Department of Infectious Diseases and Pathobiology, Institut für Parasitologie
Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Schweiz

Mutterkühe und umgesiedelte Wisente auf geteiltem Weideland:

Eine parasitologische Lagebeurteilung des Projekts Wisent Thal

Masterthesis

Tobias Heiri

genehmigt auf Antrag von

Prof. Dr. med. vet. Caroline Frey, Dipl. EVPC
Dr. phil. II Darius Weber, dipl. Biologe

29. Oktober 2024

ACCREDITED BY EAEVE/FVE
Universität Bern | Universität Zürich
vetsuisse-fakultät

Inhaltsverzeichnis

1 Zusammenfassung 5

2 Summary 6

3 Einleitung 7

4 Material und Methoden 9

4.1 Studienpopulation 9

4.1.1 Wisentherde 9

4.1.2 Mutterkuhherde 9

4.1.3 Studiengebiet 10

4.2 Probenahme 11

4.3 Untersuchungsmethoden 11

4.3.1 Sedimentation 11

4.3.1.1 Prinzip 11

4.3.1.2 Material 11

4.3.1.3 Durchführung 12

4.3.2 Kombinierte Sedimentation-Flotation 12

4.3.2.1 Prinzip 12

4.3.2.2 Material 12

4.3.2.3 Durchführung 12

4.3.3 Baermann-Trichter-Verfahren 13

4.3.3.1 Prinzip 13

4.3.3.2 Material 13

4.3.3.3 Durchführung 13

4.3.4 Modifiziertes McMaster-Zählverfahren 14

4.3.4.1 Prinzip 14

4.3.4.2 Material 14

4.3.4.3 Durchführung 14

4.3.5 FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip 14

4.3.5.1 Prinzip 14

4.3.5.2 Material 15

4.3.5.3 Durchführung 15

4.3.6 SAFC-Verfahren 15

4.3.6.1 Prinzip 15

4.3.6.2 Material 15

4.3.6.3 Durchführung 16
4.3.7 Ziehl-Neelsen 16
4.3.7.1 Prinzip 16
4.3.7.2 Material 16
4.3.7.3 Durchführung 16
4.4 Datenanalyse 17

5 Ergebnisse 18
5.1 Übersicht nachgewiesene Parasiten 18
5.2 Nematoden 19
5.3 Trematoden 19
5.4 Cestoden 20
5.5 Protozoen 20
5.6 Magen-Darm-Strongyliden Eier pro Gramm Kot im Jahresverlauf 21

6 Diskussion 23
6.1 Parasitenfauna 23
6.1.1 Nematoden 23
6.1.1.1 *Strongyloides* spp. 23
6.1.1.2 Magen-Darm-Strongyliden (MDS) 24
6.1.1.3 *Trichuris* spp. 25
6.1.2 Trematoden 26
6.1.2.1 Paramphistomidae 26
6.1.2.2 Dicrocoelium dendriticum 26
6.1.3 Cestoden 27
6.1.4 Protozoen 28
6.2 Analyse der quantitativen Untersuchung von MDS-Eiern über den Jahresverlauf 29
6.3 Limitationen 30
6.4 Fazit und Ausblick 30

7 Referenzen 31

8 Danksagung 35

9 Annex **36**
9.1 Aufnahmen Parasiten 36
9.2 Resultate Beprobungen 38
9.2.1 Wisentherde 38
9.2.2 Rinderherde 40
9.2.3 McMaster 42
9.3 R-Skript 43

1 Zusammenfassung

Im Zuge der steigenden Anzahl von Umsiedlungs- und Auswilderungsprojekten von Wisenten in Europa ist die Untersuchung potenzieller Gesundheitsrisiken für den langfristigen Erfolg dieser Programme entscheidend. Fundierte parasitologische Analysen können dabei eine zentrale Rolle für das Gesundheitsmonitoring dieser Herden einnehmen. Die folgende Masterarbeit untersuchte die Parasitenfauna einer neu nach Welschenrohr, Solothurn, umgesiedelten Wisentherde sowie die Parasitenfauna der unmittelbar benachbarten Mutterkuhherde. Ziel der Studie war der Vergleich der Parasitenfaunen und die Einschätzung des Risikos von Parasitenübertragungen zwischen den beiden Herden. Der erstmalige Ansatz der parallelen Untersuchung einer Wisent- und Rinderherde mit gemeinsam genutzten Weideflächen ermöglichte die direkte Gegenüberstellung und Interpretation der Resultate auf lokaler Ebene. Vom April 2023 bis in den März 2024 wurden monatlich Kotproben aus beiden Herden analysiert. Mittels Sedimentation, kombinierter Sedimentation-Flotation, Bärmann-Trichter-Verfahren, McMaster-Zählverfahren, Antigen-Schnelltests und weiterer koprologischer Untersuchungsverfahren konnten total acht Helminthentaxa und vier Protozoengattungen identifiziert werden. Die Wisentherde wies dabei signifikant mehr positive Proben für *Trichuris* spp. und *Moniezia* spp. auf. Bei der Mutterkuhherde wurde signifikant häufiger ein Befall mit *Paramphistomidae* und der Protozoengattung *Cryptosporidium* spp. festgestellt. Sowohl die Rinder-, als auch die Wisentherde zeigten häufigen Befall mit Magen-Darm-Strongyliden, wobei die quantitative Analyse der Eiausscheidung zehnfach höhere Werte in der Wisentherde ergab. Die Eiausscheidung der Wisentherde folgte dabei einem saisonalen Verlauf. Die Beurteilung des Transmissionsrisikos wurde durch limitierende Faktoren, wie fehlende Artbestimmung gewisser Parasiten, eingeschränkt. Eine starke Überlappung der beiden Parasitenfaunen konnte durch die gemachten Untersuchungen und durchgeführter Literaturrecherche dennoch aufgezeigt werden. Weitere Untersuchungen sollten durchgeführt werden, um die Entwicklung der parasitologischen Situation der beiden Herden über einen längeren Zeitraum zu dokumentieren. Für ein tieferes Verständnis der Dynamik des Parasitenbefalls von in ein natürliches Habitat umgesiedelten Wisenten sind weitere parasitologische Abklärungen angezeigt.

2 Summary

With the increasing number of European bison translocation and reintroduction projects in Europe, investigating potential health risks is crucial to the long-term success of these programmes. Well-founded parasitological analyses can play a central role in monitoring the health of these herds. The following master's thesis examined the parasite fauna of a newly relocated European bison herd to Welschenrohr, Solothurn, as well as the parasite fauna of the immediately neighbouring suckler cow herd. The aim of the study was to compare the parasite faunas and to assess the risk of parasite transmission between the two herds. The first-time approach of studying a European bison and suckler cow herd in parallel with shared grazing areas made it possible to directly compare and interpret the results at a local level. From April 2023 to March 2024, faecal samples from both herds were analysed monthly. A total of eight helminth taxa and four protozoan genera were identified using sedimentation, combined sedimentation-flotation, the Baermann funnel method, McMaster counting methods, rapid antigen tests and other coprological examination methods. The European bison herd had significantly more positive samples for *Trichuris* spp. and *Moniezia* spp. The suckler cow herd was found to be significantly more frequently infected with Paramphistomidae and the protozoan genus *Cryptosporidium* spp. Both the suckler cow and the European bison herd showed frequent infection with gastrointestinal strongyles, whereby the analysis of faecal egg count revealed tenfold higher values in the European bison herd. The faecal egg counts of the European bison herd followed thereby a seasonal pattern. The assessment of the transmission risk was restricted by limiting factors such as the lack of species identification of certain parasites. Nevertheless, a strong overlap of the two parasite faunas could be demonstrated by the investigations carried out and the literature research conducted. Further investigations should be carried out to document the development of the parasitological situation of the two herds over a longer period of time. Further parasitological investigations are also indicated for a deeper understanding of the dynamics of parasite infection in European bison that have been recently relocated to a natural habitat.

3 Einleitung

Vor hundert Jahren sah es für das Überleben des auch heute fast vergessenen europäischen Verwandten des amerikanischen Bisons (*Bison bison*), dem Wisent (*Bison bonasus*), düster aus. Nachdem die Wisentpopulation jahrhundertelang durch Bejagung und Verlust von Lebensraum immer stärker dezimiert wurde, gab es zu Beginn des ersten Weltkriegs 1914 noch 727 Flachlandwisente (*Bison bonasus bonasus*) in freier Wildbahn. Der illegale Abschuss (Wilderei) dieser, lange Zeit unter dem Schutz der Zaren gestandenen, letzten Wisentpopulation im Białowieza Forest in Polen führte 1919 zum Aussterben der Flachlandwisente in freier Wildbahn. 1927 ereilte den im Kaukasus lebenden Bergwisent (*Bison bonasus caucasicus*) dasselbe Schicksal. Einzig die Haltung von Wisenten in Zoos rettete den Wisent (auch europäischer Bison genannt) vor dem kompletten Aussterben (Krasińska and Krasiński, 2013). Durch Zucht- und Auswilderungsprogramme in diversen Ländern, allen voran Polen, konnte der Wisentbestand in den letzten hundert Jahren von zwölf Gründertieren auf wieder über 9500 Tiere erhöht werden (Raczynski and Bolbot, 2023). Mit einer Wildpopulation von über 6200 Individuen gilt der Wisent heute noch als potenziell gefährdet (IUCN, 2020).
Auswilderungsprogramme bergen neben Chancen auch Risiken. Die Verwandtschaft zum Hausrind (*Bos taurus*) und anderen Wildwiederkäuern geht mit hohem Potenzial einher, Krankheiten über die Speziesgrenze hinweg auszutauschen (Gortázar et al., 2007). Mit Blick auf die Auswilderung von Wisenten ist der Aspekt der Übertragung von Parasiten besonders relevant. So kann der schmale genetische Flaschenhals des Wisents zu Immundefiziten führen (Radwan et al., 2010). Ein diesbezüglicher Zusammenhang mit der hohen Empfänglichkeit des Wisents für Parasiten wird intensiv diskutiert (Demiaszkiewicz et al., 2009; Kołodziej-Sobocińska et al., 2018; Krasińska and Krasiński, 2013). Nebst dem Erkrankungspotential für Wisente selbst besteht zudem das Risiko für Krankheitsübertragungen zwischen Nutztieren und Wildtieren (Didkowska et al., 2023; Walker and Morgan, 2014). Miller et al. (2013) gehen davon aus, dass in den Vereinigten Staaten 80% der gemeldeten Nutztierkrankheiten eine potenzielle Wildtierkomponente haben. Diese Ausgangslage ist gerade beim Wisent besonders relevant, da nur vier (*Trypanosoma wrublewskii, Demodex bisonianus, Demodex bialoviensis sp. nov., Bisonicola sedecimdecembrii*) von über 88 beim Wisent bekannten Parasitenspezies ausschliesslich dem Wisent zugeschrieben werden (Izdebska et al., 2022; Karbowiak et al., 2014a). Die absolute Mehrheit der Parasitenspezies ist auch in anderen Wiederkäuern, allen voran dem Hausrind, zu finden (Karbowiak et al., 2014b). Die Einschleppung von *Ashworthius sidemi,* einem pathogenen, blutsaugenden Nematoden (Fadenwurm), nach Tschechien durch umgesiedelte Wisente beweist exemplarisch das Risikopotential der Übertragung von potentiell krank machenden Parasiten in andere Wiederkäuerspezies bei Umsiedlungen und Neuauswilderungen (Vadlejch et al., 2017). Vor diesem Hintergrund ist auf parasitologische Untersuchungen als Teil von Gesundheitsevaluationen bei Umsiedlungsprojekten von Wisenten ein besonderes Augenmerk zu legen (Buchmann et al., 2022; Larska and K. Krzysiak, 2019).

Es wurden bereits diverse parasitologische Studien in etablierten wilden Wisentpopulationen (Demiaszkiewicz et al., 2020, 2012; Krzysiak et al., 2020) durchgeführt. Zudem wurde die Anpassungsfähigkeit des Wisents und dessen Parasitenbürde bei Neuauswilderungen, beispielsweise in Lille Vildmose, Dänemark, bereits untersucht (Herskind et al., 2023). Die parasitologische Fauna des Wisents gilt allgemein als gut erforscht (Karbowiak et al., 2014a).
In der Schweiz gibt es bis anhin keine freilebenden Wisente. Ein Umstand, den der Verein Wisent imThal ändern will. Auf der Sollmatt in Welschenrohr im Solothurner Jura wurde im Herbst 2022 erstmalig eine Wisenttestherde angesiedelt mit dem Ziel, die Tiere in einer letzten Projektphase auszuwildern. Um die Tragbarkeit von freilebenden Wisenten in der Schweiz zu evaluieren, wird das Projekt wissenschaftlich begleitet (Verein Wisent Thal, 2020). Ein Teil der Untersuchungen betrifft die weitere landwirtschaftliche Nutzung der innerhalb des Wisentgeheges liegenden Weideflächen, unter anderem mittels Beweidung

durch die auf der Sollmatt beheimatete Rinderherde. Diese gemeinsame Weidenutzung erhöht das Risiko für den Austausch von Parasiten. Bis zur Umsiedlung auf die Sollmatt in Welschenrohr wurde die Parasitenbürde der Wisenttestherde in den beiden Herkunftsherden routinemässig untersucht und die Tiere bei Bedarf entwurmt. Der parasitologische Status der Schweizer Rinderpopulation ist aufgrund durchgeführter Routinediagnostik ebenfalls bekannt. Trotz dieser soliden Wissensgrundlage bleibt ungewiss, wie sich die Umsiedlung der Wisenttestherde in den Solothurner Jura auf die parasitologische Situation der Wisenttestherde selbst, als auch auf die auf der Sollmatt beheimateten Rinderherde auswirkt.

Ziel dieser Studie war, die Parasitenfauna der auf der Sollmatt lebenden Wisenttestherde mittels Koprologie für ein Jahr monatlich zu erfassen, sowie die Ausscheidung von Magen-Darm-Strongyliden Eiern (MDS-Eiern) über den Jahresverlauf quantitativ zu dokumentieren. Die gewonnen Resultate sollten durch die gleichzeitige Untersuchung der angrenzenden Rinderherde verglichen und weiter interpretiert werden können. Dieser direkt vergleichende Studienansatz für eine regionale Wisent- und Rinderpopulation ist einmalig, vergleichbare Studien fehlen. Aufgrund der nahen Verwandtschaft der beiden Spezies, der Herkunft der Wisente aus Schweizer Haltungen mit parasitologischem Monitoring und vor der Umsiedlung durchgeführten Entwurmungen wurde die Hypothese formuliert, dass sich die koprologisch nachweisbaren Parasitenfaunen nicht unterscheiden sollten. Zentrale Aspekte waren dabei die Risikoevaluation für mögliche Übertragungen von neuen, in einer Herde nicht vorkommenden Parasitengattungen, als auch die Interpretation des quantitativ gemessenen Jahresverlaufs der Ausscheidung von MDS-Eiern. Weiter sollen die erhobenen Befunde als Referenz für zukünftige Studien in der Schweizer Wisentpopulation dienen.

4 Material und Methoden

4.1 Studienpopulation

Die Studienpopulation umfasste die Wisentherde des Vereins Wisent Thal und als Vergleichspopulation die Mutterkuhherde des an das Wisentgehege angrenzenden Biobetriebs (Sollmattstrasse 74, Welschenrohr).

4.1.1 Wisentherde

Zum Start der Probenahmen am 12.04.2023 bestand die Wisentherde aus fünf Tieren, vier adulten und einem Jährling (Tabelle 1). Die Einführung der Wisente (*Bison bonasus*) aus ihren Herkunftshaltungen in das Testgehege fand am 15.09.2022 statt. Vor der Umsiedelung wurden die Tiere regelmässig auf Parasitenbefall untersucht und gegebenenfalls behandelt. Im Zeitraum der Probenahmen wurden zwei weitere Wisentkälber geboren, wodurch sich die Wisentherde bis zum Abschluss der Probenahmen auf sieben Individuen erhöhte (Tabelle 1). Nebst der im Gehege vorhandenen Nahrung wurde die Wisentherde über die Winterperioden mit Heu aus dem angrenzenden Mutterkuhbetrieb zugefüttert. Zur Steuerung der Herde wurde Granovit Browser 3699 (Granovit AG, Kaiseraugst, 2024) als Lockfutter eingesetzt.

