

Inaugural-Dissertation zur Erlangung der Doktorwürde  
der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität  
München

Netzwerkanalyse zur bovinen Tuberkulose  
im bayerischen Voralpenraum

von Julia Anne Désirée Boenchendorf  
aus Châtenay-Malabry, Frankreich

München 2016

Aus dem Zentrum für Klinische Tiermedizin der Tierärztlichen Fakultät  
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Lehrstuhl für Innere Medizin und Chirurgie der Wiederkäuer

Arbeit angefertigt unter der Leitung von  
Univ.-Prof. Dr. *Gabriela Knubben-Schweizer*

**Gedruckt mit der Genehmigung der Tierärztlichen Fakultät  
der Ludwig-Maximilians-Universität München**

**Dekan:** Univ.-Prof. Dr. Joachim Braun

**Berichterstatter:** Univ.-Prof. Dr. Gabriela Knubben-Schweizer

**Korreferent:** Univ.-Prof. Dr. Reinhard K. Straubinger  
Univ.-Prof. Dr. Rolf Mansfeld  
Priv.-Doz. Dr. Sven Reese  
Univ.-Prof. Dr. Dr. habil. Manfred Gareis

**Tag der Promotion:** 6. Februar 2016

## Meinen Eltern

Zur Tagesweide

Frühmorgens.

Die Tiere sind gemolken.

Sie ziehen auf die Weide.

Das Gras ist nass von der Nacht.

Morgentau, wie liebe ich deine Frische.

MARTIN BIENERTH in  
„Alp: himmelhoch, erdenschön“

# INHALTSVERZEICHNIS

<b>I.</b>	<b>EINLEITUNG .....</b>	<b>1</b>
<b>II.</b>	<b>LITERATURÜBERSICHT .....</b>	<b>3</b>
<b>1.</b>	<b>Tuberkulose .....</b>	<b>3</b>
1.1.	Tuberkulose beim Rind in Deutschland .....	3
1.2.	Bedeutung als Zoonose .....	5
1.3.	Tuberkulose bei Wildtieren .....	6
1.3.1.	Tuberkulose beim Rotwild .....	7
1.3.2.	Interaktionen zwischen Wildtieren und Rindern .....	8
1.4.	Tuberkulose-Geschehen im Alpenraum .....	9
1.4.1.	Österreich .....	10
1.4.2.	Bayern .....	12
1.4.2.1.	Rotwild .....	12
1.4.2.2.	Rinder .....	14
1.4.2.3.	Alm-/Alpwirtschaft .....	15
<b>2.</b>	<b>Netzwerkanalyse .....</b>	<b>17</b>
2.1.	Anwendung in der Veterinärmedizin .....	18
2.1.1.	NWA in der veterinärmedizinischen TB-Forschung .....	21
2.1.2.	NWA in der Veterinärmedizin in Deutschland .....	22
<b>III.</b>	<b>MATERIAL UND METHODEN .....</b>	<b>24</b>
<b>1.</b>	<b>Daten aus der HIT-Datenbank .....</b>	<b>24</b>
1.1.	Akquise und Aufbereitung der Rohdaten .....	24
1.1.1.	Untersuchungsgebiet .....	24
1.1.2.	TB-Befunde .....	25
1.1.3.	Begriffsdefinitionen .....	25
1.1.4.	Betriebe .....	27
1.1.5.	Rinder .....	28
1.1.6.	Lebensläufe .....	28
1.1.7.	Tierbewegungen .....	29

---

1.2.	Datenaufbereitung .....	30
1.2.1.	Aufenthalte .....	30
1.2.2.	Kontakte .....	31
1.3.	Auswertung .....	32
1.3.1.	Deskription .....	33
1.3.2.	Netzwerkanalysen .....	35
1.3.2.1.	Netzwerk der Tierbewegungen .....	35
1.3.2.2.	Netzwerk der Tierkontakte.....	38
1.3.2.3.	Visualisierung beider Netzwerktypen .....	38
1.3.3.	Regressionsanalysen.....	40
1.3.3.1.	Betriebsebene .....	40
1.3.3.2.	Tierebene .....	42
<b>2.</b>	<b>Daten zum Rotwild.....</b>	<b>43</b>
2.1.	Beschreibung .....	43
2.2.	Auswertung .....	44
<b>IV.</b>	<b>ERGEBNISSE .....</b>	<b>45</b>
<b>1.</b>	<b>Deskription der Daten zum TB-Geschehen bei Rindern und Rotwild sowie zu Rinder- und Almwirtschaft.....</b>	<b>45</b>
1.1.	Beschreibung der Befunde .....	45
1.2.	Beschreibung der Betriebe .....	46
1.3.	Beschreibung der Tiere .....	47
1.4.	Geografische Deskription.....	48
<b>2.</b>	<b>Netzwerkanalysen.....</b>	<b>57</b>
2.1.	Visualisierung der Netzwerke .....	57
2.2.	Exploration des Handelsnetzwerkes.....	67
2.2.1.	Zentralitätsmaße .....	70
2.2.2.	Bestimmung der Kausalitätstreue.....	77
2.3.	Exploration des Tierkontakt-Netzwerkes.....	77
2.3.1.	Aufenthalte positiver Tiere auf Betrieben verschiedener Typen .....	77
2.3.2.	Kontakte positiver Tiere auf Betrieben verschiedener Typen.....	80
<b>3.</b>	<b>Regressionsanalysen.....</b>	<b>81</b>
3.1.	Regressionsanalysen auf Betriebsebene.....	81
3.2.	Regressionsanalysen auf Tierebene .....	83

