Aus dem Department für Pathobiologie

der Veterinärmedizinischen Universität Wien

Institut für Parasitologie

(Leiterin: Univ. Prof. Dr. med. vet. Anja Joachim)

Eine Datenbank zu Zecken und zeckenübertragenen Pathogenen in Österreich

Diplomarbeit

Veterinärmedizinische Universität Wien

vorgelegt von

Florian Johannes Anton Bayr

Wien, am 31. Oktober 2025

Betreuer: Priv.-Doz. Dr. rer. nat. Hans-Peter Fuehrer (PI)

PhD Aline Lamien-Meda (Co-PI)

Institut für Parasitologie

Department für Pathobiologie

Veterinärmedizinische Universität Wien

Begutachter: Priv.-Doz. Dr. Mateusz Markowicz

Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene

AGES Wien

Eigenständigkeitserklärung

Hiermit erkläre ich, dass ich die vorgelegte Arbeit selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe. Alle übernommenen Textstellen aus fremden Quellen wurden kenntlich gemacht.

Ich habe die entscheidenden Arbeiten selbst durchgeführt und alle zuarbeitend Tätigen mit ihrem Beitrag zur Arbeit angeführt.

Die vorliegende Arbeit wurde nicht an anderer Stelle eingereicht oder veröffentlicht.



Wien, am 31.10.2025 Florian Bayr

ZUSAMMENFASSUNG

Zecken (Ixodida) zählen weltweit zu den bedeutendsten blutsaugenden Ektoparasiten und stellen als Vektoren zoonotischer Krankheitserreger auch in Österreich ein zunehmendes Risiko für die öffentliche Gesundheit dar. Ziel dieser Arbeit war es, die Verbreitung einheimischer Zeckenarten sowie das Auftreten zeckenübertragener Pathogene in Österreich systematisch zu erfassen, zu analysieren und kartografisch darzustellen.

Einleitend werden im theoretischen Rahmen wesentliche Aspekte der Biologie, Morphologie und Entwicklung von Zecken sowie artspezifische Verhaltensweisen und ökologische Einflussfaktoren wie Habitatspräferenzen und saisonale Aktivität behandelt. Im Fokus befinden sich die drei häufigsten autochthonen Zeckenarten in Österreich – *Ixodes ricinus*, *Dermacentor reticulatus* und *Haemaphysalis concinna* – sowie der klimabegünstigte Sonderfall *Hyalomma marginatum*, eine potenziell invasive, tropische Art, deren mögliche Etablierung durch den progressiven Klimawandel begünstigt wird.

Auf Basis einer systematischen Literaturrecherche wurden 67 Studien ausgewertet und die extrahierten Daten in eine umfassende Excel-Datenbank überführt. Die räumlichen Verteilungsmuster wurden mittels georeferenzierter Daten und der Programmiersprache R als Karten visualisiert. Darin wurden sowohl die Zeckenarten als auch die durch sie übertragenen Pathogene wie etwa *Borrelia*, *Rickettsia, Babesia* und das FSME-Virus (TBEV) abgebildet.

Die Ergebnisse vermitteln ein deutliches Ost-West-Gefälle: Die meisten Fundorte liegen in östlichen Bundesländern wie Niederösterreich, dem Burgenland und der Steiermark, während westliche Regionen wie Salzburg, Kärnten oder Vorarlberg bislang seltener erfasst wurden. Zecken- und Pathogennachweise wurden im alpinen Raum lange Zeit vernachlässigt. Infolge klimatischer Veränderungen und anderweitiger Landnutzung (z.B. Abholzung von Wäldern, Tourismus oder Freizeitnutzung) ist jedoch eine zunehmende Ausbreitung erkennbar, weshalb sich der Forschungsschwerpunkt in den letzten Jahren verstärkt auf westliche Regionen, insbesondere Tirol, verlagerte.

Seit den frühen 2000er-Jahren ist ein signifikanter Anstieg an Zecken- und Pathogennachweisen zu verzeichnen, der sowohl auf eine tatsächliche Ausbreitung als auch auf eine Intensivierung der Forschung zurückzuführen ist. Die Auswertungen liefern eine fundierte Grundlage zur Risikobewertung für zukünftige Entwicklungen und unterstreichen die Notwendigkeit von gezielter Surveillance und Prävention im öffentlichen Gesundheitswesen in Österreich.

ABSTRACT

Ticks (Ixodida) are among the most important blood-feeding ectoparasites worldwide and represent an increasing public health concern in Austria due to their role as vectors of various pathogens. This study aimed to comprehensively collect, analyze, and map tick species documented in Austria as well as the pathogens they transmit.

The theoretical part of the thesis addresses key aspects of tick biology, morphology, and development, and further describes species-specific behavioral patterns and ecological influencing factors such as habitat preferences and seasonal activity.

The focus lies on native species such as *Ixodes ricinus, Dermacentor reticulatus* and *Haemaphysalis concinna* – the three most common tick species in Austria. Additionally, the invasive species *Hyalomma marginatum* is considered due to its increasing presence, which is favored by climate change.

A systematic literature review was conducted, evaluating 67 relevant studies. The extracted data were compiled into a detailed Excel database. Using georeferenced data on tick and pathogen occurrences and the programming language R, spatial distribution patterns of key pathogens – including *Borrelia, Anaplasma, Rickettsia,* and tick-borne encephalitis virus (TBEV) – were visualized.

The results reveal a clear west-to-east gradient: most findings were reported in eastern federal states such as Lower Austria, Burgenland, and Styria, whereas western regions like Salzburg, Carinthia, and Vorarlberg show fewer records. In alpine areas, tick and pathogen occurrences were historically rare but have increased in recent years, likely due to climate change and altered land use. Consequently, a geographical shift of research focus towards western regions, particularly Tyrol, has been observed.

Since the early 2000s, there has been a significant increase in reported tick and pathogen detections, likely attributable to both the actual spread of tick populations and intensified research efforts. These findings provide a solid basis for assessing future tick- and pathogen-related risks in Austria and emphasize the need for targeted surveillance and preventive public health measures.

INHALTSVERZEICHNIS

1. EINLEITUNG 2

1.1. MOTIVATION UND AKTUELLER BEZUG 2

1.2. PROBLEMSTELLUNG UND ZIELSETZUNG DER ARBEIT 2

2. ZECKEN UND DEREN BEDEUTUNG IN ÖSTERREICH 3

2.1. EINBLICK IN BIOLOGIE UND ENTWICKLUNG VON ZECKEN 3

2.1.1. Systematik und Artenvielfalt 3

2.1.2. Anatomische und morphologische Merkmale 3

2.1.3. Entwicklungszyklus: Stadien, Häutungen und Weiterentwicklung 4

2.2. VERHALTEN UND ÖKOLOGISCHE ASPEKTE 5

2.2.1. Wirtssuche und Quest-Verhalten 5

2.2.2. Fressverhalten, Blutaufnahme und Wirtsspektrum 6

2.2.3. Habitatspräferenzen und saisonale Aktivität 6

3. ZECKENARTEN IN ÖSTERREICH 8

3.1. ÜBERSICHT RELEVANTER ZECKENARTEN 8

3.2. HABITATE UND GEOGRAFISCHE VERBREITUNG 8

3.3. HERAUSSTELLUNGSMERKMALE HINSICHTLICH IHRER VEKTORKOMPETENZ UND MEDIZINISCHEN SOWIE EPIDEMIOLOGISCHEN RELEVANZ 8

3.4. SONDERFALL: *HYALOMMA MARGINATUM* – ETABLIERUNG, RISIKEN UND BESONDERHEITEN DER INVASIVEN, TROPISCHEN ART 9

4. ZECKENÜBERTRAGENE PATHOGENE UND KRANKHEITEN IN ÖSTERREICH 11

4.1. ZECKEN ALS KRANKHEITSVEKTOREN 11

4.1.1. Die Rolle von Zecken als Überträger 11

4.2. BAKTERIELLE ERREGER 11

4.2.1. *Anaplasma phagocytophilum* 11

4.2.2. *Borrelia* spp. 12

4.2.3. *Rickettsia* spp. 13

4.2.4. *Bartonella* spp. 13

4.3. VIRALE ERREGER 14
4.3.1. Tick-borne Encephalitis Virus (TBEV) 14
4.4. PARASITÄRE ERREGER 16
4.4.1. *Babesia* spp. 16
4.4.2. *Theileria* spp. 16
4.5. EMERGING PATHOGENS 17
4.5.1. *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis 17
4.5.2. *Francisella tularensis* 18
4.5.3. *Coxiella burnetii* 19
4.5.4. Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber-Virus (CCHFV) 19
5. METHODIK 21
5.1. SYSTEMATISCHE LITERATURRECHERCHE 21
5.1.1. Datenquellen und Suchstrategie 21
5.1.2. Auswahl: Einschluss- und Ausschlusskriterien 22
5.2. DATENAUFBEREITUNG UND SYSTEMATISCHE LITERATURVERWALTUNG 23
5.2.1. Organisation und Kuration der Mendeley Datenbank 23
5.3. ERSTELLUNG EINER ZECKEN-DATENBANK 24
5.3.1. Aufbau und Struktur 24
5.3.2. Standardisierung von Standortdaten 25
5.4. DATENANALYSE UND GEOGRAFISCHE KARTENVISUALISIERUNG 27
5.4.1. Statistische Auswertung in Excel 27
5.4.2. Geografische Datenprozessierung und Visualisierung von GPS-Daten mithilfe der Programmiersprache R 28
6. ERGEBNISSE 29
6.1. AUSWERTUNGEN DER ZECKEN-DATENBANK 29
6.1.1. Reference Network (Co-Citation Analysis) 29
6.1.2. Verteilung der Sammlungsorte in Österreich 31
6.1.3. Zeiträume der Sammlungen und Gesamtzeckenzahlen pro Jahr 31

6.1.4. Gesamtanzahl der Sammlungsereignisse (Events) und Stichprobengröße 32
6.1.5. Vergleich der Sammlungsmethoden 32
6.1.6. Gesamtanzahl und relative Verteilung der Zeckenarten 34
6.2. CHARAKTERISIERUNG DER KARTENVERTEILUNGSMUSTER/-TRENDS 35
6.2.1. Geografische Verbreitung gesammelter Zeckenarten in Österreich 35
6.2.2. Geografische Verteilung von pathogen-positiven Zecken in Österreich 43
7. DISKUSSION 63
7.1. INTERPRETATION DER ERGEBNISSE 63
7.1.1. Zeckenarten: Diversität und Verbreitung 63
7.1.2. Pathogene: Häufigkeit, Diversität und Verteilung 63
7.1.3. Hotspots und regionale Schwerpunkte 64
7.1.4. Ost-West-Gefälle der Zeckenstudien 64
7.1.5. Korrelation zwischen Zeckenarten und Pathogene 64
7.2. INTERNATIONALER VERGLEICH MIT BISHERIGEN STUDIEN 64
7.3. LIMITATIONEN UND HERAUSFORDERUNGEN DER DATENBANKERSTELLUNG UND ANALYSE 66
7.3.1. Dateninkonsistenzen und Standardisierungsprobleme 66
7.3.2. Konsequenzen für die Auswertung 67
7.4. EMPFEHLUNGEN FÜR DIE ZUKÜNFTIGE FORSCHUNG 67
7.4.1. Erstellung einheitlicher Meldeformate mit standardisierten Metadaten 67
7.4.2. Integration von Citizen-Science-Programmen 68
7.4.3. Optimierung der regionalen und zeitlichen Abdeckung 70
7.4.4. Langfristige Perspektive: Datenbankpflege, Förderung der Öffentlichkeitsarbeit und Schaffung von Standards für die Analyse und Risikobewertung 70
8. LITERATURVERZEICHNIS 72
9. ABBILDUNGS- UND TABELLENVERZEICHNIS 77
10. ANHANG 79

Abkürzungsverzeichnis

A. ..... *Anaplasma*
AGES ..... Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
B. ..... *Babesia/Borrelia*
C. ..... *Coxiella*
Ca. . ..... *Candidatus*
CCHFV ..... Crim-Congo-Hemorrhagic-Fever-Virus
cf. ..... confer
D. ..... *Dermacentor*
DNA ..... Desoxyribonukleinsäure(acid)
ECDC ..... European Centre for Disease Prevention and Control
EM ..... Erythema migrans
EPSG ..... European Petroleum Survey Group Geodesy
F. ..... *Francisella*
FSME ..... Frühsommer-Meningo-Enzephalitis
GBIF ..... Global Biodiversity Information Facility
GPS ..... Global Positioning System
H. ..... *Haemaphysalis/Hyalomma*
HGA ..... humane granulozytäre Anaplasmose
I. ..... *Ixodes*
N. ..... Neoehrlichia
NUTS ..... Nomenclature des Unités Territoriales Statistiques
OBIS ..... Ocean Biodiversity Information System
OH SURVector ..... One Health surveillance and Vector monitoring for cross-border pathogens
PCR ..... Polymerase-Chain Reaction
R. ..... *Rickettsia*
RNA ..... Ribonukleinsäure(acid)
s.l. ..... sensu lato
s.s . ..... sensu stricto
SFG ..... Spotted Fever Group
sp. ..... species singularis
spp. ..... species pluralis
subsp. ..... subspecies
T. ..... *Theileria*
TBD ..... Tick-borne Diseases
TBEV ..... Tick-borne Encephalitis Virus
TG ..... Typhus-Gruppe
WGS84 ..... World Geodetic System 1984
WHO ..... World Health Organisation

1. Einleitung

1.1. Motivation und aktueller Bezug

Zecken (Ixodida) gehören weltweit zu den bedeutendsten Vektoren zoonotischer Krankheitserreger. Durch die Übertragung von Bakterien, Viren und Parasiten stellen sie ein wachsendes Risiko für die öffentliche Gesundheit, die Veterinärmedizin und die Landwirtschaft dar. In Europa – und somit auch in Österreich – hat die Bedeutung von zeckenbedingten Infektionskrankheiten in den letzten Jahrzehnten kontinuierlich zugenommen. Ursachen hierfür sind vor allem klimatische Veränderungen (mildere Winter, längere Vegetationsperioden), Landnutzungsänderungen (Urbanisierung, Intensivierung der Landwirtschaft), veränderte Freizeitaktivitäten (Ausbau von Wanderwegen, Mountainbike-Trails und Golfplätzen) sowie die Ausbreitung invasiver Zeckenarten.

Österreich nimmt hierbei eine besondere Stellung ein: Einerseits ist das Land als FSME-Endemiegebiet international bekannt, andererseits existieren zu anderen Pathogenen und deren Verbreitung bislang nur fragmentierte, regionale Informationen. Damit gewinnt das Thema nicht nur für die Grundlagenforschung, sondern auch für die öffentliche Gesundheit und Veterinärmedizin zunehmend an Relevanz.

1.2. Problemstellung und Zielsetzung der Arbeit

Trotz zahlreicher Studien zu einzelnen Regionen oder Zeckenarten fehlte bislang ein systematischer Überblick über das Auftreten autochthoner und eingeschleppter Zeckenarten in Österreich sowie von diesen übertragbaren Pathogenen. Unterschiedliche Studiendesigns, uneinheitliche Methoden und unvollständige Standortangaben erschweren die Vergleichbarkeit der Ergebnisse und limitieren eine umfassende Risikobewertung. Die vorliegende Arbeit verfolgt daher das Ziel, diese Forschungslücke zu schließen. Sie entstand im Rahmen des Projekts ATIV-BioDat, das den Aufbau einer nationalen Biodiversitätsdatenbank in Österreich zum Ziel hat (Establishment of Connecting Infrastructure for National and International Biodiversity Databases between Austrian Research Institutions). Auf Grundlage einer systematischen Literaturrecherche wurde eine Datenbank erstellt, die sämtliche publizierten Nachweise von Zeckenarten und zeckenassoziierten Krankheitserregern in Österreich erfassen soll. Die Daten wurden standardisiert aufbereitet, kartografisch dargestellt und hinsichtlich regionaler Muster und zeitlicher Entwicklungen analysiert. Ziel ist es, einen wissenschaftlich fundierten Überblick zu schaffen, der zugleich als Grundlage für künftige Forschung, Monitoring und präventive Maßnahmen dienen soll.

2. Zecken und deren Bedeutung in Österreich

2.1. Einblick in Biologie und Entwicklung von Zecken

2.1.1. Systematik und Artenvielfalt

Zecken gehören zur Klasse der Spinnentiere (Arachnida) und fungieren innerhalb der Ordnung Ixodida als eigenständige Gruppe temporär blutsaugender Ektoparasiten. Weltweit existieren rund 900 verschiedene Zeckenarten, die sich in zwei Hauptfamilien unterteilen lassen:

- Die Schildzecken (Ixodidae) mit hartem dorsalem Chitinschild
- Die Lederzecken (Argasidae) mit weicher, dehnbarer Körperoberfläche

Hinzu kommt die Familie der Nuttalliellidae, die nur eine einzige Art, *Nuttalliella namaqua*, umfasst (1).

Mit insgesamt etwa 700 anerkannten Arten stellen die Schildzecken die größte, weltweit verbreitete Gruppe dar, während die Lederzecken rund 190 verschiedene Arten umfassen (1). In Österreich sind derzeit 18 heimische Zeckenarten bekannt, darunter dominiert die Familie Ixodidae mit 16 vertretenen Arten. Die weitaus bedeutendsten einheimischen Arten sind *Ixodes ricinus* (gemeiner Holzbock), *Dermacentor reticulatus* (Auwaldzecke) und *Haemaphysalis concinna* (Reliktzecke). Aufgrund von Migration, Klimawandel sowie Tierhandel werden auch nicht-endemische Arten wie *Rhiphicephalus sanguineus* (braune Hundezecke) und *Hyalomma marginatum* (tropische Riesenzecke) eingeschleppt (2). Lederzecken hingegen treten in Österreich nur vereinzelt auf und besitzen eine geringe medizinische Relevanz für den Menschen. Die Argasidae sind primär durch die beiden Gattungen *Argas* und *Carios (*ehemals *Ornithodoros)* repräsentiert (3).

2.1.2. Anatomische und morphologische Merkmale

Leder- und Schildzecken weisen sowohl morphologische als auch physiologische Diversität auf. Ein charakteristisches Merkmal der Schildzecken ist der dorsale Chitinschild (Scutum), der bei Männchen den gesamten Rücken bedeckt, während er bei Weibchen lediglich den vorderen Abschnitt einnimmt. Weitere artspezifische Merkmale sind die vier Beinpaare im adulten Stadium, ein stechend-saugender Mundapparat (Gnathosoma) und das Haller´sche Organ, das als hochspezialisiertes Sinnesorgan zur Detektion von Gerüchen, chemischen Signalen, Temperaturschwankungen und Luftfeuchtigkeit dient (4).

Lederzecken hingegen besitzen keinen Scutum, sondern ein dehnbares, lederartiges Integument, das eine rasche Blutaufnahme und enorme Körperexpansion, innerhalb kürzester Zeit, bis auf das Zehnfache ihres Volumens erlaubt. Ihre Mundwerkzeuge sind außerdem an der Unterseite des Körpers (anterioventral) angeordnet (1, 4).

Der Körper der Zecke gliedert sich anatomisch in das Capitulum (Gnathosoma) und das Idiosoma mit dem Podosoma und dem Opisthosoma. Das Capitulum mit den Mundwerkzeugen dient zur festen Verankerung im Wirt wohingegen das Podosoma die vier Beinpaare und die Genitalöffnung und das Opisthosoma die Stigmenplatten und die Analöffnung umfasst. Diese feingliedrige Anatomie ermöglicht eine effiziente Blutaufnahme und betont die hochgradige Anpassung an ihre Wirte (4).

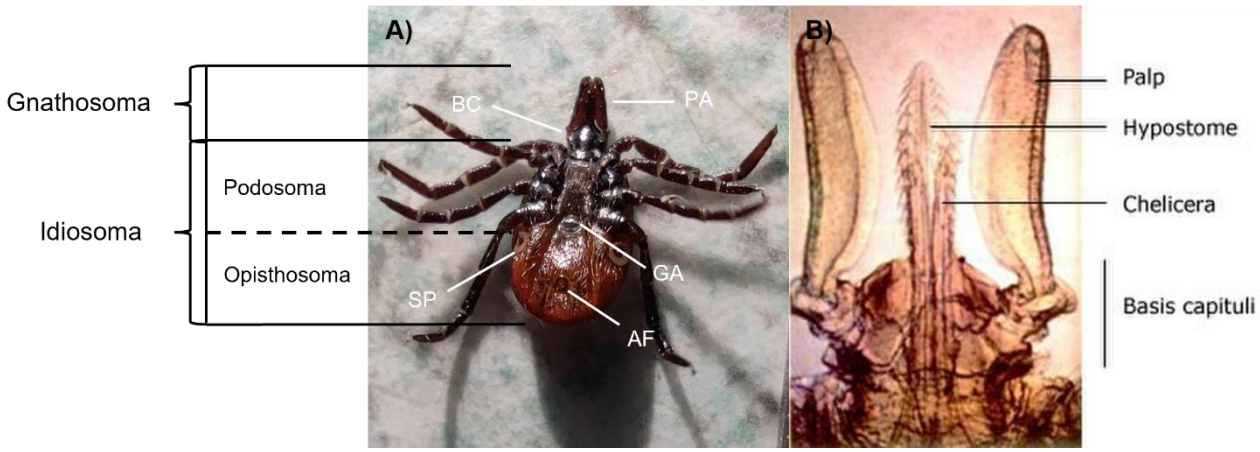


Abbildung 1: Äußere Anatomie der Zecke am Beispiel von *Ixodes ricinus* und *I. holocyclus*. **A)** Weibliche *I. ricinus* (Ventralansicht): BC = Basis capituli, PA = Palp, SP = Stigmenplatte, GA = Genitalöffnung, AF = Analfurche. **B)** Gnathosoma von *I. holocyclus* mit Palpen, Hypostom, Cheliceren und Basis capituli. Quelle: modifiziert nach Loup BT (2021), iNaturalist, und Kelly JD (1977), Canine Parasitology.

2.1.3. Entwicklungszyklus: Stadien, Häutungen und Weiterentwicklung

Zecken sind einzigartig in der Komplexität ihres Entwicklungszyklus. Der Lebenszyklus der Zecken umfasst vier Stadien: Ei, Larve, Nymphe und Adultus. Jedes aktive Entwicklungsstadium benötigt mindestens eine Blutmahlzeit, um die Häutung in das nächste Entwicklungsstadium zu gewährleisten. Nach dem Saugakt lassen sich die Zecken kugelförmig vollgesogen zu Boden fallen, um sich in der geschützten Wirtsumgebung zu häuten (3, 5).

Bei den Schildzecken verläuft der Zyklus im Regelfall über drei Wirte, wobei jede Entwicklungsstufe an einem neuen Wirt parasitiert. Nach der letzten Blutmahlzeit legt das Weibchen mehrere 1000 Eier ab (Oviposition) und stirbt anschließend (4, 5). Die Entwicklungsdauer und -geschwindigkeit ist stark artspezifisch und variiert je nach Umweltbedingungen, Nahrungsangebot und Wirtssuche zwischen zwei bis sechs Jahren (2).

Die Lederzecken weisen im Vergleich dazu weitaus komplexere Zyklen mit mehreren Nymphenstadien auf, deren Anzahl je nach Art stark variieren kann – bei manchen *Ornithodoros*-Arten zwischen drei und acht Stadien. Anders als Schildzecken nehmen sie in allen Stadien, einschließlich der Adulten, wiederholt Blutmahlzeiten auf. Die Weibchen können

nach jeder Eiablage erneut saugen und über Jahre hinweg reproduktiv bleiben und weiterleben. Die Dauer des gesamten Entwicklungszyklus ist stark artspezifisch und hängt maßgeblich von der Zahl der Nymphenstadien sowie von den Umweltbedingungen ab: Unter günstigen Umständen kann er innerhalb von sechs Monaten bis zwei Jahren abgeschlossen sein, während sich der Lebenszyklus in ungünstigen Situationen erheblich verlängert. In Extremfällen erreichen Argasidae Lebensspannen von über zehn Jahren. Höhere Temperaturen beschleunigen dabei den Übergang in das finale Stadium (4).

Die außergewöhnliche Langlebigkeit in Kombination mit den wiederholten Blutmahlzeiten macht Lederzecken zu besonders effizienten Reservoirs und Vektoren von Krankheitserregern. Jede erneute Blutaufnahme bietet eine weitere Gelegenheit, Pathogene aufzunehmen oder weiterzugeben, wodurch die Wahrscheinlichkeit der Übertragung auf unterschiedliche Wirte steigt. Diese biologische Besonderheit ermöglicht die langfristige Persistenz und Ausbreitung von Pathogenen in der Natur. Die medizinische Implikation besteht darin, dass ein anhaltender Infektionsdruck und ein kontinuierliches Risiko für die öffentliche Gesundheit – selbst bei geringer Zeckendichte oder in Jahreszeiten reduzierter Vektoraktivität – bestehen. (6).

Diese einzigartigen Eigenschaften bestimmen maßgeblich das Verhalten, die Lebensweise und die medizinische Bedeutung der Zecken – wie im folgenden Kapitel näher erläutert wird.

2.2. Verhalten und ökologische Aspekte

2.2.1. Wirtssuche und Quest-Verhalten

Das sogenannte Quest-Verhalten beschreibt den Vorgang, bei dem Zecken aktiv oder passiv ihre Blutwirte aufsuchen. Bei der Wirtssuche nutzen Zecken unterschiedliche Strategien: Schildzecken verwenden hauptsächlich die „Hinterhaltsstrategie“, bei der sie sich passiv an Vegetationsspitzen positionieren und mit ausgestreckten Vorderbeinen auf vorbeistreifende Wirte warten. Tropische Arten wie *Hyalomma marginatum* greifen auf die „Jägerstrategie“ zurück, die ein aktives Jagdverhalten mit dem Verfolgen potenzieller Blutwirte über kurze Distanzen (mehrere Meter) anpeilt (7).

Das Quest-Verhalten ist die kritischste Phase, da Zecken dabei hohem Energieverbrauch und dem Risiko der Austrocknung ausgesetzt sind. Moderate Temperaturen, hohe Luftfeuchtigkeit und geeignete Vegetationszusammensetzung sind entscheidend für den Überlebenserfolg während der Wirtsuche. Unter ungünstigen Umständen ziehen sich Larven in feuchtere Rückzugsräume zurück, was die Wahrscheinlichkeit eines Wirtkontakts erheblich reduziert. Jedoch können Larven unter optimalen mikroklimatischen Bedingungen auch ohne Wirt acht bis neun Monate überdauern (7).

2.2.2. Fressverhalten, Blutaufnahme und Wirtsspektrum

Das Fressverhalten der Zecken unterscheidet sich erheblich zu denen von blutsaugenden Insekten (Arthropoden) (3, 5). Während Lederzecken meist nur wenige Minuten bei Nacht saugen, können Schildzecken über langanhaltende Perioden von mehreren Tagen bis Wochen hinweg große Mengen Blut aufnehmen – zum Teil das Hundertfache ihres eigenen Körpergewichts. Beide Zeckengruppen weisen ein endophiles Fressverhalten auf: Sie verlassen den Wirt zwischen den Entwicklungsstadien, bevorzugt dann, wenn sich dieser im Nest oder Bau aufhält. Dadurch können sie sich geschützt vor Witterungs- und Wettereinflüssen sowie vor Fressfeinden häuten und steigern somit die Überlebenschancen in dieser vulnerablen Lebensphase (1).

Der Blutaufnahmeprozess ist hochspezialisiert: Schildzecken nutzen ihre Speicheldrüsen zur Osmoregulation, indem sie Flüssigkeit in die Stichwunde sekretieren und somit die entzogene Flüssigkeitsmenge ersetzen. Lederzecken hingegen verwenden spezielle coxale Organe zur Ultrafiltration des Blutes (1).

Das Wirtsspektrum ist artspezifisch unterschiedlich ausgeprägt. Einige Zeckenarten, wie etwa *Ixodes ricinus*, sind generalistisch veranlagt und befallen eine Vielzahl von Wirten, während andere Arten spezifischere Präferenzen aufweisen. Adulte Zecken parasitieren bevorzugt größere Wild- und Haustiere wie Rotwild, Pferd und Rind, während Larven und Nymphen häufig auf Kleinsäugern, Vögeln oder Reptilien zu finden sind (8). Diese artspezifischen Unterschiede im Wirtsspektrum wirken sich nicht nur auf das ökologische Vorkommen der Zecken aus, sondern beeinflussen auch maßgeblich ihre Rolle in der Pathogenübertragung.

2.2.3. Habitatspräferenzen und saisonale Aktivität

Zecken sind in ihrer Habitatswahl stark von klimatischen und ökologischen Bedingungen abhängig. Grundlegend benötigen sie feuchte Mikrohabitate mit ausreichend Vegetationsdeckung, um Austrocknung zu vermeiden. Einerseits sind sie zwar sehr empfindlich gegenüber Austrocknung, andererseits aber auch in zu feuchten oder gelegentlich überfluteten Gebieten nicht vorzufinden bzw. nicht überlebensfähig. Ebenso spielt eine gute Mischung der Wirtstiere eine entscheidende Rolle: Während größere Wirte wie Rehe oder Hirsche den adulten Stadien eine langanhaltende Blutmahlzeit gewährleisten, sind insbesondere kleinere Tiere wie Nagetiere, Vögel oder Reptilien essenziell für das Saugen und Festbeißen der früheren Entwicklungsstadien (10).

Die Aktivität der meisten Zeckenarten ist saisonal ausgeprägt, mit typischen Aktivitätsgipfeln im Frühjahr und Herbst. Milde Winter und heiße Sommer fördern die Entwicklung und Ausbreitung der Zeckenpopulationen. Schneedecken wirken im Winter wie eine isolierende

Schicht, die Frost im Boden verhindert und so das Überleben bzw. die Überwinterung der Zecken sichert. Generell können Zecken nahezu ganzjährig nachgewiesen werden (2, 9). Zudem wurden sie auch in Höhenlagen oberhalb von 1500 bis 2500 m über dem Meeresspiegel gefunden, was ihre flexible Anpassungsfähigkeit widerspiegelt (2).

Vor dem Hintergrund dieser ökologischen Ansprüche und ihrer Wirtsbeziehungen lässt sich auch die Verbreitung der wichtigsten Zeckenarten in Österreich besser einordnen – wie im folgenden Kapitel gezeigt.

3. Zeckenarten in Österreich

Nach einem Überblick über die Biologie, die Lebensweise und die ökologischen Besonderheiten von Zecken, fokussiert sich dieses Kapitel auf die, in Österreich dokumentierten Zeckenarten. Von besonderem Interesse sind jene Arten, die entweder aufgrund ihrer Häufigkeit und Verbreitung, ihrer Funktion als Krankheitsvektoren oder ihrer epidemiologischen Relevanz hervorzuheben sind.

3.1. Übersicht relevanter Zeckenarten

In Österreich sind derzeit rund 18 Zeckenarten dokumentiert. Den Hauptanteil stellen Vertreter der Familie der Schildzecken dar, insbesondere der Gattungen *Ixodes*, *Dermacentor* und *Haemaphysalis*. Vertreter der Familie der Lederzecken treten hingegen nur vereinzelt auf und besitzen eine untergeordnete medizinische Relevanz. Die häufigsten und weit-verbreitetsten Arten im Land sind *Ixodes ricinus* (Gemeiner Holzbock), *Dermacentor reticulatus* (Auwaldzecke) und *Haemaphysalis concinna* (Reliktzecke) (2).

Zusätzlich anzumerken sind eingeschleppte Arten wie *Hyalomma marginatum* und *Rhipicephalus sanguineus*, die zunehmend Aufmerksamkeit im Hinblick auf Klimawandel und Vektorerweiterung erregen (2).

3.2. Habitate und geografische Verbreitung

Die drei genannten Arten zeigen teilweise unterschiedliche Habitatspräferenzen:

- *Ixodes ricinus* bevorzugt feuchte Laub- und Mischwälder mit dichter Vegetation sowie hoher Luftfeuchtigkeit. Diese Art ist landesweit nahezu flächendeckend verbreitet – selbst in urbanen Grünanlagen (3, 9, 11).
- *Dermacentor reticulatus* besiedelt überwiegend offene Auenlandschaften, feuchte Wiesen und Flussauen. In den letzten Jahren wurde eine Ausbreitungstendenz in neue, zuvor ungeeignete Regionen festgestellt (12).
- *Haemaphysalis concinna* findet sich hauptsächlich in wärmeren, trockenen Gebieten wie dem Burgenland oder der südlichen Steiermark und bevorzugt Waldlichtungen oder -ränder (13).

3.3. Herausstellungsmerkmale hinsichtlich ihrer Vektorkompetenz und medizinischen sowie epidemiologischen Relevanz

Ixodes ricinus ist der bedeutendste Vektor in Mitteleuropa. Er überträgt eine Vielzahl humanpathogener Erreger, darunter das FSME-Virus (TBEV), *Anaplasma phagocytophilum* sowie *Borrelia burgdorferi* s.l. Aufgrund seiner ubiquitären Verbreitung ist er für die meisten zeckenassoziierten Erkrankungen in Österreich verantwortlich (14).

Dermacentor reticulatus verkörpert besonders im veterinärmedizinischen Kontext eine zentrale Rolle als Vektor. Die Art überträgt unter anderem *Babesia canis*, *Babesia caballi* sowie *Theileria equi* und ist damit maßgeblich an der Verbreitung der Babesiose- und Theileriose-Erkrankungen beteiligt. Als Reservoir für *B. canis* kann die Art auch unabhängig von einem vertebraten Zwischenwirt Pathogene innerhalb der Zeckenpopulation zirkulieren und aufrechterhalten (15).

Zudem wurde bei *Dermacentor reticulatus* ein weiterer Schlüsselmechanismus beschrieben, der die genetische Variabilität von Piroplasmiden fördert. Durch den Austausch genetischen Materials (Erbmaterials) zwischen Piroplasmiden innerhalb der Zecke kann es zu Rekombinationen kommen, die potenziellen Einfluss auf die Pathogenität und Epidemiologie der Pathogene ausüben (15).

Neben seiner Rolle als Überträger von Piroplasmiden ist *Dermacentor reticulatus* auch an der Ausbreitung bestimmter Vertreter der Spotted Fever Group (SFG) Rickettsien beteiligt. Insbesondere *R. slovaca* und *R. raoultii* konnten in *D. reticulatus* nachgewiesen werden. Ursprünglich galt ausschließlich *D. marginatus* als verdächtiger Vektor für das Übertragen dieser Erreger. Beim Menschen führen Spotted Fever Rickettsiosen zu zeckenassoziierter Lymphadenopathie und wird auch mit den mild verlaufenden Formen der Rickettsiose in Verbindung gebracht. Mittlerweile zeigen Untersuchungen jedoch, dass auch *D. reticulatus* zur Erhaltung und Übertragung dieser Erreger beiträgt (15).

Die Reliktzecke (*Haemaphysalis concinna*) ist weniger gut untersucht, wurde aber nachweislich mit verschiedenen zeckenübertragenen Krankheitserregern in Kontext gesetzt, die menschliche als auch tierische Erkrankungen auslösen. Darunter vor allem Pathogene wie das FSME-Virus, *Francisella tularensis* und *Rickettsia* spp. Ihre tatsächliche Vektorkompetenz ist jedoch noch nicht abschließend geklärt und erfordert weitere Studien (13).

3.4. Sonderfall: *Hyalomma marginatum* – Etablierung, Risiken und Besonderheiten der invasiven, tropischen Art

Eine besondere epidemiologische Herausforderung stellt die tropische Zeckenart *Hyalomma marginatum* dar, die ihre Wurzeln in ariden Regionen Afrikas, Asiens sowie dem südeuropäischen Mittelmeerraum hat. In den vergangenen Jahren wurde sie wiederholt auch in Österreich nachgewiesen, meist im Nymphen-Stadium. Angesichts der zunehmenden Temperaturen und trockenen Sommer aufgrund des globalen Klimawandels ist eine dauerhafte Etablierung dieser nicht-endemischen Art auch hierzulande möglich (16).

Der primäre Migrationsweg von *H. marginatum* nach Österreich erfolgt über den Zugvogelverkehr. Die Larven und Nymphen der tropischen Zeckenart haften an

umherziehenden Vögeln und können über weite Distanzen mehrerer hunderter Kilometer in neue geografische Regionen gelangen. Insbesondere Rast- und Nistplätze entlang der Flugrouten stellen potenzielle Einbringungsgebiete dar. Studien zeigen, dass das Monitoring von Zugvögeln, insbesondere in bekannten Vogelgrippen-Risikogebieten, wertvolle Indizien für die Einschleppung exotischer Zeckenarten wie *Hyalomma* spp. liefert. Frühzeitige Überwachung kann dabei helfen, eine Ausbreitung rechtzeitig zu erkennen und mittels gezielter Maßnahmen vorzubeugen (16.)