Tabelle 1: Wisentherde

Geschlecht	Geburtsdatum	Herkunft	Entwurmungsstatus
Weiblich	27 August 2017	Wildnispark Zürich Langenberg	Fenbendazol, 27.12.2021
Weiblich	17 Juni 2018	Wildnispark Zürich Langenberg	Ivermectin, 24.08.2022
Weiblich	03 Mai 2019	Wildnispark Zürich Langenberg	Ivermectin, 08.09.2022
Männlich	05 Juni 2019	Wildpark Bruderhaus Winterthur	Ivermectin, 24.08.2022
Weiblich	12 Juli 2022	Wildnispark Zürich Langenberg	nie entwurmt
Weiblich	04 Juli 2023	Sollmatt, Welschenrohr	nie entwurmt
Männlich	14 Juli 2023	Sollmatt, Welschenrohr	nie entwurmt

Quelle: Mitteilung Wildnispark Zürich (Kilchenmann, 2024) *und Verein Wisent im Thal*

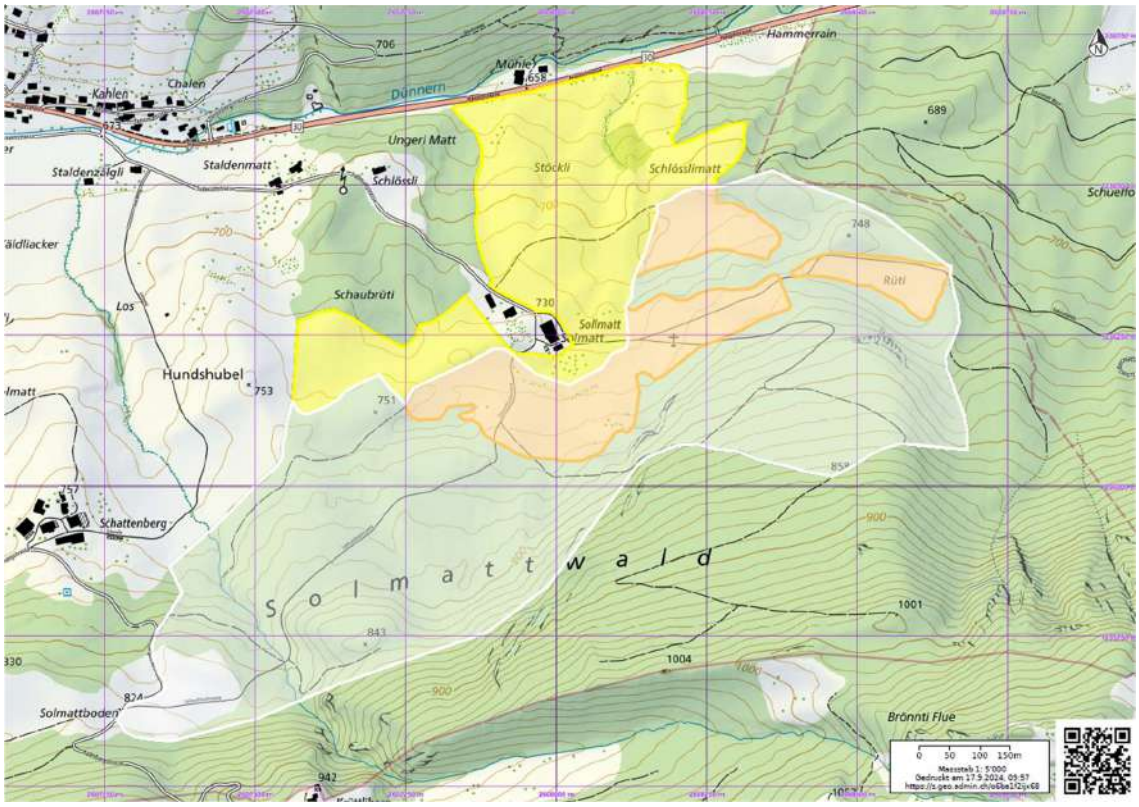
4.1.2 Mutterkuhherde

Die Mutterkuhherde bestand über den Beprobungszeitraum aus einem Bullen und durchschnittlich zwölf Mutterkühen mit Kälbern, insgesamt circa 26 Tiere. Beim Betrieb handelte es sich um einen Biobetrieb mit Weidemast (Abgang mit ca. zwei Jahren) und tendenziell saisonaler Abkalbung (Januar-April). Im Beprobungszeitraum wurden keine Tiere zugekauft. Auf Behandlungen gegen Parasiten wurde sowohl über den Beprobungszeitraum als auch in den Jahren zuvor verzichtet. Die Resultate der Fleischuntersuchung am Schlachthof zeigten regelmässigen Leberegelbefall bei abgelieferten Masttieren. Die Fütterung setzte sich jahreszeitenabhängig aus Weidefläche, betriebseigener Silage und betriebseigenem Heu zusammen. UFA 994 - Mineralfutter (UFA AG, Herzogenbuchsee, 2024) wurde als Ergänzungsfuttermittel eingesetzt (alle Angaben vom Betriebsleiter Benjamin Brunner, Welschenrohr).

4.1.3 Studiengebiet

Das Wisentgehege sowie die Weideflächen der Mutterkuhherde befanden sich auf der Sollmatt (47.276° N, 7.544° O) in Welschenrohr, Solothurn. Das Wisentgehege umfasste eine Fläche von 51 Hektaren mit 10 Hektaren Wiesen- und Weideflächen und 41 Hektaren bewaldeter Fläche (Verein Wisent Thal, 2020). Die gemeinsam genutzten Weideflächen befanden sich innerhalb des fest installierten Wisentzauns und wurden vom 09.06.2023 – 23.06.2023 und vom 07.10.2023 – 25.11.2023 von der Rinderherde beweidet (Abbildung 1). Bei der Nutzung dieser Flächen durch die Mutterkuhherde wurde ein doppelter Viehzaun im Abstand von fünf Metern installiert, um direkten Kontakt zwischen der Wisent- und der Kuhherde zu vermeiden. Der fixe Wisentzaun ist laut Projetbeschrieb des Vereins Wisent im Thal «[…] von Wildtieren bis Reh- und Wildschweingrösse problemlos passierbar» (Verein Wisent Thal, 2020, p. 6). Die im Gehege installierten Fotofallen dokumentierten im Untersuchungszeitraum auch die Präsenz von Rothirschen. Zu den im Studiengebiet vorkommenden Wildtieren gehören neben dem Rothirsch (*Cerfus elaphus*) das Reh (*Capreolus capreolus*), die Gämse (*Rupicapra rupicapra*), das Wildschwein (*Sus scrofa*), sowie der Luchs (*Lynx lynx*) und der Wolf (*Canis lupus*) (Amt für Wald, Jagd und Fischerei Kanton Solothurn, 2024).

Abbildung 1: Karte Wisentgehege und Weideflächen



Gelb = Weideflächen Mutterkühe; Orange = gemeinsam genutzte Weideflächen im Wisentgehege; Weiss = Wisentgehege.
Quelle: Darstellung des Gebiets auf Grundlage der Landeskarte von swisstopo (2024)

4.2 Probenahme

Die Probenahmen fanden monatlich über den Zeitraum vom 12.04.2023 bis zum 23.03.2024 statt. Es wurden jeweils drei Kotproben der Wisentherde sowie drei Vergleichsproben der Mutterkuhherde gesammelt. Total wurden 72 Kotproben analysiert. Die Probesammlung fand stets morgens statt, um möglichst frische Proben vom Boden auf dem nächtlichen Rastplatz sammeln zu können. Lokalisiert wurde die Herde mittels Teloncis TR-8 Telemetriergerät (Telonics Inc, Mesa, Arizona, USA, 2024). Um frische Kotproben zu gewährleisten, wurde jeder Kotfladen vor der Probenahme mittels Rektalhandschuh haptisch auf seine Temperatur geprüft. Die Proben wurden zufällig mit jeweils einem Rektalhandschuh gesammelt und beschriftet. Da aus zeitlichen und reglementarischen Gründen (Einhalten eines Mindestabstandes von 50 Metern zu den Wisenten) der Kotabsatz schlecht beobachtet werden konnte, erfolgte keine Zuweisung von Kotproben zu einzelnen Individuen. Die Sammlung der Kotproben in der Mutterkuhherde erfolgte nach denselben Kriterien. Die genommenen Proben wurden unmittelbar nach der Probenahme gleichentags im Labor analysiert.

4.3 Untersuchungsmethoden

Alle Kotproben wurden einzeln mit folgenden koproskopischen Methoden auf Stadien von Endoparasiten untersucht: Sedimentation, kombinierte Sedimentation-Flotation, Baermann Trichter und McMaster Verfahren. Zudem wurde für den Nachweis von *Cryptosporidium* spp. und *Giardia duodenalis* ein Antigenschnelltest (FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip ad us. vet., Megacor GmbH, Lindau, Deutschland, 2023) verwendet. Der Antigenschnelltest stand für die erste Probenahme vom 12.04.2024 nicht zu Verfügung, weshalb zum Cryptosporidien-Nachweis eine Ziehl-Neelsen Färbung und für den Giardien-Nachweis ein SAFC-Verfahren durchgeführt wurden. Im Falle von positiven Resultaten des Antigenschnelltests wurde für diese Proben zusätzlich eine Ziehl-Neelsen Färbung oder ein SAFC-Verfahren durchgeführt. Die von Deplazes et al. (2021) beschriebenen koproskopischen Verfahren wurden nach Standard der Labordiagnostik der Parasitologie Bern modifiziert. Die angewendeten Diagnostikmethoden werden anschliessend näher beschrieben.

4.3.1 Sedimentation

4.3.1.1 Prinzip

Spezifisch schwere Parasitenstadien (grosse und schwere Eier oder Oocysten) sinken in einer Kot-Wasser-Suspension schneller ab als leichtere Kotbestandteile. Durch mehrmaliges Abgiessen können die leichteren Kotbestandteile eliminiert werden, im Sediment bleiben die schweren Parasitenstadien zurück. Die Sedimentation ist die Nachweismethode der Wahl für Eier von *Fasciola hepatica* (grosser Leberegel) und *Paramphistomidae* (Pansenegel) (Deplazes et al., 2021).

4.3.1.2 Material

- Kotprobe
- Leitungswasser
- 2x Becher
- 1x Löffel
- 1x Sieb, Maschenweite 500-800 µm, (normales Teesieb)
- 1x Petrischale (Ø 5.5cm)
- 1x Timer

4.3.1.3 Durchführung

Es wurde mit 5-10g Kot und Leitungswasser eine homogene Suspension hergestellt. Die Suspension wurde anschliessend durch Filtration durch ein Teesieb in einen zweiten Becher von groben Bestandteilen befreit. Der Rückstand im Teesieb wurde mit dem Löffel gut ausgepresst. Anschliessend wurde eine Sedimentation über 30 Minuten durchgeführt, bevor der Überstand ohne Unterbruch abgegossen wurde. Das Sediment wurde aufgeschwemmt und der Becher erneut mit Leitungswasser aufgefüllt. Der Becher wurde für eine zweite Sedimentation von fünf Minuten erneut stehen gelassen und der Überstand wiederum abgegossen. Das Sediment wurde anschliessend in eine beschriftete Petrischale umgegossen und für eine dritte Sedimentation von zwei Minuten stehen gelassen. Danach wurde der Überstand in der Petrischale vollständig abgekippt und die Rückstände mit 100x Vergrösserung mikroskopiert (Deplazes et al., 2021).

4.3.2 Kombinierte Sedimentation-Flotation

4.3.2.1 Prinzip

Das spezifische Gewicht (SG) von Eiern und Oocysten vieler Parasiten ist leichter als das spezifische Gewicht einer 44% Zinkchloridlösung (SG: 1.3g/cm^3). Die im Kot enthaltenen Parasitenstadien steigen auf und konzentrieren sich an der Oberfläche der Suspension, wovon sie abpipettiert werden können. Das kombinierte Sedimentations-Flotations-Verfahren dient als Nachweismöglichkeit für Nematoden- und Cestoden-Eier, sowie Oocysten von Protozoen und *Dicrocoelium dendriticum*-Eiern (Deplazes et al., 2021).

4.3.2.2 Material

Kotprobe
Leitungswasser
2x Becher
1x Löffel

1x Sieb, Maschenweite 500-800 µm, (normales Teesieb)
1x 10ml Glasröhrchen mit rundem Boden

Gestell für Röhrchen
1x Deckglas
1x Objektträger
Zinkchloridlösung (44%)
Eiweissglycerin

4.3.2.3 Durchführung

Es wurde mit 5-10g Kot (entspricht 4-6 kleinen Löffeln) und Leitungswasser eine homogene Suspension hergestellt. Die Suspension wurde anschliessend durch ein Teesieb in einen zweiten Becher abfiltriert, der Rückstand im Teesieb dabei mit dem Löffel ausgepresst. Anschliessend wurde eine Sedimentation über 30 Minuten durchgeführt, bevor der Überstand ohne Unterbruch abgegossen wurde. Das Sediment wurde anschliessend in ein Rundbodenröhrchen überführt und dieses mit der Flotationslösung (Zinkchlorid 44%) bis zum Rand (Bildung einer Flüssigkeitskuppel) gefüllt. Ein einseitig mit Eiweissglycerin bestrichenes Deckglas wurde auf die Flüssigkeitskuppel gelegt und die Suspension anschliessend für fünf Minuten bei 600g zentrifugiert. Für das Mikroskopieren wurde der Objektträger vom Rundbodenröhrchen abgenommen und auf einen beschrifteten Objektträger gelegt. Die Mikroskopie erfolgte mit 100x – 200x Vergrösserung (Deplazes et al., 2021).

4.3.3 Baermann-Trichter-Verfahren

4.3.3.1 Prinzip

Lebende Nematodenlarven wandern aus dem Kot aus, um sich auf Gräsern/Futterpflanzen festzusetzen und so wieder oral aufgenommen werden können. Im Baermann-Trichter-Verfahren wird dieses Verhalten ausgenutzt, indem Kot in einem Gaze-Säcklein in einen mit Wasser gefüllten Trichter gehängt wird. Die Larven wandern aus dem Kot aus und sinken im Wasser in die Trichterspitze ab, wovon sie mit dem Sediment abgelassen und mikroskopisch nachgewiesen werden können. Voraussetzungen für den erfolgreichen Nachweis ist frischer Kot mit lebenden Larvenstadien. Das Verfahren ist die Nachweismethode der Wahl für Lungenwürmer (bspw. *Dictyocaulus viviparus*) (Deplazes et al., 2021).