---

<b>V.</b>	<b>DISKUSSION .....</b>	<b>85</b>
<b>VI.</b>	<b>ZUSAMMENFASSUNG .....</b>	<b>108</b>
<b>VII.</b>	<b>SUMMARY.....</b>	<b>110</b>
<b>VIII.</b>	<b>LITERATURVERZEICHNIS .....</b>	<b>112</b>
<b>IX.</b>	<b>ANHANG .....</b>	<b>134</b>
<b>1.</b>	<b>Einführung in die soziale Netzwerkanalyse .....</b>	<b>134</b>
<b>2.</b>	<b>Verwendete Software bei der Datenanalyse .....</b>	<b>136</b>
<b>3.</b>	<b>Applikation zur geografischen Deskription.....</b>	<b>138</b>
<b>4.</b>	<b>Applikation zur Exploration der Zentralitätsmaße.....</b>	<b>139</b>
<b>5.</b>	<b>Applikation zur Visualisierung der Netzwerke .....</b>	<b>140</b>
<b>6.</b>	<b>Ergänzung zur geografischen Deskription der Daten .....</b>	<b>143</b>
<b>7.</b>	<b>Ergänzung zur Visualisierung der Netzwerke .....</b>	<b>145</b>
<b>8.</b>	<b>Legende .....</b>	<b>148</b>
<b>X.</b>	<b>DANKSAGUNG .....</b>	<b>149</b>

**ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS**

TB	Tuberkulose	InD	In-Degree
M.	Mycobacterium	OutD	Out-Degree
MTC	Mycobacterium-tuberculosis-Komplex	ID	Kennung (Betrieb, Tier)
WHO	World Health Organization	USA	Vereinigte Staaten von Amerika
DNA	Deoxyribonucleic Acid	Almbetrieb	Alm-/Alpbetrieb
RNA	Ribonucleic Acid		
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism		
EWG	Europäische Wirtschaftsgemeinschaft		
FLI	Friedrich-Loeffler-Institut		
EFSA	European Food Safety Authority		
OTF	Officially Tuberculosis Free		
NWA	Netzwerkanalyse		
SNA	Soziale Netzwerkanalyse		
MIRU	Mycobacterial interspersed repetitive unit		
AGES	Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit		
HIT	Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere		
LGL	Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit		
StMELF	Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten		
TMO	Tuberkulin-Monotest		
TSI	Tuberkulin-Simultantest		

## I. EINLEITUNG

Obwohl die Tuberkulose (TB) nach wie vor ein großes Problem für die globale Gesundheit darstellt, ist sie in Mitteleuropa nahezu aus dem Bewusstsein der Menschen verschwunden (AMANFU, 2006). Etwa ein Drittel der Weltbevölkerung ist mit TB-Erregern infiziert (SELBITZ et al., 2011), die TB rangiert weltweit auf Platz zwei der infektiösen Todesursachen (WHO, 2014). Auch in Deutschland spielt die TB beim Menschen nach wie vor eine Rolle (BRODHUN et al., 2014), wobei der Anteil der Infektionen mit Erregern der bovinen TB an den TB-Fällen in Deutschland heute 1-2 % beträgt. Im Süden Deutschlands werden jedoch bis zu 80 % der mit *M. bovis* assoziierten TB-Fälle beim Menschen von *M. caprae* verursacht (KUBICA et al., 2003). Dieses Pathogen scheint im Süden Deutschlands bzw. speziell in der bayerisch-österreichischen Grenzregion seit langer Zeit endemisch zu sein (PRODINGER et al., 2002; PRODINGER et al., 2005) und verursachte dort in den letzten Jahren einen Wiederanstieg der TB-Fälle bei Rindern und Rotwild (PRODINGER et al., 2002; GLAWISCHNIG et al., 2003; PRODINGER et al., 2003; ERLER et al., 2004; PRODINGER et al., 2005; GERSTMAIR, 2011; SCHOEPF et al., 2012; ANONYMUS, 2013; BÜTTNER et al., 2013b; MÜLLER et al., 2014; STEBER, 2014; FINK et al., 2015; RETTINGER et al., 2015). Die TB-Infektion scheint sich in der Rotwild-Population im bayerisch-österreichischen Grenzgebiet mittlerweile ohne Eintrag von außen erhalten zu können (SCHOEPF et al., 2012; FINK et al., 2015). Insgesamt treten *M. caprae*-Fälle beim Menschen auch im Süden Deutschlands nur noch selten und hauptsächlich bei älteren Patienten auf, was letztlich der konsequenten Durchführung von Tierseuchenbekämpfungsmaßnahmen in den vergangenen Jahrzehnten geschuldet ist. Sollte die Zahl der TB-Ausbrüche beim Rind weiterhin ansteigen, könnte sich der beobachtete Abwärtstrend der *M. caprae*-Fälle auch beim Menschen wieder umkehren (PRODINGER et al., 2014). Außerdem könnte ein weiterer Anstieg der TB-Fallzahlen beim Rind für die betroffene Region im Süden Bayerns oder gar für ganz Deutschland zum Verlust des OTF-Status („officially tuberculosis free“) führen, was gravierende Konsequenzen für den Rinderhandel auf regionaler bzw. landesweiter Ebene hätte. Aus mehreren Gründen ist die Bekämpfung der bovinen Tuberkulose in