Neben klimatischen Bedingungen und Zugvogelmigration spielen auch ökologische Voraussetzungen eine entscheidende Rolle für die Etablierung dieser tropischen Art. *Hyalomma marginatum* ist stark an das Vorkommen und die Verbreitung größerer Säugetiere gekoppelt. Hierzu zählen vor allem Nutztiere wie Pferde, und Rinder, aber auch Schafe und Ziegen und Wildtiere, insbesondere Rehe und Hirsche. Nur wenn eine ausgewogene Balance zwischen geeigneten klimatischen Bedingungen mit ausreichend verfügbaren Wirtstieren vorliegt, kann sich die Art dauerhaft ansiedeln (16.)

Eine markante Abweichung von den einheimischen Schildzecken bildet das aktive Jagdverhalten, bei welchem die Art ihre Wirte gezielt über mehrere Meter weit verfolgt.

Aus epidemiologischer Sicht gilt *Hyalomma marginatum* als potenzieller Vektor für schwerwiegende, zoonotische Erreger und Erkrankungen, darunter an vorderster Stelle das Krim-Kongo-Hämorrhagische-Fieber-Virus (CCHFV). Vor dem Hintergrund des globalen Wandels ist eine verstärkte Überwachung der Verbreitung dieser Art in Österreich und Europa von zentraler Bedeutung für den öffentlichen Gesundheitsschutz (16).

4. Zeckenübertragene Pathogene und Krankheiten in Österreich

4.1. Zecken als Krankheitsvektoren

4.1.1. Die Rolle von Zecken als Überträger

Zecken sind in der Lage eine Bandbreite an Krankheitsorganismen auf Menschen und Tiere zu übertragen. Zahlreiche Erkrankungen sind direkt mit Zeckenbissen assoziiert. Aufgrund dessen haben gewisse Zeckenarten eine besondere Bedeutung bei der Gefährdung der öffentlichen Gesundheit. In Europa ist *Ixodes ricinus* ein wichtiger Träger von Erregern wie *Borrelia burgdorferi* sensu stricto, *Borrelia garinii*, und *Borrelia afzelii*. Diese Erreger stellen eine Gefahrenquelle für den Menschen dar, weil sie Gelenksentzündungen, neurologische Defizite und Hautstörungen im Rahmen der Lyme-Borreliose hervorrufen können (8).

Zecken übertragen weltweit mehr Pathogenarten als jede andere blutsaugende Arthropoden-Gattung. Sie betreffen als Wirte sowohl Menschen als auch Nutz- und Haustiere. Die Mehrzahl der von Zecken ausgelösten Erkrankungen sind zoonotischen Ursprungs, was ihre veterinär- und humanmedizinische Relevanz hervorhebt. Im Gegensatz dazu gelten einige mückenübertragene Krankheiten wie Malaria nicht als klassische Zoonosen. Der bedeutende Einfluss zeckenübertragener Erkrankungen (tick-borne diseases, TBDs) auf die öffentliche Gesundheit wurde in Europa und Nordamerika erst durch den Nachweis von *B. burgdorferi* als Auslöser der Lyme-Borreliose in den 1980-Jahren bekannt (3).

4.2. Bakterielle Erreger

4.2.1. *Anaplasma phagocytophilum*

Anaplasma phagocytophilum ist ein gram-negatives, obligat intrazelluläres α-Proteobakterium aus der Familie der Anaplasmataceae. Früher wurde es innerhalb der granulozytären Gruppe des Genus *Ehrlichia* angeführt, ehe es im Jahr 2001 als eigenständige Spezies definiert wurde. Das Bakterium infiziert neutrophile und eosinophile Granulozyten sowie Monozyten von Säugetieren und repliziert sich intrazellulär im Zytoplasma dieser Blutzellen (14).

In Europa erfolgt die Übertragung hauptsächlich durch *Ixodes ricinus* (Gemeiner Holzbock) (18). Als natürliche Reservoirwirte gelten insbesondere wildlebende Wiederkäuer (Ungulaten) wie Rehe (*Capreolus capreolus*) und Rothirsche (*Cervus elaphus*), bei denen Infektionen häufig ohne klinische Symptome verlaufen. Studien zeigen, dass diese Wildtierarten durch ihre hohe Populationsdichte und Prävalenzrate wesentlich zur Aufrechterhaltung des Erregerkreislaufs beisteuern (17).

Beim Menschen kann eine Infektion mit *A. phagocytophilum* zur humanen granulozytären Anaplasmose (HGA) führen. In Europa tritt die Erkrankung bislang selten auf und betrifft vorwiegend immunsupprimierte oder vorerkrankte Personen (18).

Die Prävalenz von *A. phagocytophilum* in Zecken variiert regional stark und reicht in Europa von 0,5 % bis über 60 %. Für Österreich besteht eine durchschnittliche Infektionsrate der Zecken von etwa 14 %. Bisherige Fallberichte beweisen das Auftreten von HGA beim Menschen auch in Österreich. Vereinzelte Nachweise traten insbesondere in den westlichen Bundesländern auf. Der erste dokumentierte humane HGA-Fall in Ostösterreich wurde im Jahr 2017 bereits geschildert (18).

4.2.2. *Borrelia* spp.

Die Lyme-Borreliose ist die häufigste durch Zecken übertragene Infektionskrankheit in Österreich. Verantwortlich sind wirtsabhängige Bakterien des *Borrelia burgdorferi* sensu lato-Komplexes, insbesondere die Genospezies *B. afzelii*, *B. garinii* und *B. burgdorferi* sensu stricto (2). In der nördlichen Hemisphäre sind *Ixodes ricinus* und *Ixodes persulcatus* die Hauptüberträger, wobei eine Übertragung in der Regel erst nach mehrstündiger (6 - 48h) Haftzeit erfolgt (19).

Nach der Infektion können sich die Erreger hämatogen im Organismus ausbreiten und verschiedenste Organsysteme befallen – darunter Haut, Nervensystem, Gelenke und Herz. Das klinische Erscheinungsbild ist dementsprechend facettenreich (39).

Typische Manifestationen:

- Haut: Erythema migrans (EM) als Frühzeichen sowie Acrodermatitis chronica atrophicans in späteren Stadien.
- Nervensystem: Neuroborreliose
- Bewegungsapparat: Lyme-Arthritis
- Weitere mögliche Beteiligungen: Myokarditis, Augenbeteiligung, Hepatitis oder chronisches Fatique-Syndrom.

In Europa wird die Hautmanifestation – insbesondere Erythema migrans (EM) – am häufigsten beobachtet und dient als diagnostischer Richtungsweiser. Eine Studie aus Slowenien legt dies exemplarisch nahe, wenngleich ihre Ergebnis-Übertragbarkeit auf ganz Europa eingeschränkt ist. In einer US-amerikanischen Untersuchung zeigten etwa 80 % der Patient:innen EM als Primärsymptom, 15 % äußerten unspezifische Beschwerden ohne Hautläsionen und nur 5 % repräsentieren sich mit Spätmanifestationen wie Neuroborreliose oder Lyme-Arthritis (39).

Letale Verläufe treten kaum auf und sind fast ausschließlich mit kardialer Beteiligung assoziiert. Ein fetales Risiko durch maternale Infektion ist bislang nicht zuverlässig belegt (39).

4.2.3. *Rickettsia* spp.

Bakterien der Gattung *Rickettsia* werden durch blutsaugende Arthropoden, insbesondere Zecken, auf Menschen und Tiere übertragen. Innerhalb der Gattung existieren über 30 verschiedene Genospezies, die sich in 4 Gruppen unterteilen lassen: die Zeckenbissfiebergruppe (Spotted Fever Group, SFG), die klassische Fleckfieber- bzw. Typhusgruppe (TG) sowie die Gruppen um *R. belli* und *R. canadensis* (21).

In Europa sind vor allem Erreger der Spotted-Fever-Gruppe (SFG) epidemiologisch bedeutsam. Endemische Regionen lokalisieren sich insbesondere im Mittelmeerraum, jedoch wurden auch in Mitteleuropa vereinzelt Infektionen festgehalten. Als klassischer Vertreter gilt *R. conorii* subsp. *conorii*, der Erreger des Mittelmeerfleckfiebers, welcher durch *Rhipicephalus sanguineus* übertragen wird (20, 21).

Weitere Vertreter der SFG, die in Europa nachgewiesen wurden, sind: *R. helvetica* und *R. monacensis*, übertragen durch *I. ricinus*, *R. aeschlimannii*, nachgewiesen bei *Hyalomma* spp. sowie *R. massiliae*, assoziiert mit Zecken des *Rhipicephalus*-Komplexes. Die Pathogenität einiger Arten, insbesondere bei *R. helvetica* und *R. monacensis*, ist für den Menschen bislang nicht abschließend geklärt (20)

Das klinische Bild bei einer durch SFG-Rickettsien verursachten Infektion ist unspezifisch und enthält Symptome wie plötzliches Fieber, Kopfschmerzen, Ausschlag oder auch Muskel- sowie Gelenksschmerzen. Die Inkubationszeit liegt zwischen 3 und 12 Tagen nach dem Zeckenstich (20, 21).

In Österreich zählen Rickettsien zu den am zweithäufigsten in Zecken nachgewiesenen Pathogenen. Studien zeigen eine durchschnittliche Infektionsrate von etwa 16,8 %. Dabei tritt *R. helvetica* am häufigsten auf, gefolgt von *R. raoultii*, *R. monacensis* sowie vereinzelt *R. slovaca*. Humane Erkrankungen im Zusammenhang mit diesen Erregern wurden bisher in Österreich nicht offiziell dokumentiert (22).

4.2.4. *Bartonella* spp.

Bartonella spp. sind weltweit verbreitete, aerobe, fakultativ intrazelluläre, gramnegative Bakterien aus der Klasse der α2-Proteobakterien. Derzeit sind über 30 *Bartonella*-Arten bekannt, von denen mindestens 14 als potenziell humanpathogen gelten. In Europa sind besonders die beiden Arten *B. henselae* und *B. quintana* relevant. *B. henselae* ist der Auslöser

der Katzenkratzkrankheit, während *B. quintana* das sogenannte Schützengrabenfieber verursacht (23).

Die Katzenkratzkrankheit wird hauptsächlich durch den Kontakt mit infizierten Katzen oder deren Ektoparasiten – insbesondere Katzenflöhen – auf den Menschen übermittelt. Typischerweise verläuft die Erkrankung mit selbstlimitierendem Fieber und regionaler Lymphadenopathie. Immunsupprimierte Personen können jedoch schwere Verläufe mit Bakteriämie und resultierender Endokarditis entwickeln (23).

Bartonellen zeichnen sich durch eine geringe Wirtsspezifität aus und profitieren von einer Vielzahl an Reservoirwirten, darunter Haus- und Wildtiere. Die Übertragung erfolgt primär durch verschiedene Arthropoden-Vektoren wie Flöhe, Läuse und Milben; auch Zecken werden als potenzielle Vektoren diskutiert (23).

Eine Studie aus Österreich zeigte eine durchschnittliche Infektionsrate mit *Bartonella*-DNA in Zecken von etwa 2,1 %. Dabei konnten *B. henselae*, *B. doshiae* und *B. grahamii* in *Ixodes ricinus* identifiziert werden. Konkrete Hinweise auf eine Übertragungsrolle durch Zecken beim Menschen liegen bislang jedoch nicht vor (23).

4.3. Virale Erreger

4.3.1. Tick-borne Encephalitis Virus (TBEV)

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) stellt die bedeutendste durch Zeckenstiche übertragene Virusinfektion des Menschen in Österreich dar. Verursacht wird die schwerwiegende Erkrankung durch das TBEV-Virus (FSME-Virus), ein RNA-Virus aus der Familie der *Flaviviridae*. Hauptvektor ist die Schildzecke *Ixodes ricinus*, die das Virus über ihren Speichel beim Stich auf den Wirt überträgt. Infizierte Zecken behalten das Virus lebenslang in sich und fungieren zugleich als Reservoir. In natürlichen Zyklen übernehmen insbesondere Kleinsäuger – vor allem Nagetiere – eine zentrale Rolle in der Aufrechterhaltung des Virusstammes in Endemiegebieten (14).

In selteneren Fällen kann die Erkrankung neben der vektoriellen Übertragung durch Zecken auch durch alimentäre Infektionen durch den Verzehr kontaminierter Rohmilchprodukte erfolgen. Diese Form, bekannt als „biphasisches Milchfieber“, tritt in Europa nur sporadisch auf, besitzt aber regional epidemiologische Bedeutung (14).

TBEV ist derzeit in 27 europäischen Ländern endemisch und hat sich in den letzten Jahrzehnten zunehmend ausgebreitet. Die tatsächliche Prävalenz des Virus in Zeckenpopulationen liegt typischerweise unter einem Prozent, ist jedoch je nach Region und Jahreszeit stark variabel. Aufgrund dieser niedrigen Detektionsraten erfolgt die

Langzeitüberwachung und Risikobewertung nicht primär durch PCR-basierte Virusnachweise in Zecken, sondern vor allem über das Monitoring humaner TBE-Fälle sowie Seroprävalenzstudien in Reservoirwirten. Besonders Reh-, Rot- und Schwarzwild dienen als sogenannte Sentinel- oder Indikatorarten (14).

In Österreich ist TBE gemäß dem Epidemiegesetz meldepflichtig. Die offizielle Klassifizierung von Risikogebieten basiert auf der geografischen Verteilung klinisch bestätigter TBE-Erkrankungen und nicht auf dem direkten Erregernachweis von TBEV in Zecken oder Tieren (2, 10). Das durch Zecken übertragene TBE-Virus ist in weiten Teilen Europas sowie in Zentral- und Ostasien endemisch und löst jährlich mehr als 10.000 hospitalisierte TBE-Erkrankungen aus. Damit zählt TBE zu den bedeutendsten durch Zecken übertragenen Virusinfektionen der nördlichen Hemisphäre. TBEV wird in 3 Subtypen unterteilt, wobei in Österreich der europäische Subtyp dominierend ist. Eine wirksame Prophylaxe kann durch aktive Vakzinierung mittels inaktivierter Impfstoffe erzielt werden. Die Durchimpfungsrate liegt in Österreich bei über 80 % der Gesamtbevölkerung, was mit einem signifikanten Rückgang der Erkrankungszahlen in der geimpften Bevölkerung einhergeht. Die Inzidenz in der nicht immunisierten Population bleibt hingegen weitgehend konstant (24).

Die Persistenz und Verbreitung des TBE-Virus sind eng an ökologische und klimatische Bedingungen gebunden. Entscheidend sind dabei eine ausreichende Verfügbarkeit kompetenter Wirtstiere sowie das synchrone saisonale Auftreten verschiedener Entwicklungsstadien der Zecken, insbesondere der *Ixodes ricinus*. Ein früher Temperaturanstieg im Frühjahr sowie milde Winter begünstigen die gleichzeitige Aktivität larvaler und nymphaler Entwicklungsstadien und erhöhen die Übertragungswahrscheinlichkeit des Virus (24).

In jüngerer Zeit wurden vermehrt neue natürliche Herde identifiziert – auch in Gebieten, die zuvor als TBEV frei galten. Diese Dynamik wird durch Faktoren wie Klimawandel, veränderte Landnutzung, ein zunehmendes Freizeitverhalten in periurbanen Naturräumen sowie Wildtierbewegungen gefördert (24).

In einer aktuellen seroepidemiologischen Studie von Duscher et al. (2015) wurde das Rehwild als Indikatorart zur TBE-Risikobewertung herangezogen. Aufgrund ihres begrenzten Streifgebietes, ihrer hohen Exposition gegenüber Zecken und der Fähigkeit zur Serokonversion bei TBEV-Infektionen, gelten Rehe als geeignete Marker für natürliche TBE-Herde. Von 945 untersuchten Rehblutseren aus ganz Österreich wurden 22 Proben (2,4 %) seropositiv auf TBEV-Antikörper getestet und weitere 17 Proben mit einem Grenztiter von 1:16 identifiziert. Die Mehrheit der positiven Proben (70,6 %) stammte aus bekannten TBEV-

Risikogebieten, die bereits aufgrund gemeldeter Humanfälle klassifiziert waren – was die Validität tierökologischer Surveillance-Ansätze unterstreicht (25).

4.4. Parasitäre Erreger

4.4.1. *Babesia* spp.

Babesien sind obligat intrazelluläre, einzellige Parasiten aus der Ordnung *Piroplasmida*, die zu den Apicomplexa gezählt werden. Sie befallen Erythrozyten und verursachen die Babesiose – eine vorrangig veterinärmedizinisch relevante Erkrankung, die jedoch auch als Zoonose beim Menschen auftreten kann. Weltweit werden mehr als 100 verschiedene Arten von *Babesia* spp. anhand ihrer morphologischen Merkmale und ihrer hohen Wirtsspezifität differenziert, von denen einige humanpathogen sind (26).

In Europa ist *B. divergens* der wichtigste humanpathogene Vertreter dieser Art, übertragen wird dieser durch *Ixodes ricinus*. Babesiose tritt in den letzten Jahren immer frequenter als Infektionskrankheit auf. Klinisch äußert sich die Erkrankung häufig in Form von Fieber, Hämolyse, Hämoglobinurie („Red Water“) sowie Ikterus. Dazu kommen Symptomkomplexe wie Schüttelfrost, Schwitzen, Kopfschmerzen, Myalgie sowie Schmerzen im Lenden- und Bauchbereich. Besonders prädisponiert sind Patient:innen mit Splenektomie oder Immunsuppression (26).

Von veterinärmedizinischer Relevanz sind vor allem *Babesia canis* bei Hunden – übertragen durch *Ixodes ricinus* und *Babesia vogeli*, die durch *Rhipicephalus sanguineus* im Mittelmeerraum verbreitet sind. Während *B. canis* in Mittel- und Westeuropa vorkommt, verursacht *B. vogeli* hauptsächlich im Süden Europas Krankheitsausbrüche, die ein klinisches Spektrum von asymptomatischen bis zu schwerwiegenden, lebensbedrohlichen Verläufen beim Hund verursachen können (28).

Neuere Studien zeigen zudem die Existenz weiterer zoonotisch relevanter Stämme wie *Babesia cf. microti*, die in Wildtieren zirkulieren. Für Österreich wurde bisher *Ixodes hexagonus* als möglicher Vektor diskutiert, wenngleich die Vektorkompetenz bislang nicht als abschließend geklärt gilt. Hodzic et al. 2017 beschreibt die weitere Vektorkompetenz von *Dermacentor reticulatus* (27).

4.4.2. *Theileria* spp.

Die eng mit Babesien verwandten Theilerien sind ebenfalls Piroplasmen des Stammes Apicomplexa. Im Gegensatz zu Babesien parasitieren Theilerien neben Erythrozyten auch Leukozyten und verursachen die Theileriose (29) – eine meist in den Tropen und Subtropen auftretende, wirtschaftlich bedeutsame Erkrankung bei Nutztieren (30).

In Europa sind *Theileria equi* und *T. haneyi* (Pferde), *T. ovis* sowie diverse Genotypen bei Wildwiederkäuern wie Rothirschen, Rehen und Gämsen dokumentiert. Diese Wildtiere können subklinisch als chronisch persistierendes Reservoir dienen (30). Eine klinische Theileriose-Infektion äußert sich ähnlich der Babesiose durch Anämie, Hämolyse und einer typischen Lymphknotenvergrößerung (29).

In Österreich wurde kürzlich *Theileria*-DNA in *Haemaphysalis concinna* Zecken und Rothirschen nachgewiesen, was auf eine mögliche autochthone Zirkulation des Erregers in österreichischen Wildtierpopulationen schließen lässt. Die Vektorkapazität dieser Zeckenart ist noch Gegenstand wissenschaftlicher Diskussion, jedoch erfolgt die Übertragung in Mitteleuropa, neben dem alt-bekannten Vektor *Ixodes ricinus*, sehr wahrscheinlich auch durch *Haemaphysalis concinna* (31).

4.5. Emerging Pathogens

Überblick über neuauftretende, wiederkehrende oder potenziell bedeutende, durch Zecken übertragene Pathogene, die in Europa und Österreich zunehmend in den Fokus rücken und von humaner oder veterinärmedizinischer Bedeutung sind. Im Folgenden werden einige relevante Vertreter vorgestellt.

4.5.1. *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis

Candidatus N. mikurensis ist ein in Europa neu auftretendes, zoonotisches, gramnegatives und obligat intrazelluläres Bakterium aus der Familie der Anaplasmataceae. Es wurde erstmals 2004 molekular und ultrastrukturell charakterisiert. Phylogenetische Analysen zeigen eine enge Verwandtschaft zu *Ehrlichia*-ähnlichen Mikroorganismen, die bereits zuvor in Zecken und Kleinsäugern verschiedener Regionen Europas und Asiens nachgewiesen wurden (32).

Als Vektor für die Übertragung von *Candidatus* N. mikurensis gilt die Zeckenart *Ixodes ricinus*. Kleinsäuger, insbesondere Nagetiere, fungieren als natürliche Reservoirwirte, da sie systemische Infektionen entwickeln und den Erreger an Zecken weitergeben können.

Insbesondere bei immunsupprimierten Patient:innen wurden schwerwiegende septikämische Krankheitsverläufe mit Fieber und Entzündungszeichen geschildert (32).

Eine Studie von Derdáková et al. (2014) untersuchte das Vorkommen von *Candidatus* N. mikurensis in elf unterschiedlichen Habitaten in Österreich, der Schweiz und Ungarn. Dabei wurde eine Kozirkulation mit *Anaplasma phagocytophilum* belegt. Dieser signifikante ökologische Zusammenhang deutet auf ähnliche Reservoirdynamiken und Übertragungswege der beiden Erreger hin und unterstreicht die Relevanz von *Candidatus* N. mikurensis im

Rahmen von zeckenübertragenen Infektionen in Mitteleuropa – insbesondere bei Patient:innen mit Zeckenexposition und unklaren febrilen Erkrankungen (33).

Die Prävalenz von *Candidatus* N. mikurensis variiert je nach Region, liegt jedoch meist unter 10 %. Besonders häufig wurde der Erreger bislang in West- und Mitteleuropa nachgewiesen, unter anderem in Ungarn, Deutschland, der Schweiz, aber auch in Österreich (33).

4.5.2. *Francisella tularensis*

Das im Jahre 1911 zum ersten Mal isolierte, grammnegative, fakultativ intrazelluläre Bakterium *Francisella tularensis*, ist der Erreger der Zoonose Tularämie (auch Hasenpest genannt). Das Bakterium lässt sich in vier Unterarten separieren: *Francisella tularensis* subsp. *tularensis* (Typ A), *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* (Typ B), *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica* und *Francisella tularensis* subsp. *novicida*. Die Hauptverursacher der humanen sowie tierischen Tularämie in Europa sind ausschließlich Typ A und Typ B (34).

Als Hauptreservoire in Europa gelten Feldhasen (*Lepus europaeus*) und verschiedene Nagetierarten. Bei Hasen können Infektionen zu akuten, oft tödlichen septischen Verläufen bis hin zu chronischen, subklinischen Verläufen mit Organläsionen führen. Chronisch infizierte Tiere dienen als Langzeitreservoir und stellen somit ein kontinuierliches Risiko der Disposition des Menschen und für Tiere dar (34).

Auch Nagetiere können betroffen sein, zeigen jedoch eine hohe Anfälligkeit und versterben häufig innerhalb kürzester Zeit an der Infektion. Dennoch demonstrieren Studien, dass infizierte Mäuse den Erreger auch langfristig ausscheiden können – beispielsweise über den Harn im Rahmen einer chronischen Nephritis (Bakteriurie). Dadurch können Wasser, Boden und Nahrungsmittel durch Ausscheidungen von Nagetieren kontaminiert werden und ein potenzielles Risiko für Tularämie-Ausbrüche beim Menschen darstellen (34).

Die Übertragung auf den Menschen geschieht in erster Instanz durch den direkten Kontakt mit infizierten Tieren, aber auch Arthropoden wie Zecken und kontaminierte Umwelt sind Gefahrenquellen. Nach einer kurzen Inkubationszeit von nur drei bis fünf Tagen entwickeln sich unspezifische, grippeähnliche Symptome, darunter Fieber, Lymphadenopathien, Kopf-, Muskel- und Gliederschmerzen sowie Schüttelfrost. Die klinische Manifestation hängt von der Eintrittspforte ab und es wird zwischen sechs klinischen Formen unterschieden: Ulzeroglanduläre, glanduläre, oropharyngeale, okuloglanduläre, pneumonische und typhusartige Form. In Europa dominieren ulzeroglanduläre und glandulärer Verläufe mit etwa 95 % der gemeldeten Fälle (34).

Zecken spielen insbesondere in Europa eine Schlüsselrolle bei der Verbreitung und Aufrechterhaltung des Erregers im Naturkreislauf. Besonders *Dermacentor reticulatus* besitzt

vermutlich eine übergeordnete Rolle als Vektor in Österreich und angrenzenden Regionen. In Österreich stellt neben dem Zeckenstich auch der direkte Kontakt mit infizierten Nagern oder Feldhasen den bedeutendsten Infektionsweg der Tularämie dar (34).

Ein natürlicher Endemie-Herd der Tularämie liegt im Thaya-Gebiet an der tschechisch-österreichischen Grenze. Eine Studie von Hubálek et al. (2013) konnte in Südmähren und benachbarten Gebieten in Niederösterreich *F. tularensis*-DNA in 6,1 % der untersuchten *Dermacentor reticulatus* Zecken festhalten. Dies weist auf eine aktive Zirkulation des Erregers in der Region hin, auch wenn das tatsächliche Übertragungsrisiko durch Zecken derzeit als gering eingestuft wird. Die Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit grenzüberschreitender Surveillance-Maßnahmen im Kontext des Tularämie-Monitorings (35).

4.5.3. *Coxiella burnetii*

Das obligat intrazelluläre Bakterium *Coxiella burnetii* ist Verursacher des Q-Fiebers, eine meist durch kontaminierte Aerosole übertragene Zoonose. Der Erreger weist ein breites Wirtsspektrum auf, darunter den Menschen. Neben eingeatmeten Aerosolen oder Stäuben können auch Zecken als Quelle der humanen Infektion fungieren. Das Bakterium wurde bereits aus mehr als 40 verschiedenen Zeckenarten weltweit nachgewiesen und besonders *D. marginatus* scheint ein wichtiger Vektor dafür zu sein. Obwohl die Rolle von Zecken als Vektoren umstritten ist, wurde *C. burnetii* in mehreren Zecken – auch in Österreich – molekular nachgewiesen (36).

Q-Fieber zeigt sich anhand von akuten, grippeähnlichen Symptomen mit möglichen Komplikationen wie Pneumonie oder Hepatitis. Der chronische Krankheitsverlauf hingegen führt zu einem allgemeinen Erschöpfungssyndrom, das der Beeinträchtigung der Herzklappen zugrunde liegt (36).

Trotz hoher Antikörper-Prävalenzen bei Haus- und Wildtieren im Raum Tirol und Burgenland wurden in Österreich bislang noch keine Ausbrüche vermeldet. Möglicherweise zirkulieren Stämme mit verminderter Virulenz, wodurch es nur zur Antikörperbildung kommt. In Tirol wurden vereinzelt Zecken auf *C. burnetii* positiv getestet (37).

4.5.4. Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber-Virus (CCHFV)

Das Krim-Kongo-Fieber-Virus (CCHFV) ist ein von Zecken übertragenes Virus der Familie *Nairoviridae* und Auslöser des Krim-Kongo-Fiebers (CCHF), einer hämorrhagischen Fiebererkrankung mit hoher Letalität (bis zu 30 - 40 %). Endemische Regionen liegen in Afrika, Asien, im Nahen Osten sowie in Teilen Südost- und Osteuropas. Der wichtigste Vektor in Europa ist *Hyalomma marginatum*. Daneben kann eine Übertragung auch durch Kontakt mit

Blut oder Gewebe infizierter Tiere oder Menschen stattfinden, was vor allem Berufsgruppen in der Viehwirtschaft oder im Gesundheitswesen einer Bedrohung aussetzt (38).

Während zahlreiche Wild- und Haustiere (z. B. Rinder, Schafe, Ziegen, Pferde, Hasen) als Reservoirwirte dienen können, bleibt die Infektion bei ihnen klinisch inapparent. Sie spielen jedoch eine bedeutende Rolle in der Viruszirkulation und bei der Ausbreitung von Vektoren. Wie bereits in Kapitel 3.4 erwähnt, tragen Zugvögel zur Verbreitung von *Hyalomma*-Zecken über weite Distanzen bei, was die Einschleppung des Virus in neue Regionen erleichtert. Zusätzlich begünstigen der Klimawandel und veränderte Landnutzungsmuster die Etablierung geeigneter Lebensräume für neue Vektoren und Wirte (38).

In Österreich wurde CCHFV bislang nicht nachgewiesen. Europäische Risikoanalysen, darunter eine semi-quantitative Bewertung von Fanelli et al. (2021), stufen das Risiko einer Einführung und Etablierung in Österreich und den meisten west- und mitteleuropäischen Ländern derzeit als gering ein. Für Länder wie Italien oder Frankreich wird hingegen ein mittleres Risiko angenommen. Trotz der aktuell niedrigen Relevanz verdeutlicht CCHFV die Bedeutung von Vektormonitoring und Surveillance-Systemen, um neu auftretende oder eingeschleppte Pathogene frühzeitig zu erkennen und adäquat reagieren zu können (38).

5. Methodik

Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, einen aktuellen Überblick über das Vorkommen der Zeckenarten sowie von zeckenübertragenen Krankheitserregern in Österreich darzustellen. Um bestehende Wissenslücken hinsichtlich der geografischen Verteilung dieser Vektoren und Pathogene zu schließen, wurde eine eigens entwickelte Datenbank im Rahmen des Projekts ATIV-BioDat (Establishment of Connecting Infrastructure for National and International Biodiversity Databases between Austrian Research Institutions) strukturiert erfasst, aufbereitet und in weiterer Folge mit Hilfe geografischer Informationssysteme räumlich visualisiert und hinsichtlich der Verteilungsmuster ausgewertet.

5.1. Systematische Literaturrecherche

Das methodische Vorgehen gestaltete sich wie folgt: Zunächst wurden historische sowie aktuelle Daten zu Zecken und zeckenübertragenen Krankheiten in Österreich gesammelt und analysiert. Danach wurde, basierend auf georeferenzierten Daten, die Zecken- und Pathogenverteilung anhand von Karten visualisiert. Grundlage der Datenerhebung bildete eine systematische Literaturrecherche in wissenschaftlichen Datenbanken, um alle auffindbaren und zugreifbaren Studien zu Zecken in Österreich in Kombination mit GPS-Lokalisationen oder Sammlungsfundorten in einer Datenbank zusammenzutragen.

5.1.1. Datenquellen und Suchstrategie

Zur Erstellung einer Zecken-Datenbank und von Zecken übertragenen Erkrankungen in Österreich sowie zur Kartierung der Zecken- und Pathogenverteilung, dienten vor allem die wissenschaftlichen Datenbanken Scopus, PubMed und Google Scholar. Ergänzend wurden Publikationen und Berichte relevanter Organisationen/Institutionen wie der AGES, WHO und ECDC sowie sogenannte „graue Literatur“ wie z.B. Vetmed:seeker berücksichtigt.

Aufgrund der Einschlusskriterien und des spezifischen Aufbaus der Datenbank wurden hauptsächlich die Daten von Studien aus etablierten wissenschaftlichen Literaturdatenbanken wie Scopus, PubMed und Google Scholar in die endgültige Analyse aufgenommen.

Die Suche von Literatur erfolgte gezielt mithilfe definierter Schlagwortkombinationen (Keywords) in deutscher und englischer Sprache. Verwendet wurden unter anderem:

- „ticks“, „Austria“, „tick-borne diseases“, „tick-borne pathogens“
- die Namen aller neun österreichischen Bundesländer
- relevante Zecken- und Pathogenarten

Ziel war es, möglichst umfassend Studien zu identifizieren, die georeferenzierte Angaben zu Zeckenvorkommen oder Pathogennachweisen in Österreich enthalten. Insgesamt konnten so im Rahmen der Literaturrecherche 599 Keyword-relevante Publikationen ermittelt werden.

5.1.2. Auswahl: Einschluss- und Ausschlusskriterien

Die Vorauswahl der relevanten Literatur erfolgte auf Basis festgelegter Auswahlkriterien, sogenannten Ein- und Ausschlusskriterien, um ausschließlich Studien zu berücksichtigen, die für die Erstellung der Datenbank sowie die Beantwortung der wissenschaftlichen Fragestellung geeignet waren.

Als zentrales Einschlusskriterium zählte der geografische Fokus der Studien auf Österreich. Zudem mussten die Arbeiten georeferenzierte Standortdaten (GPS) enthalten, wobei eine Mindestgenauigkeit auf Bundeslandebene (NUTS-2) vorausgesetzt wurde. Idealerweise lagen exakte GPS-Koordinaten oder präzise Ortsangaben wie Dorf- oder Stadtbezeichnung vor. In weiterer Hinsicht war die eindeutige taxonomische Bestimmung der Zeckenarten erforderlich, um diese den Fundorten, als auch den positiven getesteten Pathogenen, zuordnen zu können. Die Pathogenstudien sollten zusätzlich Informationen zu den nachgewiesenen Erregern und deren Zuordnung zu spezifischen Zeckenarten enthalten. Trotz der Priorität wurden auch Studien ohne Pathogennachweise aufgenommen, sofern sie Standortdaten zu Zeckenvorkommen anführten. Letztlich wurde auch besonderer Wert auf die Dokumentation der verwendeten Sammelmethode (z.B. Flaggenmethode, Wirtsammlung) sowie auf Angaben zur Labordiagnostik (z.B. PCR, Mikroskopie) gelegt. Wenn verfügbar, wurde zudem der Zeitraum der Sammelaktion berücksichtigt. Bei Studien, die eine Sammlung direkt von Wirtstieren durchführten, wurde nach Möglichkeit auch die jeweilige Wirtsspezies verschriftlicht, um die Zusammenhänge zwischen Zecken, Wirten und Pathogennachweisen analysieren zu können.

Studien, die wesentliche Anforderungen nicht erfüllten, wurden von der finalen Analyse ausgeschlossen. Ein besonderes Ausschlusskriterium stellte das Fehlen zentraler Metadaten wie z.B. der exakten Zeckenart-Bestimmung oder das Fehlen präziser Standortangaben dar. Ebenso wurden Veröffentlichungen ausgeschlossen, bei denen kein Zugriff auf den Volltext bestand, keine Informationen zur Zeckensammlung oder ein eindeutiger Fokus auf Zeckenimporte aus dem Ausland vorlag. Reviews, Abschluss- und Übersichtsarbeiten wurden grundsätzlich nicht miteingearbeitet, stattdessen flossen, sofern verfügbar, die darin zitierten Original-Referenzen in die Analyse ein. Nach kritischer Sichtung der insgesamt 599 identifizierten Publikationen, erfüllten 67 Studien die definierten Einschlusskriterien in ausreichendem Maß und wurden somit in die finale Datenbank aufgenommen.

5.2. Datenaufbereitung und systematische Literaturverwaltung

Nach Abschluss der systematischen Literaturrecherche war eine strukturierte Aufbereitung und Verwaltung der gesammelten Daten erforderlich, um eine transparente Nachverfolgbarkeit und hochwertige Datenqualität sicherzustellen. Zu diesem Zweck erfolgte die Kategorisierung sowie Kuration der inkludierten und exkludierten Studien innerhalb einer Mendeley Bibliothek.

5.2.1. Organisation und Kuration der Mendeley Datenbank

Alle relevanten Referenzen wurden systematisch in der Mendeley Bibliothek angelegt, kategorisiert und verwaltet. Im Rahmen der Kuration wurden Dubletten entfernt, fehlerhafte Einträge bereinigt und Ausschlussgründe dokumentiert, um die besagte Nachvollziehbarkeit der Studienauswahl zu gewährleisten. Die finale Sammlung umfasste insgesamt 67 relevante, georeferenzierte Studien zu Zecken und zeckenübertragenen Krankheiten in Österreich, davon 54 Primärpublikationen sowie 13 ergänzende Referenzen, wie beispielsweise weiterführende Studien oder Pathogennachweise zu zuvor gesammelten Datensätzen vorheriger Studien.

