

BioFokus

Virusreservoir Wildtiere, Zecken und Mücken

Dr. Jakub Kubacki und Prof. Dr. Cornel Fraefel
Virologisches Institut, Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich

Animaux sauvages, tiques et moustiques en tant que réservoirs de virus

Dr Jakub Kubacki und Prof. Dr Cornel Fraefel
Institut de virologie, Faculté Vetsuisse, Université de Zurich

Forschung für Leben


www.forschung-leben.ch

Zusammenfassung

Résumé

Worum es geht

Wir Menschen teilen das Ökosystem mit vielen anderen Organismen. Es ist deshalb unvermeidlich, dass gelegentlich Krankheitserreger von einem Wirt auf einen anderen übertragen werden, teilweise mit verheerenden Folgen für den neuen Wirt oder gar die gesamte neue Wirts-Population. Beispiele für solche sogenannten zoonotischen Krankheiten sind seit Jahrhunderten bekannt und reichen bis in die Gegenwart, mit der SARS-CoV-2 Pandemie als aktuellstem Fall. Es wird angenommen, dass bis zu 60 % aller Infektionskrankheiten und bis zu 70 % aller neu auftretenden Infektionskrankheiten beim Menschen zoonotischen Ursprungs sind. Es gibt auch Anhaltspunkte dafür, dass zoonotische Krankheitserreger zunehmend in Erscheinung treten, möglicherweise aufgrund von Umwelt- und Klimaveränderungen und schnell fortschreitender Urbanisierung. Mücken, Zecken, Fledermäuse und Wildvögel sind nur wenige Beispiele bekannter Arten, die als Reservoir und/oder Vektoren für eine Vielzahl von pathogenen Viren, Bakterien und Parasiten, dienen.

Am Virologischen Institut der Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich, haben wir im Jahr 2019 die interdisziplinäre Forschungsgruppe für Umweltvirologie etabliert, um die Auswirkung von Umweltveränderungen auf die Zusammensetzung der Virusgemeinschaft in Reservoir- und Vektorspezies zu untersuchen. Diese Arbeiten geben Aufschluss über die Verbreitung von Viren, die Veränderung der viralen Genome, die Vektor-kompetenz und das Zoonoserisiko und ermöglichen es, neue Viren oder neu in der Schweiz auftretende Viren zu entdecken.

De quoi s'agit-il?

L'être humain se partage l'écosystème avec de nombreux autres organismes. Il est donc inévitable que des agents pathogènes se transmettent de temps à autres d'un hôte à un autre, parfois avec des conséquences dramatiques pour le nouvel hôte, voire pour l'ensemble de la nouvelle population hôte. Des exemples de maladies de ce genre, appelées zoonoses, sont connus depuis des siècles et apparaissent également de nos jours, l'exemple le plus récent étant la pandémie de SARS-CoV-2. On suppose que jusqu'à 60 % de l'ensemble des maladies infectieuses et jusqu'à 70 % des nouvelles maladies infectieuses apparaissant chez l'être humain sont d'origine animale. Mais il y a aussi des indices selon lesquels les agents pathogènes zoonotiques seraient de plus en plus fréquents, peut-être en raison de modifications environnementales et climatiques et du développement rapide de l'urbanisation. Les moustiques, les tiques, les chauves-souris et les oiseaux sauvages ne sont que quelques exemples d'espèces connues qui servent de réservoirs et/ou de vecteurs à un grand nombre de virus, bactéries et parasites pathogènes.

En 2019, nous avons mis en place à l'Institut de virologie de la faculté Vetsuisse de l'Université de Zurich un groupe de recherche interdisciplinaire en virologie environnementale, de manière à étudier l'impact des modifications environnementales sur la composition des populations de virus dans les espèces réservoirs et vecteurs. Ces travaux nous donnent des indications sur la diffusion des virus, la modification des génomes viraux, la compétence vectorielle et le risque de zoonoses et nous permettent de découvrir des virus, soit nouveaux, soit dont l'apparition en Suisse est nouvelle.

