wurden, zu denen durch eingehende diagnostische Anfragen weitere 39 Subpopulationen hinzukamen. Insgesamt wurden Informationen über 240 Subpopulationen aus 147 verschiedenen Privatbeständen gesammelt (für weitere Einzelheiten siehe **Abbildung 15**).

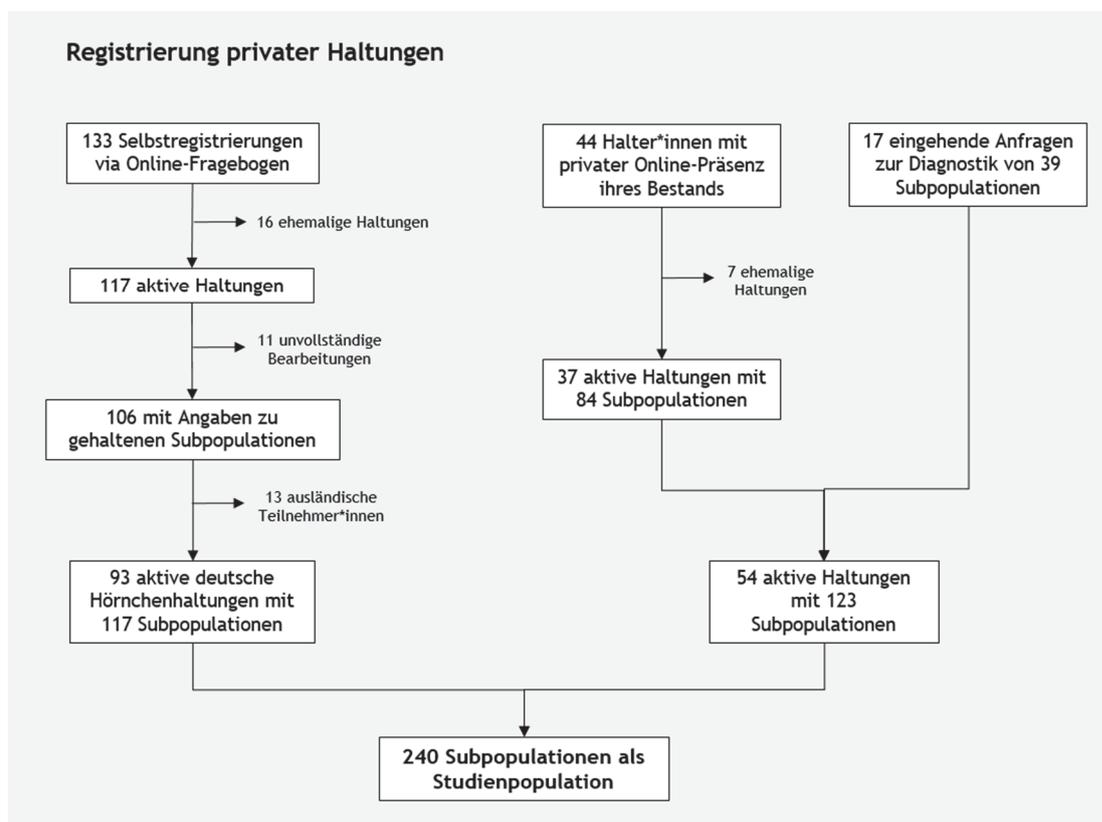


Abbildung 15: CONSORT-Diagramm zur Vorgehensweise und Prozess der Registrierung der Hörnchenpopulation in privaten Haushalten in Deutschland. Modifiziert nach Allendorf et al. (2021)

Das Register umfasste die Haltung 23 verschiedener Arten im privaten Bereich (**Abbildung 16** und **Tabelle 5**). Die häufigsten Arten waren das Chinesische Baumstreifenhörnchen (23,9 % aller registrierten Subpopulationen) und das Sibirische Streifenhörnchen (21,0 %), gefolgt vom Europäischen Eichhörnchen (16,8 %). Zusammen machten diese drei Arten mehr als 60 % aller registrierten Subpopulationen aus. Die Arten, an denen bislang das höchste Interesse bezüglich des VSBV-1-Vorkommens besteht, das Bunthörnchen und das Prevost-Hörnchen, machten jeweils etwa 5 % der registrierten Hörnchen-Subpopulationen aus.

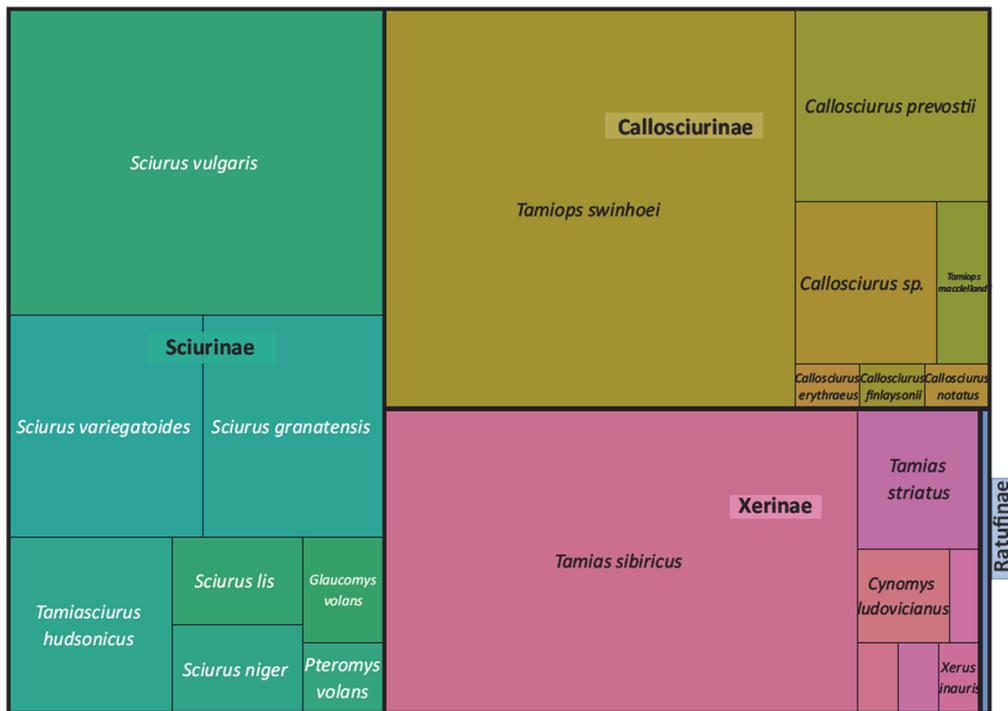


Abbildung 16: Tree-Map der Häufigkeitsverteilung der Subpopulationen nach Arten und Unterfamilien in der registrierten privaten Population. Modifiziert nach Allendorf et al. (2021)

Die 33 privaten in der Pilotstudie erfassten Haltungen, die zuvor nur auf der Ebene der Individuen und auf der Ebene der Haltungen beschrieben worden waren, bestanden aus insgesamt 59 Subpopulationen. Die Häufigkeiten der unterschiedlichen Arten sind **Tabelle 5** zu entnehmen.

Hörnchen in privatem Besitz		
Unterfamilie		
<i>Spezies</i>	Register	Pilot
Callosciurinae	84	25
<i>Callosciurus erythraeus</i>	1	2
<i>Callosciurus finlaysonii</i>	1	1
<i>Callosciurus notatus</i>	1	-
<i>Callosciurus prevostii</i>	13	10
<i>Callosciurus sp.</i>	8	1
<i>Tamiops mccllellandii</i>	3	-
<i>Tamiops swinhoei</i>	57	11
Ratufinae	1	
<i>Ratufa macroura</i>	1	-
Sciurinae	92	33
<i>Glaucomys volans</i>	3	-
<i>Pteromys volans</i>	2	1
<i>Sciurus granatensis</i>	14	5
<i>Sciurus lis</i>	4	-
<i>Sciurus niger</i>	4	-
<i>Sciurus variegatoides</i>	15	15
<i>Sciurus vulgaris</i>	40	12
<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	10	-
Xerinae	63	1
<i>Cynomys ludovicianus</i>	3	-
<i>Paraxerus cepapi</i>	1	-
<i>Sciurotamias davidianus</i>	1	-
<i>Spermophilus tridecemlineatus</i>	1	-
<i>Tamias sibiricus</i>	50	1
<i>Tamias striatus</i>	6	-
<i>Xerus inauris</i>	1	-
Total	240	59

Tabelle 5: Übersicht über die Häufigkeiten nach Hörnchenarten in den registrierten privaten Subpopulationen im Vergleich zu den in der Pilotstudie in privaten Haltungen identifizierten Subpopulationen

Die Häufigkeitsverteilung der gehaltenen Hörnchenarten unterschied sich statistisch signifikant zwischen denen der Pilotstudie und der registrierten Population (Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson, X^2 (df = 3, N = 280) = 15.206, $p = 0.002$). Die registrierte Häufigkeitsverteilung der Arten diente als Schätzgröße für die Gesamtpopulation der Hörnchen in Privatbesitz und wurde als Grundlage für weitere Berechnungen verwendet.

In 35 aller registrierten Haltungen (23,8 %) wurde mehr als eine Subpopulation gehalten. 28 dieser Haltungen hielten Arten aus zwei Unterfamilien. Zehn Bestände

beherbergten sowohl zentralamerikanische Hörnchen (*S. variegatoides*, *S. granatensis*) als auch südostasiatische Schönhörnchen (*Callosciurus* spp.).

Die Größen der Subpopulationen variierten zwischen einem Individuum und 50 Individuen, in Abhängigkeit von den gehaltenen Arten (**Abbildung 17**) und der Ausrichtung der Haltung (Zucht/ Hobby). Im Durchschnitt lag die Subpopulationsgröße bei 5,6 mit einem Median von 3,0 Individuen.

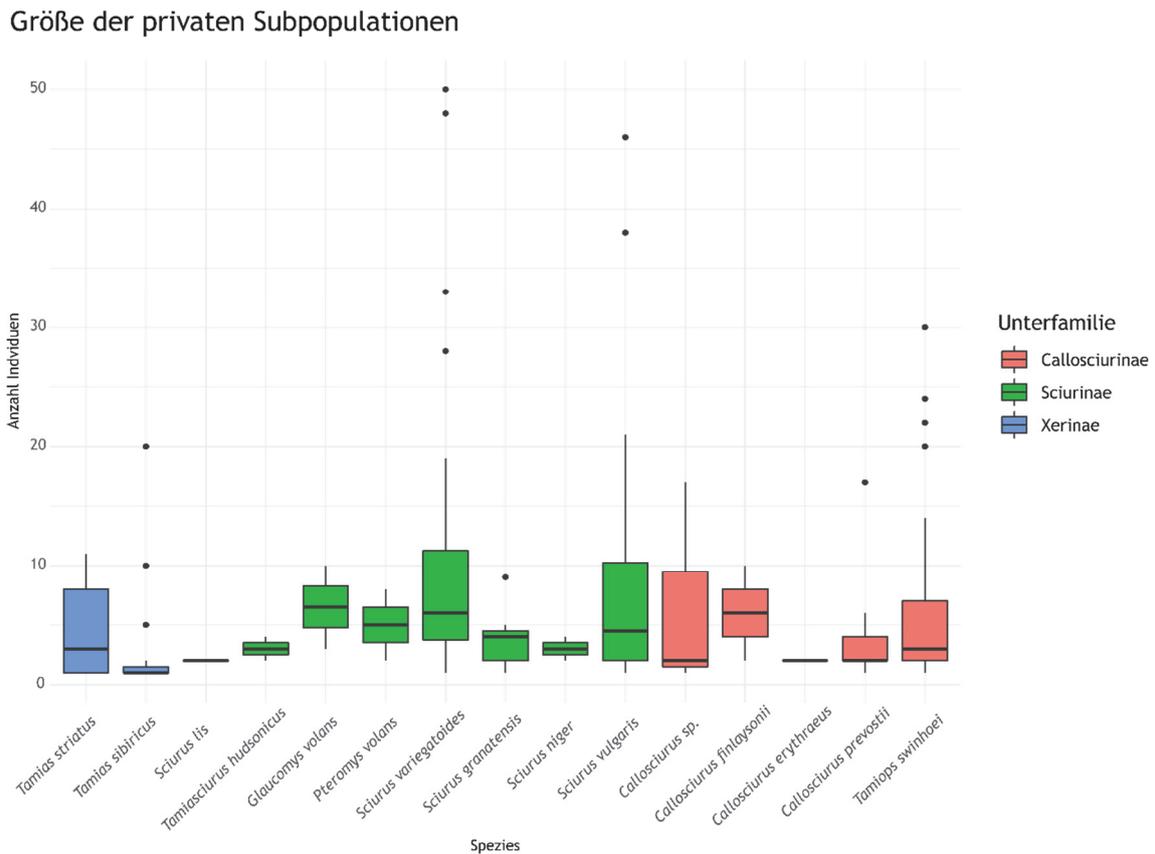


Abbildung 17: Boxplot-Grafik zur Verteilung der Individuenanzahl der registrierten Subpopulationen nach Hörnchenart und Unterfamilie in der privaten Population.

7.2.2 Register der Zoohaltungen

Von den 798 gelisteten Zoos und zooähnlichen Einrichtungen, die Säugetiere hielten, wurden 149 als potentiell Hörnchen haltend identifiziert. Von diesen waren bereits 19 in der Pilotstudie enthalten. Bei der telefonischen und schriftlichen Nachverfolgung gelang es, Kontakt mit 93 der verbleibenden 130 Einrichtungen aufzunehmen. Von den 93 Zoos gaben 24 an, die Haltung von Hörnchen aufgegeben zu haben. Die 69 verbleibenden Einrichtungen wurden nach ihrem aktuellen Bestand an Hörnchen befragt. Insgesamt wurden in ihnen 130 Subpopulationen registriert. Da es - im Gegensatz zum privaten Sektor - eine begrenzte und zählbare Anzahl von Hörnchen-Subpopulationen in deutschen Zoos gibt, wurden die Subpopulationen aus der

Pilotstudie (soweit noch vorhanden) und die neu registrierten Subpopulationen zu einer Grundgesamtheit von 156 Subpopulationen zusammengefasst (**Abbildung 18**).

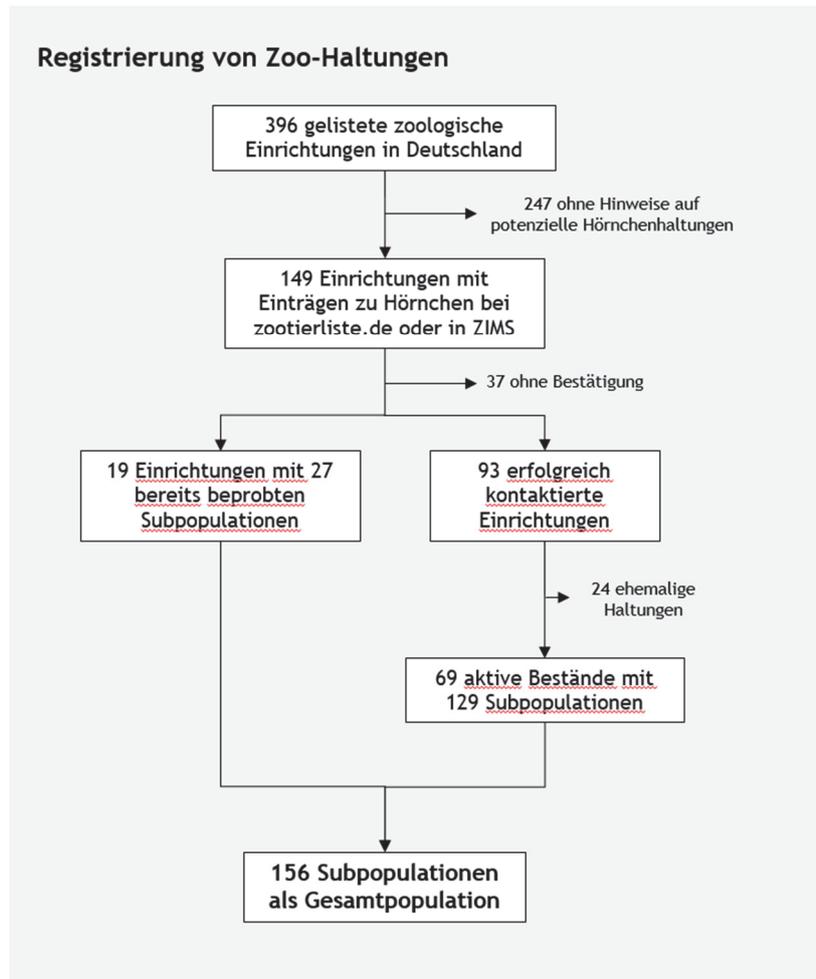


Abbildung 18: CONSORT-Diagramm zur Vorgehensweise und Prozess der Registrierung der Hörnchenpopulation und Subpopulationen in Zoos in Deutschland. Modifiziert nach Allendorf et al. (2021)

In den zoologischen Einrichtungen wurden 26 verschiedene Hörnchenarten gehalten (**Abbildung 19** und **Tabelle 6**). Die häufigste Art (25 % aller Subpopulationen) war der Präiehund (*Cynomys ludovicianus*) aus der Unterfamilie der Erdhörnchen (Xerinae), gefolgt vom Europäischen Eichhörnchen (15 %) und dem Chinesischen Baumstreifenhörnchen (13 %). Prevost-Hörnchen wurden von 9 % der registrierten Zoos gehalten; das Bunthörnchen gehörten mit nur fünf registrierten Subpopulationen (3 %) zu den selten gehaltenen Arten.

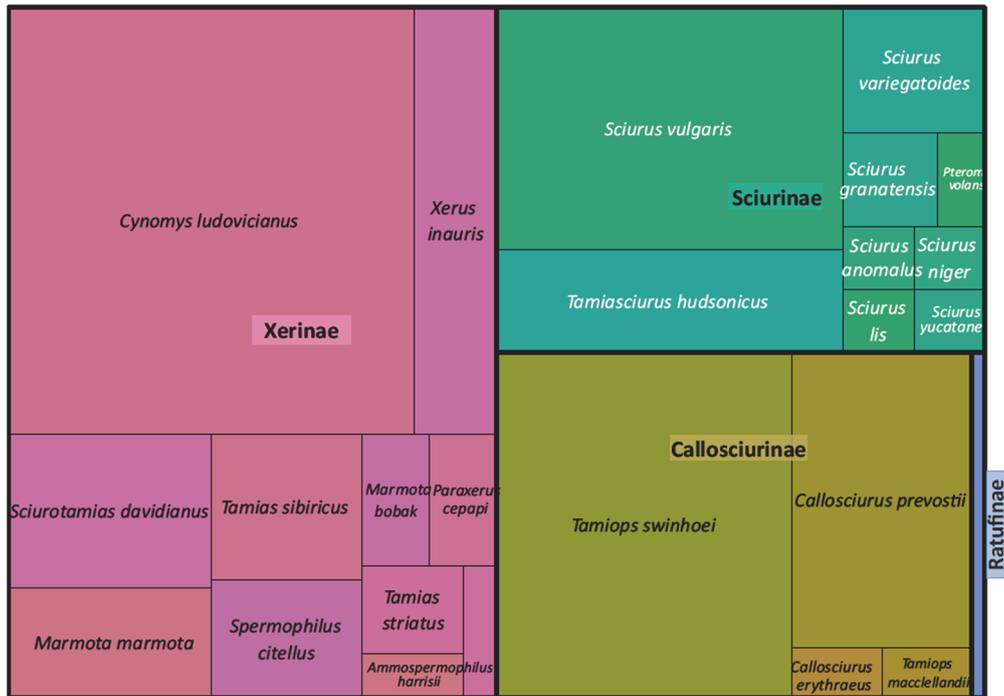


Abbildung 19: Tree-Map der Häufigkeitsverteilung nach Arten der registrierten Zoo-Subpopulationen. Modifiziert nach Allendorf et al. (2021)

Die 19 in der Pilotstudie erfassten zoologischen Einrichtungen, die bislang nur auf Individualebene und Bestandesebene erfasst worden waren, bestanden aus 27 Subpopulationen. Die Häufigkeiten der unterschiedlichen Arten sind **Tabelle 6** zu entnehmen.

Hörnchen in Zoos		
Unterfamilie		
<i>Spezies</i>	Register	Pilot
Callosciurinae	37	15
<i>Callosciurus erythraeus</i>	1	-
<i>Callosciurus prevostii</i>	12	10
<i>Tamiops mccllellandii</i>	1	-
<i>Tamiops swinhoei</i>	23	5
Ratufinae	1	1
<i>Ratufa macroura</i>	1	1
Sciurinae	38	7
<i>Microsciurus sp.</i>		1
<i>Pteromys volans</i>	1	-
<i>Sciurus anomalus</i>	1	-
<i>Sciurus granatensis</i>	2	-
<i>Sciurus lis</i>	1	-
<i>Sciurus niger</i>	1	-
<i>Sciurus variegatoides</i>	4	3
<i>Sciurus vulgaris</i>	19	2
<i>Sciurus yucatanensis</i>	1	-
<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	8	1
Xerinae	80	4
<i>Ammospermophilus harrisi</i>	1	-
<i>Cynomys ludovicianus</i>	43	1
<i>Heliosciurus rufobrachium</i>	1	-
<i>Marmota bobak</i>	2	-
<i>Marmota marmota</i>	5	-
<i>Paraxerus cepapi</i>	2	-
<i>Sciurotamias davidianus</i>	7	2
<i>Spermophilus citellus</i>	4	-
<i>Tamias sibiricus</i>	5	-
<i>Tamias striatus</i>	2	-
<i>Xerus inauris</i>	8	1
Total	156	27

Tabelle 6: Übersicht über die Häufigkeiten nach Hörnchenarten in den registrierten Zoo-Subpopulationen im Vergleich zu den in der Zoo-Pilotstudie identifizierten Subpopulationen

Die Häufigkeitsverteilung der in der Pilotstudie beschriebenen Subpopulationen unterschied sich statistisch signifikant von der der Subpopulationen der gesamten zoologischen Population (Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson, X^2 (df = 3, N = 156) = 21.164, $p = 9.735 \cdot 10^{-5}$).

In 39 Einrichtungen (57 % aller registrierten) wurden zwei oder mehr Hörnchenarten gehalten. 30 dieser Einrichtungen beherbergten Arten von zwei oder mehr Unterfamilien.

In 33 Subpopulationen war die genaue Anzahl der gehaltenen Individuen nicht bekannt oder wurde nicht genannt. Die bekannten Größen der Subpopulationen variierten zwischen einem und 40 Individuen mit einem Durchschnitt von 6,1 und einem Median von 4,0 Tieren (**Abbildung 20**).

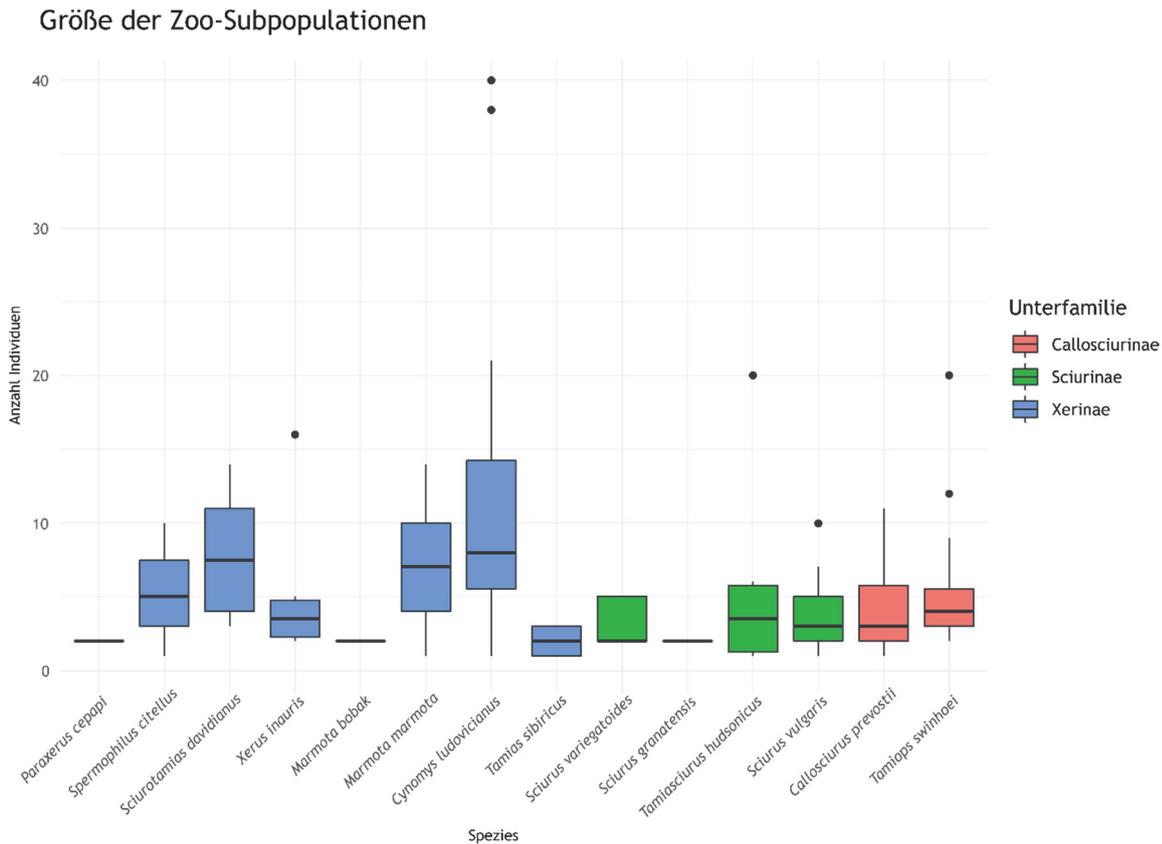


Abbildung 20: Boxplot-Grafik zur Verteilung der Individuenanzahl in den registrierten Subpopulationen nach Hörnchenart und Unterfamilie in der Zoo-Population.

7.3 Querschnittsstudien

7.3.1 Private Hörnchenhaltungen

Für die Berechnung des Stichprobenumfangs in der Privatpopulation wurde der Prävalenzschätzer p der Pilotstudie entnommen und wie oben beschrieben an die im Register gefundene Verteilung der Strata adjustiert, indem die Strata-spezifischen Anteile den Registerdaten entsprechend gewichtet wurden. Dies führte zu einem Schätzer von $p = 6,5 \%$ (95 % CI 1,7 - 16,1 %) als adjustierte Prävalenz von VSBV-1 in den Jahren 2015 bis 2017. Unter Berücksichtigung der Compliance der Privathalter*innen, die auf Grund der Vorerfahrungen als gering eingeschätzt werden

musste, wurde statt einer fünfprozentigen Präzision deren Wert e auf 10 % erhöht. Damit ergab die Berechnung, dass eine Stichprobe von mindestens 24 Subpopulationen erforderlich war, um die Prävalenz in der Population mit einer Präzision von 10% und einer Irrtumswahrscheinlichkeit von weniger als 5 % zu schätzen.

Zwischen März 2018 und Januar 2020 wurden Proben von insgesamt 353 Einzeltieren aus 58 verschiedenen Subpopulationen eingesandt und analysiert. Diese Stichprobe überschritt damit die erforderliche Mindeststichprobengröße und entsprach in etwa der erwarteten Stratifizierung (**Tabelle 7** und **Abbildung 21**).

Ergebnisse

Unterfamilie Spezies	Ergebnisse der Pilotstudie		registrierte Häufigkeiten		erforderliche Probenzahl		tatsächlicher Probeneingang		
	beprobte	positiv	absolut	relativ	theoretisch	gerundet	absolut	relativ	positiv
Callosciurinae	25	4	84	0,35	8,4	8	25	0,431	0
<i>Callosciurus erythraeus</i>	1	0	1	0,004	0,1	0	0	0	0
<i>Callosciurus finlaysonii</i>	1	1	1	0,004	0,1	0	1	0,017	0
<i>Callosciurus notatus</i>	-	-	1	0,004	0,1	0	1	0,017	0
<i>Callosciurus prevostii</i>	10	2	13	0,054	1,3	1	6	0,103	0
<i>Callosciurus sp.</i>	1	0	8	0,033	0,8	1	2	0,034	0
<i>Tamias maclellandii</i>	-	-	3	0,013	0,3	0	0	0	0
<i>Tamias swinhoi</i>	13	1	57	0,238	5,7	6	15	0,259	0
Ratufinae	-	-	1	0,004	0,1	0	0	0	0
<i>Ratufa macroura</i>	-	-	1	0,004	0,1	0	0	0	0
Sciurinae	33	5	92	0,383	9,2	9	18	0,31	0
<i>Glaucomys volans</i>	-	-	3	0,013	0,3	0	2	0,034	0
<i>Pteromys volans</i>	1	0	2	0,008	0,2	0	1	0,017	0
<i>Sciurus granatensis</i>	6	1	14	0,058	1,4	2	1	0,017	0
<i>Sciurus lis</i>	-	-	4	0,017	0,4	0	0	0	0
<i>Sciurus niger</i>	1	0	4	0,017	0,4	0	1	0,017	0
<i>Sciurus variegatoides</i>	13	4	15	0,063	1,5	2	5	0,086	0
<i>Sciurus vulgaris</i>	9	0	40	0,167	4	4	8	0,138	0
<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	-	-	10	0,042	1	1	0	0	0
Xerinae	1	0	63	0,263	6,3	6	15	0,259	0
<i>Cynomys ludovicianus</i>	1	0	3	0,013	0,3	0	0	0	0
<i>Paraxerus cepapi</i>	-	-	1	0,004	0,1	0	0	0	0
<i>Sciurotamias davidianus</i>	-	-	1	0,004	0,1	0	1	0,017	0
<i>Spermophilus tridecemlineatus</i>	-	-	1	0,004	0,1	0	0	0	0
<i>Tamias sibiricus</i>	1	0	50	0,208	5	5	9	0,155	0
<i>Tamias striatus</i>	1	0	6	0,025	0,6	1	5	0,086	0
<i>Xerus inauris</i>	-	-	1	0,004	0,1	0	0	0	0
Total	59	9	240		24	0	58		0

Tabelle 7: Querschnittsstudie in der Hörnchenpopulation in privatem Besitz: Übersicht über die Ergebnisse der Pilotstudie, des Registers und der Auswertung auf Subpopulationsebene (epidemiologische Einheit)

Ergebnisse

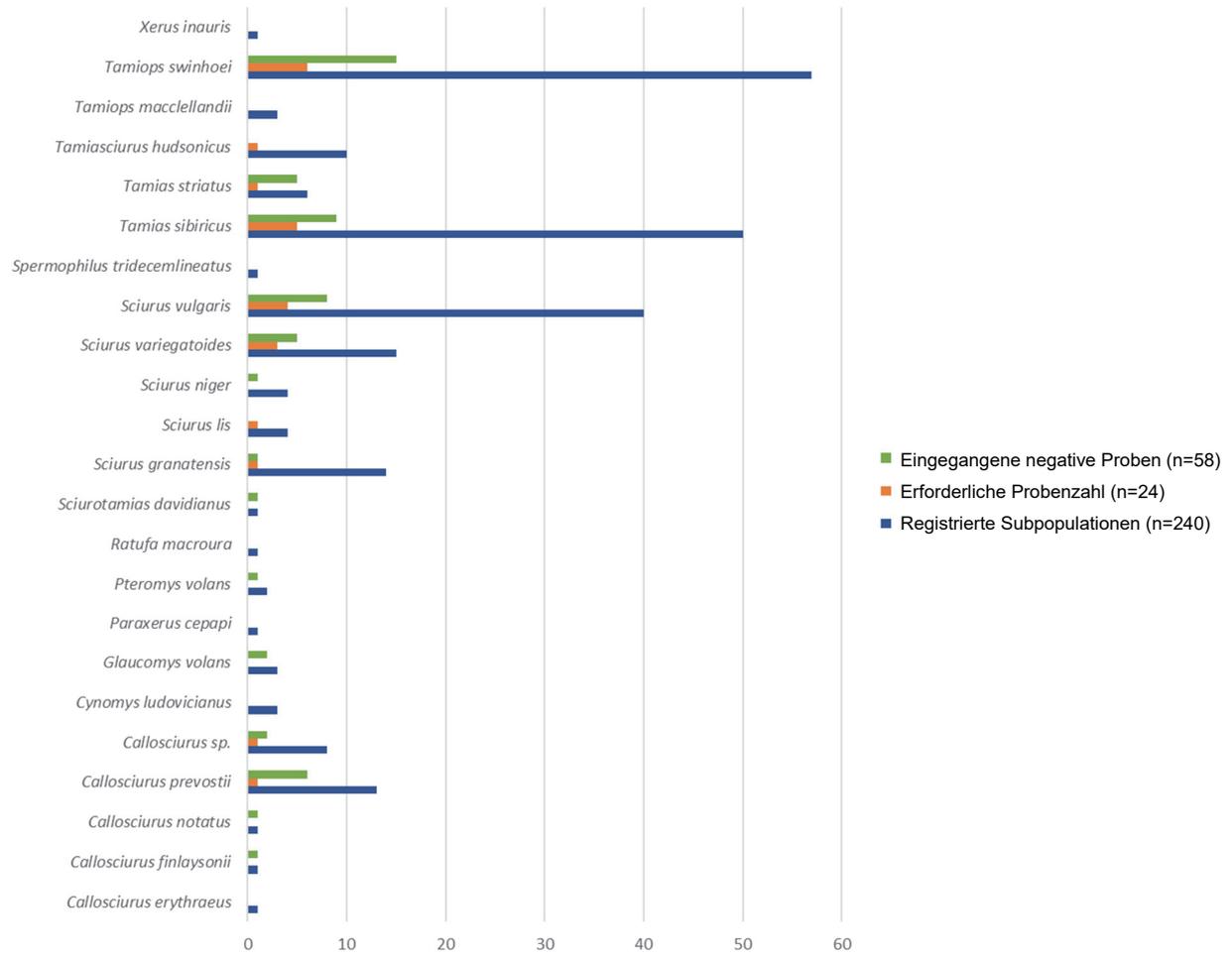


Abbildung 21: Stratifizierte Anzahlen der registrierten Subpopulationen (blau), der für die Stichprobe erforderlichen Probenzahl (orange) und des tatsächlichen Probeneingangs mit dem Ergebnis (grün und rot) für die private Population

Die Häufigkeitsverteilung der beprobten Subpopulationen in der Stichprobe und die Häufigkeitsverteilung in den registrierten Hörnchenhaltungen wurden mit dem Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson getestet, um zu prüfen, ob sich die Verteilungen unterschieden. Es ergab sich kein signifikanter Unterschied zwischen den Häufigkeitsverteilungen (Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson, $X^2(df = 3, N = 58) = 0.03672, p = 0.9981$).