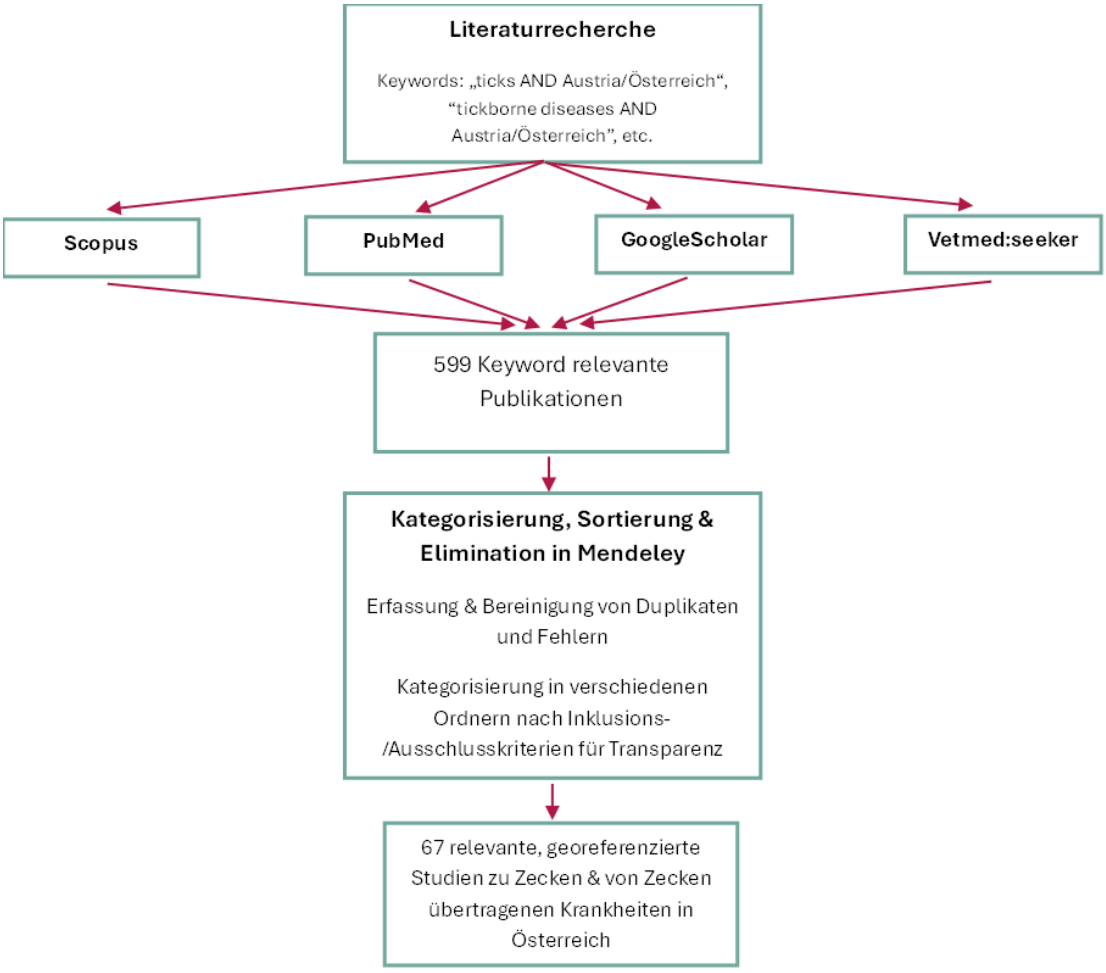


Abbildung 2: Schemata zur systematischen Literaturrecherche und -verwaltung

5.3. Erstellung einer Zecken-Datenbank

Im Anschluss an die Literaturrecherche und systematische Quellenverwaltung wurden die extrahierten Metadaten aus den 67 inkludierten Studien strukturiert in einer eigens erstellten Excel-Datenbank zusammengeführt. Ziel war es, eine standardisierte Grundlage für die spätere, quantitative Auswertung und georeferenzierte Visualisierung der Zecken- und Pathogendaten in Österreich zu ermöglichen.

5.3.1. Aufbau und Struktur

Die Datenbank orientiert sich konzeptionell an bestehenden Biodiversitäts- und Pathogendatenbanken (z.B. GBIF/OBIS-Schemata) und ist modular in sieben thematisch gegliederte Kategorien (Arbeitsmappen) unterteilt: Collection, Location, Event, Occurence, Measurement, Taxon sowie Sampling Protocol. Jede dieser Kategorien erfasst unterschiedliche, standardisierte Metadaten, wie in Abbildung 3 schematisch verdeutlicht wird.

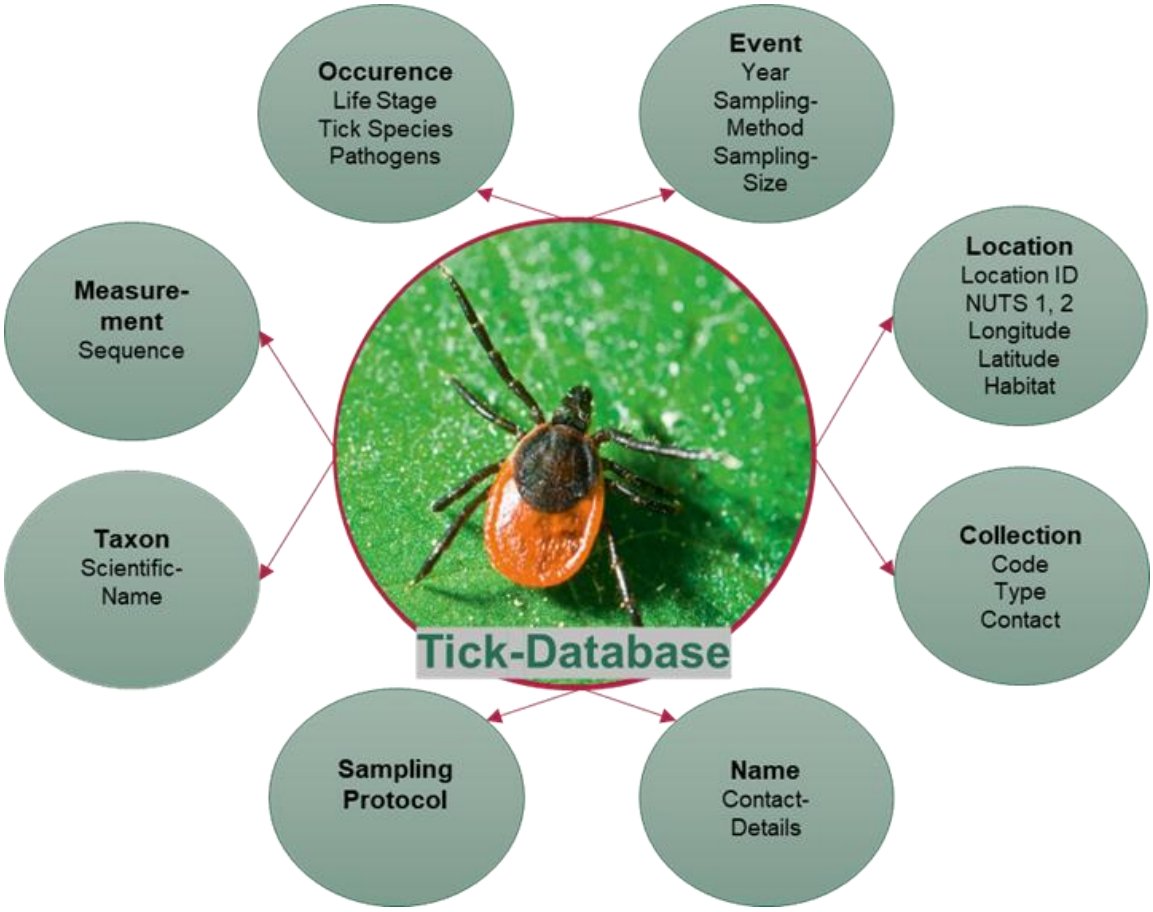


Abbildung 3: Schematischer Aufbau der Zecken-Datenbank mit Unterteilung in Kategorien (eigene Darstellung, teilweise basierend auf Bildmaterial von Pixabay, Foto: Erik Karits).

Die Kategorie „Collection“ (Sammlungsübersicht) dient der Erfassung bibliografischer und institutioneller Metadaten zu den inkludierten Studien, dazu gehören Dokumenttyp, Publikationsstatus, institutionelle Zugehörigkeit, Namen der Autor:innen sowie vollständige Zitation. Insgesamt wurden 67 Studien eingetragen, davon 54 Primärpublikationen und 13 ergänzende Referenzen (z.B. Folgestudien oder methodische Ergänzungen). Die Primärquelleinträge setzen sich aus 43 peer-reviewten Artikeln, 4 Datensätzen oder technischen Berichten, sowie je einem Konferenzbeitrag und einem Fallbericht zusammen.

Die Kategorie „Location“ erfasst sämtliche georeferenzierten Standortangaben zu den Fundorten, einschließlich einer eindeutigen Location-ID, der administrativen Region (NUTS-2), dem Bundesland, den Koordinaten (Längen- und Breitengrad), Ortsbezeichnungen und – sofern verfügbar – Habitat-Typ (z.B. Wald, Stadtpark, Almwiese).

Unter „Event“ werden Eckdaten des Erhebungszeitraumes festgehalten – dazu zählen das Jahr der Sammlung, die verwendete Sammelmethode (z.B. Flagging oder Wirtsbeprobung) sowie die jeweilige Stichprobengröße pro Sammlung.

Die Kategorie „Occurence“ beinhaltet Art (z.B. *Ixodes ricinus*), Entwicklungsstadium (Larve, Nymphe, Adult) und die nachgewiesenen bzw. detektierten Pathogene der jeweiligen Zeckenproben (z.B. *Borrelia burgdorferi*).

Die Spalte „Measurement“ dokumentiert weiterführende molekulare Informationen, insbesondere Angaben zu durchgeführten Genanalysen oder Sequenzen, sofern diese in der Originalquelle verfügbar sind.

Das „Taxon“ referenziert die wissenschaftliche Klassifikation der Zecken auf Artniveau unter Angabe des taxonomischen Rangs.

Abschließend dokumentiert das „Sampling Protocol“ die Sammeltechniken sowie gegebenenfalls verwendete Labormethoden zur Pathogen- oder Artidentifikation (z.B. PCR, Mikroskopie).

5.3.2. Standardisierung von Standortdaten

Zur Gewährleistung einer konsistenten und somit vergleichbaren geografischen Darstellung wurden sämtliche longitudinalen sowie latitudinalen Koordinaten in das einheitliche WGS84-Referenzsystem (EPSG:4326) überführt. Für Studien ohne exakte GPS-Angaben wurden zentral gelegene Repräsentativpunkte (Centroids) auf Bundesland- bzw. Bezirksebene eingesetzt. Bei der Auswahl wurde darauf geachtet, dass möglichst keine Überschneidungen mit bekannten Fundorten bestanden, um Verzerrungen zu vermeiden. Die genutzten Centroids auf Bundeslandebene lauten:

Tabelle 1: Repräsentativpunkte auf Bundeslandebene

Bundesland	Längengrad	Breitengrad	Referenzort
Burgenland	47.1409	16.5040	Bildein
Kärnten	46.7222	14.2975	St. Veit/Glan
Niederösterreich	48.2000	15.8500	Kirchstetten
Oberösterreich	48.1800	13.9700	Wels
Salzburg	47.8135	13.0451	Salzburg
Steiermark	47.2140	14.7640	Spielberg
Tirol	47.2537	11.6014	Wattens
Vorarlberg	48.2082	16.3738	Stephansplatz
Wien	47.2529	9.9198	Fontanella

Ergänzend zur Bundeslandebene wurden in vereinzelten Fällen auch Centroids auf Bezirksebene herangezogen, sofern die Studien lediglich allgemeine Angaben wie „Bezirk Melk“ oder „St. Pölten Land“ enthielten anstatt spezifischer Koordinaten. In solchen Fällen wurde der geographische Mittelpunkt des jeweiligen Bezirks als Repräsentativpunkt verwendet, um die Zuordnung auf Kartenebene zu ermöglichen.

Folgende Koordinaten wurden im Rahmen dieser methodischen Annäherung auf Bezirksebene eingesetzt:

Tabelle 2*:* Repräsentativpunkte auf Bezirksebene

Bezirk	Längengrad	Breitengrad	Referenzort
Linz-Land	48.2333	14.2500	Traun
St. Pölten-Land	48.2000	15.6167	St. Pölten
Melk	48.1670	15.3300	Leonhard am Forst

Eine überregionale Zuordnung mittels Centroids fand auch in diesen Tiroler Tälern statt:

Tabelle 3: Repräsentativpunkte von Tiroler Tälern

Tal	Längengrad	Breitengrad	Referenzort
Oberes Inntal	47.1391	10.5690	Landeck
Mittleres Inntal	47.2682	11.3928	Innsbruck
Unteres Inntal	47.5833	12.1667	Kufstein
Drautal	46.8306	12.7597	Lienz

Diese Centroid-Koordinaten wurden für die Studie von Sonnleitner (2015) herangezogen, sofern keine expliziten Ortsangaben wie „Reutte/Lechtal“ vorhanden waren.

Die Verwendung dieser Repräsentativpunkte stellt eine methodische Näherung dar und führt zu einer gewissen räumlichen Unschärfe. Diese räumliche Unschärfe ist jedoch methodisch vertretbar und ermöglicht eine vollständige österreichweite Kartierung auch bei eingeschränkter Datenverfügbarkeit. Allerdings sollte dies bei der Interpretation der Verbreitungsmuster berücksichtigt werden.

5.4. Datenanalyse und geografische Kartenvisualisierung

5.4.1. Statistische Auswertung in Excel

Die initiale Datenaufbereitung und deskriptive Analyse fanden mithilfe von Microsoft Excel statt. Dadurch konnten unter anderem folgende Parameter aus verschiedenen Studien untersucht werden:

- Anzahl und Verteilung der Fundorte (Location-IDs) pro Bundesland
- Jährliche Zeckensammelzahlen und deren zeitliche Entwicklung pro Bundesland
- Aufschlüsselung und Verteilung der Zeckenarten
- Nachweise von Pathogenen nach Zeckenart und Standort
- Vergleich der verwendeten Sammelmethoden

Unter anderem wurden die Anzahl und Verteilung der Fundorte – Location IDs – pro Bundesland, die Zeckenzahl pro Sammeljahr, der Vergleich der Sammelmethode, die Stichprobengröße pro Event, die Zeckengesamtzahl sowie die relative Aufteilung der Zeckenarten und der Nachweis der Pathogenarten analysiert.

Zur Anwendung kamen unter anderem Pivot-Tabellen und Balken-, Säulen- sowie Kreisdiagramme. Die aufbereiteten Daten dienten als Grundlage für die weiterführende

geografische Darstellung sowie Bildanalyse und um ein umfassendes Verständnis über die Struktur, Häufigkeit und Verteilung der erfassten Zecken- und Pathogendaten zu gewinnen.

5.4.2. Geografische Datenprozessierung und Visualisierung von GPS-Daten mithilfe der Programmiersprache R

Für die Visualisierung georeferenzierter Daten in Österreich wurde die Programmiersprache R (R Core Team) in Kombination mit RStudio (Version 2024.12.0+467) verwendet. Relevante Pakete umfassten: ggplot2, sf, sp, rgdal und rnaturalearth. Das Vorgehen gestaltete sich wie folgt:

- Datenexport aus Excel als .csv-Datei
- Transformation in ein räumliches Datenformat via R-Befehl „st_as_sf()“
- Import einer Hintergrundkarte und Grenzshapefiles von Österreich mit „rnaturalearth“
- Projektion der Punktdaten mittels R-Befehl „geom_sf()“ auf die Karte
- Farblich kodierte Visualisierung nach Zecken- und Pathogenart
- Erstellung spezifischer Unterkarten (z.B. *Borrelia*-, FSME- oder *Babesia*-Karten)

Diese standardisierte Vorgehensweise erlaubt eine vergleichbare, regional-bundeslandbasierte Darstellung der Zecken- und Pathogenverteilung sowie Interpretation von Verteilungsmustern bzw. -trends und dadurch die Identifikation potenzieller Risikogebiete.

6. Ergebnisse

6.1. Auswertungen der Zecken-Datenbank

Im Anschluss an die systematische Literaturrecherche und die Erstellung der georeferenzierten Zecken-Datenbank erfolgte eine umfassende Auswertung der aggregierten Daten. Ziel war es, zentrale epidemiologische Parameter – wie die geografische Verteilung bestimmter Zeckenarten sowie nachgewiesene Pathogene und deren regionale Verteilungsmuster – strukturiert zu analysieren und visuell in Form von Karten und Diagrammen darzustellen.

Die Datenanalyse baut auf eine Kombination von deskriptiver Statistik in Microsoft Excel und raumbezogener Visualisierung mittels der Programmiersprache R auf. Ergänzend wurde eine bibliometrische Analyse mit dem Tool VOSviewer durchgeführt, um die wissenschaftlichen Netzwerke und thematischen Cluster der verwendeten Literatur innerhalb der Datenbank zu ermitteln.

Die Ergebnisse bilden die Grundpfeiler für die anschließende Diskussion zu epidemiologischen Entwicklungen, potenziellen Risikogebieten sowie der Bedeutung bestimmter Vektor-Pathogen-Kombinationen für die öffentliche und veterinärmedizinische Gesundheit in Österreich.

6.1.1. Reference Network (Co-Citation Analysis)

Zur bibliometrischen Auswertung der angewandten Literatur wurde mithilfe des Open-Source-Tools VOSviewer eine sogenannte Co-Citation-Analyse durchgeführt. Ziel war es, die inhaltlichen Vernetzungen und zitationsbasierten Beziehungen innerhalb des Literaturkopus sichtbar zu schildern und zentrale wissenschaftliche Publikationen im Themenfeld „Zecken und zeckenübertragene Erkrankungen in Österreich“ zu identifizieren.

Die Co-Citation-Analyse (deutsch: Kozitationsanalyse) verknüpft Publikationen miteinander, wenn sie gemeinsam in anderen Quellen zitiert wurden. Je häufiger solche gemeinsamen Zitationen auftreten, desto enger wird die Verbindung zwischen den entsprechenden Publikationen in der Netzwerkdarstellung visualisiert.

Die nachfolgende Abbildung 4 zeigt das resultierende Referenznetzwerk gruppiert nach dessen Kozitationsstärke und thematischer Nähe. Die einzelnen Knoten repräsentieren einzelne Publikationen, benannt nach Erstautor:in und Publikationsjahr. Die Größe der Knoten spiegelt die Häufigkeit der gemeinsamen Zitationen wider, während die Farben unterschiedliche Schwerpunkte (Cluster) darstellen, die eine thematische oder methodische Verwandtschaft andeuten.

So zeigt beispielsweise das rote Cluster rund um Vogelgesang 2020, Duscher 2016 und Sonnberger 2022, eine Verbindung von Studien, die thematisch vermutlich der molekularen Pathogendetektion in Zecken zuzuordnen ist. Im Gegensatz dazu vereint das grüne Cluster ältere Studien wie Blaschitz 2008 oder Stünzner 1999, die sich tendenziell mit Fragen zur allgemeinen Zeckenverbreitung und Methodik befassen.

Für die Darstellung wurden ausschließlich Publikationen berücksichtigt, die mindestens viermal gemeinsam mit anderen Werken zitiert wurden (n ≥ 4), um das Netzwerk auf die zentralen und gut vernetzten Studien zu fokussieren.

Durch die zentrale Position liegt besonderer Fokus auf Schötta et al. 2017, aber auch weitere Studien wie Blaschitz (2008), Duscher (2013, 2016), Wijnveld (2016, 2021) und Vogelgesang (2020) stechen hervor. Diese Publikationen wurden offenbar in zahlreichen anderen Studien referenziert und nehmen somit eine Schlüsselrolle innerhalb des österreichischen Zecken-Forschungsfeldes ein. Das Netzwerk bietet somit nicht nur einen Überblick über den strukturellen Aufbau des Forschungsfeldes in Österreich, sondern ermöglicht es auch, thematische Schwerpunkte, Forschungstraditionen und einflussreiche Studien visuell zu erfassen.

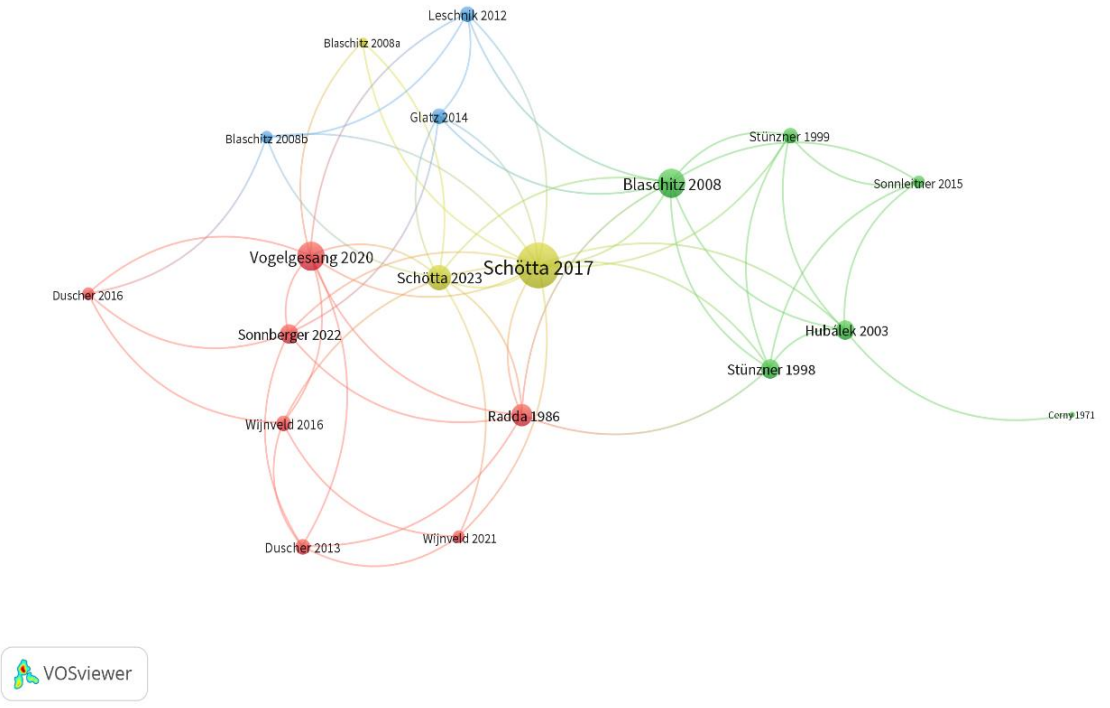


Abbildung 4: Reference Network – Visualisierung des Co-Zitations-Netzwerks der analysierten Referenzen zur Zeckenforschung in Österreich. Erstellt mit VOSviewer. Die Knotengröße entspricht der Häufigkeit gemeinsamer Zitationen, die Farben repräsentieren thematische Cluster.

6.1.2. Verteilung der Sammlungsorte in Österreich

Die Zecken-Datenbank bietet die Möglichkeit der Analyse der Lokalisations-bezogenen Parameter in der Mappe „Location“. Sie dient der Erfassung und Kategorisierung der Beprobungsorte der Zecken und veranschaulicht deren geografische Verteilung über alle Bundesländer hinweg. Insgesamt konnten 260 Location ID’s und 210 individuelle Location ID’s quer durch Österreich eingetragen werden. Die Mehrheit der insgesamten Beprobungsorte pro Bundesland lokalisierte sich dabei in der Steiermark (n = 73), gefolgt von Niederösterreich (n =49), Tirol (n = 41) und dem Burgenland (n = 35) – beinhaltet auch doppelte GPS-Lokalisationen bei einzelnen Punkten, wenn wiederholt am selben Ort Proben gesammelt wurden (siehe Abb. 5). In den Bundesländern Salzburg (n = 8), Oberösterreich (n = 12), Kärnten (n = 14) und Vorarlberg (n = 4) wurden im Vergleich noch weniger Studien mit Zeckenfunden durchgeführt. Wien befindet sich im Mittelbereich, was für das flächenmäßig kleinste Bundesland jedoch eine große Menge darstellt (n = 24).

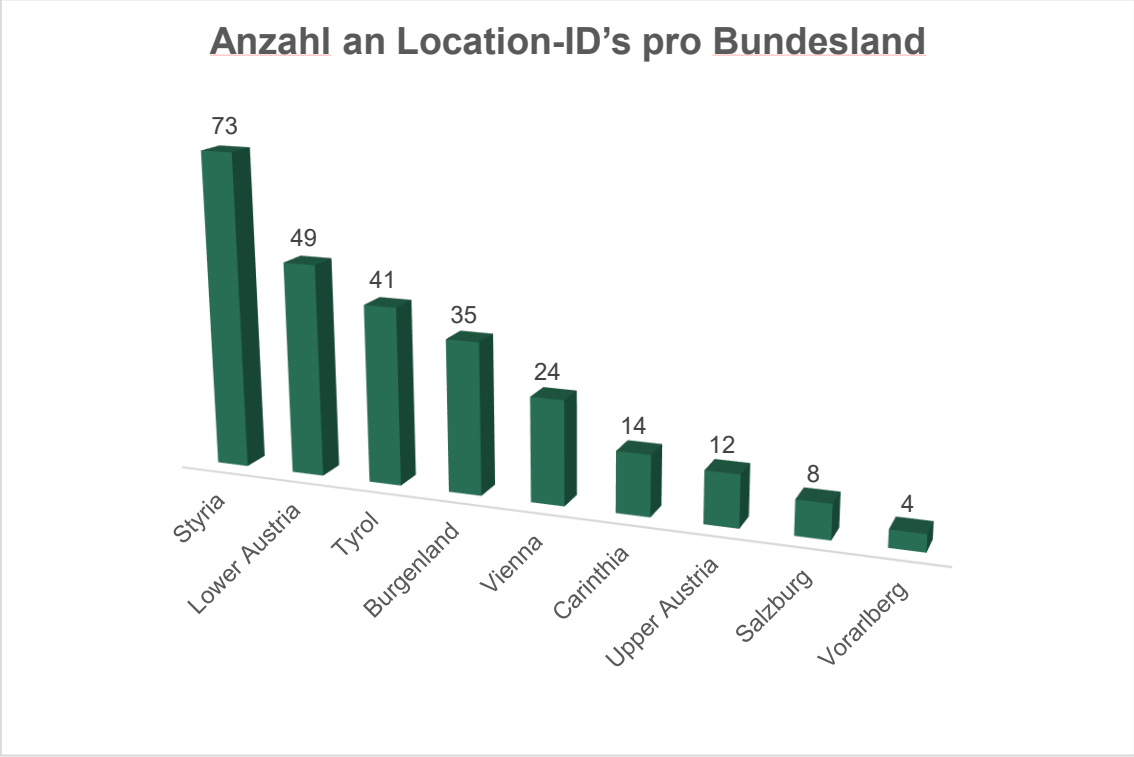


Abbildung 5: Anzahl und Verteilung der Zeckensammlungsorte in den Bundesländern Österreichs.

6.1.3. Zeiträume der Sammlungen und Gesamtzeckenzahlen pro Jahr

Abbildung 6 veranschaulicht die jährliche Gesamtanzahl aller in der Datenbank erfassten Zecken und den Zeitraum der Zeckensammlungen, der den Gesamtzeitraum von 1957 bis 2023 umfasst – also über sechs Jahrzehnte hinweg.

Dieser Zeitraum konnte für 40.126 von den mehr als 45.282 gesammelten Zecken angegeben werden. Besonders hervorsticht das Jahr 2005 mit insgesamt 10.433 Zecken aus allen Bundesländern Österreichs, gefolgt von den Jahren 1965, 1972, 1971 und 1997, in denen jeweils mehrere 1000 Exemplare gesammelt wurden.

Einige Studien der Datenbank enthielten keine Gesamtzahl oder keine genaue Aufschlüsselung der gesammelten Zecken, weshalb bestimmte Jahre möglicherweise unterrepräsentiert sind.

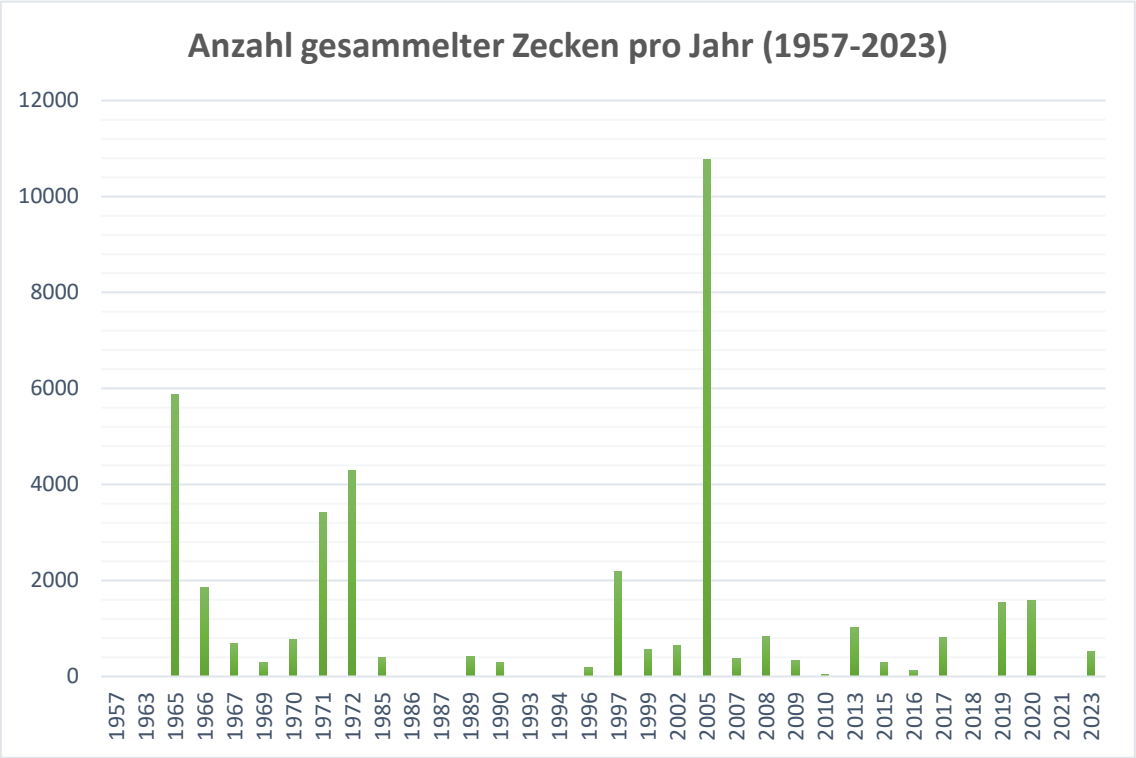


Abbildung 6: Anzahl gesammelter Zecken pro Jahr 1957 - 2023

6.1.4. Gesamtanzahl der Sammlungsereignisse (Events) und Stichprobengröße

Insgesamt wurden 309 Sammlungsevents (Event-IDs) erfasst, mit einer durchschnittlichen Stichprobengröße von etwa 113 Zecken pro Sammlungsereignis.

6.1.5. Vergleich der Sammlungsmethoden

Im Rahmen der verschiedenen Feldstudien wurden unterschiedliche Methoden zur Zeckensammlung herangezogen, die sich in ihrer Effektivität je nach Zeckenart, Lebensstadium und Umweltbedingungen deutlich unterscheiden. Die Erfassungsmethoden lassen sich wie folgt unterteilen: Flagging, Wirtstiersammlung (Host Collection), direkte Sammlung adulter Zecken (Adult Sample), Deckenziehen durch Vegetation (Blanket Dragging), fotografische Dokumentation (Photographic Image) sowie die gezielte Sammlung von Nymphen und Larven (Nymph/Larva Sample).

Die mit Abstand am häufigsten eingesetzte Methode mit den meisten eingesammelten Zecken war das Flagging, mit dem insgesamt 34.835 Zecken erfasst wurden. Beim Flagging wird ein weißes Stofftuch (meist aus Flanell) über niedrige Vegetation gezogen, um Zecken anzulocken, die sich an der Textiloberfläche festklammern und anschließend abgesammelt, gezählt und dokumentiert werden. Diese Methode kam auch in der bislang größten österreichischen Zeckensammlung von Blaschitz et. al (2008) aus dem Jahr 2005 zur Anwendung, bei der insgesamt 10.433 Zecken ausschließlich durch Flagging gesammelt wurden.

An zweiter Stelle rangieren nicht näher spezifizierte Beprobungsmethoden (n = 5872 Zecken), die in den zugrundeliegenden Studien nicht genauer beschrieben wurden. Die dritthäufigste Methode war die Wirtstiersammlung mit insgesamt 2687 Zecken, die direkt von Wirten – abgesammelt wurden. Dabei dominierten Haustiere wie Hunde und Katzen, gefolgt von zahlreichen Kleinsäugern; teilweise wurden auch Pferde, Menschen sowie verschiedene Wildungulaten untersucht. Diese Methode eignet sich besonders zur Erhebung zeckenassoziierter Pathogene in Assoziation mit bestimmten Wirtsarten und erlaubt zudem Rückschlüsse auf Vektor-Wirt-Beziehungen.

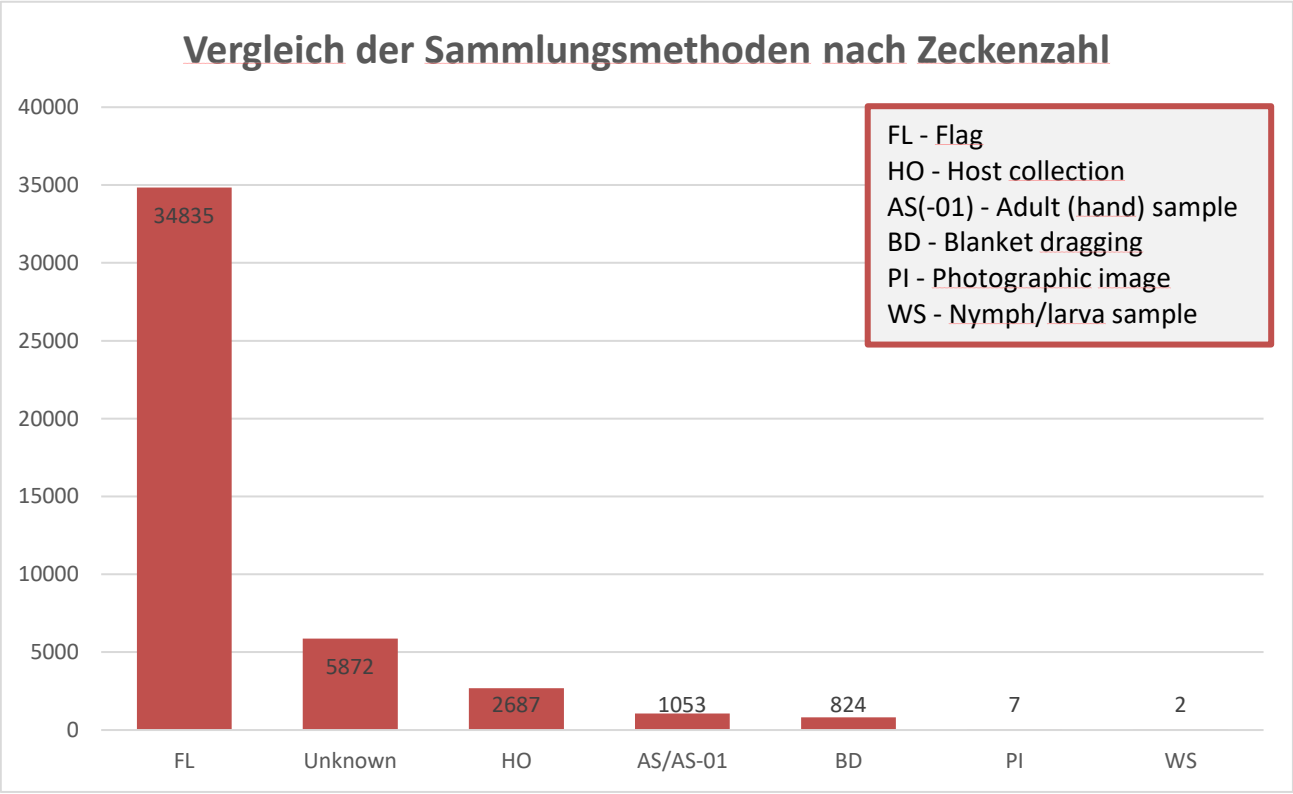


Abbildung 7: Vergleich der Sammlungsmethoden nach gesammelter Zeckenzahl

6.1.6. Gesamtanzahl und relative Verteilung der Zeckenarten

Im Zuge der systematischen Literatur- und Datenrecherche konnten insgesamt 45.282 dokumentierte Zeckenfunde aus Österreich ausgewertet und eingetragen werden. Die Analyse bestätigt die dominierende Stellung von *Ixodes ricinus* in Österreich, die mit einem Anteil von 97 % (n = 43.874) bei weitem die am häufigsten nachgewiesene Zeckenart darstellt (siehe Abb. 8).

Die verbleibenden 3 % der Gesamtfunde entfallen auf andere Zeckengattungen. Eine genauere Betrachtung dieser Gruppe zeigt, dass innerhalb der nicht zu *Ixodes ricinus* gehörenden Zeckenarten *Dermacentor* spp. mit 57,4 % (n = 807) den größten Anteil ausmacht. An zweiter Stelle folgt *Haemaphysalis* spp. mit 30,1 % (n = 423), gefolgt von anderen Vertretern der Gattung *Ixodes* mit 11,7 % (n = 165). Die selten auftretenden Gattungen wie *Hyalomma* spp. (n = 8) und *Ornithodoros* (n = 3) wurden nur vereinzelt festgestellt (siehe Abb. 9).