Virusreservoir Wildtiere, Zecken und Mücken

Inhaltsverzeichnis

- **Einleitung** 3
- **Betacoronaviren in einheimischen Fledermäusen** 3
- **Neues Virus in Zecken in der Schweiz** 4
- **Asiatische Tigermücken im Kanton Tessin beherbergen (noch) keine gefährlichen Viren** 5
- **Das Risiko von «fliegenden» Viren** 6
- **Schlussfolgerung** 7
- **Referenzen** 8

Einleitung

Die Entwicklung der sogenannten «next generation sequencing» (NGS) oder high-throughput sequencing (HTS) Methoden hat die Bestimmung der Virusdiversität in Reservoir Arten und Vektoren erheblich erleichtert¹⁻⁵. Ein massiver Sequenzierungsansatz ermöglicht die unvoreingenommene Identifizierung aller Virusgenome, die in einer Probe vorhanden sind. Bevor NGS zur Verfügung stand, erfolgte der Virusnachweis und die Bestimmung der Prävalenz und Konzentration spezifischer Viren mittels PCR, so z.B. in einer Fledermaus-Lyssavirus-Prävalenzstudie in der Schweiz⁶, oder indirekt mittels serologischer Methoden. Letztere messen spezifische Antikörper, welche ein Wirt bei einer vergangenen Virus-Infektion zur Virus-Abwehr produzierte, liefern aber keine Informationen über das Virus selbst. Für beide Tests, PCR und Serologie, sind zudem Vorkenntnisse über die zu identifizierenden Viren erforderlich, unbekannte Pathogene werden nicht erkannt.

Die Gruppe Umweltvirologie am Virologischen Institut der Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich, hat in den vergangenen Jahren die Virusdiversität in verschiedenen einheimischen Reservoir- und Vektorspezies bestimmt. Eine Auswahl der Ergebnisse ist in den folgenden Kapiteln zusammengefasst.

Betacoronaviren in einheimischen Fledermäusen

Wildtiere sind das wichtigste Reservoir neu auftretender Infektionskrankheiten, die Menschen und Haustiere betreffen^{1, 7-9}. Es ist bekannt, dass Fledermäuse mehrere gefürchtete virale Zoonosen wie SARS- und MERS-Coronaviren, Hendra-Virus, Nipah-Virus, Ebola-Virus und Tollwutvirus direkt oder über Zwischenwirte wie Pferde, Schweine und Primaten auf den Menschen übertragen^{10, 11}. Der Quartierlebensraum in Fledermauskolonien, die Langlebigkeit und die Migration für den Winterschlaf machen Fledermäuse zu idealen Wirten und Reservoirs und unterstützen dabei die Viruspersistenz, die Übertragung zwischen Individuen und den Wirtswechsel¹². Die meisten der in Fledermäusen gefundenen Viren verursachen keine klinischen Erkrankungen bei den Tieren, wahrscheinlich aufgrund einer langen evolutionären Wirt-Pathogen-Beziehung, da Fledermäuse phylogenetisch zu den ältesten Säugetieren gehören^{13, 14}. Bis zu 70 % der neu auftretenden Infektionskrankheiten resultieren aus einem Spillover einer Tierart, wobei die Mehrheit aus Wildtierreservoirs stammt⁷. In Europa gibt es mindestens 53 Fledermausarten und 30 davon sind auch in der Schweiz endemisch¹⁵. Das grosse Mausohr (*Myotis myotis*) ist eine der häufigsten Fledermausarten in Europa mit möglichem indirektem Kontakt zum Menschen durch Kot und Urin, da sich die Tiere oft in Gebäuden aufhalten. In der Schweiz werden die 100 bekannten *Myotis*

myotis-Kolonien aktiv überwacht, was das Zählen der Tiere, die Reinigung der Einstände und die Bereitstellung einer sicheren Umgebung für die Tiere, z.B. während Bauarbeiten, umfasst (<https://fledermausschutz.ch/grosses-mausohr>). Neben den in der Schweiz überwinternden einheimischen Kurzstreckenzug-Fledermausarten gibt es die Langstreckenzug-Fledermausarten. *Vespertillo murinus* z. B., eine mittelgrosse Fledermausart mit Flugstrecken von über 1000 km, hält sich nur über den Sommer in der Schweiz auf.