4.3.3.2 Material

Kotprobe	1x Schauchklemme	1x Spitzbodenröhrchen 15ml
Leitungswasser	Gaze	1x Objektträger
1x Ständer für Trichter	1x Becher	1x Deckglas
1x Trichter mit kurzem Gummischlauch	1x Löffel	1x 1ml Pasteurpipette
Klebeband	Sägemehl	
	1x Wäscheklammer	

4.3.3.3 Durchführung

Der Trichter wurde in die Halterung gestellt und mittels Klebeband gekennzeichnet. Der Gummischlauch an der Trichterspitze wurde mit einer Klemme dicht verschlossen. In den Trichter wurde anschliessend ein zweilagiges Gazestück eingelegt. Im Becher wurden circa 25g Kot mit einem Löffel Sägemehl vermischt. Das Sägemehl diente der Auflockerung des Kots und sollte das Auswandern der Larven vereinfachen. Das Kot-Sägemehl-Gemisch wurde darauf in die vorbereitete Gaze gelegt und zu einem verschlossenen Päckchen zusammengefaltet. Das Gazepäckchen wurde mit der Wäscheklammer am Trichterrand befestigt. Der Trichter wurde dabei soweit mit Leitungswasser gefüllt, bis das Gazepäckchen zur Hälfte im Wasser bedeckt wurde. Nach einer Wartezeit von 8 – 24 Stunden bei Raumtemperatur wurde ein beschriftetes Spitzbodenröhrchen an die Trichterspitze gehalten, die Klemme kurz vollständig geöffnet und das Sediment im Röhrchen aufgefangen. Anschliessend wurde das Sediment für fünf Minuten bei 200g zentrifugiert. Der Überstand wurde danach mit einer 1ml Pasteurpipette bis kurz über dem Sediment abgesaugt. Die Pipette wurde dann bis zuunterst ins Sediment eingeführt und eine kleine Menge Flüssigkeit aspiriert. Der kleine Tropfen wurde auf einen beschrifteten Objektträger gegeben und mit einem Deckglas bedeckt. Die Mikroskopie erfolgte mit 40x – 100x Vergrösserung (Deplazes et al., 2021).

4.3.4 Modifiziertes McMaster-Zählverfahren

4.3.4.1 Prinzip

Die McMaster Methode ist ein quantitatives Diagnostikverfahren zur Einschätzung der Parasitenbürde. Aus einer definierten Kotmenge und einem definierten Wasservolumen wird eine Kot-Wassersuspension hergestellt und diese in eine Zählkammer mit eingraviertem Raster überführt. Nach kurzer Flotation werden die im Raster sichtbaren Helmintheneier und Kokzidien-Oocysten gezählt. Der erhaltene Wert wird mit einem vordefinierten Faktor multipliziert, um die Ei- oder Oocystenanzahl pro Gramm Kot zu erhalten (Deplazes et al., 2021).

4.3.4.2 Material

Kotprobe
Leitungswasser
Waage
2x Becher
1x Kaffeelöffel

1x Sieb, Maschenweite 500-800 µm,
(normales Teesieb)
1x Messzylinder 50ml
1x Spitzbodenröhrchen 15ml

1x Pasteurpipette 3ml
1x McMaster-Zählkammer
NaCl gesättigt

4.3.4.3 Durchführung

Exakt drei Gramm Kot wurden abgewogen und in einen beschrifteten Becher gegeben. Der Kot wurde dann mit 42ml Leitungswasser vermischt, bis eine homogene Suspension entstanden ist. Die Suspension mit dem gesamten Sediment wurde danach durch ein Teesieb in einen zweiten beschrifteten Becher abfiltriert. Zehn Milliliter der Suspension wurden anschliessend in ein beschriftetes Spitzbodenröhrchen gefüllt und für fünf Minuten beim 700g zentrifugiert. Danach wurde der Überstand durch vollständiges Kippen des Röhrchens abgegossen. Anschliessend wurde das Spitzbodenröhrchen mit gesättigter Kochsalzlösung und der Benützung einer 3ml Pasteurpipette wieder auf zehn Milliliter Volumen aufgefüllt. Die Suspension wurde erneut gemischt, bis diese homogen war. Danach konnten mit der Pipette die zwei Zählkammern der McMaster Kammer gefüllt werden. Dabei wurde darauf geachtet, Lufteinschlüsse zu vermeiden. Nach einer Flotationszeit von fünf Minuten wurde mit 100x Vergrösserung mikroskopiert. Die erhaltenen Werte der beiden Zählkammern wurden addiert und mit dem Faktor 50 multipliziert, um die Ei- oder Oocystenzahl pro Gramm Kot zu erhalten (Deplazes et al., 2021).

4.3.5 FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip

4.3.5.1 Prinzip

Der FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip weist immunochromatographisch *Cryptosporidium* spp. und *Gardia duodenalis* Antigene nach. Die im Kot vorhandenen Antigene (Ag) reagieren im Bereich des Konjugatkissens mit monoklonalen Antikörpern (mAK). Die Ag-AK-Komplexe durchfliessen dann die Membran und binden in den Bereichen der entsprechenden Testlinien an die membranfixierten Fängerantikörper und bilden dabei die visuell detektierbaren Testlinien (rot für *G. duodenalis* bzw. blau für *Crytosporidium* spp.). Um die Funktionalität des Tests prüfen zu können gibt es eine dritte, grüne Kontrolllinie. Im Gegensatz zum mikroskopischen Nachweis kann der FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip nebst intakten Kryptosporidien- und Giardienformen auch Zellwand-Bruchstücke detektieren (Megacor Diagnostik, 2023).

4.3.5.2 Material

Kotprobe	Proberöhrchen FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip (mit Löffelchen)	Verpackter Teststreifen FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip

4.3.5.3 Durchführung

Die Kotprobe wurde mit einem Löffel homogen gemischt. Danach wurde mit dem Löffelchen die Probemenge (fester Kot: ein gestrichenes Löffelchen, breiiger Kot: 2 gestrichene Löffelchen, wässriger Kot: 3 gestrichene Löffelchen) in die Pufferlösung gegeben. Das Probenröhrchen wurde gut verschlossen und die Kotprobe durch leichtes, kreisförmiges Schwenken möglichst homogen mit der Pufferlösung vermischt. Zur Sedimentation grober Kotpartikel wurde das Probenröhrchen für 1–5 Minuten auf eine ebene und horizontale Fläche gestellt. Für die Testdurchführung wurde anschliessend der Teststreifen aus der Verpackung genommen und für mindestens eine Minute senkrecht in Pfeilrichtung in das Probenröhrchen gestellt. Hat die Flüssigkeit die Kontrolllinie erreicht und begann sich die Kontrollline grün zu färben, wurde der Test aus der Suspension entnommen. Zur Inkubation wurde der Teststreifen für mindestens fünf, maximal zehn Minuten auf eine ebene und horizontale Fläche gelegt. Nach Ablauf der Inkubationszeit wurde das Testergebnis abgelesen (Megacor Diagnostik, 2023).

4.3.6 SAFC-Verfahren

4.3.6.1 Prinzip

Eine Kotprobe wird in einer Fixationslösung (Sodium acetate-Acetic acid-Formalin) konserviert, um vegetative Formen von Protozoen zu erhalten, welche ansonsten zerfallen würden. Die Zentrifugation führt dazu, dass im Sediment nebst Protozoen auch leichte Parasitenstadien nachweisbar sind. Der Fettanteil im Kot, der das Mikroskopieren erschwert, wird durch Zufügen von Aether entfernt. Die Sodium acetate-Acetic acid-Formalin concentration Methode dient dem Nachweis von Protozoen in vegetativer und encystierter Form (weiter können damit auch Helmintheneier- und Larven, Trematodeneier und Taeniideneier nachgewiesen werden) (Deplazes et al., 2021).

4.3.6.2 Material

Kotprobe	1x kleiner Trichter	1x Deckglas
1x SAF-Gefäss	1x Gaze	1x Gummistopfen
SAF Lösung (Sodium acetate-Acetic acid-Formalin)	1x Glasröhrchen	NaCL physiologisch (0.9%)
1x Kaffeelöffel	1x Gestell für Röhrchen	Aether
	1x Plastik-Pasteurpipette 3ml	
	1x Objektträger	

4.3.6.3 Durchführung

Sieben Milliliter SAFC-Lösung wurden in das beschriftete SAF-Gefäss gegeben. Anschliessend wurden circa 1-3g Kot (haselnussgrosse Menge) hinzugegeben und die Lösung vermischt, bis eine homogene Suspension entstand. Die Suspension wurde für mindestens fünf Minuten zur Fixation stehen gelassen und dann durch den mit einer doppellagigen Gaze ausgekleideten Trichter in ein beschriftetes Glasröhrchen gegeben. Die Gaze wurde ausgedrückt und das Glasröhrchen für zwei Minuten bei 600 g zentrifugiert. Danach wurde das Glasröhrchen komplett abgekippt. Darauf wurde das Sediment aufgeschüttelt, 7ml NaCl (0.9%) beigefügt und mit 2ml Aether überschichtet. Das Glasröhrchen wurde mit dem Gummi-Stopfen verschlossen und geschüttelt, bis sich die Suspension vollständig vermischt hatte. Es wurde ein zweites Mal für fünf Minuten bei 600 g zentrifugiert, die gebildeten Aether- und Detritus-Schichten und danach die Kochsalzlösung bis kurz oberhalb des Sediments abpipettiert. Vom Sediment wurde mit der Pipette ein Tropfen auf einen beschrifteten Objektträger gegeben und mit 400x Vergrösserung mikroskopiert (Deplazes et al., 2021).

4.3.7 Ziehl-Neelsen

4.3.7.1 Prinzip

Das Färbeverfahren mit dem Farbstoff Carbolfuchsin und dem anschliessenden Entfärben mit einer Alkohol-Salzsäure-Lösung (1% HCL-70% Alkohol) färbt säurefeste Strukturen rot. So werden auch die dickwandigen *Cryptosporidium*-Oocysten rot gefärbt und unter dem Mikroskop besser sichtbar. Für einen besseren Kontrast zum Hintergrund wird eine 0.5 %-ige Brilliantgrün/Wasser-Lösung zugegeben, wodurch sich der Hintergrund grün färbt. Dünnwandige Oocysten verlieren beim Entfärben die rote Farbe und erscheinen unter dem Mikroskop farblos, weswegen bei der Mikroskopie auch auf entfärbte, hell erscheinende Oocysten geachtet werden muss (Deplazes et al., 2021).

4.3.7.2 Material

Kotprobe	1x Kontrollausstrich mit Kryptospridium positiven Kot	1x Pasteurpipette 3ml
2x Objektträger	Bunsenbrenner	Carbolfuchsin
1x Wattestäbchen	Pinzette	Brilliantkresylgrün
		HCL (1% HCl-70 % Aethanol)

4.3.7.3 Durchführung

Ein Wattestäbchen wurde an multiplen Stellen in die Kotprobe gesteckt und das Material auf zwei beschriftete Objektträger abgerollt. Nachdem die Objektträger für zirka zehn Minuten an der Luft getrocknet haben, wurden sie zur Hitzefixation drei Mal durch die Bunsenbrennerflamme gezogen. Nach dem Abkühlen erfolgte die Färbung. Zusammen mit einem positiven Kontrollausstrich wurden die Objektträger für zwei Minuten in die Carbolfuchsinlösung eingetaucht und danach kurz mit Leitungswasser vorsichtig abgespült. Anschliessend wurde mit HCL (1% HCl + 70 % Aethanol) für ein bis zwei Sekunden entfärbt und die Entfärbelösung ebenfalls mit Leitungswasser abgespült. Zum Gegenfärben wurden die Objektträger für drei Minuten in die 0.5%-ige Brilliantkresylgrün/Wasser-Lösung eingetaucht, wiederum mit Leitungswasser abspült und trocknen gelassen. Mikroskopiert wurde anschliessend mit 1000x Vergrösserung (Deplazes et al., 2021).

4.4 Datenanalyse

Die Anteile positiver Proben und die 95% Konfidenzintervalle (95%KI) wurden für alle Parasiten und Herden unter Verwendung der Wilson-Methode berechnet. Zur Feststellung der Signifikanz zwischen den positiven Probenanteilen der Rinder- und der Wisentherde wurde jeweils der exakte Fisher-Test benutzt. Der statistische Vergleich der Eier-pro-Gramm Kot (EpG) – Werte für die Magen-Darm-Strongyliden wurde mittels Wilcoxon-Rangsummentest durchgeführt. Als signifikant wurden alle Ergebnisse mit einem p-Wert gleich oder kleiner als 0.05 ($p \leq 0.05$) betrachtet. Die statistische Auswertung erfolgte mit dem Programm R version 4.4.1 unter Verwendung der zusätzlichen Pakete «binom version 1.1.1.1» und «tidyr version 1.3.1».

5 Ergebnisse

5.1 Übersicht nachgewiesene Parasiten

Über den Untersuchungszeitraum vom 12.04.2023 bis 23.03.2024 wurden insgesamt acht Helminthentaxa und vier Gattungen einzelliger Parasiten (Protozoen) nachgewiesen. Die Anzahl positiver Kotproben war Parasiten-abhängig, variierte zwischen Wisent- und Rinderherde und veränderte sich über den Untersuchungszeitraum. In Tabelle 2 sind die nachgewiesenen Parasiten systematisch aufgelistet, sowie der Anteil positiver Proben für die Wisentherde und die Rinderherde ausgewiesen. Die statistische Relevanz der Resultate wurde in Form der errechneten Konfidenzintervalle sowie der Signifikanz (p-Wert) der speziesspezifischen Unterschiede ebenfalls beschrieben. Auf eine spezifische Artbestimmung wurde in den meisten Fällen verzichtet.
Entgegen der Information zum Vorkommen von Lungenwürmern im Studiengebiet waren alle untersuchten Proben im Bärmann-Trichter-Verfahren negativ. Auf hervorzuhebende Aspekte der Tabelle 2 wird in den nachfolgenden Abschnitten eingegangen. Fotomikroskopische Aufnahmen der Parasiten werden in diesem Kapitel exemplarisch verwendet, weitere Aufnahmen befinden sich im Annex (9.1).

Tabelle 2: Nachgewiesene Parasitengattungen

Gattung	Art	Anteil positiver Proben		95% Konfidenzintervall		p-Wert
		Wisentherde	Rinderherde	Wisentherde	Rinderherde	
Strongyloides sp.	*Strongyloides papillosus*	19% (7/36)	11% (4/36)	10 – 35%	4 - 25%	0.514
Bunostomum spp.		8% (3/36)	8% (3/36)	3 - 22%	3 – 22%	1
Haemonchus sp. / *Ostertagia* spp. / *Teladorsagia* spp. / *Trichostrongylus* spp. / *Cooperia* spp.		100% (36/36)	97% (35/36)	90 - 100%	86 - 100%	1
Nematodirus spp.		6% (2/36)	0% (0/36)	2 - 18%	0 - 10%	0.493
Trichuris spp.		19% (7/36)	0% (0/36)	10 – 35%	0 - 10%	0.011
Paramphistomum spp. / *Calicophoron* sp.		47% (17/36)	75% (27/36)	32 - 63%	59 - 86%	0.029
Dicrocoelium sp.	*Dicrocoelium dendriticum*	3% (1/36)	11% (4/36)	0 - 14%	4 - 25%	1
Moniezia spp.		17% (6/36)	0% (0/36)	8 - 32%	0 - 10%	0.025
Giardia sp.	*Giardia duodenalis*	3% (1/36)	0% (0/36)	0 - 14%	0 - 10%	1
Eimeria spp.		75% (27/36)	67% (24/36)	59 - 86%	50 - 80%	0.605
Cryptosporidium spp.		14% (5/36)	50% (18/36)	6 - 29%	34 - 66%	0.002
Buxtonella sp.	*Buxtonella sulcata*	0% (0/36)	58% (21/36)	0 – 10%	42 – 73%	< 0.001

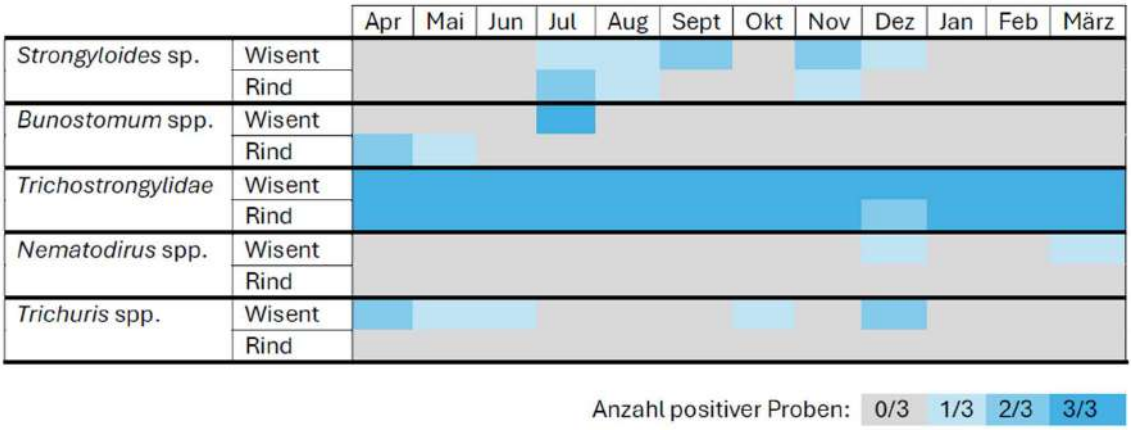
Der p-Wert widerspiegelt jeweils die Assoziation der positiven Probeanteilen zwischen den beiden Herden

5.2 Nematoden

Abbildung 2: Trichostrongyliden-Ei (zentral) und Strongyloideslarve im Ei (Wisent, 04.11.2023)

Die am häufigsten mittels kombinierter Sedimentation - Flotation nachgewiesenen Parasiten waren Trichostrongyliden, mit einem Anteil positiver Proben von 100% in der Wisentherde und 97% in der Rinderherde (Tabelle 2). Sie wurden mit einer Ausnahme in sämtlichen Kotproben über den gesamten Untersuchungszeitraum identifiziert. Weitere gefundene Magen-Darm-Strongyliden (MDS) waren *Bunostomum* spp. und *Nematodirus* spp., wobei letzterer ausschliesslich in der Wisentherde nachgewiesen wurde. *Strongyloides* sp. wurde von Hochsommer bis Dezember in beiden Herden festgestellt. Statistisch signifikante Unterschiede ($p < 0.05$) wies allein die folgende Nematodengattung auf: *Trichuris* spp. wurde ausschliesslich in 19% der Proben der Wisentherde nachgewiesen (Tabelle 2).Tabelle 3 zeigt die Anzahl positiver Kotproben der gefundenen Nematoden über den Untersuchungszeitraum.