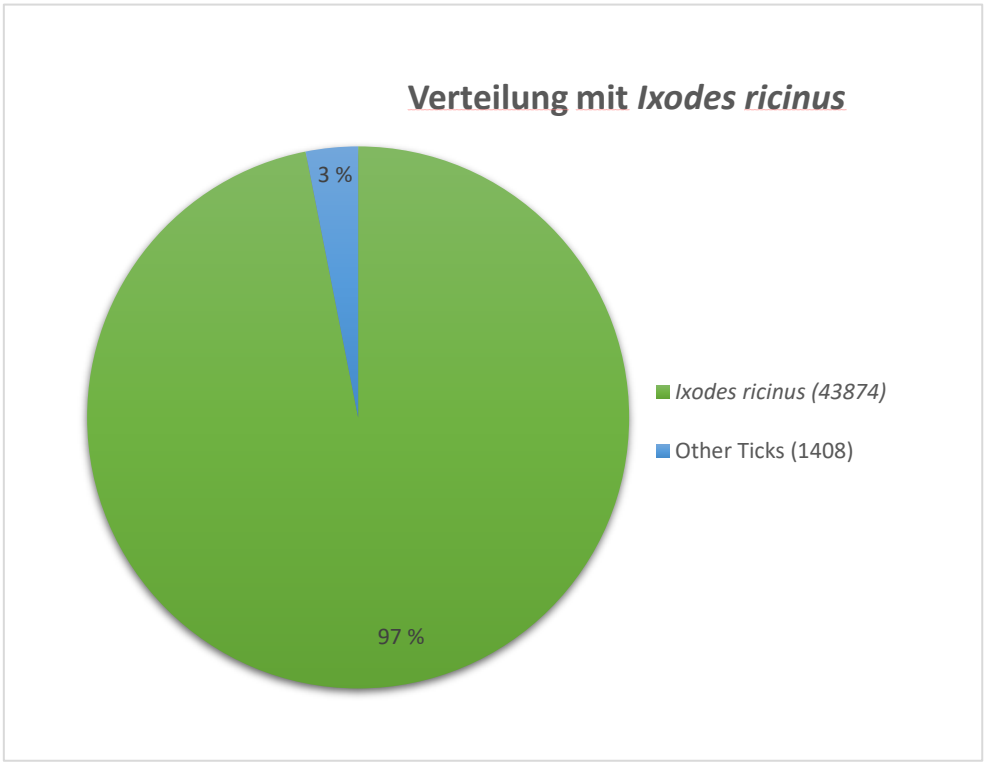


Abbildung 8: Verteilung der Zeckenarten in Österreich inklusive *Ixodes ricinus*

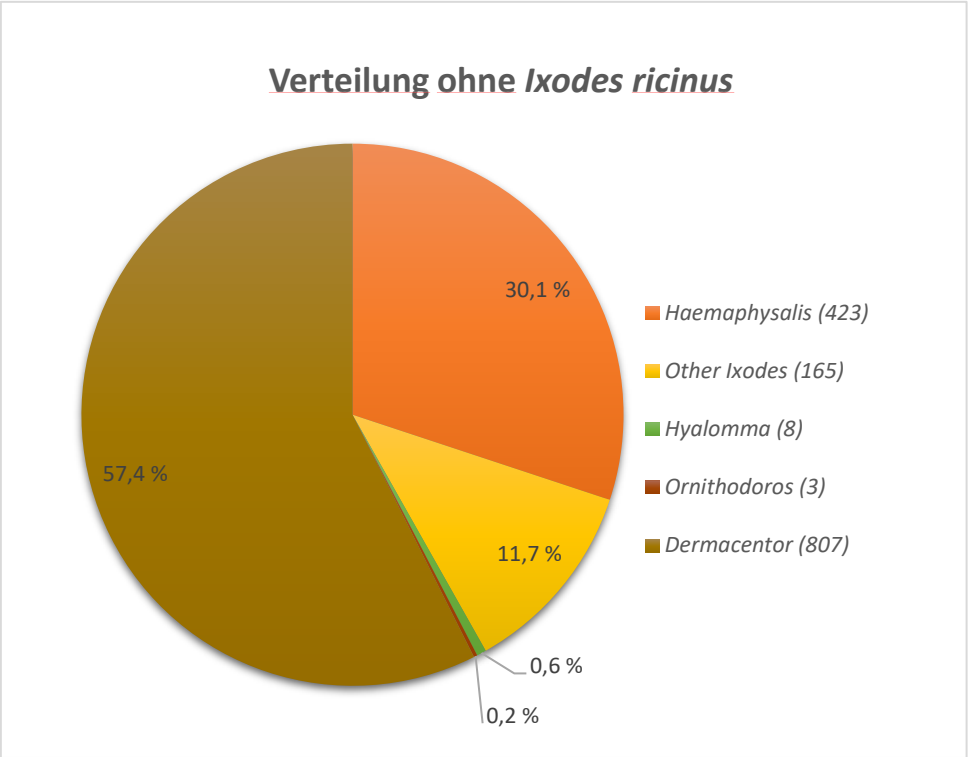


Abbildung 9: Verteilung der Zeckenarten in Österreich exklusive *Ixodes ricinus*

Die Ergebnisse betonen die klare Dominanz von *Ixodes ricinus* in der österreichischen Zeckenfauna. Sie lassen jedoch gleichzeitig das Vorkommen potenziell invasiver oder vektorrelevanter Arten wie *Dermacentor reticulatus* oder *Hyalomma marginatum* erkennen, die insbesondere im Kontext des Klimawandels und einer potenziellen Pathogenverschleppung epidemiologisch relevant sind.

6.2. Charakterisierung der Kartenverteilungsmuster/-trends

6.2.1. Geografische Verbreitung gesammelter Zeckenarten in Österreich

Übersicht der Zeckensammlungsorte in Österreich:

Die nachfolgende Karte (Abb. 10) gibt einen Überblick aller georeferenzierter Zeckensammelstandorte aus den in der Datenbank inkludierten Studien (n = 67), unabhängig von der Zeckenart. Jeder Punkt entspricht einem georeferenzierten Fundort (GPS-Koordinate), an dem eine oder mehrere Zecken gesammelt wurden, wobei die Farbkodierung dem jeweiligen Bundesland entspricht, um die Verteilung der Standorte in den entsprechenden Bundesländern besser darzustellen bzw. hervorzuheben.

Die Kartendarstellung verdeutlicht, dass zeckenbezogene Studien in allen neun Bundesländern Österreichs durchgeführt wurden, wenngleich die räumliche Dichte der Proben stark variiert. Die Steiermark (n = 51) und Niederösterreich (n = 42) sowie das Burgenland (n

= 32) weisen eine hohe Anzahl an dokumentierten Fundorten auf. Ebenfalls häufig vertreten sind Standorte in Tirol (n = 39) und Wien (n = 24). Demgegenüber sind Bundesländer wie Salzburg (n = 6) oder Vorarlberg mit einer geringeren Anzahl an Sammelorten dokumentiert.

Die regionale Verteilung erlaubt erste Rückschlüsse auf die Forschungsschwerpunkte bzw. -intensität pro Region – unabhängig von gesammelter Zeckenart, -gesamtzahl oder Pathogennachweis. Regionen mit besonders dichter Punktverteilung könnten auf eine höhere Forschungsaktivität oder auf bekannte Endemiegebiete hinweisen.

Die Karte dient als Orientierungsrahmen für die nachfolgenden, artspezifischen Karten (Abschnitte 6.2.2 ff.), in denen die Verbreitung einzelner Zeckenarten wie *Ixodes ricinus*, *Dermacentor reticulatus* oder *Haemaphysalis concinna* detaillierter betrachtet wird.

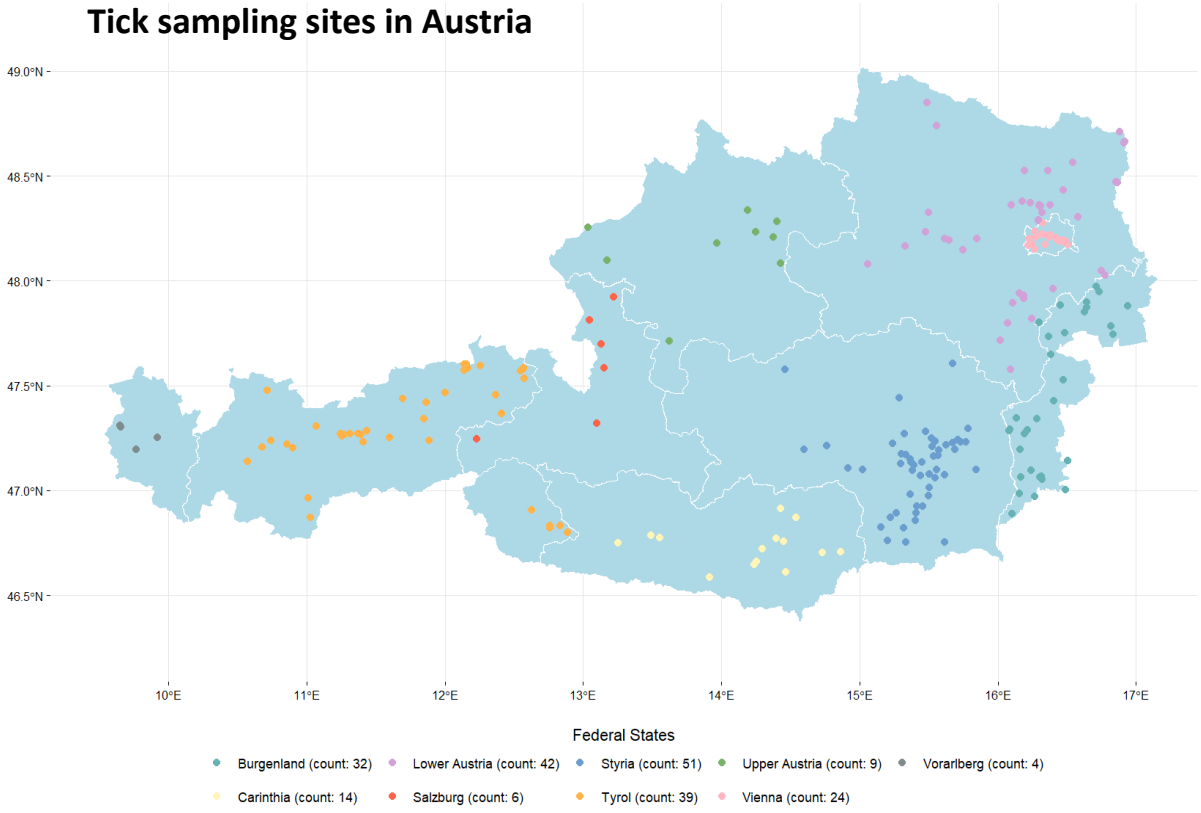


Abbildung 10: Tick sampling locations in Austria

Verbreitung von *Ixodes ricinus*:

Die folgende Karte (Abb. 11) zeigt die georeferenzierten Sammelpunkte von *Ixodes ricinus* in Österreich, basierend auf insgesamt 176 dokumentierten Fundorten aus der systematischen Literaturrecherche. Die roten Punkte markieren die Lokalitäten, an denen diese Zeckenart in den analysierten Primärstudien nachgewiesen wurde.

Die Visualisierung verdeutlicht, dass *Ixodes ricinus* nahezu flächendeckend in allen neun Bundesländern vorkommt. Auffällig hohe Dichten an Fundorten finden sich in den östlichen und südöstlichen Regionen Österreichs – insbesondere in der Südsteiermark, im Burgenland sowie im östlichen Niederösterreich. Diese Akkumulationen spiegeln entweder eine erhöhte tatsächliche Dichte von *I. ricinus* wider oder resultieren aus intensiverer Probentätigkeit.

Auch in den westlichen Bundesländern wie Tirol, Salzburg oder Vorarlberg ist *Ixodes ricinus* regelmäßig dokumentiert, wenngleich die Fundstellen dort vergleichsweise dünner gestreut erscheinen. Dies könnte einerseits auf eine geringere Studienanzahl oder methodische Einschränkungen, andererseits aber auch auf topografische und klimatische Unterschiede in alpinen Lagen hinweisen.

Schlussendlich lässt sich festhalten, dass *I. ricinus* mit deutlichem Abstand die am häufigsten nachgewiesene Zeckenart in Österreich ist. Die breite räumliche Verteilung unterstreicht ihre ausgeprägte, ökologische Anpassungsfähigkeit an unterschiedlichste Umweltbedingungen – von Tieflagen bis in alpine Höhenlagen oberhalb von 1500-2500 m. Ihre dominierende Rolle spiegelt sich deutlich in der Häufigkeitsstatistik der erhobenen Datenbankeinträge wider (vgl. Kapitel 6.1.2).

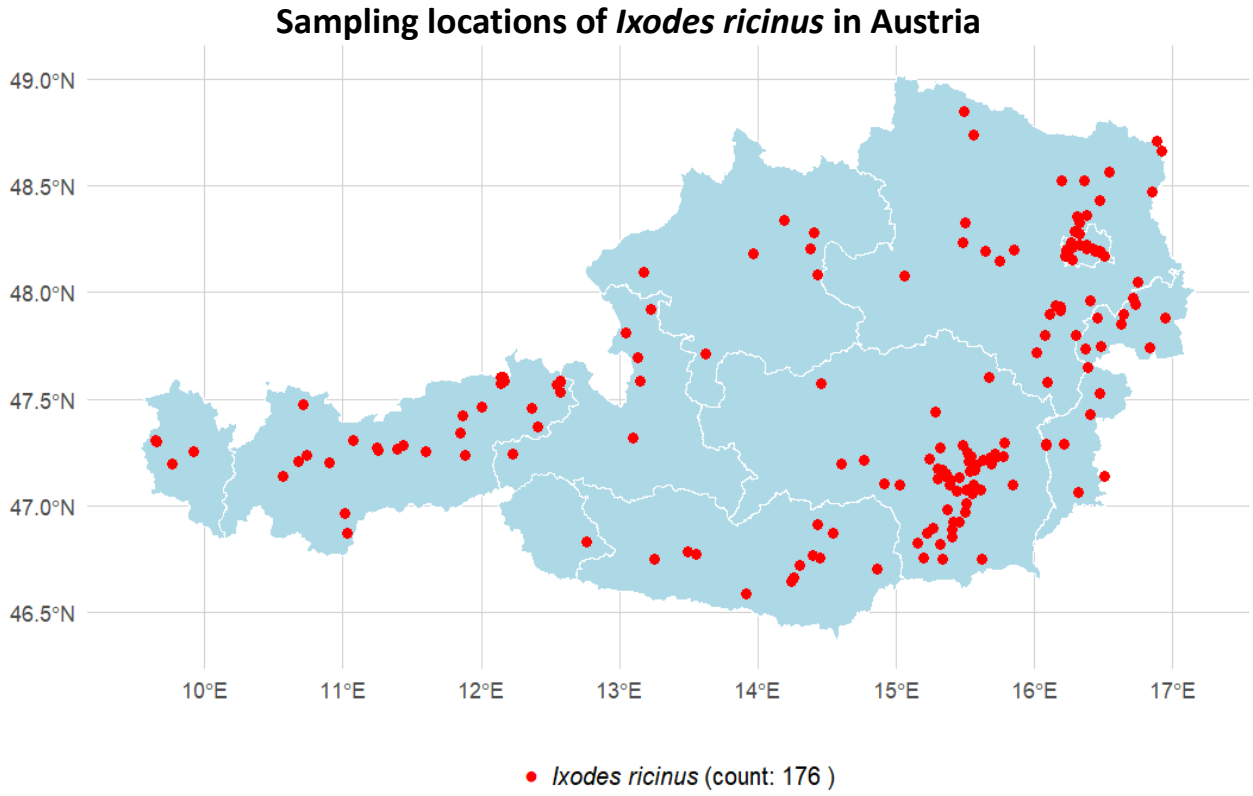


Abbildung 11: Sampling locations of *Ixodes ricinus* in Austria

Verbreitung von *Dermacentor*-Arten:

Die zugehörige Karte (Abb. 12) zeigt die dokumentierten Sammelstandorte der in Österreich nachgewiesenen *Dermacentor*-Arten - *D. reticulatus*, *D. marginatus* – sowie einen Eintrag ohne nähere Artzuweisung (*Dermacentor* spp.). Insgesamt wurden 42 Fundorte in der Datenbank verzeichnet, wobei *Dermacentor reticulatus* mit 33 Standorten den größten Anteil ausmacht, gefolgt von *Dermacentor marginatus* mit 8 Probeorten.

Die geografische Verteilung zeigt ein ausgeprägtes Ost-West-Gefälle im Auftreten der beiden Hauptarten:

Dermacentor reticulatus wurde fast ausschließlich im Osten und Südosten Österreichs dokumentiert, insbesondere in Niederösterreich, dem Burgenland sowie im Raum Wien. Diese Konzentration deutet auf eine Präferenz für feuchte, gemäßigte Habitate, wie etwa in Auwäldern oder offenen Agrarlandschaften hin. Eine Ausnahme bildet ein vereinzelter Fundort im östlichen Osttirol.

Dermacentor marginatus hingegen wurde nahezu ausschließlich im Westen Österreichs, konkret in Tirol und Osttirol, gefunden. Die vorwiegend westlich abgegrenzte Verbreitung steht im Einklang mit der bekannten ökologischen Präferenz dieser Art für trockene, offene Habitate wie sonnenexponierten Talböden in alpinen Regionen. Ein einziger Nachweis im Nordburgenland stellt die Ausnahme dar.

In den restlichen Bundesländern – insbesondere Steiermark, Salzburg und Kärnten – wurden in der vorliegenden Datenerhebung keine *Dermacentor*-Zecken erfasst. Dies kann sowohl auf eine tatsächliche Abwesenheit als auch auf eine geringere Probendichte oder fehlende Erhebungen in diesen Regionen zurückzuführen sein.

Die Karte illustriert eindrucksvoll die regionale Trennung zwischen den beiden *Dermacentor*-Arten und unterstreicht das bestehende Verbreitungsgefälle entlang einer Ost-West-Achse, die den jeweils unterschiedlichen ökologischen Ansprüchen und klimatischen Präferenzen von *D. reticulatus* und *D. marginatus* entspricht.

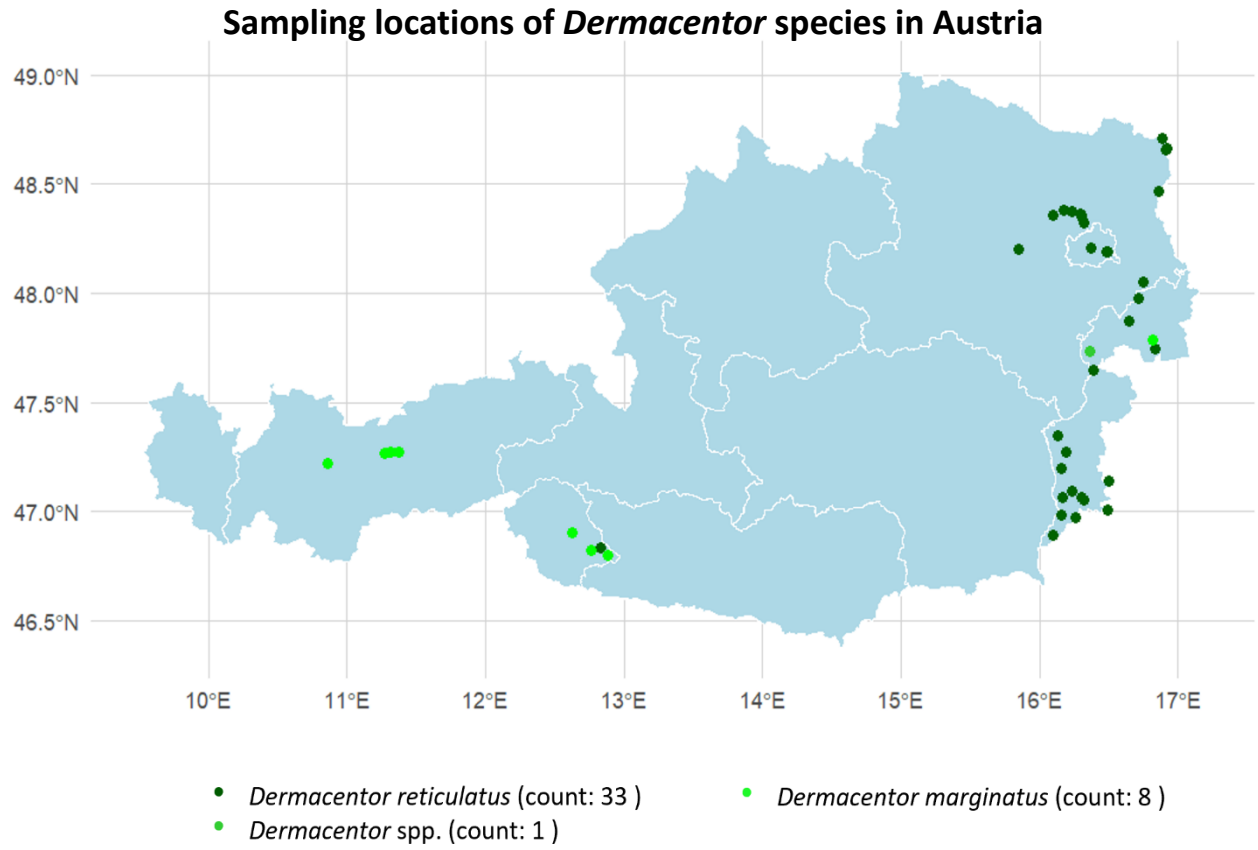


Abbildung 12: Sampling locations of *Dermacentor* species in Austria

Verbreitung von *Haemaphysalis*-Arten:

Die entsprechende Karte (Abb. 13) demonstriert die dokumentierten Sammelorte von *Haemaphysalis*-Arten in Österreich. Die Datenbank verzeichnet insgesamt 18 verschiedene Fundorte, davon 17 mit *Haemaphysalis concinna* und ein einzelner Eintrag mit *Haemaphysalis inermis*.

Das Verbreitungsmuster weist auf eine klare Ansammlung in Ostösterreich, insbesondere in den Bundesländern Burgenland, Niederösterreich sowie im Raum Wien hin. Vereinzelte Fundorte wurden auch in der Steiermark und in Kärnten notiert. Der deutlich östliche Verbreitungsschwerpunkt legt nahe, dass *H. concinna* bevorzugt in wärmeren, feuchten Tieflagen mit dichter Vegetation auftritt – wie es typischerweise in Auwald-Gebieten oder an Waldrändern mit moderatem Klima der Fall ist.

Die einzige Fundortstelle von *H. inermis* stammt aus dem Burgenland, was angesichts der Seltenheit dieser Art in Österreich und ihrer geringen dokumentierten Verbreitung nicht überraschend ist.

Im westlichen Teil Österreichs fehlen bislang Nachweise beider Arten laut Datenbank. Dies könnte wieder auf klimatische und ökologische Einschränkungen oder auf eine bislang unzureichende Studienlage in diesen Gebieten zurückzuführen sein. Weitere Studien wären nötig, um mögliche klimawandelbedingte Arealerweiterungen oder eine Ausdehnung ihres Verbreitungsgebietes genauer zu erfassen. Insgesamt bestätigt die Karte eine regional begrenzte, ostlastige Verbreitung von *Haemaphysalis*-Arten in Österreich. Dieses Muster stimmt mit den bekannten ökologischen Ansprüchen von *H. concinna* überein. *H. concinna* tritt in Europa typischerweise lokal begrenzt auf, ist aber potenziell vektoraktiv.

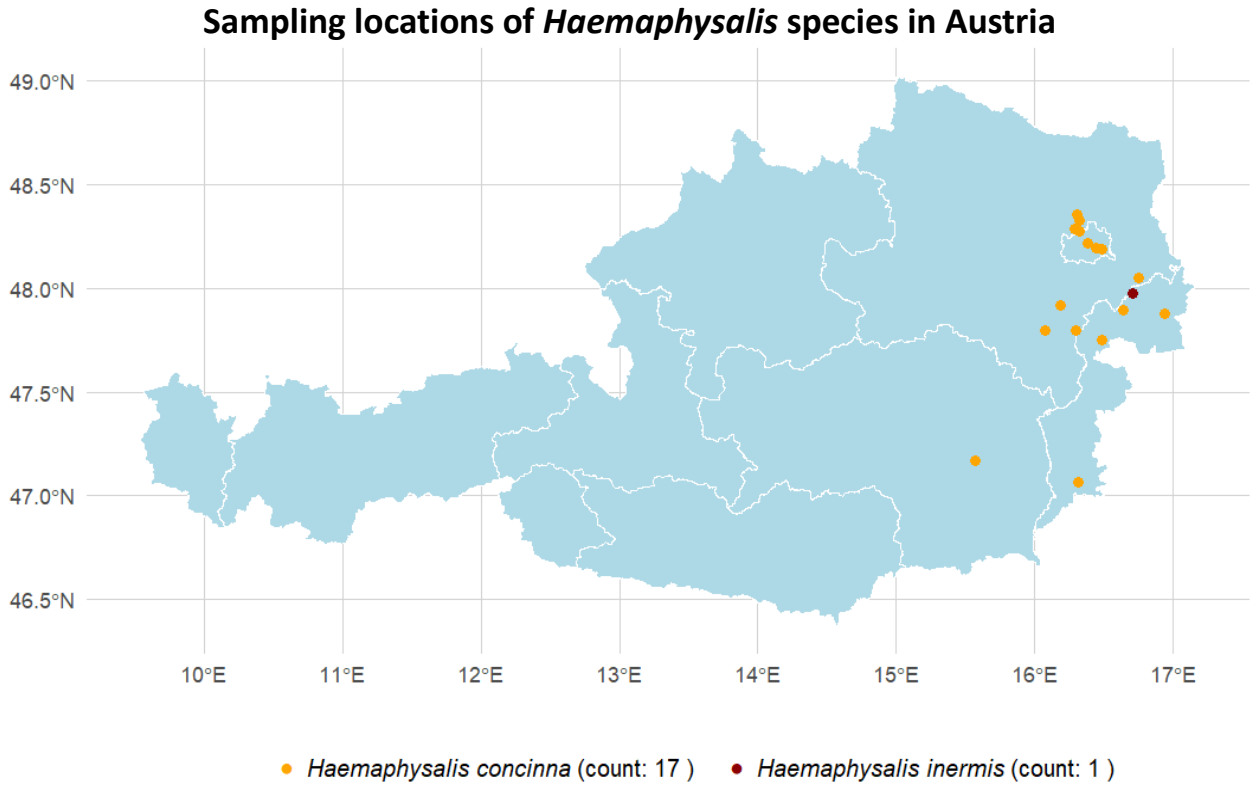


Abbildung 13: Sampling locations of *Haemaphysalis* species in Austria

Verbreitung von *Hyalomma*-Arten:

Die abgebildete Grafik (Abb. 14) stellt die dokumentierten Fundorte von Zecken der Gattung *Hyalomma* in Österreich zur Schau, basierend auf insgesamt acht georeferenzierten Sammelorten. Dabei entfallen sechs Fundorte auf *Hyalomma* sp. (ohne nähere Artzuweisung) und zwei weitere auf *Hyalomma marginatum*.

Die geografische Verteilung der Nachweise beschränkt sich überwiegend auf isolierte Standorte in den Bundesländern Niederösterreich, Oberösterreich und dem Burgenland. In den restlichen Bundesländern liegen im Rahmen der Datenerhebung bislang keine *Hyalomma*-Nachweise vor.

Die geringe Anzahl und inselartige Verteilung der Zeckenart deutet darauf hin, dass es sich bei diesen Individuen vorrangig um Einzelfunde oder Importfälle handelt, bei denen eine dauerhafte Etablierung bislang nicht nachgewiesen werden konnte. Mehrere der dokumentierten Funde stammen aus Studien des Jahres 2018, in welchem *Hyalomma marginatum* erstmals in Österreich gemeldet wurde. Besonders hervorzuheben ist ein Fall aus dem Bezirk Melk (Niederösterreich), bei dem ein adultes Männchen auf einem Pferd entdeckt und molekular bestätigt wurde.

Die gelegentlichen Funde dieser wärmeliebenden Gattung, die ursprünglich in semiariden und mediterranen Regionen beheimatet ist, lassen sich größtenteils auf Importe durch Zugvögel zurückführen. Für die Etablierung spielen zudem hohe Umgebungstemperaturen sowie die Verfügbarkeit großer Wirtstiere eine entscheidende Rolle (vgl. Kapitel 3.4).

Zusammenfassend lässt sich erschließen, dass *Hyalomma*-Zecken derzeit kein etabliertes Vorkommen in Österreich aufweisen. Ihre wiederholte Beobachtung signalisiert jedoch ein potenziell zunehmendes öffentliches Gesundheitsrisiko, das im Kontext steigender Durchschnittstemperaturen und des Klimawandels zunehmend Relevanz zeigt.

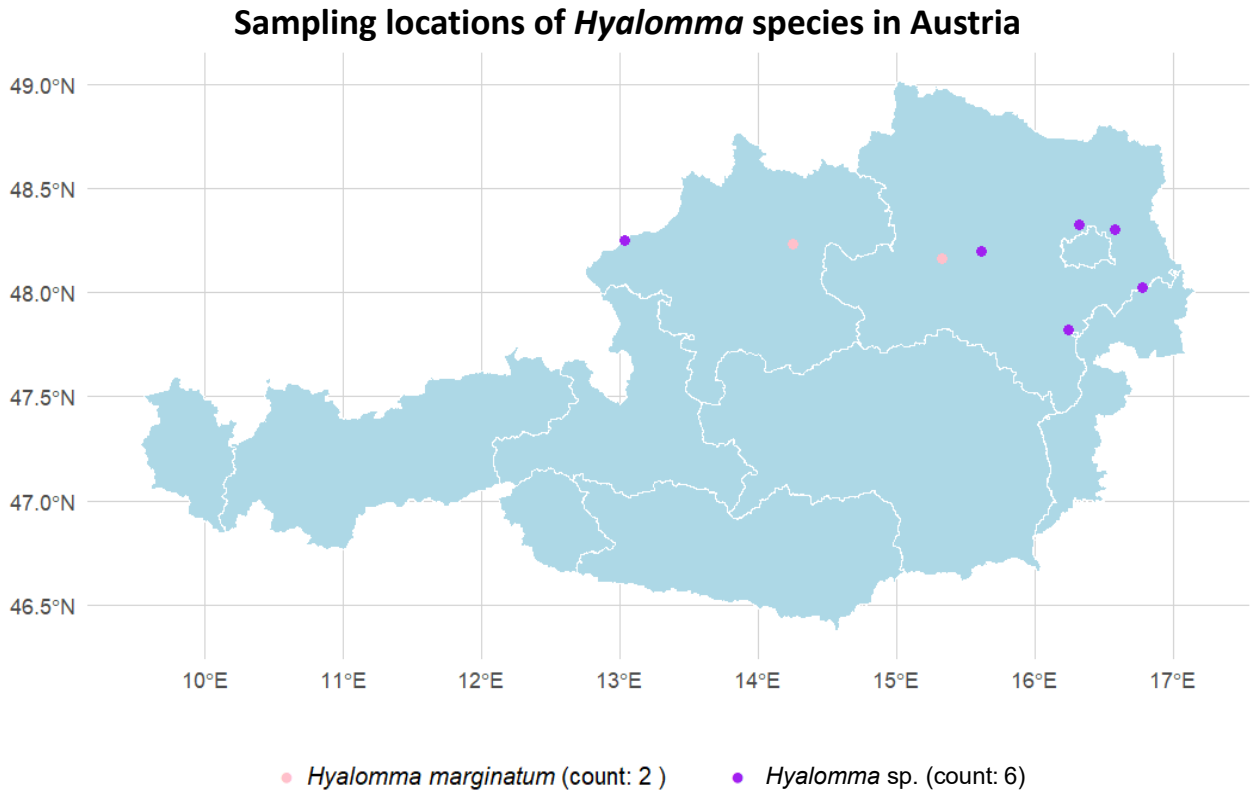


Abbildung 14: Sampling locations of *Hyalomma* species in Austria

Verbreitung anderer Zeckenarten:

Die folgende Karte (Abb. 15) fasst die Beprobungsorte seltener oder weniger häufig dokumentierter Zeckenarten in Österreich zusammen. Insgesamt werden neun verschiedene Taxa abgebildet, die jeweils in den zugrundeliegenden Studien nur vereinzelt beprobt wurden. Die georeferenzierten Fundorte sind farblich codiert und zeigen ein stark verstreutes, meist punktuelles Verteilungsmuster ohne klare räumliche Häufung.

Am häufigsten unter diesen Arten war *I. hexagonus* (n = 6) verschriftlicht, eine synanthrope Art, die typischerweise in enger Assoziation mit Igeln auftritt. Die dokumentierten Standorte verteilen sich auf mehrere Bundesländer, darunter Oberösterreich, Niederösterreich, Steiermark und Tirol.

Ixodes trianguliceps, eine alpine Art mit enger Bindung an Kleinsäuger, die in höhergelegenen Regionen leben, wurde an drei Standorten nachgewiesen – alle in Tirol, was mit der Habitatpräferenz dieser Art übereinstimmt.

Von *Ixodes canisuga*, einer Zeckenart, die gelegentlich bei Haushunden vorkommt, wurden zwei Funde verzeichnet – einer in Wien und einer in Niederösterreich. Einzelbelege betrafen *Ixodes laguri*, *Ixodes rugicollis* sowie *Ixodes inopinatus*, die jeweils nur an einem Standort registriert wurden.

Besonders interessant sind die Nachweise von zwei Fledermaus-assoziierten Zeckenarten: *Carios vespertilionis* (n = 1) und *Ixodes vespertilionis* (n = 3). Diese Arten sind obligate Ektoparasiten von Fledermäusen und kommen meist an deren Ruheplätzen vor, z. B. auf Dachböden, auf Kirchtürmen oder in Höhlen. Ihre dokumentierten Fundorte lagen in Kärnten, Tirol und im Burgenland.

Die insgesamt geringe Funddichte dieser Arten spiegelt allerdings nicht zwingend eine tatsächliche Seltenheit wider. Vielmehr zeigt sie die begrenzte Probendichte und den Fokus der zugrunde liegenden Studien, die primär auf humanmedizinisch relevante Arten ausgerichtet waren, bei denen die betroffenen Zeckenarten meist nur zufällig gefunden wurden. Dennoch belegt diese Karte, dass abseits der dominanten Zeckenarten auch eine bemerkenswerte Diversität an spezialisierten oder habitatgebundenen Zeckenarten in Österreich existiert, die über die bekannten Hauptarten hinausgeht und potenziell relevante ökologische Nischen besetzt und unerforschte Vektorfunktion besitzt.

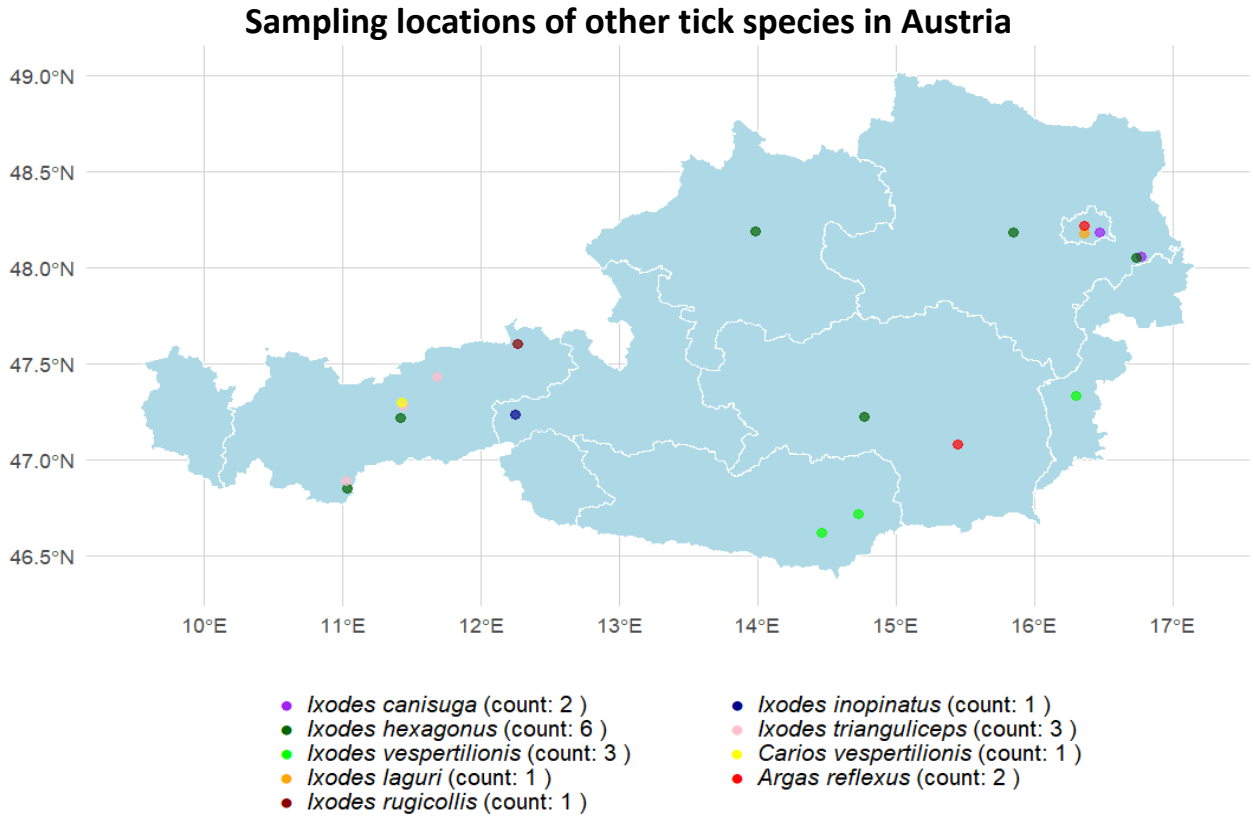


Abbildung 15: Sampling locations of other tick species in Austria

6.2.2. Geografische Verteilung von pathogen-positiven Zecken in Österreich

Verbreitung von *Anaplasma phagocytophilum*:

Die Karte (Abb. 16) zeigt die georeferenzierten Standorte in Österreich, an denen das Bakterium *Anaplasma phagocytophilum* molekular in Zecken nachgewiesen wurde. Insgesamt wurden 14 Sammelorte in die Datenbank aufgenommen, an denen mindestens eine positiv getestete Zecke festgestellt wurde.