Kürzlich führten wir eine grosse Studie an mehr als 7000 Fledermäusen zur Bestimmung der Virusdiversität in Schweizer Fledermäusen durch, darunter 14 einheimische und 4 wandernde Arten, um das potenzielle zoonotische Risiko abzuschätzen¹⁶. Die Proben wurden von Fledermäusen gesammelt, die in Fledermauspflagestationen in 9 Kantonen vorgestellt oder eingeschläfert wurden, und von ausgewählten Fledermauskolonien aus 10 verschiedenen Kantonen. Dabei wurden Viren aus 39 verschiedenen Virusfamilien entdeckt, darunter 16 Familien von Viren, die Wirbeltiere infizieren. Dazu gehörte auch eines mit dem MERS-Coronavirus verwandeten Betacoronavirus, welches in einer Kolonie von *Vespertillo murinus* Fledermäusen nachgewiesen wurde. Die Kolonie wurde in den letzten 3 Jahren weiter beprobt, was spannende Resultate zur Evolution von Betacoronaviren im natürlichen Reservoir lieferte¹⁷. Eine Gefahr für die Übertragung dieses Virus mit Krankheitsfolge für den Menschen besteht nicht.

Neues Virus in Zecken in der Schweiz

Zecken sind eine vielfältige Gruppe von Arthropoden mit weltweit mehr als 800 bekannten Arten aus drei verschiedenen Familien, Argasidae (weiche Zecken), Ixodidae (harte Zecken) und Nuttalliellidae (monospezifisch). *Ixodes ricinus* ist die häufigste

Zeckenart und der primäre Überträger zoonotischer Pathogene viralen, bakteriellen und protozoischen Ursprungs in der Schweiz, aber auch andere endemische Arten können als Vektoren dienen. Zu den in Europa am häufigsten durch Zecken übertragenen Krankheitserregern gehören das Frühsommer-Meningoenzephalitis Virus (FSME-Virus), *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia miyamotoi*, *Rickettsia* spp., *Anaplasma phagozytophilum*, *Candidatus Neoehrlichia* und *Babesia* spp.. Mehrere Studien haben die Prävalenz dieser Pathogene in *Ixodes ricinus* Zecken in der Schweiz mittels PCR untersucht. Je nach Ort der Probenentnahme lagen die Trägerraten zwischen 0 und 11,1 % für FSMEV, 18–47 % für *B. burgdorferi*, 2,5 % für *B. miyamotoi*, 10,2–13,5 % für *Rickettsia*, 1,4–1,5 % für *A. phagozytophilum*, 6,2–6,4 % für *C. Neoehrlichia* und 0,7–1,9 % für *Babesia* spp.^{18–23}. Darüber hinaus wurde in einer Studie aus dem Jahr 2000 gezeigt, dass 0,12 % der Zecken auch *Francisella tularensis* Bakterien tragen²³.

In der Schweiz kommen jährlich 100–250 Fälle von FSME (www.bag.admin.ch/bag/de/home/krankheiten/krankheiten-im-ueberblick/fsme.html) und schätzungsweise 10'000 Fälle von Lyme-Borreliose vor (www.bag.admin.ch/bag/de/home/krankheiten/krankheiten-im-ueberblick/borreliose-lyme-krankheit.html). Für FSME-Virus-Infektionen gibt es zwar keine spezifischen Behandlungsmöglichkeiten, dafür ist aber eine Impfung mit sehr guter Schutzwirkung verfügbar und wird für Risikopersonen empfohlen. Lyme Borreliose spricht gut auf Antibiotika (Doxycyclin) an, einige Patienten leiden jedoch unter anhaltenden Symptomen. Viele der weltweit durch Zecken übertragenen zoonotischen Viren wie FSMEV gehören zur Familie der *Flaviviridae*, aber auch Vertreter anderer Virusfamilien sind bekannt, z. B. hämorrhagisches Crim-Congo-Fieber-Virus (*Nairoviridae*) und Colorado-Zeckenfieber-Virus (*Reoviridae*). Die RNA-Genome dieser Viren verändern sich ständig aufgrund hoher Mutationsraten während

der Replikation und erleichtern dabei die Anpassung an neue Umweltbedingungen und neue Wirte/Reservoir/Vektoren. Darüber hinaus können die sich-ändernden Umweltfaktoren und menschlichen Aktivitäten die Etablierung invasiver Vektorarten unterstützen, die Vektorkompetenz endemischer Arten erweitern und die Virulenz einzelner Pathogene erhöhen und tragen dadurch potenziell zur Ausbreitung von (neu auftretenden) Viruserkrankungen bei.

