



Ökologische Fallstudie in den Niederlanden und Deutschland

Können Hausschweine Sauen krank machen?

Über die Immunabwehr gegenüber Erregern von Wild- im Vergleich mit Hausschweinen ist wenig bekannt. Eine grenzüberschreitende Studie zwischen Deutschland, Luxemburg und den Niederlanden untersuchte Infektionskrankheiten bei Schwarzwild. Die Forschungsstelle und Jäger aus NRW unterstützten die Untersuchungen der Uni Wageningen, die im November 2013 abgeschlossen wurden.

Ökologische Forschungen der letzten Jahrzehnte veranlassen zwingend dazu, den Blick von der Beschreibung des Einzeltieres und seiner Lebensfunktionen auf sein Dasein in der Sozietät und deren Auseinandersetzung mit der Umwelt zu lenken (*Briedermann 1986*). Der Anstieg der Schwarzwildpopulationen in Deutschland erfolgte in der zweiten Hälfte des vorigen Jahrhunderts explosionsartig.

Die Gesundheit von Menschen, Nutz- und Wildtieren sind miteinander verbunden. Ganz ohne Zweifel gingen Hausrassen aus Wildschweinen hervor – durch Zucht und Auswahl von Merkmalen entstanden heutige Hausschweinschläge. Wild- und Hausschweine können sich miteinander erfolgreich paaren – und teilen ihre Krankheiten.

Das Auftreten von Krankheiten soll bei Hausschweinen in der Regel häufiger als bei Wildschweinen sein und wird allgemein auf deren höhere Dichte und das damit verbundene Risiko der Übertragung von Erregern zurückgeführt.

Populationsgenetik und Ökologie der Krankheiten von Schwarzwild

Die Frage nach Auftreten und Verbreitung von Krankheiten bei Wildtieren stellt sich immer wieder neu, jüngstes Beispiel ist die Afrikanische Schweinepest. Aufklärung und Prävention helfen, das Einschleppen hochinfektöser Viruserkrankungen zu verhindern. Wirt-Erreger-Wechselwirkungen im Zusammenspiel mit Einflussgrößen aus Umwelt und Evolution halten viele Faktoren bereit, die Häufigkeit und Auftreten von Wildkrankheit befördern oder eindämmen.

Erkrankungen können eine Eigendynamik entwickeln. Die Frage, welche Kräfte entscheidenden Einfluss auf Verlauf und Häufigkeit nehmen, war Anlass für populationsgenetische Studien mit zwei Erkrankungen der Atemwege des Wildschweins.

Durch verhältnismäßig rasche Mutation können Krankheitserreger auch ursprünglich ungeeignete Wirte anstecken – zwei

direkt übertragene Erreger sind das *Porcine Circovirus Typ 2* (PCV2) und das Bakterium *Mycoplasma hyopneumoniae*, der Auslöser des gefürchteten Ferkel Hustens.

Beide Erreger sind weit verbreitet, wirtschaftlich bedeutsam für Schweinezuchtbetriebe, führen meist nicht zum Tod und werden von der EU überwacht.

Moderne genetische Analysen erlauben in Verbindung mit Modellen zur Mutation statistische Analysen über genetische Prozesse, Genfluss und entwicklungs-mäßige Anpassungen. Im Zusammenhang mit der Erforschung der Ökologie von Krankheiten sind sie von Bedeutung, weil sie die Prozesse der gemeinsamen Fortentwicklung von Wirt und Erreger widerspiegeln und Unterschiede der Immunkapazität der Wirte gegenüber dem Krankheitserreger aufzeigen.

Die Zuführung genetischer Elemente von Wild- in Hausschweine ist gut dokumentiert. Im Gegensatz dazu gibt es für den umgekehrten Weg (*Eintrag genetischer Elemente von Haus- in Wildschweine*) nur wenige Untersuchungen.

Die umfassende Analyse von Punktmutationen legte den Eintrag genetischer Elemente des Hausschweines in nordwest-europäische Wildschweinpopulationen in jüngster Zeit offen. Dabei war nur ein sehr geringer genetischer Eintrag erwartet worden, weil Hausschweine dort meist in intensiver Stallhaltung vorkommen. Dennoch wurde bei 10 Prozent der untersuchten Sauen Genmaterial von Hausschweinen gefunden!

Auch ergaben die Untersuchungen, dass mehr als eine Hausschweinquelle Eingang in die Wildpopulation fand. Die Berechnungen weisen bis in die fünfte Generation zurück und ließen erkennen, dass sich auch in jüngster Zeit Hybriden mit Schwarzwild der Wildpopulation fortpflanzten. Vermutet wird, dass der genetische Eintrag in Wildpopulationen durch Entlaufen oder Freilassen von Hybriden erfolgte.

Festzuhalten bleibt, dass die Zuführung genetischer Elemente des Hausschweins in Sauenpopulationen jüngerer Datums weiter verbreitet ist als erwartet.

Wiederansiedlung, Verbringung und Hybriden

Natürliche Ausbreitung und Isolation durch trennende landschaftliche Barrieren sind maßgeblich bestimmende Einflussgrößen auf die genetische Struktur von Wildpopulationen. Andererseits nimmt der Mensch starken Einfluss durch Wiederansiedlung, Verbringen und die Kreuzung von Wild- mit Nutztierformen. Leider ist all dies oft nur unzureichend do-

kumentiert. Die molekulare Genetik hilft uns immer besser, diese Einflussnahmen zurückzuverfolgen.