Die Fundorte verteilen sich geografisch über mehrere Bundesländer, darunter Niederösterreich, Oberösterreich, Salzburg, das Burgenland, Teile der Steiermark, Tirol und Wien. Besonders auffällig ist eine lokale Häufung im Raum Wien, wo gleich ein paar Studien von positiven Funden berichteten. Insgesamt ergibt sich jedoch kein ausgeprägtes regionales Cluster.

Die meisten positiven Nachweise stammen von *Ixodes ricinus*. So berichteten Polin et al. (2004) von einer durchschnittlichen Prävalenzrate von 8,7 % bei 880 untersuchten I. ricinus-Zecken aus 4 Bundesländern (Oberösterreich, Salzburg, Burgenland und Steiermark). In Wien selbst untersuchte Schötta et al. (2023) insgesamt 450 Zecken aus den Jahren 2019 und 2020. Dabei wurde *A. phagocytophilum* in vier Zecken nachgewiesen (0,9 % Gesamtprävalenz).

Positive Nachweise erfolgten an drei Standorten: Grüner Prater (jeweils ein positiver Nachweis in beiden Jahren), Lainzer Tiergarten und Deutschordenswald – was die lokale Häufung im Wiener Raum unterstreicht.

Auch Glatz et al. (2014) vermerkten eine Prävalenz von lediglich 1 % in *I. ricinus*-Zecken aus Graz (Steiermark). Im Rahmen der Studie von Derdaková et al. (2014) wurden 86 *I. ricinus*-Zecken an zwei Standorten in Tirol und einem in Kärnten untersucht: In Radlach (Kärnten) lag die Prävalenz bei 0 %, in Innsbruck bei 11,5 % und in Kundl bei 5,9 %. In Brunn am Gebirge in Niederösterreich nahe Wien ermittelten Leschnik et al. (2012) eine durchschnittliche Infektionsrate von 3,5 % (7 von 200 Zecken).

Zusätzliche Nachweise in der Datenbank betreffen etwa Bruck an der Leitha (Leschnik et al. 2013) sowie weitere Fundorte in Wien (Schötta et al. 2017).

Die Studien stützten sich auf PCR-basierten Nachweismethoden, teilweise ergänzt durch Sequenzanalysen. Aufgrund der geringen und regional stark variierenden Prävalenzraten ist bei der Interpretation Vorsicht geboten. Zudem wurden in den zugrundeliegenden Studien unterschiedliche Methodik-Ansätze und Stichprobengrößen verwendet. Nicht alle Erhebungen testeten die Proben systematisch auf Pathogene, was die Vergleichbarkeit zusätzlich einschränkt.

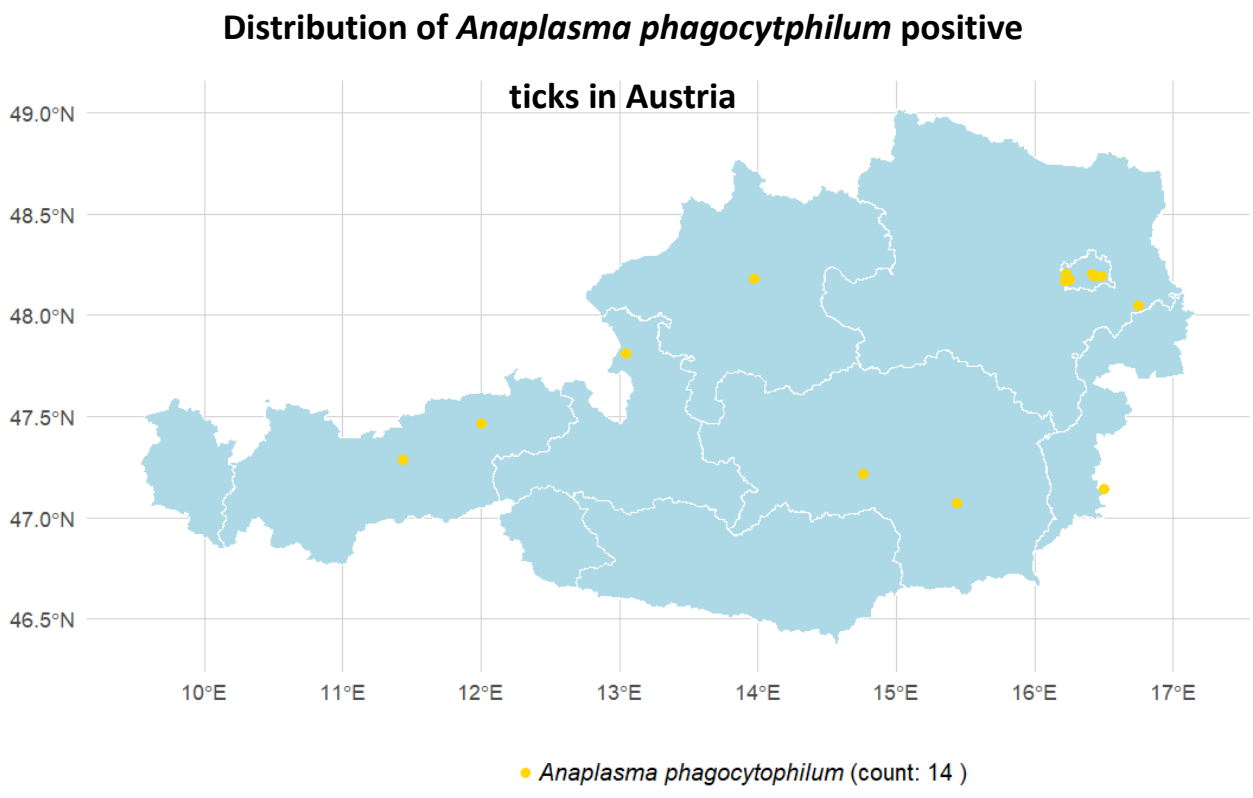


Abbildung 16: Distribution of *Anaplasma phagocytphilum* positive ticks in Austria

Verbreitung von *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis:

Die nachfolgende Karte (Abb. 17) zeigt die dokumentierten Fundorte in Österreich, an denen *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis molekular in Zecken gefunden wurde. Insgesamt konnten 13 positive Standorte in die Datenbank aufgenommen werden.

Die Nachweise reichen über mehrere Bundesländer, darunter Tirol, Steiermark, Kärnten und Wien sowie Niederösterreich. Von besonderer Auffälligkeit ist auch hier die lokale Häufung im Osten Österreichs – insbesondere im Raum Wien.

In einer umfassenden molekularen Untersuchung von Schötta et al. (2017) wurden Zecken aus einer Sammlung von 2013 in Wien – konkret im Prater und im Lainzer Tiergarten – untersucht. Dort wurden insgesamt 5 von 60 getesteten *Ixodes ricinus* Zecken positiv auf *Ca.* Neoehrlichia mikurensis getestet, was einer Prävalenz von 8,3 % entspricht.

Eine spätere Studie von Schötta et al. (2023) verzeichnete nochmals 8 positive Zecken von 210 Zecken (4,0 %) im Jahr 2019 sowie 14 von 240 Zecken (5,8 %) im Jahr 2020. Die höchste Infektionsrate wurde bei adulten Tieren 2019 mit 12,5 % festgestellt. Die Standorte in Wien waren: Deutschordenswald, Grüner Prater, Lainzer Tiergarten, Lobau, Schottenwald und Steinhof.

Glatz et al. (2014) dokumentierten in einem Untersuchungsgebiet nahe Graz (Steiermark) eine Prävalenzrate von 4,2 % (22 von 518 getesteten *I. ricinus*-Zecken) und berichteten zugleich vom ersten Nachweis des Erregers in österreichischen Zecken. Die Raten liegen innerhalb der Bandbreite europäischer Vergleichsstudien (0,1 – 11,7 %).

In Tirol und Kärnten wurde die Präsenz von *Ca.* Neoehrlichia mikurensis sowie bei *Anaplasma* an gesamt drei verschiedenen Standorten nachgewiesen: in Radlach (Kärnten), Innsbruck und Kundl. Derdáková et al. (2014) stellen dabei Prävalenzraten von 19,2 % in Innsbruck, 23,5 % in Kundl und 22,2 % in Radlach fest. Die Studie hebt außerdem hervor, dass *Candidatus* N. mikurensis häufig als Koinfektion mit *Anaplasma phagocytophilum* auftritt, was auf ähnliche ökologische Nischen und Vektoren hindeutet.

Einen Einzelfall meldete auch Wijnveld et al. (2021) aus dem Bezirk Bruck an der Leitha (Niederösterreich), wo eine von 55 untersuchten *I. ricinus*-Zecken positiv war. Die Diagnose erfolgte ebenfalls über molekularbiologische Methoden.

Zusammenfassend zeigen die kartierten Daten, dass *Ca.* Neoehrlichia mikurensis in verschiedenen ökologischen Regionen – vom alpinen Raum bis hin zu urbanen Ballungsgebieten – präsent ist. Die regional stark variierenden Prävalenzraten lassen sich durch unterschiedliche Umweltbedingungen, Studienmethodik und Probenzahlen erklären.

Die wiederholten Nachweise in Wien und anderen Bundesländern deuten jedoch auf ein potenziell unterschätztes zoonotisches Risiko dieses Pathogens hin.

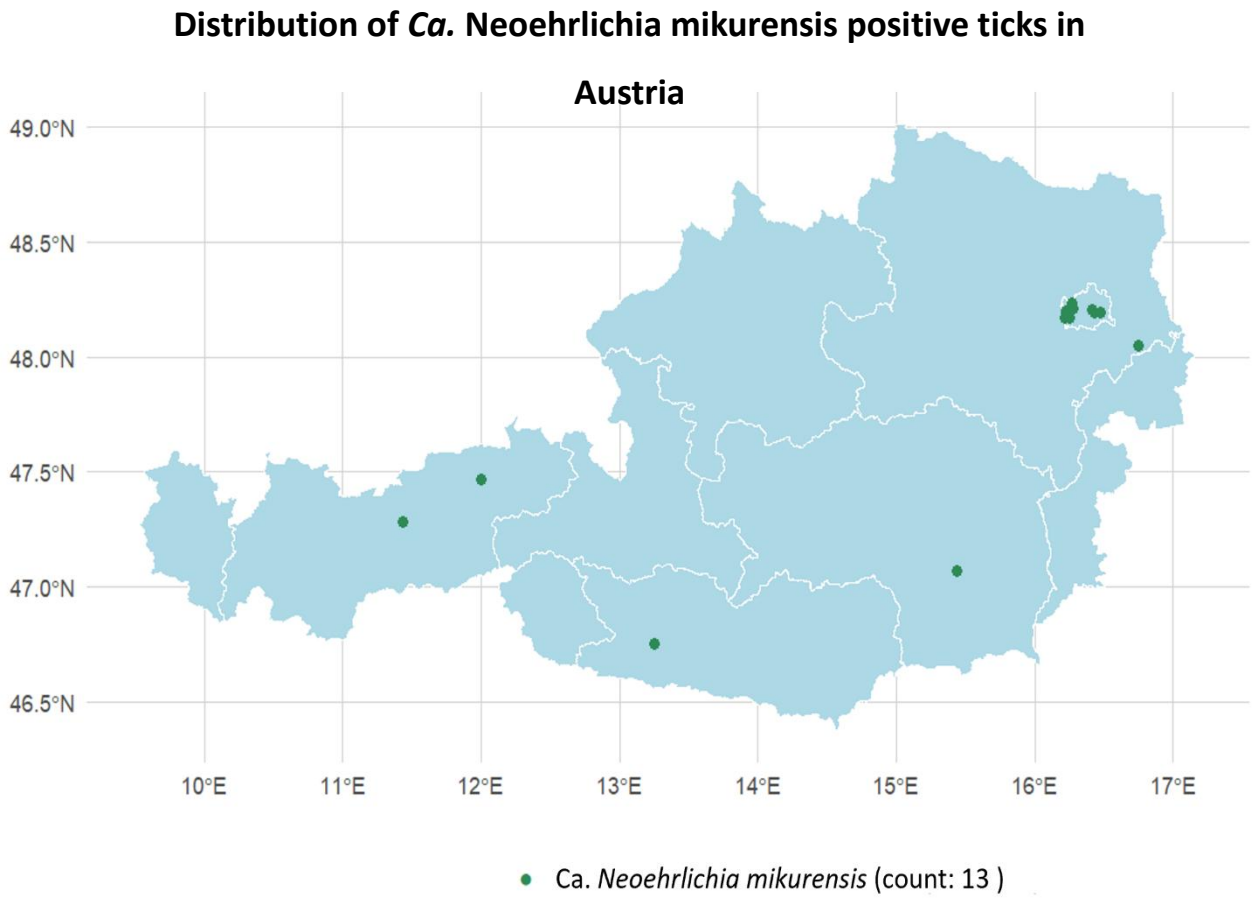


Abbildung 17: Distribution of *Ca.* Neoehrlichia mikurensis positive ticks in Austria

Verbreitung von *Babesia* spp.:

Die Karte (Abb. 18) veranschaulicht alle georeferenzierten Fundorte in Österreich, an denen Zecken nachweislich mit *Babesia* spp. infiziert waren. Insgesamt konnten 34 Probeorte in die Datenbank aufgenommen werden – unabhängig von der Zeckenart sowie der *Babesia*-Spezies.

Die Lokalisationen verteilen sich über ganz Österreich mit einer erkennbaren Häufung im Raum Wien sowie im südlichen Burgenland. Weitere Nachweise stammen aus der Steiermark, Tirol, Salzburg, Niederösterreich, Oberösterreich, Vorarlberg und dem südlichen Kärnten.

Die Prävalenzraten variieren zwischen den Studien deutlich. Blaschitz et al. (2008) berichteten in der ersten umfassenden *Babesia*-Studie Österreichs von einer bemerkenswert hohen Infektionsrate von 51,7 % bei 853 getesteten *Ixodes ricinus*-Zecken. Schötta et al. (2017) identifizierten 15 positive Zecken von insgesamt 554 (2,7 %), mit *Babesia venatorum* als

häufigster Erreger, gefolgt von *B. divergens* und *T.* (*Babesia*) *microti* – letztere in Stallhofen (Steiermark), Klaus (Vorarlberg) und Molzbichl (Kärnten). Eine Folgestudie von Schötta et al. (2023) ergänzte die Datenlage mit 22 weiteren positiven Fällen – 12 von 210 Zecken (5,7 %) im Jahr 2019 und 10 von 240 Zecken (4,2 %) im Jahr 2020, mit Schwerpunkten im Lainzer Tiergarten in Wien. Die häufigste Spezies war erneut *T. microti*.

Wijnveld et al. (2021) meldeten vier *Babesia* positive Fälle im Bezirk Bruck an der Leitha (Niederösterreich). Die Sequenzanalysen zeigten eine hohe Übereinstimmung mit *Babesia*-Stämmen aus Russland und Ostasien. Auch Hodžić et al. (2017) fanden in 13 von 128 *D. reticulatus*-Zecken (10 %) *B. canis* bzw. *B. cf. microti*. Leschnik et al. (2012) bestätigten zudem drei *B. canis* Nachweise bei 200 getesteten Zecken (1,5 %) in Niederösterreich.

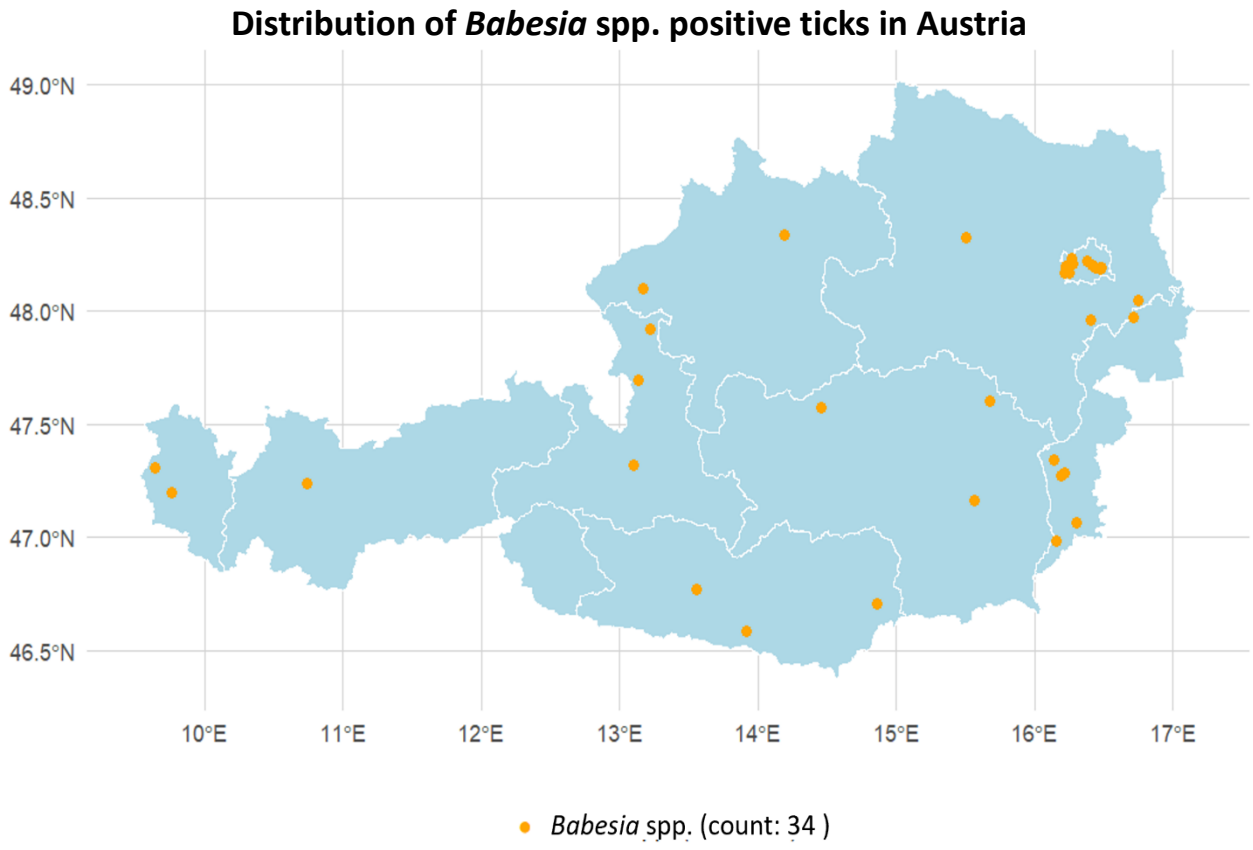


Abbildung 18: Distribution of *Babesia* spp. positive ticks in Austria

In mehreren Studien erfolgte zusätzlich eine Speziesdifferenzierung. Die folgenden Übersichten (Abb. 19, 20) illustrieren die dokumentierten *Babesia*-Arten und deren Verbreitung:

- *Babesia microti/T. microti* wurde mit 14 positiven Fundpunkten am häufigsten nachgewiesen mit einem Schwerpunkt in Ost- und Südostösterreich – insbesondere in

Wien (Schötta et al. (2023)). Aber auch vereinzelt in Niederottensheim (Oberösterreich), Klaus (Vorarlberg) und Drobollach (Kärnten) laut Schötta et al. (2017) und in Bruck an der Leitha (Niederösterreich) laut Leschnik et al. (2013). Im Burgenland identifizierte Hodžić et al. (2017) *B. cf. microti* in *D. reticulatus* in Güssing und Jennersdorf und Sonnberger et al. (2022) in Kaisersteinbruch.

- *Babesia venatorum* wurde an 11 Standorten identifiziert, verteilt über weite Teile des Bundesgebiets, darunter westliche Regionen wie Salzburg, Oberösterreich und Vorarlberg, aber besonders in Wien. Neben Wien (Schötta et al. (2017, 2023)) auch in den Sammlungen von 2005 und 2013 (Schötta et al. (2017)) in Stallhofen (Oberösterreich), Adnet und Neufahrn (Salzburg), Molzbichl (Kärnten), Admont (Steiermark) sowie Klaus (Vorarlberg).
- *Babesia canis* wurde ausschließlich im Osten Österreichs an vier Standorten belegt: In Brunn am Gebirge (Niederösterreich) und in den burgenländischen Gemeinden Jennersdorf, Riedlingsdorf und Unterwart (Leschnik et al. (2012), Hodžić et al. (2017)). Die Art wurde insbesondere in *D. reticulatus* identifiziert.
- *Babesia divergens* trat an drei Standorten auf: darunter in Imst (Tirol), Thüringen (Vorarlberg) und Ebreichsdorf (Niederösterreich) gemäß Schötta et al. (2017). Besonders hervorzuheben ist dabei, dass *B. divergens* primär als zoonotisch relevant gilt und auch beim Menschen schwere Krankheitsverläufe verursachen kann.

Die übrigen nicht genau bestimmten *Babesia* spp.-Nachweise (n = 13) verteilen sich über das gesamte Bundesgebiet. Eine molekulare Artidentifikation lag in diesen Fällen nicht vor oder diese war methodisch nicht möglich.

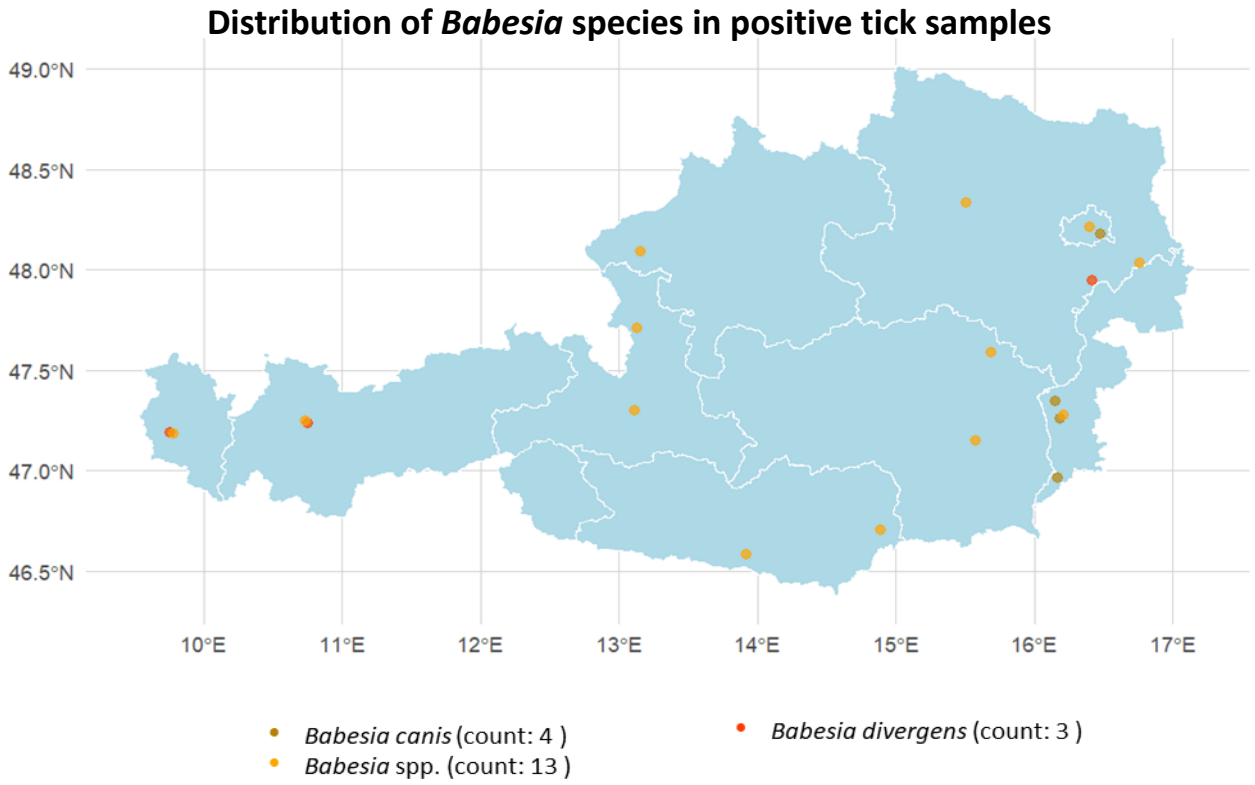


Abbildung 19: Distribution of *Babesia* species in positive tick samples (1)

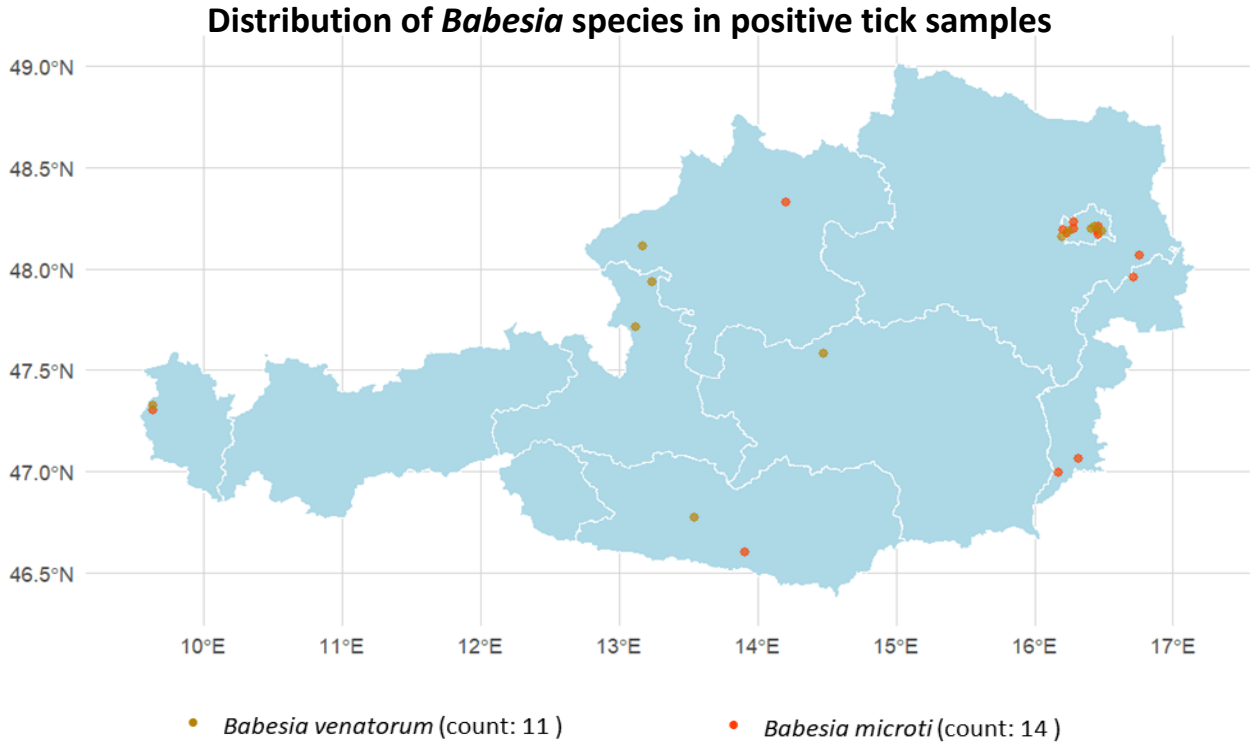


Abbildung 20: Distribution of *Babesia* species in positive tick samples (2)

Verbreitung von *Borrelia* spp.:

Die Karte (Abb. 21) zeigt die Verteilung von Fundorten in Österreich, an denen Zecken positiv auf *Borrelia* spp. getestet wurden. Insgesamt wurden 80 georeferenzierte Standorte in die Datenbank aufgenommen, die sich über das gesamte Bundesgebiet verteilen. Besonders auffällig ist eine Häufung positiver Nachweise in der südöstlichen Steiermark sowie im Großraum Wien und Niederösterreich.

Die Nachweise beruhen auf PCR-gestützten oder mikroskopischen Verfahren. Die berichteten Prävalenzraten schwanken erheblich zwischen den Studien und spiegeln sowohl methodische Unterschiede als auch ökologische Einflussfaktoren wider:

In einer frühen Untersuchung dokumentierten Blaschitz et al. (2008) eine Infektionsrate von 14,4 % bei *Ixodes ricinus*-Zecken (n = 853), mit Spitzenwerten in Vorarlberg (33 %). Genotypisierungen ergaben *B. garinii* als häufigste Art (66,9 %), gefolgt von *B. valaisiana*, *B. afzelii* und *B. burgdorferi* s.s.

Schötta et al. (2017) ermittelten eine Gesamtrate von 25,6 % bei 554 Zeckenproben, wobei *B. afzelii* (56,3 %), *B. burgdorferi* s.s. (26,8 %) sowie *B. valaisiana* (25,4 %) die häufigsten *Borrelia*-Arten darstellen.

Laut Sonnberger et al. (2022) ergab sich in Kaisersteinbruch (Burgenland) ein Mindestinfektionswert (MIR) von 8,3 %. Insgesamt konnten sechs *Borrelia*-Arten bestätigt werden.

Wijnveld et al. (2021) wiesen bei 13 von 55 getesteten *I. ricinus*-Zecken *Borrelien* mit einer breiten Diversität an Genospezies nach.

In Tirol dokumentierten Sonnleitner et al. (2015) eine Infektionsrate von 21,5 % mit dominanter Präsenz von *B. afzelii*.

Ergänzend stammen frühe Nachweise von Stünzner et al. (1998, 2006) aus der Steiermark, die von Prävalenzraten von 8,8 % bis 20,8 % berichteten.

Leschnik et al. (2012) fanden *B. burgdorferi* s.l. in 16 % der getesteten Zecken (n = 200) in Niederösterreich, während Radda et al. (1986) frühe Hinweise auf das Auftreten in Niederösterreich, Wien, Burgenland, Steiermark und Kärnten lieferten.

Die genaue Art der getesteten *Borrelia*-Spezies variiert je nach Studie und wird in den nachfolgenden Spezieskarten detailliert aufgeschlüsselt. Alle dargestellten Daten spiegeln ausschließlich bestätigte, publizierte Nachweise wider.

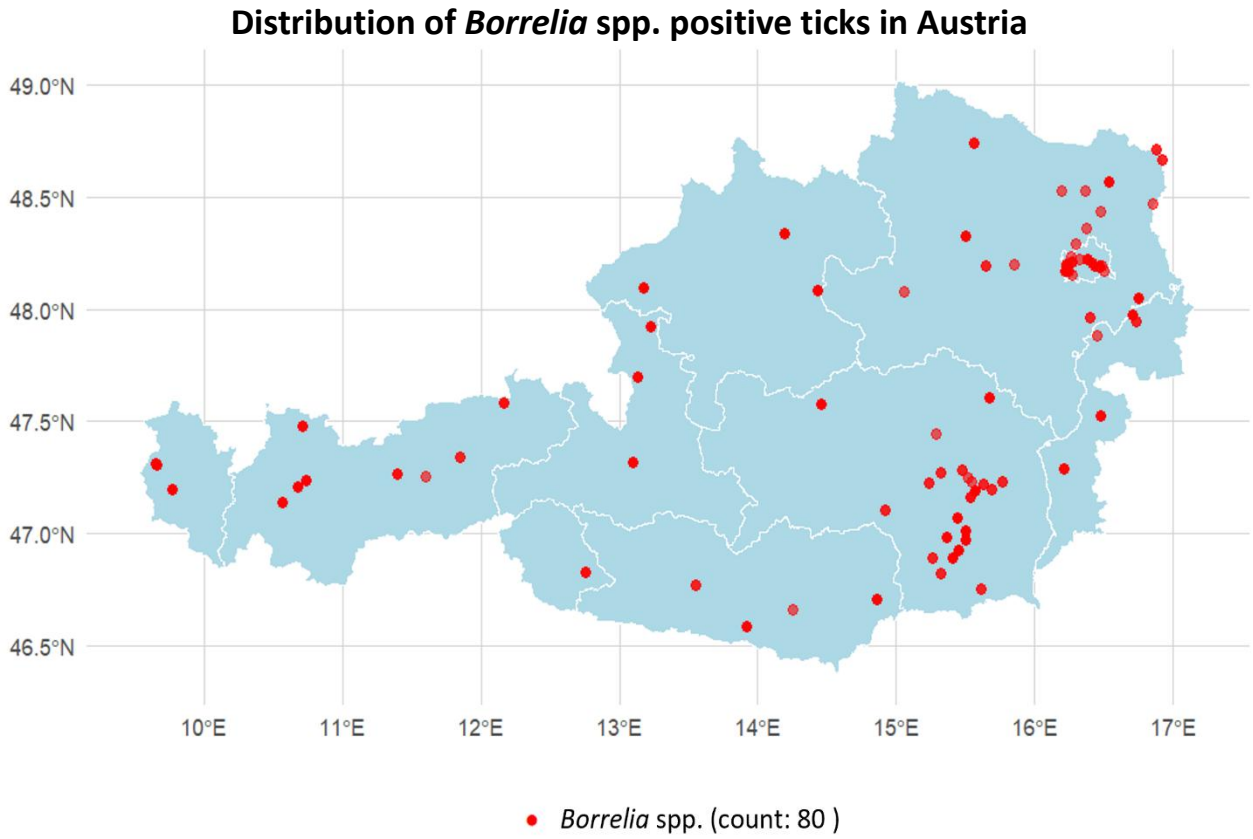


Abbildung 21: Distribution of *Borrelia* spp. positive ticks in Austria

Die drei folgenden Kartierungen (Abb. 22, 23, 24) stellen die geografische Verteilung einzelner *Borrelia*-Arten in Österreich dar. Insgesamt konnten Daten zu acht verschiedenen Spezies erhoben werden, wobei in vielen Studien mehrere Spezies gleichzeitig nachgewiesen wurden.

Die häufigsten dokumentierten Fundorte hatten *Borrelia afzelii* (n = 63), *Borrelia burgdorferi* sensu stricto (n = 56) und *Borrelia garinii* (n = 44). *B. valaisiana* (n = 30) wurde ebenfalls regelmäßig festgestellt. Diese vier Arten zeigen eine breite Streuung über alle Bundesländer, mit erkennbaren Häufungen in der Steiermark, im Raum Wien und Niederösterreich sowie in Tirol. Darüberhinausgehend konnten auch seltenere Arten detektiert werden:

- *Borrelia bavariensis* (n = 16) trat in mehreren Bundesländern auf, bislang jedoch nicht in Kärnten.
- *Borrelia lusitaniae* (n = 6) wurde in Westösterreich, wie etwa in Reutte und Imst (Tirol) sowie in Neufahrn (Salzburg), in Niederösterreich (Bruck an der Leitha, Ebreichsdorf) und im Burgenland (Kaisersteinbruch) festgestellt.
- *Borrelia spielmanii* (n = 3) wurde ausschließlich auf der Donauinsel in Wien, in Bruck an der Leitha (Niederösterreich) und in Thüringen (Vorarlberg) gefunden.

In sieben Fällen blieb die Spezieszuordnung aus und es wurde lediglich *Borrelia* spp. dokumentiert. Jene Funde konzentrieren sich überwiegend auf den Westen Österreichs.

Borrelia miyamotoi ist ein Vertreter der Rückfallfieber-Gruppe und wird taxonomisch nicht dem *Borrelia burgdorferi* sensu lato-Komplex zugeordnet. Die Art ruft keine klassische Lyme-Borreliose hervor und wird gesondert geschildert:

- *Borrelia miyamotoi* (n = 8) wurde in mehreren urbanen Gebieten Wiens molekular bestätigt (u. a. Lainzer Tiergarten, Lobau, Donauinsel) mit einer Höchstprävalenz von 13,3 % (Schötta 2023) im Lainzer Tiergarten. Weitere Funde stammen aus Niederösterreich, Tirol und Kaisersteinbruch (Burgenland).