---

Bayern also ein Unterfangen von äußerster Priorität. Im aktuellen TB-Geschehen gibt es allerdings noch einige Komponenten, deren epidemiologische Bedeutung nicht hinreichend geklärt ist. Unklar ist beispielsweise, ob und auf welchem Weg eine Übertragung zwischen Rindern und Rotwild stattfindet. Als Ort dieser spezieübergreifenden Übertragung wurden in der Literatur Alm-/Alpweiden (Benennung entsprechend Zugehörigkeit zum bajuwarischen oder alemannischen Sprachraum) diskutiert, auf denen beide Spezies während der Sommermonate möglicherweise direkten und indirekten Kontakt haben (SCHOEPP et al., 2012; TITZLER, 2013; FINK et al., 2015). Ein weiterer kritischer Punkt hinsichtlich der Alm-/Alpwirtschaft könnte aber auch die Übertragung von TB innerhalb der Rinderherden auf den Alm-/Alpbetrieben sein, die von mehreren verschiedenen Heimatbetrieben aufgetrieben werden (STEBER, 2014). Deshalb wurde in dieser Arbeit die epidemiologische Bedeutung der Übertragung zwischen Rindern und Rotwild sowie der Alm-/Alpwirtschaft in den bayerischen Landkreisen entlang der Alpenkette näher beleuchtet. Deskriptive Analysen, Netzwerkanalysen und Regressionsmodelle wurden dabei kombiniert, um ein möglichst umfassendes Bild zu gewinnen.

## II. LITERATURÜBERSICHT

### 1. Tuberkulose

Verursacht wird die Tuberkulose durch pathogene Mykobakterien des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes (MTC) (SELBITZ et al., 2011). Dazu gehören unter anderem *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium. bovis* und *Mycobacterium caprae*, deren Benennung sich jeweils auf die Spezies ihrer Erstbeschreibung bezieht (GRANGE, 2001; BROSCHE et al., 2002). In der heutigen Diagnostik spielen molekularbiologische Methoden zur Genotypisierung von Mykobakterien eine große Rolle, da sie das Vergleichen von Stämmen aktueller und früherer Ausbrüche oder auch von Isolaten verschiedener Tierarten in einer Region ermöglichen (PAVLIK et al., 2002; COLLINS, 2011). Für ergänzende Informationen zur Tuberkulose im Allgemeinen, zum Krankheitsverlauf beim Rind sowie zur Diagnostik wird auf die Dissertation von Ulrich Steber verwiesen (STEBER, 2014).

#### 1.1. Tuberkulose beim Rind in Deutschland

Die Tuberkulose (TB) beim Rind ist in Deutschland eine anzeigepflichtige Tierseuche (2013). Hervorgerufen wird sie durch *M. bovis* und *M. caprae* (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2014a). *M. caprae* wurde in der Literatur bis 2003 stets als *M. bovis* aufgeführt und dementsprechend wird erst in neueren Studien zwischen beiden Spezies unterschieden (PRODINGER et al., 2014). Beide Erreger sind etwa gleich bedeutsam, unterscheiden sich jedoch in ihrer geografischen Verteilung innerhalb Deutschlands. Im Süden Deutschlands ist *M. caprae* für einen Großteil der TB-Fälle beim Rind verantwortlich (KUBICA et al., 2003; PRODINGER et al., 2003; FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2014a), im Norden dagegen *M. bovis* (PROBST et al., 2011). Bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts waren bis zu 63 % der Betriebe tuberkulosepositiv (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2014a). Die Bekämpfung erfolgte nach dem Bang-Verfahren (sog. „test and slaughter“-Verfahren) auf Basis der Tuberkulinisierung (SELBITZ et al., 2011). Zunächst auf freiwilliger Basis, später obligatorisch zeigte dies rasche Erfolge. In den Jahren 1952 bis 1961 erreichte Westdeutschland, zwischen 1959 und 1978 Ostdeutschland den Status der amtlich anerkannten Freiheit von Tuberkulose (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT,