Während der Querschnittsstudie wurde in keiner der untersuchten Proben und somit auch in keiner der Subpopulationen VSBV-1 RNA nachgewiesen. Dies führte zu einer apparenten Prävalenz von 0 % (95 % CI 0 - 6,2 %) von VSBV-1 in den privaten Subpopulationen. Sowohl die apparente Prävalenz für den Zeitraum 2018 - 20 als auch die gemäß den Registerdaten adjustierte Prävalenz von 2015 - 17 sind in **Abbildung 22** mit den jeweiligen 95%-Konfidenzintervallen dargestellt.

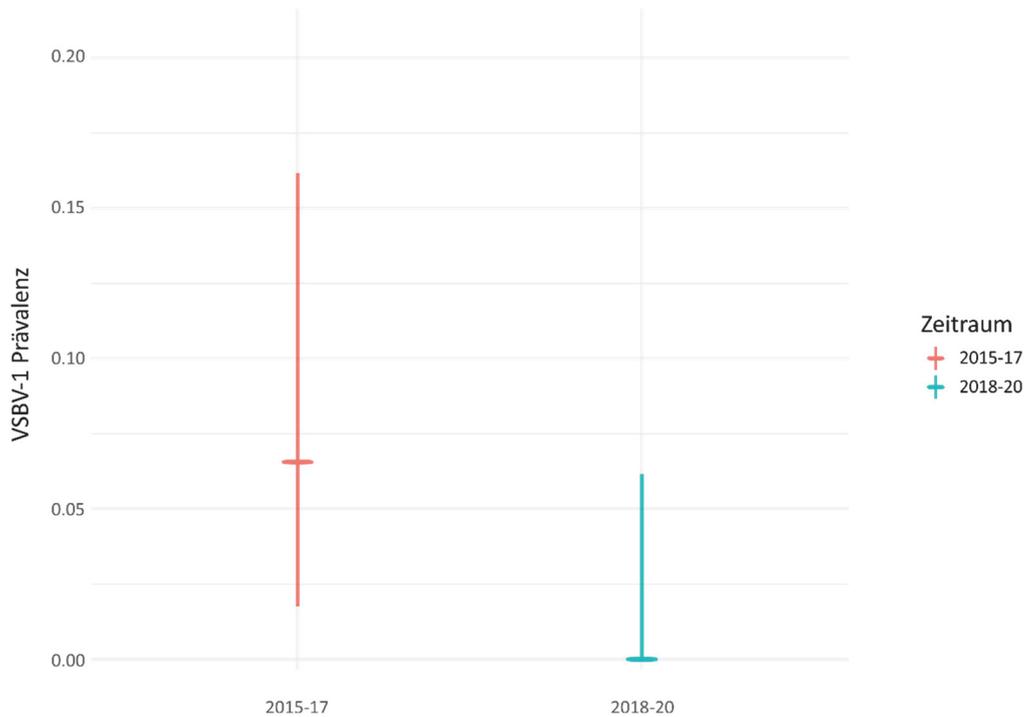


Abbildung 22: Darstellung der Punktschätzer der adjustierten Prävalenz von 2015-2017 und der in der Querschnittsstudie ermittelten apparenten Prävalenz 2018-2020 für die private Population (horizontale Balken) einschließlich der 95 %-Konfidenzintervalle nach Clopper-Pearson (vertikale Linien). Modifiziert nach Allendorf et al. (2021)

7.3.2 Hörnchenhaltungen in Zoos

Die Berechnung des erforderlichen Stichprobenumfangs wurde wie unter 6.3.1 beschrieben an die begrenzte Gesamtpopulationsgröße von $N = 156$ angepasst und unter der Annahme einer ausreichenden Compliance für eine Präzision e von 5 % berechnet. Der Prävalenzschätzer p wurde - wie bei der privaten Population - der Pilotstudie entnommen und an die Registerdaten adjustiert. Dies führte zu einem Schätzer von $p = 3,2\%$ (95 % CI 0,05 - 18,1 %). Die Berechnung des Stichprobenumfangs ergab, dass mindestens 37 Subpopulationen beprobt werden mussten.

Die Stichprobe wurden nach der Häufigkeit der verschiedenen Arten innerhalb der registrierten Subpopulationen stratifiziert. Zwischen März 2018 und Januar 2020 wurden Proben von insgesamt 330 Einzeltieren aus 54 verschiedenen Subpopulationen analysiert (**Tabelle 8** und **Abbildung 23**).

Ergebnisse

Unterfamilie Spezies	Ergebnisse der Pilotstudie		registrierte Häufigkeiten		erforderliche Probenzahl		tatsächlicher Probeneingang		
	beprobte	positiv	absolut	relativ	theoretisch	gerundet	absolut	relativ	positiv
Callosciurinae	15	4	37	0,237	8,8	9	20	0,377	1
<i>Callosciurus erythraeus</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Callosciurus prevostii</i>	10	4	12	0,077	2,8	3	6	0,113	1
<i>Tamias mclellandii</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	1	0,019	0
<i>Tamias swinhoi</i>	5	0	23	0,147	5,5	6	13	0,245	0
Ratufinae	1	0	1	0,006	0,2	0	1	0,019	0
<i>Ratufa macroura</i>	1	0	1	0,006	0,2	0	1	0,019	0
Sciurinae	7	0	38	0,244	9	9	6	0,113	0
<i>Microsciurus sp.</i>	1	0	-	0	0	0	0	0	0
<i>Pteromys volans</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Sciurus anomalus</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Sciurus granatensis</i>	-	-	2	0,013	0,5	1	0	0	0
<i>Sciurus lis</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Sciurus niger</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Sciurus variegatoides</i>	3	0	4	0,026	0,9	1	1	0,019	0
<i>Sciurus vulgaris</i>	2	0	19	0,122	4,5	5	3	0,057	0
<i>Sciurus yucatanensis</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	1	0	8	0,051	1,9	2	2	0,038	0
Xerinae	4	0	80	0,513	19	20	26	0,491	0
<i>Ammospermophilus harrisi</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	0	0	0
<i>Cynomys ludovicianus</i>	1	0	43	0,276	10,2	10	15	0,283	0
<i>Heliosciurus rufobrachium</i>	-	-	1	0,006	0,2	0	1	0,019	0
<i>Marmota bobak</i>	-	-	2	0,013	0,5	1	0	0	0
<i>Marmota marmota</i>	-	-	5	0,032	1,2	1	2	0,038	0
<i>Paraxerus cepapi</i>	-	-	2	0,013	0,5	1	1	0,019	0
<i>Sciurotamias davidianus</i>	2	0	7	0,045	1,7	2	3	0,057	0
<i>Spermophilus citellus</i>	-	-	4	0,026	0,9	1	0	0	0
<i>Tamias sibiricus</i>	-	-	5	0,032	1,2	1	2	0,038	0
<i>Tamias striatus</i>	-	-	2	0,013	0,5	1	0	0	0
<i>Xerus inauris</i>	1	-	8	0,051	1,9	2	2	0,038	0
Total	27	4	156		37	38	53		1

Tabelle 8: Querschnittsstudie in der Hörnchenpopulation in Zoos: Übersicht über die Ergebnisse der Pilotstudie, des Registers und der Auswertung der Querschnittsstudie auf Subpopulationsebene (epidemiologischen Einheit)

Ergebnisse

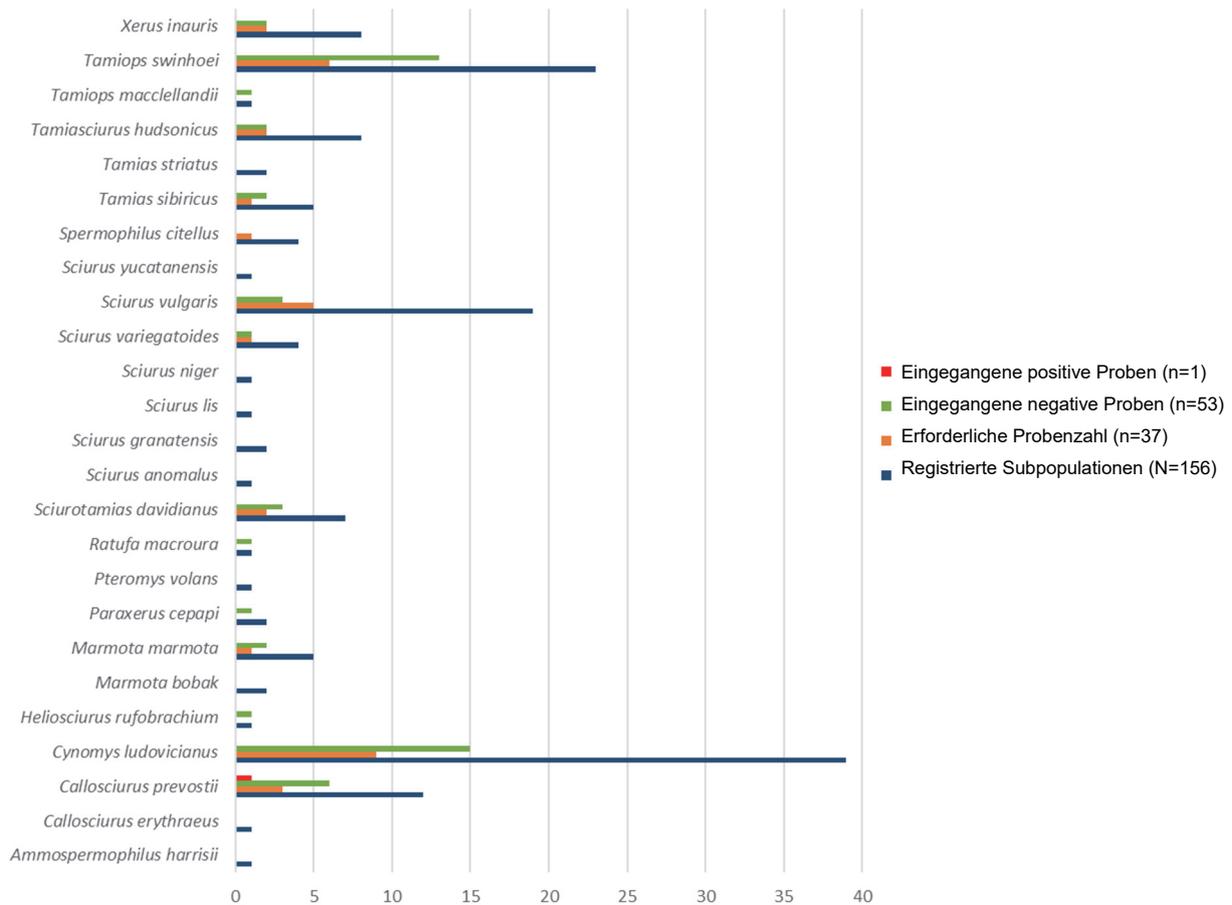


Abbildung 23: Stratifizierte Anzahlen der registrierten Subpopulationen (blau), der für die Stichprobe erforderlichen Probenzahl (orange) und des tatsächlichen Probeneingangs mit dem Ergebnis (grün und rot) für die Zoo-Population

Die Häufigkeitsverteilung der beprobten Subpopulationen in der Stichprobe und die Häufigkeitsverteilung in den in Zoos registrierten Hörnchenhaltungen wurden mit dem Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson getestet, um zu prüfen, ob sich die Verteilungen unterschieden. Es ergab sich kein signifikanter Unterschied zwischen den Verteilungen (Chi-Quadrat-Anpassungstest nach Pearson, $X^2(df = 3, N = 53) = 0.18214$, $p = 0.9804$).

VSBV-1-RNA wurde in Proben eines einzelnen Prevost-Hörnchens in einer zwei Individuen umfassenden Subpopulation nachgewiesen. Andere Hörnchenarten wurden in der betroffenen Institution nicht gehalten. Somit betrug die apparente Prävalenz von VSBV-1-positiver Hörnchen-Subpopulationen 1,9 % (95 % CI 0 – 9,9 %). Die apparente Prävalenz für den Zeitraum 2018 - 20 und die gemäß den Registerdaten adjustierte Prävalenz von 2015 - 17 sowie die jeweiligen 95%-Konfidenzintervalle sind in **Abbildung 24** dargestellt.

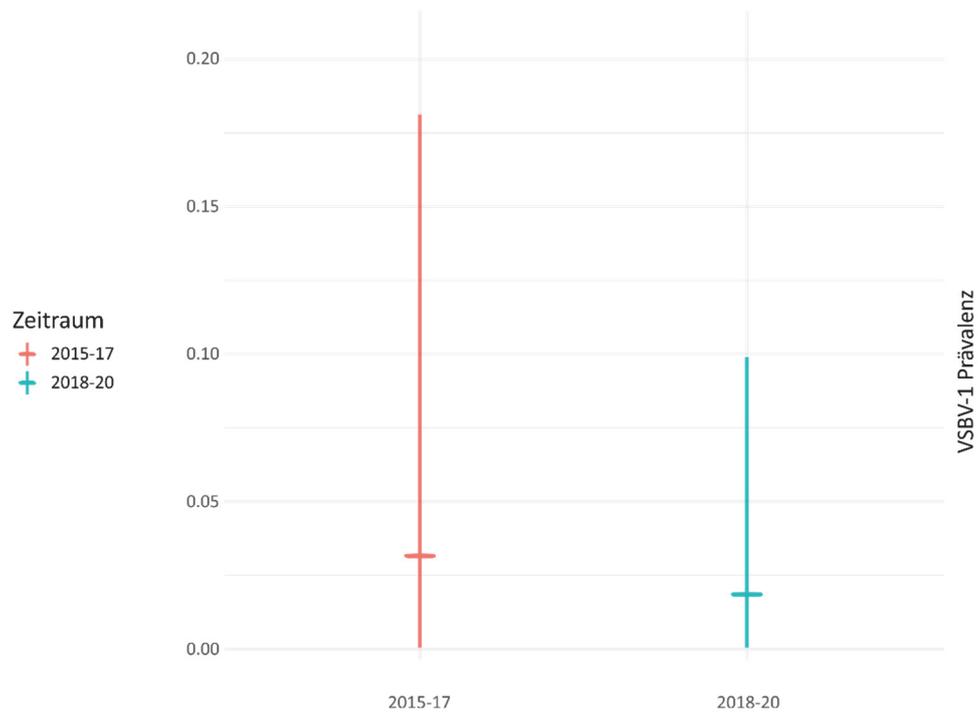


Abbildung 24: Darstellung der Punktschätzer der adjustierten Prävalenz von 2015-2017 und der in der Querschnittsstudie ermittelten apparenten Prävalenz 2018-2020 für die Zoo-Population (horizontale Balken) einschließlich der 95 %-Konfidenzintervalle nach Clopper-Pearson (vertikale Linien). Modifiziert nach Allendorf et al. (2021)

7.4 Analyse des Hörnchenhandels

7.4.1 Öffentlicher kommerzieller und nicht-kommerzieller Verkauf von Hörnchen

7.4.1.1 Private Verkaufsanzeigen auf Internetportalen

Eine Übersicht über die Verkaufsportale mit Anzeigen zu Hörnchen findet sich in **Tabelle 9**.

Portal	Zugriff	Anzahl der Anzeigen zu Hörnchen	Archiv vorhanden?
www.exoticanimal.de	Jan 2018	4	nein
www.quoka.de	Jan 2018	9	nein
www.deine-tierwelt.de	Jan 2018	9	nein
www.haustier-anzeiger.de	Jan 2018	8	nein
www.dhd24.de	Jan 2018	9	ja
www.ebay-kleinanzeigen.de	Jan 2018	1	nein
www.markt.de	Jan 2018	5	nein

Tabelle 9: Übersicht über die im Internet gefundenen Verkaufsportale mit Verkaufsanzeigen zu Hörnchen

Bei den auf den unterschiedlichen Portalen gefundenen Anzeigen handelte es sich überwiegend um Anzeigen derselben Anbieter*innen. Daher wurde für eine detailliertere Untersuchung der geschalteten Anzeigen ein Portal über einen bestimmten Zeitraum analysiert. Da die Verkaufsplattform www.dhd24.de, auch „Der Heiße Draht“ genannt, eine Archivierung der geschalteten Anzeigen vornimmt, wurden die Daten zu angebotener Hörnchenart, Datum, Ort und Preis (sofern angegeben) von dort manuell extrahiert. Die Frequenz der Verkaufsanzeigen zu Hörnchen pro Jahr insgesamt und nach Art bzw. Genera stratifiziert findet sich in **Abbildung 25**.

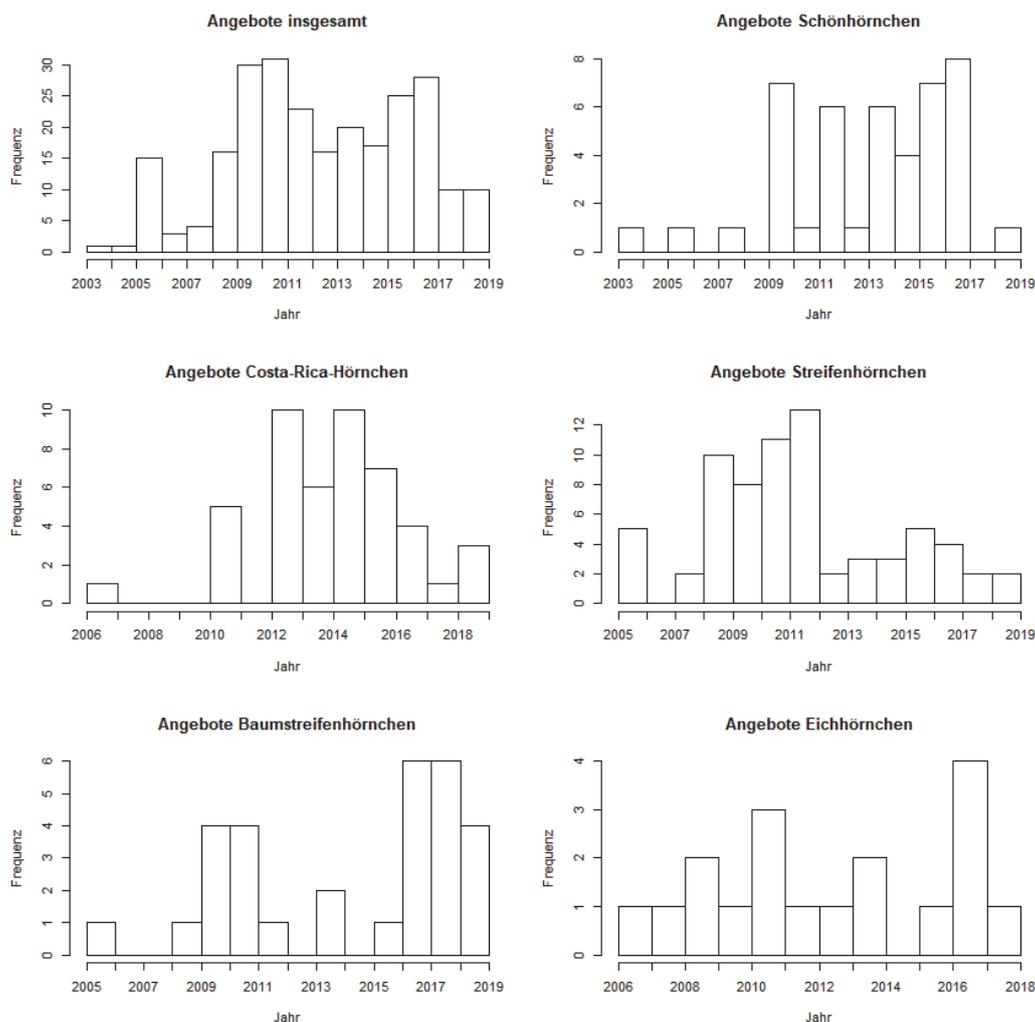


Abbildung 25: Frequenzen der Verkaufsanzeigen zu Hörnchen insgesamt und unterschieden nach Art bzw. Genera pro Jahr

7.4.1.2 Verkaufsangebote in Zoohandelsfachgeschäften

Die Ergebnisse der Recherche im Zoohandel spiegeln ähnliches wider: Gemäß den Angaben des Vorsitzenden des Zentralverbands Zoologischer Fachbetriebe e.V. (S. Züpke, persönliche Mitteilung, 16.11.2017) wurden die Streifenhörnchen der Gattung *Tamias* durch die ebenfalls kleinen und damit im Innenbereich relativ leicht zu haltenden Chinesischen Baumstreifenhörnchen (*Tamiops swinhoei*) abgelöst. Da die Zoofachhandelsbetriebe zunehmend zu großen Handelsketten gehören, die nur die gängigen Kleinsäuger in ihrem Lebendtiersortiment führen, verlagere sich der Verkauf von lebenden Tieren jedoch immer mehr ins Internet. Die größeren, exotischen, frugi- und insektivoren Arten seien aufgrund ihrer Haltungsanforderungen weitaus weniger verbreitet. Der Bezug der Tiere erfolge – im Gegensatz zu Meerschweinchen, Ratten, o.ä. – im kleinen lokalen Rahmen von privaten Züchtern. Lediglich ein großes Zoohandelsfachgeschäft mit einem großen Sortiment an exotischen Tierarten wurde

genannt, das neben Chinesischen Baumstreifenhörnchen auch Prevost-Hörnchen selbst züchte und verkaufe (S. Züpke, persönliche Mitteilung, 16.11.2017).

7.4.1.3 Verkaufsangebote auf Tierbörsen

Beim Besuch der größten Terraristikbörse Europas in Hamm/Westfalen am 10.03.2018 wurde das Kleinsäugerangebot, das sich gemeinsam mit den Futterinsekten in einer separaten Halle befand, inspiziert. Es bestand zu großen Teilen aus Mäuseartigen (Muroidea), daneben auch aus Meerschweinchen (*Cavia porcellus*), Weißbauchigeln (*Atelerix albiventris*) und Degus (*Octodon degus*). An einem Stand wurden auch Kurzkopfgleitbeutler (*Petaurus breviceps*) angeboten. Hörnchen waren an diesem Termin nicht vertreten. Auf Nachfrage hieß es, dass Hörnchen mittlerweile nur noch auf Bestellung mitgenommen würden, da es selten zu Spontankäufen käme. So würde Stress für die sensiblen und wertvollen Tiere und das Risiko eines stressbedingten Versterbens vermieden.

Die Tierbörse „Exoknaag“ in Houten ist Europas größte Börse für exotische Kleinsäuger. Hier wurden am 01.04.2018 in mehreren Messehallen diverse Kaninchenrassen, Meerschweinchen, Hamster und Ratten unterschiedlicher Farbschläge sowie verschiedene Langschwanzmäuse-Arten angeboten. Exotische Kleinsäuger waren auch hier vorrangig Weißbauchigel, Degus und Kurzkopfgleitbeutler. Lediglich ein Stand bot drei Burma-Hörnchen (*Callosciurus finlaysonii*) an. Hierbei handelte sich um einen niederländischen Züchter. In einem kurzen Gespräch wurde er über das VSBV-1, die Risiken einer Infektion mit dem Virus sowie die diagnostischen Möglichkeiten aufgeklärt. Allerdings wurde schnell deutlich, dass wenig Interesse an dem Thema und möglicher Verwicklungen bestand.

7.4.2 Ermittlung der Kontaktnetzwerke im Hörnchenhandel

Tabelle 10 gibt einen Überblick über die in den Nachverfolgungsermittlungen untersuchten Haltungen und deren Subpopulationen sowie die Ergebnisse der diagnostischen Untersuchungen von Hörnchen und Menschen, die mit ihnen Kontakt hatten.

Ergebnisse

Bestand	Sektor	Epidemiologische Einheit	Anzahl beprobter Individuen	detektierte Fälle	Resultat	Datum der Probennahme	Referenz der Erstbeschreibung	
Bestand A	privat	Mensch		1 bestätigt	verstorben 2014	2014	(Hoffmann et al. 2015)	
		Bunthörnchen	33	4	1 euthanasiert 12/ 2014	01.12.2014		
		Bunthörnchen			3 euthanasiert 03/ 2015	22.03.2015	(Schlottau et al. 2017b)	
Bestand B	privat	Mensch		1 bestätigt	verstorben 2012	2012	(Hoffmann et al. 2015)	
		Bunthörnchen	4	0		05.03.2015		
		Prevost-Hörnchen	n/a	n/a				
Bestand C	privat	Mensch		1 bestätigt	verstorben 2013	2013	(Hoffmann et al. 2015)	
		Bunthörnchen	n/a	n/a				
		Prevost-Hörnchen	n/a	n/a				
Zoo D	Zoo	Mensch		2 bestätigt	verstorben 2019	2007	(Tappe et al. 2018)	
		Prevost-Hörnchen	6	1	verstorben 2013	2013		
					euthanasiert 01/ 2016	21.01.2016	(Schlottau et al. 2017a)	
Bestand E	privat	Mensch		1 wahrscheinlich	lebend, serokonvertiert	2017	(Tappe et al. 2019)	
					2 euthanasiert 09/ 2015	17.09.2015	(Schlottau et al. 2017b)	
					1 euthanasiert 10/ 2015	07.10.2015		
		Prevost-Hörnchen	21	7				(Schlottau et al. 2017a)
					4 euthanasiert 02/ 2016	10.02.2016		
		Burma-Hörnchen	10	1				
		Chin. Baumstreifenhörnchen	8	1	1 euthanasiert 02/ 2016	10.02.2016		
Bestand F	privat	Mensch	n/a	1 möglich	verstorben 2005			
		Bunthörnchen	n/a	n/a				
		Prevost-Hörnchen	n/a	n/a				
Bestand G	privat	Mensch		0		26.03.2015		
		Prevost-Hörnchen	2	0				
		Bunthörnchen	11	2	2 euthanasiert 03/ 2015	26.03.2015	(Schlottau et al. 2017b)	

Ergebnisse

Bestand	Sektor	Epidemiologische Einheit	Anzahl beprobter Individuen	detektierte Fälle	Resultat	Datum der Probennahme	Referenz der Erstbeschreibung
Bestand H	privat	Mensch		0			
		Bunthörnchen	28	1	1 euthanasiert 05/ 2015	19.05.2015	(Schlottau et al. 2017b)
Zoo J	Zoo	Mensch		0			
		Prevost-Hörnchen	3	2	1 euthanasiert 11/ 2016 1 euthanasiert 12/ 2019	18.11.2016 27.12.2019	(Schlottau et al. 2017a)
Zoo K	Zoo	Mensch		0			
		Prevost-Hörnchen	6	1	1 euthanasiert Jan 2016	02.02.2016	(Schlottau et al. 2017a)
Zoo L	Zoo	Mensch					
		Prevost-Hörnchen	2	1	euthanasiert 12/2016	24.11.2016	(Schlottau et al. 2017a)
Bestand M	privat	Mensch					
		Prevost-Hörnchen	?	2	2 euthanasiert Jan 2016	11.01.2016	(Schlottau et al. 2017b)
Zoo N	Zoo	Mensch		n/a			
		Prevost-Hörnchen	1	1	1 euthanasiert	15.04.2016	(Schlottau et al. 2017a)
Zoo O	Zoo	Mensch	n/a	n/a			
		Prevost-Hörnchen	n/a	n/a			
Zoo P	Zoo	Mensch	n/a	n/a			
		Prevost-Hörnchen	2	0		01.02.2016	
Zoo Q	Zoo	Mensch	n/a	n/a			
		Prevost-Hörnchen	6	0		18.02.2016	
Bestand R	privat	Mensch	n/a	n/a			
		Prevost-Hörnchen	n/a	n/a			
		Bunthörnchen	n/a	n/a			
Bestand X	privat	Mensch	1	0		2019	
		Prevost-Hörnchen	n/a	n/a			
		Bunthörnchen	n/a	n/a			

Tabelle 10: Überblick über die in den Nachverfolgungsermittlungen untersuchten Haltungen und deren Subpopulationen sowie die Ergebnisse der diagnostischen Untersuchungen von Hörnchen oder Menschen, die mit ihnen Kontakt hatten, mit den entsprechenden Referenzen der Ersterwähnung.

Das Zuchtbuch der Prevost-Hörnchen im EAZA-Raum (Kibbey 2018) umfasste Einträge zu 753 Hörnchen, beginnend mit dem ersten Zuchtpaar im Jahr 1962. Es enthält nicht nur Zoothaltungen, sondern auch private, kommerzielle Händler und Züchter. Im Zeitfenster der Untersuchungen bestand die registrierte EAZA-Population von Prevost-Hörnchen aus 139 Individuen in 40 Einrichtungen, davon befanden sich 26 Individuen in 8 deutschen Zoos. Die Datenkonsistenz war jedoch nur für die Haltungen gegeben, die ihre Änderungsdaten regelmäßig in das System eingepflegt hatten. Aus diesen Daten konnte ein Subnetzwerk von Aufenthalten in Haltungen und Transfers in andere Zoos individuengenau rekonstruiert werden. Haltungen mit ungenauen Eingaben waren insbesondere Privathaltungen und Händler sowie Zoos, die nicht der EAZA angehören. Beim Verbringen eines Prevost-Hörnchens aus einer dieser Haltungen in die EAZA-Population waren die Transferdaten quartalsgenau angegeben. Weitere Angaben über die Herkunftshaltung (Partnertiere, Elterntiere, Geburtsdatum oder ggf. vorheriger Aufenthaltsort) waren bei diesen Hörnchen in der Regel nicht erfasst.

Bei den privaten Halter*innen oder deren Angehörigen führte die ebenfalls lückenhafte oder komplett fehlende Dokumentation zu ähnlichen Ungenauigkeiten. Geburts- oder Handelsdaten über einzelne Hörnchen waren in vielen dieser Haltungen nicht verfügbar. Bei gezieltem Nachfragen gelang es den meisten Interviewten jedoch, Transaktionen von Schön- oder Bunthörnchen mit bestimmten Handelspartner*innen zu benennen und ungefähr monatsgenau zu datieren.

Auf der Grundlage von Informationen von Hörnchenbesitzer*innen und Kontaktpersonen in den auf Kleinsäuger spezialisierten Gruppen von Privat- und Zooorganisationen wurde ein bis dahin unauffindbarer deutscher Züchter durch wiederholte Internetrecherchen ausfindig gemacht. Sein Name war sowohl in den Kreisen der Privatzüchter als auch der Zoos sowie im Zuchtbuch selbst mehrfach aufgetaucht. Er wurde ausführlich zur Geschichte seines Bestands (nachfolgend Bestand X) und zu seinen Handelswegen für Hörnchen befragt. Ausgehend von den Auskünften wurde, wenn möglich, den Kontakthändlern und -haltern nachgegangen, um Herkunft und Verbleib der Tiere sowie weitere Kontakttiere und -menschen ausfindig zu machen.

7.4.2.1 Sektoren- und speziesübergreifendes Handelsnetzwerk auf Subpopulationsebene

Aus den Nachverfolgungsermittlungen ergab sich, dass zwischen privaten Züchter*innen und Zoothaltungen ein nennenswerter Austausch stattfand, der insbesondere die Prevost-Hörnchen betraf. Eine getrennte Betrachtung der beiden Sektoren kam also für die Erstellung des Kontaktnetzwerks zur Nachverfolgung der möglichen Infektketten nicht in Betracht. Zur Harmonisierung der Datensätze wurden alle Individuen einer Spezies am selben Ort zu einer Subpopulation als epidemiologischer Einheit zusammengefasst und die Daten der Hörnchentransfers mindestens auf Quartalsebene rekonstruiert. Zusammen mit den Aufzeichnungen der Zoos und dem Prevost-Hörnchen-Zuchtbuch der EAZA wurde ein

sektorübergreifendes Hörnchenhaltungs-Kontaktnetzwerk auf Subpopulationsebene nachgezeichnet (**Abbildung 26**).