Im Jahr 2019 wurde in einer Studie aus China ein neu entdecktes segmentiertes Flavivirus – das sogenannte Alongshan-Virus (ALSV) – gemeldet und mit klinischen Manifestationen der Krankheit, die ähnlich sind wie bei FSME, in Verbindung gebracht²⁴. ALSV wurde etwas später auch in Zecken aus Finnland und Russland nachgewiesen^{25, 26}. Eine Folgestudie zur Prävalenz der neuartigen Virusinfektion bei Schafen und Rindern aus Endemiegebieten in China und der Mongolei zeigte Antikörper bei 9,2% der Schafe und 4,6% der Rinder²⁷.

Wir haben das ALSV kürzlich erstmals auch bei Zecken aus verschiedenen Regionen der Schweiz nachgewiesen, und zwar häufiger als das FSME-Virus. Weil die Symptome einer ALSV-Infektion ähnlich sind wie die einer FSMEV-Infektion, ist es denkbar, dass ALSV, wenn auch bisher unerkannt, bereits relevant ist für die öffentliche Gesundheit in der Schweiz. Denkbar ist auch, dass Wild- und/oder Nutztiere das eigentliche Reservoir von ALSV sind und Zecken nur als Vektoren dienen.

Asiatische Tigermücken im Kanton Tessin beherbergen (noch) keine gefährlichen Viren

Ein weiterer Vektor, der eine wichtige Rolle bei der Virusübertragung spielt, ist die Asiatische Tigermücke, *Aedes albopictus*, die ursprünglich in Südostasien endemisch war, sich aber in den letzten ca. 40 Jahren über weite Teile Amerikas, Afrikas, Australiens und Südeuropas ausbreitete²⁸. *A. albopictus* wurde 2003 auch im Tessin gesichtet und breitet sich derzeit kontinuierlich in die Nordschweiz (Zürich und Basel) aus²⁹⁻³¹. *A. albopictus* gilt als die invasivste Mückenart weltweit und kann viele verschiedene humanpathogene Viren übertragen, darunter Chikungunya-Virus (CHIKV), Dengue-Virus (DENV) und Zika-Virus^{32, 33}. In der Schweiz sind noch keine autochthonen DENV- oder CHIKV-Infektionen aufgetreten, während in den Nachbarländern Italien und Frankreich bereits mehrere Fälle gemeldet wurden. Die erste bekannte Übertragung von CHIKV durch *A. albopictus* ausserhalb eines tropischen Gebiets erfolgte 2007 in Italien³⁴. Da das Vorhandensein des Vektors die Möglichkeit einer zukünftigen Übertragung gefährlicher Viren jedoch deutlich erleichtert, haben wir im Jahr 2020 eine Studie an im Kanton Tessin gesammelten *A. albopictus* Mücken durchgeführt, um das Risiko abzuschätzen. Die Sequenzierung von mehr als 500 Mücken identifizierte kein potenzielles Zoonosevirus³⁵. Doch nur 2 Jahre später, im August 2022, wurde im Kanton Tessin erstmals das West-Nil-Virus in einheimischen Stechmücken nachgewiesen. Da keine Impfung gegen das West-Nil-Fieber verfügbar ist, liegt der Fokus auf der Bekämpfung der Mücken, also der Vermeidung von stehendem Wasser in Gärten und dem individuellen Schutz durch Kleidung, Netze und Schutzmittel.

Das Risiko von «fliegenden» Viren

Wildvögel haben ein speziell grosses Potenzial für die Verbreitung hochpathogener Erreger über grosse Entfernungen. Sie können nicht nur als Verbreitungsquelle dienen, sondern auch als amplifizierender Wirt für Vogel-Vektor-Vogel Virus Zyklen. Zugvögel, die infizierte Zecken tragen, können nicht nur FSMEV oder CCHFV verbreiten, sondern auch neue Zeckenarten, die zuvor nicht in die lokale Umgebung eingeführt wurden. Flaviviren wie das West-Nil Virus oder das Usutu Virus werden im Vogel-Mücken-Vogel Zyklus vermehrt und auf den Menschen übertragen³⁶. Im Jahr 2021 haben wir in Zusammenarbeit mit der Klinik für Zoo-, Heim- und Wildtiere, die Proben von mehr als 50 Greifvögeln hauptsächlich aus der Umgebung vom Greifensee (ZH) getestet; ein potenzielles Zoonosevirus wurde dabei aber nicht entdeckt.