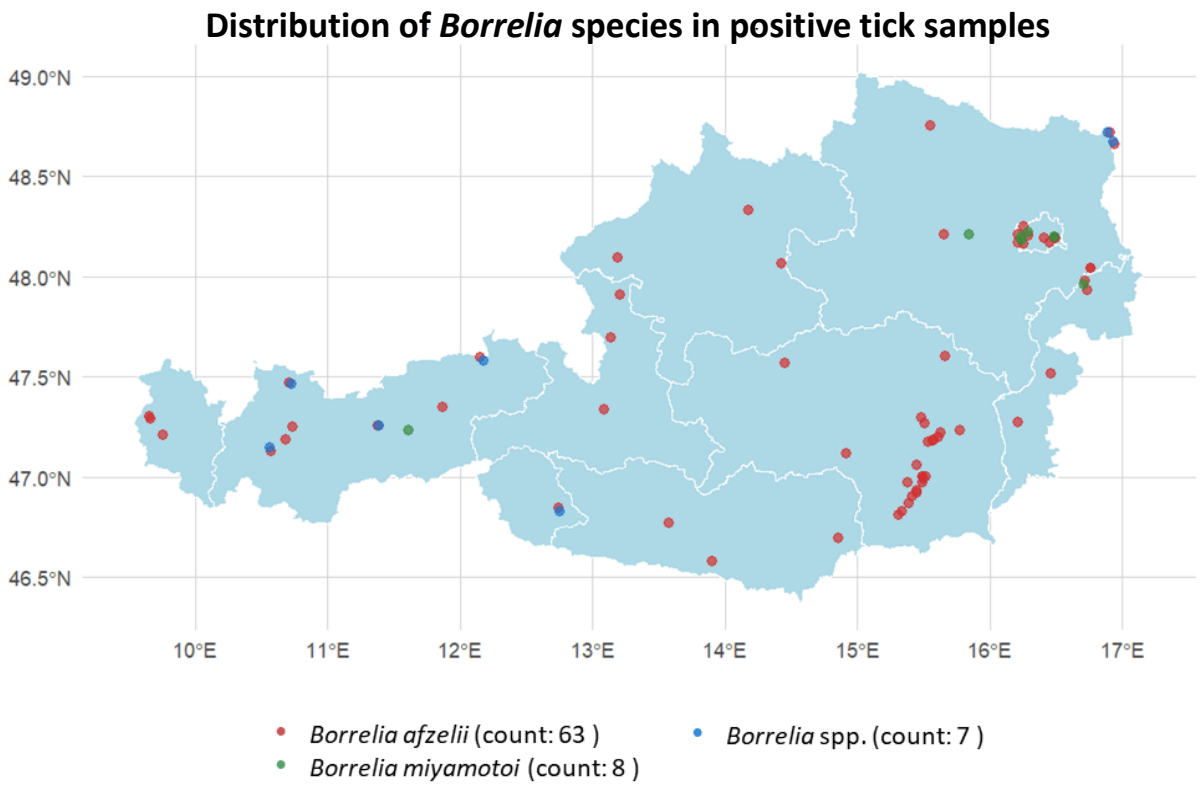


Abbildung 22: Distribution of *Borrelia* species in positive tick samples (1)

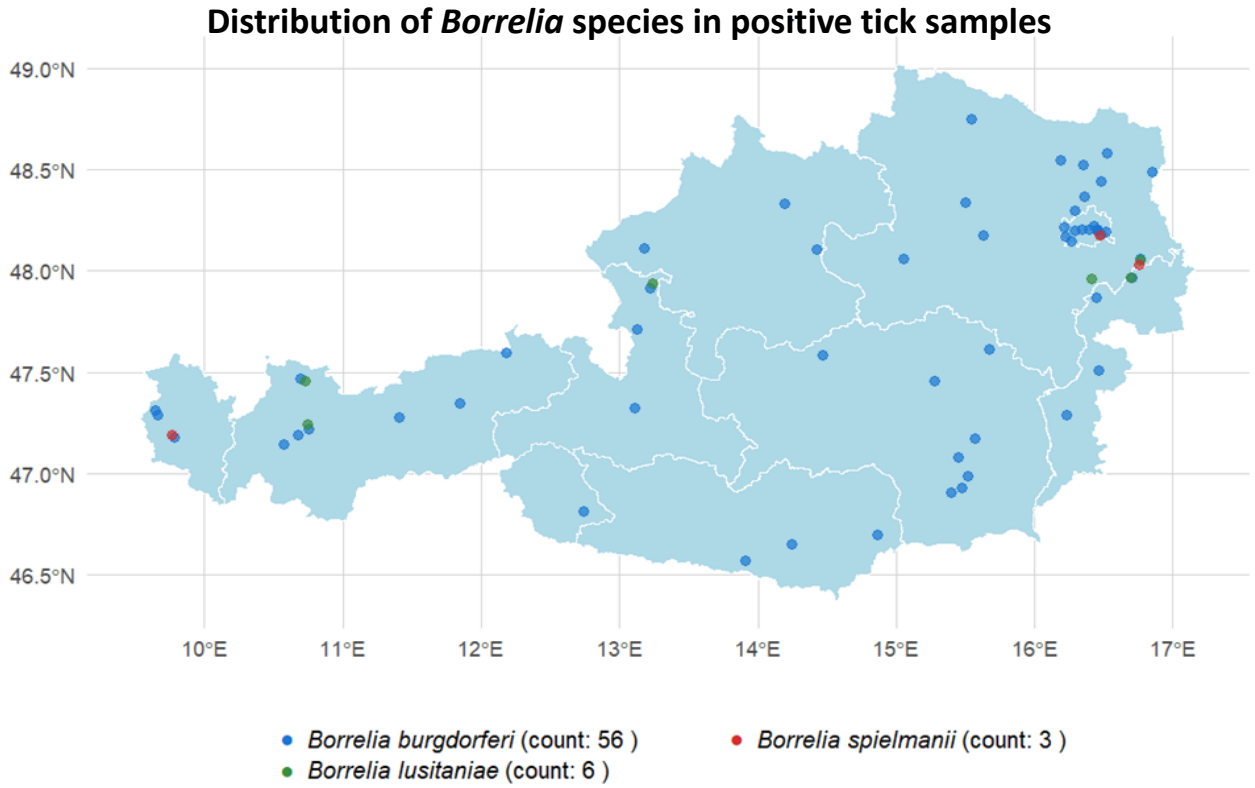


Abbildung 23: Distribution of *Borrelia* species in positive tick samples (2)

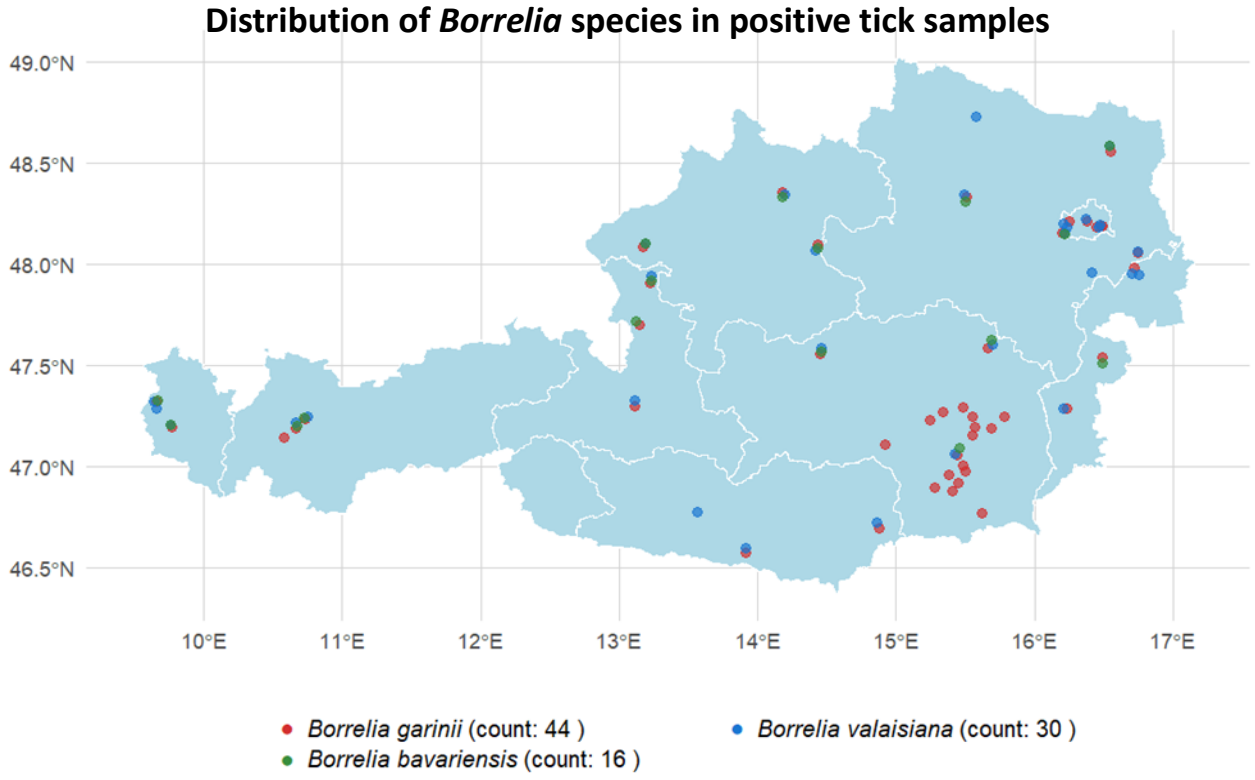


Abbildung 24: Distribution of *Borrelia* species in positive tick samples (3)

Verbreitung von *Rickettsia* spp.:

Die Darstellung (Abb. 25) legt Fokus auf alle Fundorte in Österreich, an denen Zecken mit *Rickettsia* spp. infiziert waren. Insgesamt wurden 60 positive Standorte in der Datenbank zusammengefasst. Die Funde umfassen mehrere Zeckengattungen (v.a. *Ixodes ricinus* und *Dermacentor reticulatus*) sowie sämtliche Entwicklungsstadien.

Die Nachweise verstreuen sich über das gesamte Land, mit einer leichten Häufung in Wien und Niederösterreich. Weitere Hotspots lassen sich in Nordwesttirol und dem Nordburgenland erkennen. Trotz dieser regionalen Cluster signalisiert die flächige Verteilung eine generell weit verbreitete Präsenz von Rickettsien in österreichischen Zeckenbeständen.

Die gemeldeten Prävalenzraten für *Rickettsia* spp. variieren deutlich zwischen den Studien und Regionen. Blaschitz et al. (2008) berichteten *Rickettsia* spp. in 35,64 % von 853 getesteten *Ixodes ricinus*-Zecken aus 18 untersuchten Standorten – damit eine der höchsten dokumentierten Gesamtprävalenzen. Schötta et al. (2017) verdeutlichten eine Gesamtrate von 16,8 % bei 554 untersuchten Zecken – 12,8 % in der Sammlung 2005 (aus 8 Bundesländern) und 50 % in Wien 2013. Die Studie von Leschnik et al. (2012) wies eine durchschnittliche Infektionsrate von 17 % von 200 getesteten Zecken vor. Dahingegen zeigten Sonnleitner et al. (2013) in ihren Studien eine Prävalenz in *I. ricinus* in Nord- und Südtirol im Bereich von 8,7 % und Sonnberger et al. (2022) testete 184 *I. ricinus*-Pools mit 51,1 % positiv und ermittelte außerdem 61 % der *D. reticulatus* und 64,6 % der *H. inermis* PCR-positiv auf *Rickettsia* spp.

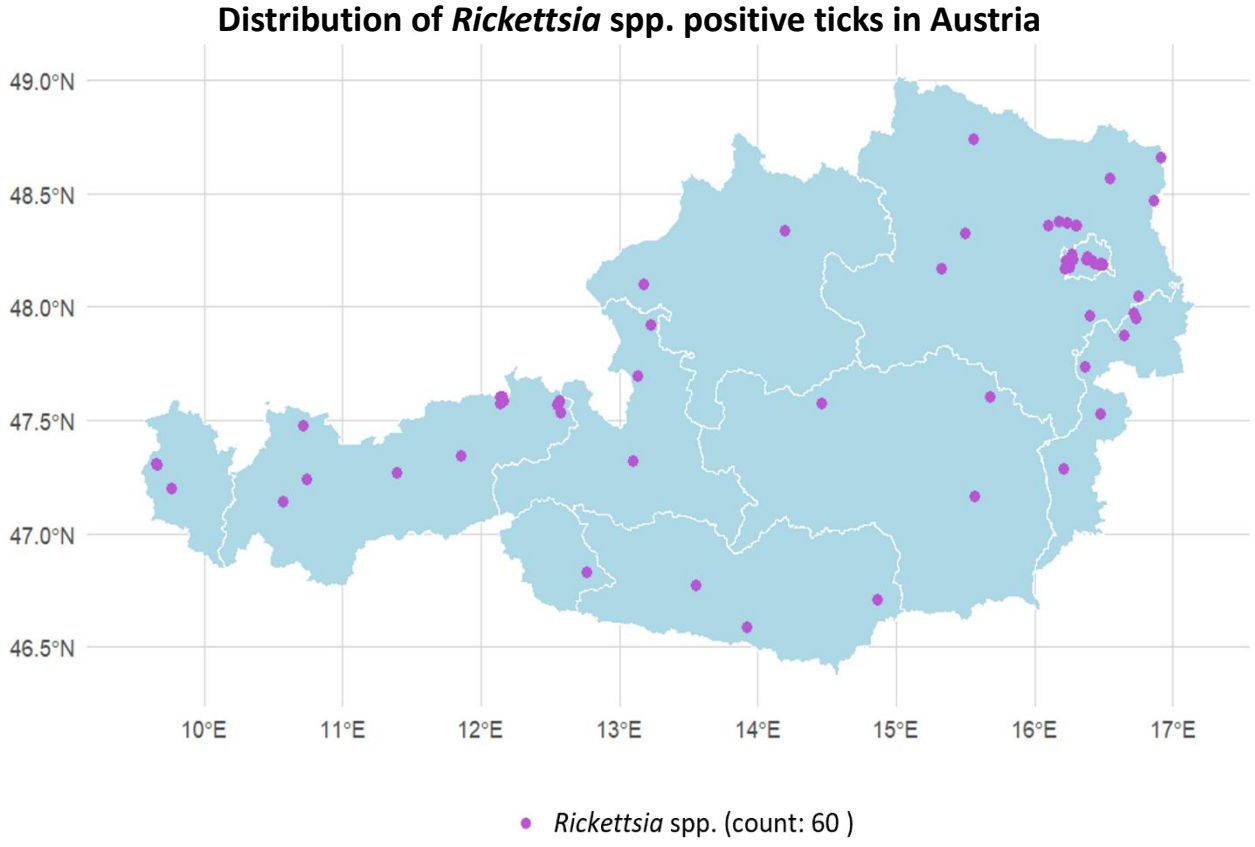


Abbildung 25: Distribution of *Rickettsia* spp. positive ticks in Austria

In den folgenden Übersichten (Abb. 26, 27, 28) sind die molekular bestätigten *Rickettsia*-Arten in Zeckenproben aus Österreich und deren geografische Verteilung dargestellt.

R. helvetica war mit insgesamt 41 Standorten die am häufigsten vertretene Art. Sie wurde in ganz Österreich ermittelt mit einer auffälligen Häufung in Wien. Zahlreiche Studien wie Schötta et al. (2023) bestätigten den Nachweis mit 13,3 % (2019) und 3,8 % (2020) bei beprobten Zecken und auch in der Studie von Sonnberger et al. (2022) lag die minimale Infektionsrate (MIR) bei *I. ricinus*-Pools bei 7,9 % sowie bei Schötta et al. (2017) bei 41,9 % (39/93).

R. raoultii (n = 19) trat überwiegend in Ostösterreich auf – insbesondere in Niederösterreich, Wien und dem Burgenland, vereinzelt auch in der Steiermark, Kärnten und Oberösterreich. Häufig wurde der Erreger in *Dermacentor reticulatus*-Zecken detektiert, mit einer MIR von 14,9 % in Niederösterreich und dem Burgenland in Duscher et al. (2016), oder mit 10 positiven Fällen bei Wijnveld et al. (2021), und in 61 % der *D. reticulatus*-Zecken bei Sonnberger et al. (2022).

R. monacensis (n = 5) wurde ausschließlich im urbanen Areal Wiens am Prater, im Lainzer Tiergarten und auf der Donauinsel sowie in Kaisersteinbruch (Burgenland) und Bruck an der Leitha im Grenzgebiet zwischen Burgenland und Niederösterreich positiv getestet. Laut Schötta et al. (2023) lag die Prävalenz zwischen 0,5 % - 0,8 %.

R. aeschlimannii wurde lediglich in einer *Hyalomma marginatum*-Zecke nachgewiesen, die im Bezirk Melk (Niederösterreich) auf einem Pferd gesammelt wurde (Duscher et al. 2018).

R. slovaca wurde ebenfalls nur einmal aus Thüringen (Vorarlberg) in 1,1 % der untersuchten Zecken nachgewiesen (Schötta et al. 2017)

Nicht näher differenzierte *Rickettsia* spp. (n = 21) stammten primär aus Tirol, Wien und dem Grenzgebiet Niederösterreich/Burgenland. Auch Leschnik et al. (2012) fanden *Rickettsia* spp. bei 17 % von 200 untersuchten Zecken (v. a. *I. ricinus*).

Rickettsia-like organisms (n = 7) wurden bereits 1994 von Reháček et al. in *I. ricinus*-Zecken aus Tirol und Wien nachgewiesen, wobei zwei Isolate antigenverwandt mit *R. prowazekii* waren. *Candidatus* Rickettsia Thierseensis (n = 1) wurde 2020 von Schötta et al. erstmals beschrieben. Die neuartige, potenziell pathogene Spezies, wurde in einer *I. ricinus*-Nymphe aus Thiersee (Tirol) entdeckt, die einen Mann gestochen hatte – der klinische Verlauf war unauffällig.

Die breite Verteilung verschiedener *Rickettsia*-Arten in österreichischen Zecken unterstreicht deren epidemiologische Relevanz. Besonders *R. helvetica* ist in nahezu allen Bundesländern präsent. Während einige Spezies (z. B. *R. aeschlimannii*, *R. slovaca*, *Ca.* R. thierseensis)

bislang nur vereinzelt detektiert wurden, deutet die hohe Diversität der Rickettsien-Arten auf eine bisher unterschätzte Komplexität des Pathogenvorkommens hin.

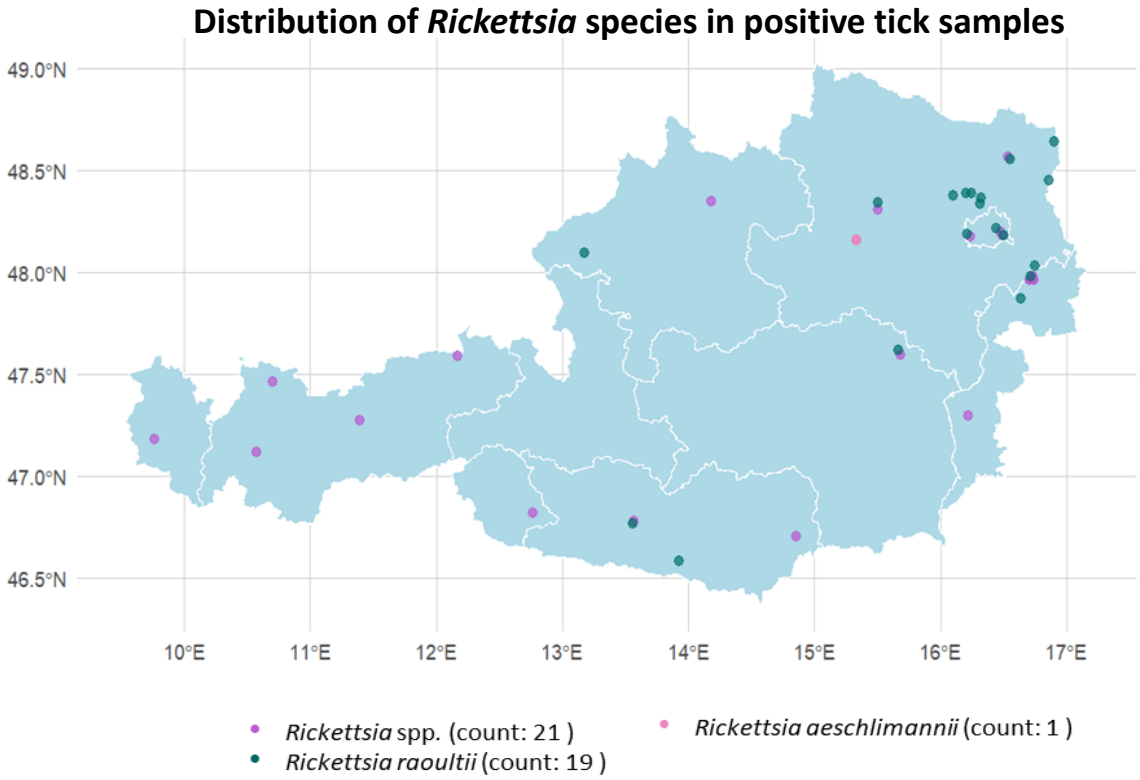


Abbildung 26: Distribution of *Rickettsia* species in positive tick samples (1)

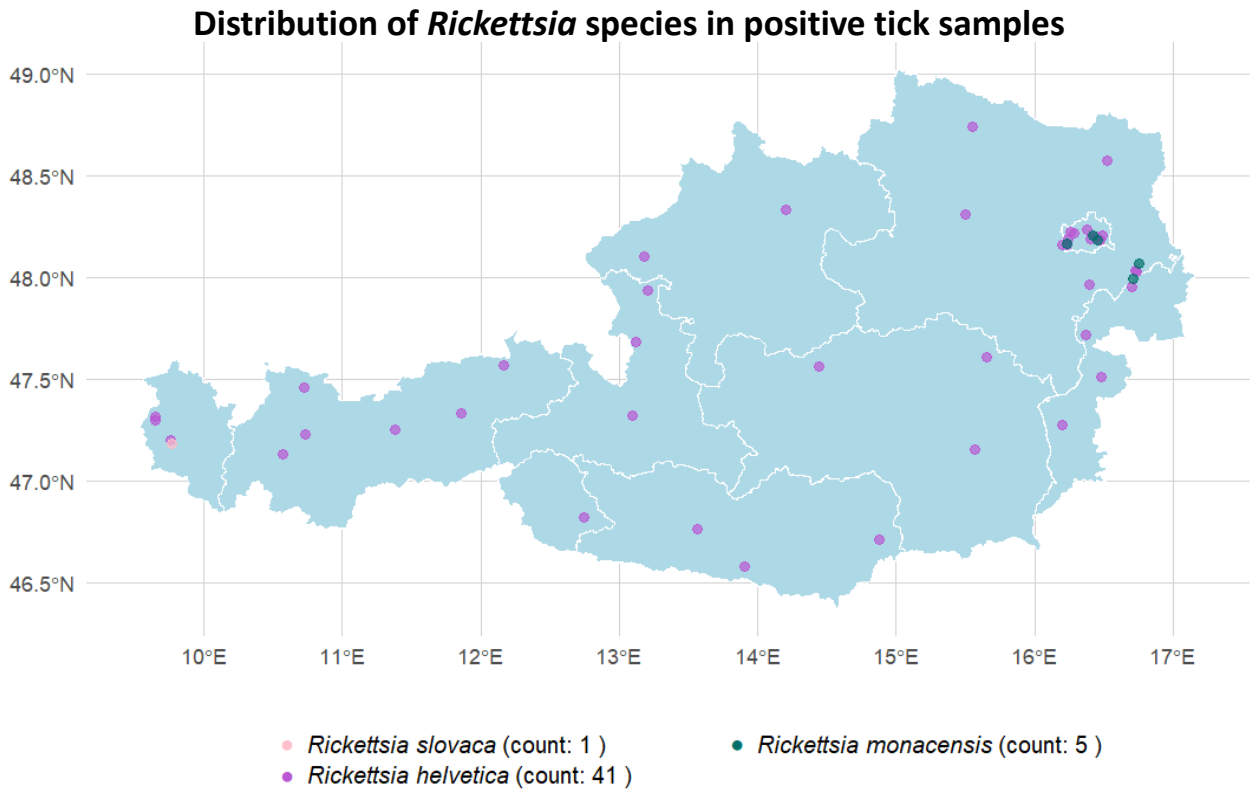


Abbildung 27: Distribution of *Rickettsia* species in positive tick samples (2)

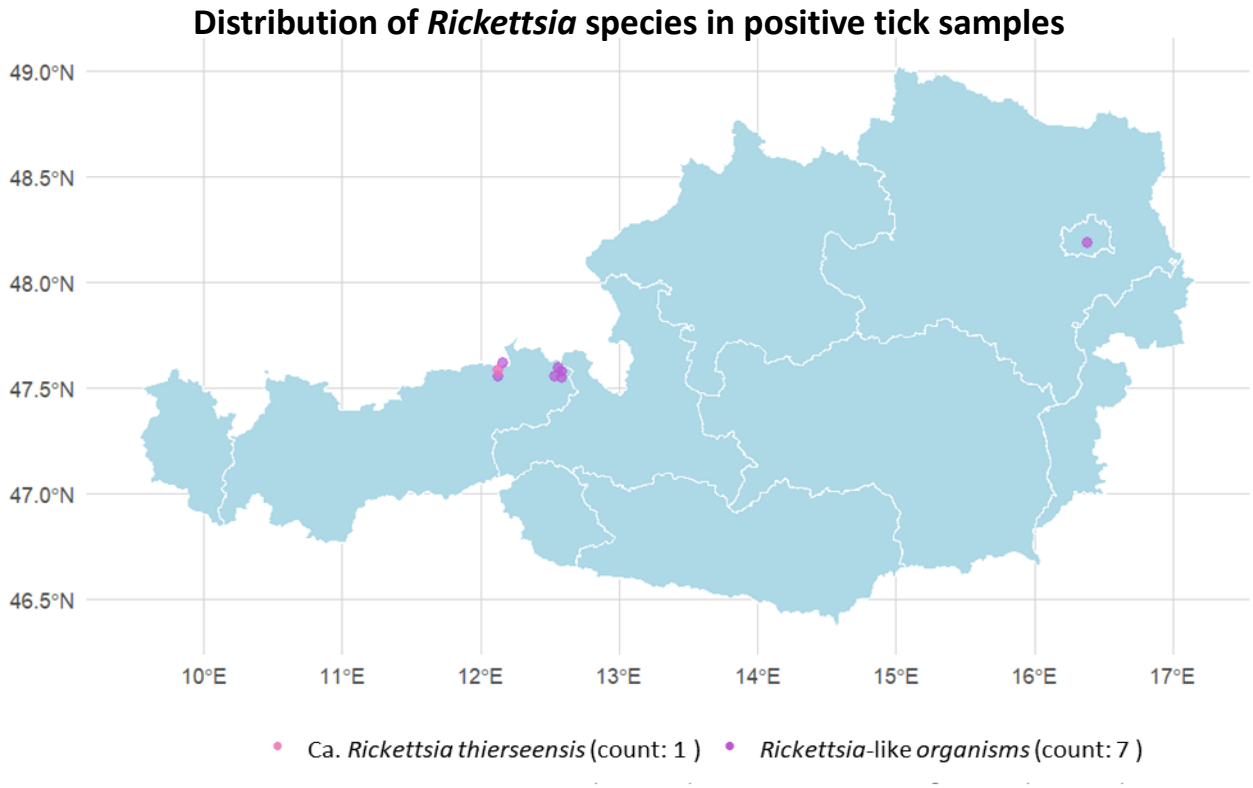


Abbildung 28: Distribution of *Rickettsia* species in positive tick samples (3)

Verbreitung des FSME-Virus:

Die Karte (Abb. 29) verweist auf die georeferenzierten Fundorte von FSME-positiven Zecken in Österreich. Insgesamt konnten 14 positive Standorte in die Datenbank aufgenommen werden. Die Virusnachweise verteilen sich über mehrere Bundesländer, darunter die Steiermark (z.B. Graz), Kärnten (z.B. Taggenbrunn, Micheldorf, Hochosterwitz), Oberösterreich (z.B. St. Florian), Tirol (z.B. Zellberg), das Burgenland (z.B Allhau) und insbesondere Niederösterreich – etwa in Enzesfeld, Strelzhof, Hirtenberg, Hernstein, Hohenegg und Unterolberndorf.

Viele Arbeiten konzentrieren sich primär auf bakteriell übertragene Erreger wie *Borrelia* oder *Rickettsia*, wodurch TBEV häufig unberücksichtigt blieb oder negativ getestet wurde. Die kartierten Einträge reflektieren daher nicht zwingend das tatsächliche epidemiologische Risiko.

So isolierten Radda et al. (1969) in St. Florian (Oberösterreich) aus 2092 *Ixodes ricinus*-Zecken insgesamt 19 TBEV-Stämme. Die durchschnittliche Durchseuchungsrate lag bei etwa 1 %, womit diese Studie einen der frühesten Naturherde der FSME in Österreich nachweist.

Weitere Studien zeigten überwiegend negative Ergebnisse: In einer Erhebung von Dobler et al. (2008) in Neudörfl an der Leitha (Burgenland) wurde bei 306 getesteten Zecken – darunter *I. ricinus* und *Dermacentor* spp. – kein TBEV nachgewiesen. Auch Wijnveld et al. (2021), die Zeckenproben aus dem Raum Bruck an der Leitha (Burgenland) molekular untersuchten, fanden keine Hinweise auf eine TBEV-Präsenz, obwohl eine Vielzahl anderer Pathogene, u. a. *Borrelia*, *Babesia* und *Rickettsia* spp., bestätigt werden konnten.

Das öffentliche Gesundheitsmonitoring für FSME in Österreich stützt sich primär auf klinisch bestätigte Humanfälle. Die offizielle Einteilung von Risikogebieten geschieht auf Basis gemeldeter Erkrankungen – nicht auf der Prävalenz in Zecken. Daher können selbst Regionen mit wenigen oder keinen positiven Zeckennachweisen tatsächliche Hochrisikogebiete darstellen (2, 10, 14).

Zur realistischen Einschätzung des Übertragungsrisikos und der Verteilung bedarf es einer engen Verknüpfung von molekularbiologischen Nachweisen in Vektoren mit epidemiologischen Daten aus Humanfallstatistiken.

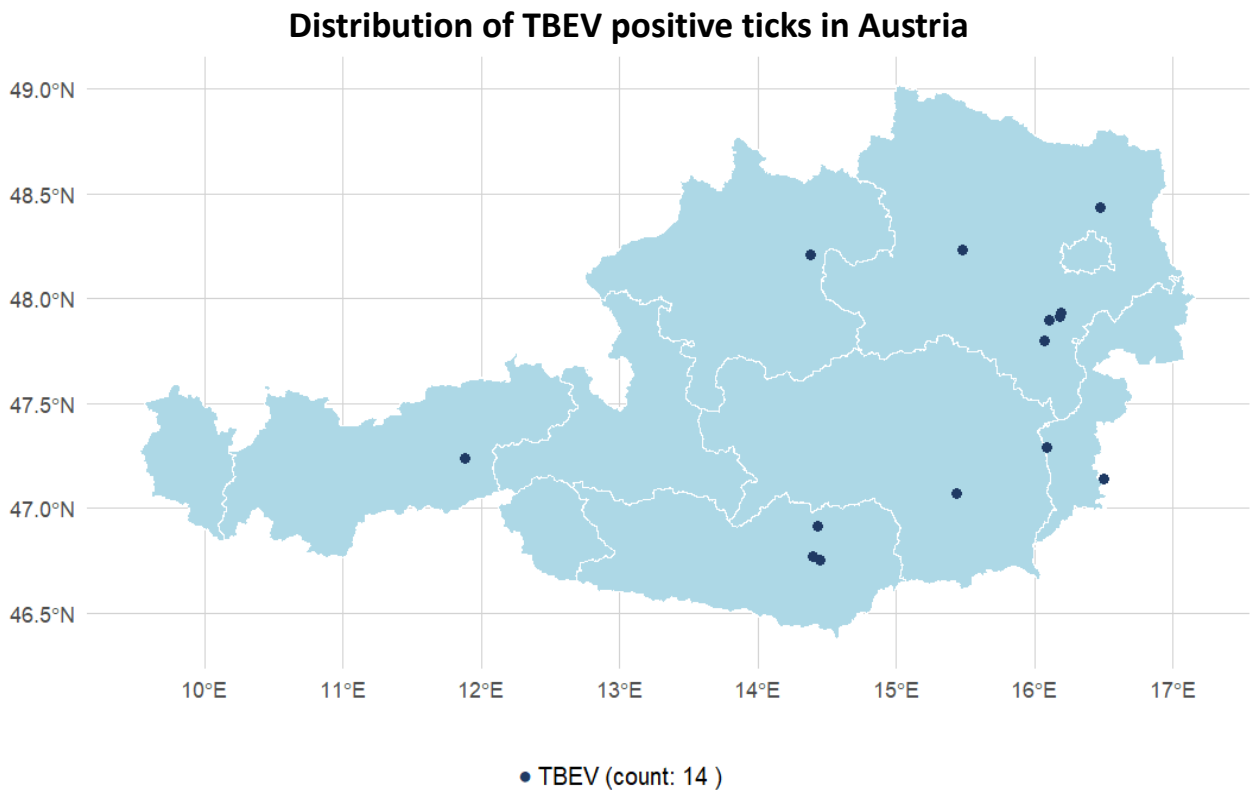


Abbildung 29: Distribution of TBEV positive ticks in Austria

Verbreitung von *Bartonella* spp.:

Die Abbildung (Abb. 30) erläutert die georeferenzierten Fundorte in Österreich, an denen *Bartonella* spp. molekular in Zecken nachgewiesen wurde. Insgesamt konnten sieben positiv belegte Standorte in die Datenbank aufgenommen werden. Die Nachweise distribuieren sich auf alle Bundesländer außer Vorarlberg.

Die geringe Anzahl kartierter Standorte reflektiert in erster Linie die limitierte Gesamtzahl an Studien, in denen Zecken explizit auf *Bartonella* spp. untersucht wurden. Darüber hinaus ist noch unklar, inwieweit Zecken als Vektoren für *Bartonella* spp. fungieren. Es fehlen bislang gesicherte, experimentelle Indizien für eine tatsächliche Übertragbarkeit auf den Menschen.

Trotzdem weisen die Proben auf eine grundsätzliche Präsenz von *Bartonella*-DNA in verschiedenen Regionen Österreichs hin. Besonders hervorzuheben ist Wien, wo Müller et al. (2016) von einer Infektionsrate in *Ixodes ricinus* von 7,5 % (4 von 53 Zecken) berichtet. In einer ergänzenden Sammlung aus dem Jahr 2013 lag die Rate bei 6,7 %. Auch in der Steiermark (3,5 %), Tirol (1,9 %), Niederösterreich (1,8 %), Oberösterreich (1,7 %), dem Burgenland und Kärnten (jeweils 1,6 %) konnten *Bartonella*-positive *Ixodes ricinus*-Zecken festgestellt werden.

In Tirol und Kärnten wurden *Bartonella* spp. durch Müller et al. (2016) molekular nachgewiesen, allerdings ohne exakte Ortsangabe. Die in der Karte dargestellten Punkte repräsentieren approximative Centroid-Koordinaten dieser Bundesländer.

Bereits in einer früheren Studie von Müller et al. (2010) wurden 216 Zecken aus allen neun Bundesländern getestet – mit positiven Funden in sieben Bundesländern. Lediglich Kärnten und Vorarlberg blieben negativ. Die Nachweisraten lagen bei 7,4 % (Real-Time-PCR) bzw. 10,4 % (Nested-PCR).

Sonnberger et al. (2022) untersuchten Pools von *I. ricinus*-Zecken aus Kaisersteinbruch (Burgenland). Dort wurden mehrere *Bartonella*-positive Pools festgestellt, wenngleich keine eindeutige Speziesidentifikation vorgenommen wurde. Die Autoren berichten von insgesamt 37 unterschiedlichen Sequenzen, was auf eine hohe Diversität hindeutet. Bemerkenswert ist auch, dass alle getesteten Zeckenarten mindestens einmal *Bartonella*-DNA enthielten. Die MIR lag bei etwa 11,9 % pro 100 *I. ricinus*-Zeckenpools.

In der Sequenzanalyse von Müller et al. (2016) konnten zudem erstmals in Österreich die Arten *Bartonella henselae*, *B. doshiae* und *B. grahamii* molekular bestätigt werden – mit potenzieller humanpathogener Relevanz.

In Anbetracht der denkbar humanpathogenen Relevanz von *Bartonella*-Arten – insbesondere *B. henselae* – ist ein klarer Forschungsbedarf hinsichtlich der Rolle von *Bartonella* spp. in

Zecken gegeben. Molekularbiologische Erhebungen sollten zukünftig mit Vektorstudien und Wirtsdaten verknüpft werden, um das zoonotische Risiko besser abschätzen zu können.