Ergebnisse

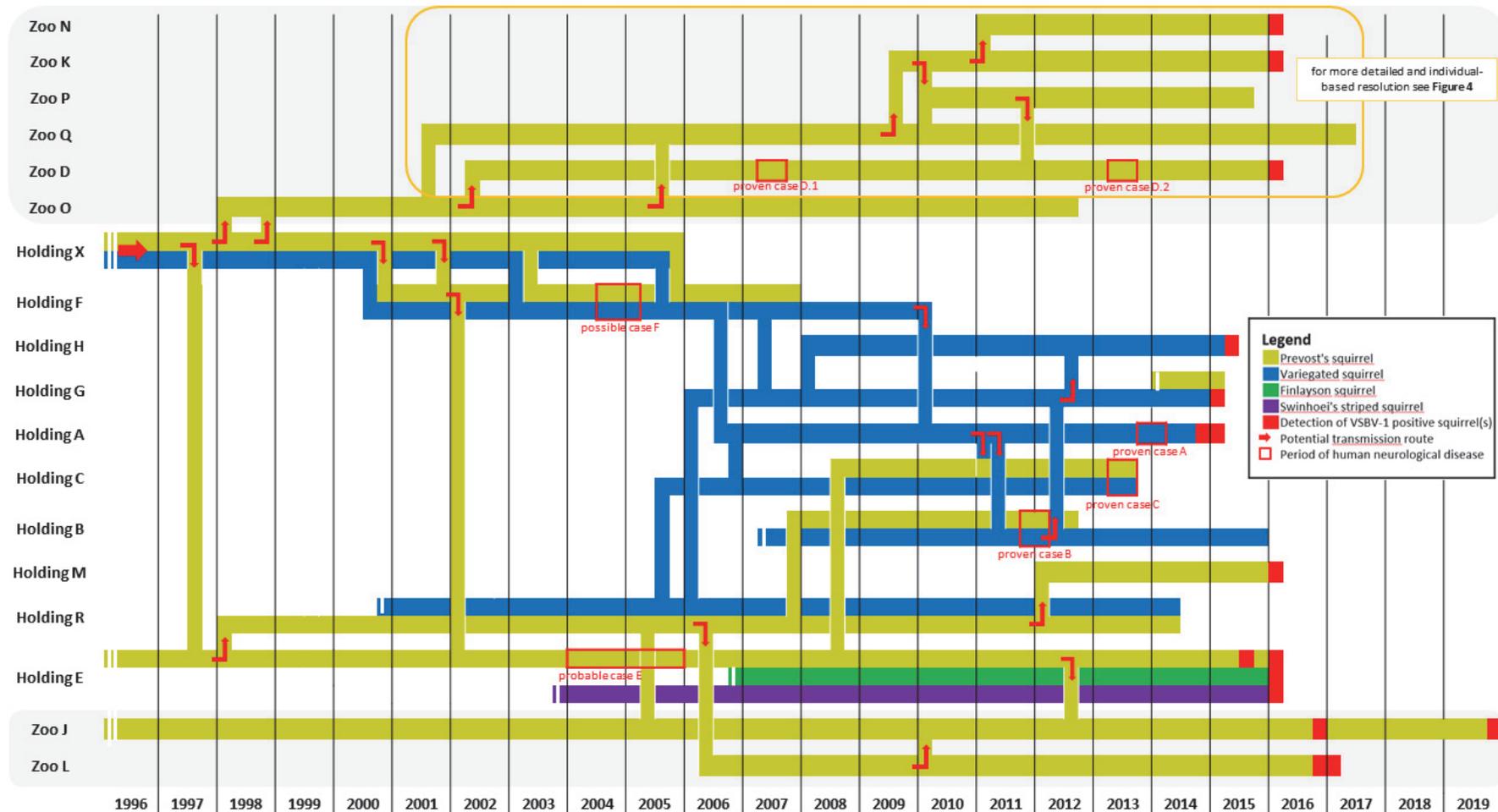


Abbildung 26: Temporales gerichtetes Handelsnetzwerk zwischen Beständen mit bestätigten oder vermuteten VSBV-1-Infektionen auf Subpopulationsebene (Cadar et al. 2021). Die räumlich-zeitliche Präsenz von Hörnchen-Subpopulationen ist durch einen entsprechenden waagrechten Balken gekennzeichnet. Der Transfer von mindestens einem Tier in eine andere Subpopulation (Kante) ist durch einen senkrechten Balken gekennzeichnet. Gefüllte rote Kästchen markieren den Zeitpunkt des Nachweises eines oder mehrerer VSBV-1-positiver Hörnchen in dem jeweiligen Bestand; rote Rahmen stellen den Zeitraum der berichteten klinischen Erkrankung beim Menschen dar. Rote Pfeile kennzeichnen die unter Zuhilfenahme der Ergebnisse der phylogenetischen Analyse vermutete Übertragung eines oder mehrerer infizierter Hörnchen.

Ergebnisse

Das so entstandene temporale, gerichtete Kontaktnetzwerk wurde mit den Ergebnissen der phylogenetischen temporalen Analyse nach Bayes, die auf allen zur Verfügung stehenden vollständigen Genomsequenzen der jeweiligen VSBV-1-Isolate beruhte, verglichen, um die möglichen Eintrags- und Transmissionswege über die Zeit über die Handelswege zu prüfen und zu kreuzvalidieren. Der durch die von den Projektpartnern am BNITM durchgeführte Analyse entstandene zeitabhängige phylogenetische Baum (**Abbildung 27**) zeigte, dass sich alle detektierten VSBV-1-Sequenzen auf eine Vorgängersequenz zurückführen lassen, die sich etwa das Jahr 2003 (95 % CI 1998 - 2007) zurückdatieren lässt (Cadar et al. 2021).

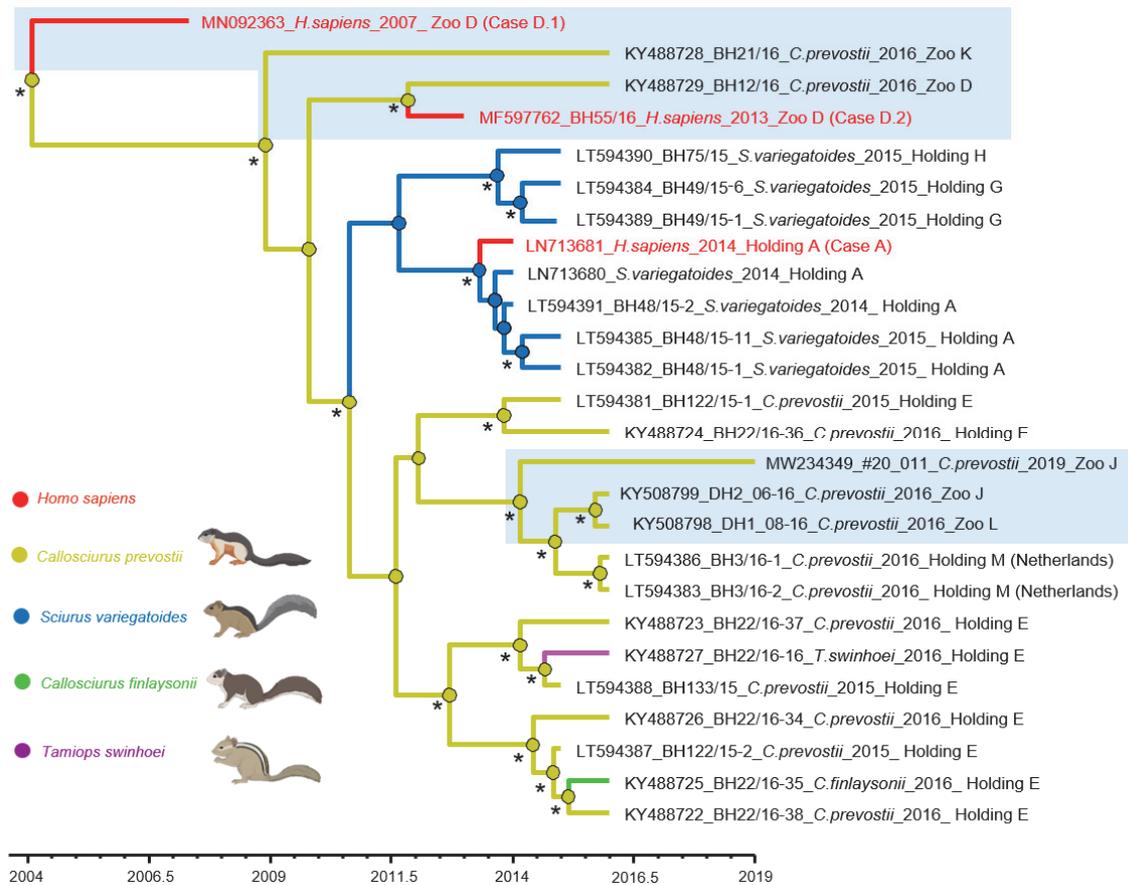


Abbildung 27: Bayesianischer zeitabhängige phylogenetische Baum von VSBV-1, basierend auf vollständigen Genomsequenzen. Die Äste sind nach Wirtsart gefärbt und stellen die Übergänge zwischen verschiedenen Wirtsarten für das Virus und den Wirt des gemeinsamen Vorfahren aller VSBV-1-Stämme dar, und der Kreis an den Knoten die wahrscheinlichste Wirtsart ihrer Nachkommen-Knoten (siehe Farbcodes). Spill-over-Infektionen auf den Menschen sind rot dargestellt. Virusinfektionen in Zoos sind in schattierten Bereichen dargestellt. Die statistische Unterstützung der Gruppierung durch Bayes'sche posteriore Wahrscheinlichkeiten (*clade credibility* $\geq 90\%$) ist mit einem Sternchen gekennzeichnet. Die Isolat-Informationen umfassen die GenBank-Zugangsnummer, die Probenbezeichnung, den Wirt, das Jahr des Nachweises und den Herkunftsort. Die Zeit in Jahren ist in der Achse unter dem Baum angegeben. Entnommen aus Cadar et al. (2021)

Diese früheste Sequenz scheint von einem Prevost-Hörnchen zu stammen. Ein Übertritt in andere Hörnchenarten erfolgte erst im weiteren Verlauf der Virus-Evolution. Auch wurde ersichtlich, dass sich VSBV-1 früh in zwei unterschiedliche Gruppen aufteilte, von denen die eine vor allem Zoo- und Prevost-Hörnchen- assoziiert blieb, während die andere sich vor allem in privaten Haltungen von Prevost-Hörnchen und zwei weiteren Zoos fand. Aus der letzteren scheint dann ungefähr 2010 die Gruppe der Bunthörnchen-assoziierten VSBV-1-Isolate hervorgegangen zu sein, die dem initial entdeckten sachsen-anhaltinischen Cluster von humanen Infektionen entstammen (Haltung A, B und C).

Durch das Kombinieren der Erkenntnisse aus der Virus-Phylogenie und der Handelsanalyse konnte eine mögliche Transmissionskette rekonstruiert werden (vgl. Pfeile in **Abbildung 26**). Der gemeinsame Ursprung aller Isolate und die frühe Verbreitung durch Prevost-Hörnchen wies darauf hin, dass eine Haltung die Infektionsquelle für alle weiteren darstellte. Nur eine Haltung, Haltung X, konnte identifiziert werden, die durch ihre Verbindungen und Hörnchen-Transfers die Bedingungen der Quelle des Ersteintrags und der Verbreitung von VSBV-1, wie sie anhand des phylogenetischen Baums vorgeschlagen wurde, erfüllte.

Die ausführlichen Interviews mit dem 55-jährigen Besitzer des Bestands X ergaben, dass er Ende der 1970er Jahre in Westdeutschland mit der Haltung und Zucht von exotischen Hörnchen begann. Damals kaufte er aus Indonesien (Sumatra und Borneo) importierte Prevost-Hörnchen von einem holländischen Tierhändler, über den er sich in den folgenden Jahrzehnten weitere Prevost-Hörnchen sowie drei andere Schönhörnchenarten beschaffte. Mit ihnen begann er seine sehr erfolgreiche Zucht (zwei Würfe/ Jahr mit drei bis fünf Jungen), die er regelmäßig durch weitere importierte Tiere auffrischte, das letzte Mal im Jahr 1997.

Im Jahr 1983 ergänzte er seine Sammlung mit zwölf aus Nicaragua importierten Bunthörnchen. Auch hier begann er die Zucht, die sich jedoch als anspruchsvoller als die der Prevost-Hörnchen herausstellte. Ende der 1980er Jahre erhielt er zwanzig weitere Bunthörnchen über den gleichen Händler zur Auffrischung seiner Zuchtlinie. In den 1990er Jahren besaß er einen Hörnchenbestand von insgesamt etwa 180-200 Tieren, die mehr als zehn Arten angehörten. Diese Hörnchen hielt er überwiegend zuchtpaarweise in Volieren, die insgesamt 180 m² groß und zum Schutz vor Schädlingen doppelt feinmaschig umzäunt waren. Einstreu und Futter erwarb er in einem Baumarkt, im Zoofachhandel oder in einem Supermarkt.

Im Jahre 1998 emigrierte er nach Costa Rica, um dort unter geeigneteren klimatischen Bedingungen eine Zuchtfarm für tropische Hörnchen zu betreiben. Dafür nahm er seine weiblichen Bunthörnchen und 40 seiner weiblichen, teilweise trächtigen Prevost-Hörnchen mit. Vor Ort kreuzte er Bunthörnchen-Wildfänge aus der Grenzregion Costa Rica / Nicaragua mit seinen importierten Individuen, während die importierten Prevost-Hörnchen mit ihren Nachkommen verpaart wurden. 2005 gab er die Zucht auf und verschickte die verbliebenen Tiere nach Deutschland. Im Jahr 2006 beendete er aufgrund der eingeführten Handelsbeschränkungen das Zuchtgeschäft und kehrte

ohne seine Tiere nach Deutschland zurück. Seiner eigenen Schätzung nach gingen in seinem Leben über 5.000 Individuen verschiedener Hörnchenarten durch seine Hände.

Während des gesamten Zeitraums verkaufte er seine Tiere und deren Nachzuchten hauptsächlich an deutsche und niederländische Privathalter sowie wenige deutsche und schweizerische Zoos. Laut Aussage des Züchters waren seine Tiere die Gründer der Population von Bunthörnchen und Schönhörnchen in Deutschland.

Bestand X arbeitete dabei eng mit dem Besitzer des Bestandes F zusammen. Dieser in Nordrhein-Westfalen ansässige Hörnchenzüchter verstarb 2005 im Alter von 65 Jahren an einer Enzephalitis unbekannter Ursache, die nach der Falldefinition des BNITM als möglicher VSBV-1-Enzephalitis-Fall klassifiziert wurde (Tappe et al. 2019). Ihm hinterließ Züchter X vor seiner Auswanderung die Mehrheit seiner Hörnchen. Die Einfuhr von Hörnchen aus Costa Rica und die Verteilung an andere Käufer*innen erfolgte hauptsächlich über den Besitzer des Bestandes F. Schließlich wurden bei der Zuchtaufgabe der Prevost-Hörnchen durch Züchter X im Jahr 2005 alle verbliebenen Hörnchen in den Bestand F transferiert.

In Bestand F wurden die Hörnchen verschiedenen, unabhängigen Berichten von ehemaligen Züchterkollegen zufolge unter unhygienischen und beengten Bedingungen gehalten. Unter anderem wurden Gehege und Transportboxen für verschiedene Arten mehrmalig ohne zwischenzeitliche Reinigung verwendet, und Futterreste und Wasserschalen wurden auf dem Boden belassen, was Schädlinge anlockte. Aus dem Bestand F wurden wiederholt Hörnchen unterschiedlicher Arten in den Bestand A und auch in den Bestand G abgegeben.

Aus dem Bestand X wurden Prevost-Hörnchen wiederholt an den Zoo O und den Bestand E verkauft. In Zoo O wurde mit den Prevost-Hörnchen aus dem Bestand X eine erfolgreiche Zucht gegründet, von der aus Nachkommen unter anderem an die Zoos D und Q abgegeben wurden. Da hier tierindividuelle Aufzeichnungen vorliegen, wird die weitere Handelskette unter 7.4.2.2 erläutert.

Der Besitzer des Bestandes E handelte seit dem Erwerb seines ersten Zuchtpaars Prevost-Hörnchen 1993 häufig mit dem Bestand X. Nach der Auswanderung des Besitzers von Bestand X mit seinen Tieren wurde der Handel über den Bestand F fortgesetzt. Die letzten über diese Route gehandelten Prevost-Hörnchen erreichten den Bestand E im Jahr 2002. Der Besitzer des Bestandes E wurde von Tappe et al. (2019) als einzig bislang detektierter serokonvertierter Hörnchenzüchter mit zurückliegender neurologischer Erkrankung in 2004 bis 2005 als wahrscheinlicher humaner Fall eingestuft. Von Bestand E wiederum wurden die erhaltenen Tiere sowie deren Nachkommen an eine wachsende Zahl von Halterungen veräußert, darunter 2012 an den Zoo J und 1998 vermutlich an eine größere Haltung, hier genannt Haltung R. Von dort wurden 2016 zwei Prevost-Hörnchen, die 2016 positiv befunden wurden, sowie ein Prevost-Hörnchen, das 2017 im Zoo L positiv befunden wurde, in eine niederländische Privathaltung (Haltung M) transferiert. Nach Angaben seiner früheren

Kontaktpersonen wurden in Haltung R verschiedene Arten exotischer Hörnchen gehalten. Leider war der Eigentümer der Haltung R nicht bereit, sich an den Untersuchungen zu beteiligen, und gab an, die Haltung von Hörnchen "abgeschafft" zu haben.

7.4.2.2 Prevost-Hörnchen-Handelsnetzwerk auf Individuenebene

Für einige Haltungen konnte, wie eingangs erwähnt, das Handelsnetzwerk auch auf Individuenebene auf der Grundlage von Einträgen in das Prevost-Hörnchen-Zuchtbuch und der teilweise akkurat geführten Bücher der zoologischen Gärten konstruiert werden. So war es möglich, die vermutete Infektkette für die retrospektiv detektierten Humanfälle in Zoo D aus den Jahren 2007 (Fall D.1) und 2013 (Fall D.2) abzuleiten.

Fall D.1 war von 1996-2007 im Zoo D tätig und hatte zwei Prevost-Hörnchen betreut, die im Zoo O geboren worden waren. Die Tiere wurden 2002 vom Zoo O in den Zoo D transferiert. Eines dieser Tiere wurde 2015 durch RT-qPCR von Hirngewebe negativ auf VSBV-1 und auf Bornavirus-reaktive Antikörper getestet, das andere war 2011 verstorben und stand somit nicht mehr für die Diagnostik zur Verfügung. Von letzterem Individuum wird jedoch angenommen, dass es die einzig mögliche Infektionsquelle des Patienten D.1 ist (**Abbildung 28**), da es das einzige andere empfängliche Tier war, zu dem er im Zoo Kontakt hatte. Zoo D hatte später (2011-2016) weitere Prevost-Hörnchen gehalten, die 2011 aus Zoo P bezogen wurden. Eines dieser später aufgenommenen Hörnchen wurde 2016 positiv auf VSBV-1 getestet und wird hier als Infektionsquelle für den menschlichen Fall D.2 im Jahr 2013 in Zoo D angenommen (**Abbildung 28**).

Ergebnisse

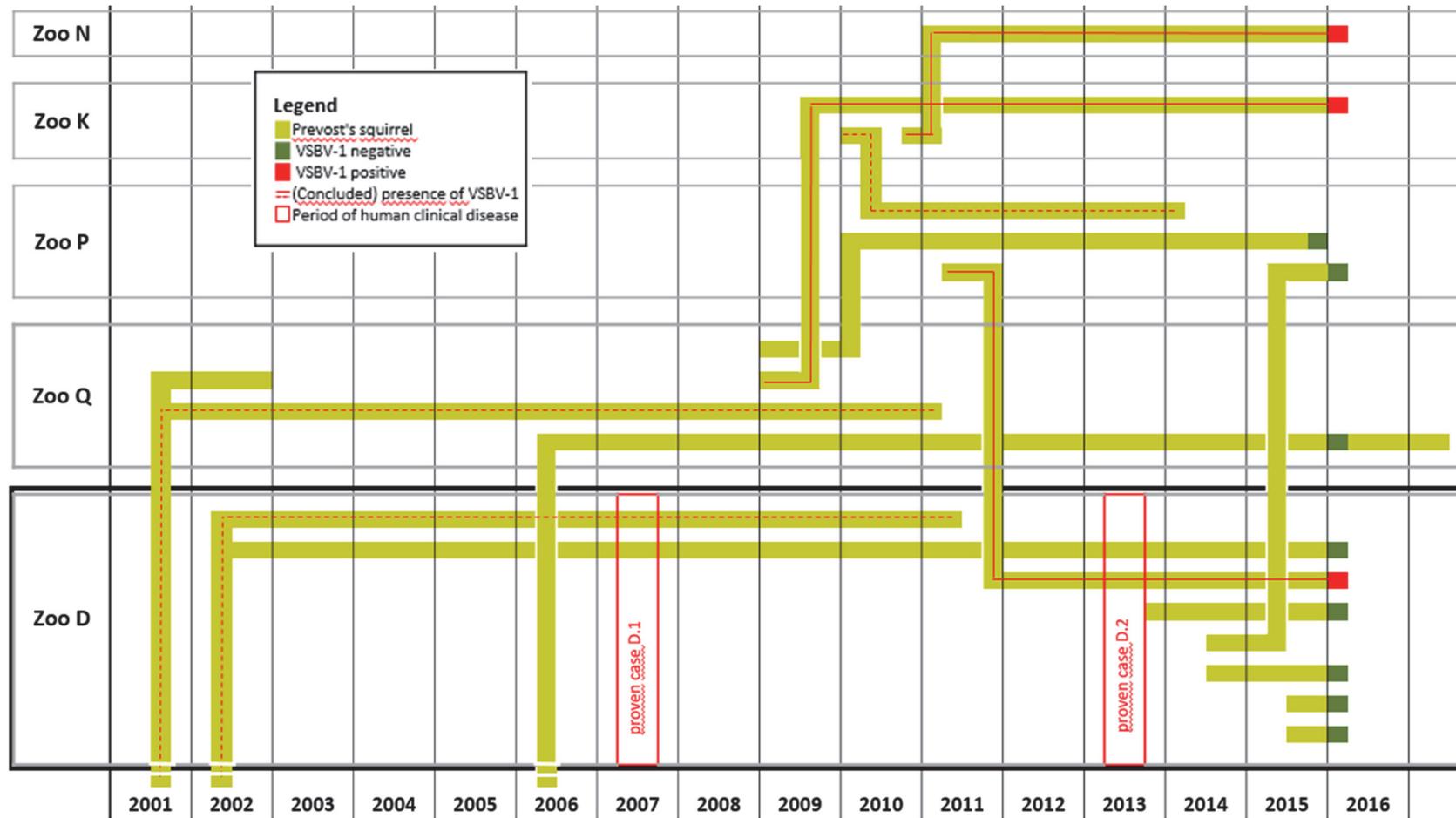


Abbildung 28: Temporales gerichtetes Handelssubnetzwerk zwischen Zoos mit bestätigten oder vermuteten VSBV-1-Infektionen auf Individuenebene (Cadar et al. 2021). Grüne Balken sind einzelne Prevoströckchen. Die Zoohaltungen sind als graue Rahmen dargestellt. Ausgefüllte rote oder dunkelgrüne Enden der Linien markieren ein positives bzw. negatives diagnostisches Ergebnis auf VSBV-1 des jeweiligen Tieres. Rote Rahmen zeigen den Zeitraum des Auftretens der Symptome bei infizierten Menschen an (Fall D.1 2007 und D.2 2013). Rote Linien kennzeichnen die mutmaßliche Übertragung von VSBV-1 mit den infizierten Hörnchen.

Ein weiteres Fragment eines individuengenauen Handelsnetzes ließ sich für die VSBV-1-Fälle bei Hörnchen in Zoo J rekonstruieren. In dieser Haltung wurde Ende 2016 ein VSBV-1-positives Prevost-Hörnchen detektiert sowie ein weiteres im Rahmen der Querschnittsstudie im Dezember 2019. Bei dem zweiten VSBV-1-infizierten Hörnchen handelte es sich um das ehemalige Partnertier des 2016 euthanasierten VSBV-1-positiven Tieres. Die Bestandsdokumentation zeigte, dass beide Tiere aus unterschiedlichen Haltungen stammten. Da die Sequenzen der Virusisolate nicht darauf schließen ließen, dass sich ein Tier am anderen infiziert hatte, kann gefolgert werden, dass beide Tiere unabhängig voneinander VSBV-1 in die Haltung eintrugen. Die Virusausscheidung begann bei dem ersten Tier spätestens 7 Jahre nach dem Transfer in Zoo J und spätestens im Alter von 7 Jahren. Bei dem zweiten Tier begann die Ausscheidung in dem dreijährigen Zeitraum zwischen Erstnachweis und erneuter Beprobung, also frühestens 7 Jahre nach Einstellung im Alter von mindestens 7 Jahren (**Abbildung 29**).

Ergebnisse

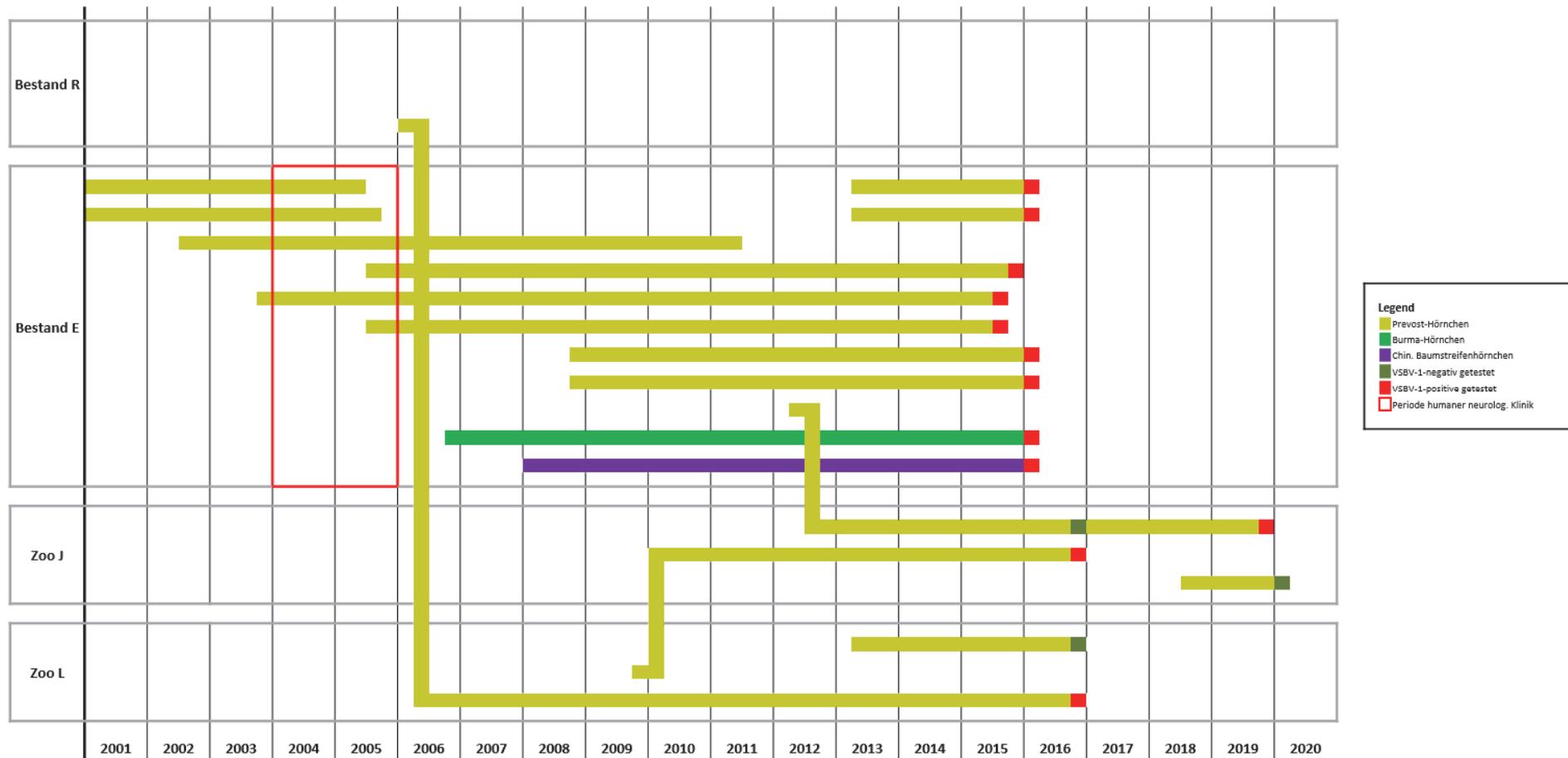


Abbildung 29: Fragmentarisches temporales gerichtetes Handelssubnetzwerk zwischen Beständen E und R sowie Zoos J und L auf Individuenebene. Balken sind einzelne Hörnchen der der Farbe entsprechenden Art. Die Haltungen sind als graue Rahmen dargestellt. Ausgefüllte rote oder dunkelgrüne Enden der Linien markieren ein positives bzw. negatives diagnostisches Ergebnis auf VSBV-1 des jeweiligen Tieres. Rote Rahmen zeigen den Zeitraum des Auftretens der Symptome bei infizierten Menschen an.

8 Diskussion

8.1 Hörnchenhaltungsregister

Die in dieser Studie erstellten Register der Hörnchenbestände und -subpopulationen ermöglichen neue und umfassende Einblicke in die Risikopopulation bezüglich VSBV-1 und bilden den ersten Datensatz dieser Art. Während frühere Rückverfolgungsuntersuchungen (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b) dazu beitrugen, die Exposition von Menschen und Hörnchen zu minimieren, ermöglichten erst die Register die Planung und Durchführung von Querschnittsstudien innerhalb der Hörnchenpopulationen in menschlicher Obhut in Deutschland. Als zusätzlicher Nutzen führte das Kontaktieren der Hörnchenbesitzer*innen und Zoos und das Übermitteln von Informationen über VSBV-1, die von ihm verursachte Erkrankung in Verbindung mit Empfehlungen für eine gute Praxis im Haltungsmanagement zu einer Sensibilisierung der menschlichen Risikopopulation im Umgang mit ihren Hörnchen.

Aufgrund der freiwilligen Teilnahme am Registrierungsprozess ist davon auszugehen, dass das Register der privaten Haltungen nicht vollständig ist. Da es jedoch einen breiten Querschnitt bietet, sind Schlussfolgerungen zu Merkmalen der Hörnchenpopulation in Privathaushalten möglich. Es zeigte sich, dass die kleineren Arten Sibirisches Streifenhörnchen und Baumstreifenhörnchen die häufigsten als Haustiere gehaltenen Sciuriden waren. Sie werden als relativ anspruchslos in Bezug auf Platz- und Futterbedarf beschrieben, können in Innenräumen gehalten und sogar gezähmt werden (Beißwenger 2008). Ihr Fortpflanzungserfolg ist konstant, daher werden sie häufig angeboten und ihr Preis ist erschwinglich. Die dritte in Privathaushalten häufig vorkommende Art ist das Europäische Eichhörnchen. Dies ist vermutlich auf Rettungsaktionen von privaten und öffentlichen Zentren für Wildtiere und Misserfolge beim Versuch der Auswilderung nach der Genesung der Tiere zurückzuführen. Nachzuchten solcher Eichhörnchen werden regelmäßig und legal in privaten Haushalten gehalten. Auch das Europäische Eichhörnchen ist aufgrund seiner biologischen Eigenschaften in Bezug auf Ernährung und Management bescheiden, auch wenn die Haltung platzintensiver ist und die Tiere im Freien gehalten werden müssen (Rothenheber et al. 2009).

Im Gegensatz zum privaten Sektor kann bei Zoos davon ausgegangen werden, dass die registrierte Population annähernd die Gesamtpopulation darstellt. Nur von wenigen Institutionen, die nicht kontaktiert werden konnten, fehlen Daten. In der begrenzten zoologischen Hörnchenpopulation sind die bei weitem häufigsten Arten Präriehunde aus der Unterfamilie der Erdhörnchen. Diese Art ist leicht unterzubringen, vermehrt sich gut und ist anspruchslos in Bezug auf Ernährung und Management (Ehrlich 2004). Präriehunde leben in großen Kolonien, was zu ihrer Beliebtheit bei Besuchern beiträgt. Die zweit- und dritthäufigsten Arten sind das Chinesische Baumstreifenhörnchen und das Europäische Eichhörnchen. Auch bei diesen Tieren erlauben die biologischen Eigenschaften ein extensives Management, und ihr Bedürfnis, in Gruppen zu leben, kann zu einem erhöhten Unterhaltungsfaktor führen.

Die größeren und tropischen Arten wie *Callosciurus* spp., das Rotschwanz-Hörnchen und das Bunthörnchen sind in beiden Populationen weit weniger häufig, als die Daten der Pilotstudie (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b) vermuten ließen. Diese Arten haben höhere Anforderungen an die Haltungsbedingungen (Temperatur, Luftfeuchtigkeit, etc.) sowie spezielle Futteransprüche (frugivor, insectivor) (Wilson 2017). Dadurch sind sie arbeitsintensiver und teurer in der Haltung. Selbst unter besten Bedingungen ist der Fortpflanzungserfolg nicht immer gegeben, was zu höheren Kaufpreisen führt. Da sich die Pilotstudie nach der Erstdetektion von VSBV-1 vorrangig auf diese Arten fokussierte, ergab sich ein verzerrtes Bild. Die Ausgangshypothese, dass die Vielfalt und die Häufigkeiten der gehaltenen Hörnchenarten nicht den Verhältnissen in der Pilotstudie entspricht, wurde somit bestätigt. Interessanterweise ergaben die Untersuchungen in der zoologischen Population, dass fast alle Subpopulationen der Prevost-Hörnchen bereits in der Pilotuntersuchung erfasst worden waren, was die Gründlichkeit der Ausgangsuntersuchung sowie eine hohe Compliance und das Interesse der Zoos an solchen Erhebungen verdeutlicht.

Nichtsdestotrotz könnten die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit insbesondere bezüglich der privat gehaltenen Hörnchenpopulation noch immer verzerrt sein. Der für die Registrierung dieser Population gewählte Ansatz basierte auf freiwilliger Beteiligung. Es wurde jedoch versucht, auf unterschiedliche Weise auf potentielle Teilnehmer*innen zuzugehen, um den Zugang für alle bestehenden Haltungen zu gewährleisten und den möglicherweise bereits initialen Ausschluss bestimmter Gruppen zu vermeiden. Dafür wurde die Herangehensweise ein *Mixed-mode Survey* gewählt. Je nach Platzierung kann dabei der Zugang zu Online-Befragungen für alle Internetnutzer*innen möglich sein (Dillman et al. 2014). Dieser Ansatz beinhaltet somit ein großes Potential zum Erreichen der überwiegenden Mehrheit der zu untersuchenden Population. Doch hängt von der Platzierung auch die Zielgerichtetheit der Akquise ab (Tourangeau 2014; Bethlehem 2010). Vergleichbar ist dies mit der zunehmenden Personalisierung von Werbeanzeigen im Internet. Es ist zu vermuten, dass die *Response-Rate* höher liegt, wenn die Zielgruppe bereits eingegrenzt wurde (Whitaker et al. 2017; Mayr et al. 2012). Auch können Anzeigen bzw. Aufrufe im Falle der bereits erfolgten näheren Eingrenzung viel zielgerichteter auf die anzusprechenden zugeschnitten sein, da bei diesem Ansatz für die jeweilige Zielgruppe Selbstverständliches nicht erklärt werden muss (Dillman et al. 2014). Daher wurde für die Teilnahme an dieser Online-Befragung über verschiedene, hörnchen- oder kleinsäugerspezifische Medien geworben.

Ein bei Online-Surveys regelmäßig auftretendes Problem ist die Verzerrung der Stichprobe durch die Selbst-Selektion der Angesprochenen für die Teilnahme am Survey (Keiding et al. 2018). Da die Stichprobennahme bei offenen Web-Surveys ihrer Natur nach einem *Convenience Sampling* entspricht, ist diese Verzerrung sowohl durch einen *Sampling Error* als auch durch einen *Non-response Error* verursacht (Bethlehem 2010). Die Entscheidung zur Teilnahme an einer Online-Befragung ist von verschiedenen situations- und persönlichkeitsbedingten Faktoren abhängig. Diese

sind nicht immer bekannt, daher können sie bei der Konzeption des Fragebogens zum Teil nicht berücksichtigt werden (Atteslander 2010). Unter die situationsbedingten Faktoren fällt zum Beispiel der Zeitaufwand. Daher ist es wichtig, diesen möglichst bereits im Akquirierungstext anzugeben (Dillman et al. 2014). Kürzere Befragungen haben in der Regel eine höhere Response-Rate, daher wurde die Befragung auf die wesentlichen zu registrierenden Eigenschaften beschränkt.