Wildvögel stellen jedoch auch ein ernst zu nehmendes Risiko für die lokale Geflügelproduktion dar. Vogelgrippeviren z.B. haben ihr natürliches Reservoir in Wildvögeln, und insbesondere Wasservögel beherbergen eine Vielzahl von Influenzavirus-Subtypen, einschliesslich hochpathogener Viren. Der hochpathogene Subtyp H5N1 wurde dieses Jahr bei zwei Vögeln im Tierpark Bern bestätigt. Darüber hinaus hat das Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen (BLV) nach dem Nachweis der Vogelgrippe in einer privaten Tierhaltung im Kanton Zürich kürzlich landesweite Schutzmassnahmen angeordnet, um die Ausbreitung der Krankheit zu verhindern. Derzeit wütet die Vogelgrippe in Europa und Nordamerika, was aufgrund der hohen Zahl infizierter Wildvögel ein Übergreifen des Virus auf Nutzgeflügel erleichtern könnte.

In einer Studie aus dem aktuellen Jahr 2022 haben wir das Wissen über die enterischen Viren und deren zeitliche Veränderung in 11 gesunden und 17 Broilerherden mit Malabsorptionssyndrom erweitert³⁷. Dabei zeigte sich, dass sogar gesunde Hühner ohne klinische Symptome viele Viren in sich tragen, allerdings keine solchen die für den Menschen gefährlich sind.



Fig. 1. Die Vielfalt des Ökosystems. Viren zirkulieren zwischen Reservoir-, Vektor-, und Wirtsspezies im gemeinsamen Biotop.

Schlussfolgerung

Die Vielfalt der Viren ist immens und basiert auf der Vielfalt der Wirte, der hohen viralen Reproduktionsrate bei gleichzeitig hoher Fehlerrate, und dem Selektionsdruck, der von den verschiedensten Umweltbedingungen und den Wirtsabwehrmechanismen ausgeht. Viren spielen ihrerseits eine wichtige Rolle als Triebkräfte der Evolution, und es findet eine eigentliche Koevolution zwischen Virus und Wirt statt. Manchmal gelingt es den Viren, ihr normales Wirtsspektrum zu sprengen und neue Wirte zu gewinnen; oft sind sie dann für die neue Wirtspopulation, wenigstens vorübergehend, besonders gefährlich. Tatsächlich sind die meisten Infektionskrankheiten beim Menschen zoonotischen Ursprungs und die Tier-zu-Mensch Übertragung nimmt scheinbar an Fahrt zu. Allein in den letzten 20 Jahren ist drei verschiedenen Betacoronaviren, SARS-CoV, MERS-CoV und SARS-CoV-2, der Sprung aus dem Tierreich zum Menschen gelungen. Je mehr sich die Biotope/Ökosysteme von Menschen und Tieren überlappen, umso grösser wird die Wahrscheinlichkeit weiterer zoonotischer Übertragungen (Fig. 1). Begünstigt werden solche zudem durch sich rapide verändernde Umweltbedingungen, allen voran die Klimaerwärmung, welche die Ausbreitung von Reservoir- und Vektorspezies aus angestammten Gebieten in neue Regionen und die Reservoir- und Vektorkompetenz einheimischer Arten fördert. Moderne molekularbiologische Methoden wie das NGS erlauben es zwar diese Entwicklungen zu verfolgen und Risiken zu erkennen, nicht aber zu verhindern; dafür wären grosse politische und gesellschaftliche Anstrengungen nötig.