2014a). Nach der Vereinigung im Jahr 1990 wurde dieser Status im Jahre 1996 durch EU-Entscheidung bestätigt (Entscheidung der Kommission 97/76/EG, ersetzt durch Entscheidung 99/467/EG). Die aktuellen Anforderungen für den Status der anerkannten Freiheit von Rindertuberkulose (OTF: „officially tuberculosis free“) für ein Mitgliedsland der europäischen Union sind laut Richtlinie 97/12/EG, dass „in sechs aufeinanderfolgenden Jahren höchstens 0,01 % der Rinderbestände mit Tuberkulose infiziert waren, und mindestens 99,9 % der Rinderbestände [...] seit 10 Jahren amtlich anerkannt tuberkulosefrei [sind]“. Seitdem wird in Deutschland keine flächendeckende Tuberkulinisierung mehr durchgeführt; die Schlachtier- und Fleischuntersuchung auf tuberkulosetypische Veränderungen ist somit alleinige Überwachungsmaßnahme (Verordnung zum Schutz gegen die Tuberkulose des Rindes, letzte Änderung am 17. Februar 2014). Der Anteil der Betriebe mit positivem TB-Nachweis liegt derzeit bundesweit bei 0,03 % (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2014a). Eine vollständige Elimination der TB beim Rind konnte in Deutschland bisher jedoch nicht erreicht werden (MOSER et al., 2014). So werden jedes Jahr Fälle von boviner Tuberkulose gemeldet, deren Anzahl seit 2007 tendenziell steigt (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2013). Da der Schwerpunkt des aktuellen TB-Geschehens im bayerischen Voralpenraum lag, wurde dort von 2007 bis 2010 in einigen Landkreisen die flächendeckende Tuberkulinisierung eingeführt (STEBER, 2014). In den folgenden Jahren wurde ein deutlicher Anstieg der aufgetretenen Fälle verzeichnet (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2013, 2014a). Im Jahr 2013 wurden 46 Ausbrüche von Rindertuberkulose registriert, davon 73,9 % in Bayern (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2014b). Entsprechend wurde die Rindertuberkulose-Verordnung zunächst durch eine Eilverordnung und am 12.07.2013 durch eine Neufassung an die aktuellen Geschehnisse anpasst. In den Jahren 2013 und 2014 wurden in jedem Bundesland stichprobenartig Rinder untersucht, woraufhin der OTF-Status Deutschlands in Bezug auf die Gesamtfläche bestätigt werden konnte, aber auch das Bestehen lokaler „Hotspots“ (MOSER et al., 2014).

Problematisch für die Erkennung von an TB erkrankten Tieren sind die unspezifischen oder gar fehlenden Symptome, die sich je nach Eintrittspforte des Erregers auf den Respirations- oder Verdauungstrakt konzentrieren. Auch wenn die betroffenen Rinder bereits Erreger ausscheiden und in der Herde verbreiten

können, sind die Läsionen der Organe bei der Schlachttier- und Fleischuntersuchung häufig nicht mit bloßem Auge erkennbar (sog. „non visible lesions“, MOSER et al. (2014)). Die aerogene Infektion scheint innerhalb der Rinderpopulation der dominante Infektionsweg zu sein (BÖHM et al., 2007; GANNON et al., 2007; LIEBANA et al., 2008; MOSER et al., 2014). Die minimale Infektionsdosis ist dabei äußerst gering. Die Ausbreitung einer *M. bovis*-Infektion innerhalb einer Herde wird als relativ langsamer Prozess angesehen (MENZIES und NEILL, 2000; PROBST et al., 2011). Tierverkehr sowie hohe Besatzdichten erhöhen die Wahrscheinlichkeit einer Übertragung (PHILLIPS et al., 2003).

## 1.2. Bedeutung als Zoonose

Die TB beim Menschen wird hauptsächlich durch *M. tuberculosis*, teilweise aber auch durch andere Mitglieder des MTC verursacht (KUBICA et al., 2003; DÜRR et al., 2013; MÜLLER et al., 2013; BRODHUN et al., 2014; PRODINGER et al., 2014). Vor der Bekämpfung der Rindertuberkulose bzw. der Einführung der Pasteurisierung der Milch wurde vermutlich ein wesentlicher Anteil der humanen TB-Fälle durch *M. bovis* bzw. *M. caprae* verursacht (MICHEL et al., 2010; TORGERSON und TORGERSON, 2010; MÜLLER et al., 2013). Im Jahr 2013 wurde in Deutschland bei 71,1 % der 4.318 TB-Fälle eine Differenzierung innerhalb der Spezies des MTC durchgeführt, davon waren 97,5 % der Fälle auf *M. tuberculosis* und lediglich 1,5 % auf *M. bovis* zurückzuführen (BRODHUN et al., 2014). Die Übertragung von *M. bovis* von Mensch zu Mensch scheint eine Ausnahme zu sein und hauptsächlich bei Immunsuppression eine Rolle zu spielen. Vor dem Hintergrund der HIV/AIDS-Pandemie rückt ein geschlossener Infektionszyklus vom Rind auf den Menschen und zurück jedoch in den Bereich des Möglichen (GRANGE, 2001). Je nach Region werden bis zu 80 % der mit *M. bovis* assoziierten TB-Fälle von *M. caprae* verursacht (KUBICA et al., 2003). Wie beim Rind ist dabei auch beim Menschen eine deutliche Häufung der *M. caprae*-Fälle im Süden Deutschlands zu beobachten (KUBICA et al., 2003; PRODINGER et al., 2003). Studien aus dem Alpenraum zu möglichen zoonotischen *M. caprae*-Infektionen beim Menschen konnten bei gemischten Mensch-Tier-Clustern mit einer Ausnahme keine epidemiologischen Zusammenhänge feststellen (PRODINGER et al., 2005; INDRA et al., 2012). Dies lässt sich möglicherweise damit erklären, dass vorwiegend ältere Menschen