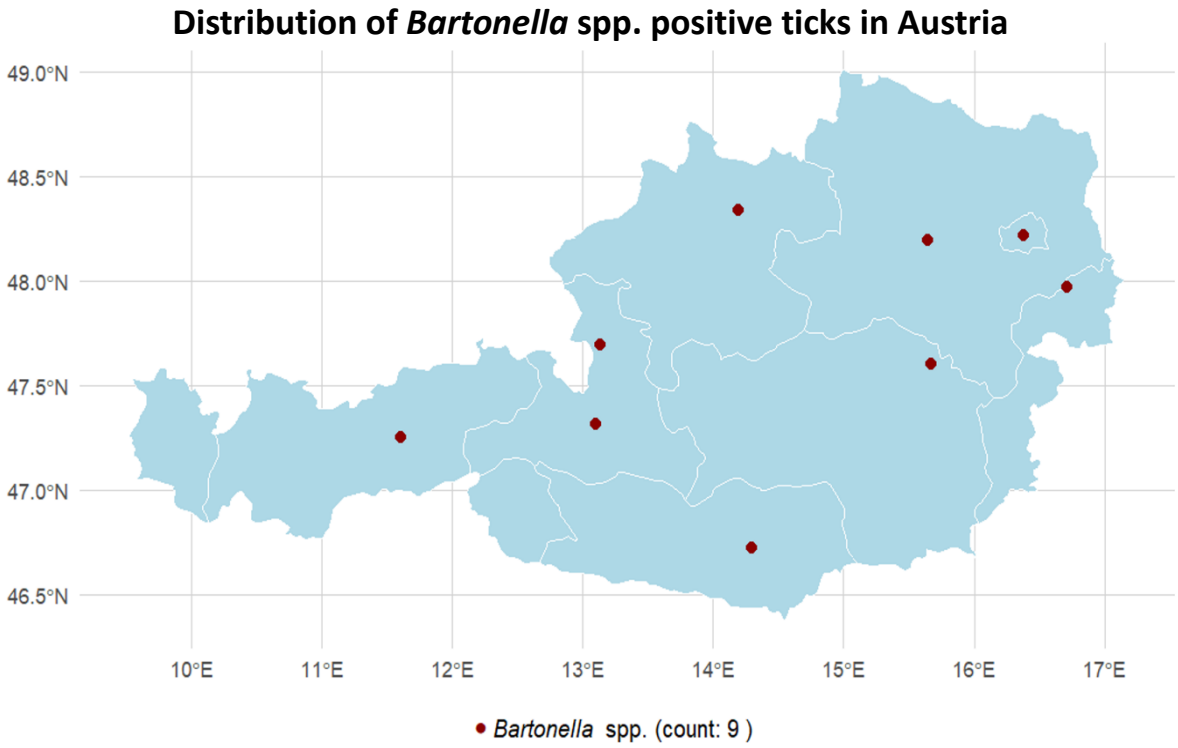


Abbildung 30: Distribution of *Bartonella* spp. positive ticks in Austria

Verbreitung anderer Pathogene:

Die Karte (Abb. 31) visualisiert jene Pathogene, die in der vorliegenden Datenbank nur an einzelnen Lokalitäten molekular bestätigt wurden (n = 1–2). Aufgrund ihrer Seltenheit wurden diese Erreger in einer Karte fusioniert dargestellt, um ihre geografische Streuung sowie potenzielle Muster sichtbar zu machen. Die kartierten Fundorte verteilen sich über mehrere Bundesländer und beinhalten folgende bestätigte Nachweise:

- *Coxiella burnetii* (n = 2): Das durch Q-Fieber bekannte Bakterium wurde in *I. ricinus*-Zecken aus Waidring und Kufstein (Tirol) detektiert. Insgesamt konnten vier *C. burnetii*-ähnliche Stämme isoliert werden. Zwei davon wurden mithilfe von Hämozyten-Tests und Komplementbindungsreaktionen eindeutig als *C. burnetii* differenziert. Die Prävalenz lag im Bereich von ca. 1 % (Rehacek et al. 1994). Trotz der molekular bestätigten Funde gilt die Rolle von Zecken als tatsächliche Vektoren weiterhin umstritten.
- *Francisella tularensis* (n = 2): Im Rahmen der Studie von Hubálek et al. (1998) wurden insgesamt fünf mit *F. tularensis* infizierte *D. reticulatus*-Zecken aus Bernhardsthal (3,5 %) und Rabensburg (2,1 %) in Niederösterreich identifiziert. Beide Fundorte liegen

nahe der tschechischen Grenze in einem bekannten Tularämie-Endemiegebiet in Südmähren im Thaya-Flussgebiet.

- *Theileria* spp. (n = 1): In einer Untersuchung von Fuehrer et al. (2013) wurde *T.* sp. ZS TO4 in drei von zwölf *H. concinna*-Nymphen aus Güssing (Burgenland) nachgewiesen. Die Sequenzen waren ident mit denen aus infizierten Rotwildproben derselben Region.
- *Theileria equi* (n = 1): *T. equi* wurde ebenfalls in der Region Güssing erfasst.
- *Theileria capreoli* (n = 1): Dieser Erreger wurde in der Nähe von Bruck an der Leitha (Niederösterreich) festgestellt.

Die Vektorkompetenz ist nur begrenzt geklärt, jedoch wird in Österreich *H. concinna* als potenzieller Träger diskutiert.

- Arsenophonus (n = 1): Einzelfunde von Arsenophonus – einem endosymbiontisch lebenden Bakterium – wurden mithilfe eines *Bartonella*-PCR-Protokolls in mehreren *Ixodes ricinus*-Nymphen aus Kaisersteinbruch (Burgenland) detektiert (Sonnberger et al. 2022). Die medizinische Relevanz für den Menschen ist derzeit noch unklar, wenngleich Hinweise auf eine potenzielles zoonotisches Risiko bestehen.

Die potenzielle Rolle von *H. concinna* als Vektor wird diskutiert, bleibt aber bislang unzureichend geklärt. Die Vektorkapazität ist begrenzt erforscht, aber dennoch wurde in Österreich *H. concinna* als potenzieller Träger diskutiert.

Die geringen Fallzahlen bezeugen in diesen Einzelfällen, dass eine beachtliche Pathogendiversität wenig beachteter oder emergierender Pathogene in österreichischen Zeckenpopulationen existiert. Die niedrige Nachweisdichte dürfte weniger Ausdruck für die tatsächliche Abwesenheit als primär auf methodische Limitierungen, selektive Studienschwerpunkte oder geringe Stichprobengrößen zurückzuführen sein.

Die Visualisierung soll daher auf potenziell unterschätzte und neu auftretende Erregergruppen aufmerksam machen und als Basis für künftige Surveillance-Studien dienen – insbesondere im Kontext von emerging vector-borne diseases.

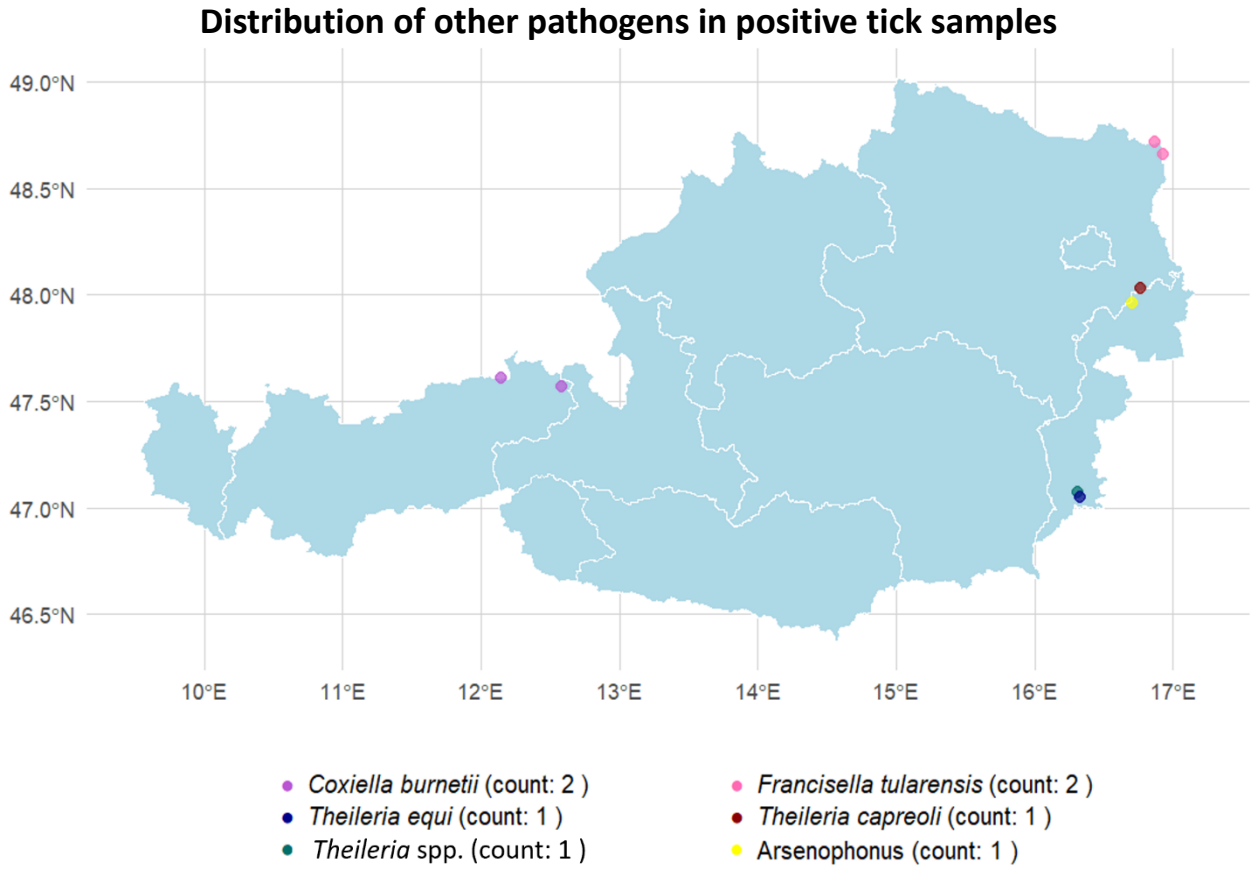


Abbildung 31: Distribution of other pathogens in positive tick samples

7. Diskussion

Die vorliegende Arbeit analysierte anhand publizierter Daten und georeferenzierter Nachweise das Auftreten und die räumliche Verteilung verschiedener zeckenübertragener Pathogene sowie der in Österreich vorkommenden Zeckenarten.

7.1. Interpretation der Ergebnisse

7.1.1. Zeckenarten: Diversität und Verbreitung

Insgesamt wurden 15 Zeckenarten identifiziert und in ihrer räumlichen Verbreitung dargestellt. Besonders häufig traten *Ixodes ricinus*, *Dermacentor* spp. und *Haemaphysalis concinna* auf. *I. ricinus* dominierte mit einem Anteil von über 97 % aller dokumentierten Funde und ist nicht nur geografisch, die am weitesten verbreitete Zeckenart in Österreich, sondern auch der Hauptvektor zahlreicher Pathogene. *Dermacentor reticulatus* und *Haemaphysalis concinna* waren im Vergleich dazu deutlich seltener vorzufinden, zeigten jedoch regionale Häufungen. Weitere Vertreter der *Ixodes*-Familie wie *I. vespertilionis* oder *I. canisuga* wurden nur vereinzelt gemeldet, was vermutlich auf ihre geringere medizinische Relevanz oder den Fokus der bisherigen Studien zurückzuführen ist. Der sporadische Nachweis der wärmeliebenden, invasiven Art *Hyalomma marginatum* ist besonders im Zusammenhang mit klimatischen Veränderungen bemerkenswert. Das Vorkommen dieser Art kann als Indikator für den Einfluss steigender Temperaturen auf die Zeckenfauna gewertet werden. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass neben etablierten Vektorarten zunehmend neue oder bisher seltene Arten erfasst werden, dies sollte bei künftigen Surveillance-Strategien berücksichtigt werden.

7.1.2. Pathogene: Häufigkeit, Diversität und Verteilung

In die Analyse einbezogen wurden sämtliche in Zecken potenziell vorkommenden Pathogene, für die publizierte Daten vorlagen. Tatsächlich konnten im Rahmen der Recherche nur 12 Pathogengruppen mit positiven Nachweisen in Österreich in die Kartierungen aufgenommen werden. Am häufigsten wurden *Borrelia* spp. und *Rickettsia* spp. nachgewiesen, wobei insbesondere *B. afzelii* und *R. helvetica* eine nahezu flächendeckende Verbreitung in Zecken zeigten. Die höchsten Funddichten lagen in den östlichen Bundesländern.

Die verzeichneten Prävalenzwerte variierten stark: Während Blaschitz et al. (2008) *Rickettsia* spp. in 35,6 % der untersuchten *I. ricinus* Zecken detektierte, wiesen andere Studien, wie etwa Schötta et al. (2023), für *R. helvetica* Prävalenzen zwischen 3,8 % und 13,3 % aus.

Babesia spp. zeigte trotz begrenzter Studienzahl vergleichsweise hohe MIR-Werte. Der Forschungsfokus auf diese Erregergruppe in Zecken in Österreich ist jedoch relativ neu, weshalb flächendeckende Daten fehlen.

Seltene oder erstmals nachgewiesene Pathogene wie *F. tularensis*, *C. burnetii* oder *Theileria* spp. traten nur an wenigen Standorten auf. Solche Einzelfunde können auf ein geringeres Vorkommen hindeuten, könnten aber auch durch eine bisher unzureichende Untersuchung bestimmter Regionen oder Zeckenarten unterrepräsentiert sein. *Candidatus* Rickettsia thierseensis wurde neu entdeckt und neben *R. aeschlimanii* zum ersten Mal in Österreich detektiert.

7.1.3. Hotspots und regionale Schwerpunkte

Die kartografische Auswertung zeigte klare Häufungen positiver Fundorte in Niederösterreich, Wien, dem Burgenland und der südöstlichen Steiermark. Diese Hotspots korrelieren sowohl mit erhöhter Forschungsaktivität in diesen Regionen als auch mit günstigen ökologischen Bedingungen (z. B. feuchte Auen- und Laubwälder). Gleichzeitig befinden sich mehrere wissenschaftliche Einrichtungen in diesen Gebieten, somit dürften Institutionensitze und Projektschwerpunkte die Standortwahl beeinflusst haben.

7.1.4. Ost-West-Gefälle der Zeckenstudien

Ein markantes Ost-West-Gefälle ist in nahezu allen Kartendarstellungen ersichtlich. Während östliche Bundesländer wie Niederösterreich, Wien und Burgenland und die südöstliche Steiermark am häufigsten vertreten sind, gibt es aus westlichen Bundesländern wie Vorarlberg, Kärnten oder Salzburg deutlich weniger Meldungen. Die Ursache hierfür sind vermutlich historische Forschungslücken, logistische Herausforderungen in alpinen Regionen sowie eine stärkere Konzentration der Projekte im Osten. Neuere Studien aus Tirol zeigen jedoch, dass der zunehmend wissenschaftliche Fokus inzwischen auch westliche Bundesländer stärker einbezieht.

7.1.5. Korrelation zwischen Zeckenarten und Pathogene

Es konnte gezeigt werden, dass *R. raoultii* fast ausschließlich in *D. reticulatus* vorkommt und *Babesia canis* in demselben Vektor im Osten Österreichs nachgewiesen wurde. *B. afzelii* und *R. helvetica* wurden hingegen fast ausschließlich mit *I. ricinus* assoziiert. Die enge Wirt-Pathogen-Spezifität bestätigt die zentrale Bedeutung der Artidentifikation für epidemiologische Bewertungen.

7.2. Internationaler Vergleich mit bisherigen Studien

Internationale Studien zur Erfassung und Analyse von Zecken und zeckenübertragenen Pathogenen verfolgen ähnliche Zielsetzungen wie die vorliegende Arbeit – nämlich die systematische Sammlung, georeferenzierte Aufbereitung und kartografische Darstellung vorhandener Daten zur verbesserten epidemiologischen Bewertung. Ein besonders

umfassendes Beispiel stellt die nationale Studie von Zhao et al. (2021) dar, die auf Basis von 7344 Datensätzen eine landesweite Kartierung von Zecken und assoziierten Krankheitserregern in China durchführte. Der Untersuchungszeitraum umfasste nahezu sieben Jahrzehnte (1950 - 2018) und berücksichtigte 124 Zeckenarten (113 Schild- und 11 Lederzecken) sowie 103 Pathogene, von denen 65 erst in den letzten zwei Jahrzehnten neu entdeckt wurden (46).

Beide Studien verfolgen somit ein vergleichbares Ziel, unterscheiden sich jedoch deutlich in Skalierung, Datenbasis und Kartenerstellung. Während Zhao et al. (2021) einen multimodalen Datenerfassungsansatz wählten – also die Kombination aus Literaturdaten, historischen Archiven, unveröffentlichten Quellen und aktuellen Feldstudien – basiert die vorliegende Arbeit auf einer systematischen Auswertung aller verfügbaren österreichischen Studien, Berichte und Fallbeschreibungen von 1957 – 2023. Dabei wurden ausschließlich Datensätze berücksichtigt, die sich geografisch eindeutig zuordnen lassen (mindestens NUTS-2 Ebene) (46).

Ein wesentlicher Unterschied liegt in der Datenstruktur und räumlichen Auflösung: Während Zhao et al. (2021) aufgrund der Größe Chinas eine enorme ökologische und faunistische Bandbreite abdecken (1134 Countys) und ihre Nachweise auf Landkreisebene aggregierten, fokussiert sich diese Arbeit auf den österreichischen Raum mit einer detaillierten Erfassung aller bislang publizierten Nachweise. Die Visualisierung in der chinesischen Studie erfolgte in ArcGIS 10.0 unter Einbeziehung landschaftsökologischer Parameter (z. B. Buschland, Misch- und Nadelwälder) zur Darstellung großräumiger Verbreitungsmuster und Risikozonen. Die vorliegende Arbeit setzt hingegen auf eine punktuelle, hochauflösende Kartierung in R, bei der georeferenzierte Einzelnachweise für jede Zeckenart und jedes Pathogen abgebildet werden. Damit steht in Österreich zwar eine kleinere, aber wesentlich homogenere Datengrundlage zur Verfügung, die eine präzisere Darstellung innerhalb eines geografisch begrenzten Raums ermöglicht, während die großräumige Aggregation in China eine modellgestützte Verdichtung der Daten erforderte (46).

Trotz dieser strukturellen Unterschiede zeigen sich inhaltliche Parallelen: In beiden Ländern dominieren wenige Schlüsselarten – in China *Haemaphysalis longicornis*, in Österreich *Ixodes ricinus* – und in beiden Fällen wird eine zunehmende Ausbreitung von Zeckenpopulationen und Pathogenen infolge von Klimawandel, Landnutzungsänderungen, Vegetationsstruktur und Wirtsverfügbarkeit festgestellt. Ebenso bestehen regionale Datenlücken, etwa in den chinesischen Hochgebirgsregionen wie Tibet oder den alpinen Gebieten Österreichs, was die Notwendigkeit langfristiger, standardisierter Monitoring-Programme hervorhebt (46).

Zhao et al. (2021) betonen die Bedeutung einer langfristigen Vektor-Surveillance und systematischen Datenintegration, um ökologische Risikozonen zu identifizieren und frühzeitig

auf neu auftretende Pathogene reagieren zu können. Diese Schlussfolgerung deckt sich mit den Zielsetzungen der vorliegenden Arbeit. Mit der Erstellung einer nationalen Datenbank schafft diese Studie eine wichtige Grundlage für zukünftige Monitoring- und Modellierungsansätze im europäischen Kontext und reiht sich damit in die wachsende Zahl internationaler Forschungsinitiativen zur datenbasierten Risikobewertung von Zecken und deren Pathogenen ein (46).

7.3. Limitationen und Herausforderungen der Datenbankerstellung und Analyse

7.3.1. Dateninkonsistenzen und Standardisierungsprobleme

Die Erstellung und Auswertung der vorliegenden Datenbank unterlag einer Reihe von methodischen und inhaltlichen Herausforderungen. Hauptursachen waren die Heterogenität der verfügbaren Studiendaten, das Fehlen einheitlicher Erhebungsstandards sowie die unvollständige Verfügbarkeit relevanter Metadaten.

Eine zentrale Schwierigkeit bestand in der uneinheitlichen Erfassung und Dokumentation von Fundort- und Pathogendaten in den Primärstudien. Teilweise fehlten exakte GPS-Koordinaten oder präzise Ortsbezeichnungen. In solchen Fällen lagen lediglich Angaben auf Bundesland- oder Bezirksebene vor, sodass - wie bereits in Kapitel 5.3.2 geschildert - zentral gelegene Repräsentativpunkte (Centroids) eingesetzt wurden, um die Kartierung dennoch zu ermöglichen. Diese methodische Annäherung ermöglicht zwar eine österreichweite Visualisierung, führt jedoch zwangsläufig zu einer gewissen räumlichen Unschärfe, die lokale Cluster verzerren kann.

Auch bei der Bestimmung von Zeckenarten und der nachgewiesenen Erreger äußerten sich Inkonsistenzen. Manchen Studien differenzierten nicht bis auf Artniveau, sondern gaben lediglich eine grobe Zuordnung, wie etwa „*Ixodes* spp.“ an. Ebenso erfolgte bei den Pathogenen nicht immer eine genospezifische Typisierung, sodass beispielsweise lediglich „*Borrelia* spp.“ ohne nähere Spezifizierung angegeben wurde.

Des Weiteren unterschieden sich die eingesetzten Nachweisverfahren erheblich: Variationen in den PCR-Protokollen, der Sensitivität und Spezifität der Tests sowie in den Poolgrößen beeinflussten die ermittelten Nachweisraten und erschwerten die direkte Vergleichbarkeit zwischen Studien. Während moderne Studien hochsensitive PCR-basierte Verfahren nutzen, beruhen ältere Arbeiten teils auf weniger empfindlichen Methoden, wodurch bestimmte Erreger nicht erfasst werden konnten. Die Darstellung der Infektionsraten variierte ebenfalls: Während einige Studien prozentuale Prävalenzen berichteten, nutzten andere wiederum Minimal-Infektionsraten (MIR), ohne die genaue Zusammensetzung der Pools anzugeben.

Zudem fehlten oft begleitende Informationen wie Sammelzeitpunkt, Zeckenstadium, Sammlungsmethode, Wirtsart oder Habitat, die für eine vertiefte Interpretation saisonaler sowie ökologischer Muster von Bedeutung wären.

7.3.2. Konsequenzen für die Auswertung

Die genannten Inkonsistenzen und Datenlücken schränken unmittelbar die Interpretation und Vergleichbarkeit der Ergebnisse ein. Da ein Teil der Kartendarstellungen auf aggregierten oder approximierten Koordinaten basiert, spiegeln sie eher allgemeine Verbreitungstendenzen und -muster als exakte, punktuelle Verteilungen wider.

Unterschiedliche Nachweismethoden, Kennzahlen und Stichprobengrößen erschweren den direkten Vergleich der Prävalenzraten. Manche Erreger erscheinen in der Datenbank seltener, als sie tatsächlich auftreten, wenn sie in den Primärstudien nicht gezielt untersucht wurden, nicht bis zur Art differenziert oder mit den damals verfügbaren Methoden nicht nachweisbar waren. Diese methodische Heterogenität schränkt die Vergleichbarkeit ein, sodass regionale oder zeitliche Unterschiede mit Vorsicht interpretiert werden sollten.

Darüber hinaus führt die ungleiche Forschungsdichte zu einer Überrepräsentation mancher Regionen – insbesondere Wien, Niederösterreich und Burgenland – und zu einer vergleichsweisen Unterrepräsentation anderer Bundesländer, wie Vorarlberg, Kärnten oder Salzburg.

Trotz dieser Einschränkungen bietet die vorliegende Datenbank eine weitgehend flächendeckende, georeferenzierte Übersicht zu Zeckenarten und -pathogen in Österreich. Die Standardisierung der Geodatenaufbereitung stellt eine solide Basis für zukünftige Monitoring-Programme dar, die durch einheitliche Erhebungsstandards, vollständige Metadatenerfassung und harmonisierte Analyseverfahren künftig weiter optimiert werden können.

7.4. Empfehlungen für die zukünftige Forschung

7.4.1. Erstellung einheitlicher Meldeformate mit standardisierten Metadaten

Die in dieser Arbeit verwendeten Einschlusskriterien (vgl. Kapitel 5.2) haben bereits gezeigt, dass die Aussagekraft der Analysen stark von der Qualität der verfügbaren Metadaten abhängt. Fehlende Angaben zu Sammelmethode, Wirtsart oder Pathogenspezifikation führten regelmäßig zu Einschränkungen bei der Auswertung. Auch die in die Datenbank aufgenommenen Studien zeigten eine erhebliche Heterogenität hinsichtlich Umfangs, Genauigkeit und Format der erhobenen Informationen. Um die Integration in übergeordnete Datenbanken künftig zu erleichtern, sollten daher präzise Ortsangaben, eine Bestimmung der

Zecken bis auf Artniveau sowie eine detaillierte Spezifizierung der nachgewiesenen Pathogene verpflichtend erfasst werden.

Bereits bestehende Leitlinien verdeutlichen, wie ein standardisiertes Vorgehen umgesetzt werden könnte. So geben auch ECDC und EFSA im Rahmen des VectorNet-Projekts, Richtlinien zur standardisierten Zeckensammlung vor. Darunter fallen eine Reihe verpflichtender Parameter wie Georeferenzierung des Fundortes, Habitatsbeschreibung, Datum, klimatische Bedingungen, Sammelmethode sowie die Art- und Stadienbestimmung der gefundenen Zecken (45). An solche bestehenden Standards sollten sich auch nationale Meldeformate orientieren, um Vergleichbarkeit und Datenqualität sicherzustellen.

Erstrebenswert wären daher einheitliche Meldeformate, die auf nationaler Ebene verbindlich gelten und sich an internationalen Standards wie beispielsweise den VectorNet- oder Darwin-Core-Metadatenformaten orientieren. Als verpflichtende Kernparameter sind insbesondere präzise Geokoordinaten (mindestens auf NUTS2-Ebene, idealerweise GPS-Meter-Ebene), eine Artbestimmung der Zecken bis auf Speziesebene, die detaillierte Pathogenspezifikation einschließlich Genotypisierung sowie begleitende Metadaten wie Sammeldatum, Zeckenstadium, Wirtsart und Habitattyp zu erfassen.

Diese Informationen sollten unabhängig von der Erhebungsform – ob wissenschaftliche Feldstudien, amtliche Überwachung oder Citizen-Science-Projekte – systematisch dokumentiert und in standardisiertem Format bereitgestellt werden. Ergänzend sind Maßnahmen zur Qualitätssicherung erforderlich, etwa durch verpflichtende Eingabefelder in digitalen Erfassungssystemen, Plausibilitätsprüfungen und standardisierte Laborprotokolle.

Eine solche Harmonisierung würde die Vergleichbarkeit und Nachnutzbarkeit der Daten wesentlich verbessern, den Aufbau langfristiger, konsistenter Zeitreihen erleichtern und die Integration in internationale Datenplattformen ermöglichen. Dadurch könnten zukünftige Analysen zur räumlich-zeitlichen Dynamik von Zeckenpopulationen und Pathogenverbreitung erheblich präziser durchgeführt werden.

7.4.2. Integration von Citizen-Science-Programmen

Citizen-Science-Ansätze können einen wesentlichen Beitrag zur Verbesserung der räumlichen und zeitlichen Datenlage leisten, insbesondere in bisher unterrepräsentierten Regionen. Ein aktuelles Beispiel für die Einbindung der Bevölkerung in Österreich ist die nationale Umsetzung des EU-weiten Projekts „OH SURVector“ durch die Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (2).

Dieses mehrstaatliche, laufende Projekt verfolgt einen One-Health-Ansatz und zielt auf die sektorübergreifende Überwachung von Vektoren – darunter Stechmücken und Zecken – ab.

Dabei werden sowohl etablierte Krankheitserreger als auch neu auftretende Pathogene (z.B. Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber-Virus) erfasst, um deren Ausbreitung frühzeitig zu erkennen und gezielte Gegenmaßnahmen zu ergreifen. In Österreich verantwortet die AGES den Citizen-Science-Baustein: Interessierte Personen können als „Citizen Scientists“ gefundene Zecken mitsamt relevanter Fundinformationen einsenden und sich so aktiv am Monitoring beteiligen (2).

Für die Teilnahme müssen bestimmte Mindestkriterien erfüllt sein: Die Zecke muss intakt sein und es müssen mindestens Angaben zu Fund- oder Entfernungsdatum, Postleitzahl sowie – falls zutreffend – der Wirtsspezies vorliegen. Die Proben können entweder an ausgewählten AGES-Standorten abgegeben oder direkt an das Labor in Wien eingesendet werden. Die geographische Erfassung der Fundorte erfolgt derzeit nach NUTS-3-Regionen, während die in dieser Arbeit verwendete Datenbank auf NUTS-2-Ebene basiert. Eine zukünftige Harmonisierung dieser Formate würde die Integration und regionale Vergleichbarkeit der Datensätze deutlich erleichtern (2).

Durch gezielte Öffentlichkeitsarbeit und den Einsatz digitaler Plattformen könnten Zeckenfunde niederschwellig erfasst und zentral gebündelt werden. Eine enge Zusammenarbeit zwischen Forschungseinrichtungen, Behörden und der Öffentlichkeit ist dabei entscheidend, um die Qualität und Verlässlichkeit der Meldungen sicherzustellen. Insbesondere moderne Technologien wie Smartphone-Anwendungen mit Geotagging-Funktion stellen hierfür eine leicht zugängliche, niederschwellige Erfassungsplattformen dar. Internationale Beispiele verdeutlichen das Potenzial digitaler Citizen-Science-Ansätze. So erlaubt etwa die US-amerikanische „Tick App“ den Nutzenden, Zeckenfunde über eine Smartphone-Anwendung zu melden. Neben der genauen Orts- und Zeitangabe können dabei Informationen zur Wirtsspezies, zu potenziellen Expositionsorten (z. B. privates Grundstück vs. Erholungsgebiet) sowie zur Art der Zeckenbegegnung (freilaufend oder bereits festgesaugt) erfasst werden. Zwischen 2019 und 2021 wurden auf diesem Weg bereits über 11.000 Zeckenmeldungen gesammelt, die in räumlich-zeitliche Analysen einflossen und auch Rückschlüsse auf Risikoverhalten und Präventionsmaßnahmen der Teilnehmenden ermöglichten (40).

Für Österreich könnte die Kombination beider Ansätze – physische Probenabgabe wie im Rahmen des OH-SURVector-Projekts und ergänzende digitale Meldesysteme – die Monitoringkapazitäten erheblich erweitern. Dies würde nicht nur die Abdeckung in bislang wenig untersuchte Regionen verbessern, sondern auch eine zeitnahe Erfassung saisonaler Muster, klimabedingter Verschiebungen im Vorkommen sowie neu auftretender Vektorarten ermöglichen.

Die Kombination professioneller Erhebungen mit Citizen-Science-Programmen stellt einen zukunftsweisenden Ansatz zur Verbesserung der räumlichen und zeitlichen Abdeckung und zur Schließung von Datenlücken in der Vektorüberwachung. Solche hybriden Systeme können nicht nur die Datenbasis verbreitern, sondern auch eine kontinuierliche, zeitnahe Erfassung ermöglichen, sofern klare Protokolle zur Datenerhebung und Qualitätssicherung etabliert sind (40).

7.4.3. Optimierung der regionalen und zeitlichen Abdeckung

Um die Grundlagendaten zur Verbreitung zeckenübertragener Pathogene und Zecken flächendeckend zu verbessern, sollte es ein zentrales Ziel künftiger Monitoring-Programme sein, die gezielte Schließung bestehender regionaler als auch temporärer Lücken zu bewirken. Die Auswertung dieser Arbeit zeigt ein deutliches Ost-West-Gefälle: Während Regionen wie Wien, Niederösterreich, Burgenland und die südöstliche Steiermark gut repräsentiert sind, fehlen Daten aus Vorarlberg, Kärnten oder Salzburg (eigene Ergebnisse; vgl. Kapitel 7.1.4.). Dieses Muster deckt sich mit den Ergebnissen von Rubel et al. (2024), die auf Basis einer bundesweiten Auswertung dokumentierter Zeckenarten ebenfalls ein deutliches Defizit an Nachweisen in westlichen Bundesländern feststellten (41). Diese Lücken könnten durch gezielte Erhebungen – auch unter Einbezug lokaler Partner und Institutionen – systematisch geschlossen werden. Hierfür sollten zukünftige Studienanstrengungen gezielt flankiert werden – etwa durch koordinierte Erhebungen in westlichen und alpinen Gebieten.

Ebenso wichtig ist die saisonale Abdeckung: Zeckenaktivitäten – und damit Infektionsrisiken – zeigen deutliche Aktivitätsveränderungen im Verlauf des Jahres, mit typischen Aktivitätspeaks im Frühjahr und einem weiteren im Spätsommer/Herbst (42). Wiederholte Erhebungen in verschiedenen Jahreszeiten sind daher hilfreich, um die saisonalen Muster adäquat abzubilden und klimabedingte Verschiebungen rechtzeitig zu erkennen (42, 43).

7.4.4. Langfristige Perspektive: Datenbankpflege, Förderung der Öffentlichkeitsarbeit und Schaffung von Standards für die Analyse und Risikobewertung

Ein nachhaltiges Zecken-Monitoring erfordert die kontinuierliche Aktualisierung und Pflege einer zentralen, öffentlich zugänglichen Datenbank. Diese sollte langfristig als nationale Referenzplattform fungieren, in der neue Datensätze nach einheitlichen Kriterien sowie klaren Richtlinien geprüft, qualitätsgesichert und integriert werden. Idealerweise handelt es sich dabei um ein offenes System mit klar definierten Eingabe-, Kontroll- und Zugriffskriterien, das nahtlose Schnittstellen für Forschungsinstitute, Gesundheitsbehörden sowie weitere relevante Interessensgruppen bietet.

Eine Anbindung an europaweite Plattformen wie „VectorNet“, ein gemeinsames Projekt des ECDC und der EFSA, würde eine methodische Harmonisierung fördern, internationale Vergleichbarkeit sicherstellen und die Integration standardisierter Erhebungsprotokolle – etwa für Zeckenproben – ermöglichen. Auf diese Weise ließe sich nicht nur die nationale, sondern auch die transnationale Überwachung zeckenübertragener Pathogene optimieren (44).

Neben der technischen und strukturellen Pflege der Datenbank ist auch die kontinuierliche Öffentlichkeitsarbeit ein wesentlicher Baustein für den langfristigen Erfolg. Informationskampagnen, zielgruppenspezifische Schulungen (z. B. für Tierärzte, Ärzte, Forstpersonal, Schulen, Gemeinden) sowie mediale Präsenz können das Bewusstsein für zeckenassoziierte Erkrankungen schärfen und die Teilnahmebereitschaft der Bevölkerung an Citizen-Science-Projekten fördern.

Langfristig kann auf dieser Datenbasis ein standardisiertes Risikobewertungsmodell aufgebaut werden, das epidemiologische, ökonomische, klimatische und – soweit relevant – auch sozioökonomische Faktoren integriert. Einerseits könnte ein solches Modell Gesundheitsbehörden bei der Entscheidungsfindung unterstützen und andererseits als Grundlage für eine fundierte Public-Health-Strategie dienen, etwa in Form eines regelmäßig aktualisierten „Tick Risk Index“. Dies würde sowohl die Prävention als auch die gezielte Ressourcenplanung im Gesundheitswesen deutlich verbessern.

8. Literaturverzeichnis

1. Estrada-Peña A. Ticks as vectors: taxonomy, biology and ecology. Rev Sci Tech. 2015 Apr;34(1):53–65. Doi: 10.20506/rst.34.1.2345.

2. Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES). Infos zu Zecken & Krankheiten [Internet]. Wien: AGES; ©2025 [zitiert am 19. Juni 2025]. Verfügbar unter: https://www.ages.at/mensch/krankheit/infos-zu-zecken-krankheiten#c7935

3. Pfäffle M, Littwin N, Muders SV, Petney TN. The ecology of tick-borne diseases. Int J Parasitol. 2013 Nov;43(12–13):1059–77. Doi: 10.1016/j.ijpara.2013.06.009.

4. Apanaskevich DA, Oliver JH. Life cycles and natural history of ticks. In: Sonenshine DE, Roe RM, editors. Biology of Ticks. Vol. 1. 2nd ed. Oxford: Oxford University Press; 2014. Seiten 8-9, 59-66.

5. The biology of *Ixodes ricinus* with emphasis on its ecology, Oolaf Kahl, Jeremy S. Grey.

6. Földvári G. Life cycle and ecology of *Ixodes ricinus*: the roots of public health importance. In: Hovius JWR, editor. Ecology and prevention of Lyme borreliosis. Wageningen: Wageningen Academic Publishers; 2016. p. Doi:10.3920/978-90-8686-838-4_3.