Die Selbstselektion der teilnehmenden Besitzer*innen und Züchter*innen könnte zu einer Selektionsverzerrung geführt haben, sodass Besitzer*innen und Züchter*innen mit bestimmten Eigenschaften oder Interessen möglicherweise überrepräsentiert waren (Keiding et al. 2018). Da davon auszugehen ist, dass insbesondere Züchter*innen Interesse an der Werbung mit dem Nachweis über die Erregerfreiheit ihres Bestands oder ihrer Einzeltiere haben, mag in dieser Gruppe die Teilnahmebereitschaft höher gewesen sein. Andererseits waren während der Vorabrecherchen aus dieser Gruppe auch Unmut und Verärgerung über das Thematisieren von VSBV-1-Infektionen und die diesbezüglichen Untersuchungen zu vernehmen, die bis zur Leugnung der Existenz des Virus gingen und Qualität und Sinnhaftigkeit der Untersuchungen in Frage stellten. Einigen Züchter*innen war bekannt, dass die initialen Maßnahmen der lokalen Veterinärbehörden nach den Erstnachweisen in mindestens einem Fall die Tötung des gesamten Bestandes von teilweise wertvollen Zuchttieren eingeschlossen hatten (Mitteldeutsche Zeitung 2015; Spiegel-Online 2015). Daher ist nicht davon auszugehen, dass sich alle Züchter*innen von Hörnchen an der Registrierung ihrer Tiere beteiligten. In der Gruppe der nicht züchtenden privaten Halter*innen spielte vermutlich die Einschätzung des eigenen Risikos eine gewisse Rolle. Gerade Kontaktintensität, unter Umständen auch mit Kindern, Bissverletzungen in der Vergangenheit oder nur unzureichend diagnostizierte Erkrankungen mit neurologischer Beteiligung führten vermutlich zu einem gesteigerten Interesse und einer erhöhten Teilnahmebereitschaft. Auf der Seite der negativen Selektionskriterien spielte vermutlich die kritische Einstellung gegenüber Behörden durch die mehrfach bereits geforderte erhöhte Überwachung von Haltungen exotischer Tiere eine Rolle (Krautwald-Junghanns 2018; Moorhouse et al. 2017; Fischer 2015). Auch wenn die sogenannte EU-Positivliste (Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Rates vom 22. Oktober 2014 über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten) über als invasiv eingestufte Arten bislang nicht in nationales Recht umgesetzt ist, wurde sie von vielen Hörnchenhalter*innen als erster Schritt zur Beschränkung der Freiheit bei der Haustierwahl gesehen, in deren Folge weitere Einschränkungen durch Behörden befürchtet wurden.

Auch eine Informationsverzerrung (Bethlehem 2010) kann nicht ausgeschlossen werden. Der Fragebogen wurde unbeaufsichtigt, anonym und ohne Überprüfung der Eingaben beantwortet, sodass mögliche Rückfragen nicht unmittelbar beantwortet und Missverständnisse nicht aufgeklärt werden konnten. Allerdings wurde der Fragebogen vorab validiert, um Unklarheiten und Missverständnisse zu vermeiden. Darüber hinaus wurde versucht, absichtlich falsche oder irreführende Eingaben, z. B. wenn die

Teilnehmenden befürchten konnten, dass eine wahrheitsgemäße Antwort negative Konsequenzen für sie haben könnte, durch Hinweis auf die vertrauliche Datenhandhabung nach den geltenden Datenschutzbestimmungen zu vermeiden.

8.2 Querschnittsstudien

Die Gesamtzahl der Hörnchenhaltungen in Privathaushalten blieb auch nach dem Registeraufbau aufgrund der genannten Einschränkungen unbekannt. Jedoch können die erhobenen Registerdaten als repräsentativ für die Zusammensetzung der Population in Bezug auf die Häufigkeit von Subpopulationen der verschiedenen Arten als relevantes Merkmal betrachtet werden. Die registrierten privaten Hörnchenhaltungen bildeten die Auswahlpopulation für ein stratifiziertes Sampling in der darauf aufbauenden Querschnittsstudie, da alle darin enthaltenen Hörnchenhalter*innen nun kontaktfähig und der Thematik gegenüber aufgeschlossen waren.

Die Zoo-Population hingegen wurde, wie bereits erläutert, nahezu vollständig erfasst. Die hierbei registrierte Gesamtpopulation mit 156 Subpopulationen bildete also sowohl die Auswahlpopulation als auch die Zielpopulation, was die Genauigkeit und die Übertragbarkeit der Aussage der darauf aufgebauten Querschnittsstudie erhöhte.

8.2.1 Stichprobenberechnung

Die Stichprobenberechnung erfolgte auf der Grundlage der Auswahlpopulation der privaten Population bzw. der Zielpopulation der Zoo-Population. Mit Hilfe der Erkenntnisse über die Zusammensetzung der registrierten Populationen konnte der für die Berechnung notwendige Prävalenzschätzer, der aus den verzerrten Pilotdaten gewonnen worden war, an die Strata adjustiert werden. Die sich daraus ergebenden Schätzer von 6,5 % (95 % CI 1,7 - 16,1 %) für die Prävalenz von VSBV-1-Infektionen bei Hörnchen in privaten Haltungen und 3,2 % (95 % CI 0,05 - 18,1 %) in der Zoo-Population eigneten sich darüber hinaus, um die Prävalenzen der des Zeitraums der Pilotstudie von 2015 - 2017 und des Zeitraums der Querschnittsstudie von 2018 - 2020 miteinander zu vergleichen, da sie sich nun auf eine gleiche Populationsstruktur im Hinblick auf die Subpopulationshäufigkeiten bezogen.

Die relativ niedrigen Erwartungen an die Teilnahmebereitschaft von privaten Halter*innen im Allgemeinen und der geplante hohe akzeptierte Fehler von 10 % erwiesen sich als konservativ. Die Anzahl der beprobten Subpopulationen überschritt die errechnete erforderliche Anzahl, was möglicherweise den Erfolg der Rekrutierungsstrategie durch die Bereitstellung detaillierter Informationen und anschließender freiwilliger und kostenfreier diagnostischer Tests widerspiegelt. Im Ergebnis führte es zu einer präziseren Prävalenzschätzung.

Bei der Beprobungsstrategie handelte es sich wie beim Aufbau des Registers um ein *Convenience Sampling*. Wie bereits beschrieben, muss daher die mögliche Verzerrung durch eine Selbstselektion der Teilnehmer*innen in Betracht gezogen

werden (Wu Suen et al. 2014; Kelly et al. 2002). Die subjektive Wahrnehmung der Teilnehmer*innen, möglicherweise einem Risiko ausgesetzt zu sein, kann in den Strata der bislang nicht betroffenen Arten als negatives Selektionskriterium gewertet werden. Bisweilen gab es während der Probenakquise Rückmeldungen von Halter*innen, dass ihre Teilnahme nicht erforderlich wäre, da sich keine Bunthörnchen in ihrem Besitz befänden – was vermutlich auf die etwas irreführende Virusbezeichnung zurückzuführen sein mag. In den Strata der betroffenen Arten kann ein gesteigertes Interesse und die Absicherung, dass von der eigenen Subpopulation kein Infektionsrisiko ausgeht, als positives Selektionskriterium gewirkt haben, wohingegen sich die Furcht vor negativen Konsequenzen bei Erregernachweis in den mitunter wertvollen Tierbeständen negativ ausgewirkt haben mag.

Auch bei der Zoo-Population wurde der erforderliche Stichprobenumfang überschritten, was die hohe Compliance unter den zoologischen Einrichtungen unterstreicht. Einzig die eingeschränkte personelle und finanzielle Ausstattung einiger Einrichtungen stellte ein negatives Selektionskriterium für die Teilnahme an der Querschnittsstudie dar. Insbesondere kleine und familiengeführte Parks gaben an, dass ihnen die zeitlichen Kapazitäten für die Probenahme fehlten. Ein positives Selektionskriterium für die Teilnahmebereitschaft war auch hier das zoonotische Potential des Erregers. Der Tod einer mit Prevost-Hörnchen betrauten Tierpflegerin in einem norddeutschen Zoo (Tappe et al. 2018) blieb innerhalb der Zoo-Gemeinschaft kein Geheimnis und führte die unter Umständen von Hörnchen ausgehende Infektionsgefahr vor Augen. Um das Risiko für Mitarbeiter*innen der Einrichtungen und für Besucher*innen möglichst gering zu halten, war das Bestreben hoch, eine gesunde, VSBV-1-negativ getestete Population zu erhalten. Unterstützt wurde dies durch die Verfügbarkeit einer *in-vivo*-Diagnostik mit nicht-invasiv gewonnenen Proben von Hörnchen, die mit relativ geringem Aufwand zu nehmen waren. Die Zurverfügung-Stellung von Probenahme-Kits erleichterte auch den logistischen Aufwand, sodass nur die Probenahme selbst in den zoologischen Einrichtungen vorgenommen werden musste.

Lediglich das Stratum der Europäischen Eichhörnchen betreffend blieb die eingesandte Probenanzahl unter dem Wert, der für die geplante Präzision der Schätzung erforderlich war. Diese Subpopulationen wurden oftmals von den bereits erwähnten kleinen Einrichtungen mit wenig Personal geführt, die für eine Probenahme keine Zeit aufbringen konnten. Teils wurden die Eichhörnchen auch in großen Volieren gehalten, die das Einfangen der Einzeltiere und ihre Beprobung nahezu unmöglich machten. In anderen Strata wurde der erforderliche Stichprobenumfang hingegen übertroffen. Dies betraf in erster Linie die Arten, deren Empfänglichkeit für VSBV-1-Infektionen bereits erwiesen war, vor allem das Prevost-Hörnchen und das Chinesische Baumstreifenhörnchen. Die Motivation der verantwortlichen Revierleiter*innen, ein Infektionsrisiko für die Angestellten durch die Überwachung des VSBV-1-Status möglichst auszuschließen, war bei diesen Subpopulationen vermutlich ungleich höher, da eine mögliche Gefährdung als wahrscheinlicher wahrgenommen wurde. Dies wurde auch beim telefonischen

Erstkontakt mit vielen Einrichtungen deutlich. Hier war nach der kurzen Vorstellung der Studie zum Bunthörnchen-Bornavirus-1 oftmals die erste Reaktion: „Wir halten doch gar keine Bunthörnchen.“ Nach entsprechender Aufklärung über die ungewisse Situation in der gesamten Familie Sciuridae waren die Gesprächspartner*innen oftmals viel interessierter an einer Teilnahme.

8.2.2 Probennahme und Analyse der Proben

In den Subpopulationen, die in die Stichprobe für die Querschnittsstudie gelangten, wurden stets alle vorhandenen Tiere für die labordiagnostische Untersuchung beprobt. Hierzu wurden einmalig zwei tierindividuelle Maultupfer oder Kotproben genommen. Da die bisherigen Untersuchungen stets eine Kongruenz des Nachweises von VSBV-1-spezifischer RNA in Maultupfern und Kotproben mit dem immunhistologischen und molekularbiologischen Nachweis des Virus in Gehirn und anderen Körpergeweben belegten (Petzold et al. 2019; Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b), wurde die Untersuchung dieses Probenmaterials als belastbar für die Feststellung einer Infektion angesehen. Allerdings kann nicht ausgeschlossen werden, dass eine Vermehrung und Ausscheidung von Viruspartikeln nur intermittierend erfolgt. Hier ist eine Klärung im Rahmen von experimentellen Infektionen erforderlich.

Die Probennahme wurde durch die Halter*innen bzw. Tierärzt*innen oder Tierpfleger*innen in Eigenregie übernommen. Hierzu wurde mit den Probennahmesets eine bebilderte Anleitung ausgehändigt. Bei Unklarheiten wurde telefonisch oder per Mail beraten. Durch die eigenständige Beprobung der Tiere samt Beschriftung der Probenröhrchen bzw. Zuordnung auf dem Probenbegleitschein sind Fehler bei der Individuen-Zuordnung oder bei der tatsächlichen Probennahme, die willentlich oder unwillentlich durch die Halter*innen verursacht worden sein könnte, nicht auszuschließen. Um dem vorzubeugen, könnte in Zukunft eine tierindividuelle Genotypisierung, wie beispielsweise ein Fingerprinting (Mueller et al. 1999) durch amplifizierte Fragment-Längenpolymorphismen, etabliert werden.

Wenn eine tierindividuelle Probennahme aufgrund der personellen Ausstattung oder der Beschaffenheit der Gehege nicht möglich war, wurde in den Gehegen über mehrere Tage Kot abgesammelt und gepoolt. Die Untersuchung dieser Poolproben kann durch den Verdünnungseffekt zu einer herabgesetzten Sensitivität führen. Im Hinblick auf den Aufwand und das bei einer Fangaktion für Mensch und Tier entstehende Risiko und damit die Auswirkungen auf die Bereitschaft zur Teilnahme an der Untersuchung vor allem im Bereich der Erdhörnchen wurde dennoch von dieser Beprobungsart Gebrauch gemacht. Die niedrige Nachweisgrenze von 10 Genomkopien/ μ l Template (Schlottau et al. 2017a) begünstigte dabei die Anwendbarkeit für die resultierende diagnostische Aussagekraft der Analyse.

Bei allen Proben wurde das Vorliegen einer ausreichenden Menge Probenmaterial durch die parallele Amplifikation eines beta-Actin mRNA-Fragments geprüft (Toussaint et al. 2007). Wurde hierbei ein Mangel an Probenmaterial festgestellt, erfolgte eine zweite Beprobung des Einzeltieres oder der Subpopulation. Eine zweite interne

Kontrolle diente als Inhibitionskontrolle (Hoffmann et al. 2006). Wenn es Hinweise auf Inhibition gab, erfolgte eine erneute Beprobung mit anschließender Wiederholung der Untersuchung. In allen Tests wurden Positiv- und Negativkontrollen sowie einer RNA-Isolationskontrolle mitgeführt. Bei Ausbleiben der erwarteten Kontroll-Ergebnisse wurde der entsprechende Lauf wiederholt. Die analytische Spezifität des Assays liegt bei nahezu 100 % (Schlotta et al. 2017a).

Das positive RT-qPCR-Ergebnis der Probe eines Hörnchens wurde durch eine Sanger-Sequenzierung (Sanger et al. 1977) des Vollgenoms bestätigt. Zur Untersuchung lag hierbei der gesamte Tierkörper vor, da das Tier euthanasiert wurde. Somit konnte bei diesem Tier der Reservoir-Charakter durch VSBV-1-RNA-Nachweise in verschiedenen Körpergeweben nachvollzogen werden. Außerdem lag eine Serumprobe vor, in der mittels iIFT Orthobornavirus-spezifische Antikörper nachgewiesen wurden.

8.2.3 Ergebnis der Prävalenzschätzung

8.2.3.1 Private Population

Die Querschnittsstudie im privaten Sektor ergab eine geschätzte apparente Prävalenz von 0 % mit einem exakten 95 %-Konfidenzintervall nach Clopper-Pearson (Clopper et al. 1934) von 0 - 6,2 %. Im Untersuchungszeitraum wurden keine positiven Hörnchen-Subpopulationen gefunden.

Im Vergleich zur adjustierten Prävalenz des Untersuchungszeitraums der Pilotstudie von $p = 6,5\%$ (95 % CI 1,7 - 16,1 %) scheint somit ein Rückgang der Prävalenz vorzuliegen. Ein Grund dafür könnte der erläuterte Selbstselektions-Bias des zugrundeliegenden Survey-Designs sein. Die Hörnchen-Community, insbesondere im Bereich der größeren exotischen Arten, scheint gut vernetzt zu sein, sowohl was den Austausch von Tieren als auch den von Neuigkeiten angeht. Nach Bekanntwerden der initialen Fälle von VSBV-1-Infektionen entzogen sich einige wenige Halter*innen aus dem engeren und weiteren Züchterkreis den Versuchen des FLI und des RKI, mit ihnen Kontakt aufzunehmen. Diese Halter*innen haben sich weder registriert noch an der Querschnittsstudie beteiligt. Wie die Handelsanalyse zeigte, ist der Eintrag von VSBV-1 mit einem infizierten Tier in Haltungen, die einmal oder mehrfach Tiere aus positiven Subpopulationen bezogen, nicht unwahrscheinlich. VSBV-1-positive Tiere könnten somit noch unerkannt in Umlauf sein. Weiterhin ist nicht ausgeschlossen, dass virale RNA nach der initialen Infektion erst verzögert oder im Infektionsverlauf nur intermittierend in Se- und -exkreten nachweisbar ist (Schlotta et al. 2017a). Ein Tier, das sich zum Zeitpunkt der Probennahme nicht in einer Phase der Ausscheidung befunden hat, jedoch mit VSBV-1 infiziert war, konnte durch die nicht-invasive Beprobung nicht detektiert werden. Die Prävalenzschätzung sollte somit also als Prävalenz von Subpopulationen mit VSBV-1-ausscheidenden – und damit potentiell infektiösen – Hörnchen interpretiert werden. Es kann jedoch nicht ausgeschlossen werden, dass die VSBV-1-Prävalenz bei den Hörnchen tatsächlich zurückgegangen ist. Die weiterhin geltenden Empfehlungen (Friedrich-Loeffler-Institut 2019),

erregerpositive Tiere aus den Beständen zu entfernen und zu euthanasieren, kann als wirksames Mittel zur Eindämmung des Infektionsgeschehens betrachtet werden. Möglicherweise wurden die Empfehlungen befolgt, was einen tatsächlichen Rückgang der Prävalenz erklären könnte. Unter Berücksichtigung der Ergebnisse der Handelsanalyse und den Infektionshäufigkeiten innerhalb einer Subpopulation scheint die Virulenz und damit die Infektionsreproduktionsrate von VSBV-1 gering. Auch dies könnte einen Erfolg der empfohlenen Maßnahmen begünstigen.

Für die freiwillige Beteiligung an der Querschnittsstudie, die auf den Registerdaten aufbaut, gelten die unter 8.1. aufgeführten Einschränkungen entsprechend. Auch hierbei handelte es sich um ein *Convenience Sampling*. Jedoch stellen der geringe Aufwand für die Probennahme und das Interesse an einer gesunden Subpopulation ohne Risiko einer Übertragung auf sich selbst oder Dritte positive Selektionskriterien dar.

Unter Berücksichtigung der möglicherweise vorliegenden Limitationen ist für die Prävalenzschätzung die Annahme der Obergrenze des exakten Konfidenzintervalls von 6,2 % als *worst-case*-Szenario in der privaten Population empfehlenswert.

8.2.3.2 Zoo-Population

Die Querschnittsstudie im Zoo-Sektor ergab eine geschätzte Prävalenz von 1,9 % mit einem exakten 95 %-Konfidenzintervall nach Clopper-Pearson von 0 – 9,9 %. Im Untersuchungszeitraum wurde eine positive Subpopulation detektiert.

Der Vergleich zur adjustierten Prävalenz des Untersuchungszeitraums der Pilotstudie von $p = 3,2 \%$ (95 % CI 0,05 - 18,1 %) lässt in der Zoo-Population keinen Rückschluss auf einen Rückgang der VSBV-1-Prävalenz zu. Im Gegensatz zur privaten Population kann die Zoo-Population als nahezu vollständig erfasst gelten. Mit einem Stichprobenumfang von 53 Subpopulationen wurde sie im Rahmen dieser Studie zu ungefähr einem Drittel beprobt. Dabei wurden in den Strata der Prevost-Hörnchen und der Chinesischen Baumstreifenhörnchen sogar in 50 % der registrierten Subpopulationen Proben gewonnen. Daher erscheint ein tatsächlicher Rückgang der Prävalenz innerhalb der Zoo-Population wahrscheinlich. In Anbetracht der relativ großen Zeitabstände der Erhebungen deutet dieser Rückgang auf eine niedrige Reproduktionsrate von VSBV-1-Infektionen innerhalb der Hörnchenpopulation in Zoos in Europa hin. Diese Hypothese wird durch die Ergebnisse der Handelsanalyse gestützt. Der Eintrag in die Zoo-Population scheint über Prevost-Hörnchen stattgefunden zu haben, durch die VSBV-1 in unterschiedliche Zoo-Haltungen weiterverbreitet wurde. In der Zoo-Population wurden Bekämpfungsmaßnahmen nach Erregerfeststellung sowie das allgemeine Monitoring in den meisten Fällen stringenter verfolgt als in den privaten Hörnchenhaltungen. VSBV-1-positive Tiere wurden nach Diagnosestellung unverzüglich abgesondert und euthanasiert. Außerdem werden seit der Informationskampagne zu VSBV-1 vor jedem Verbringen von Prevost-Hörnchen in eine andere Einrichtung Befunde über die Erregerfreiheit eingeholt. Einer Neueinschleppung in die bestehenden Subpopulationen wird somit vorgebeugt. Der

Spill-Over in eine Subpopulation einer anderen Hörnchenart innerhalb einer Zoonhaltung erscheint zudem unwahrscheinlich, da in zoologischen Haltungen in der Regel ein Hygieneprotokoll zur Reinigung und Desinfektion eingehalten wird und unterschiedliche Hörnchenarten meist nicht miteinander vergesellschaftet werden. Die Möglichkeiten zum direkten oder indirekten Kontakt sind somit stark eingeschränkt. Dennoch unterliegt die Aussagekraft der Analyse auch hier den Limitationen im Zusammenhang mit der Beprobung, die durch die bereits erläuterte Wissenslücke über die Zeit von der Infektion bis zur Ausscheidung viraler RNA bzw. über mögliche intermittierende Ausscheidungsphasen entsteht. Ein damit verbundenes Übersehen von VSBV-1-positiven Tieren, die jedoch zum Zeitpunkt der Beprobung VSBV-1 nicht ausschieden, kann trotz der hohen Sensitivität des Erregernachweises (vgl. Kapitel 8.2.2) nicht ausgeschlossen werden.

Trotz der geringen geschätzten Prävalenz, auch im Vergleich zur adjustierten Prävalenz des vorangegangenen Untersuchungszeitraums, ist die Berücksichtigung des breiten Konfidenzintervalls und dessen oberer Grenze von 9,9 % im Sinne einer *worst-case*-Annahme aus den oben erläuterten Gründen bei der Einschätzung des Risikos empfehlenswert.

Die in der Zoo-Population detektierte VSBV-1-positive Subpopulation von Prevost-Hörnchen wurde in der Pilotstudie ebenfalls bereits als betroffen identifiziert (Schlottau et al. 2017b). Nachdem das damals VSBV-1-positive Tier Ende 2016 euthanasiert worden war, wurde die Subpopulation erst im Rahmen der Querschnittsstudie im Dezember 2019 erneut beprobt. Hierbei stellte sich heraus, dass es sich bei dem VSBV-1-positiven Tier um das verbliebene Partnertier des zuvor infizierten Tieres handelte. Bei seinem neuen Kontakttier, mit dem es seit Mitte 2018 vergesellschaftet war und das im Nachgang der Untersuchungen im Februar 2020 ebenfalls euthanasiert wurde, konnte jedoch weder in Maultupfern noch in Nerven- und Gehirnprouben Virus-RNA nachgewiesen werden. Auch wies das Tier keine Bornavirus-spezifischen Antikörper im Rahmen einer serologischen Untersuchung auf. Während des Zeitraums der Vergesellschaftung der beiden Tiere kam es vereinzelt zu Paarungen, doch gab es keinen Nachwuchs. Die Prevost-Hörnchenhaltung im betroffenen Zoo wurde im Februar 2020 eingestellt.

Der erneute Nachweis in der Subpopulation veranschaulicht die Bedeutung regelmäßiger Probennahmen, insbesondere bei den als empfänglich bekannten Arten, um das Risiko einer Übertragung auf den Menschen zu minimieren. Es ist anzumerken, dass auch die betroffene Einrichtung (wie jede andere entsprechende Haltung) vom FLI aufgefordert worden war, ihre Hörnchenpopulation in dreimonatigen Intervallen zu untersuchen zu lassen, dem aber nicht nachkam. Da solche Aufforderungen beim Vorliegen nicht-meldepflichtiger Tierkrankheiten lediglich Empfehlungscharakter besitzen, bedarf es der Initiative und des Willens der Verantwortlichen, angemessen mit solchen Situationen umzugehen. Es ist unklar, ob es möglich gewesen wäre, die Einrichtung als Arbeitgeber wegen einer möglichen Vernachlässigung des Arbeitsschutzes zur Verantwortung zu ziehen, wenn es in dem

besagten unbeobachteten Zeitraum von Anfang 2017 bis Ende 2019 zur Infektion einer Tierpflegekraft gekommen wäre. Zum Zeitpunkt der Anfertigung dieser Arbeit standen die Ergebnisse des ersten fakultativen serologischen Screenings der Tierpflegekräfte noch aus.

8.3 Handel und Kontaktnetzwerk

8.3.1 Öffentlicher kommerzieller und nicht-kommerzieller Handel mit Hörnchen

Die Recherchen zum Handel von exotischen Tieren und Vielzahl der verschiedenen Verkaufs- und Tauschangebote im sichtbaren Web und auf öffentlich zugänglichen Märkten verdeutlichen die Vielfältigkeit und das Ausmaß dieses in der Regel nur wenig beachteten Marktes (Siriwat et al. 2018; Sung et al. 2018; Lavorgna 2015). Berichten zufolge ist beim Handel auf dem in dieser Arbeit nicht berücksichtigten Schwarzmarkt, also im Darknet (Harrison et al. 2016) oder in Hinterzimmern auf Tierbörsen und ähnlichen Verabredungen (Erhard 2017), die Beschaffung einer Vielzahl von Arten, auch als Wildfänge, möglich. Da die hier untersuchten Hörnchenarten keinen Handelsrestriktionen unterliegen, beschränkte sich die im Rahmen dieser Arbeit vorgenommene Untersuchung auf den sichtbaren Teil des Marktes. Nach den Angaben der Grenzkontrollstelle am Rhein-Main-Flughafen in Frankfurt/ Main gegenüber Erhard (2017) werden dort jährlich durchschnittlich 5000 Sendungen mit insgesamt über 60 Millionen Tieren abgefertigt. Diese große Zahl von Individuen kann nur stichprobenartig auf Richtigkeit der Angaben zu Art und Herkunft sowie zum Verbleib und zur Verwendung überprüft werden (Erhard 2017). Generell ist ein artenbasiertes Monitoring im europäischen System zur Handelsüberwachung TRACES nur teilweise vorgesehen, lediglich die Ein- und Ausfuhr CITES-gelisteter Arten wird gesondert überwacht. Das Verbringen innerhalb des EU-Binnenmarkt lässt sich anhand der Datenbank nicht nachvollziehen, dies gilt auch für den Handel innerhalb Deutschlands. Da im Allgemeinen keine Register existieren und nur in einigen Fällen Genehmigungspflichten für das Halten von exotischen Haustieren bestehen, sind Zucht und Verkauf – sofern sie nicht eindeutig gewerblichen Charakter haben und damit von §11 TierSchG erfasst sind – frei und ungestört möglich.

Die Untersuchungen im Zoohandel zeigten, dass der Handel mit Hörnchen im Allgemeinen nicht oder nicht mehr über den Zoofachhandel abläuft. Wurden in den 2000er Jahren noch regelmäßig sibirische Streifenhörnchen im Lebendtiersortiment von Zoohandlungen geführt, ist dies mit der Verlagerung des Verkaufs über Internetbörsen und die daraus folgende Eröffnung des Marktes „für jedermann“ zurückgegangen. Nach Einführung der EU-Positivliste verschwanden die Sibirischen Streifenhörnchen ganz aus dem Sortiment der Händler*innen. Den Umschwung auf das Vermarkten des Chinesischen Baumstreifenhörnchens vollzogen nur wenige Zoofachgeschäfte (S. Züpke, persönliche Mitteilung, 16.11.2017). Aufgrund der auch in diesem Sektor zu beobachtenden Monopolisierung und durch den Aufkauf von Einzelhandelsfachgeschäften durch große Handelsketten hat sich die Zahl der

unabhängigen Zoofachgeschäfte stark verringert. Der Handel mit Hörnchen im Zoohandel ist folglich als kleine Nische zu betrachten. Dem einzigen Hörnchen züchtenden Zoofachgeschäft, das sich im Rahmen der vorliegenden Arbeit identifizieren ließ, wurde im Rahmen der Recherche empfohlen, seine Zuchttiere und die Nachzucht regelmäßig untersuchen zu lassen.

Um das Angebot von Hörnchen auf Tierbörsen zu untersuchen und für die Teilnahme an der Register- und Querschnittsstudie zu werben, wurden die beiden größten und artenreichsten Tierbörsen in Europa besucht. Hierzu wurden Veranstaltungen im Frühjahr gewählt, da an diesen Terminen das Angebot von Hörnchen aufgrund der Wurfseason nach den Erfahrungen der Mitglieder der BAG Kleinsäuger e.V. nach am größten war. Dennoch wurden in Hamm keine Hörnchenverkäufer*innen angetroffen. Die in Houten angebotenen Burma-Hörnchen gehörten einem niederländischen Züchter. Diesem war die Existenz des Virus bekannt, jedoch fühlte er sich weder betroffen noch angesprochen. Dies mag zum einen daran gelegen haben, dass es sich um eine nicht-deutsche Haltung handelte, zum anderen an der ausgestellten Art. Ein weiterer Grund für die eher abweisende Einstellung des Züchters könnte die als geschäftsschädigend empfundene Wirkung von Nachfragen zu VSBV-1 und zum diesbezüglichen Status der von ihm angebotenen Tiere gewesen sein.

Der private Handel von Hörnchen scheint somit überwiegend im Internet über gängige Plattformen zum privaten Handel von Gütern aller Art stattzufinden, oftmals in einer Unterrubrik für Tierhandel. Der grenzüberschreitende Handel, vor allem mit Züchter*innen und Händler*innen aus benachbarten Regionen in den Niederlanden, Belgien, Österreich und der Schweiz, ist dabei nicht unüblich. Obligatorische Angaben für die Verkäufer sind in aller Regel eine gültige E-Mail-Adresse und die Postleitzahl des Standorts sowie Angaben über Art und Anzahl der angebotenen Tiere. Falls erwünscht, kann der Erstkontakt mit einem Interessenten über das Kontaktformular der Plattform stattfinden. Das Auftreten der Verkäufer unter einem Pseudonym ohne Rückschlussmöglichkeit auf die wahre Identität ist somit vor Zustandekommen eines Geschäfts möglich. Da es sich um Privatverkäufe handelt, sind Gewährleistungspflichten der Verkäufer*innen und ein Widerrufsrecht der Käufer*innen ausgeschlossen. Die Plattformbetreiber sind nicht verantwortlich für die bei ihnen eingestellten Inserate, jedoch haben sie dafür Sorge zu tragen, dass der gesetzliche Rahmen gewahrt wird (vgl. Kapitel 5.1.1). So ist beispielsweise das Anbieten von Wildfängen generell und das von CITES-gelisteten Tierarten im Speziellen verboten. Gleiches gilt für inserierte Angebote in sozialen Medien wie themenspezifischen Foren oder Facebook-Gruppen. Dass bei der Masse der Datenströme nicht einmal der gesetzlich vorgegebene Rahmen immer gewährleistet ist, zeigen aktuelle Studien (Hastie 2018; Siriwat et al. 2018).

Das Spektrum der im Internet angebotenen Hörnchenarten konnte durch die Archivierung der auf einer Plattform geschalteten Anzeigen für die Jahre 2003 - 2018 nachvollzogen werden. Dabei zeigte sich, dass die Häufigkeit von Anzeigen seit den späten 2000er Jahren zugenommen hat. Bis 2012 wurden mit der höchsten Frequenz

Streifenhörnchen (*Tamias* spp.) gehandelt. Wie bereits vom ZZF angedeutet, wurde diese kleine, einzelgängerische Hörnchenart von den sozialeren und in Gruppen zu haltenden Chinesischen Baumstreifenhörnchen (*Tamiops swinhoei*) abgelöst, nachdem für das Sibirische Streifenhörnchen (*Tamias sibiricus*) seit der Einführung der VO (EU) Nr. 1143/2014 über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten ein Zucht- und Haltungsverbot gilt. Nichtsdestotrotz finden sich auf Handelsplattformen im Internet noch immer vereinzelte Angebote zur Abgabe von Nachzuchten. Die Angebotsfrequenz von Schönhörnchen und Bunthörnchen stieg vermutlich mit der breiteren Nutzung des Internets für den privaten Handel ab 2009 an. Ob der Rückgang von Online-Anzeigen von Bunthörnchen in den Jahren 2015 und 2016 und von Schönhörnchen im Jahre 2017 auf die Veröffentlichungen der VSBV-1-Fälle in dieser Zeit zurückzuführen war, bleibt offen.

Unabhängig von der Angebotsform sind Nachweise über die Identität, Herkunft oder Gesundheit der zu vermittelnden Tiere freiwillig. Nur in Einzelfällen wird bei Verkaufsangeboten mit solchen Angaben geworben. Inwieweit nach dem Zustandekommen eines Kaufvertrags bei der Übergabe der Tiere Informationen und schriftliche Erklärungen ausgetauscht werden, konnte im Rahmen dieser Studie nicht festgestellt werden. Jedoch kann eine Abgabe an Personen, die im Umgang mit diesen Tieren ungeschult waren, über die Verkaufsplattformen im Internet oder auf Börsen für exotische Tiere nicht ausgeschlossen werden. Damit wird der Eintrag eines zoonotischen, eventuell bislang unbekanntes Pathogens mit einem exotischen Tier zur ungehinderten Verbreitung entlang der Handelsketten und damit potentiellen Gefährdung der öffentlichen Gesundheit in Kauf genommen (Fischer 2015; Chomel et al. 2009), von möglichen Verstößen gegen das Tierwohl, einem eventuell unsachgemäßen Umgang mit den Tieren und unter Umständen der Freilassung potentiell invasiver Arten ganz abgesehen.