erkrankten, bei denen die Infektion aber schon vor Jahrzehnten stattgefunden hatte, während die meisten Infektionen beim Tier erst kürzlich erworben wurden. Dagegen konnte die Übertragung von *M. caprae* von Mensch zu Mensch aufgrund der Cluster-Bildung nicht ausgeschlossen werden (PRODINGER et al., 2005). Da TB-Infektionen nicht nur vom Rind auf den Menschen, sondern auch umgekehrt vonstatten gehen können (GRANGE, 2001), sollte beim Auftreten einzelner Reagenten im Tuberkulintest in bisher TB-freien Herden immer auch die Möglichkeit einer Infektion durch den Menschen bedacht werden (KRAJEWSKA et al., 2012). Innerhalb der Rinderpopulation findet bei Infektionen von Rindern mit *M. tuberculosis* in der Regel aber keine weitere Übertragung statt (ROMERO et al., 2011; FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, 2014a).

### 1.3. Tuberkulose bei Wildtieren

*M. bovis* hat ein außergewöhnlich breites Wirtsspektrum (O'REILLY und DABORN, 1995; FITZGERALD und KANEENE, 2013). Zu den empfänglichen Spezies zählen Rinder, der Mensch, Primaten, Ziegen, Katzen, Hunde, Schweine, Büffel, Dachse, Possums, Wild und das Bison (O'REILLY und DABORN, 1995). Zahlreiche Studien haben die Empfänglichkeit von über vierzig freilebenden Wildtierspezies für TB bewiesen. Von besonderer Bedeutung ist die Möglichkeit der Übertragung von TB durch Wildtiere in all jenen Ländern, wo die Inzidenz der bovinen TB in der Haustierpopulation durch die Tierseuchenbekämpfung erheblich gesenkt werden konnte, sporadische Ausbrüche aber dennoch vorkommen (ARANAZ et al., 2004). So gelten Wildtierreservoirs als Grund für das Scheitern mehrerer europäischer Länder beim Erreichen des OTF-Status (GAVIN et al., 2009). Derzeit betrifft dies England, Irland, Italien, Portugal, Spanien und Griechenland (HARDSTAFF et al., 2014; MOSER et al., 2014). In der Literatur wird die Bedeutung einer Wildtierspezies im Infektionsgeschehen einer Region häufig durch ihren Status als „maintenance host“ oder „spill-over host“ beschrieben. Während sich viele Spezies mit *M. bovis* infizieren können, agieren nur wenige als sog. „maintenance hosts“ (MORRIS et al., 1994; ARANAZ et al., 2004). Dies bedeutet, dass eine Spezies die Infektion ohne Eintrag von außen erhalten kann. Gleichzeitig wird damit eine vollständige Eliminierung der Krankheit aus dieser Population nahezu unmöglich (MORRIS et al., 1994). Heute gelten Dachse (*Meles meles*) in England und Irland (DELAHAY et al., 2002; PHILLIPS et al., 2003), Wildschweine (*Sus scrofa*) und Rotwild

(*Cervus elaphus*) in Spanien (ARANAZ et al., 1996; HERMOSO DE MENDOZA et al., 2006; VICENTE et al., 2006; NARANJO et al., 2008; VICENTE et al., 2013), Rotwild (*Cervus elaphus*) im deutsch-österreichischen Grenzgebiet (FINK et al., 2015), Possums (*Trichosurus vulpecula*) in Neuseeland (MORRIS et al., 1994; COLEMAN und COOKE, 2001; PALMER, 2007), Weißwedelhirsche (*Odocoileus virginianus*) in den USA (SCHMITT et al., 2002; CORNER, 2006; O'BRIEN et al., 2006) und Wasserbüffel (*Syncerus caffer*) in Afrika (MICHEL et al., 2010) als „maintenance hosts“. Kürzlich veröffentlichte Übersichtsarbeiten von SCHMITT et al. (2002) und GORTÁZAR et al. (2015) fassen den aktuellen Wissensstand bezüglich der „maintenance hosts“ und der angewandten Kontrollmaßnahmen auf weltweiter Ebene zusammen. Zusätzlich gibt es eine lange Liste an „spillover hosts“, die sich infizieren können, wenn der Infektionsdruck hoch ist. Sie können die Infektion innerhalb der Spezies aber nicht ohne kontinuierliche Infektion von außen durch „maintenance hosts“ unterhalten. Zu dieser Kategorie zählt auch der Mensch in Bezug auf *M. bovis*. Ob eine Spezies als „maintenance host“ oder „spillover host“ fungiert, hängt von mehreren ökologischen Faktoren wie der Populationsdichte verschiedener Wirtsspezies, Interaktionen unter den betroffenen Spezies sowie den Charakteristika des jeweiligen Lebensraumes ab und muss daher für jede Region immer wieder neu definiert werden (MORRIS et al., 1994; RHYAN und SPRAKER, 2010). Übertragungen zwischen Wild- und Haustieren sind jedoch unabhängig von der Klassifizierung einer Spezies als „maintenance host“ oder „spillover host“ immer möglich (CORNER, 2006).