Referenzen

- Calisher CH, Childs JE, Field HE, Holmes KV, Schountz T. Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin Microbiol Rev.* 2006;19(3):531-45.
 - Xia H, Hu C, Zhang D, Tang S, Zhang Z, Kou Z, et al. Metagenomic profile of the viral communities in *Rhipicephalus* spp. ticks from Yunnan, China. *PLoS One.* 2015;10(3):e0121609.
 - Pettersson JH, Shi M, Bohlin J, Eldholm V, Brynildsrud OB, Paulsen KM, et al. Characterizing the virome of *Ixodes ricinus* ticks from northern Europe. *Sci Rep.* 2017;7(1):10870.
 - Sameroff S, Tokarz R, Vucelja M, Jain K, Oleynik A, Boljefeti M, et al. Virome of *Ixodes ricinus*, *Dermacentor reticulatus*, and *Haemaphysalis concinna* Ticks from Croatia. *Viruses.* 2022;14(5).
 - Tan CW, Yang X, Anderson DE, Wang LF. Bat virome research: the past, the present and the future. *Curr Opin Virol.* 2021;49:68-80.
 - Megali A, Yannic G, Zahno ML, Brügger D, Bertoni G, Christe P, et al. Surveillance for European bat lyssavirus in Swiss bats. *Arch Virol.* 2010;155(10):1655-62.
 - Jones KE, Patel NG, Levy MA, Storeygard A, Balk D, Gittleman JL, et al. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature.* 2008;451(7181):990-3.
 - Lloyd-Smith JO, George D, Pepin KM, Pitzer VE, Pulliam JR, Dobson AP, et al. Epidemic dynamics at the human-animal interface. *Science.* 2009;326(5958):1362-7.
 - Wolfe ND, Dunavan CP, Diamond J. Origins of major human infectious diseases. *Nature.* 2007;447(7142):279-83.
 - Chua KB, Bellini WJ, Rota PA, Harcourt BH, Tamin A, Lam SK, et al. Nipah virus: a recently emergent deadly paramyxovirus. *Science.* 2000;288(5470):1432-5.
 - Field H, Young P, Yob JM, Mills J, Hall L, Mackenzie J. The natural history of Hendra and Nipah viruses. *Microbes Infect.* 2001;3(4):307-14.
 - Omatsu T, Watanabe S, Akashi H, Yoshikawa Y. Biological characters of bats in relation to natural reservoir of emerging viruses. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 2007;30(5-6):357-74.
 - Schountz T. Immunology of bats and their viruses: challenges and opportunities. *Viruses.* 2014;6(12):4880-901.
 - Schountz T, Baker ML, Butler J, Munster V. Immunological Control of Viral Infections in Bats and the Emergence of Viruses Highly Pathogenic to Humans. *Front Immunol.* 2017;8:1098.
 - Lina P.H.C. Common Names of European Bats. Bonn, Germany: NEP/EUROBATS; 2016.
 - Hardmeier I, Aeberhard N, Qi W, Schoenbaechler K, Kraettli H, Hatt JM, et al. Metagenomic analysis of fecal and tissue samples from 18 endemic bat species in Switzerland revealed a diverse virus composition including potentially zoonotic viruses. *PLoS One.* 2021;16(6):e0252534.
 - Wiederkehr MA, Qi W, Schoenbaechler K, Fraefel C, Kubacki J. Virus Diversity, Abundance, and Evolution in Three Different Bat Colonies in Switzerland. *Viruses.* 2022;14(9).
 - Burri C, Moran Cadenas F, Douet V, Moret J, Gern L. *Ixodes ricinus* density and infection prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu lato* along a North-facing altitudinal gradient in the Rhône Valley (Switzerland). *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2007;7(1):50-8.
 - Casati S, Sager H, Gern L, Piffaretti JC. Presence of potentially pathogenic *Babesia* sp. for human in *Ixodes ricinus* in Switzerland. *Ann Agric Environ Med.* 2006;13(1):65-70.
 - Jouda F, Perret JL, Gern L. *Ixodes ricinus* density, and distribution and prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu lato* infection along an altitudinal gradient. *J Med Entomol.* 2004;41(2):162-9.
 - Lommano E, Bertaiola L, Dupasquier C, Gern L. Infections and coinfections of questing *Ixodes ricinus* ticks by emerging zoonotic pathogens in Western Switzerland. *Appl Environ Microbiol.* 2012;78(13):4606-12.
 - Lommano E, Burri C, Maeder G, Guerne M, Bastic V, Patalas E, et al. Prevalence and genotyping of tick-borne encephalitis virus in questing *Ixodes ricinus* ticks in a new endemic area in western Switzerland. *J Med Entomol.* 2012;49(1):156-64.
 - Wicki R, Sauter P, Mettler C, Natsch A, Enzler T, Pusterla N, et al. Swiss Army Survey in Switzerland to determine the prevalence of *Francisella tularensis*, members of the *Ehrlichia phagocytophila* genogroup, *Borrelia burgdorferi sensu lato*, and tick-borne encephalitis virus in ticks. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2000;19(6):427-32.
 - Wang ZD, Wang B, Wei F, Han SZ, Zhang L, Yang ZT, et al. A New Segmented Virus Associated with Human Febrile Illness in China. *N Engl J Med.* 2019;380(22):2116-25.
 - Kuivanen S, Levanov L, Kareinen L, Sironen T, Jääskeläinen AJ, Plyusnin I, et al. Detection of novel tick-borne pathogen, Alongshan virus, in *Ixodes ricinus* ticks, south-eastern Finland, 2019. *Euro Surveill.* 2019;24(27).
 - Kholodilov IS, Litov AG, Klimentov AS, Belova OA, Polienko AE, Nikitin NA, et al. Isolation and Characterisation of Alongshan Virus in Russia. *Viruses.* 2020;12(4).
 - Wang ZD, Wang W, Wang NN, Qiu K, Zhang X, Tana G, et al. Prevalence of the emerging novel Alongshan virus infection in sheep and cattle in Inner Mongolia, northeastern China. *Parasit Vectors.* 2019;12(1):450.
 - Paupy C, Delatte H, Bagny L, Corbel V, Fontenille D. *Aedes albopictus*, an arbovirus vector: from the darkness to the light. *Microbes Infect.* 2009;11(14-15):1177-85.
 - Wymann MN, Flacio E, Radczuweit S, Patocchi N, Luthy P. Asian tiger mosquito (*Aedes albopictus*) - a threat for Switzerland? *Euro Surveill.* 2008;13(10).
 - Flacio E, Engeler L, Tonolla M, Lüthy P, Patocchi N. Strategies of a thirteen year surveillance programme on *Aedes albopictus* (*Stegomyia albopicta*) in southern Switzerland. *Parasit Vectors.* 2015;8:208.
 - Flacio E, Engeler L, Tonolla M, Müller P. Spread and establishment of *Aedes albopictus* in southern Switzerland between 2003 and 2014: an analysis of oviposition data and weather conditions. *Parasit Vectors.* 2016;9(1):304.
 - Succo T, Leparco-Goffart I, Ferré JB, Roiz D, Broche B, Maquart M, et al. Autochthonous dengue outbreak in Nîmes, South of France, July to September 2015. *Euro Surveill.* 2016;21(21).
 - Seyler T, Rizzo C, Finarelli AC, Po C, Alessio P, Sambri V, et al. Autochthonous chikungunya virus transmission may have occurred in Bologna, Italy, during the summer 2007 outbreak. *Euro Surveill.* 2008;13(3).
 - Sambri V, Cavrini F, Rossini G, Pierro A, Landini MP. The 2007 epidemic outbreak of Chikungunya virus infection in the Romagna region of Italy: a new perspective for the possible diffusion of tropical diseases in temperate areas? *New Microbiol.* 2008;31(3):303-4.
 - Kubacki J, Flacio E, Qi W, Guidi V, Tonolla M, Fraefel C. Viral Metagenomic Analysis of *Aedes albopictus* Mosquitos from Southern Switzerland. *Viruses.* 2020;12(9).
 - Chan JF, To KK, Chen H, Yuen KY. Cross-species transmission and emergence of novel viruses from birds. *Curr Opin Virol.* 2015;10:63-9.
 - Kubacki J, Qi W, Fraefel C. Differential Viral Genome Diversity of Healthy and RSS-Affected Broiler Flocks. *Microorganisms.* 2022;10(6).
-