8.3.2 Ermittlung der Kontaktnetzwerke im Hörnchenhandel

Die im Nachgang der Pilotstudien bereits geführten Interviews zeigten ein eng verwobenes Kontaktnetzwerk der von VSBV-1-Infektionen betroffenen wie auch der nicht betroffenen Privathaltungen von Schön- und Bunthörnchen (Tappe et al. 2019). Zudem gab es jedoch auch Nachweise von VSBV-1-positiven Tieren in Haltungen, bei denen kein Kontakt zu betroffenen Haltungen bekannt war. Daher wurden die Nachverfolgungen intensiviert. Gestützt durch die Ergebnisse der phylogenetischen Analysen (Cadar et al. 2021) konnten die wahrscheinlichen Transmissionsketten von VSBV-1-positiven Hörnchen von den Haltungen der Erstdetektion bis zu ihrem mutmaßlichen Ursprung zurückverfolgt werden. Somit konnte der wahrscheinliche Eintrag von VSBV-1 mit einem Prevost-Hörnchen und die vermutliche Herkunft des Virus aus Indonesien durch zwei unabhängige Analysen gezeigt werden.

Frühere Studien hatten VSBV-1 in exotischen Hörnchenarten der Unterfamilien Sciurinae und Callosciurinae identifiziert, wobei alle Arten die Charakteristika eines Reservoirwirts aufwiesen. Schlottau et al. (2017a) fanden die höchsten Prävalenzen

bei den aus Südostasien stammenden Prevost-Hörnchen (13,6 %), gefolgt von den aus Zentralamerika stammenden Bunthörnchen (3,0 %). Der Ursprung des Virus und der Weg seiner Einschleppung sowie der Verbreitung innerhalb der in Europa gehaltenen Populationen blieben jedoch unaufgeklärt.

Die im Rahmen des ZooBoCo-Verbundvorhabens primär am BNITM durchgeführte molekularbiologische und phylogenetische Analyse der verfügbaren Vollgenom-Sequenzen von VSBV-1-Isolaten (**Abbildung 27**) (Cadar et al. 2021) zeigte, dass alle derzeit bekannten VSBV-1-Genome genetisch sehr ähnlich sind. Ihr jüngster gemeinsamer Vorfahre entstand schätzungsweise 2003 (95 % CI: 1998 - 2007). Die auffallend starke genetische Homogenität deutet auf einen einmaligen Eintrag des Virus in die in Europa lebenden Hörnchenpopulationen hin. Die begrenzte Anzahl von verfügbaren Vollgenom-Sequenzen aus Deutschland und das Fehlen von VSBV-1-Daten aus den meisten anderen europäischen Ländern und anderen Kontinenten machten es jedoch unmöglich, auf das vollständige räumlich-zeitliche Muster der VSBV-1-Übertragung zu schließen.

Die parallel im Rahmen der vorliegenden Arbeit durchgeführte epidemiologische Analyse der Hörnchen-Handelsnetzwerke stützt die These, dass die Einschleppung mit einem importierten Prevost-Hörnchen erfolgte. Dies deutet auf einen möglichen südostasiatischen Ursprung von VSBV-1 hin. Gezielte Untersuchungen von wilden Hörnchenpopulationen und von humanen Fällen von Enzephalitiden unbekannter Ätiologie auf eine mögliche VSBV-1-Infektion sind in Südostasien derzeit im Gange, jedoch liegen noch keine Ergebnisse vor.

Allerdings kann nicht ausgeschlossen werden, dass die Prevost-Hörnchen nicht das ursprüngliche natürliche Reservoir darstellen, sondern wiederum durch eine andere gehaltene Hörnchenart infiziert wurden, entweder in einem nicht identifizierten Betrieb in Europa oder bereits vor der Einfuhr aus dem Herkunftsland. Darüber hinaus könnte das Virus einem einmaligen Eintrag aus einem unbekanntem endemischen Kleinsäuger-Reservoir entstammen. In neueren Studien konnte VSBV-1 jedoch weder in 77 wildlebenden Eurasischen Eichhörnchen aus Deutschland und dem Vereinigten Königreich noch in 35 bzw. 83 freilebenden Individuen von invasiven Populationen von Pallas-Hörnchen (*Callosciurus erythraeus*) und Östlichen Grauhörnchen (*Sciurus carolinensis*) in Italien bzw. dem Vereinigten Königreich nachgewiesen werden (Schulze et al. 2020b). Darüber hinaus wurden im Verlauf der Querschnittsstudien weder weitere betroffene Haltungen identifiziert, die nicht in Verbindung zu den bereits bekannten standen, noch weitere VSBV-1-infizierte Hörnchenarten gefunden.

In Erweiterung zuvor veröffentlichter Zwischenergebnisse der vorliegenden Arbeit durch Tappe et al. (2019) ergab sich nun ein breiterer Überblick über die komplexen Handelsverbindungen und Tiertransfers von Prevost- und Bunthörnchen, den beiden für die Verbreitung von VSBV-1 in Europa wichtigsten Arten. Neben weiteren Züchtern wurde der primäre Importeur beider Arten in Deutschland ausfindig gemacht. Er konnte eingehend zu seinem Handel mit Hörnchen in Zeit von den 1970er Jahren bis 2006 befragt werden, auch wenn leider keine Hörnchen mehr für eine Probenahme zur

Verfügung standen. Durch seine Auskünfte, die Angaben weiterer Halter*innen und nicht zuletzt durch die Aufzeichnungen im Zuchtbuch konnten nunmehr die Handelsbeziehungen zwischen privaten Züchtern und zoologischen Einrichtungen in Deutschland aufgedeckt werden, was zuvor nicht gelungen war (Tappe et al. 2019). Die Ergebnisse zeigen, dass in den zoologischen Einrichtungen überwiegend Prevost-Hörnchen gehalten wurden, während private Züchter*innen Bunt- und Prevost-Hörnchen zum Teil in unmittelbarer Nähe zueinander hielten. Dies führte zu einer erhöhten Wahrscheinlichkeit der VSBV-1-Übertragung von einer Art zur anderen. Betrachtet man die phylogenetischen Analysen und die Analyse der Handelsbeziehungen gemeinsam, scheint VSBV-1 in den 2000er Jahren von Prevost-Hörnchen auf Bunthörnchen übergesprungen zu sein. Dieser Übertrag könnte im Bestand F stattgefunden haben, in dem nach voneinander unabhängigen Aussagen mehrerer Züchterkollegen suboptimale Haltungsbedingungen herrschten. Von dort aus wurde VSBV-1 in mehrere Bestände mit Bunthörnchen eingeschleppt (**Abbildung 26**), so auch in die Bestände des initial entdeckten Clusters (Bestand A, B und C in **Abbildung 26**) in Sachsen-Anhalt (Hoffmann et al. 2015).

Die beiden berufsassoziierten tödlichen Enzephalitis-Fälle waren unabhängig voneinander im Abstand von sechs Jahren in demselben Tierpark (Zoo D) in Norddeutschland aufgetreten. Die jeweils als Infektionsquellen verdächtigten Prevost-Hörnchen stammten jedoch aus zwei unterschiedlichen Zoos. Das Prevost-Hörnchen, das im Verdacht stand, für die Spill-Over-Infektion des Falles D.1 aus dem Jahr 2007 verantwortlich zu sein, stammte direkt aus dem Zoo O. Es verstarb 2011, wodurch es keiner diagnostischen Untersuchung mehr unterzogen werden konnte; das Tier konnte aber als einzige mögliche Infektionsquelle für D.1 identifiziert werden. Das Individuum, von dem angenommen wird, dass es für die Übertragung auf Patientin D.2 aus dem Jahr 2013 verantwortlich ist, stammte aus dem Zoo P, aber seine (möglicherweise VSBV-1-infizierten) Vorfahren konnten über den Zoo K zum Zoo O zurückverfolgt werden (**Abbildung 28**).

Interessanterweise deuteten die Sequenzen der Isolate der beiden Prevost-Hörnchen aus Zoo J, die 2016 und 2019 identifiziert wurden, ebenfalls auf zwei unabhängige Viruseinträge hin. Auch dies kann anhand der Handelsanalysen nachvollzogen werden, da der Zoo J Tiere aus mindestens drei Quellen mit bestätigten oder vermuteten VSBV-1-Infektionen erhielt (Zoo L, Bestände E und R, **Abbildung 29**).

Bemerkenswert ist, dass der Eigentümer des Bestands X und alle 52 Zootierpfleger*innen aus betroffenen Zoos, die an der Studie des BNITM teilgenommen haben, negativ auf Bornavirus-reaktive Antikörper getestet wurden. Die einzige bisher nachgewiesene lebende seropositive Person ist Züchter E, der eine vorübergehende neurologische Episode hatte und als "wahrscheinlicher Fall" eingestuft wurde (Tappe et al. 2019). Das Auffinden der geringen Anzahl von seropositiven Menschen unter insgesamt 24 untersuchten privaten Halter*innen bzw. deren Angehörigen und 52 Zootierpfleger*innen lässt auf eine geringe Infektiosität bei gleichzeitig hoher Letalität von VSBV-1-Infektionen schließen. Jedoch scheint die

Reproduktionsrate der Infektion sowohl in Bezug auf die Zirkulation im Reservoir als auch hinsichtlich der Übertragung auf den Menschen gering zu sein.

Da sich die Daten zu den Handelskontakten teilweise nur auf die Erinnerungen der Halter*innen oder ihren Angehörigen stützen, können sie fehlerbehaftet sein. Durch die Kreuzvalidierung der Aussagen bei den entsprechenden Handelspartner*innen wurde versucht, diesen Fehler zu minimieren. Durch die Daten des Zuchtbuchs und die akkurate Buchführung einiger Züchter*innen und der Zoos kann von einer hohen Zuverlässigkeit ausgegangen werden, insbesondere, was die fragmentarischen Subnetzwerke auf Individuenebene (**Abbildung 28**) angeht.

Ein Bestand (Bestand R), entzog sich leider der Mitarbeit bei den Nachverfolgungsuntersuchungen. Der Besitzer war zu keinem Gespräch bereit und gab an, keine Hörnchen mehr zu halten. Auskünfte zu seiner Haltung und seinen Handelsbeziehungen wollte er nicht erteilen. Dies zeigte, dass unter Umständen noch VSBV-1-positive Tiere im Umlauf sein können. Falls der Besitzer des Bestandes R die Tiere übereilt abgeben wollte, erscheint es möglich, dass er sie in ungeschulte Hände abgegeben hat, die sich der möglichen Gefahr einer VSBV-1-Infektion unter Umständen nicht bewusst sind. Zum anderen verdeutlichte seine Weigerung, an der Aufklärung des Infektionsgeschehens mitzuarbeiten, dass die zuständigen Behörden durch die Einführung einer verpflichtenden Überwachung der Haltung und des Handels von Hörnchen bzw. anderen exotischen Haustieren eine wertvolle Datengrundlage für valide Nachverfolgungsermittlungen erhalten könnten. Die Behörden müssten sich dann nicht mehr nur auf die freiwilligen Auskünfte der involvierten Parteien und deren Erinnerungsvermögen stützen.

8.4 Schlussfolgerungen

Landwirtschaftliche Nutztieren und andere traditionelle Haustiere können im Hinblick auf Infektionskrankheiten und Zoonosen anhand etablierter und bewährter Systeme und mit Hilfe existierender Datenbanken (z. B. das Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere), mit klar geregelten Zuständigkeiten (z. B. Veterinärämter, Untersuchungseinrichtungen der Länder, Referenzlaboratorien) und mit einem geregelten Informationsfluss zwischen den Beteiligten (z. B. Tierseuchen-Nachrichten-System) kontinuierlich überwacht werden. Sofern der Krankheitserreger neu ist, die Population jedoch gut bekannt und adressierbar, lassen sich neue Untersuchungen zügig einleiten und das Infektionsgeschehen ggf. eindämmen. Beim Auftreten von bislang unbekanntem neuartigen Pathogenen in nicht erfassten Populationen, wie im Beispiel von VSBV-1, trifft der Erreger nicht nur auf eine unter Umständen immunologisch naive Population, sondern es fehlt auch die Datengrundlage, um die Situation zuverlässig einzuschätzen und die potenziell betroffenen Tierhaltungen zu überwachen.

Mit der vorliegenden Arbeit wurde der Einblick in eine Nische der vielfältigen Tier-Mensch-Schnittstellen, die Hörnchenhaltung und -zucht in Deutschland, erweitert. Die dabei auftretenden Schwierigkeiten in der Erreichbarkeit der betreffenden

Personengruppen machten deutlich, dass eine zügige Untersuchung und Eindämmung eines Pathogens erheblich erschwert werden kann. Der Mangel an Daten, nicht nur zu Hörnchenhaltungen, sondern auch bezüglich des Besitzes der meisten exotischen Haustiere, ist sowohl im deutschen System als auch dem anderer Länder der Welt inhärent. Die Vorstöße in die Community von Halter*innen und Verkäufer*innen exotischer Haustiere offenbarten das Ausmaß von gehandelten und gehaltenen Arten, die jeweils ihr eigenes Mikrobiom beheimaten. Dass mit solchen Tieren möglicherweise ein zoonotisches Pathogen in die gehaltene Population eingetragen wird, ist vermutlich nur eine Frage der Zeit.

Der hier beschriebene Ansatz zur Identifikation und Information der Risikopopulation bei gleichzeitiger Integration in den Forschungsprozess kann als Vorlage für den Umgang mit neu auftretenden Krankheiten bei exotischen Tieren dienen, um die Erhebung von epidemiologischen Kenngrößen und Expositionswahrscheinlichkeiten zügig einzuleiten und Maßnahmen zur Seuchenprävention kommunizieren zu können.

Mit der Einführung eines allgemeinen, einheitlichen Registrierungssystems für exotische Haustiere könnte die Überwachung erheblich erleichtert werden. Aus einer gesundheitspolitischen Perspektive ist es dringend erforderlich, den Handel mit und den Besitz von exotischen Haustieren stärker zu überwachen, um den potentiellen Eintrag von EID und die Exposition gegenüber EID im Allgemeinen zu verhindern (Reaser, Clark, & Meyers, 2008) und die Resilienz des Systems zur Überwachung der Öffentlichen Gesundheit zu erhöhen.

Im Falle von VSBV-1 deuten die beobachtete niedrige Prävalenz innerhalb der Subpopulationen und die vermutlich niedrige Reproduktionsrate einer Infektion auf einen kontrollierbaren und begrenzten Ausbruch hin. Zwar konnte eine Absenkung der Prävalenz des Virus im gesamten Untersuchungszeitraum beobachtet werden, jedoch ist nicht auszuschließen, dass gerade die Züchter*innen mit Kontakt zu bekanntermaßen betroffenen Haltungen aus Furcht vor behördlichen Maßnahmen nicht an der Studie teilnahmen. Somit ist weiterhin eine regelmäßige halbjährliche oder jährliche Untersuchung mindestens aller der Arten zu empfehlen, die sich im Untersuchungszeitraum als empfänglich erwiesen haben.

In Anbetracht der hohen Letalität menschlicher VSBV-1-Infektionen ist auch die gründliche Überwachung des Hörnchenhandels für die Risikominimierung essentiell. Diejenigen, die ihre Tiere unter Umständen in unerfahrene Hände abgeben, sollten sich dafür mitverantwortlich fühlen, vermeidbare Gesundheitsrisiken zu reduzieren oder auszuschließen, auch wenn es hierzu keine ausreichenden rechtlichen Anforderungen gibt, die sich behördlich durchsetzen lassen. Hierbei sind unbedingt die in ganz Europa gehaltenen Prevost-Schönhörnchen und Bunthörnchen zu betonen, da das Virus vermutlich seit 1997 bzw. 2005 in diesen Populationen vorhanden ist. Da die Zahl der vorhandenen Individuen in Europa begrenzt ist und Zuchten daher mit einem regen Tieraustausch verbunden sind, wie auch die Handelsanalyse gezeigt hat, kann eine weitere Verschleppung des Virus in andere Haltungen nicht ausgeschlossen werden. Die unbekanntes Zeitspanne von der Infektion mit VSBV-1 bis zur Vermehrung

in den peripheren Organen und Ausscheidung infektiöser Viruspartikel hat zur Folge, dass auch von bereits ein- oder mehrfach negativ getesteten Subpopulationen ein gewisses Infektionsrisiko ausgehen kann. Gehandelte Hörnchen sollten nur mit einem Testergebnis abgegeben werden, das nicht älter als sechs Monate ist. Auch nach Ankunft in der neuen Haltung sollten sie vorerst quarantänisiert und erst bei gesichertem negativen VSBV-1-Status in die bestehende Haltung oder Zucht integriert werden. In der vorgeschlagenen Quarantäneperiode von drei Monaten sollte der direkte Kontakt zu Menschen weitestgehend beschränkt werden, um das eventuell bestehende Übertragungsrisiko zu minimieren.

Generell gilt, dass mit dem Handel von exotischen Heimtieren die Verbreitung exotischer Krankheitserreger in neue Umgebungen gefördert wird, in denen Kontakt mit eventuell empfänglichen neuen Wirten möglich ist. Am Beispiel von VSBV-1 wurde deutlich, dass eine behördliche Überwachung des Handels mit Hörnchen eine enorme Erleichterung bezüglich der Nachverfolgungsermittlungen und damit der Eindämmung eines Infektionsgeschehens mit sich bringen würde.

9 Zusammenfassung

Zur Epidemiologie des Bunthörnchen-Bornavirus 1 in Hörnchenhaltungen in Deutschland und Europa

Mit der vorliegenden Arbeit wurde der Überblick bezüglich der Struktur und des Netzwerks der Hörnchenhaltung und -zucht in Deutschland, einer von vielen Nischen bei Tier-Mensch-Schnittstellen, erweitert. Dazu wurden Register für in Zoos und Privathaushalten gehaltene Hörnchen erstellt. Die hierbei auftretenden Schwierigkeiten bezüglich der Erreichbarkeit der betreffenden Personengruppen machten deutlich, dass eine zügige Untersuchung und die Eindämmung eines Infektionsgeschehens erheblich erschwert war. Der Mangel an Daten nicht nur zu Hörnchenhaltungen, sondern auch bezüglich des Besitzes der meisten exotischen Haustiere, ist sowohl im deutschen System als auch dem anderer Länder der Welt inhärent. Die Interaktion mit der Community von Halter*innen und Verkäufer*innen exotischer Haustiere offenbarten das Ausmaß von gehandelten und gehaltenen Arten. Der beschriebene Ansatz kann als Vorlage für die epidemiologische Aufarbeitung neu auftretender Krankheiten bei exotischen Tieren dienen.

In auf den Registern aufbauenden Querschnittsstudien wurde für die Hörnchenpopulation in Privathaushalten und die Hörnchenpopulation in Zoos die Prävalenz von Subpopulationen geschätzt, in denen mindestens ein Individuum VSBV-1-infiziert war. Hierzu wurden Maultupfer oder Kotproben von 58 private bzw. 53 zoologische Subpopulationen mittels RT-qPCR auf das Vorhandensein von VSBV-1-spezifischer RNA untersucht. Dabei ergab sich eine VSBV-1-Prävalenz von 0 % (95 % CI 0 – 6,2 %) in privaten Subpopulationen und von 1,9 % (95 % CI 0 – 9,9 %) in Zoo-Subpopulationen. Für die Studienteilnahme wurde über eine Vielzahl von Hörnchen-spezifischen Medien geworben, wodurch innerhalb der Risikopopulation der Hörnchenhalter*innen und -pfleger*innen das Bewusstsein für die potentielle Infektionsgefahr durch ungetestete Hörnchen erhöht werden konnte.

Durch Intensivierung der Nachverfolgungsermittlungen in von VSBV-1 betroffenen Hörnchenhaltungen, -subpopulationen und Individuen konnte ein Handelsnetzwerk rekonstruiert werden. Gestützt durch phylogenetische Analysen des Genoms von VSBV-1-Isolaten konnte gezeigt werden, dass das VSBV-1-Geschehen in Deutschland vermutlich auf einen einmaligen Eintrag von VSBV-1 mit einem Prevost-Hörnchen zurückgeht, das Ende der 1990er aus seinem Herkunftsland Indonesien importiert wurde. Von der Haltung des Importeurs wurde das Virus über gehandelte Tiere in Zoos und weitere private Haltungen verbreitet. In einer dieser Haltungen wurde VSBV-1 auf Bunthörnchen übertragen. Somit können sich die zukünftigen Untersuchungen zum Erregerursprung und Wildtierreservoir auf den südostasiatischen Raum konzentrieren.

10 Summary

On the Epidemiology of the Variegated Squirrel Bornavirus 1 in captive squirrels in Germany and Europe

The presented work increases the insight into squirrel husbandry in Germany. Registers for squirrels kept in zoos and private households were created. The difficulties in reaching the population at risk disclosed that the rapid examination and containment of a disease is considerably hampered. The lack of data, not only on squirrel husbandry but also on the ownership of most other exotic pets, is inherent in the German system as well as in that of other countries around the world. Interacting with the community of owners and sellers of exotic pets revealed the extent of traded and kept species. The described approach may serve as a blueprint for the epidemiological investigation of emerging diseases in exotic animals.

In cross-sectional studies based on the registers for the squirrel population in private households and the squirrel population in zoos, the prevalence of subpopulations was estimated, in which at least one individual was infected with VSBV-1. To this end, oral swabs or fecal samples from 58 private and 53 zoological subpopulations were analyzed by RT-qPCR for the presence of VSBV-1-specific RNA. This resulted in a prevalence of 0 % (95 % CI 0 - 6.2 %) of VSBV-1 in private subpopulations and 1.9 % (95 % CI 0 - 9.9 %) in zoo subpopulations. Participation in the study was advertised through a variety of squirrel-specific media, thus raising awareness for the potential risk of infection in untested squirrels within the population at risk, e.g. squirrel owners and animal caretakers.

By intensifying the follow-up investigations of VSBV-1 affected squirrel holdings, subpopulations and individuals, a trade network could be reconstructed. Supported by phylogenetic analyses, the network pointed to a single entry of VSBV-1 with a Prevost squirrel imported from its country of origin, Indonesia, in the late 1990s. From the importer's husbandry, the virus spread via traded animals to zoos and other private holdings. In one of these holdings, VSBV-1 was transmitted to variegated squirrels. Future research regarding the origin and natural reservoir of VSBV-1 may thus focus on the Southeast-Asian region.

11 Literaturverzeichnis

- Ajzen, I, & Fishbein, M (1980):
Understanding attitudes and predicting social behavior
Revised Edition, Prentice-Hall, Upper Saddle River, NJ, United States:
Pearson - ISBN: 978-0139364358.
- Allendorf, V, Schlottau, K, Hoffmann, D, Schulze, V, Höper, D, Ulrich, RG, Hoffmann, B, Homeier-Bachmann, T, Beer, M, & Conraths, FJ (2017):
Neues Forschungsprojekt zum Bunthörnchen-Bornavirus 1.
Rodentia - Kleinsäuger-Fachmagazin, Jahrgang 17(3), 41-43.
- Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Ulrich, RG, Schlottau, K, Schulze, V, Hoffmann, D, Beer, M, & Homeier-Bachmann, T (2018):
Bornaviren in exotischen Hörnchen und Spitzmäusen - eine neue Gefahr für den Menschen.
Eliomys, 3/2018, 20-24.
- Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Frank, C, Hoffmann, D, Conraths, FJ, Beer, M, & Homeier-Bachmann, T (2021):
Assessing the occurrence of the novel zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 in captive squirrels in Germany – a prevalence study.
Zoonoses Public Health, 68, 110-120
doi:10.1111/zph.12801
- Amarasinghe, GK, Bao, Y, Basler, CF, Bavari, S, Beer, M, Bejerman, N, Blasdell, KR, Bochnowski, A, Briese, T, Bukreyev, A, Calisher, CH, Chandran, K, Collins, PL, Dietzgen, RG, Dolnik, O, Durrwald, R, Dye, JM, Easton, AJ, Ebihara, H, Fang, Q, Formenty, P, Fouchier, RAM, Ghedin, E, Harding, RM, Hewson, R, Higgins, CM, Hong, J, Horie, M, James, AP, Jiang, D, Kobinger, GP, Kondo, H, Kurath, G, Lamb, RA, Lee, B, Leroy, EM, Li, M, Maisner, A, Muhlberger, E, Netesov, SV, Nowotny, N, Patterson, JL, Payne, SL, Paweska, JT, Pearson, MN, Randall, RE, Revill, PA, Rima, BK, Rota, P, Rubbenstroth, D, Schwemmler, M, Smither, SJ, Song, Q, Stone, DM, Takada, A, Terregino, C, Tesh, RB, Tomonaga, K, Tordo, N, Towner, JS, Vasilakis, N, Volchkov, VE, Wahl-Jensen, V, Walker, PJ, Wang, B, Wang, D, Wang, F, Wang, LF, Werren, JH, Whitfield, AE, Yan, Z, Ye, G, & Kuhn, JH (2017):
Taxonomy of the order Mononegavirales: update 2017.
Arch Virol, 162, 2493-2504
doi:10.1007/s00705-017-3311-7
- Amarasinghe, GK, Arechiga Ceballos, NG, Banyard, AC, Basler, CF, Bavari, S, Bennett, AJ, Blasdell, KR, Briese, T, Bukreyev, A, Cai, Y, Calisher, CH, Campos Lawson, C, Chandran, K, Chapman, CA, Chiu, CY, Choi, KS, Collins, PL, Dietzgen, RG, Dolja, VV, Dolnik, O, Domier, LL, Durrwald, R, Dye, JM, Easton, AJ, Ebihara, H, Echevarria, JE, Fooks, AR, Formenty, PBH, Fouchier, RAM, Freuling, CM, Ghedin, E, Goldberg, TL, Hewson, R, Horie, M, Hyndman, TH, Jiang, D, Kityo, R, Kobinger, GP, Kondo, H, Koonin, EV, Krupovic, M, Kurath, G, Lamb, RA, Lee, B, Leroy, EM, Maes, P, Maisner, A, Marston, DA, Mor, SK,

- Muller, T, Muhlberger, E, Ramirez, VMN, Netesov, SV, Ng, TFF, Nowotny, N, Palacios, G, Patterson, JL, Paweska, JT, Payne, SL, Prieto, K, Rima, BK, Rota, P, Rubbenstroth, D, Schwemmle, M, Siddell, S, Smither, SJ, Song, Q, Song, T, Stenglein, MD, Stone, DM, Takada, A, Tesh, RB, Thomazelli, LM, Tomonaga, K, Tordo, N, Towner, JS, Vasilakis, N, Vazquez-Moron, S, Verdugo, C, Volchkov, VE, Wahl, V, Walker, PJ, Wang, D, Wang, LF, Wellehan, JFX, Wiley, MR, Whitfield, AE, Wolf, YI, Ye, G, Zhang, YZ, & Kuhn, JH (2018):
Taxonomy of the order Mononegavirales: update 2018.
Arch Virol, 163, 2283-2294
doi:10.1007/s00705-018-3814-x
- Amarasinghe, GK, Ayllon, MA, Bao, Y, Basler, CF, Bavari, S, Blasdel, KR, Briese, T, Brown, PA, Bukreyev, A, Balkema-Buschmann, A, Buchholz, UJ, Chabi-Jesus, C, Chandran, K, Chiapponi, C, Crozier, I, de Swart, RL, Dietzgen, RG, Dolnik, O, Drexler, JF, Durrwald, R, Dundon, WG, Duprex, WP, Dye, JM, Easton, AJ, Fooks, AR, Formenty, PBH, Fouchier, RAM, Freitas-Astua, J, Griffiths, A, Hewson, R, Horie, M, Hyndman, TH, Jiang, D, Kitajima, EW, Kobinger, GP, Kondo, H, Kurath, G, Kuzmin, IV, Lamb, RA, Lavazza, A, Lee, B, Lelli, D, Leroy, EM, Li, J, Maes, P, Marzano, SL, Moreno, A, Muhlberger, E, Netesov, SV, Nowotny, N, Nylund, A, Okland, AL, Palacios, G, Palyi, B, Paweska, JT, Payne, SL, Prospero, A, Ramos-Gonzalez, PL, Rima, BK, Rota, P, Rubbenstroth, D, Shi, M, Simmonds, P, Smither, SJ, Sozzi, E, Spann, K, Stenglein, MD, Stone, DM, Takada, A, Tesh, RB, Tomonaga, K, Tordo, N, Towner, JS, van den Hoogen, B, Vasilakis, N, Wahl, V, Walker, PJ, Wang, LF, Whitfield, AE, Williams, JV, Zerbini, FM, Zhang, T, Zhang, YZ, & Kuhn, JH (2019):
Taxonomy of the order Mononegavirales: update 2019.
Arch Virol, 164, 1967-1980
doi:10.1007/s00705-019-04247-4
- Arbeitskreis Blut des Bundesministeriums für Gesundheit (2019):
Bornavirus.
Bundesgesundheitsbl, 62, 519–532
doi:10.1007/s00103-019-02904-2
- Atteslander, PM (2010):
Methoden der empirischen Sozialforschung
13., neu bearbeitete und erweiterte Auflage, Berlin: Erich Schmidt Verlag -
ISBN: 978-3-503-12618 7.
- Becker, C, Kurth, A, Hessler, F, Kramp, H, Gokel, M, Hoffmann, R, Kuczka, A, & Nitsche, A (2009):
Cowpox virus infection in pet rat owners: not always immediately recognized.
Dtsch Arztebl Int, 106, 329-334
doi:10.3238/arztebl.2009.0329
- Beißwenger, A (2008):
Streifenhörnchen
4. Edition, München: Graefe und Unzer Verlag - ISBN: 978-3833801839.
- Bernard, SM, & Anderson, SA (2006):

- Qualitative Assessment of Risk for Monkeypox Associated with Domestic Trade in Certain Animal Species, United States.
Emerging Infect Dis, 12, 1827
doi:10.3201/eid1212.060454
- Bertolino, S, & Lurz, PWW (2013):
Callosciurus squirrels: worldwide introductions, ecological impacts and recommendations to prevent the establishment of new invasive populations.
Mamm Rev, 43, 22-33
doi:10.1111/j.1365-2907.2011.00204.x
- Best, TL (1995):
Sciurus variegatoides.
Mamm Species1-6
doi:10.2307/3504282
- Bethlehem, J (2010):
Selection Bias in Web Surveys.
Int Stat Rev, 78, 161-188
doi:10.1111/j.1751-5823.2010.00112.x
- Bode, L, Reckwald, P, Severus, WE, Stoyloff, R, Ferszt, R, Dietrich, DE, & Ludwig, H (2001):
Borna disease virus-specific circulating immune complexes, antigenemia, and free antibodies--the key marker triplet determining infection and prevailing in severe mood disorders.
Mol Psychiatry, 6, 481-491
doi:10.1038/sj.mp.4000909
- Bourg, M, Herzog, S, Encarnacao, JA, Nobach, D, Lange-Herbst, H, Eickmann, M, & Herden, C (2013):
Bicolored white-toothed shrews as reservoir for borna disease virus, Bavaria, Germany.
Emerging Infect Dis, 19, 2064-2066
doi:10.3201/eid1912.131076
- Briese, T, Schneemann, A, Lewis, AJ, Park, YS, Kim, S, Ludwig, H, & Lipkin, WI (1994):
Genomic organization of Borna disease virus.
Proc Natl Acad Sci U S A, 91, 4362-4366
doi:10.1073/pnas.91.10.4362
- Bush, ER, Baker, SE, & Macdonald, DW (2014):
Global Trade in Exotic Pets 2006–2012.
Conserv Biol, 28, 663-676
doi:10.1111/cobi.12240
- Cadar, D, Allendorf, V, Schulze, V, Ulrich, RG, Schlottau, K, Ebinger, A, Hoffmann, B, Hoffmann, D, Rubbenstroth, D, Ismer, G, Kibbey, C, Marthaler, A, Rissland, J, Leypoldt, F, Stangel, M, Schmidt-Chanasit, J, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T, & Tappe, D (2021):

- Introduction and spread of variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) between exotic squirrels and spill-over infections to humans in Germany.
Emerg Microbes Infect, 10, 602-611
doi:10.1080/22221751.2021.1902752
- Cameron, A (1999):
Survey Toolbox for Livestock Diseases: A Practical Manual and Software Package for Active Surveillance in Developing Countries
United States, North America: Australian Centre for International Agricultural Research - ISBN: 978-1863202343.
- Cassola, F (2016):
Callosciurus prevostii.
The IUCN Red List of Threatened Species 2016
doi:T3603A22253650
- Charlier, CM, Debaisieux, S, Foret, C, Thouard, A, Schiavo, G, Gonzalez-Dunia, D, & Malnou, CE (2016):
Neuronal retrograde transport of Borna disease virus occurs in signalling endosomes.
J Gen Virol, 97, 3215-3224
doi:10.1099/jgv.0.000652
- Check, E (2004):
Health concerns prompt US review of exotic-pet trade.
Nature, 427, 277
doi:10.1038/427277a
- Chomel, BB, Belotto, A, & Meslin, F-X (2007):
Wildlife, exotic pets, and emerging zoonoses.
Emerging Infect Dis, 13, 6-11
doi:10.3201/eid1301.060480
- Chomel, BB, & Marano, N (2009):
Essential veterinary education in emerging infections, modes of introduction of exotic animals, zoonotic diseases, bioterrorism, implications for human and animal health and disease manifestation.
Rev Sci Tech, 28, 559-565
doi:10.20506/rst.28.2.1892
- Cialdini, RB (1984):
The triggers of influence.
Psychology Today, 18, 40.
- Clopper, CJ, & Pearson, ES (1934):
The Use of Confidence or Fiducial Limits Illustrated in the Case of the Binomial.
Biometrika, 26, 404-413
doi:10.2307/2331986
- Cochran, WG (1977):
Sampling techniques
3. Edition: Wiley - ISBN: 047116240X.