Tabelle 3: Nachgewiesene Nematoden über den Untersuchungszeitraum



5.3 Trematoden

Es wurden verschiedene Gattungen von Trematoden (Saugwurmarten) mittels Sedimentation identifiziert. Einerseits *Paramphistomidae* Eier (Pansenegel) und andererseits *Dicrocoelium dendriticum* (kleiner Leberegel). Die Pansenegel-Eier wurden ausser in der Oktoberbeprobung der Wisente über den gesamten Untersuchungszeitraum festgestellt (Tabelle 4). Die Beobachtung, dass die Rinderherde öfter von Paramphistomidae befallen ist, bestätigte sich in der Datenanalyse (Tabelle 2). Nur eine Wisentprobe hatte einen positiven Befund für *Dicrocoelium dendriticum*, aus der Rinderherde waren vier Proben positiv. *Fasciola hepatica* (grosser Leberegel) mit demselben Zwischenwirt (*Galba truncatula*) wie gewisse Pansenegel (*Calicophoron daubeyi*) wurde nicht nachgewiesen.

Tabelle 4: Nachgewiesene Trematoden über den Untersuchungszeitraum

		Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sept	Okt	Nov	Dez	Jan	Feb	März
Paramphistomidae	Wisent												
	Rind												
Dicrocoelium dendriticum	Wisent												
	Rind												

Anzahl positiver Proben: 0/3 1/3 2/3 3/3

5.4 Cestoden

Ausschliesslich in Wisentproben wurde eine Cestodengattung (Bandwurm) in der kombinierten Sedimentation - Flotation nachgewiesen. *Moniezia* spp. wurde in sechs Kotproben identifiziert (Tabelle 2, Tabelle 5). Dieser beobachtete Unterschied zeigt in der durchgeführten Datenanalyse eine statistische Signifikanz ($p = 0.025$).

Tabelle 5: Nachgewiesene Cestoden über den Untersuchungszeitraum

		Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sept	Okt	Nov	Dez	Jan	Feb	März
Moniezia spp.	Wisent												
	Rind												

Anzahl positiver Proben: 0/3 1/3 2/3 3/3

5.5 Protozoen

Protozoen wurden häufig festgestellt. Eimerien waren mit einem Anteil von 75% positiven Proben die am zweithäufigsten identifizierte Parasitengattung beim Wisent und mit 67% positiven Proben die dritthäufigste nachgewiesene Parasitengattung beim Rind (Tabelle 2). Sie wurden in der kombinierten Sedimentation – Flotation nachgewiesen. Die vor allem bei Jungtieren relevanten Durchfallerreger *Giardia duodenalis*, sowie *Cryptosporidium* spp. wurden mittels qualitativem Antigenschnelltest (FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip.) detektiert. Das positive Schnelltestresultat für *Giardia duodenalis* wurde durch das anschließende SAFC-Verfahren bestätigt (Abbildung 3). Die positiven Schnelltestergebnisse für *Cryptosporidium* spp. konnten jedoch nicht mit den durchgeführten Ziehl-Neelsen-Färbungen bestätigt werden. Gestützt auf die Schnelltestergebnisse zeigt sich ein signifikanter Unterschied des Cryptosporidium spp. -Befalls zwischen Rinder- und Wisentherde ($p = 0.002$). *Buxtonella* sp. wurde ausschliesslich in 58% der Proben der Rinderherde mittels Sedimentation nachgewiesen. Dieser Unterschied erwies sich ebenfalls als signifikant (Tabelle 2).

Abbildung 3: *Giardia duodenalis* - Zyste

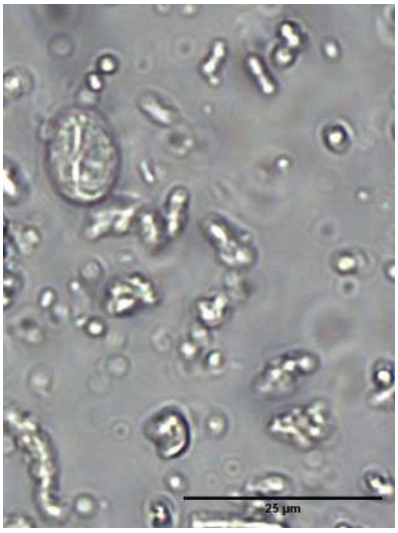
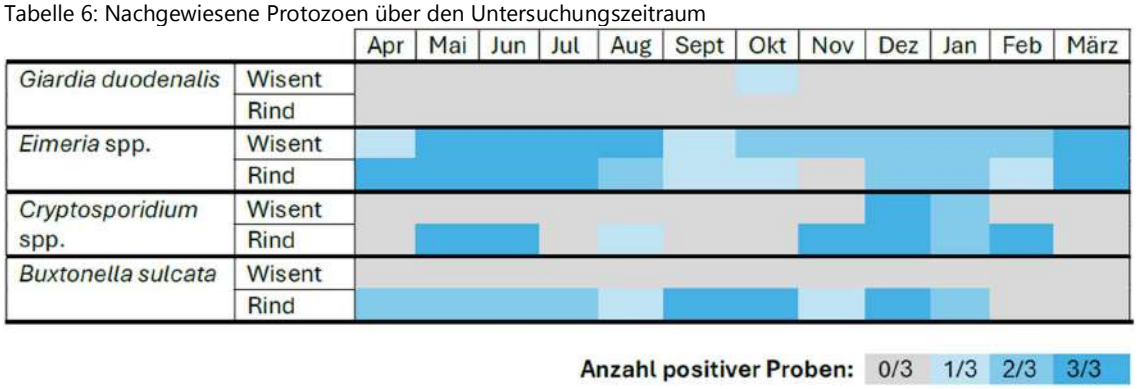


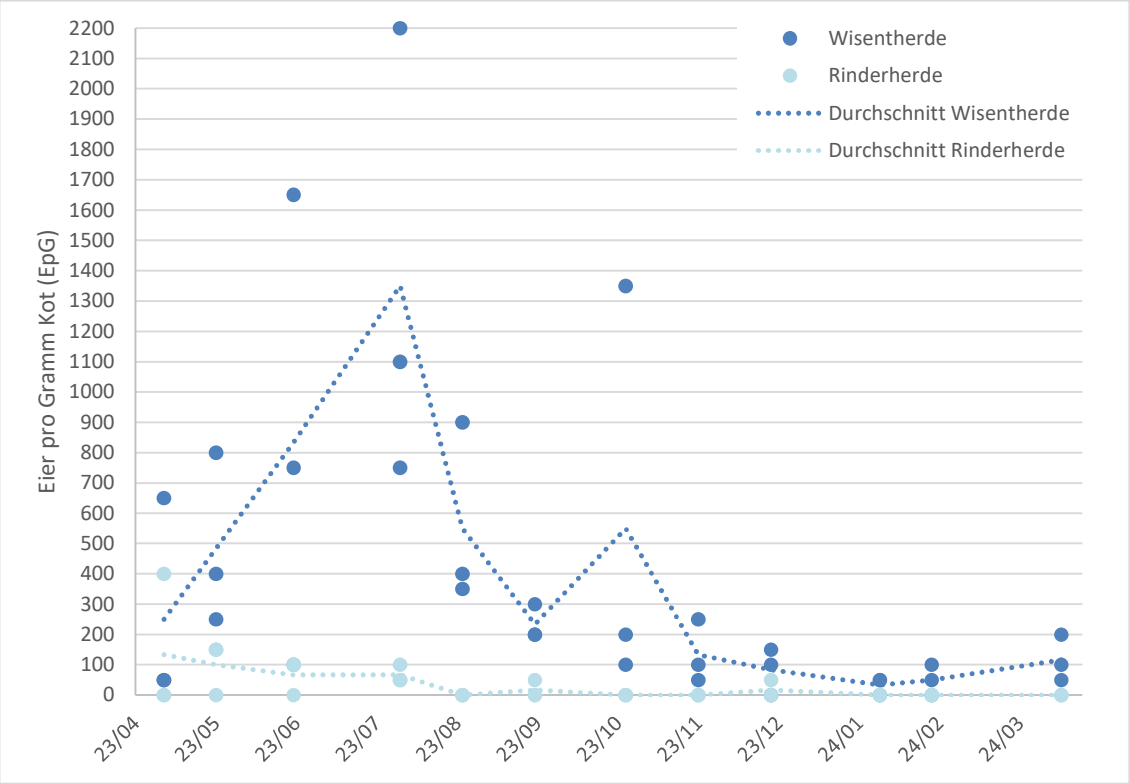
Tabelle 6: Nachgewiesene Protozoen über den Untersuchungszeitraum



5.6 Magen-Darm-Strongyliden Eier pro Gramm Kot im Jahresverlauf

Die quantitative Untersuchung der MDS-Belastung mittels modifiziertem McMaster Verfahren zeigte eine deutlich höhere Eierausscheidung der Wisentherde. Abbildung 4 veranschaulicht den Verlauf der MDS-Eier pro Gramm Kot (EpG) für die Wisent- und die Rinderherde über den gesamten Untersuchungszeitraum.
Der Höchstwert von 2200 EpG wurde am 12.07.2023 gemessen. Zu diesem Zeitpunkt wiesen die gesammelten Wisentproben mit durchschnittlich 1350 EpG und einem Median von 1100 EpG die höchsten Werte auf. Am 07.10.2023 führte ein Probewert von 1350 EpG zu einem zweiten Anstieg des durchschnittlichen EpG, während die Werte von Juli bis Januar ansonsten in den niedrigen zwei- bis dreistelligen Bereich fielen und im Frühjahr 2024 erneut leicht anstiegen.

Abbildung 4: Jahresverlauf MDS-Eiausscheidung



Die EpG-Werte der Rinderherde waren zu Beginn der Untersuchungsperiode am 12.04.2024 aufgrund eines Höchstwertes mit 400 EpG am höchsten. Die weiteren Werte befanden sich zwischen 50 bis 150 EpG oder lagen unter der Sensitivitätsschwelle von mind. 50 EpG. Ab August lagen alle Werte (mit Ausnahme von zwei Proben) unter 50 EpG. Über den gesamten Untersuchungszeitraum ergaben sich für die Wisentherde eine durchschnittliche MDS-Ei Ausscheidung von 388 EpG, mit einem Median bei 200 EpG. Bei der Rinderherde lag der errechnete Durchschnittswert mit 33 EpG unter der Sensitivität des angewendeten Zählverfahrens (von mindestens 50 EpG). Der theoretische Median der Rinderherde lag weiter bei 0 EpG, respektive unter 50 EpG. Der mittels Wilcoxon-Rangsummen-Test berechnete p-Wert ($p < 0.001$) zeigt einen hochsignifikanten Unterschied der Medianen dieser EpG-Werte.

6 Diskussion

6.1 Parasitenfauna

Die in dieser Studie gewonnen Resultate bestätigen die Überlappung der Parasitenfauna des Wisents mit deren des Hausrindes. 58% der gefundenen Parasitengattungen kamen in Proben von beiden Spezies vor. Die vier zusätzlich nur beim Wisent identifizierten Parasitengattungen (*Nematodirus* spp., *Trichuris* spp., *Moniezia* spp., *Giardia* sp.) sind allesamt ebenfalls Teil der parasitologischen Fauna des Hausrindes (Deplazes et al., 2021). Dass *Buxtonella sulcata* ausschliesslich in Rinderproben identifiziert wurde, deckt sich mit der Literatur wonach diese Spezies nicht beim Wisent beschrieben ist (Karbowiak et al., 2014a). Somit sind 92% der nachgewiesenen Parasitengattungen/-familien in beiden Spezies zu finden und potenzielle Übertragungen nicht auszuschliessen (Walker and Morgan, 2014). Zusätzlich zu *B. sulcata* unterscheiden sich die Resultate der beiden Herden für drei weitere Parasitengattungen und eine Parasitenfamilie signifikant (*Trichuris* spp.: $p = 0.011$, *Paramphistomidae:* $p = 0.029$, *Moniezia* spp.: $p = 0.025$, *Cryptosporidium* spp.: $p = 0.002$). In den folgenden Abschnitten wird genauer auf die Ergebnisse eingegangen und diese im Kontext der statistischen Datenanalyse, der Epidemiologie und der Pathogenität der jeweiligen Parasitentaxa interpretiert.

6.1.1 Nematoden

Fünf nachgewiesene Parasitentaxa gehören dem Stamm der Nematoden an (*Strongyloides* spp., *Bunostomum* spp., Trichostrongylidae, *Nematodirus* spp., *Trichuris* spp.). Die Gattungen *Nematodirus* spp. und *Trichuris* spp. wurden einzig in der Wisentherde nachgewiesen. Für *Trichuris* spp. ergibt sich aus der statistischen Datenanalyse ein signifikanter Unterschied verglichen mit der Rinderherde. Nachfolgend wird auf die einzelnen Befunde eingegangen.

6.1.1.1 *Strongyloides* spp.

Die Parasitengattung *Strongyloides* spp. (Zwergfadenwürmer) wurde mit vergleichbarem Anteil positiver Proben beim Wisent (95%KI 10 – 35%) als auch in der Rinderherde (95%KI 4 – 25%) festgestellt. Beim Rind kommt in Europa ausschliesslich die Spezies *Strongyloides papillosus* mit Prävalenzen von 20-90% vor (Deplazes et al., 2021). In der Wisentpopulation wurden bisher nur drei Kotproben mit *Strongyloides* spp. dokumentiert (Krzysiak et al., 2020). Eine genauere Artbestimmung wurde hierbei nicht durchgeführt. Die Wahrscheinlichkeit ist allerdings gross, dass es sich dabei ebenfalls um *S. papillosus* handelt, da bei Wildwiederkäuern keine weiteren Arten beschrieben wurden (Deplazes et al., 2021).