«Forschung für Leben» wurde 1990 gegründet. Der Verein informiert über die Ziele, Aufgaben und die Bedeutung der molekularbiologischen, medizinischen und pflanzenphysiologischen Forschung. Er ist bestrebt, auch ethische Fragen des mit diesen Bereichen verbundenen Fortschritts aufzugreifen und zu diskutieren.

Werden Sie Mitglied bei «Forschung für Leben»

elektronisch auf:

Einfach Klicken und Mitglied werden!

www.forschung-leben.ch/ueber-uns/mitgliedschaft/

oder per Schneckenpost an:

Verein «Forschung für Leben», 8000 Zürich
T +41 78 933 04 76, buch@forschung-leben.ch

IMPRESSUM

BioFokus

ISSN 2673-5040
30. Jahrgang

Herausgeber

«Forschung für Leben»

Autoren

Dr. Jakub Kubacki
Prof. Dr. Cornel Fraefel

Redaktion

Prof. Dr. Felix Ehrensperger
Dr. Iana Buch

Gestaltung

Pomcanys Marketing AG, www.pomcanys.ch

Geschäftsstelle

Verein «Forschung für Leben»
8000 Zürich
www.forschung-leben.ch

Bankverbindung

ZKB Wiedikon, IBAN: CH27 0070 0111 5012 7795 2