- Conraths, FJ, Sauter-Louis, C, Globig, A, Dietze, K, Pannwitz, G, Albrecht, K, Horeth-Bontgen, D, Beer, M, Staubach, C, & Homeier-Bachmann, T (2016): Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in Germany: Outbreak Investigations. *Transbound Emerg Dis*, 63, 10-13
doi:10.1111/tbed.12443
- Cubitt, B, Oldstone, C, Valcarcel, J, & Carlos de la Torre, J (1994): RNA splicing contributes to the generation of mature mRNAs of Borna disease virus, a non-segmented negative strand RNA virus. *Virus Res*, 34, 69-79
doi:10.1016/0168-1702(94)90120-1
- Cunningham, AA, Daszak, P, & Wood, JLN (2017): One Health, emerging infectious diseases and wildlife: two decades of progress? *Philos T R Soc B*, 372,
doi:10.1098/rstb.2016.0167
- Daszak, P, Cunningham, AA, & Hyatt, AD (2000): Emerging infectious diseases of wildlife: threats to biodiversity and human health. *Science*, 5452, pp. 443-449
doi:10.1126/science.287.5452.443
- Dedimed GmbH, & Labor, E (2020): BORNA-VIRUS-DIAGNOSTIK
Abgerufen am: 12.11.2020 von <https://dedimed.com/borna-virus/>
- Diepgen, TL (2008): Grundwissen Epidemiologie, medizinische Biometrie und medizinische Informatik
1. Auflage, Bern: Huber - ISBN: 978-3-456-84180-9.
- Dietrich, DE, Bode, L, Spannhuth, CW, Hecker, H, Ludwig, H, & Emrich, HM (2020): Antiviral treatment perspective against Borna disease virus 1 infection in major depression: a double-blind placebo-controlled randomized clinical trial. *BMC Pharmacol Toxicol*, 21, 12
doi:10.1186/s40360-020-0391-x
- Dillman, DA, Smyth, JD, & Christian, LM (2014): Internet, Phone, Mail and Mixed-Mode Surveys: The Tailored Design Method 4th Edition, Hoboken, New Jersey: John Wiley & Sons, Inc. - ISBN: 978-1-118-45614-9.
- Dohoo, I, Martin, W, & Stryhn, H (2010): Veterinary epidemiologic research 2nd Print., Charlottetown, Prince Edward Island, Canada: VER Inc. - ISBN: 9780919013605.
- Drummond, AJ, Suchard, MA, Xie, D, & Rambaut, A (2012): Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Mol Biol Evol*, 29, 1969-1973
doi:10.1093/molbev/mss075

- Duckworth, JW (2017a):
Callosciurus finlaysonii.
The IUCN Red List of Threatened Species, 2017,
doi:T3596A22254494
- Duckworth, JW (2017b):
Tamiops swinhoei.
The IUCN Red List of Threatened Species, 2017,
doi:T21382A22252396
- Durrwald, R, & Ludwig, H (1997):
Borna disease virus (BDV), a (zoonotic?) worldwide pathogen. A review of the
history of the disease and the virus infection with comprehensive bibliography.
Zentralbl Veterinarmed B, 44, 147-184
doi:10.1111/j.1439-0450.1997.tb00962.x
- Durrwald, R, Kolodziejek, J, Herzog, S, & Nowotny, N (2007):
Meta-analysis of putative human bornavirus sequences fails to provide
evidence implicating Borna disease virus in mental illness.
Rev Med Virol, 17, 181-203
doi:10.1002/rmv.530
- Ehrlich, C (2004):
Präriehunde: Biologie, Haltung, Zucht
1. Edition, Münster: Natur und Tier - Verlag - ISBN: 978-3931587970.
- Erhard, M (2017):
Haltung exotischer Tiere und Wildtiere in Privathand: Situationsanalyse,
Bewertung und Handlungsbedarf insbesondere unter Tierschutzaspekten
(Zwischenbericht)
München. Abgerufen am: 10.11.2017 von
https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=56943&site_key=141&stichw=2815HS001&zeilenzahl_zaeher=1#newContent
- Erhard, M (2018):
Abschlussbericht über den Verlauf und das Ergebnis der Forschungsarbeiten
im Rahmen der EXOPET-Studie - (exotische) Säugetiere, Wildsäugetiere und
Zierfische
München. Abgerufen am: 03.09.2020 von
https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=56943&site_key=141&stichw=2815HS001&zeilenzahl_zaeher=1#newContent
- Eysenbach, G (2004):
Improving the Quality of Web Surveys: The Checklist for Reporting Results of
Internet E-Surveys (CHERRIES).
J Med Internet Res, 6, e34
doi:10.2196/jmir.6.3.e34
- Ferguson, NM, Donnelly, CA, & Anderson, RM (2001):
Transmission intensity and impact of control policies on the foot and mouth
epidemic in Great Britain.
Nature, 413, 542-548

- doi:10.1038/35097116
- Fink, A (2003):
The survey handbook
2nd Edition, Thousand Oaks: SAGE Publications - ISBN: 978-0-7619-2510-1.
- Fischer, AC, Bartsch, F., Altherr, S., (2015):
Endstation Wohnzimmer - Exotische Säugetiere als Haustiere
München. Abgerufen am: 09.09.2017 von https://www.prowildlife.de/wp-content/uploads/2016/02/Endstation_Wohnzimmer_Exotische_Saeuger_2015.pdf
- Friedrich-Loeffler-Institut (2019):
Steckbrief des Bunthörnchen-Bornavirus 1 (Variegated squirrel bornavirus 1, VSBV 1)
Greifswald - Insel Riems. Abgerufen am: 09.01.2020 von https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00020244/Steckbrief_VSBV-1_20190212.pdf
- Gabrisch, K, Zwart, P, Fehr, M, & Baumgartner, R (2005):
Krankheiten der Heimtiere
6., vollständig überarbeitete Auflage, Hannover: Schlütersche Mediengruppe - ISBN: 389993010X.
- Graf, R, Pfleiderer, J, Fritsche, M, Schmidt, J, Mantei, R, Peter, SP, & Spangenberg, F (2017):
Zootierliste (open source data base).
Abgerufen am: 01.-17.12.2017 von <https://www.zootierliste.de/>
- Guarner, J, Johnson, BJ, Paddock, CD, Shieh, W-J, Goldsmith, CS, Reynolds, MG, Damon, IK, Regnery, RL, Zaki, SR, & Veterinary Monkeypox Virus Working, G (2004):
Monkeypox transmission and pathogenesis in prairie dogs.
Emerging Infect Dis, 10, 426-431
doi:10.3201/eid1003.030878
- Harrison, JR, Roberts, DL, & Hernandez-Castro, J (2016):
Assessing the extent and nature of wildlife trade on the dark web.
Conserv Biol, 30, 900-904
doi:10.1111/cobi.12707
- Hastie, J (2018):
Disrupt: Wildlife Cybercrime
Hamburg. Abgerufen am: 09.11.2020 von <https://www.ifaw.org/uk/resources/disrupt-wildlife-cybercrime>
- Hatalski, CG, Hickey, WF, & Lipkin, WI (1998):
Evolution of the immune response in the central nervous system following infection with Borna disease virus.
J Neuroimmunol, 90, 137-142
doi:10.1016/s0165-5728(98)00076-9
- Heaney, LR (1978):

- Island Area and Body Size of Insular Mammals: Evidence from the Tri-Colored Squirrel (*Callosciurus prevosti*) of Southeast Asia.
Evolution, 32, 29
doi:10.2307/2407408
- Heaney, LR, & Thorington, RWJ (1978):
Ecology of Neotropical Red-Tailed Squirrels, *Sciurus granatensis*, in the Panama Canal Zone.
J Mammal, 59, 846
doi:10.2307/1380149
- Hilbe, M, Herrsche, R, Kolodziejek, J, Nowotny, N, Zlinszky, K, & Ehrensperger, F (2006):
Shrews as Reservoir Hosts of Borna Disease Virus.
Emerging Infect Dis, 12, 675-677
doi:10.3201/eid1204.051418
- Hoffmann, B, Depner, K, Schirrmeier, H, & Beer, M (2006):
A universal heterologous internal control system for duplex real-time RT-PCR assays used in a detection system for pestiviruses.
J Virol Methods, 136, 200-209
doi:10.1016/j.jviromet.2006.05.020
- Hoffmann, B, Tappe, D, Hoper, D, Herden, C, Boldt, A, Mawrin, C, Niederstrasser, O, Muller, T, Jenckel, M, van der Grinten, E, Lutter, C, Abendroth, B, Teifke, JP, Cadar, D, Schmidt-Chanasit, J, Ulrich, RG, & Beer, M (2015):
A Variegated Squirrel Bornavirus Associated with Fatal Human Encephalitis.
N Engl J Med, 373, 154-162
doi:10.1056/NEJMoa1415627
- Honda, T, & Tomonaga, K (2013):
Nucleocytoplasmic shuttling of viral proteins in borna disease virus infection.
Viruses, 5, 1978-1990
doi:10.3390/v5081978
- Horvitz, DG, & Thompson, DJ (1952):
A Generalization of Sampling Without Replacement from a Finite Universe.
J Am Stat Assoc, 47, 663-685
doi:10.1080/01621459.1952.10483446
- IUCN Species Survival Commission (2014):
Guidelines on the Use of Ex Situ Management for Species Conservation
Gland, Switzerland. Abgerufen am: 12.09.2020 von
<https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/2014-064.pdf>
- Jones, KE, Patel, NG, Levy, MA, Storeygard, A, Balk, D, Gittleman, JL, & Daszak, P (2008):
Global trends in emerging infectious diseases.
Nature, 451, 990-993
doi:10.1038/nature06536
- Karesh, WB, Cook, RA, Gilbert, M, & Newcomb, J (2007):

- Implications of wildlife trade on the movement of avian influenza and other infectious diseases.
J Wildl Dis, 43, S55-S59
- Keiding, N, & Louis, TA (2018):
Web-Based Enrollment and Other Types of Self-Selection in Surveys and Studies: Consequences for Generalizability.
Annu Rev Stat Appl, 5, 25-47
doi:10.1146/annurev-statistics-031017-100127
- Kelly, H, Riddell, MA, Gidding, HF, Nolan, T, & Gilbert, GL (2002):
A random cluster survey and a convenience sample give comparable estimates of immunity to vaccine preventable diseases in children of school age in Victoria, Australia.
Vaccine, 20, 3130-3136
doi:10.1016/S0264-410X(02)00255-4
- Kibbey, C (2018):
European Monitoring Studbook for Prevost's squirrels (*Callosciurus prevostii*)
Burford, Oxfordshire, UK. personal correspondence
- Kinnunen, PM, Palva, A, Vaheri, A, & Vapalahti, O (2013):
Epidemiology and host spectrum of Borna disease virus infections.
J Gen Virol, 94, 247-262
doi:10.1099/vir.0.046961-0
- Korn, K, Coras, R, Bobinger, T, Herzog, SM, Lücking, H, Stöhr, R, Huttner, HB, Hartmann, A, & Ensser, A (2018):
Fatal Encephalitis Associated with Borna Disease Virus 1.
N Engl J Med, 379, 1375-1377
doi:10.1056/NEJMc1800724
- Krautwald-Junghanns, M-E (2018):
Haltung exotischer Tiere und Wildtiere in Privathand: Situationsanalyse, Bewertung und Handlungsbedarf insbesondere unter Tierschutzaspekten (Berichtszeitraum: 01.04.2017-30.04.2018)
Leipzig. Abgerufen am: 06.09.2020 von
https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=57204&site_key=141&stichw=15HS001&zeilenzahl_zaehler=2#newContent
- Kreienbrock, L, Pigeot, I, & Ahrens, W (2012):
Populationsbegriffe, Zufall und Bias
In: Epidemiologische Methoden/ 5. Auflage, S. 60ff): Springer Spektrum - ISBN: 9783827423337.
- Kuiken, T, Leighton, FA, Fouchier, RA, LeDuc, JW, Peiris, JS, Schudel, A, Stöhr, K, & Osterhaus, AD (2005):
Public health. Pathogen surveillance in animals.
Science, 309, 1680-1681
doi:10.1126/science.1113310
- Lavorgna, A (2014):

- Wildlife trafficking in the Internet age.
Crime Sci, 3, 5
doi:10.1186/s40163-014-0005-2
- Lavorgna, A (2015):
The Social Organization of Pet Trafficking in Cyberspace.
Eur J Crim Pol Res, 21, 353-370
doi:10.1007/s10610-015-9273-y
- Leendertz, FH, Pauli, G, Maetz-Rensing, K, Boardman, W, Nunn, C, Ellerbrok, H, Jensen, SA, Junglen, S, & Boesch, C (2006):
Pathogens as drivers of population declines: The importance of systematic monitoring in great apes and other threatened mammals.
Biol Conserv, 131, 325-337
doi:10.1016/j.biocon.2006.05.002
- Li, W, Shi, Z, Yu, M, Ren, W, Smith, C, Epstein, JH, Wang, H, Cramer, G, Hu, Z, Zhang, H, Zhang, J, McEachern, J, Field, H, Daszak, P, Eaton, BT, Zhang, S, & Wang, L-F (2005):
Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses.
Science, 310, 676
doi:10.1126/science.1118391
- Liesche, F, Ruf, V, Zoubaa, S, Kaletka, G, Rosati, M, Rubbenstroth, D, Herden, C, Goehring, L, Wunderlich, S, Wachter, MF, Rieder, G, Lichtmannegger, I, Permanetter, W, Heckmann, JG, Angstwurm, K, Neumann, B, Märkl, B, Haschka, S, Niller, HH, Schmidt, B, Jantsch, J, Brochhausen, C, Schlottau, K, Ebinger, A, Hemmer, B, Riemenschneider, MJ, Herms, J, Beer, M, Matiasek, K, & Schlegel, J (2019):
The neuropathology of fatal encephalomyelitis in human Borna virus infection.
Acta Neuropathol, 138, 653-665
doi:10.1007/s00401-019-02047-3
- Lipkin, WI, Briese, T, & Hornig, M (2011):
Borna disease virus – Fact and fantasy.
Virus Res, 162, 162-172
doi:10.1016/j.virusres.2011.09.036
- Ludwig, H, Bode, L, & Gosztanyi, G (1988):
Borna disease: a persistent virus infection of the central nervous system.
Prog Med Virol, 35, 107-151
- Macdonald, DW, & Laurenson, MK (2006):
Infectious disease: Inextricable linkages between human and ecosystem health.
Biol Conserv, 131, 143-150
doi:10.1016/j.biocon.2006.05.007
- Marí Saéz, A, Weiss, S, Nowak, K, Lapeyre, V, Zimmermann, F, Dux, A, Köhl, HS, Kaba, M, Regnaut, S, Merkel, K, Sachse, A, Thiesen, U, Villányi, L, Boesch, C, Dabrowski, PW, Radonić, A, Nitsche, A, Leendertz, SA, Petterson, S,

- Becker, S, Krähling, V, Couacy-Hymann, E, Akoua-Koffi, C, Weber, N, Schaade, L, Fahr, J, Borchert, M, Gogarten, JF, Calvignac-Spencer, S, & Leendertz, FH (2015):
Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic.
EMBO Mol Med, 7, 17-23
doi:10.15252/emmm.201404792
- Mayr, A, Gefeller, O, Prokosch, H-U, Pirkl, A, Fröhlich, A, & de Zwaan, M (2012):
Web-based data collection yielded an additional response bias—but had no direct effect on outcome scales.
J Clin Epidemiol, 65, 970-977
doi:10.1016/j.jclinepi.2012.03.005
- Mitteldeutsche Zeitung (2015):
Bunthörnchen werden getötet. Mitteldeutsche Zeitung. Abgerufen am 25.03.2015 von
- Monzon, A, & Bayart, C (2018):
Workshop Synthesis: Web-based surveys, new insight to address main challenges.
Transp Res Procedia, 32, 167-173
doi:doi.org/10.1016/j.trpro.2018.10.030
- Moorhouse, TP, Balaskas, M, D'Cruze, NC, & Macdonald, DW (2017):
Information Could Reduce Consumer Demand for Exotic Pets.
Conserv Lett, 10, 337-345
doi:10.1111/conl.12270
- Morse, SS (1995):
Factors in the emergence of infectious diseases.
Emerging Infect Dis, 1, 7-15
doi:10.3201/eid0101.950102
- Mueller, UG, & Wolfenbarger, LL (1999):
AFLP genotyping and fingerprinting.
Trends Ecol Evol, 14, 389-394
doi:10.1016/s0169-5347(99)01659-6
- Murray, N (2004):
Handbook on import risk analysis for animals and animal products
1st Edition, Paris, France: OIE (World Organisation for Animal Health) - ISBN: 92-9044-613-7.
- Niller, HH, Angstwurm, K, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Ebinger, A, Giese, S, Wunderlich, S, Banas, B, Forth, LF, Hoffmann, D, Höper, D, Schwemmler, M, Tappe, D, Schmidt-Chanasit, J, Nobach, D, Herden, C, Brochhausen, C, Velez-Char, N, Mamilos, A, Utpatel, K, Evert, M, Zoubaa, S, Riemenschneider, MJ, Ruf, V, Herms, J, Rieder, G, Errath, M, Matiasek, K, Schlegel, J, Liesche-Starnecker, F, Neumann, B, Fuchs, K, Linker, RA, Salzberger, B, Freilinger, T, Gartner, L, Wenzel, JJ, Reischl, U, Jilg, W, Gessner, A, Jantsch, J, Beer, M, & Schmidt, B (2020):

- Zoonotic spillover infections with Borna disease virus 1 leading to fatal human encephalitis, 1999–2019: an epidemiological investigation.
Lancet Infect Dis, 20, 467-477
doi:10.1016/S1473-3099(19)30546-8
- Nitikman, LZ (1985):
Sciurus granatensis.
Mamm Species 1-8
doi:10.2307/3503822
- Nobach, D, Bourg, M, Herzog, S, Lange-Herbst, H, Encarnacao, JA, Eickmann, M, & Herden, C (2015):
Shedding of Infectious Borna Disease Virus-1 in Living Bicolored White-Toothed Shrews.
PLoS One, 10, e0137018
doi:10.1371/journal.pone.0137018
- Nobach, D, Müller, J, Tappe, D, & Herden, C (2020):
Update on immunopathology of bornavirus infections in humans and animals.
Adv Virus Res, 107, 159-222
doi:10.1016/bs.aivir.2020.06.004
- NordNordWest (Cartographer) (2016):
Verteilung der Unterarten des Bunthörnchens nach Best 1995.
Abgerufen am: 23.06.2020 von
<https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=51279689>
- OIE (2019):
Chapter 2. Risk Analysis
In: Terrestrial Animal Health Code/ 28th Edition)
Paris: Organisation International d'Epizootiques -.
- Pearson, K (1900):
On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling.
The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science, 50, 157-175
doi:10.1080/14786440009463897
- Petzold, J, van den Brand, JMA, Nobach, D, Hoffmann, B, Hoffmann, D, Fast, C, Reusken, C, van Run, P, Schlottau, K, Beer, M, & Herden, C (2019):
Distribution of zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 in naturally infected variegated and Prevost's squirrels.
Sci Rep, 9, 11402
doi:10.1038/s41598-019-47767-4
- Pfeiffer, D (2010a):
Veterinary epidemiology - an introduction
1. Edition, Chichester, West Sussex, UK: Wiley-Blackwell - ISBN: 9781405176941.
- Pfeiffer, DU (2010b):

- Risk Analysis
In: Veterinary epidemiology - an introduction/ 1st Edition, S. 110ff): Wiley-Blackwell - ISBN: 9781405176941.
- Puorger, ME, Hilbe, M, Muller, JP, Kolodziejek, J, Nowotny, N, Zlinszky, K, & Ehrensperger, F (2010):
Distribution of Borna disease virus antigen and RNA in tissues of naturally infected bicolored white-toothed shrews, *Crocidura leucodon*, supporting their role as reservoir host species.
Vet Pathol, 47, 236-244
doi:10.1177/0300985809351849
- R Core Team (2020):
R: A Language and Environment for Statistical Computing.
Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. Abgerufen am: 05.05.2020 von <https://www.R-project.org/>
- Rambaut, A, Lam, TT, Max Carvalho, L, & Pybus, OG (2016):
Exploring the temporal structure of heterochronous sequences using TempEst (formerly Path-O-Gen).
Virus Evol, 2, vew007-vew007
doi:10.1093/ve/vew007
- Richt, JA, Grabner, A, & Herzog, S (2000):
Borna disease in horses.
Vet Clin North Am Equine Pract, 16, 579-595, xi
doi:10.1016/s0749-0739(17)30097-4
- Richt, JA, & Rott, R (2001):
Borna disease virus: a mystery as an emerging zoonotic pathogen.
Vet J, 161, 24-40
doi:10.1053/tvjl.2000.0533
- Robert Koch-Institut (2007):
Hintergrund zur Einstellung der Bornavirus-Forschung im Robert Koch-Institut [Pressemitteilung].
Abgerufen am: 14.07.2020 von https://www.rki.de/DE/Content/Forsch/Forschungsagenda/Einstellung_Projekt_Bornavirus.html
- Rothenheber, B, & Kraus, S (2009):
Eichhörnchen: Biologie - Haltung - Zucht
1. Edition, Münster: Natur und Tier - Verlag - ISBN: 978-3866590977.
- Rott, R, Herzog, S, Fleischer, B, Winokur, A, Amsterdam, J, Dyson, W, & Koprowski, H (1985):
Detection of serum antibodies to Borna disease virus in patients with psychiatric disorders.
Science, 228, 755
doi:10.1126/science.3922055
- Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Schwemmler, M, Rissland, J, & Beer, M (2019):
Human bornavirus research: Back on track!

- PLOS Pathogens, 15, e1007873
doi:10.1371/journal.ppat.1007873
- Rubbenstroth, D, Niller, HH, Angstwurm, K, Schwemmler, M, & Beer, M (2020):
Are human Borna disease virus 1 infections zoonotic and fatal? – Authors' reply.
Lancet Infect Dis, 20, 651
doi:10.1016/S1473-3099(20)30379-0
- Salvatore, M, Morzunov, S, Schwemmler, M, & Lipkin, WI (1997):
Borna disease virus in brains of North American and European people with schizophrenia and bipolar disorder.
Lancet, 349, 1813-1814
doi:10.1016/s0140-6736(05)61693-5
- Sanger, F, Nicklen, S, & Coulson, AR (1977):
DNA sequencing with chain-terminating inhibitors.
Proc Natl Acad Sci U S A, 74, 5463-5467
doi:10.1073/pnas.74.12.5463
- Sauder, C, & Staeheli, P (2003):
Rat Model of Borna Disease Virus Transmission: Epidemiological Implications.
J Virol, 77, 12886-12890
doi:10.1128/JVI.77.23.12886-12890.2003
- Scherer, R (2018):
PropCIs: Various Confidence Interval Methods for Proportions. R package version 0.3-0. Abgerufen am: 10.03.2020 von <https://CRAN.R-project.org/package=PropCIs>
- Schlottau, K, Hoffmann, B, Homeier-Bachmann, T, Fast, C, Ulrich, RG, Beer, M, & Hoffmann, D (2017a):
Multiple detection of zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 RNA in different squirrel species suggests a possible unknown origin for the virus.
Arch Virol, 162, 2747–2754
doi:10.1007/s00705-017-3432-z
- Schlottau, K, Jenckel, M, van den Brand, J, Fast, C, Herden, C, Hoper, D, Homeier-Bachmann, T, Thielebein, J, Mensing, N, Diender, B, Hoffmann, D, Ulrich, RG, Mettenleiter, TC, Koopmans, M, Tappe, D, Schmidt-Chanasit, J, Reusken, CB, Beer, M, & Hoffmann, B (2017b):
Variegated Squirrel Bornavirus 1 in Squirrels, Germany and the Netherlands.
Emerging Infect Dis, 23, 477-481
doi:10.3201/eid2303.161061
- Schlottau, K, Forth, L, Angstwurm, K, Hoper, D, Zecher, D, Liesche, F, Hoffmann, B, Kegel, V, Seehofer, D, Platen, S, Salzberger, B, Liebert, UG, Niller, HH, Schmidt, B, Matiasek, K, Riemenschneider, MJ, Brochhausen, C, Banas, B, Renders, L, Moog, P, Wunderlich, S, Seifert, CL, Barreiros, A, Rahmel, A, Weiss, J, Tappe, D, Herden, C, Schmidt-Chanasit, J, Schwemmler, M, Rubbenstroth, D, Schlegel, J, Pietsch, C, Hoffmann, D, Jantsch, J, & Beer, M (2018):

- Fatal Encephalitic Borna Disease Virus 1 in Solid-Organ Transplant Recipients.
N Engl J Med, 379, 1377-1379
doi:10.1056/NEJMc1803115
- Schneider, PA, Schneemann, A, & Lipkin, WI (1994):
RNA splicing in Borna disease virus, a nonsegmented, negative-strand RNA virus.
J Virol, 68, 5007-5012
doi:10.1128/JVI.68.8.5007-5012.1994
- Schulze, V, Große, R, Fürstenau, J, Forth, L, Ebinger, A, Richter, MT, Tappe, D, Mertsch, T, Kloze, K, Schlottau, K, Hoffmann, B, Höper, D, Mundhenk, L, Ulrich, R, Beer, M, Müller, K-E, & Rubbenstroth, D (2020a):
Borna disease outbreak with high mortality in an alpaca herd in a previously unreported endemic area in Germany.
Transbound Emerg Dis, 67, 2093-2107
doi:10.1111/tbed.13556
- Schulze, V, Lurz, PWW, Ferrari, N, Romeo, C, Steele, MA, Marino, S, Mazzamuto, MV, Calvignac-Spencer, S, Schlottau, K, Beer, M, Ulrich, RG, & Ehlers, B (2020b):
Search for polyoma-, herpes-, and bornaviruses in squirrels of the family Sciuridae.
Virol J, 17, 42
doi:10.1186/s12985-020-01310-4
- Schuppli, CA, Fraser, D, & Bacon, HJ (2014):
Welfare of non-traditional pets.
Rev Sci Tech, 33, 221-231
doi:10.20506/rst.33.1.2287
- Shar, S, Lkhagvasuren, D, Bertolino, S, Henttonen, H, Kryštufek, B, & Meinig, H (2016):
Sciurus vulgaris (errata version published in 2017).
The IUCN Red List of Threatened Species, 2016,
doi:https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-3.RLTS.T20025A22245887.en
- Singer, E (2011):
Toward a benefit-cost theory of survey participation: Evidence, further tests, and implications.
J Off Stat, 27, 379-392
- Siriwat, P, & Nijman, V (2018):
Illegal pet trade on social media as an emerging impediment to the conservation of Asian otters species.
J Asia Pac Biodivers, 11, 469-475
doi:10.1016/j.japb.2018.09.004
- Spiegel-Online (2015):

- Neues Borna-Virus - Sachsen Anhalt lässt Bunthörnchen töten. SPIEGEL.
Abgerufen am 25.03.2015 von
<https://www.spiegel.de/wissenschaft/natur/borna-virus-sachsen-anhalt-laesst-bunthoernchen-toeten-a-1025516.html>
- Staeheli, P, Sauder, C, Hausmann, J, Ehrensperger, F, & Schwemmler, M (2000):
Epidemiology of Borna disease virus.
J Gen Virol, 81, 2123-2135
doi:10.1099/0022-1317-81-9-2123
- Statistisches Bundesamt (2018):
Kapitel 7: Kultur, Medien, Freizeit
In: Statistisches Jahrbuch 2018/ SB (Destatis), 2019, S. 218): Statistisches
Bundesamt (Destatis) - ISBN: 978-3-8246-1086-0.
- Stephan, SJ, Storz, BL, & Hoffmann, RS (2004):
Nuclear DNA phylogeny of the squirrels (Mammalia: Rodentia) and the
evolution of arboreality from c-myc and RAG1.
Mol Phylogenet Evol, 30, 703-719
doi:10.1016/S1055-7903(03)00204-5
- Stitz, L, Bilzer, T, & Planz, O (2002):
The immunopathogenesis of Borna disease virus infection.
Front Biosci, 7, d541-555
- Sugiura, K, & Murray, N (2011):
Risk analysis and its link with standards of the World Organisation for Animal
Health.
Rev Sci Tech, 30, 281-288
doi:10.20506/rst.30.1.2031
- Sung, Y-H, & Fong, JJ (2018):
Assessing consumer trends and illegal activity by monitoring the online wildlife
trade.
Biol Conserv, 227, 219-225
doi:10.1016/j.biocon.2018.09.025
- Tappe, D, Schlottau, K, Cadar, D, Hoffmann, B, Balke, L, Bewig, B, Hoffmann, D,
Eisermann, P, Fickenscher, H, Krumbholz, A, Laufs, H, Huhndorf, M,
Rosenthal, M, Schulz-Schaeffer, W, Ismer, G, Hotop, SK, Bronstrup, M, Ott, A,
Schmidt-Chanasit, J, & Beer, M (2018):
Occupation-Associated Fatal Limbic Encephalitis Caused by Variegated
Squirrel Bornavirus 1, Germany, 2013.
Emerging Infect Dis, 24, 978-987
doi:10.3201/eid2406.172027
- Tappe, D, Frank, C, Homeier-Bachmann, T, Wilking, H, Allendorf, V, Schlottau, K,
Munoz-Fontela, C, Rottstegge, M, Port, JR, Rissland, J, Eisermann, P, Beer,
M, & Schmidt-Chanasit, J (2019):
Analysis of exotic squirrel trade and detection of human infections with
variegated squirrel bornavirus 1, Germany, 2005 to 2018.

- Euro Surveill, 24,
doi:10.2807/1560-7917.ES.2019.24.8.1800483
- Taylor, LH, Latham, SM, & Woolhouse, ME (2001):
Risk factors for human disease emergence.
Philos Trans R Soc Lond, B, Biol Sci, 356, 983-989
doi:10.1098/rstb.2001.0888
- Tennekes, M (2017):
treemap: Treemap Visualization. R package version 2.4-2. Abgerufen am:
05.03.2020 von <https://CRAN.R-project.org/package=treemap>
- Thorington, RW, Jr., J. L. Koprowski, M. A. Steele, and J. F. Whatton (2012):
Squirrels of the world
1st Edition, Baltimore: Johns Hopkins University Press - ISBN: 978-1-4214-
0469-1.
- Thrusfield, MV, & Christley, R (2018):
Veterinary epidemiology
4th edition, Oxford: Wiley-Blackwell - ISBN: 9781118280287.
- Tizard, I, Ball, J, Stoica, G, & Payne, S (2016):
The pathogenesis of bornaviral diseases in mammals.
Anim Health Res Rev, 17, 92-109
doi:10.1017/S1466252316000062
- Tomonaga, K, Kobayashi, T, & Ikuta, K (2002):
Molecular and cellular biology of Borna disease virus infection.
Microbes Infect, 4, 491-500
doi:10.1016/s1286-4579(02)01564-2
- Tourangeau, R (2014):
Hard-to-survey populations
1st Edition, Cambridge, UK: Cambridge University Press - ISBN:
9781107031357.
- Toussaint, JF, Sailleau, C, Breard, E, Zientara, S, & De Clercq, K (2007):
Bluetongue virus detection by two real-time RT-qPCRs targeting two different
genomic segments.
J Virol Methods, 140, 115-123
doi:10.1016/j.jviromet.2006.11.007
- Viral Zone (2010):
Bornaviridae.
Swiss Institute of Bioinformatics.
Abgerufen am: 21.06.2020 von <https://viralzone.expasy.org/93>
- Weiss, B, Rabsch, W, Prager, R, Tietze, E, Koch, J, Mutschmann, F, Roggentin, P, &
Frank, C (2011):
Babies and bearded dragons: sudden increase in reptile-associated
Salmonella enterica serovar Tennessee infections, Germany 2008.
Vector Borne Zoonotic Dis, 11, 1299-1301
doi:10.1089/vbz.2010.0239
- Whitaker, C, Stevelink, S, & Fear, N (2017):

- The Use of Facebook in Recruiting Participants for Health Research Purposes: A Systematic Review.
J Medical Internet Res, 19, e290-e290
doi:10.2196/jmir.7071
- Wickham, H (2016):
ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. R package version 4.0.0.
Abgerufen am: 05.05.2020 von <https://ggplot2.tidyverse.org>
- Wickham, HF, Romain; Henry, Lionel; Müller, Kirill (2020):
dplyr: A Grammar of Data Manipulation. R package version 4.0.0. Abgerufen
am: 05.05.2020 von <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>
- Wilson, DEM, Russell A.; Lacher, Thomas E. Jr (2017):
Handbook of the mammals of the world
Barcelona: Lynx Edicions - ISBN: 978-84-16728-04-6.
- Woolhouse, ME, Haydon, DT, & Antia, R (2005):
Emerging pathogens: the epidemiology and evolution of species jumps.
Trends Ecol Evol, 20, 238-244
doi:10.1016/j.tree.2005.02.009
- Wu Suen, LJ, Huang, HM, & Lee, HH (2014):
A comparison of convenience sampling and purposive sampling.
J Nursing, 61, 105-111
doi:10.6224/JN.61.3.105
- Yates, DS, Moore, DS, & Starnes, DS (2008):
The Practice of Statistics
3rd Edition: W. H. Freeman - ISBN: 978-0-7167-7309-2.
- Zaki, AM, van Boheemen, S, Bestebroer, TM, Osterhaus, ADME, & Fouchier, RAM
(2012):
Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia.
N Eng J Med, 367, 1814-1820
doi:10.1056/NEJMoa1211721
- Zentralverband Zoologischer Fachbetriebe Deutschlands e.V., IHeV (2020):
Der deutsche Heimtiermarkt 2019 [Pressemitteilung].
Abgerufen am: 30.06.2020 von
https://www.zzf.de/fileadmin/files/ZZF/Intranet/Dokumente/ZZF_IVH_Folder_2019_Deutscher_Heimtiermarkt_und_Heimtierpopulation.pdf
- Zhou, P, Yang, X-L, Wang, X-G, Hu, B, Zhang, L, Zhang, W, Si, H-R, Zhu, Y, Li, B,
Huang, C-L, Chen, H-D, Chen, J, Luo, Y, Guo, H, Jiang, R-D, Liu, M-Q, Chen,
Y, Shen, X-R, Wang, X, Zheng, X-S, Zhao, K, Chen, Q-J, Deng, F, Liu, L-L, Yan,
B, Zhan, F-X, Wang, Y-Y, Xiao, G-F, & Shi, Z-L (2020):
A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat
origin.
Nature, 579, 270-273
doi:10.1038/s41586-020-2012-7
- ZIMS (2017):
Zoological information management system (ZIMS).

Abgerufen am: 20.10.2017 von

<https://zims.species360.org/Login.aspx?ReturnUrl=%2f>

Zwick, W (1929):

Neuere Untersuchungen über die seuchenhafte Gehirn- u.
Rückenmarksentzündung (Borna'sche Krankheit) der Pferde.