7. Leal B, Zamora E, Fuentes A, Thomas DB, Dearth RK. Questing by tick larvae (Acari: Ixodidae): a review of the influences that affect off-host survival. Ann Entomol Soc Am. 2020 Nov;113(6):425–38. Doi:10.1093/aesa/saaa013.

8. Magnarelli Louis A. Global Importance of Ticks and Associated Infectious Disease Agents. Clinical Microbiology Newsletter, Volume 31, Issue 5, Pages 33-37. Doi: org/10.1016/j.clinmicnews.2009.02.001

9. European Centre for Disease Prevention and Control. *Ixodes ricinus* – Factsheet for experts [Internet]. Stockholm: ECDC; [zitiert 2025 Aug 16]. Verfügbar unter: https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/facts/tick-factsheets/*ixodes-ricinus*

10. Stanek G. Pandora's Box: pathogens in *Ixodes ricinus* ticks in Central Europe. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 127, Issue 21-22, Pages 673-83. Doi: 10.1007/s00508-009-1281-9

11. Rubel F., Brugger K., Walter M., Vogelgesang J., Didyk Y., Fu S., Kahl O. (2018). Geographical distribution, climate adaptation and vector competence of the Eurasian hard tick *Haemaphysalis concinna*. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 9, Issue 5, Pages 1080-1089. Doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.04.002

12. Földvári G., Farkas R. Ixodid tick species attaching to dogs in Hungary. Vet Parasitol. Apr 20;129(1-2):125-31. Doi: 10.1016/j.vetpar.2004.11.032.

13. Duscher, G. G., Feiler, A., Leschnik, M., & Joachim, A. (2008). *Occurrence of the Relict Tick, Haemaphysalis concinna, in Austria: A Contribution to the Knowledge of Its Distribution and Ecology.* Parasitology Research, 103(1), 119–122.

14. Rizzoli A., Silaghi C., Obiegala A., Rudolf I., Hubálek Z., Földvári G., Plantard O., Vayssier-Taussat M., Bonnet S., Špitalská E., Kazimírová E. (2014). *Ixodes ricinus* and Its Transmitted Pathogens in Urban and Peri-Urban Areas in Europe: New Hazards and Relevance for Public Health. Front Public Health, 1;2:251. Doi: 10.3389/fpubh.2014.00251.

15. Földvári G., Široký P., Szekeres S., Majoros G., Sprong H. (2016). Parasit. Vectors, Volume 9, Issue 1, Page 314. Doi: 10.1186/s13071-016-1599-x.

16. Duscher G.G., Kienberger S., Haslinger K., Holzer B., Zimpernik I., Fuchs R., Schwarz M., Hufnagl P., Schiefer P., Schmoll F. (2022). *Hyalomma* spp. in Austria—The Tick, the Climate, the Diseases and the Risk for Humans and Animals. Microorganisms, Volume 10, Issue 9, Article Nr. 1761. Doi 10.3390/microorganisms10091761.

17. Kogler S., Gotthalmseder E., Shahi-Barogh B., Harl J., Fuehrer H. (2021). *Babesia* spp. and *Anaplasma phagocytophilum* in free-ranging wild ungulates in central Austria. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 12, Issue 4. Doi: 10.1016/j.ttbdis.2021.101719.

18. Vogl U., Presterl E., Stanek G., Ramharter M., Gattringer K., Graninger W. (2010). First described case of human granulocytic anaplasmosis in a patient in Eastern Austria. Wiener Medizinische Wochenschrift, Volume 160, Issue 3-4, Pages 91-93. Doi: 10.1007/s10354-009-0733-1.

19. Stanek G. (2018). Lyme borreliosis, ticks and *Borrelia* species. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 130, Issue 15-16, Pages 459-462. Doi: 10.1007/s00508-018-1376-2.

20. Portillo A., Santibáñez S., García-Álvarez L., M. Palomar A., Oteo J. A. (2015). Rickettsioses in Europe. Microbes and Infection, Volume 17, Issue 11-12, Pages 834-838. Doi: org/10.1016/j.micinf.2015.09.009.

21. Borawski K., Dunaj J., Pancewicz S., Król M., Czupryna P., Moniuszko-Malinowska A. (2019). Tick-borne rickettsioses in Europe – a review. Przegl Epidemiol., Volume 73, Issue 4, Pages 523-530. Doi: 10.32394/pe.73.49.

22. Schötta A., Wijnveld M., Stockinger H., Stanek G. (2017). Approaches for reverse line blot-based detection of microbial pathogens in *Ixodes ricinus* ticks collected in Austria and impact of the chosen method. Applied and Environmental Microbiology, Volume 83, Issue 13. Doi: 10.1128/AEM.00489-17

23. Müller A., Reiter M., Schötta A., Stockinger H., Stanek G. (2016). Detection of *Bartonella* spp. in *Ixodes ricinus* ticks and *Bartonella* seroprevalence in human populations. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 7, Issue 5, Pages 763-767. Doi:

10.1016/j.ttbdis.2016.03.009

24. Heinz F., Stiasny K., Holzmann H., Kundi M., Six W., Wenk M., Kainz W., Essl A., Kunz C. (2015). Emergence of tick-borne encephalitis in new endemic areas in Austria: 42 years of surveillance. Eurosurveillance, Volume 20, Issue 13, Pages 9-16. Doi: 10.2807/1560-7917.es2015.20.13.21077

25. Duscher G., Wetscher M., Baumgartner R., Walder G. (2015). Roe deer sera used for TBE surveillance in Austria. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 6, Issue 4, Pages 489-493. Doi: 10.1016/j.ttbdis.2015.03.018

26. Blaschitz M., Narodoslavsky-Gföller M., Kanzler M., Walochnik J., Stanek G. (2008). *Babesia* species occurring in Austrian *Ixodes ricinus* ticks. Applied and Environmental Microbiology, Volume 74, Issue 15, Pages 4841-4846. Doi: 10.1128/AEM.00035-08.

27. Hodžić A., Zörer J., Duscher G. (2017). *Dermacentor reticulatus*, a putative vector of *Babesia cf. microti* (syn. *Theileria annae*) piroplasm. Parasitology Research, Volume 116, Issue 3, Pages 1075-1077. Doi: 10.1007/s00436-017-5379-0.

28. Joachim A., Unterköfler M., Strobl A., Bakran-Lebl K., Fuehrer H., Leschnik M. (2023). Canine babesiosis in Austria in the 21st century – A review of cases. Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports, Volume 37, Article Nr. 100820. Doi: 10.1016/j.vprsr.2022.100820.

29. Lempereur L., Beck R., Fonseca I., Marques C., Duarte A., Santos M., et al. Guidelines for the detection of *Babesia* and *Theileria* parasites. Vector Borne Zoonotic Dis. 2017 Jan;17(1):51–65. Doi:10.1089/vbz.2016.1955.

30. Zhang B, Zhang N, Gao C, Liu M, Jie R, Lu M, et al. Investigation of *Babesia* spp. and *Theileria* spp. in ticks from Western China and identification of a novel genotype of *Babesia caballi*. BMC Vet Res. 2024; 20:302. Doi:10.1186/s12917-024-04171-z.

31. Fuehrer H.-P., Biro N., Harl J., Worliczek HL., Beiglböck C., Farkas R., et al. Molecular detection of *Theileria* sp. ZS TO4 in red deer (Cervus elaphus) and questing *Haemaphysalis concinna* ticks in Eastern Austria. Vet Parasitol. 2013;197(3–4):653-7. Doi: 10.1016/j.vetpar.2013.07.005.

32. Kawahara M, Rikihisa Y, Isogai E, Takahashi M, Misumi H, Suto C, et al. Ultrastructure and phylogenetic analysis of '*Candidatus* Neoehrlichia mikurensis' in the family Anaplasmataceae, isolated from wild rats and found in *Ixodes ovatus* ticks. Int J Syst Evol Microbiol. 2004 Sep;54(Pt 5):1837–43. Doi:10.1099/ijs.0.63260-0.

33. Derdáková, M., Václav, R., Pangrácova-Blaňárová, L., Selyemová, D., Koči, J., Walder, G., Špitalská, E. (2014). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis and its co-circulation with *Anaplasma phagocytophilum* in *Ixodes ricinus* ticks across ecologically different habitats of Central Europe. Parasites & Vectors, Volume 7,

Issue 1, Article Nr. 160. Doi: 10.1186/1756-3305-7-160.

34. Seiwald S, Simeon A, Hofer E, Weiss G, Bellmann-Weiler R. (2020). Tularemia Goes West: Epidemiology of an Emerging Infection in Austria. Microorganisms, Volume 8, Issue 10, Pages 1-13. Doi: 10.3390/microorganisms8101597.

35. Hubálek Z, Sixl W, Halouzka J, Mikulásková M. (1998). Prevalence of *Francisella tularensis* in *Dermacentor reticulatus* ticks collected in adjacent areas of the Czech and Austrian Republics. Cent. Eur. J. Public Health, Volume 5, Issue 4, Pages 199-201.

36. Körner S, Makert GR, Mertens-Scholz K, Henning K, Pfeffer M, Starke A, et al. Uptake and fecal excretion of *Coxiella burnetii* by *Ixodes ricinus* and *Dermacentor marginatus* ticks. Parasite Vectors. 2020 Feb 14;13(1):75. Doi: 10.1186/s13071-020-3956-z.

37. Řeháček J, Kaaserer B, Úrvölgyi J, Lukácová M, Kovácová E, Kocianová E. (1994). Isolation of *Coxiella burnetii* and of an unknown rickettsial organism from *Ixodes ricinus* ticks collected in Austria. European Journal of Epidemiology, Volume 10, Issue 6, Pages 719–723. Doi: 10.1007/BF01719288.

38. Fanelli A., Buonavoglia D. (2021). Risk of Crimean Congo haemorrhagic fever virus (CCHFV) introduction and spread in CCHF-free countries in southern and Western Europe: A semi-quantitative risk assessment. One health, Volume 13, Pages 100290. Doi: org/10.1016/j.onehlt.2021.100290

39. Stanek G, Strle F. Lyme borreliosis – from tick bite to diagnosis and treatment. FEMS Microbiology Reviews 2018;42(3):233–258. Doi: 10.1093/femsre/fux047.

40. Kache PA, Bron GM, Zapata-Ramirez S, Tsao JI, Bartholomay LC, Paskewitz SM, et al. Evaluating spatial and temporal patterns of tick exposure in the United States using community science data submitted through a smartphone application. *Ticks Tick Borne Dis*. 2023;14(4):102163. Doi: 10.1016/j.ttbdis.2023.102163.

41. Rubel F, Brugger K. Maps of ticks (Acari: Argasidae, Ixodidae) for Austria and South Tyrol, Italy. Exp Appl Acarol. 2022;86(2):211-33. Doi: 10.1007/s10493-022-00688-w.

42. Vogelgesang J. R., Walter M., Kahl O., Rubel F., Brugger K. (2020). Long-term monitoring of the seasonal density of questing ixodid ticks in Vienna (Austria): setup and first results. Exp. Appl. Acarol., Volume 81, Issue 3, Pages 409-420. Doi: 10.1007/s10493-020-00511-4

43. Medlock JM, Hansford KM, Bormane A, Derdakova M, Estrada-Peña A, George J-C, et al. (2013). Driving forces for changes in geographical distribution of *Ixodes ricinus* ticks in Europe. Parasit Vectors, 2; 6:1. Doi: 10.1186/1756-3305-6-1.

44. European Centre for Disease Prevention and Control. VectorNet: European network for medical and veterinary entomology [Internet]. Stockholm: ECDC; 2024 [zitiert am 13.08.2025]. Verfügbar unter: https://www.ecdc.europa.eu/en/about-us/partnerships-and-networks/disease-and-laboratory-networks/vector-net

45. European Centre for Disease Prevention and Control; European Food Safety Authority. Field sampling methods for mosquitoes, sandflies, biting midges and ticks – VectorNet project 2014–2018. Stockholm and Parma: ECDC and EFSA; 2018. Report No.: TQ-02-18-863-EN-N. ISBN: 978-92-9498-251-3. Doi: 10.2900/416333.

46. Zhao G-P., Wang Y-X., Fan Z-W., Ji Y., Liu M-j., Zhang W-H., Li X-L., Zhou S-X., Li H., Liang S., Liu W., Yang Y., Fang L-Q. (2021). Mapping ticks and tick-borne pathogens in China. Nat. Commun. 12, 1075. Doi: 10.1038/s41467-021-21375-1.

Abbildungsquellen:

1. Loup BT (2021): Castor Bean Tick (*Ixodes ricinus*), iNaturalist, verfügbar unter: https://www.inaturalist.org/photos/140164229, Lizenz: CC BY 3.0.
2. Kelly JD (1977): *Ixodes holocyclus* capitulum, Canine Parasitology, Veterinary Review No. 17, The Post-Graduate Foundation in Veterinary Science, University of Sydney, Lizenz: CC BY 4.0.
3. Pixabay, Erik Karits (2020): Tick image, verfügbar unter: https://pixabay.com/photos/tick-acarus-bloodsucker-5888919/. Lizenz: CC0 / Pixabay License.

9. Abbildungs- und Tabellenverzeichnis

Abbildung 1: Äußere Anatomie der Zecke 4

Abbildung 2: Schemata zur systematischen Literaturrecherche und -verwaltung 23

Abbildung 3: Schematischer Aufbau der Zecken-Datenbank mit Unterteilung in Kategorien ... 24

Abbildung 4: Reference Network – Visualisierung des Co-Zitations-Netzwerks der analysierten Referenzen zur Zeckenforschung in Österreich 30

Abbildung 5: Anzahl und Verteilung der Zeckensammlungsorte in den Bundesländern Österreichs 31

Abbildung 6: Anzahl gesammelter Zecken pro Jahr 1957 - 2023 32

Abbildung 7: Vergleich der Sammlungsmethoden nach gesammelter Zeckenzahl 33

Abbildung 8: Verteilung der Zeckenarten in Österreich inklusive *Ixodes ricinus* 34

Abbildung 9: Verteilung der Zeckenarten in Österreich exklusive *Ixodes ricinus* 35

Abbildung 10: Tick sampling locations in Austria 36

Abbildung 11: Sampling locations of *Ixodes ricinus* in Austria 37

Abbildung 12: Sampling locations of *Dermacentor* species in Austria 39

Abbildung 13: Sampling locations of *Haemaphysalis* species in Austria 40

Abbildung 14: Sampling locations of *Hyalomma* species in Austria 41

Abbildung 15: Sampling locations of other tick species in Austria 43

Abbildung 16: Distribution of *Anaplasma phagocytphilum* positive ticks in Austria 44

Abbildung 17: Distribution of *Ca.* Neoehrlichia mikurensis positive ticks in Austria 46

Abbildung 18: Distribution of *Babesia* spp. positive ticks in Austria 47

Abbildung 19: Distribution of *Babesia* species in positive tick samples (1)..... 49

Abbildung 20: Distribution of *Babesia* species in positive tick samples (2)..... 49

Abbildung 21: Distribution of *Borrelia* spp. positive ticks in Austria 51

Abbildung 22: Distribution of *Borrelia* species in positive tick samples (1) 52

Abbildung 23: Distribution of *Borrelia* species in positive tick samples (2) 53

Abbildung 24: Distribution of *Borrelia* species in positive tick samples (3) 53

Abbildung 25: Distribution of *Rickettsia* spp. positive ticks in Austria..... 54

Abbildung 26: Distribution of *Rickettsia* species in positive tick samples (1) 56

Abbildung 27: Distribution of *Rickettsia* species in positive tick samples (2) 56

Abbildung 28: Distribution of *Rickettsia* species in positive tick samples (3) 57

Abbildung 29: Distribution of TBEV positive ticks in Austria..... 58

Abbildung 30: Distribution of *Bartonella* spp. positive ticks in Austria 60

Abbildung 31: Distribution of other pathogens in positive tick samples 62

Tabelle 1: Repräsentativpunkte auf Bundeslandebene..... 26

Tabelle 2: Repräsentativpunkte auf Bezirksebene 26

Tabelle 3: Repräsentativpunkte von Tiroler Tälern..... 27

10. Anhang

Vollständige Liste der 67 inkludierten Studien

Radda, A. C., Hofmann, H., Kozuch, O., Kunz, C., Nosek, J., & Zukrigl, K. (1969). Ein Naturherd des Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus bei Sankt Florian. Naturkundliches Jahrbuch der Stadt Linz, 15, 185–196.

Müller, A. (2010). Detection of pathogenic *Bartonella* species in Austrian *Ixodes ricinus* ticks (Diplomarbeit, Universität Wien).

Bagó, Z., Bauder, B., Kolodziejek, J., Nowotny, N., & Weissenböck, H. (2002). Tickborne encephalitis in a mouflon (Ovis ammon musimon). The Veterinary Record, Volume 150, Issue 7, Pages 218 – 220.

Blaschitz M., Narodoslavsky-Gföller M., Kanzler M., Walochnik J., Stanek G. (2008). *Borrelia burgdorferi* sensu lato genospecies in questing *Ixodes ricinus* ticks in Austria. International Journal of Medical Microbiology, Volume 298, Supplement 1, Pages 168-176.

Blaschitz, M., Narodoslavsky-Gföller, M., Kanzler, M., Walochnik, J., Stanek, G. (2008b). First Detection of *Rickettsia helvetica* in *Ixodes ricinus* Ticks in Austria. Vector-borne and zoonotic diseases, Volume 8, Number 4.

Blaschitz, M., Narodoslavsky-Gföller, M., Kanzler, M., Stanek, G., Walochnik, J. (2008a). *Babesia* Species Occurring in Austrian *Ixodes ricinus* Ticks. Applied and Environmental Microbiology, Volume 74, Number 15, Pages 4841 - 4846.

Burger, I., Radda, A., Wewalka, G., Stanek, G. (1985). Untersuchungen zur Ökologie von *Borrelia burgdorferi*. Mitteilungen der Österreichischen Gesellschaft für Tropenmedizin und Parasitologie, Volume 7, Pages 51 - 54.

Casati, S., Bernasconi, M.V., Gern, L., Piffaretti, J.-C. (2008). Assessment of intraspecific mtDNA variability of European *Ixodes ricinus* sensu stricto (Acari: Ixodidae). Infection, Genetics and Evolution, Volume 8, Pages 152 -158.

Černý, V. (1971). About two species of ixodo ticks (Acarina, Ixodoidea), recently found in Austria. Folia Parasitologica (Praha), 18, 160.

Chitimia-Dobler, L., Rieß, R., Kahl, O., Wölfel, S., Dobler, G., Nava, S., Estrada-Peña, A. (2018). *Ixodes inopinatus* − Occurring also outside the Mediterranean region. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 9, Issue 2, Pages 196 - 200.

Derdáková, M., Václav, R., Pangrácova-Blaňárová, L., Selyemová, D., Koči, J., Walder, G., & Špitalská, E. (2014). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis and its co-circulation with *Anaplasma phagocytophilum* in *Ixodes ricinus* ticks across ecologically different habitats of Central Europe. Parasites & Vectors, Volume 7, Issue 1, Article Nr. 160.

Dirks, E., de Heus, P., Joachim, A., Cavalleri, J.-M.V., Schwendenwein, I., Melchert, M., Fuehrer, H.-P. (2021). First Case of Autochthonous Equine Theileriosis in Austria. Pathogens, Volume 10, Issue 3, Pages 1 - 10.

Dobler, G., Essbauer, S., Terzioglu, R., Thomas, A., Wölfel, R. (2008). Prevalence of tick-borne encephalitis virus and *rickettsiae* in ticks of the district Burgenland, Austria. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 120, Issue 4, Pages 45-48.

Duscher, G. G., Feiler, A., Leschnik, M., Joachim, A. (2013). Seasonal and spatial distribution of ixodid tick species feeding on naturally infested dogs from Eastern Austria and the influence of acaricides/repellents on these parameters. Parasit. Vectors, 6, 76.

Duscher G.G., Hodžić A., Weiler M., Vaux A.G.C., Rudolf I., Sixl W., Medlock J.M., Versteirt V., Hubálek Z. (2016). First report of *Rickettsia raoultii* in field collected *Dermacentor reticulatus* ticks from Austria. Ticks Tick Borne Disease, Volume 7, Issue 5, Pages 720-722.

Duscher, G. G., Hodžić, A., Hufnagl P., Wille-Piazzai, W., Schötta, A.-M., Markowicz, M. A., Estrada-Peña, A., Stanek, G., Allerberger, F. (2018). Adult *Hyalomma marginatum* tick positive for *Rickettsia aeschlimannii* in Austria. Euro Surveill., Volume 23, Issue 48, Article Nr. 1800595.

Duscher, G.G.; Kienberger,S.; Haslinger, K.; Holzer, B.;Zimpernik, I.; Fuchs, R.; Schwarz, M.;Hufnagl, P.; Schiefer, P.; Schmoll, F. (2022). *Hyalomma* spp. in Austria—The Tick,the Climate, the Diseases and the Risk for Humans and Animals. Microorganisms, Volume 10, Issue 9, Article Nr. 1761.

Fuehrer H.-P., Biro N., Harl J., Worliczek H.L., Beiglböck C., Farkas R., Joachim A., Duscher G.G. (2013). Molecular detection of *Theileria* sp. ZS TO4 in red deer (Cervus elaphus) and questing *Haemaphysalis concinna* ticks in Eastern Austria. Veterinary Parasitology, Volume 197, Issues 3–4, Pages 653-657.

Glatz, M., Muellegger, R.R., Hizo-Teufel, C., Fingerle, V. (2014). Low prevalence of *Borrelia bavariensis* in *Ixodes ricinus* ticks in southeastern Austria. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 5, Issue 6, Pages 649 – 650.

Glatz M., Müllegger R., Maurer F., Fingerle V., Achermann Y., Wilske B., Bloemberg G. (2014). Detection of *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis, *Borrelia burgdorferi* sensu lato genospecies and *Anaplasma phagocytophilum* in a tick population from Austria. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 5, Issue 2, March 2014, Pages 139-144.

Glatz, M., Means, T., Haas, J., Steere, A.C., Müllegger, R.R. (2017). Characterization of the early local immune response to *Ixodes ricinus* tick bites in human skin. Experimental Dermatology, Volume 26, Issue 3, Pages 263 - 269.

Hodžić, A., Zörer, J., Duscher, G. G. (2017). *Dermacentor reticulatus*, a putative vector of *Babesia cf. microti* (syn. *Theileria annae*) piroplasm. Parasitology Research, Volume 116, Issue 3, Pages 1075 -1077.

Hodžić, A., Veinović, G., Alić, A., Seki, D., Kunert, M., Nikolov, G., Sukara, R., Šupić, J., Tomanović, S., and Berry, D. (2024). A metalloprotease secreted by an environmentally acquired gut bacterium hinders *Borrelia afzelii* colonization in *Ixodes ricinus*. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, Volume 14, Article Number 1476266.

Hölzel, E. (1958). Die Hafner- und die Hundhöhle am Rabenberg in den Karawanken und die Kurathöhle in der Sattnitz mit ihren tierischen Bewohnern. Carinthia 2, Volume 148, Issue 68, Pages 24 – 45.

Hornok, S., Sándor, A. D., Beck, R., Farkas, R., Beati, L., Kontschán, J., Takács, N., Földvári, G., Silaghi, C., Meyer-Kayser, E., Hodžić, A., Tomanović, S., Abdullah, S., Wall, R., Estrada-Peña, A., Duscher, G. G., & Plantard, O. (2017). Contributions to the phylogeny of *Ixodes* (Pholeoixodes) *canisuga*, *I.* (Ph.) *kaiseri*, *I.* (Ph.) *hexagonus* and a simple pictorial key for the identification of their females. Parasites & Vectors, 10, 545.

Hubalek, Z., W. Sixl, J. Halouzka, and M. Mikulaskova. (1998). Prevalence of *Francisella tularensis* in *Dermacentor reticulatus* ticks collected in adjacent areas of the Czech and Austrian Republics. Cent. Eur. J. Public Health, Volume 5, Issue 4, Pages 199-201.

Hubálek, Z., Sixl, W., & Halouzka, J. (1998a). *Francisella tularensis* in *Dermacentor reticulatus* ticks from the Czech Republic and Austria. Wiener Klinische Wochenschrift, 110(24), 909–910.

Hubálek, Z., Stünzner, D., Halouzka, J., Sixl, W., Wendelin, I., Juricová, Z., Osée Sanogo, Y. (2003). Prevalence of *borreliae* in ixodid ticks from a floodplain forest ecosystem. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 115, Issue 3-4, Pages 121 - 124.

Kofler, A. (2006). Die Schafzecke und Auzecke in Osttirol (in German). Osttiroler Heimatblätter, Volume 74, Nr. 3-4, Pages 2-2.

Krištofík, J., Mašán, P., Šustek, Z. (2007). Arthropods (Pseudoscorpionidea, Acarina, Coleoptera, Siphonaptera) in nests of the bearded tit (Panurus biarmicus). Biologia - Section Botany, Volume 62, Issue 6, Pages 749 - 755.

Kunz, C., Frisch, W., Radda, A., & Pretzmann, G. (1967). Follow-up studies of tick-borne encephalitis: Ecological, epidemiological, and experimental laboratory studies (Final Technical Report). European Research Office, Contract Number 91-591-EUC-4031.

Kunz, C., Aspoeck, H., Frisch-Niggemeyer, W., Hofmann, H., Radda, A. (1972). Studies on tick-borne Encephalitis and other arthropod-borne virus diseases. European Research Office, Contract Number DAJA37-71-C-3718, Pages 87.

Leschnik M.W., Khanakah G., Duscher G., Wille-Piazzai W., Hörweg C., Joachim A., Stanek G. (2012). Species, developmental stage and infection withmicrobial pathogens of engorged ticks removed fromdogs and questing ticks. Medical and Veterinary Entomology, Volume 26, Issue 4, Pages 440–446.

Leschnik, M.W., Feiler, A., Duscher, G.G., Joachim, A. (2013). Effect of owner-controlled acaricidal treatment on tick infestation and immune response to tick-borne pathogens in naturally infested dogs from Eastern Austria. Parasites and Vectors, Volume 6, Issue 1, Nr. 62.

Mahnert, V. (1971). Parasitologische Untersuchungen an alpinen Kleinsäugern: Ixodoidea (Acari). Mitteilungen der Schweizerischen Entomologischen Gesellschaft, 44(3–4), [3–4].

Müller, A., Reiter; M., Schötta, A.M., Stockinger, H., Stanek, G. (2016). Detection of *Bartonella* spp. in *Ixodes ricinus* ticks and *Bartonella* seroprevalence in human populations. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 7, Issue 5, Pages 763 - 767.

Norte, A. C., Boyer, P. H., Castillo-Ramirez, S., Chvostáč, M., Brahami, M. O., Rollins, R. E., Woudenberg, T., Didyk, Y. M., Derdakova, M., Núncio, M. S., de Carvalho, I. L., Margos, G., & Fingerle, V. (2021). The population structure of *Borrelia lusitaniae* is reflected by a population division of its *Ixodes* vector. Microorganisms, 9(5), 933.

Nowotny, N., Mandola, M. L., Monne, I., Bagó, Z., Nogarol, C., Fusaro, A., Dimmel, K., Moroni, B., Guardone, L., Kolodziejek, J., Palumbo, E., Stanclova, G., Steinrigl, A., Fidler, G., Bertasio, C., Bertoletti, I., Bianchi, A., Calzolari, M., Prati, P., Moreno, A. (2025). Neurotropic Tick-Borne Flavivirus in Alpine Chamois (Rupicapra rupicapra rupicapra), Austria, 2017, Italy, 2023. Viruses, Volume 17, Issue 1, Page 122.

Schulze, P. (1932). Die Zecken als Vogelparasiten. Journal: Journal für Ornithologie: 80_1932, 318-329.

Pavuza, R., F. Volkmann, and E. Keck. (2018). Burgenland unterirdisch – Nachträge (2008-2018) zu den Burgenland - Höhlenbüchern. SPELDOK-27, 45pp.

Pierer, K., Stunzner, D., Livey, I., Gibbs, C.P., Kessler, H.H., Marth, E. (1996). Investigation of tick-derived Lyme disease Borrelia strains isolated in Styria, Austria. Acta Dermatovenerologica Alpina, Panonica et Adriatica, Volume 5, Issue 3-4, Pages 93 - 96.

Polin, H., Hufnagl, P., Haunschmid, R., Gruber, F., Ladurner, G. (2004). Molecular Evidence of *Anaplasma phagocytophilum* in *Ixodes ricinus* Ticks and Wild Animals in Austria. Journal of Clinical Microbiology, Volume 42, Issue 5, Pages 2285 - 2286.

Probst, J., Springer, A., Strube, C. (2023). Year-round tick exposure of dogs and cats in Germany and Austria: results from a tick collection study. Parasites Vectors, Volume 16, Issue 1.

Radda, A., Burger, I., Stanek, G., Wewalka, G. (1986). Austrian hard ticks as vectors of *Borrelia burgdorferi*, overview. Zentralblatt fur Bakteriologie Mikrobiologie und Hygiene - Abt. 1 Orig. A, Volume 263, Issue 1 - 2, Pages 79 - 82.

Radda, A. (1968). Populationsstudien an Rötelmäusen (Clethrionomys glareolus Schreber, 1780) durch Markierungsfang in Niederösterreich. Oecologia, Volume 1, Issue 3, Pages 219 - 235.

Radda, A. (1988). Ein Naturherd des Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus in Tirol [A focus of the tick-borne encephalitis virus in Tyrol]. Zentralblatt für Bakteriologie, Mikrobiologie und Hygiene, Series A, 267(6), Pages 570 – 575.

Řeháček, J., Kocianova, E., Lukacova, M., Stanek, G., Khanakah, G., Vyrostekova, V., Valkova, D. (1997). Detection of spotted fever group (SFG) *rickettsia* in *Ixodes ricinus* ticks in Austria. Acta Virologica, Volume 41, Issue 6, Pages 355 - 356.

Řeháček, J., Kaaserer, B., Úrvölgyi, J., Lukácová, M., Kovácová, E., Kocianová, E. (1994). Isolation of *Coxiella burnetii* and of an unknown rickettsial organism from *Ixodes ricinus* ticks collected in Austria. European Journal of Epidemiology, Volume 10, Issue 6, Pages 719–723.

Reiter, M., Schötta, A.-M., Müller, A., Stockinger, H., Stanek, G. (2015). A newly established real-time PCR for detection of *Borrelia miyamotoi* in *Ixodes ricinus* ticks. Ticks and Tick-borne Diseases, Volume 6, Issue 3, Pages 303 - 308.

Rubel, F. (2024). Range of *Ixodes laguri*, a nidicolous tick that parasitizes critically endangered rodents, with details on its western distribution limit in Austria. Ticks and Tick-borne Diseases
Volume 15, Issue 4, Article Nr. 102341.

Schötta, A.-M., Wijnveld, M., Höss, D., Stanek, G., Stockinger, H., Markowicz, M. (2020). Identification and characterization of "*candidatus* rickettsia thierseensis", a novel spotted fever group *rickettsia* species detected in Austria. Microorganisms Volume 8, Issue 11, Pages 1 - 10.

Schötta, A.-M., Stelzer, T., Stanek, G., Stockinger, H., Wijnveld, M. (2023). Bacteria and protozoa with pathogenic potential in *Ixodes ricinus* ticks in Viennese recreational areas. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 135, Issue 7-8, Pages 177 - 184.

Schötta A-M, Wijnveld M, Stockinger H, Stanek G. (2017). Approaches for reverse line blot-based detection of microbial pathogens in *Ixodes ricinus* ticks collected in Austria and impact of the chosen method. Appl Environ Microbiol, Volume 83, Issue 13, Article Nr. e00489-17.

Sixl, W. (1975). Zur Verbreitung von *Ixodes ricinus* in der Steiermark und die Beziehung zur Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME): Eine epidemiologische Studie zur FSME (Arach., Acari, Ixodidae). Mitteilungen der Abteilung für Zoologie, Landesmuseum Joanneum, 4(1), Pages 21 – 30.

Sixl, W. (1975). Zum Problem der verwilderten Stadttaube (Aves, Columbiformes, Columbidae). Mitt. Abt. Zool. Landesmus. Joanneum, 4(1), 87–97.

Sonnberger, B.W., Wortha, L.N., Rackl, D., Obwaller, A.G., Joachim, A., Fuehrer, H.-P. (2022). Vector Surveillance and Pathogen Detection in the Working Areas of Military Working Dogs in Eastern Austria. Pathogens, Volume 11, Issue 5.

Sonnleitner, S. T., Margos, G., Wex, F., Simeoni, J., Zelger, R., Schmutzhard, E., Lass-Flörl, C., Walder, G. (2015). Human seroprevalence against *Borrelia burgdorferi* sensu lato in two comparable regions of the eastern Alps is not correlated to vector infection rates. Ticks and Tick-Borne Diseases, Volume 6, Issue 3, Pages 221-227.

Sonnleitner, S. T., Simeoni, J., Lang, S., Dobler, G., Speck, S., Zelger, R., Schennach, H., Lass-Flörl, C., & Walder, G. (2013). Spotted fever group - *rickettsiae* in the Tyrols: Evidence by seroepidemiology and PCR. Zoonoses and Public Health, Volume 60, Issue 4, Pages 284 - 290.

Stünzner, D., Hubálek, Z., Halouzka, J., Wendelin, I., Sixl, W., Marth, E. (2006). Prevalence of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in the tick *Ixodes ricinus* in the Styrian mountains of Austria. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 118, Issue 21-22, Pages 682 - 685.

Stünzner, D., Pierer, K., Hubalek, Z., Halouzka, J., Aberer, E., Millner, M.M., Marth, E. (1999). Species identification of *Borrelia burgdorferi* sensu lato from tick and human isolates in Styria (Austria) by PCR-RFLP analysis. Wiener Klinische Wochenschrift, Volume 111, Issue 22 - 23, Pages 994 - 996.

Stünzner, D., Hubalek, Z., Halouzka, J., Postic, D., Pierer, K., Marth, E. (1998). Prevalence of *Borrelia burgdorferi s.l.* in *Ixodes ricinus* ticks from Styria (Austria) and species identification by PCR-RFLP analysis. Zentralblatt für Bakteriologie, Volume 288. Issue 4, Pages 471 - 478.

Thaler, K. (2003). Fragmenta Faunistica Tirolensia - XV (Arachnida: Araneae, Acari [Ixodida]; Diplopoda; Insecta: Archaeognatha, Zygentoma, Blattariae). Ber. nat.-med. Verein Innsbruck, 90, 151- 163.

Visser, M., C. Messner, and S. Rehbein. (2011). Massive Infestation with fur mites (Lynxacarus mustelae) of a stone marten (Martes foina) from Tyrol. Wien. Klin. Wochenschr., 123 (Suppl. 1), Pages 36-42.

Vogelgesang, J. R., Walter, M., Kahl, O., Rubel, F., Brugger, K. (2020). Long-term monitoring of the seasonal density of questing ixodid ticks in Vienna (Austria): setup and first results. Exp. Appl. Acarol., Volume 81, Issue 3, Pages 409-420.

Weiler M., Duscher G.G., Wetscher M., Walochnik J. (2017). Tick abundance: a one-year study on the impact of flood
events along the banks of the river Danube, Austria. Experimental and Applied Acarology, Volume 71, Issue 2, Pages 151–157.

Wijnveld, M., Schötta, A.-M., Pintér, A., Stockinger, H., Stanek, G. (2016). Novel *Rickettsia raoultii* strain isolated and propagated from Austrian *Dermacentor reticulatus* ticks. Parasites and Vectors, Volume 9, Issue 1, Pages 1 - 7.

Wijnveld, M., Schötta, A.-M., Stelzer. T., Duscher, G., Leschnik, M., Stockinger, H., Lindgren, P.-E., Stanek, G. (2021). Novel Protozoans in Austria Revealed through the Use of Dogs as Sentinels for Ticks and Tick-Borne Pathogens.

Danksagung

Die vorliegende Arbeit wurde im Rahmen des Projekts ATIV-BioDat: Establishment of Connecting Infrastructure for National and International Biodiversity Databases between Austrian Research Institutions durchgeführt.

Mein besonderer Dank gilt meinem Betreuer Hans-Peter Fuehrer für die hervorragende Betreuung, seine fachliche Unterstützung und die wertvollen Anregungen, die maßgeblich zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben. Ebenso möchte ich mich herzlich bei meiner Co-Betreuerin Aline Lamien-Meda für die kontinuierliche Begleitung, die hilfreichen Rückmeldungen und ihre große Unterstützung während des gesamten Projekts bedanken.

Ein weiterer Dank gilt insbesondere meiner Familie und meinen Freunden – für ihre Geduld, Motivation und vor allem für die emotionale Unterstützung während herausfordernder familiärer Zeiten. Ohne ihren Rückhalt und Zuspruch wäre diese Arbeit in dieser Form nicht möglich gewesen.