### **1.3.1. Tuberkulose beim Rotwild**

Auf allen Kontinenten außer der nicht vom Rotwild besiedelten Antarktis wurden beim Rotwild Erreger der Rindertuberkulose nachgewiesen (GLAWISCHNIG et al., 2003; VICENTE et al., 2006; DELAHAY et al., 2007; ZANELLA et al., 2008; MARTÍN-HERNANDO et al., 2010). Die Bedeutung von Rot- und Rehwild in der Epidemiologie der TB wird weltweit äußerst kontrovers diskutiert. Hintergrund der Debatte ist stets die Gefahr eines „spill-back“ auf die Haustierpopulation (HARDSTAFF et al., 2014). Meist werden beide Spezies lediglich als „spill-over host“ betrachtet. Sobald die Wilddichte jedoch ein gewisses Maß überschreitet, Managementmaßnahmen wie zusätzliche Fütterung ergriffen werden und häufiger Kontakt mit Rindern möglich ist, kann die

Population auch zum „maintenance host“ werden. Dies scheint in Teilen Englands, Frankreichs und Spaniens (DELAHAY et al., 2007; GAVIN et al., 2009; FITZGERALD und KANEENE, 2013; VICENTE et al., 2013) sowie im Grenzgebiet zwischen Bayern und Tirol (FINK et al., 2015) der Fall zu sein. Meistens äußert sich die TB bei Hirschen als Lymphadenitis, die einen oder mehrere Lymphknoten von Kopf, Thorax oder Abdomen betrifft (GRIFFIN und BUCHAN, 1994). Im Gegensatz zum Rind zeigen die Läsionen beim Wild weniger Tendenz zu Verkäsung und Abkapselung, sondern zu einer Verflüssigung, welche die Ausscheidung begünstigt (MORRIS et al., 1994; JOHNSON et al., 2008; MENZIES, 2008; MÜLLER et al., 2014). Aufgrund der Verteilung und des Charakters der tuberkulösen Läsionen stellen Hirsche ein höheres Infektionsrisiko für andere Spezies dar als Rinder (MORRIS et al., 1994; TWEDDLE und LIVINGSTONE, 1994; MENZIES, 2008; ZANELLA et al., 2008). Man geht davon aus, dass *M. bovis* innerhalb von Wildpopulationen durch direkte und indirekte Übertragung, wie beispielsweise über kontaminiertes Futter, verbreitet wird (PALMER et al., 1999; PALMER et al., 2004b; O'BRIEN et al., 2006; FINE et al., 2011). Bei neueren Studien zu TB bei Rotwild im Alpenraum waren die Retropharyngeal- und Mesenteriallymphknoten am häufigsten betroffen (MÜLLER et al., 2014; FINK et al., 2015). Dies deutete darauf hin, dass der oralen Infektion durch *M. caprae* und damit der indirekten Übertragung beim Rotwild im Alpenraum die größere Bedeutung zukommt als der aerogenen Infektion (FINK et al., 2015). Mehrere Studien unterstreichen die Bedeutung von hoher Wilddichte und insbesondere Tieransammlungen für die Übertragung der TB (SCHMITT et al., 1997; MILLER et al., 2003; MILLER et al., 2007; VICENTE et al., 2007; CASTILLO et al., 2011). Ideale Übertragungsmöglichkeiten bieten die zusätzliche Fütterung (Kürrung) (SCHMITT et al., 1997; MILLER et al., 2003; VICENTE et al., 2007; CASTILLO et al., 2011) und Bereitstellung künstlicher Wasserstellen (VICENTE et al., 2007) durch den Menschen, aber auch das Vorhandensein von bewaldetem Gelände mit Ruhezone für Wildtiere sowie zahlreicher natürlicher Wasserstellen war in einer amerikanischen Studie mit einer erhöhten TB-Prävalenz korreliert (MILLER et al., 2007).