Deutsche Zeitschrift für Nervenheilkunde, 110, p316-322

doi:10.1007/BF01652993

12 Verzeichnis der Rechtsvorschriften

Übereinkommen über den internationalen Handel mit gefährdeten Arten freilebender Tiere und Pflanzen (Washingtoner Artenschutzübereinkommen, WA) vom 3. März 1973 („CITES“)

Verordnung (EG) Nr. 338/97 des Rates vom 9. Dezember 1996 über den Schutz von Exemplaren wildlebender Tier- und Pflanzenarten durch Überwachung des Handels („EU-Artenschutzverordnung“)

Verordnung (EG) Nr. 865/2006 der Kommission vom 4. Mai 2006 mit Durchführungsbestimmungen zur Verordnung (EG) Nr. 338/97 des Rates über den Schutz von Exemplaren wildlebender Tier- und Pflanzenarten durch Überwachung des Handels

Verordnung (EU) Nr. 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich der Tiergesundheit („Tiergesundheitsrecht“)

Verordnung (EU) Nr. 1143/2014 des Europäischen Rates vom 22. Oktober 2014 über die Prävention und das Management der Einbringung und Ausbreitung invasiver gebietsfremder Arten

Tierschutzgesetz in der Fassung der Bekanntmachung vom 18. Mai 2006 (BGBl. I S. 1206, 1313), das zuletzt durch Artikel 280 der Verordnung vom 19. Juni 2020 (BGBl. I S. 1328) geändert worden ist

Tiergesundheitsgesetz in der Fassung der Bekanntmachung vom 21. November 2018 (BGBl. I S. 1938), das zuletzt durch Artikel 100 des Gesetzes vom 20. November 2019 (BGBl. I S. 1626) geändert worden ist

Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 6. April 2005 (BGBl. I S. 997), die zuletzt durch Artikel 139 des Gesetzes vom 29. März 2017 (BGBl. I S. 626) geändert worden ist

Bundesnaturschutzgesetz vom 29. Juli 2009 (BGBl. I S. 2542), das zuletzt durch Artikel 290 der Verordnung vom 19. Juni 2020 (BGBl. I S. 1328) geändert worden ist

Gutachten über Mindestanforderungen an die Haltung von Säugetieren („Säugetiergutachten“), herausgegeben durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, in seiner Fassung vom 7. Mai 2014

13 Anhang

13.1 Online-Fragebogen

„Befragung zu Ihrer Hörnchenhaltung

Liebe Hörnchenhalterinnen und -halter,

In den vergangenen Jahren wurde ein neues Virus entdeckt, das von Hörnchen auf den Menschen übertragbar ist, das Bunthörnchen-Bornavirus 1 (Variegated squirrel bornavirus 1, VSBV-1). Benannt wurde es nach der Hörnchenart, in der es zuerst identifiziert wurde, dem Costa-Rica-Bunthörnchen (*Sciurus variegatoides atrirufus*). Doch mittlerweile wurde es auch in Exemplaren der Unterfamilie der Schönhörnchen (Callosciurinae) nachgewiesen, u.a. in Prevost-Schönhörnchen (*Callosciurus prevostii*) und Chinesischen Baumstreifenhörnchen (*Tamiops swinhoei*), sodass eine Infektion auch von anderen Arten der Familie der Hörnchen (Sciuridae) nicht ausgeschlossen werden kann. Das erste positive Tier wurde in der Haltung eines Bunthörnchenzüchters entdeckt, nachdem dieser im Zuge einer Gehirn- und Hirnhautentzündung (Meningoenzephalitis) verstarb und das entsprechende Virus in Gewebeproben seines Gehirns nachgewiesen werden konnte. Bei drei weiteren Todesfällen wurde VSBV-1 ebenfalls als der verursachende Erreger von zentralnervösen Entzündungen ermittelt. Auch hier bestand erwiesenermaßen Kontakt zu erregerpositiven Hörnchen. Der Übertragungsweg zwischen den Hörnchen und auf den Menschen ist leider noch nicht genau bekannt, doch ist eine Erregerübertragung über Biss- und Kratzverletzungen am wahrscheinlichsten. Alle bisher identifizierten positiven Hörnchen erscheinen nach außen hin vollkommen gesund, allerdings ist infektiöses Material unter anderem in Maultupfer- und Kotproben nachweisbar.

Um all dies aufzuklären und letztendlich bessere Vorsichtsmaßnahmen ergreifen und empfehlen zu können, hat sich ein Verbundprojekt gegründet, das Zoonotic Bornavirus Consortium. Darin werden, finanziert und unterstützt durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), die verschiedenen Disziplinen der Humanmedizin, Veterinärmedizin, Virologie und Epidemiologie vereint. Beteiligt sind unter anderem das Robert-Koch-Institut, das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin und die Universitäten Freiburg, Saarland und Gießen. Als Tierärztin mit praktischer Erfahrung in Wildtier- und Exotenmedizin und nun Doktorandin am Institut für Epidemiologie des FLI werde ich mich mit der Epidemiologie des Virus in der Hörnchenpopulation beschäftigen: Mein Ziel ist die Aufklärung der Verbreitung und der Ausbreitungswege von VSBV-1, um für Sie als HalterIn bessere Informationen zur Vorbeugung des Erregereintrags in Ihre Haltung und natürlich zur Vermeidung der eigenen Ansteckung mit dem Virus herausgeben zu können.

Für den ersten Teil meiner Untersuchungen ist es erforderlich festzustellen, wie viele Haltungen von welchen Tieren der Familie der Hörnchen in Deutschland grundsätzlich

existieren. Denn erst aufgrund dieser Daten kann die relative Infektionshäufigkeit ermittelt werden, außerdem sind sie essentiell für die Planung von weiterführenden Untersuchungen zur Erregerherkunft und –verbreitung. Doch liegen bislang keine bzw. nur sehr wenige Informationen zu Hörnchenhaltungen vor.

Daher benötige ich Ihre Mithilfe! Mit der Teilnahme an dieser kurzen Online-Befragung (benötigte Zeit: höchstens 5 Min.) können Sie unser Projekt mit der Zur-Verfügung-Stellung von Daten zu Ihrer Hörnchenhaltung unterstützen. Sie entscheiden selbst, in welchem Umfang Sie Details preisgeben möchten. Leiten Sie den Link zu dieser Befragung gerne auch an alle Ihnen bekannten Hörnchenhalterinnen und -halter weiter. Denn nur so kann ich möglichst viele Haltungen sowohl mit Informationen zu der zwar wahrscheinlich seltenen, doch sehr ernst zu nehmenden Viruserkrankung versorgen als auch hoffentlich zur Beteiligung an dieser Online-Befragung animieren. Sollten Sie Fragen, Anregungen, Bedenken, etc. haben, finden Sie Informationen zu Ansprechpartnern auf der letzten Seite der Umfrage. Ich freue mich über Ihr Feedback und vor allem über Ihre Mithilfe bei unserem Projekt!

Ihre Valerie Allendorf

Frage 1

Halten Sie zum jetzigen Zeitpunkt ein oder mehrere Tiere der Familie der Hörnchen (Sciuridae)?

Ja

Nein

falls Frage 1 mit „Nein“ beantwortet wurde:

Vielen Dank für Ihre Teilnahmebereitschaft!

Doch leider suche ich nur Informationen zu zum jetzigen Zeitpunkt bestehenden Hörnchenhaltungen. Sollten Sie in naher Zukunft mit der Haltung von Hörnchen beginnen, können Sie zu gegebenen Zeitpunkt natürlich erneut an dieser Befragung teilnehmen!

Falls Sie Fragen/ Anregungen/ Kritik/ Bemerkungen zu dieser Befragung oder zum Thema

Bunthörnchen-Bornavirus haben, können Sie mich natürlich gerne kontaktieren, am besten via E-Mail an Hoernchen@fli.de.

Außerdem können Sie, falls Sie das möchten, nachfolgend auch Ihre E-Mailadresse übermitteln. Damit werden Sie in unseren Mailverteiler aufgenommen, über den Sie regelmäßig und unkompliziert Informationen zum Fortgang unseres Projekts erhalten.

Die Löschung aus diesem Mailverteiler kann von Ihnen jederzeit und ohne Angabe von Gründen per Mail an oben genannte Adresse verlangt werden.

E-Mail-Adresse

Ich möchte regelmäßig Informationen zum Fortgang des Forschungsprojekts erhalten!

falls Frage 1 mit „Ja“ beantwortet wurde:

Frage 2

Im Folgenden möchten ich Sie bitten, nähere Angaben zu den von Ihnen gehaltenen Hörnchenarten zu machen und deren Anzahl anzugeben.

Halten Sie Exemplare der Spezies...

(Mehrfachnennungen möglich)

<input type="checkbox"/>	... Eurasisches Eichhörnchen (<i>Sciurus vulgaris</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Japanisches Eichhörnchen (<i>Sciurus lis</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Amerikanisches Fuchshörnchen (<i>Sciurus niger</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Bunthörnchen (<i>Sciurus variegatoides</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Kanadisches Rothörnchen (<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Prevost-Hörnchen (<i>Callosciurus prevostii</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Burma-Hörnchen (<i>Callosciurus finlaysonii</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... andere Echte Schönhörnchen (<i>Callosciurus sp.</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Chinesisches Baumstreifenhörnchen (<i>Tamiops swinhoei</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Himalaya-Streifenhörnchen (<i>Tamiops maclellandi</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Amerikanisches Streifenhörnchen (<i>Tamias striatus</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	... Sibirisches Streifenhörnchen/ Burunduk (<i>Tamias sibiricus</i>)? Anzahl:	_____
<input type="checkbox"/>	andere (siehe unten).	

Falls Ihre Tiere oben nicht aufgeführt sind oder Sie noch weitere, nicht angeführte Tiere der Familie der Hörnchen (z.B. Ziesel, Präriehunde, Gleithörnchen etc.) halten, bitten wir Sie, nachfolgend Art und Anzahl aufzulisten.

Art, Anzahl

Frage 3

Züchten Sie mit Ihren Hörnchen?

Ja

Nein

falls Frage 3 mit „Ja“ beantwortet wurde:

Frage 4

Führen Sie eine Dokumentation über Ihren Bestand und den Verbleib Ihrer Nachzuchten? Bitte kreuzen Sie an, in welchem Umfang.

Dokumentation zu Zukäufen

Dokumentation zu Verkäufen

Dokumentation zu Teraustausch mit anderen Züchtern/Haltern

Nein, keine Dokumentation vorhanden.

Frage 5

Wodurch sind Sie auf diese Befragung aufmerksam geworden?

über ein Hörnchen-/ Nagetierforum

über Facebook

über einen Flyer

über einen Artikel in einer Zeitschrift

anders, und zwar:

Frage 6

Abschließend möchte ich Sie bitten, Angaben zu Ihrer Person und Ihrer Adresse zu machen. Diese Angaben sind notwendig, um Doppelmeldungen zu vermeiden, außerdem ist eine geographische Zuordnung wichtig für die akkurate Berechnung der Verteilung und Häufigkeit einzelner Hörnchenarten und gegebenenfalls auch Infektionen mit VSBV-1. Ihre personenbezogenen Daten werden nur im Rahmen dieses Projektes erhoben und für zehn Jahre gespeichert, Sie haben das Recht, jederzeit und ohne Angabe von Gründen die Löschung dieser Daten zu verlangen. Ferner haben Sie gemäß Bundesdatenschutzgesetz und der Datenschutz-Grundverordnung der EU Anspruch auf die jederzeitige Auskunft über die von Ihnen vorliegenden Daten sowie deren Berichtigung. In Klarform werden die Angaben ausschließlich uns, dem Institut für Epidemiologie des FLI, zur Verfügung stehen. Mit den anderen Projektpartnern werden sie nur in pseudonymisierter Form, d.h. ohne Rückschlussmöglichkeit auf Ihre Person, geteilt werden, jegliche Veröffentlichung erfolgt grundsätzlich nur unter Verwendung von anonymisierten Daten.

Name

Straße, Hausnr.

Plz, Ort

Haben Sie Interesse, über einen Mailverteiler unkompliziert und unverbindlich über den Fortgang des Projektes informiert zu werden und/oder gegebenenfalls an weiteren Untersuchungen zum Vorkommen des Bunthörnchen-Borna-Virus teilzunehmen?

Ich möchte in den Mailverteiler aufgenommen werden, um über Aktuelles zu VSBV-1 informiert zu werden.

Ich habe Interesse, an weiteren Untersuchungen zum Vorkommen des Bunthörnchen-Bornavirus teilzunehmen.

Dann geben Sie bitte nachfolgend Ihre E-Mail-Adresse an. Diese Angabe ist optional. Die Löschung Ihrer Mailadresse aus dem Verzeichnis kann ebenfalls jederzeit und ohne Angabe von Gründen verlangt werden.

E-Mail-Adresse

Einwilligungserklärung

Hiermit erkläre ich mich mit der Erhebung und Speicherung meiner hier angegebenen personenbezogenen Daten (Name, Adresse, ggf. E-Mail-Adresse) im Rahmen des Forschungsprojekts zur Epidemiologie des Bunthörnchen-Borna-Virus 1 als Teilprojekt des Zoonotic Bornavirus Consortium einverstanden. Die Veröffentlichung von Ergebnissen aus dieser Studie erfolgt ausschließlich in anonymisierter Form, so dass die Identifizierung einzelner Haltungen nicht möglich ist. Ich wurde darauf hingewiesen, dass meine Teilnahme an der Befragung freiwillig ist und dass ich das Recht habe, jederzeit und ohne Angabe von Gründen meine Einwilligung per Mail an Hoernchen@fli.de zu widerrufen und die Löschung meiner personenbezogenen Daten zu verlangen, ohne dass mir dadurch Nachteile entstehen.

Ich habe die Einwilligungserklärung gelesen und bin mit der vorgesehenen Datenverarbeitung einverstanden.

Abschlussseite

Geschafft! Ich danke Ihnen sehr für Ihre Teilnahme und Ihre Auskunft!

Falls Sie Fragen, Anregungen, Wünsche, Bedenken, etc. haben, erreichen Sie mich, Valerie Allendorf, unter der Mailadresse Hoernchen@fli.de. Ich bin, wie eingangs erwähnt, Tierärztin mit praktischer Erfahrung in Wildtier- und Exotenmedizin und im Rahmen meiner Doktorarbeit am Friedrich-Loeffler-Institut Erstellerin dieser Befragung.

Auch falls Sie an der Untersuchung von Proben Ihrer Hörnchen interessiert sein sollten, können Sie Ihre Anfrage gerne an mich richten. Ich leite diese dann intern an die entsprechende Stelle weiter, damit Sie Details zur Probenentnahme und zur Einsendung dieser klären können. Die Untersuchung der Proben am FLI ist zur Zeit noch kostenfrei, für Sie fallen lediglich die Kosten für ggf. die Entnahme und den Versand an.

Alle Fragen zur Erkrankung und zur Diagnostik beim Menschen kann Ihnen Dr. Dennis Tappe vom Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin in Hamburg (tappe@bni-hamburg.de) beantworten.

Ich möchte Sie abschließend noch darauf hinweisen, dass der Umgang und das Handling von Hörnchen eine gewisse, bisher nicht ganz einschätzbare Ansteckungsgefahr mit sich zu bringen scheint. Bitte gehen Sie kein Risiko ein! Vermeiden Sie Biss- und Kratzverletzungen durch Ihre Hörnchen! Sobald wir besser fundierte und spezifischere Empfehlungen herausgeben können, informieren ich Sie, falls angegeben, über unseren Mailverteiler. Alle wichtigen Informationen werden natürlich auch auf unserer Institutsseite veröffentlicht.

Haben Sie Interesse und Zeit, einige zusätzliche Fragen zu Ihren Haltingsgegebenheiten (Innen-/ Außenhaltung, Einstreu, Futter, etc.) zu beantworten? Dann folgen Sie bitte dem nachfolgenden Link. In einem neuen Tab wird sich eine weitere Befragung öffnen. Die dafür benötigte Zeit beträgt ca. 10 Minuten. Mit Ihrer Teilnahme helfen Sie mir, etwas bessere Einsicht in Hörnchenhaltungen im Allgemeinen und über Unterschiede in den Haltingsformen zu gewinnen.

ZUR ZWEITEN BEFRAGUNG

Wenn Sie die Befragung hier beenden möchten, können Sie einfach das Fenster schließen.“

13.2 Gesamtbetrachtung der beprobten Populationen auf Einzeltierebene

Alle bislang am FLI eingegangenen und untersuchten Proben des Pilotzeitraums und des Zeitraums der Querschnittsstudie aus Europa zusammen enthalten Daten zu 216 Subpopulationen mit insgesamt 1379 Einzeltieren. **Abbildung 30** gibt einen Überblick über die Probenanalyse auf Einzeltierebene nach Probeneingang über den gesamten Zeitraum.

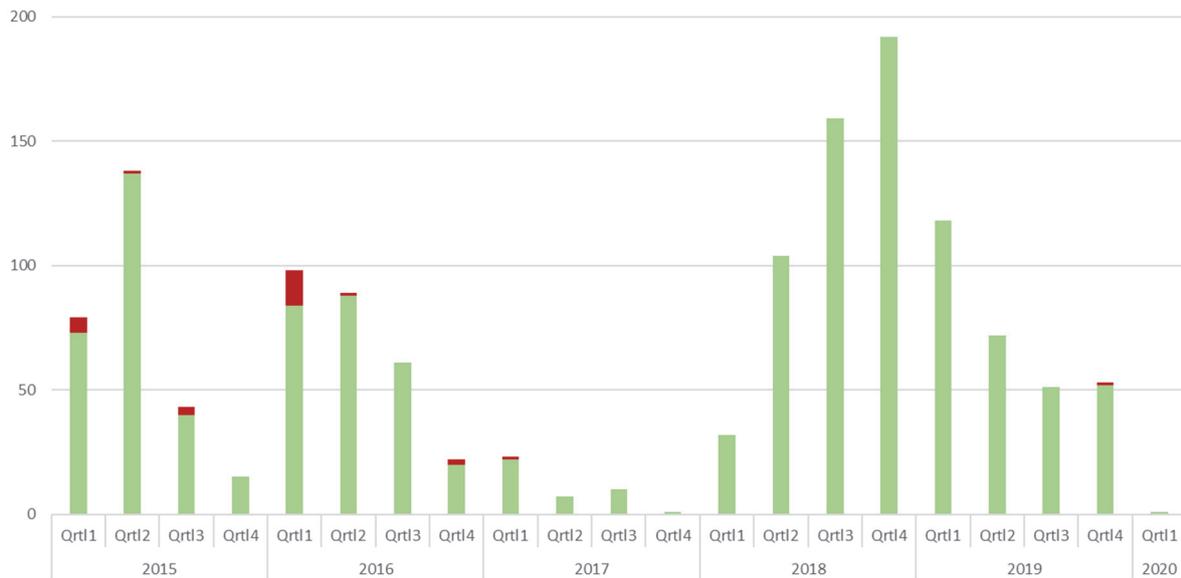


Abbildung 30: Überblick über die Probenanalyse auf Einzeltierebene nach Häufigkeit des Probeneingangs über den gesamten Zeitraum. Zeiträume sind auf Quartalsebene aggregiert. Die Höhe der Balken gibt die gesamte Anzahl der beprobten Einzeltiere wieder, wobei der grüne Anteil die negativ befundenen Tiere abbildet, der rote Anteil die positiv befundenen.

13.2.1 Datensatz

Tabelle 11 gibt den gesamten Datensatz des Zeitraums der Querschnittsstudie von Januar 2018 bis Januar 2020 wieder.

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0212	DE	SH	21785	<i>Sciurus granatensis</i>	Sciurinae	0130-0212-0984	m	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0212	DE	SH	21785	<i>Sciurus granatensis</i>	Sciurinae	0130-0212-0985	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0210	DE	SH	21785	<i>Callosciurus finlaysonii</i>	Callosciurinae	0130-0210-0986	m	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0210	DE	SH	21785	<i>Callosciurus finlaysonii</i>	Callosciurinae	0130-0210-0987	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0209	DE	SH	21785	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0130-0209-0988	m	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0209	DE	SH	21785	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0130-0209-0989	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0208	DE	SH	21785	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0130-0208-0990	m	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0208	DE	SH	21785	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0130-0208-0988	m	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0208	DE	SH	21785	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0130-0208-0989	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0208	DE	SH	21785	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0130-0208-0993	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0208	DE	SH	21785	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0130-0208-0992	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0208	DE	SH	21785	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0130-0208-0991	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0211	DE	SH	21785	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0130-0211-0992	m	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0211	DE	SH	21785	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0130-0211-0993	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0211	DE	SH	21785	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0130-0211-0994	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0211	DE	SH	21785	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0130-0211-0995	f	neg	DH
P	1	1	0	0	04.01.2018	0130	0211	DE	SH	21785	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0130-0211-0996	f	neg	DH
P	1	1	0	0	14.01.2018	0171	0257	DE	BW	70195	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0171-0257-0046	m	neg	DH
P	0	0	1	0	16.01.2018	0292	0476	DE	BE	14195	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0178-0266-0285	f	neg	DH
P	0	0	1	0	17.01.2018	0292	0476	DE	BE	14195	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0178-0266-0286	m	neg	DH
P	0	0	1	0	18.01.2018	0292	0476	DE	BE	14195	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0292-0475-1001	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	21.01.2018	0245	0426	DE	RP	56587	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0245-0426-1004	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	22.01.2018	0245	0426	DE	RP	56587	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0245-0426-1005	NA	neg	DH
Z	1	1	0	1	23.01.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1002	m	neg	DH
Z	1	1	0	0	23.01.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1003	m	neg	DH
P	1	0	0	0	23.01.2018	0245	0426	DE	RP	56587	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0245-0426-1006	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	24.01.2018	0245	0426	DE	RP	56587	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0245-0426-1007	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	25.01.2018	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1008	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	28.03.2018	0019	0028	DE	SN	04509	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0019-0028-1009	m	neg	DH
Z	0	0	1	0	28.03.2018	0019	0028	DE	SN	04509	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0019-0028-1010	f	neg	DH
P	1	1	0	0	06.04.2018	0246	0427	DE	MV	18146	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0246-0427-1022	m	neg	DH
Z	1	1	0	0	06.04.2018	0043	0070	DE	ST	06917	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0043-0070-1025	m	neg	DH
Z	1	1	0	0	06.04.2018	0034	0057	DE	NW	48599	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0034-0057-1030	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	06.04.2018	0034	0057	DE	NW	48599	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0034-0057-1031	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	06.04.2018	0030	0047	DE	SH	24214	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0030-0047-1076	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	06.04.2018	0050	0081	DE	SN	04105	<i>Ratufa macroura</i>	Ratufinae	0050-0081-0912	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	11.04.2018	0007	0009	DE	NI	31811	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0007-0009-1023	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	11.04.2018	0007	0009	DE	NI	31811	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0007-0009-1024	f	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	0	1	0	0	17.04.2018	0021	0031	DE	NW	32760	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0021-0031-1026	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	17.04.2018	0021	0031	DE	NW	32760	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0021-0031-1027	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	17.04.2018	0021	0031	DE	NW	32760	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0021-0031-1028	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	17.04.2018	0021	0031	DE	NW	32760	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0021-0031-1029	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1032	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1033	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1034	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1035	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1036	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1037	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1038	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1039	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1040	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	07.05.2018	0061	0105	DE	SH	24537	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0061-0105-1041	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1046	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1047	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1048	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1049	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1050	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1051	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1052	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1053	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1054	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1055	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1056	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1057	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1058	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1059	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1060	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1061	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1062	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1063	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1064	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1065	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	14.05.2018	0057	0099	DE	MV	18337	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0057-0099-1066	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	14.05.2018	0046	0073	DE	SN	08248	<i>Tamias swinhoi</i>	Callosciurinae	0046-0073-1067	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	14.05.2018	0046	0073	DE	SN	08248	<i>Tamias swinhoi</i>	Callosciurinae	0046-0073-1068	f	neg	DH
P	0	0	1	0	16.05.2018	0178	0266	DE	ST	06809	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0178-0266-0284	f	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingsID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	1	1	0	0	17.05.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1121	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	17.05.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1122	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	22.05.2018	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0178-0266-0285	f	neg	DH
Z	1	1	0	0	22.05.2018	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0178-0266-0286	m	neg	DH
Z	1	1	0	0	22.05.2018	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0086-0151-1074	j	neg	DH
Z	1	1	0	0	22.05.2018	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0086-0151-1075	j	neg	DH
Z	1	1	0	0	23.05.2018	0030	0046	DE	SH	24214	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0030-0046-1069	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	23.05.2018	0030	0046	DE	SH	24214	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0030-0046-1070	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.05.2018	0014	0020	DE	NW	44791	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0014-0020-1077	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	25.05.2018	0014	0020	DE	NW	44791	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0014-0020-1078	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	04.06.2018	0068	0114	DE	NI	31228	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0068-0114-1079	f	neg	DH
P	1	1	0	0	10.06.2018	0093	0160	DE	RP	55124	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0093-0160-1127	NA	neg	DH
P	1	1	0	0	12.06.2018	0102	0176	DE	BB	14532	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0102-0176-1080	NA	neg	DH
P	1	1	0	0	12.06.2018	0102	0176	DE	BB	14532	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0102-0176-1081	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0123	DE	ST	39218	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0075-0123-1082	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0123	DE	ST	39218	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0075-0123-1083	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0123	DE	ST	39218	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0075-0123-1084	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0123	DE	ST	39218	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0075-0123-1085	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0123	DE	ST	39218	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0075-0123-1086	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0123	DE	ST	39218	<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	Sciurinae	0075-0123-1087	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0126	DE	ST	39218	<i>Paraxerus cepapi</i>	Xerinae	0075-0126-1088	f	neg	DH
Z	1	1	0	0	12.06.2018	0075	0126	DE	ST	39218	<i>Paraxerus cepapi</i>	Xerinae	0075-0126-1089	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1090	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1091	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1092	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1093	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1094	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1095	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1096	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1097	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1098	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1099	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1100	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1101	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1102	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1103	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1104	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1105	NA	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1106	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1107	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1108	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0087	0153	DE	MV	23966	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0087-0153-1109	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1110	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1111	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1112	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1113	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1114	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1115	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1116	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1117	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1118	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	12.06.2018	0060	0104	DE	NW	41199	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0060-0104-1119	NA	neg	DH
P	1	1	0	0	05.07.2018	0095	0162	DE	BB	16562	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0095-0162-1128	f	neg	DH
P	1	1	0	0	05.07.2018	0095	0162	DE	BB	16562	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0095-0162-1129	f	neg	DH
P	1	1	0	0	05.07.2018	0095	0162	DE	BB	16562	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0095-0162-1130	m	neg	DH
P	1	1	0	0	05.07.2018	0095	0162	DE	BB	16562	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0095-0162-1131	f	neg	DH
Z	1	1	0	0	05.07.2018	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1132	f	neg	DH
Z	1	1	0	0	05.07.2018	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1133	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1146	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1147	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1148	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1149	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1150	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1151	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1152	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.07.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-1153	NA	neg	DH
P	1	1	0	0	20.07.2018	0102	0176	DE	BB	14532	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0102-0176-1080	NA	neg	DH
P	1	1	0	0	20.07.2018	0102	0176	DE	BB	14532	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0102-0176-1081	NA	neg	DH
P	1	1	0	0	20.07.2018	0102	0176	DE	BB	14532	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0102-0176-1177	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	25.07.2018	0080	0139	DE	TH	98527	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0080-0139-1178	f	neg	DH
Z	1	0	0	0	25.07.2018	0080	0139	DE	TH	98527	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0080-0139-1179	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	25.07.2018	0080	0139	DE	TH	98527	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0080-0139-1180	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	25.07.2018	0080	0139	DE	TH	98527	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0080-0139-1181	f	neg	DH
Z	1	0	0	0	25.07.2018	0080	0139	DE	TH	98527	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0080-0139-1182	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	08.08.2018	0041	0067	DE	SN	02977	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0041-0067-1184	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	08.08.2018	0041	0067	DE	SN	02977	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0041-0067-1185	m	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	1	0	0	0	08.08.2018	0041	0067	DE	SN	02977	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0041-0067-1186	f	neg	DH
Z	1	0	0	0	08.08.2018	0041	0068	DE	SN	02977	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0041-0068-1187	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	08.08.2018	0041	0068	DE	SN	02977	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0041-0068-1188	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1193	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1194	f	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1195	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1196	f	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1197	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1198	f	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1199	j	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1200	j	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0004	0004	DE	BY	86153	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0004-0004-1201	j	neg	DH
Z	1	0	0	0	24.08.2018	0055	0091	DE	ST	39124	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0055-0091-0240	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	24.08.2018	0055	0091	DE	ST	39124	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0055-0091-0241	f	neg	DH
Z	1	0	0	0	24.08.2018	0055	0091	DE	ST	39124	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0055-0091-1203	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	24.08.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1205	f	neg	DH
Z	1	1	0	0	24.08.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1206	f	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1219	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1220	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1221	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1222	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1223	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1224	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1225	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1226	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1227	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1228	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1229	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	24.08.2018	0022	0032	DE	NI	27313	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0022-0032-1230	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	27.08.2018	0255	0438	DE	NA	00000	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0255-0438-1231	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	27.08.2018	0255	0438	DE	NA	00000	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0255-0438-1232	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	27.08.2018	0255	0438	DE	NA	00000	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0255-0438-1233	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	27.08.2018	0255	0438	DE	NA	00000	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0255-0438-1234	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	27.08.2018	0255	0438	DE	NA	00000	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0255-0438-1235	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	27.08.2018	0255	0438	DE	NA	00000	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0255-0438-1236	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	28.08.2018	0006	0008	DE	TH	36437	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0006-0008-1207	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	28.08.2018	0006	0008	DE	TH	36437	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0006-0008-1208	m	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1209	NA	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingsID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1210	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1211	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1212	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1213	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1214	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1215	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	28.08.2018	0006	0007	DE	TH	36437	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0006-0007-1216	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	28.08.2018	0083	0148	DE	NW	47652	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0083-0148-1217	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	28.08.2018	0083	0148	DE	NW	47652	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0083-0148-1218	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1237	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1238	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1239	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1240	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1241	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1242	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1243	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1244	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1245	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1246	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1247	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1248	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1249	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1250	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	30.08.2018	0066	0112	DE	NI	49082	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0066-0112-1251	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0010	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0011	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0012	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0013	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0014	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0015	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0016	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0017	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0018	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	01.09.2018	0088	0154	DE	MV	17438	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0088-0154-0019	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1252	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1253	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1254	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1255	NA	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingsID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1256	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1257	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0055	DE	MV	17489	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0033-0055-1258	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0056	DE	MV	17489	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0033-0056-1259	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0056	DE	MV	17489	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0033-0056-1260	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0056	DE	MV	17489	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0033-0056-1261	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0056	DE	MV	17489	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0033-0056-1262	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0056	DE	MV	17489	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0033-0056-1263	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	05.09.2018	0033	0056	DE	MV	17489	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0033-0056-1264	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	18.09.2018	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1307	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	18.09.2018	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1308	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	18.09.2018	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1309	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	18.09.2018	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1310	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	18.09.2018	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1311	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	18.09.2018	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1312	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	18.09.2018	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0086-0151-1313	m	neg	DH
Z	1	0	0	0	18.09.2018	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0086-0151-1314	f	neg	DH
P	1	0	0	0	18.09.2018	0130	0209	DE	SH	21785	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0130-0209-1313	f	neg	DH
P	1	0	0	0	18.09.2018	0130	0209	DE	SH	21785	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0130-0209-1314	m	neg	DH
P	1	0	0	0	18.09.2018	0130	0209	DE	SH	21785	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0130-0209-1315	f	neg	DH
P	1	0	0	0	18.09.2018	0130	0209	DE	SH	21785	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0130-0209-1316	m	neg	DH
P	1	1	0	0	25.09.2018	0254	0437	DE	NW	33098	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0254-0437-1317	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	02.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-1318	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	02.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-1319	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	02.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-1320	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	02.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-1321	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	02.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-1322	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	04.10.2018	0076	0129	DE	ST	39418	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0076-0129-0359	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1267	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1268	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1269	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1270	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1271	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1272	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1273	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1274	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1275	NA	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1276	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1277	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1278	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1279	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1280	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1281	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1282	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1283	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1284	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1285	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1286	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1287	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1288	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1289	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1290	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1291	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1292	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1293	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1294	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1295	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1296	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1297	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1298	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1299	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1300	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1301	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1302	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1303	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1304	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1305	NA	neg	DH
Z	0	1	0	0	09.10.2018	0042	0069	DE	NI	26349	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0042-0069-1306	NA	neg	DH
Z	0	0	1	0	09.10.2018	0024	0038	DE	TH	99087	<i>Xerus inauris</i>	Xerinae	0024-0038-1333	NA	neg	DH
Z	1	0	0	0	17.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0002	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	17.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0003	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	17.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0004	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	17.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0005	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	17.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0006	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	17.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0007	f	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	1	0	0	0	18.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0008	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	18.10.2018	0089	0156	DE	NW	42117	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0089-0156-0009	m	neg	DR
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1337	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1338	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1339	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1340	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1341	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1342	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1343	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1344	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1345	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1346	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1347	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1348	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1349	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1350	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1351	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1352	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1353	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1354	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1355	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1356	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1357	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1358	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1359	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1360	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1362	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1363	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1364	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1365	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1366	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1367	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1368	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1369	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1370	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1371	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1372	NA	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1373	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1374	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1375	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1376	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1377	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0321	DE	NW	58710	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0191-0321-1378	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0321	DE	NW	58710	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0191-0321-1379	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0321	DE	NW	58710	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0191-0321-1380	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0321	DE	NW	58710	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0191-0321-1381	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1382	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1383	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1384	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1385	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1386	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1387	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1388	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1389	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1390	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1391	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1392	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1393	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1394	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1395	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1396	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1397	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1398	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1399	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1400	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0322	DE	NW	58710	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0191-0322-1401	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1402	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1403	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1404	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1405	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1406	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1407	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1408	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1409	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0325	DE	NW	58710	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0191-0325-1410	NA	neg	DH