Der Entwicklungszyklus von *S. papillosus* beginnt mit der Ausscheidung von embryonierten Eiern durch den infizierten Endwirt, woraus in wenigen Stunden das erste Larvenstadium (L1) schlüpft und sich in 4-5 Tagen zum infektiösen, dritten Larvenstadium (L3) entwickelt («homogene» Entwicklung). Für die Übertragung von einem Wirt in einen anderen ist der perkutane Infektionsweg (Einwanderung der Larven durch die Haut, meist oberhalb der Klauen) dieser infektiösen L3 relevant. Die Übertragung von der Rinder- in die Wisentherde oder umgekehrt könnte über gemeinsam genutzte Weiden, die mit infektiösen Larvenstadien kontaminiert sind, erfolgen. Die Überlebensfähigkeit der Larven in der Umwelt kann unter optimalen Bedingungen 4 Monate betragen, ist aufgrund der Empfindlichkeit gegenüber Trockenheit allerdings selten länger als einige Wochen.

Rinder entwickeln eine dem Befall entsprechende Immunität, weshalb die Strongyloidose höchstens bei Jungtieren relevant ist. Klinische Symptome beinhalten Hautreaktionen aufgrund der perkutanen Wanderung der Larven, sowie bei Massenbefall gastrointestinale Beschwerden wie Durchfall und

Malabsorption (Deplazes et al., 2021). Busato et al., 1998 fanden in einer Case Control Studie mit 232 Kälbern eine höhere Prävalenz für *S. papillosus* in der gesunden Kontrollgruppe (20%), verglichen mit einer Prävalenz von 7% bei den Durchfallkälbern, was die normalerweise geringe Pathogenität von Strongyloidesinfektionen unterstreicht.
Mit der Annahme, dass es sich bei den gefundenen *Strongyloides*-Eiern um Eier der Art *S. papillosus* handelt, ist ein möglicher Parasitenaustausch zwischen den beiden Herden durch die zeitnahe Nutzung von denselben Weideflächen denkbar. Der zeitliche Verlauf der positiven Proben dieser Studie lassen diesbezüglich allerdings keine Interpretation zu. Aufgrund der geringen klinischen Relevanz von Strongyloideserkrankungen beim Wiederkäuer ist, trotz fehlender Literatur zum Wisent, davon auszugehen, dass die Übertragung dieser Parasitengattung zu keiner schwerwiegenden Beeinträchtigung der Tiergesundheit führen würde.

6.1.1.2 Magen-Darm-Strongyliden (MDS)

Aufgrund der Ähnlichkeit im Entwicklungszyklus, häufigen Ko-Infektionen und der geringen statistischen Aussagekraft werden die Resultate der Gattungen *Bunostomum* spp., *Nematodirus* spp. und der Familie Trichostrongylidae in diesem Abschnitt unter dem Titel Magen-Darm-Strongyliden zusammen betrachtet. Trotz der fehlenden Artbestimmungen kann aufgrund der sich in der Literatur stark überschneidenden MDS-Faunen davon ausgegangen werden, dass sich die in den beiden Herden vorkommenden Arten ebenfalls zumindest teilweise überschneiden (Karbowiak et al., 2014b). Die in früheren Studien mittels PCR am häufigsten nachgewiesenen MDS-Arten beim Wisent sind unter anderem *Haemonchus contortus, Ostertagia ostertagi und Cooperia oncophora*, wobei die letzten beiden typische MDS-Arten des Hausrindes darstellen (Herskind et al., 2023; Pyziel et al., 2018).
An dieser Stelle muss ergänzend auf *Ashworthius sidemi*, eine weitere beim Wisent und beim Rind beschriebene Nematodenart (Moskwa et al., 2015), hingewiesen werden. *A. sidemi* gilt beim Wisent als stark pathogen und ist klinisch relevant (Kołodziej-Sobocińska et al., 2016a). Die Morphologie der Eier dieses Parasiten ist nur schwer von Trichostrongylideneiern zu unterscheiden (Lehrter et al., 2016). Epidemiologisch wurde die Ausbreitung von *A. sidemi* durch Cerviden und Wisente von Osteuropa Richtung Mitteleuropa in den letzten zwanzig Jahren gut beschrieben (Dróżdż et al., 2003; Vadlejch et al., 2017). Ebenso wurde *A. sidemi* in einigen Reh- und Rothirschpopulationen in Frankreich nachgewiesen (Ferté et al., 2000). Nach aktuellem Wissensstand gibt es keinen Hinweis auf das Vorkommen dieses Parasiten in der Schweiz. Da die MDS nicht weiter spezifiziert wurden, kann ein mögliches Vorkommen in den untersuchten Herden mit dieser Studie nicht ausgeschlossen werden.
Der Entwicklungszyklus der MDS besteht nach der Eiausscheidung durch den Wirt aus der Entwicklung zu infektiösen Larve-Drei-(L3)-Stadien, welche anschliessen oral mit dem Futter aufgenommen werden (bei *Bunostomum* spp. sind auch perkutane Infektionen neuer Wirte möglich) und der Entwicklung zu adulten Würmern im Wirt. Hervorzuheben ist die hohe Tenazität der L3-Stadien in der Umwelt, welche zum Teil auf der Weide überwintern können (*B. phlebotomum*: Tenazität kürzer, ca. 2 Monate). Zudem besitzen einige MDS-Arten, wie beispielsweise *O. ostertagi* die Fähigkeit, im Wirt als L4-Stadium in Hypobiose zu gehen und über den Winter zu persistieren, um im Frühling die Entwicklung zu adulten Würmern abzuschliessen (Deplazes et al., 2021). Diese persistierenden Infektionen spiegeln sich in den sehr hohen Anteilen positiver Trichostrongylidae-Proben in beiden Herden über den gesamten Jahresverlauf wider (95%KI: Wisentherde 90 – 100%, Rinderherde 86 – 100%). Die qualitative Analyse gibt keine Hinweise über die hohe Saisonalität von MDS-Infektionen. Diese wird im Kapitel 6.2 ausführlich beschrieben.

6.1.1.3 *Trichuris* spp.

Peitschenwürmer wurden in 19% (95%KI 10 – 35%) der Wisentproben und keiner Probe der Rinderherde festgestellt. Die Resultate unterscheiden sich dabei signifikant voneinander (p = 0.011).
Trichuris ovis ist die einzige beim Wisent beschriebene Peitschenwurmart (Karbowiak et al., 2014a) und gehört nebst weiteren Arten (bspw. *T. skrjabini, T. globulosa, T. discolor, T. capreoli*) ebenfalls zur Parasitenfauna des Hausrinds (Deplazes et al., 2021; Winter et al., 2018). Bei Wiederkäuern ist *Trichuris*-Befall häufig, die Prävalenz bei Mutterkuhkälbern in der Schweiz liegt bei 44% (Deplazes et al., 2021). Beim Wisent werden Trichuriden ebenfalls regelmässig nachgewiesen. Die Studie von Kołodziej-Sobocińska et al. (2016) mit 288 Kotproben aus dem Bialowieza Forest ergibt eine Prävalenz von 4.9%. Demiaszkiewicz et al. (2012) fand bei parasitologischen Sektionen von Wisenten aus demselben Gebiet für *T. ovis* Prävalenzen von 43% (2007/2008, 14 Tiere) und 100% (2009/2010, 9 Tiere). Dass es sich bei dieser Studie um Hegeabschüsse (Gesundheitsstatus der Tiere jedoch nicht näher beschrieben) gehandelt hat und der Parasitennachweis mittels Sektion sensitiver ist als koprologische Untersuchungen könnte die hohen Prävalenzen erklären. Weitere Studien zeigten Prävalenzen von 0 – 80% (Buchmann et al., 2022), 12.7% (Gałązka et al., 2022) und 9.47% (Gałązka et al., 2023), wobei die Vergleichbarkeit durch unterschiedliche Studienpopulationen (bspw. Zootiere vs. wildlebende Wisente) begrenzt ist.
Peitschenwürmer haben einen homoxenen Entwicklungszyklus. Nach der Eiausscheidung entwickelt sich im Ei die infektiöse Larve L1. Diese Entwicklung ist umweltabhängig (Temperatur, Feuchtigkeit) und kann einige Wochen bis einige Monate dauern, über den Winter sistiert die Entwicklung. Einige *Trichuris*-Eier können bei optimaler, feuchter und schattiger Umgebung mehrere Jahre persistieren. Nach oraler Aufnahme der larvenhaltigen Eier beträgt die Präpatenz mindestens sechs Wochen, gefolgt von einer langen Patenzperiode (>1 Jahr). Die Eiausscheidung beim Wisent ist im Gegensatz zu anderen Nematodenarten saisonal konstant (Kołodziej-Sobocińska et al., 2016b).
Natürlicher Trichuridenbefall kommt beim Rind häufig vor, verläuft bei domestizierten Wiederkäuern jedoch meist inapparent. Die Infektion stimuliert die Immunitätsbildung, wodurch die Befallsintensität bei immunkompetenten Tieren tief ist. Die Anhaftung der Würmer an das Darmepithel kann bei Massenbefall zu hämorrhagischer Darmentzündung führen. Da sich Peitschenwürmer u.a. vom Blut ihres Wirts ernähren, sind bei Massenbefall auch Anämie und Hypoproteinämie möglich. Bei Wildwiederkäuern können *Trichuris*-Infektionen klinisch relevant sein (Deplazes et al., 2021). Die in der Studie von Demiaszkiewicz et al. (2012) gefundenen Befallsintensitäten zeigten jedoch eher subklinische Parasitenbürden beim Wisent. Ein Ausbruch von klinischen Symptomen (Kümmern, Durchfall, Fellveränderungen) bei einem 9-monatigen Wisentkalb mit Massenbefall wurde jedoch ebenfalls dokumentiert (zitiert in Demiaszkiewicz et al., 2012). Diese Informationen lassen den Verdacht zu, dass *Trichuris*-Befall beim Wisent, ähnlich wie bei anderen Wiederkäuern, vor allem für immunologisch naive Jungtiere eine klinische Relevanz hat.
Mit einem Anteil von 19% positiven Proben verteilt über den Untersuchungszeitraum scheint *Trichuris* spp. ein etablierter Parasit in der Wisenttestherde zu sein. Der negative Nachweis in der Rinderherde ist statistisch signifikant, das 95%-Konfidenzintervall schliesst eine niedrige Prävalenz (0-10%) jedoch nicht aus. Ein positiver, vor der Umsiedlung dokumentierter *Trichuris*-Befund beweist die Präsenz von *Trichuris* spp. in der Wisenttestherde bereits vor der Umsiedlung. Die Effektivität der vor der Überführung durchgeführten Entwurmungen mit dem Wirkstoff Ivermectin wurden nicht kontrolliert, weswegen die Umsiedlung dieses Parasiten mit der Wisenttestherde nicht auszuschliessen ist. Unter der Voraussetzung, dass es sich bei den gefundenen *Trichuris*-Eiern um *T. ovis* handelt, welche beide sowohl Wisente wie Rinder als Wirte nutzen kann, sind Übertragungen über die Speziesgrenze hinweg durch die gemeinsame Weidenutzung möglich. Durch die geringe Stichprobengrösse ist das Vorhandensein von *Trichuris* spp. in der Rinderherde jedoch nicht auszuschliessen und auch spätere positive Befunde in derselben für eine Parasitentransmission vom Wisent auf das Rind nicht beweisend.

6.1.2 Trematoden

Es wurden zwei zum Unterstamm der Trematoden zählende Parasitentaxa identifiziert, wobei der Anteil positiver Pansenegel-Proben in der Rinderherde signifikant höher lag als in der Wisentherde (p = 0.029). Anzumerken ist, dass der beim Wisent als pathogener zu betrachtende grosse Leberegel (*Fasciola hepatica*), trotz gleichem Zwischenwirt wie beim Pansenegel *Calicophoron daubeyi,* nicht nachgewiesen wurde (K. Krzysiak et al., 2014).

6.1.2.1 Paramphistomidae

Eier der Trematodenfamilie *Paramphistomidae* wurden in beiden Herden nachgewiesen. Dabei unterschied sich der Anteil positiver Proben signifikant (p = 0.029). Das Konfidenzintervall für positive Proben in der Rinderherde lag bei 59 – 86%, für die Wisentherde mit 32 – 63% cirka halb so hoch.
Pansenegel der Gattungen *Paramphistomum* spp. und *Calicophoron* sp. kommen in Mitteleuropa bei Rindern mit zunehmender Häufigkeit vor. Die häufigsten Arten sind dabei *C. daubneyi, P. cervi* und *P. leydeni* (Deplazes et al., 2021; Hecker et al., 2024). Beim Wisent ist *P. cervi* als Teil der Parasitenfauna ebenfalls beschrieben (Karbowiak et al., 2014a), wobei Buchmann et al. (2022) das Vorkommen von *C. daubneyi* wegen der morphologischen Ähnlichkeit derselben ebenfalls nicht ausschliessen.
Der Lebenszyklus der Pansenegel ist an Schnecken als Zwischenwirte gebunden (für *C. daubneyi* hauptsächlich die kleine Sumpfschnecke (*Galba truncatula*), welche auf der Sollmatt nachgewiesen wurde), worin larvale Stadien auch überwintern können. Die aus den Schnecken schlüpfenden Zerkarien entwickeln sich an Pflanzen haftend weiter zu infektiösen Metazerkarien, welche vom Endwirt mit dem Futter aufgenommen werden. Bei genügender Feuchtigkeit können alle Stadien der Pansenegel monatelang überleben. Pansenegelbefunde sind in der Regel Nebenbefunde von geringer klinischer Relevanz (Deplazes et al., 2021).
Aufgrund der hohen Tenazität der verschiedenen Entwicklungsstadien und dem Vorkommen des Zwischenwirtes besteht eine reelle Möglichkeit der Leberegeltransmission von einer Herde in die andere. Durch den signifikanten Unterschied der Anteile positiver Proben, scheint der Austausch von Parasiten von der Rinderherde zur Wisentherde wahrscheinlicher als umgekehrt.

6.1.2.2 Dicrocoelium dendriticum

Der kleine Leberegel wurde in wenigen Proben sowohl beim Wisent als auch in der Rinderherde nachgewiesen. Die geringe Anzahl positiver Proben ermöglicht keine statistische Interpretation der Befunde.
Dicrocoelium dendriticum ist in weiten Teilen der Welt verbreitet und hat ein breites Spektrum an Endwirten (diverse domestizierte und wilde Wiederkäuer, weitere Herbivoren). In der Schweiz ist Befall bei Wiederkäuern sehr häufig, 50% der Schlachtrinder haben einen positiven Leberegelbefund (Deplazes et al., 2021). Beim Wisent reichen bekannte Prävalenzen von 16% bis 41% (Karbowiak et al., 2014a).
Grund für die lokal hohen Prävalenzen sind unter anderem die hohe Tenazität (die Eier sind im Kot überwinterungsfähig, verschiedene Stadien in den Zwischenwirten ebenfalls), als auch das breite Spektrum and Wirten und Zwischenwirten.
Ausgeschiedene Eier enthalten ein Miracidium, welches nach Aufnahme durch einen ersten Zwischenwirt (diverse Arten gehäusetragender Landlungenschnecken) schlüpft und sich zu Sporozysten weiterentwickelt. Da verschiedene Landlungenschnecken als 1. Wirt vorhanden sind, kann der kleine Leberegel in feuchten und trockenen (dafür kalkhaltigen) Biotopen vorkommen. Aus den Sporozysten entstehen nach drei bis fünf Monaten bis zu 40 Zerkarien, welche über die Atemhöhle der Schnecken ausgeschieden werden und vom zweiten Zwischenwirt (verschiedene Ameisenarten) aufgenommen werden. Im diesem zweiten Zwischenwirt reifen die Zerkarien in mindestens 40 Tagen zu infektiösen

Metazerkarien. Nach der oralen Aufnahme durch den Endwirt (Weidegang oder Zufütterung von frischem Gras) schlüpfen die Metacercarien im Dünndarm und wandern in die Gallengänge in der Leber ein, wo sie geschlechtsreif werden und 1.5 – 6 Jahre persistieren können. Die Präpatenz beträgt ungefähr sieben Wochen. Das Infektionsrisiko ist normalerweise zu Beginn der Weideperiode am höchsten und kann im Herbst ein zweites Mal etwas ansteigen.
Die Schadwirkung des kleinen Leberegels auf domestizierte Wiederkäuer ist bei geringem bis mittelgradigem Befall bescheiden. Oft verlaufen die Infektionen inapparent, der Befall wird durch die Konfiszierung von befallenen Lebern am Schlachthof sichtbar. Untersuchungen beim Schaf zeigen trotz der geringen klinischen Relevanz nur eine mässig belastbare Immunitätsbildung. Reinfektionen und eine steigende Parasitenbürde über mehrere Weideperioden wurden beobachtet (Deplazes et al., 2021). Beim Wisent ist Befall mit dem kleinen Leberegel ebenfalls dokumentiert. Durch die geringe Pathogenität verglichen mit dem grossen Leberegel und vor dem Hintergrund, dass Koinfektionen mit demselben häufig sind, kann angenommen werden, dass der alleinige Nachweis in der Wisentherde nicht von tragender klinischer Relevanz ist. Die Frage nach der Herkunft dieser Parasitengattung kann aufgrund der Resultate nicht beantwortet werden. Sowohl für die Wisentherde, als auch die Rinderherde sollte der nachgewiesene Befall keine klinischen Konsequenzen haben. Auch hier ergibt sich durch die Beweidung gemeinsamer Flächen dennoch die Möglichkeit zur Parasitentransmission.