### **1.3.2. Interaktionen zwischen Wildtieren und Rindern**

Es bestehen noch immer große Wissenslücken bezüglich der Infektionswege

zwischen Wildtieren und Rindern. Mittlerweile wird die indirekte Übertragung über kontaminiertes Futter und Wasser aber als dominierender Infektionsweg zwischen Rindern und Wildtieren betrachtet (O'BRIEN et al., 2006; BÖHM et al., 2007; WALTER et al., 2012; BROOK et al., 2013; KUKIELKA et al., 2013; GORTÁZAR et al., 2015). Voraussetzung dafür sind einerseits die gemeinsame Nutzung von Weiden und damit gemeinsame Futter- und Wasserstellen und andererseits die Persistenz von ausgeschiedenen Erregern in der Umwelt (ARANAZ et al., 2004). Der Kontamination der Umwelt durch Sputum, Fäzes und Urin kommt dabei vermutlich zentrale Bedeutung zu (BÖHM et al., 2007). Generell zieht eine Erhöhung der Wilddichte stets eine erhöhte Wahrscheinlichkeit einer Übertragung auf Nutztiere nach sich (BÖHM et al., 2007). DOHNA et al. (2014) konnten allerdings zeigen, dass weder die Dichte von Rindern und Wildtieren in einem bestimmten Gebiet, noch die übliche Nutzung des Habitats durch die beteiligten Spezies gute prädiktive Faktoren hinsichtlich der Häufigkeit von Kontakten zwischen beiden Spezies darstellten (DOHNA et al., 2014). In den meisten europäischen Ländern stellen im Übrigen die Rinder selbst den größten Risikofaktor für einen (Wieder-) Eintrag von TB in die Rinderpopulation dar (HARDSTAFF et al., 2014). Allgemein geht man davon aus, dass die TB meist durch den Hauptwirt Rind in eine Wildtierpopulation eingetragen wird und nach deren Eradikation beim Rind auch beim Wild wieder verschwindet (ARANAZ et al., 2004). Die kostengünstigste und effektivste Methode der Tierseuchenbekämpfung wäre demnach die Prävention einer Übertragung von Haus- auf Wildtierpopulationen (MILLER et al., 2013). Allerdings sind die Möglichkeiten der Kontaktprevention zwischen Rindern und Wildtieren vor allem aus ökonomischer Sicht limitiert. Verschiedene Zauntechnologien, aber auch historische Methoden wie der Einsatz von Schutzhunden auf Weiden und an Futterplätzen zeigen die besten Erfolge (VERCAUTEREN et al., 2006; VERCAUTEREN et al., 2008; BARASONA et al., 2013).

#### **1.4. Tuberkulose-Geschehen im Alpenraum**

Seit dem Jahr 2000 werden im bayerischen, österreichischen und italienischen Alpenraum steigende TB-Fallzahlen bei Rindern und Rotwild gemeldet. Als Erreger wurde ausschließlich *M. caprae* isoliert (PRODINGER et al., 2002; GLAWISCHNIG et al., 2003; PRODINGER et al., 2003; ERLER et al., 2004;

PRODINGER et al., 2005; BONIOTTI et al., 2009; GERSTMAIR, 2011; SCHOEPF et al., 2012; ANONYMUS, 2013; CHIARI et al., 2014; STEBER, 2014; FINK et al., 2015). Um die epidemiologische Bedeutung von einheimischen Wildtierspezies im alpinen TB-Geschehen zu klären, rief die EU im Rahmen des EMIDA-ERA-Net-Projektes (Projektgruppe „Emerging and Major Infectious Diseases in Livestock Animals“ (EMIDA) im „European Research Area Network“ (ERANET)) das länderübergreifende Projekt „TB Alpine Wildlife“ ins Leben (ANONYMUS, 2013; AGES, 2013). In drei aufeinanderfolgenden Jagdsaisons von 2009 bis 2012 wurden nach Probenplan 1.655 Rothirsche im Alpenraum erlegt und auf TB untersucht. Das Untersuchungsgebiet erstreckte sich auf Teile von Österreich, Deutschland, Italien, Liechtenstein und der Schweiz. Nach makroskopischer Beurteilung der Kadaver und des Probenmaterials wurde eine Erregerkultivierung durchgeführt (FINK et al., 2015). In Deutschland teilt sich der von dem transnationalen Projekt abgedeckte Untersuchungszeitraum auf zwei Studien auf: Die Dissertation von GERSTMAIR (2011) umfasste den Zeitraum von Oktober 2009 bis Dezember 2010, die Projektlaufzeit des Teilprojektes der Technischen Universität München zur „Erfassung und Bewertung wildbiologischer, epidemiologischer Faktoren in der Verbreitung und Übertragung von *Mycobacterium caprae* in Wildtierpopulationen“ die Jagdsaison 2011/12 und die über das transnationale Projekt hinausgehende Jagdsaison 2012/13 (ANONYMUS, 2013; BÜTTNER et al., 2013b). Die zugrunde liegenden Studien aus den beteiligten Ländern decken also nur teilweise überlappende Zeiträume ab und werden in den Abschnitten zu den jeweiligen Ländern dargestellt.

#### **1.4.1. Österreich**

Österreich ist seit 1999 nach Jahrzehnten flächendeckender Tierseuchenbekämpfung offiziell frei von Rindertuberkulose. Bis 1999 wurde beim Rotwild nur von einzelnen TB-Fällen in Tirol und Vorarlberg berichtet (PRODINGER et al., 2002; GLAWISCHNIG et al., 2003). Da aufgrund der niedrigen Prävalenz beim Wild keine Überwachungsmaßnahmen durchgeführt wurden, konnte sich die TB möglicherweise über lange Zeit unbemerkt ausbreiten (GLAWISCHNIG et al., 2003; SCHOEPF et al., 2012). Von 1998 bis 2003 wurden im deutsch-österreichischen Grenzgebiet sieben Fälle von TB-positivem Rotwild bekannt (PRODINGER et al., 2002; GLAWISCHNIG et al., 2003;