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1411	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1412	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1413	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1414	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1415	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1416	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1417	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	23.10.2018	0191	0327	DE	NW	58710	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0191-0327-1418	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	24.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1378	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	25.10.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1379	NA	neg	DH
Z	1	1	0	0	05.11.2018	0012	0017	DE	ST	06403	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0012-0017-0020	m	neg	DR
Z	1	1	0	0	05.11.2018	0012	0017	DE	ST	06403	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0012-0017-0021	f	neg	DR
Z	1	1	0	0	05.11.2018	0012	0017	DE	ST	06403	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0012-0017-0022	m	neg	DR
Z	1	1	0	0	05.11.2018	0012	0017	DE	ST	06403	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0012-0017-0023	f	neg	DR
Z	1	0	0	0	07.11.2018	0010	0014	DE	BE	10319	<i>Tamiods maclellandii</i>	Callosciurinae	0010-0014-0024	NA	neg	DR
Z	1	0	0	0	07.11.2018	0010	0014	DE	BE	10319	<i>Tamiods maclellandii</i>	Callosciurinae	0010-0014-0024	NA	neg	DR
Z	1	0	0	0	07.11.2018	0010	0014	DE	BE	10319	<i>Tamiods maclellandii</i>	Callosciurinae	0010-0014-0024	NA	neg	DR
P	0	0	1	0	12.11.2018	0287	0470	DE	NW	48143	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0287-0470-0027	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1425	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1426	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1427	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1428	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1429	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1430	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1431	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-1432	NA	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0324	DE	NW	58710	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0191-0324-1433	m	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0324	DE	NW	58710	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0191-0324-1434	m	neg	DH
P	1	0	0	0	13.11.2018	0191	0324	DE	NW	58710	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0191-0324-1435	f	neg	DH
Z	0	0	1	0	15.11.2018	0050	0082	DE	SN	04105	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0050-0082-0028	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	15.11.2018	0050	0082	DE	SN	04105	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0050-0082-0029	NA	neg	DR
Z	0	0	1	0	15.11.2018	0050	0082	DE	SN	04105	<i>Tamiods swinhoei</i>	Callosciurinae	0050-0082-0030	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	29.11.2018	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-0031	f	neg	DR
P	1	1	0	0	13.12.2018	0171	0257	DE	BW	70195	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0171-0257-0046	m	neg	DR
P	1	1	0	0	16.12.2018	0156	0242	DE	HH	20537	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0156-0242-0045	f	neg	DR
P	0	1	0	0	16.12.2018	0170	0256	DE	NW	57250	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0170-0256-0048	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0331	DE	BY	84072	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0192-0331-0033	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0331	DE	BY	84072	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0192-0331-0034	f	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0331	DE	BY	84072	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0192-0331-0035	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0331	DE	BY	84072	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0192-0331-0036	f	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0331	DE	BY	84072	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0192-0331-0037	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0331	DE	BY	84072	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0192-0331-0038	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0330	DE	BY	84072	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0192-0330-0039	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0330	DE	BY	84072	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0192-0330-0040	f	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0330	DE	BY	84072	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0192-0330-0041	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0330	DE	BY	84072	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0192-0330-0042	f	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0330	DE	BY	84072	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0192-0330-0043	m	neg	DR
P	1	1	0	0	17.12.2018	0192	0330	DE	BY	84072	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0192-0330-0044	f	neg	DR
P	1	1	0	0	18.12.2018	0103	0177	DE	ST	06217	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0103-0177-0047	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	19.12.2018	0128	0206	DE	BY	85461	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0128-0206-0050	f	neg	DR
P	1	0	0	0	19.12.2018	0128	0206	DE	BY	85461	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0128-0206-0051	m	neg	DR
P	1	1	0	0	19.12.2018	0128	0206	DE	BY	85461	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0128-0206-0052	m	neg	DR
P	1	1	0	0	19.12.2018	0128	0206	DE	BY	85461	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0128-0206-0053	m	neg	DR
P	1	1	0	0	20.12.2018	0137	0219	DE	NW	59909	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0137-0219-0049	m	neg	DR
P	0	0	1	0	03.01.2019	0288	0471	DE	BY	85762	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0288-0471-0153	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0054	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0055	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0056	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0057	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0058	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0059	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0060	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0061	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0062	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0063	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0064	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0065	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0066	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0067	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0068	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0069	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0070	m	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0071	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0072	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0073	f	neg	DR
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0074	f	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingsID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	08.01.2019	0111	0185	DE	SH	25885	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0111-0185-0075	f	neg	DR
P	0	1	0	0	13.01.2019	0181	0272	DE	ST	06925	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0181-0272-0125	NA	neg	DR
P	0	1	0	0	13.01.2019	0181	0272	DE	ST	06925	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0181-0272-0126	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0076	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0077	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0078	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0079	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0080	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0081	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0082	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0083	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0084	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0085	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0086	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0087	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0088	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0089	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0090	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0091	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0092	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0093	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0094	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0095	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0096	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0097	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0098	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0099	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0100	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0101	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0293	DE	SN	04928	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0186-0293-0102	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0103	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0104	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0105	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0106	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0294	DE	SN	04928	<i>Callosciurus notatus</i>	Callosciurinae	0186-0293-0107	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0108	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0109	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0110	m	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0111	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0112	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0113	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0114	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0115	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0295	DE	SN	04928	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0186-0295-0116	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0117	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0118	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0119	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0120	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0121	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0122	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2019	0186	0296	DE	SN	04928	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0186-0296-0123	f	neg	DR
P	0	0	1	0	17.01.2019	0285	0468	DE	BB	NA	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0285-0468-0124	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	24.01.2019	0245	0425	DE	RP	56587	<i>Callosciurus sp.</i>	Callosciurinae	0245-0425-0127	NA	neg	DR
P	0	0	1	0	05.02.2019	0178	0266	DE	ST	06809	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0178-0266-0287	m	neg	DR
P	1	0	0	0	06.02.2019	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-0128	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	06.02.2019	0191	0318	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides</i>	Sciurinae	0191-0318-0129	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	06.02.2019	0191	0315	DE	NW	58710	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0191-0315-0130	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	06.02.2019	0191	0315	DE	NW	58710	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0191-0315-0131	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	04.03.2019	0062	0106	DE	SL	66538	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0062-0106-0136	f	neg	DR
Z	1	1	0	0	04.03.2019	0062	0106	DE	SL	66538	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0062-0106-0137	f	neg	DR
Z	1	1	0	0	04.03.2019	0062	0106	DE	SL	66538	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0062-0106-0138	m	neg	DR
Z	1	1	0	0	04.03.2019	0062	0107	DE	SL	66538	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0062-0107-0139	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	04.03.2019	0062	0107	DE	SL	66538	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0062-0107-0140	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	04.03.2019	0062	0107	DE	SL	66538	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0062-0107-0141	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0231	DE	BB	16222	<i>borneoensis</i>	Callosciurinae	0146-0231-0142	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0231	DE	BB	16222	<i>Callosciurus prevostii borneoensis</i>	Callosciurinae	0146-0231-0143	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0232	DE	BB	16222	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0146-0232-0144	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0232	DE	BB	16222	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0146-0232-0145	f	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0229	DE	BB	16222	<i>Pteromys volans</i>	Sciurinae	0146-0229-0146	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0229	DE	BB	16222	<i>Pteromys volans</i>	Sciurinae	0146-0229-0147	f	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0229	DE	BB	16222	<i>Pteromys volans</i>	Sciurinae	0146-0229-0148	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0230	DE	BB	16222	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0146-0230-0149	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0230	DE	BB	16222	<i>Glaucomys volans</i>	Sciurinae	0146-0230-0150	f	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0229	DE	BB	16222	<i>Pteromys volans</i>	Sciurinae	0146-0229-0151	m	neg	DR
P	1	1	0	0	13.03.2019	0146	0229	DE	BB	16222	<i>Pteromys volans</i>	Sciurinae	0146-0229-0152	m	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingsID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0165	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0166	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0167	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0168	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0169	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0170	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0171	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0172	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-0173	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-0174	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-0175	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	28.03.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-0176	NA	neg	DR
Z	1	0	0	0	01.04.2019	0047	0074	DE	NW	50735	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0047-0074-0160	f	neg	DR
Z	1	0	0	0	01.04.2019	0047	0074	DE	NW	50735	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0047-0074-0161	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	01.04.2019	0047	0075	DE	NW	50735	<i>Heliosciurus rufobrachium</i>	Xerinae	0047-0075-0162	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	01.04.2019	0040	0065	DE	BY	95028	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0040-0065-0163	m	neg	DR
Z	1	1	0	0	01.04.2019	0040	0065	DE	BY	95028	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0040-0065-0164	f	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.04.2019	0265	0448	DE	MV	16278	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0265-0448-0179	NA	neg	DR
Z	0	1	0	0	12.04.2019	0040	0066	DE	BY	95028	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0040-0066-0177	NA	neg	DR
Z	0	1	0	0	12.04.2019	0040	0066	DE	BY	95028	<i>Cynomys ludovicianus</i>	Xerinae	0040-0066-0178	NA	neg	DR
Z	0	1	0	0	15.04.2019	0020	0029	DE	ST	06846	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0020-0029-0180	m	neg	DR
Z	0	1	0	0	15.04.2019	0020	0029	DE	ST	06846	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0020-0029-0181	f	neg	DR
Z	0	1	0	0	15.04.2019	0020	0029	DE	ST	06846	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0020-0029-0182	NA	neg	DR
Z	1	0	0	0	15.04.2019	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0086-0151-1481	f	neg	DR
Z	1	0	0	0	15.04.2019	0086	0151	DE	NI	21789	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0086-0151-1482	f	neg	DR
Z	0	1	0	0	23.04.2019	0017	0024	DE	SN	09117	<i>Tamias swinhoi</i>	Callosciurinae	0017-0024-0183	m	neg	DR
Z	0	1	0	0	23.04.2019	0017	0024	DE	SN	09117	<i>Tamias swinhoi</i>	Callosciurinae	0017-0024-0184	f	neg	DR
Z	1	0	0	0	14.05.2019	0013	0019	DE	NW	33618	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0013-0019-0185	NA	neg	DR
Z	0	1	0	0	14.05.2019	0013	0019	DE	NW	33618	<i>Marmota marmota</i>	Xerinae	0013-0019-0186	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0187	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0188	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0189	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0190	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0191	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0192	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0193	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0194	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0410	DE	BY	91313	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0233-0410-0195	NA	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0893	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0894	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0895	f	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0897	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0898	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0899	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0900	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0901	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0902	m	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0205	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0206	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0207	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0208	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.05.2019	0233	0409	DE	BY	91313	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0233-0409-0209	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0387	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0388	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0375	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0376	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0378	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0377	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0382	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0389	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0390	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0383	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0384	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-0385	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0168	DE	BB	15518	<i>Sciurus niger</i>	Sciurinae	0101-0168-0399	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0168	DE	BB	15518	<i>Sciurus niger</i>	Sciurinae	0101-0168-0400	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0168	DE	BB	15518	<i>Sciurus niger</i>	Sciurinae	0101-0168-0224	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0391	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0392	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0227	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0172	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0101-0172-0228	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0173	DE	BB	15518	<i>Tamias sibiricus</i>	Xerinae	0101-0173-0418	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0174	DE	BB	15518	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0101-0174-0230	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0174	DE	BB	15518	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0101-0174-0231	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0174	DE	BB	15518	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0101-0174-0232	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0168	DE	BB	15518	<i>Sciurus niger</i>	Sciurinae	0101-0168-0233	f	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingsID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0170	DE	BB	15518	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0101-0170-0234	f	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0175	DE	BB	15518	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0101-0175-0235	m	neg	DR
P	1	0	0	0	17.05.2019	0101	0175	DE	BB	15518	<i>Sciurotamias davidianus</i>	Xerinae	0101-0175-0236	m	neg	DR
P	1	0	0	0	20.05.2019	0264	0447	DE	BW	76307	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0264-0447-0237	f	neg	DR
P	1	0	0	0	20.05.2019	0264	0447	DE	BW	76307	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0264-0447-0238	f	neg	DR
Z	1	0	0	0	03.06.2019	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1483	NA	neg	DR
Z	1	0	0	0	03.06.2019	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1484	NA	neg	DR
Z	0	1	0	0	03.06.2019	0086	0152	DE	NI	21789	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0086-0152-1485	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.07.2019	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1489	m	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.07.2019	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1490	f	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.07.2019	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1491	j	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.07.2019	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1492	j	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.07.2019	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1493	j	neg	DR
Z	1	1	0	0	08.07.2019	0070	0116	DE	NW	45657	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0070-0116-1494	j	neg	DR
Z	0	1	0	0	19.07.2019	0025	0039	DE	HE	60316	<i>Xerus inauris</i>	Xerinae	0025-0039-1495	m	neg	DR
Z	0	1	0	0	19.07.2019	0025	0039	DE	HE	60316	<i>Xerus inauris</i>	Xerinae	0025-0039-1496	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1497	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1498	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1499	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1500	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1501	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1502	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1503	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1504	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-1505	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-1506	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.07.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1507	m	neg	DR
P	1	0	1	0	05.08.2019	0282	0465	DE	SH	24340	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0282-0465-1508	j	neg	DR
Z	1	1	0	0	29.08.2019	0030	0046	DE	SH	24214	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0030-0046-1510	f	neg	DR
P	0	0	0	1	02.09.2019	0294	0482	DE	NI	38518	<i>Callosciurus sp.</i>	Callosciurinae	0294-0482-1511	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	04.09.2019	0101	0169	DE	BB	15518	<i>Sciurus granatensis</i>	Sciurinae	0101-0169-1512	m	neg	DR
P	1	0	0	0	04.09.2019	0101	0170	DE	BB	15518	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	0101-0170-1513	m	neg	DR
P	1	0	0	0	04.09.2019	0101	0169	DE	BB	15518	<i>Sciurus granatensis</i>	Sciurinae	0101-0169-1514	f	neg	DR
P	1	0	0	0	04.09.2019	0101	0169	DE	BB	15518	<i>Sciurus granatensis</i>	Sciurinae	0101-0169-1515	f	neg	DR
P	1	0	0	0	04.09.2019	0101	0171	DE	BB	15518	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0101-0171-1516	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	04.09.2019	0017	0024	DE	SN	09117	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0017-0024-1517	m	neg	DR
Z	1	0	0	0	04.09.2019	0017	0024	DE	SN	09117	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0017-0024-1518	f	neg	DR
Z	1	0	0	0	04.09.2019	0017	0024	DE	SN	09117	<i>Tamiops swinhoei</i>	Callosciurinae	0017-0024-1519	f	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
Z	1	0	0	0	04.09.2019	0017	0024	DE	SN	09117	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0017-0024-1520	f	neg	DR
Z	0	0	1	0	14.09.2019	0012	0017	DE	ST	06403	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0012-0017-1523	m	neg	DR
P	1	1	0	0	19.09.2019	0295	0483	DE	SL	66787	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0295-0483-1524	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	19.09.2019	0295	0483	DE	SL	66787	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0295-0483-1525	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	19.09.2019	0295	0483	DE	SL	66787	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0295-0483-1526	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	19.09.2019	0295	0483	DE	SL	66787	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0295-0483-1527	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	19.09.2019	0295	0483	DE	SL	66787	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0295-0483-1528	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-1537	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-1538	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0320	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides dorsalis</i>	Sciurinae	0191-0320-1539	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1540	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1541	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1542	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1543	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1544	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	25.09.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1545	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	26.09.2019	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1533	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	26.09.2019	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1534	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	26.09.2019	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1533	NA	neg	DR
Z	1	1	0	0	26.09.2019	0023	0033	DE	SN	01219	<i>Callosciurus prevostii rafflesii</i>	Callosciurinae	0023-0033-1534	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	30.09.2019	0305	0494	DE	ST	03931	<i>Sciurus vulgaris</i>	Sciurinae	#NV	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	19.10.2019	0299	0487	DE	SN	07980	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0299-0487-1554	f	neg	DR
P	1	0	0	0	19.10.2019	0299	0487	DE	SN	07980	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0299-0487-1555	f	neg	DR
P	1	0	0	0	19.10.2019	0299	0487	DE	SN	07980	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0299-0487-1556	f	neg	DR
P	0	0	1	0	19.10.2019	0299	0487	DE	SN	07980	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0299-0487-1557	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1560	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1561	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1562	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1563	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1564	f	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1565	m	neg	DR
P	1	0	0	0	31.10.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1566	m	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1567	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1568	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1569	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1570	m	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1571	m	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1572	f	neg	DR

Anhang

Sector	Oral swab	Feces	Brain	Blood	Date	HoldingID	SubpopID	Country	Federal State	ZIP	Species	Subfamily	AnimalID	Sex	Result	Lab
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1573	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1574	m	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1575	m	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1576	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1577	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1578	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1579	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1580	f	neg	DR
P	1	0	0	0	02.11.2019	0210	0369	DE	NI	27318	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0210-0369-1581	f	neg	DR
P	1	1	0	0	05.11.2019	0304	0493	DE	SN	04103	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0304-0493-0001	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	05.11.2019	0304	0493	DE	SN	04103	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0304-0493-0002	NA	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0488	DE	NI	28844	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0300-0488-1582	f	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0488	DE	NI	28844	<i>Tamias striatus</i>	Xerinae	0300-0488-1583	m	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1584	m	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1585	m	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1586	f	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1587	f	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1588	f	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1589	f	neg	DR
P	1	1	0	0	06.11.2019	0300	0489	DE	NI	28844	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0300-0489-1590	f	neg	DR
P	1	1	0	0	15.11.2019	0303	0492	DE	BB	15230	<i>Tamias swinhoei</i>	Callosciurinae	0303-0492-0001	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	02.12.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1594	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	02.12.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1595	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	02.12.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1596	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	02.12.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1597	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	02.12.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1598	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	02.12.2019	0191	0319	DE	NW	58710	<i>Sciurus variegatoides atrirufus</i>	Sciurinae	0191-0319-1599	NA	neg	DR
Z	1	0	0	0	27.12.2019	0074	0121	DE	SL	66121	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0074-0121-1602	m	neg	DR
Z	0	0	1	0	27.12.2019	0074	0121	DE	SL	66121	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0074-0121-0918	m	pos	DR
P	0	1	0	0	15.01.2020	0318	0507	DE	BY	80539	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0318-0507-0001	NA	neg	DR
P	1	0	0	0	15.01.2020	0318	0507	DE	BY	80539	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0318-0507-0002	NA	neg	DR
Z	0	1	0	0	14.02.2020	0074	0121	DE	SL	66121	<i>Callosciurus prevostii</i>	Callosciurinae	0074-0121-1604	f	neg	DR

Tabelle 11: Datensatz über alle beprobten Einzeltiere innerhalb des Zeitraums der Querschnittsstudie von Januar 2018 bis Januar 2020

Zusammen mit den Ergebnissen des Pilotzeitraums wurden im privaten Sektor Maultupfer, Kot oder Organproben von insgesamt 858 unterschiedlichen Individuen aus 128 Subpopulationen mittels RT-qPCR untersucht. Dabei gelang der Nachweis von VSBV-1-spezifischer RNA in Proben von 23 Tieren im Pilotzeitraum (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b). Das Arten- sowie das Geschlechterverhältnis ist **Tabelle 12** zu entnehmen.

Spezies	Anzahl Subpopulationen	Anzahl Individuen	davon positiv	Anzahl weiblich	davon positiv	Anzahl männlich	davon positiv	Anzahl juvenil	davon positiv	Anzahl Geschlecht NA	davon positiv
Callosciurinae											
<i>Callosciurus erythraeus</i>	2	9	0	2	0	7	0	0	0	0	0
<i>Callosciurus finlaysonii</i>	3	15	1	6	0	9	1	0	0	0	0
<i>Callosciurus notatus</i>	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Callosciurus prevostii</i>	19	74	12	30	6	28	5	2	1	14	0
<i>Callosciurus sp.</i>	3	3	0	0	0	0	0	0	0	3	0
<i>Tamiops swinhoi</i>	23	195	1	78	0	59	1	0	0	58	0
Sciurinae											
<i>Glaucomys volans</i>	2	10	0	1	0	1	0	0	0	8	0
<i>Pteromys volans</i>	2	7	0	2	0	5	0	0	0	0	0
<i>Sciurus granatensis</i>	7	23	1	12	0	11	1	0	0	0	0
<i>Sciurus niger</i>	2	6	0	4	0	2	0	0	0	0	0
<i>Sciurus variegatoides</i>	26	296	8	97	2	89	5	1	0	109	1
<i>Sciurus vulgaris</i>	21	162	0	65	0	72	0	1	0	24	0
Xerinae											
<i>Sciurotamias davidianus</i>	2	12	0	4	0	8	0	0	0	0	0
<i>Spermophilus variegatus</i>	1	2	0	1	0	1	0	0	0	0	0
<i>Tamias sibiricus</i>	9	14	0	3	0	10	0	0	0	1	0
<i>Tamias striatus</i>	5	29	0	11	0	8	0	0	0	10	0
Gesamtergebnis	128	858	23	317	8	310	13	4	1	227	1

Tabelle 12: Übersicht über das Spezies- und Geschlechterverhältnis der im gesamten fünfjährigen Zeitraum nach Entdeckung von VSBV-1 im Jahr 2015 (Hoffmann et al. 2015) bis Januar 2020 befundeten Einzeltiere des privaten Sektors

Zusammen mit den Ergebnissen des Pilotzeitraums wurden im Zoo-Sektor Maultupfer, Kot oder Organproben von insgesamt 521 unterschiedlichen Individuen aus 88 Subpopulationen mittels RT-qPCR untersucht. Dabei gelang der Nachweis von VSBV-1-spezifischer RNA in Proben von 5 Tieren im Pilotzeitraum (Schlottau et al. 2017a; Schlottau et al. 2017b) und von einem Hörnchen im Zeitraum der Querschnittsstudie. Das Arten- sowie das Geschlechterverhältnis ist **Tabelle 13** zu entnehmen.

Anhang

Spezies	Anzahl Sub- populationen	Anzahl Individuen	davon positiv	Anzahl weiblich	davon positiv	Anzahl männlich	davon positiv	Anzahl juvenil	davon positiv	Anzahl Geschlecht NA	davon positiv
Callosciurinae											
<i>Callosciurus erythraeus</i>	1	4	0	2	0	2	0	0	0	0	0
<i>Callosciurus prevostii</i>	23	118	6	47	3	54	3	3	0	14	0
<i>Tamiops mccllellandii</i>	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Tamiops swinhoi</i>	17	93	0	20	0	18	0	7	0	48	0
Ratufinae											
<i>Ratufa macroura</i>	1	2	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Sciurinae											
<i>Microsciurus sp.</i>	1	2	0	0	0	0	0	0	0	2	0
<i>Sciurus variegatoides</i>	3	7	0	2	0	2	0	0	0	3	0
<i>Sciurus vulgaris</i>	6	28	0	3	0	7	0	0	0	18	0
<i>Sciurus yucatanensis</i>	1	5	0	0	0	0	0	0	0	5	0
<i>Tamiasciurus hudsonicus</i>	3	9	0	1	0	2	0	0	0	6	0
Xerinae											
<i>Cynomys ludovicianus</i>	15	177	0	2	0	8	0	0	0	167	0
<i>Heliosciurus rufobrachium</i>	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Marmota marmota</i>	2	12	0	0	0	0	0	0	0	12	0
<i>Paraxerus cepapi</i>	1	2	0	1	0	1	0	0	0	0	0
<i>Sciurotamias davidianus</i>	4	14	0	1	0	3	0	0	0	10	0
<i>Spermophilus citellus</i>	2	39	0	0	0	0	0	0	0	39	0
<i>Tamias sibiricus</i>	2	2	0	1	0	0	0	0	0	1	0
<i>Xerus inauris</i>	4	5	0	1	0	1	0	0	0	3	0
Gesamtergebnis	88	521	6	82	3	99	3	10	0	330	0

Tabelle 13: Übersicht über das Spezies- und Geschlechterverhältnis der im gesamten fünfjährigen Zeitraum nach Entdeckung von VSBV-1 im Jahr 2015 (Hoffmann et al. 2015) bis Januar 2020 befundenen Einzeltiere des Zoosektors

14 Publikationsverzeichnis

14.1 Wissenschaftliche Artikel

Tappe, D, Frank, C, Homeier-Bachmann, T, Wilking, H, **Allendorf, V**, Schlottau, K, Munoz-Fontela, C, Rottstegge, M, Port, JR, Rissland, J, Eisermann, P, Beer, M, & Schmidt-Chanasit, J. (2019): Analysis of exotic squirrel trade and detection of human infections with variegated squirrel bornavirus 1, Germany, 2005 to 2018. Euro Surveill, 24(8). doi:10.2807/1560-7917.ES.2019.24.8.1800483

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Frank, C, Hoffmann, D, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T (2021): Assessing the occurrence of the novel zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 in captive squirrels in Germany – a prevalence study. Zoonoses Public Health, 68, 110-120. doi:10.1111/zph.12801

Cadar, D, **Allendorf, V**, Schulze, V, Ulrich, RG, Schlottau, K, Ebinger, A, Hoffmann, B, Hoffmann, D, Rubbenstroth, D, Ismer, G, Kibbey, C, Marthaler, A, Rissland, J, Leyboldt, F, Stangel, M, Schmidt-Chanasit, J, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T, Tappe, D (2021): Introduction and spread of variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) between exotic squirrels and spill-over infections to humans in Germany. Emerg Microbes Infect, 10, 602-611. doi:10.1080/22221751.2021.1902752

14.2 Populärwissenschaftliche Artikel

Allendorf, V, Schlottau, K, Hoffmann, D, Schulze, V, Höper, D, Ulrich, RG, Hoffmann, B, Homeier-Bachmann, T, Beer, M, Conraths, FJ. (2017). Neues Forschungsprojekt zum Bunthörnchen-Bornavirus 1. Rodentia - Kleinsäuger-Fachmagazin, Jahrgang 17(3), 41-43.

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Ulrich, RG, Schlottau, K, Schulze, V, Hoffmann, D, Beer, M, Homeier-Bachmann, T. (2018). Bornaviren in exotischen Hörnchen und Spitzmäusen - eine neue Gefahr für den Menschen. Eliomys, 3/2018, 20-24.

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Hoffmann, D, Höper, D, Ebinger, A, Schulze, V, Ulrich, RG, Homeier-Bachmann, T, Beer, M (2019): Zoonotische Bornaviren – Zoonotic Borna Viruses. Tiergesundheitsjahresbericht 2018, 19. Jahrgang 2019 ISSN 1867-9374.

14.3 Vorträge

Allendorf, V: Das Bunthörnchen-Borna-Virus 1 - Neues zum Stand der Forschung. Herbsttreffen der Bundes-Arbeitsgruppe Kleinsäuger e.V., Kronberg, Okt 2017

Allendorf, V, Homeier-Bachmann, T: Das Bunthörnchen-Bornavirus 1 – epidemiologische Studie in zoologischen Haltungen. Tagung der Deutschen Tierpark-Gesellschaft, Weißwasser, 25.-27.04.2018

Allendorf, V, Homeier-Bachmann, T: The Variegated squirrel bornavirus 1 – epidemiologic survey in captive squirrels. Small Mammal TAG Meeting, Halle, 24.-26.05.2018

Allendorf, V: The variegated squirrel bornavirus 1 in captive squirrels in Germany - An epidemiologic survey. FLI Junior Scientist Symposium, Greifswald, 25.09.2018

Allendorf, V, Schlottau, K, Schulze, V, Conraths, FJ, Ulrich, RG, Beer, M, Homeier-Bachmann, T: Zoonoses in Exotic Pets - Epidemiologic Survey on the Variegated Squirrel Bornavirus 1 in Captive Squirrels (Family Sciuridae) in Germany. National Symposium on Zoonoses Research, Berlin, 17.–19.10.2018

Allendorf, V: VSBV-1 in Hörnchenhaltungen – Grundlage für eine Prävalenzstudie. Workshop „Nagetier-übertragene Pathogene“, Berlin, 28.-30.11.2018

Allendorf, V: Das Bunthörnchen-Bornavirus 1 in Hörnchenhaltungen. Frühjahrstreffen der Bundes-Arbeitsgruppe Kleinsäuger e.V., Görlitz, 30.03.2019

Allendorf, V: The Variegated squirrel bornavirus 1 – present situation and future perspective. EAZA Small Mammal Taxon Advisory Group mid-year Meeting, Zagreb, 20.-26.05.2019

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Beer, M, Conraths, FJ, Homeier-Bachmann, T: The zoonotic Variegated Squirrel Bornavirus 1 in captive squirrels. Fachgruppentagung der DVG-Fachgruppe für Tropenveterinärmedizin und Internationale Tiergesundheit, DVG-Vet-Congress, virtuell, 17.10.2020

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Frank, C, Hoffmann, D, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T: Prävalenz des zoonotischen Bunthörnchen-Bornavirus 1 in deutschen Hörnchenhaltungen. Epi-Days, Greifswald-Insel Riems, 05.11.2020

14.4 Poster

Allendorf, V, Conraths, FJ, Homeier-Bachmann, T: Zoonotic Pathogens in Exotic Pets – Epidemiologic Survey on VSBV-1. Tagung der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie, Bochum, 19.-21.02.2018

Allendorf, V, Conraths, FJ, Homeier-Bachmann, T: Das zoonotische Bunthörnchen-Bornavirus 1 –Prävalenzstudie in deutschen Sciuridenhaltungen. DACH-Tagung der DVG-Fachgruppe für Epidemiologie und Dokumentation, Greifswald, 05.-07.09.2018

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Frank, C, Hoffmann, D, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T: Cross-sectional study on the presence of the zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) in captive Sciurids in Germany. DACH-Tagung der DVG-Fachgruppe für Epidemiologie und Dokumentation, Freising, 04.-06.09.2019

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Frank, C, Hoffmann, D, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T: Cross-sectional study on the presence of the zoonotic

variegated squirrel bornavirus 1 in captive Sciurids in Germany. FLI Junior Scientist Symposium, Jena, 25.-27.09.2019 Jena

Allendorf, V, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Frank, C, Hoffmann, D, Conraths, FJ, Beer, M, Homeier-Bachmann, T: Cross-sectional study on the presence of the zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 in captive Sciurids in Germany. International Symposium on Zoonoses Research, Berlin, 16.-18.10.2019

Allendorf, V, Cadar, D, Rubbenstroth, D, Schlottau, K, Hoffmann, D, Kibbey, C, Tappe, D Beer, M, Conraths, FJ, Homeier-Bachmann, T: Trade analysis points towards a South-East Asian origin of zoonotic Variegated squirrel bornavirus 1. International Symposium on Zoonoses Research, Berlin, 15.-16.10.2020

15 Danksagung

An erster Stelle möchte ich mich sehr bei Prof. Dr. Franz J. Conraths für die Überlassung des interessanten Forschungsthemas, für die zuverlässige Unterstützung, sowie die hilfreichen Kommentare bedanken.

Ganz besonders bedanken möchte ich mich bei meinem Betreuer Dr. Timo Homeier-Bachmann, der mir stets geduldig durch konstruktive Gespräche und Diskussionen, das Aufzeigen neuer Blickwinkel und durch seinen unerschütterlichen Optimismus zur Seite stand.

Ein großer Dank geht an die Mitglieder des *Zoonotic Bornavirus Consortium*, die mich durch ihre vielen Ideen, Anregungen und ihr umfangreiches Wissen auf dem Weg zu dieser Arbeit unterstützt haben. Besonders möchte ich mich bei Prof. Dr. Martin Beer für seinen unerschöpflichen Ideenreichtum und sein motivierendes Feedback bedanken. Prof. Dr. Dennis Tappe danke ich für die Unterstützung bei der akribischen Aufarbeitung des Handelsnetzwerks. Dr. Dennis Rubbenstroth, Dr. Kore Schlottau und PD Dr. Donata Hoffmann danke ich für ihre zuverlässige Ansprechbarkeit, die geduldige Beantwortung meiner Fragen und vor allem die labor-diagnostische Aufarbeitung der Proben.

Ich bedanke mich bei allen Mitarbeiter*innen des Instituts für Epidemiologie des Friedrich-Loeffler-Instituts. Ich möchte insbesondere PD Dr. Carola Sauter-Louis, Dr. Susanne Amler und Dr. Jana Schulz für die Hilfestellung bei allen Fragen rund um die Statistik danken. Dr. Hartmut Lentz danke ich für die Einarbeitung in Netzwerkanalysen.

Ich möchte mich ausdrücklich bei allen Teilnehmer*innen der Register- und Querschnittsstudie bedanken, die durch ihre Aufgeschlossenheit und ihre Kooperationsbereitschaft die Umsetzung dieser Studien erst ermöglicht haben. Weiterhin gilt mein herzlicher Dank Klaus Rudloff und Chris Kibbey, die mir mit ihrem umfassenden Wissen zu Hörnchenhaltungen in Zoos und ihrer ausgezeichneten Vernetzung viele Wege geebnet haben. Außerdem danke ich allen Hörnchenhalter*innen und Angehörigen für ihre Teilnahmebereitschaft an den eingehenden Befragungen, für ihre Offenheit und ihr Vertrauen. Erst durch sie konnte das Bild des Handelsnetzes vervollständigt werden.

Ich danke dem Bundesministerium für Bildung und Forschung und der Zoonosenplattform für die Finanzierung des *Zoonotic Bornavirus Consortium* und die damit verbundene Möglichkeit für mich, dieses Projekt bearbeiten zu können.

Abschließend möchte ich mich bei meinen Freund*innen und meiner Familie bedanken, die mich stets moralisch unterstützt und mich in schwierigen Zeiten aufgebaut haben. Ohne Euren unermüdlichen Zuspruch und Eure Motivation wäre diese Arbeit wohl nicht entstanden.

16 Finanzierungsquellen

Die Arbeiten wurden finanziell unterstützt durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung im Rahmen des *Zoonotic Bornavirus Consortium* (Förderkennzeichen 01KI1722A) als Verbundprojekt innerhalb des Nationalen Forschungsnetzes zoonotische Infektionskrankheiten.

17 Selbstständigkeitserklärung

Hiermit bestätige ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig angefertigt habe. Ich versichere, dass ich ausschließlich die angegebenen Quellen und Hilfen in Anspruch genommen habe.

Valerie Allendorf

Greifswald, den 04. Mai 2021



9 783967 291094

mbvberlin mensch und buch verlag

49,90 Euro | ISBN: 978-3-96729-109-4