6.1.3 Cestoden

Die einzige nachgewiesene Bandwurmgattung *Moniezia* spp. wurde ausschliesslich in sechs Kotproben der Wisentherde gefunden (17%) und unterscheidet sich mit statistischer Signifikanz ($p = 0.025$) vom negativen Befund in der Rinderherde.
Die zwei relevanten Arten der Bandwurmgattung *Moniezia* bei Rindern in Europa sind *M. benedeni* und *M. expansa*. Beide Arten kommen weltweit bei diversen Wiederkäuerspezies vor. Das Rind ist dabei häufiger mit *M. benedeni* infiziert (Deplazes et al., 2021). Beim Wisent ist aktuell nur der Nachweis von *M. benedeni* gesichert (Karbowiak et al., 2014a). Der offizielle Nachweis von *M. expansa* ist bisher nicht gelungen, die Art wird dennoch ebenfalls der Parasitenfauna des Wisents zugeschrieben (Buchmann et al., 2022; Demiaszkiewicz et al., 2008; Karbowiak et al., 2014a).
Die Prävalenz für *Moniezia* spp. beim Rind ist variabel, Pilarczyk et al. (2019) fanden Prävalenzen von bis zu 24.5%. Beim Wisent gehen die Zahlen weit auseinander. Demiaszkiewicz et al. (2020) kamen in ihrer Studie mit 26 geschossenen Wisenten aus dem Bialowieza Forest auf eine Prävalenz von 42.3%, während Buchmann et al.(2022) für eine aus dem Bialowieza Forest umgesiedelte Herde eine 11%ige Prävalenz ausweist.
Der Lebenszyklus von *Moniezia* spp. beinhaltet als Zwischenwirt Moosmilbenarten. Nach der Aufnahme der *Moniezia*-Eier entwickelt sich in den Moosmilben innerhalb von 1-3 Monaten das infektiöse Cysticercoid. Die Tenazität ist hoch, Endwirte können sich auch bis zu zwei Jahre später durch die orale Aufnahme von befallenen Moosmilben infizieren. Zudem können die Parasiteneier im Kot auf Weiden den Winter überstehen. Eine Infektion ist während der gesamten Vegetationsperiode möglich, meist stecken sich Jungtiere in der ersten Hälfte der Weidesaison an. Nach einer Präpatenz von 30 – 52 Tagen beträgt die Patenz oft nicht mehr als drei Monate, maximal acht Monate (Deplazes et al., 2021). Die Eiausscheidung von *Moniezia* spp. war bei wilden Wisenten in Polen über die Wintermonate (Dezember – März) signifikant höher als über die Sommermonate. Ein Zusammenhang mit der erhöhten Tierdichte an Winterfutterplätzen wird dabei vermutet (Kołodziej-Sobocińska et al., 2016b). Diese Beobachtung wurde in dieser Studie nicht gemacht, die Mehrheit der positiven Befunde stammen aus dem Frühjahr, wobei die Tierdichte in der untersuchten Wisentherde mit 5 – 7 Tieren verhältnismässig gering war.
Peek and Divers (2018) bezeichnen *M. benedeni* beim Rind als nicht pathogen. Infektionen mit *Moniezia* spp. verlaufen meist symptomlos, extremer Befall kann zu Durchfall und Verstopfung führen (Deplazes et al., 2021). Beim Wisent ist das Krankheitspotential durch Bandwurmbefall weniger klar. Buchmann et

al. (2022) schätzen den Einfluss von *Moniezia* spp. auf die Konstitution von Wisenten trotz zwei dokumentierten Fällen von Monieziose als Todesursache als gering ein.
Die Interpretation des Infektionsgeschehens mit Moniezia spp. auf der Sollmatt ist nicht eindeutig zu beantworten. Positive Proben wurden in der Wisentherde über den gesamten Untersuchungszeitraum gefunden. Die vor der Umsiedlung gemachten parasitologischen Untersuchungen waren zwar negativ für *Moniezia* spp., dennoch kann damit möglicher Bandwurmbefall nicht mit Sicherheit ausgeschlossen werden. Der negative Nachweis in der Rinderherde kann weiter auch auf eine tiefe Prävalenz (95%KI = 0 – 10%) in der Rinderherde, beispielsweise aufgrund von immunkompetenten Tieren zurückzuführen sein. Zur Klärung dieses Sachverhalts wären weitere Untersuchungen notwendig. Festzuhalten ist, dass mögliche Übertragungen des Parasiten von einer Herde in die andere durch die gemeinsamen Weideflächen grundsätzlich nicht ausgeschlossen werden können.

6.1.4 Protozoen

Es wurden in den Untersuchungen vier verschiedene Protozoen-Gattungen identifiziert (*Giardia duodenalis, Eimeria* spp*., Cryptosporidium* spp*., Buxtonella sulcata*), wovon drei sowohl beim Rind als auch beim Wisent beschrieben sind (Deplazes et al., 2021; Karbowiak et al., 2014a). *Buxtonella sulcata* wurde dementsprechend auch ausschliesslich in Proben der Rinderherde gefunden. *B. sulcata* gilt als wenig pathogen, wobei Durchfall bei Rindern in anderen Klimaregionen (wie Subtropen und Tropen) beobachtet wurde (Deplazes et al., 2021; El-Ashram et al., 2019). Omeragic and Crnkic (2015) fanden in ihrer Studie, durchgeführt in Bosnien und Herzegowina, ebenfalls eine Assoziation von hohen Parasitenbürden mit Durchfall beim Rind. Die Rolle von *B. sulcata* als Krankheitserreger in Mitteleuropa bleibt mangels Studien dennoch unklar.
Bei den drei anderen identifizierten Parasitengattungen handelt es sich um vor allem für Jungtiere relevante Durchfallerreger (Deplazes et al., 2021). Der einmalige Nachweis von *G. duodenalis* in einer Wisentprobe ist statistisch nicht signifikant, das Vorhandensein von *G. duodenalis* in der Rinderherde kann aufgrund der zu geringen Probenanzahl nicht ausgeschlossen werden (95%-Konfidenzintervall: 0-10%). Der regelmässige Nachweis von *Eimeria* spp. in beiden Herden unterscheidet sich statistisch gesehen nicht, die 95%-Konfidenzintervalle zeigen eine grosse Überlappung (Tabelle 2). Statistisch signifikant ist das unterschiedliche Vorkommen von *Cryptosporidium* spp. (p=0.002). Während jede zweite Kotprobe der Rinderherde positiv auf Cryptosporidien getestet wurde (95%KI = 34 – 66%), waren nur fünf Proben der Wisentherde positiv (95%KI = 6 – 30%). Die ersten positiven Proben in der Wisentherde wurden erst im Dezember festgestellt. Diese Beobachtung als Beweis für eine Übertragung der Parasitengattung in die Wisentherde zu nehmen, wäre spekulativ. Umso mehr vor der Tatsache, dass die Wisentherde vor der Umsiedlung nicht auf Cryptosporidien untersucht wurde. Die genauen *Cryptosporidium*-Arten wurden beim Wisent bisher nicht genotypisiert. Aufgrund der Morphologie handelt es sich dabei jedoch höchstwahrscheinlich um *C. parvum*, eine Art, welche häufig beim Hausrind vorkommt (Paziewska et al., 2007). Der Hauptinfektionsweg ist die orale Aufnahme der *Cryptosporidium*-Oocysten in Stallhaltung mit erhöhter Kotverschmutzung. Die hohe Tenazität (in Feuchtigkeit bei Temperaturen bis 20°C ca. 3 Monate) der *Cryptosporidium*-Oocysten ermöglicht jedoch auch Infektionen während der Weideperiode (Deplazes et al., 2021). Hatam-Nahavandi et al. (2019) sehen auf Grund dessen und der zudem meist höheren Prävalenz von *Cryptosporidium* spp. bei domestizierten Wiederkäuern diese als potenzielles Parasitenreservoir für Wildwiederkäuer. In Bezug auf die Cryptosporidiensituation auf der Sollmatt ist anzumerken, dass weder bei den Rinder- noch bei den Wisentkälbern klinisch relevanter Durchfall beobachtet wurde. Weiter wurden positive *Cryptosporidium* spp.-Proben ausschliesslich mittels Antigenschnelltest detektiert. Die anschliessend durchgeführten mikroskopischen Nachweise blieben negativ, was auf niedrige Oozysten-Mengen in den genommenen Kotproben hindeutet. Trotzdem muss vor dem Hintergrund von geteilten

Weideflächen von einem möglichen Transmissionsrisiko für *Cryptosporidium* spp. (als auch *G. duodenalis* und *Eimeria* spp.) ausgegangen werden.

6.2 Analyse der quantitativen Untersuchung von MDS-Eiern über den Jahresverlauf

Die MDS-Eiausscheidung wurde mittels McMaster-Methode quantitativ über den Jahresverlauf untersucht. Dabei zeigte sich ein hochsignifikanter ($p<0.001$) Unterschied der nachgewiesenen EpG-Medianen zwischen den zwei Herden. Die Kotproben der Wisentherde wiesen über die gesamte Untersuchungsperiode betrachtet durchschnittlich über zehnfach mehr EpG (388 EpG) auf als die Proben der Rinderherde (33 EpG). Die geringe MDS-Eiausscheidung in der Rinderherde verunmöglicht einen zeitlichen Verlaufsbeschrieb derselben. Festgehalten werden kann der hohe Anteil positiver Proben bei geringer MDS-Eiausscheidung (Median <50 EpG), was von Wills et al. (2020) in Mutterkuhherden ebenfalls beschrieben wurde. Im Gegensatz dazu stehen die teils sehr hohen EpG-Werte in den Proben der Wisentherde (bis 2200 EpG). Diese Befunde sind vergleichbar mit den Ergebnissen bereits durchgeführter Studien. So liegt der Median mit 200 EpG auf demselben Niveau wie der einer nach Lille Vildmose umgesiedelten Wisentherde (Herskind et al., 2023). Gałązka et al. (2022) wiesen in ihrer Studie mit 166 Proben von polnischen Wisenten einen Median von 150 EpG, einen Durchschnitt von 239 EpG und eine Range von 50-2950 EpG aus. Gałązka et al. (2023) zeigt ähnliche Werte, die durchschnittliche Eiausscheidung ist mit 386 auf demselben Niveau wie die Resultate dieser Studie. Die Hypothese einer genetisch bedingten erhöhten Empfänglichkeit der Wisente für gastrointestinale Parasiten wird immer wieder aufgeworfen (Kołodziej-Sobocińska et al., 2018). Die Prüfung, in wie fern ein genetischer Flaschenhals die Immunität einer Spezies beeinflusst, bleibt allerdings schwierig (Radwan et al., 2010) und ist mit diesem Studienaufbau nicht möglich. Hohe Parasitenbürden nach Umsiedlungen können auch auf eine ungenügende Immunitätsbildung in Gefangenschaft (durch bspw. regelmässige Entwurmung oder fehlendem Kontakt mit spezifischen Parasiten) zurückzuführen sein (Faria et al., 2010; Kołodziej-Sobocińska et al., 2018; Mathews et al., 2006). Kołodziej-Sobocińska et al. (2018) zeigen in diesem Zusammenhang einen signifikant höheren Befall von ausgewilderten Wisenten mit *Ashwortius. sidemi*, verglichen mit etablierten Wildpopulationen.
Nebst den generell höheren EpG-Werten zeigt die MDS-Eiausscheidung der Wisentherde einen klaren zeitlichen Verlauf mit einem Höhepunkt im Juli und einem zweiten im Oktober. Diese Beobachtung unterscheidet sich markant von anderen gemachten Studien bei Wisenten in Polen und gleicht vielmehr dem bekannten epidemiologischen Verlauf der MDS-Eiausscheidung der Rinder, resp. von noch nicht immunkompetenten Jungrindern (Deplazes et al., 2021). Mögliche Ursachen, weshalb bei Wisenten im Bialowiezia Forest über die Winterperiode (Dezember – März) signifikant höhere MDS-EpG Werte erreicht werden (verglichen mit der Sommerperiode) liefern Kołodziej-Sobocińska et al. (2016). So soll dieses Phänomen auf die hohe Tierdichte an den Plätzen der Winterfütterung, die mögliche Präsenz von kälteresistenten, infektiösen Larvenstadien einiger Trichostrongyliden-Arten (bspw. *T. colubriformis*), sowie generell reduzierter Konstitution der Wisente (und damit erhöhter Anfälligkeit für Pathogene) über die Winterperiode zurückzuführen sein. Im Gegensatz dazu könnten die geringe Herdengrösse (fünf bis sieben Tiere) und das Konzept der Winterfütterung mittels Heuraufe positive Faktoren für einen niedrigen Infektionsdruck über die Winterperiode in der untersuchten Wisentherde auf der Sollmatt darstellen. Der hohe Anstieg der Eierausscheidung bis in den Hochsommer könnte zum einen auf eine bereits diskutierte schwache Immunitätsentwicklung gegenüber MDS in Gefangenschaft durch die durchgeführten Entwurmungen, als auch durch den erstmaligen Kontakt mit für die Wisentherde unbekannten MDS-Arten auf der Sollmatt ab dem Herbst 2022 zurückzuführen sein. Die hohen Werte im Juli könnten ebenfalls auch durch einen periparturient egg-rise hervorgerufen sein. Dabei handelt es sich um einen Anstieg der Parasitenbürde (und Eiausscheidung) um den Zeitpunkt der

Abkalbung oder Ablammung, welcher vor allem beim Schaf gut beschrieben ist (Höglund et al., 2021). Beim Wisent ist dieses Phänomen nicht direkt beschrieben, die von Pyziel et al. (2011) gemachte Beobachtung von erhöhter Kokkzidien-Oocysten-Ausscheidung bei Wisentkühen während der Abkalbeperiode könnte allerdings ein Indiz dafür sein, dass ein solcher Effekt auch bei Wisenten auftreten könnte. Zur Klärung dieses Sachverhalts sind allerdings wiederum weitere, spezifischere Untersuchungen unabdingbar. Die erneute quantitative Erfassung der MDS-Eiausscheidung über eine weitere Weideperiode könnte bezüglich der zwei gemachten Erklärungsversuche weitere Hinweise geben.