In weiten Teilen Westeuropas war Schwarzwild im 19. Jahrhundert zurückgedrängt oder ausgelöscht, so war es in den Niederlanden seit dem 16. Jahrhundert ausgerottet (Briedermann). Aussetzungsversuche des bereits im 13. Jahrhundert in England ausgelöschten Schwarzwildes um 1840 scheiterten am Widerstand der Bauern. Im späten 19. und frühen 20. Jahrhundert kam es vielfach zu Wiederansiedlungen, u. a. 1904 in der Veluwe (NL) mit Sauen aus dem Osten Deutschlands und der Tschechoslowakei.

Im 20. Jahrhundert verbesserten sich die Bedingungen für Schwarzwild stetig mit den Folgen einer raschen Erweiterung des besiedelten Raumes und einem rasanten Anwachsen der Vorkommen.

Das Material von 645 Sauen im Untersuchungsgebiet zeigte sechs genetisch unterschiedliche, geografisch stimmige, zusammenhängende Gruppen – Veluwe, Meinweg, westlich und östlich des Rheins, Hambach und Kirchhellen und zwei Kreuzungsprodukte mit Hausschweinen.

Vom Vorkommen in der Veluwe ist bekannt, dass es auf Wiederansiedlung zurückgeht, ebenso wie wohl drei angrenzende Vorkommen in Holland und Deutschland. Der Trend zu Arealerweiterung und Wachstum von Saupopulationen lässt erwarten, dass Kontaktzonen zwischen verschiedenen Gruppen zunehmen und überlappen werden und zu

einer Vermischung bisher noch deutlich getrennter Gruppen führen wird.

Genetische Untersuchungen machen den Einfluss menschlichen Handelns auf Schwarzwild, dessen Vorkommen und Verbreitung durch landwirtschaftliche Nutzung und jagdwirtschaftliche Maßnahmen deutlich.

Neue Krankheiten – erst recht, wenn sie auch Menschen betreffen, sind von öffentlichem Interesse. Die Quelle dieser Krankheiten, die Dynamik von Wildkrankheiten zu erkennen und zu verstehen, ist deshalb von grundlegender Bedeutung. Ummengen möglicher Einflussfaktoren sollten uns nicht hindern, einige näher zu beleuchten – wie den Einfluss von Lebensalter, Wetter und Genetik auf die Ansteckung mit dem Porcine Circovirus bei Sauen.

Wildschweine aus den Niederlanden und Deutschland (NRW/Rheinland-Pfalz) wurden 2008-10 untersucht und ihr Antikörperstatus in Abhängigkeit von Lebensalter, Jahr der Probenahme und genetischer Mischerbigkeit statistisch analysiert. Die Ergebnisse zeigen, dass alle drei Faktoren die Dynamik von Wildkrankheiten beeinflussen.

Mehr Ferkelhusten bei Sauen mit Hausschwein-Vorfahren!

Nutztiere sind wegen ihrer tierärztlichen Betreuung einem Selektionsdruck durch Krankheitserreger weniger ausgesetzt als Wildpopulationen. Genetische Komponenten spielen bei der individuellen Immunabwehr eine Rolle und haben

Auswirkungen auf das Risiko eines Krankheitsausbruches innerhalb einer Wildpopulation.

Auswirkungen des genetischen Eintrags von Nutztieren auf das Risiko von Krankheitsausbrüchen bei Wildtieren wurden unter den vorgenannten Wildschweinproben erstmals nachgewiesen.

Zum Vergleich wurden 120 Proben verschiedener Hausschweinrassen untersucht – eine Anfälligkeit gegen Ferkelhusten war bei Wildschweinen mit Hausschwein-Gen-Eintrag signifikant höher. Damit wurde erstmals bewiesen, dass der Gen-Eintrag von Nutztieren in Wildpopulationen deren Risiko des Ausbruchs einer Krankheit erhöht.

„Der komplizierte Wechsel von Geburt und Tod gewährleistet die Erhaltung der Art unter geeigneten Lebensbedingungen und verhindert ein unbegrenztes Wachstum der Population. Die hohe Geburtenziffer ist nur eine Voraussetzung zum Fortbestehen der Art. Gegenwärtig gibt es bei Schwarzwild wie anderen Schalenwildarten noch kaum ausreichend komplexe und langfristige Untersuchungen über die Beziehungen zwischen Gesundheitszustand und Sterblichkeit in Populationen“ (Briedermann).

Die Untersuchungen von Sauen aus den Niederlanden, Luxemburg, NRW und Rheinland-Pfalz leisten einen Beitrag zum Verständnis des Risikos von Auftreten und Häufigkeit von Wildkrankheiten.

Dr. Walburga Lutz

Forschungsstelle für Jagdkunde und Wildschadenverhütung, Pützchens Chaussee 228, 53229 Bonn, Tel. 02 28/97 75 50

In bestimmten Regionen taucht bei Bewegungsjagen immer wieder ein hoher Anteil von „Schecken“ auf der Sau-Strecke auf. Häufiger als gedacht kommt es durch den Gen-Eintrag von Hausschweinen in die Wildpopulation zur gesundheitlichen Schwächung von Schwarzwild!