6.3 Limitationen

Die durchgeführte Studie ist zahlreichen Limitationen unterworfen. Zum einen ist die Sensitivität von koprologischen Untersuchungen eingeschränkt und falsch negative Befunde durch beispielsweise inkonstante Eiausscheidung aus dem Wirten möglich. Weiter ist die statistische Aussagekraft durch die geringen Stichprobengrössen begrenzt. Somit sind negative Befunde in einer Herde nicht beweisend für das Nicht-Vorhandensein einer Parasitengattung in dieser Herde. Die grösste Limitation stellt die in den meisten Fällen die nicht durchgeführte Artbestimmung dar. Dies schränkt die Aussagekraft der durchgeführten Interpretationen stark ein. Die Einschätzung des Transmissionsrisikos basiert deshalb zu einem grossen Anteil auf dazu durchgeführter Literaturrecherche, dessen Anwendbarkeit auf die lokale Parasitenfauna auf der Sollmatt ungeklärt bleibt. Durch die fehlende Artbestimmung konnte zudem das Vorkommen von *A. sidemi,* einem beim Wisent höchst relevanten Parasiten, nicht ausgeschlossen werden. Weiter muss hervorgehoben werden, dass ein möglicher Einfluss von anderen, ebenfalls im Studiengebiet vorkommenden Wildwiederkäuer auf die lokale Parasitenfauna in dieser Studie nicht berücksichtigt wurde.

6.4 Fazit und Ausblick

Die durchgeführte Studie zeigt die Ähnlichkeit der Parasitenfauna des Wisents zum Hausrind anhand eines direkten Vergleichs von zwei Populationen der beiden Spezies auf lokaler Ebene auf. Für diverse Parasitenfamilien und -gattungen ergibt sich durch die Beweidung gemeinsamer Wiesen die Möglichkeit der Parasitentransmission über die Speziesgrenzen hinweg. Die Transmission einzelner Parasitengattungen konnte mit dieser Studie jedoch nicht bewiesen werden. Weiter können die Resultate der durchgeführten Untersuchungen als Grundlage für kommende parasitologische Untersuchungen in Schweizer Wisentherden dienen und damit einen Beitrag für ein tieferes Verständnis der Dynamik der Parasitenfauna bei der Umsiedlung und Auswilderung von Wisenten ermöglichen.

7 Referenzen

Amt für Wald, Jagd und Fischerei Kanton Solothurn, 2024. Wildtierarten Kanton Solothurn [WWW Document]. Wildtierarten Kanton Soloth. URL https://so.ch/verwaltung/volkswirtschaftsdepartement/amt-fuer-wald-jagd-und-fischerei/jagd/wildtierarten-kanton-solothurn/

Buchmann, K., Christiansen, L.-L., Kania, P.W., Thamsborg, S.M., 2022. Introduced European bison (Bison bonasus) in a confined forest district: A ten year parasitological survey. Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 18, 292–299. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.07.005

Busato, A., Lentze, T., Hofer, D., Burnens, A., Hentrich, B., Gaillard, C., 1998. A Case Control Study of Potential Enteric Pathogens for Calves Raised in Cow-calf Herds. J. Vet. Med. Ser. B 45, 519–528. https://doi.org/10.1111/j.1439-0450.1998.tb00823.x

Demiaszkiewicz, A., Pyziel, A., Lachowicz, J., 2008. Stan zarazenia zubrow w Puszczy Bialowieskiej helmintami w sezonie zimowym 2007/2008. Eur. Bison Conserv. Newsl. 42–52.

Demiaszkiewicz, A.W., Lachowicz, J., Osińska, B., 2009. Ashworthius sidemi (Nematoda, Trichostrongylidae) in wild ruminants in Białowieza Forest. Pol. J. Vet. Sci. 12, 385–388.

Demiaszkiewicz, A.W., Pyziel, A.M., Kuligowska, I., Lachowicz, J., Krzysiak, M.K., 2012. Nematodes of the large intestine of the European bison of the Białowieża National Park. Ann. Parasitol. 9–13.

Demiaszkiewicz, A.W., Pyziel, A.M., Lachowicz, J., Filip-Hutsch, K., 2020. Occurrence of tapeworms Moniezia benedeni (Moniez, 1879) in European bison Bison bonasus L. in Białowieża Primeval Forest. Ann. Parasitol. 107–109. https://doi.org/10.17420/ap6601.244

Deplazes, P., Joachim, A., Mathis, A., Strube, C., Taubert, A., Samson-Himmelstjerna, G. von, Zahner, H., 2021. Parasitologie für die Tiermedizin, 4., überarbeitete Auflage. ed. Georg Thieme Verlag, Stuttgart New York.

Didkowska, A., Klich, D., Nowak, M., Wojciechowska, M., Prolejko, K., Kwiecień, E., Rzewuska, M., Olech, W., Anusz, K., 2023. A serological survey of pathogens associated with the respiratory and digestive system in the Polish European bison (Bison bonasus) population in 2017–2022. BMC Vet. Res. 19, 74. https://doi.org/10.1186/s12917-023-03627-y

Dróżdż, J., Demiaszkiewicz, A., Lachowicz, J., 2003. Expansion of the Asiatic parasite Ashworthius sidemi (Nematoda, Trichostrongylidae) in wild ruminants in Polish territory. Parasitol. Res. 89, 94–97. https://doi.org/10.1007/s00436-002-0675-7

El-Ashram, S., Aboelhadid, S.M., Kamel, A.A., Mahrous, L.N., Abdelwahab, K.H., 2019. Diversity of Parasitic Diarrhea Associated with Buxtonella Sulcata in Cattle and Buffalo Calves with Control of Buxtonellosis. Animals 9, 259. https://doi.org/10.3390/ani9050259

Faria, P.J., Van Oosterhout, C., Cable, J., 2010. Optimal release strategies for captive-bred animals in reintroduction programs: Experimental infections using the guppy as a model organism. Biol. Conserv. 143, 35–41. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.06.002

Gałązka, M., Klich, D., Anusz, K., Pyziel-Serafin, A.M., 2022. Veterinary monitoring of gastrointestinal parasites in European bison, Bison bonasus designated for translocation: Comparison of two coprological methods. Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 17, 166–173. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.01.008

Gałązka, M., Klich, D., Filip-Hutsch, K., Olech, W., Anusz, K., Pyziel, A.M., 2023. Endoparasite loads and the efficacy of conventional anthelmintics against gastrointestinal nematodes in captive European bison. Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 21, 224–231. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2023.06.005

Gortázar, C., Ferroglio, E., Höfle, U., Frölich, K., Vicente, J., 2007. Diseases shared between wildlife and livestock: a European perspective. Eur. J. Wildl. Res. 53, 241. https://doi.org/10.1007/s10344-007-0098-y

Granovit AG [WWW Document], 2024. granovit. URL https://www.granovit.ch

Hatam-Nahavandi, K., Ahmadpour, E., Carmena, D., Spotin, A., Bangoura, B., Xiao, L., 2019. Cryptosporidium infections in terrestrial ungulates with focus on livestock: a systematic review and meta-analysis. Parasit. Vectors 12, 453. https://doi.org/10.1186/s13071-019-3704-4

Hecker, A.S., Raulf, M.-K., König, S., Knubben-Schweizer, G., Wenzel, C., May, K., Strube, C., 2024. In-herd prevalence of Fasciola hepatica and Calicophoron / Paramphistomum spp. infections in German dairy cows with comparison of two coproscopical methods and establishment of real-time pyrosequencing for rumen fluke species differentiation. Vet. Parasitol. 327, 110142. https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2024.110142

Herskind, C., Petersen, H.H., Pertoldi, C., Østergaard, S.K., Kołodziej-Sobocińska, M., Sobociński, W., Tokarska, M., Hammer Jensen, T., 2023. Effect of Translocation on Host Diet and Parasite Egg Burden: A Study of the European Bison (Bison bonasus). Biology 12, 680. https://doi.org/10.3390/biology12050680

Höglund, J., Carlsson, A., Gustafsson, K., 2021. Effects of lambing season on nematode faecal egg output in ewes. Vet. Parasitol. Reg. Stud. Rep. 26, 100633. https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2021.100633

IUCN, 2020. Bison bonasus: Plumb, G., Kowalczyk, R. & Hernandez-Blanco, J.A.: The IUCN Red List of Threatened Species 2020: e.T2814A45156279.

Izdebska, J.N., Rolbiecki, L., Bielecki, W., 2022. Demodex bialoviensis sp. nov. (Acariformes, Demodecidae) a new, specific parasite of the European bison Bison bonasus (Artiodactyla, Bovidae). Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 17, 138–143. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.01.003

K. Krzysiak, M., Dackiewicz, J., Kęsik-Maliszewska, J., Larska, M., 2014. Post-Mortem Evaluation of Pathological Lesions in European Bison (*Bison Bonasus*) in the Białowieża Primeval Forest Between 2008 and 2013. Bull. Vet. Inst. Pulawy 58, 421–431. https://doi.org/10.2478/bvip-2014-0065

Karbowiak, G., Demiaszkiewicz, A., Pyziel, A., Wita, I., Moskwa, B., Werszko, J., Bień, J., Goździk, K., Lachowicz, J., Cabaj, W., 2014a. The parasitic fauna of the European bison (Bison bonasus) (Linnaeus, 1758) and their impact on the conservation. Part 1 The summarising list of parasites noted. Acta Parasitol. 59. https://doi.org/10.2478/s11686-014-0252-0

Karbowiak, G., Demiaszkiewicz, A., Pyziel, A., Wita, I., Moskwa, B., Werszko, J., Bień, J., Goździk, K., Lachowicz, J., Cabaj, W., 2014b. The parasitic fauna of the European bison (Bison bonasus) (Linnaeus, 1758) and their impact on the conservation. Part 2 The structure and changes over time. Acta Parasitol. 59. https://doi.org/10.2478/s11686-014-0253-z

Kilchenmann, M., 2024. Email "Informationen Wisentherde".

Kołodziej-Sobocińska, M., Demiaszkiewicz, A.W., Pyziel, A.M., Kowalczyk, R., 2018. Increased Parasitic Load in Captive-Released European Bison (Bison bonasus) has Important Implications for Reintroduction Programs. EcoHealth 15, 467–471. https://doi.org/10.1007/s10393-018-1327-4

Kołodziej-Sobocińska, M., Demiaszkiewicz, A.W., Pyziel, A.M., Marczuk, B., Kowalczyk, R., 2016a. Does the blood-sucking nematode Ashworthius sidemi (Trichostrongylidae) cause deterioration of blood parameters in European bison (Bison bonasus)? Eur. J. Wildl. Res. 62, 781–785. https://doi.org/10.1007/s10344-016-1037-6

Kołodziej-Sobocińska, M., Pyziel, A.M., Demiaszkiewicz, A.W., Borowik, T., Kowalczyk, R., 2016b. Pattern of parasite egg shedding by European bison (Bison bonasus) in the Białowieża Primeval Forest, Poland. Mammal Res. 61, 179–186. https://doi.org/10.1007/s13364-016-0270-4

Krasińska, M., Krasiński, Z.A., 2013. European Bison: The Nature Monograph. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-36555-3

Krzysiak, M.K., Demiaszkiewicz, A.W., Larska, M., Tomana, J., Anusz, K., 2020. Parasitological monitoring of European bison (*Bison bonasus*) from three forests of north-eastern Poland between 2014 and 2016. J. Vet. Res. 64, 103–110. https://doi.org/10.2478/jvetres-2020-0022

Larska, M., K. Krzysiak, M., 2019. Infectious Disease Monitoring of European Bison (*Bison bonasus*), in: Ferretti, M. (Ed.), Wildlife Population Monitoring. IntechOpen. https://doi.org/10.5772/intechopen.84290

Lehrter, V., Jouet, D., Liénard, E., Decors, A., Patrelle, C., 2016. Ashworthius sidemi Schulz, 1933 and Haemonchus contortus (Rudolphi, 1803) in cervids in France: integrative approach for species identification. Infect. Genet. Evol. 46, 94–101. https://doi.org/10.1016/j.meegid.2016.10.027

Mathews, F., Moro, D., Strachan, R., Gelling, M., Buller, N., 2006. Health surveillance in wildlife reintroductions. Biol. Conserv. 131, 338–347. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2006.04.011

Megacor Diagnostik, 2023. Gebrauchsinformation Version 08/2023 FASTest® CRYPTO-GIARDIA Strip ad us. vet.

Megacor GmbH, 2024. . Megacor - Focus. Vet. Diagn. URL https://www.megacor.at/product.html

Miller, R.S., Farnsworth, M.L., Malmberg, J.L., 2013. Diseases at the livestock–wildlife interface: Status, challenges, and opportunities in the United States. Prev. Vet. Med. 110, 119–132. https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2012.11.021

Moskwa, B., Bień, J., Cybulska, A., Kornacka, A., Krzysiak, M., Cencek, T., Cabaj, W., 2015. The first identification of a blood-sucking abomasal nematode Ashworthius sidemi in cattle (Bos taurus) using simple polymerase chain reaction (PCR). Vet. Parasitol. 211, 106–109. https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2015.04.013

Omeragic, J., Crnkic, C., 2015. Diarrhoea in cattle caused by Buxtonella sulcata in Sarajevo area. Veterinaria Vol. 64, 50–54.

Paziewska, A., Bednarska, M., Nieweglowski, H., Karbowiak, G., Bajer, A., 2007. DISTRIBUTION OF CRYPTOSPORIDIUM AND GIARDIA SPP. IN SELECTED SPECIES OF PROTECTED AND GAME MAMMALS FROM NORTH-EASTERN POLAND. Ann Agric Env. Med 265–270.

Peek, S.F., Divers, T.J., 2018. Rebhun's diseases of dairy cattle, Third edition. ed. Elsevier, St. Louis, Missouri.

Pilarczyk, B., Tomza-Marciniak, A., Sablik, P., Pilarczyk, R., 2019. Parasites of the digestive tract in cows managed in alternative (organic and biodynamic) as well as conventional farms in West Pomerania. Ann. Parasitol. 387–396. https://doi.org/10.17420/ap6504.225

Pyziel, A.M., Björck, S., Wiklund, R., Skarin, M., Demiaszkiewicz, A.W., Höglund, J., 2018. Gastrointestinal parasites of captive European bison Bison bonasus (L.) with a sign of reduced efficacy of Haemonchus contortus to fenbendazole. Parasitol. Res. 117, 295–302. https://doi.org/10.1007/s00436-017-5663-z

Pyziel, A.M., Kowalczyk, R., Demiaszkiewicz, A.W., 2011. The Annual Cycle of Shedding Eimeria Oocysts by European Bison (Bison bonasus) in the Bialowieza Primeval Forest, Poland. J. Parasitol. 97, 737–739. https://doi.org/10.1645/GE-2567.1

Raczynski, Bolbot, 2023. European Bison Pedigree Book 2022. BIAŁOWIESKI PARK NARODOWY, 17-230 Bialowieza.

Radwan, J., Biedrzycka, A., Babik, W., 2010. Does reduced MHC diversity decrease viability of vertebrate populations? Biol. Conserv. 143, 537–544. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.07.026

swisstopo, 2024. Landeskarte [WWW Document]. Bundesamt Für Landestopografie Swisstopo. URL https://s.geo.admin.ch/4m3gjt6y28dd (accessed 8.18.24).

Telonics Inc [WWW Document], 2024. . TR-8 Handheld Scanning Receiv. URL https://www.telonics.com/products/vhfReceivers/tr-8.php

UFA AG [WWW Document], 2024. URL https://www.ufa.ch/product/ufa-994

Vadlejch, J., Kyriánová, I.A., Rylková, K., Zikmund, M., Langrová, I., 2017. Health risks associated with wild animal translocation: a case of the European bison and an alien parasite. Biol. Invasions 19, 1121–1125. https://doi.org/10.1007/s10530-016-1306-z

Verein Wisent Thal, 2020. Projektbeschrieb Projekt Wisent Thal.

Walker, J.G., Morgan, E.R., 2014. Generalists at the interface: Nematode transmission between wild and domestic ungulates. Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 3, 242–250. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2014.08.001

Wills, F.K., Waldner, C.L., Campbell, J.R., Pollock, C., Uehlinger, F.D., 2020. Gastrointestinal nematode prevalence and fecal egg counts in beef cattle from western Canada. Can. Vet. J. Rev. Veterinaire Can. 61, 605–612.

Winter, J., Rehbein, S., Joachim, A., 2018. Transmission of Helminths between Species of Ruminants in Austria Appears More Likely to Occur than Generally Assumed. Front. Vet. Sci. 5, 30. https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00030

8 Danksagung

Ohne die engagierte Unterstützung zahlreicher Personen wäre diese Studie nicht realisierbar gewesen. Ich möchte meinen herzlichen Dank an alle aussprechen, die mich mit Rat und Tat begleitet haben. Mein besonderer Dank gilt Caroline Frey und Darius Weber für ihre durchgehende Betreuung und Expertise von Beginn an bis zum Abschluss dieser Studie. Zudem danke ich dem Institut für Parasitologie Bern für die Bereitstellung der labordiagnostischen Infrastruktur. Ein weiterer großer Dank geht an Benjamin Brunner und Caroline Müller für ihre Unterstützung bei der Probesammlung oder der wertvollen Hilfe bei der Probenanalyse. An dieser Stelle möchte ich mich auch bei Elena Emmenegger und Livia Hausmann für die Fortführung der Probennahmen während meiner Abwesenheit herzlich bedanken. Mein Dank gilt ebenso dem gesamten Team des Parasitologischen Instituts Bern für ihre tatkräftige Unterstützung, dem Verein Wisent im Thal für die Möglichkeit, diese Arbeit in ihrer Wisentherde durchzuführen, sowie allen weiteren Personen, die zur Fertigstellung dieser Arbeit beigetragen haben.

9 Annex

9.1 Aufnahmen Parasiten

Abbildung 5: MDS-Eier (Wisent, 26.08.2024)

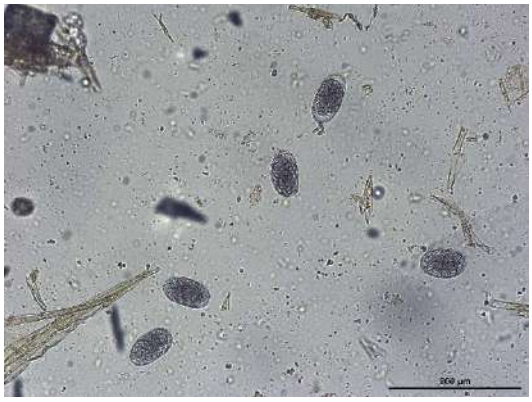


Abbildung 6: *Nematodirus*-Ei (Wisent, 26.08.2024)

Abbildung 7: *Trichuris*-Ei (Wisent, 07.10.2023)

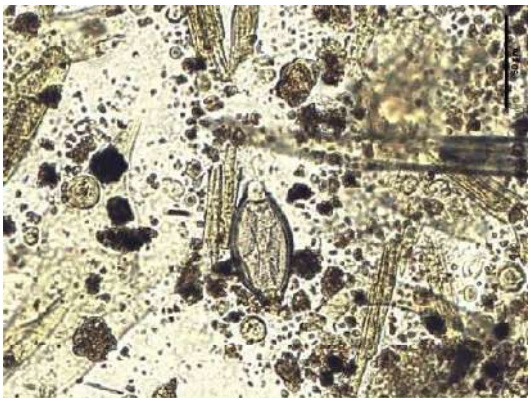


Abbildung 8: *Paramphistomum*-Ei (Rind, 18.10.2023)

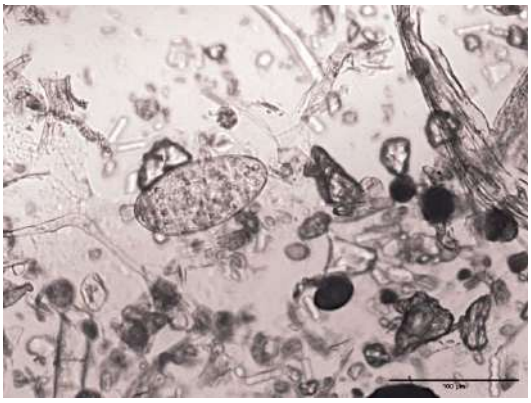


Abbildung 9: *Dicrocoelium dendriticum*-Ei (Rind, 02.12.2023)

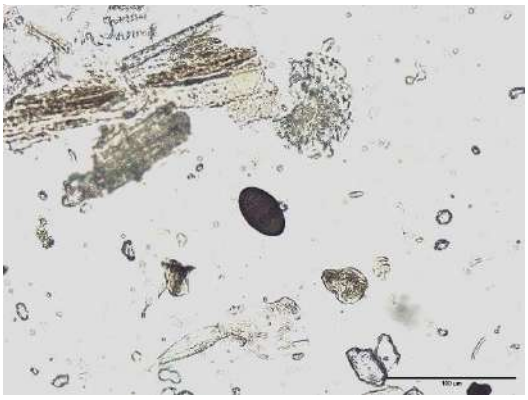


Abbildung 10: *Moniezia* spp. - Ei (Wisent, 26.08.2024)

Abbildung 11: *Eimeria* spp. – Oozyste und MDS-Ei (Wisent, 07.10.2023)

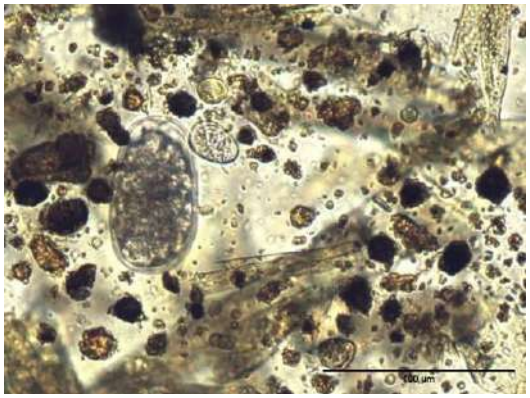


Abbildung 12: *Buxtonella* sp. – Zyste (Rind, 06.10.2023)

9.2 Resultate Beprobungen

Aufgrund der semiquantitativen Auswertung der Proben sind positive Proben mit den Zahlenwerten 1-3 gekennzeichnet (1 = geringgradige Anzahl, 3 = hochgradige Anzahl).

9.2.1 Wisentherde

		Flotation						
		MDS	Moniezia	Eimeria	Trichuris	Bunostomum	Strongyloides	Nematodirus
12.04.2023	W1	1	2	1				
12.04.2023	W2	1			1			
12.04.2023	W3	2			1			
02.05.2023	W4	3	1	2				
02.05.2023	W5	2		1				
02.05.2023	W6	2		1	1			
01.06.2023	W7	2		1				
01.06.2023	W8	2		1				
01.06.2023	W9	1	1	1				
12.07.2023	W10	3		1		1		
12.07.2023	W11	2		1			1	
12.07.2023	W12	2		1				
05.08.2023	W13	2		1			1	
05.08.2023	W14	2		1				
05.08.2023	W15	2		1				
02.09.2023	W16	2					1	
02.09.2023	W17	1					1	
02.09.2023	W18	1		1				
07.10.2023	W19	3		1	1			
07.10.2023	W20	1						
07.10.2023	W21	1		1				
04.11.2023	W22	1		1			1	
04.11.2023	W23	2					1	
04.11.2023	W24	1		1				
02.12.2023	W25	1						
02.12.2023	W26	2		1				
02.12.2023	W27	1	1	1	1		1	1
13.01.2024	W28	2						
13.01.2024	W29	1		1				
13.01.2024	W30	1		1				
02.02.2024	W31	1		2				
02.02.2024	W32	1						
02.02.2024	W33	1		1				
23.03.2024	W34	1	1	3				
23.03.2024	W35	2	1	2				1
23.03.2024	W36	2		3				

		Sedimentation					FAS	
		Paramphiston	Trichuris	MDS	Bunostomum	Dicrocoelium	Giardia	Cryptosporide
12.04.2023	W1						x	x
12.04.2023	W2	1					x	x
12.04.2023	W3	1					x	x
02.05.2023	W4	1						
02.05.2023	W5							
02.05.2023	W6	1						
01.06.2023	W7	1	1	1				
01.06.2023	W8	1		1				
01.06.2023	W9			1				
12.07.2023	W10			1				
12.07.2023	W11	1		1	1			
12.07.2023	W12			1	1			
05.08.2023	W13	1						
05.08.2023	W14	1						
05.08.2023	W15							
02.09.2023	W16	1						
02.09.2023	W17	1						
02.09.2023	W18							
07.10.2023	W19						1	
07.10.2023	W20							
07.10.2023	W21							
04.11.2023	W22	1						
04.11.2023	W23	1						
04.11.2023	W24							
02.12.2023	W25		1	1				1
02.12.2023	W26							1
02.12.2023	W27	1						1
13.01.2024	W28	1				1		
13.01.2024	W29							1
13.01.2024	W30							1
02.02.2024	W31							
02.02.2024	W32	1						
02.02.2024	W33							
23.03.2024	W34	1						
23.03.2024	W35							
23.03.2024	W36							

9.2.2 Rinderherde

		Flotation			
		MDS	Eimeria	Bunostomum	Strongyloides
12.04.2023	R1	2	1	1	
12.04.2023	R2	2	1	1	
12.04.2023	R3	1	1		
02.05.2023	R4	2	2	1	
02.05.2023	R5	1	1		
02.05.2023	R6	1	1		
01.06.2023	R7	1	2		
01.06.2023	R8	1	2		
01.06.2023	R9	1	1		
12.07.2023	R10	1	1		1
12.07.2023	R11	1	1		
12.07.2023	R12	2	2		
05.08.2023	R13	1			
05.08.2023	R14	1	1		1
05.08.2023	R15	1	1		
02.09.2023	R16	1			
02.09.2023	R17	1			
02.09.2023	R18	1	1		
07.10.2023	R19	1	1		
07.10.2023	R20	1			
07.10.2023	R21	1			
04.11.2023	R22	1			
04.11.2023	R23	1			1
04.11.2023	R24	1			
02.12.2023	R25	1	2		
02.12.2023	R26	1	1		
02.12.2023	R27				
13.01.2024	R28	1	1		
13.01.2024	R29	1	2		
13.01.2024	R30	1			
02.02.2024	R31	1			
02.02.2024	R32	1			
02.02.2024	R33	1	1		
23.03.2024	R34	1	2		
23.03.2024	R35	1	1		
23.03.2024	R36	1	1		

		Sedimentation				FAS	
		Paramphiston	MDS	Buxtonella	Dicrocoelium	Giardia	Cryptosporidi
12.04.2023	R1					x	x
12.04.2023	R2	1		1		x	x
12.04.2023	R3	1		1		x	x
02.05.2023	R4	1		2			1
02.05.2023	R5	2					1
02.05.2023	R6			1			1
01.06.2023	R7	2					1
01.06.2023	R8			1			1
01.06.2023	R9	2		1			1
12.07.2023	R10	1					
12.07.2023	R11	1		1			
12.07.2023	R12		1	1			
05.08.2023	R13	1		2			
05.08.2023	R14						1
05.08.2023	R15	1					
02.09.2023	R16	1		1			
02.09.2023	R17	1		1			
02.09.2023	R18	1		1			
07.10.2023	R19			1			
07.10.2023	R20	2		1	1		
07.10.2023	R21	1		1			
04.11.2023	R22	2					1
04.11.2023	R23	1					1
04.11.2023	R24			1			1
02.12.2023	R25	1		1			1
02.12.2023	R26	1		1	1		1
02.12.2023	R27	1		2			1
13.01.2024	R28	1					
13.01.2024	R29			1			1
13.01.2024	R30	1		1	1		1
02.02.2024	R31	1			1		1
02.02.2024	R32	1					1
02.02.2024	R33	2					1
23.03.2024	R34						
23.03.2024	R35	1	1				
23.03.2024	R36	1					

9.2.3 McMaster

Einheit: Eier pro Gramm Kot

	MDS Wisentherde	MDS Rinderherde
12.04.2023	50	0
12.04.2023	50	400
12.04.2023	650	0
02.05.2023	250	150
02.05.2023	800	0
02.05.2023	400	150
01.06.2023	1650	0
01.06.2023	750	100
01.06.2023	100	100
12.07.2023	1100	50
12.07.2023	750	50
12.07.2023	2200	100
05.08.2023	900	0
05.08.2023	400	0
05.08.2023	350	0
02.09.2023	300	0
02.09.2023	200	50
02.09.2023	200	0
07.10.2023	1350	0
07.10.2023	200	0
07.10.2023	100	0
04.11.2023	50	0
04.11.2023	250	0
04.11.2023	100	0
02.12.2023	0	50
02.12.2023	100	0
02.12.2023	150	0
13.01.2024	0	0
13.01.2024	50	0
13.01.2024	50	0
02.02.2024	50	0
02.02.2024	100	0
02.02.2024	0	0
23.03.2024	100	0
23.03.2024	50	0
23.03.2024	200	0

9.3 R-Skript

```
> R.version.string
[1] "R version 4.4.1 (2024-06-14 ucrt)"

> install.packages("binom")
> library(binom)

> install.packages(«tidyr»)
> library(tidyr)
```

#Konfidenzintervalle nach Wilson (Beispiel):

```
Strongyloides spp.
  Wisent
  > binom.confint(7,36, conf.level = 0.95, methods = "wilson")
  method x  n      mean      lower     upper
1 wilson 7 36 0.1944444 0.09753095 0.3502804
  Rind
  > binom.confint(4,36, conf.level = 0.95, methods = "wilson")
  method x  n      mean     lower     upper
1 wilson 4 36 0.1111111 0.0440664 0.2531481
```

#Fisher's exact test (Beispiel):

```
Paramphistomidae
> a<-17
> b<-27
> c<-19
> d<-9
> my_table <- matrix(c(a, b, c, d), nrow = 2, byrow = TRUE)
> fisher.test(my_table)

        Fisher's Exact Test for Count Data

data:  my_table
p-value = 0.02873
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.09635266 0.89701366
sample estimates:
odds ratio
 0.3035604
```

 # Wilcoxon rank sum test for median faecal egg count

```
> data_second_table <- read.table(text="Wisentherde          Rinderherde
+ 50      0
+ 50      400
+ 650     0
+ 250     150
+ 800     0
+ 400     150
+ 1650    0
```

```
+ 750     100
+ 100     100
+ 1100    50
+ 750     50
+ 2200    100
+ 900     0
+ 400     0
+ 350     0
+ 300     0
+ 200     50
+ 200     0
+ 1350    0
+ 200     0
+ 100     0
+ 50      0
+ 250     0
+ 100     0
+ 0       50
+ 100     0
+ 150     0
+ 0       0
+ 50      0
+ 50      0
+ 50      0
+ 100     0
+ 0       0
+ 100     0
+ 50      0
+ 200     0", header=TRUE)

> library(tidyr)
> data_long <- data_second_table %>%
+     pivot_longer(cols = everything(),
+                  names_to = "Herde",
+                  values_to = "ParasiteEggCount")
>
> data_long$Herde <- as.factor(data_long$Herde)
> data_long$ParasiteEggCount <- as.numeric(data_long$ParasiteEggCount)

> wilcox_test_result <- wilcox.test(ParasiteEggCount ~ Herde, data = data_long)
Warnmeldung:
In wilcox.test.default(x = DATA[[1L]], y = DATA[[2L]], ...) :
  kann bei Bindungen keinen exakten p-Wert Berechnen
> print(wilcox_test_result)

        Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  ParasiteEggCount by Herde
W = 163, p-value = 1.501e-08
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```