PRODINGER et al., 2003). Das DNA-Fingerprinting der Isolate gab Hinweise auf das Bestehen von zwei unabhängigen Clustern sowie auf ein seit längerer Zeit bestehendes endemisches Vorkommen des Erregers (PRODINGER et al., 2002; GLAWISCHNIG et al., 2003; PRODINGER et al., 2003). Eine Subtypisierung der Erregerstämme führte zu einer Differenzierung von drei Gruppen von *M. caprae*-Isolaten, deren Unterschiede im Genom mit ihrer geographischen Verteilung übereinstimmen. Nach ihrem Hauptverbreitungsgebiet wurden sie von DOMOGALLA et al. (2013) Allgäu-, Lechtal- und Karwendeltyp genannt. Diese unterscheiden sich aufgrund von gruppenspezifischen Deletionen in der sogenannten RD4 („region of difference four“) und sind seit Jahren relativ stabil. Da der Typ Allgäu im Gegensatz zu den beiden anderen Typen die komplette RD4 enthält, könnten sich diese durch Passagen durch verschiedene Spezies aus ersterem entwickelt haben (DOMOGALLA et al., 2013). Diese Hypothese unterstützen auch RETTINGER et al. (2015). Da der regional vorherrschende Typ jeweils sowohl bei Rindern als auch bei Rotwild isoliert wurde, kann eine Übertragung zwischen den beiden Spezies als gesichert gelten (DOMOGALLA et al., 2013). Der Hauptwirt und die Infektionsrichtung konnten jedoch nicht determiniert werden (DOMOGALLA et al., 2013); mittlerweile erscheint eine Übertragung in beide Richtungen wahrscheinlich (RETTINGER et al., 2015).

Im Jahre 2008 gab es ebenfalls im Bezirk Reutte und insbesondere nahe des Dorfes Steeg mehrere TB-Ausbrüche in Rinderbetrieben, bei denen *M. caprae* isoliert wurde (SCHOEPF et al., 2012). Aufgrund der Annahme, dass der Rotwildbestand in Österreich das Erregerreservoir für die Rindertuberkulose darstellt (PRODINGER et al., 2002; ERLER et al., 2004; KÖSSLER, 2012; SCHOEPF et al., 2012), ordnete die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES) eine Prävalenzstudie für die Jahre 2008 bis 2011 sowie eine Reduktion der Wilddichte an (KÖSSLER, 2012; SCHOEPF et al., 2012). Zudem wurde in den vier westlichen Bezirken Tirols (Reutte, Landeck, Imst und Innsbrucker Land) die flächendeckende Tuberkulinisierung der Rinder wieder eingeführt (SCHOEPF et al., 2012). Insgesamt schwankte die Prävalenz beim Rotwild sogar zwischen den einzelnen Jagdrevieren des betroffenen Bezirkes Reutte in Tirol mit 0 % bis 23 % stark. Am stärksten betroffen war der direkt an den südlichen Teil des LKR Oberallgäu (OA) angrenzende Teil des westlichen Lechtals (SCHOEPF et al., 2012), wo in unmittelbarer Nähe zwei

großer Winterfütterungen ein Hotspot mit einer TB-Prävalenz von 40 % ermittelt wurde (KÖSSLER, 2012). SCHOEPF et al. (2012) kamen zu dem Schluss, dass sich die Rinder in der Region wahrscheinlich über Jahre hinweg beim Rotwild infiziert haben, dem sie die Rolle eines „maintenance host“ zumaßen. Die aus anderen Ländern bekannten Risikofaktoren wie die Fütterung in Wintergattern und eine hohe Wilddichte spielten vermutlich auch im damaligen Ausbruchsgeschehen eine große Rolle (SCHOEPF et al., 2012). Im betroffenen Gebiet wurde sämtliches erlegtes Rotwild amtstierärztlich untersucht und die Rotwildfütterungen nach der Winterfütterung gereinigt und desinfiziert. Im Kerngebiet wurde nach der Jagdsaison 2011 der restliche Wildbestand in ein Gatter getrieben und schonend entnommen (KÖSSLER, 2012).

Im Rahmen des EU-Projektes „TB Alpine Wildlife“ wurde in den drei Jagdsaisonen von 2009 bis 2012 im gesamten Untersuchungsgebiet bei 59 Rothirschen *M. caprae* isoliert, von denen 55 Tiere aus einem grenzübergreifenden Hotspot-Gebiet rund um das österreichische Lechtal stammten. Im Zentrum dieses Gebietes betrug die Prävalenz bis zu 23,1 %. Alle Isolate aus dem Hotspot-Bereich waren dem Genotyp Lechtal zuzuordnen. Mit dieser Studie wurde der in der Literatur bereits mehrfach vermutete Status des „maintenance host“ für die Rotwildpopulation im Grenzgebiet zwischen Bayern und Tirol gesichert (FINK et al., 2015). Als Risikofaktoren für TB-Infektionen beim Rotwild wurden das Tieralter (höheres Risiko bei adulten Tieren), die Nähe von Winterfütterstellen und insbesondere von kontaminierten Rinderweiden sowie die Lebensraumbedingungen wie Tierdichte oder Futterangebot identifiziert (ANONYMUS, 2013; AGES, 2013).

## **1.4.2. Bayern**

### **1.4.2.1. Rotwild**

Im Oberallgäu startete aufgrund des Tuberkulosegeschehens in der Rotwildpopulation des angrenzenden Lechtals in der Jagdsaison 2009/2010 ein Projekt zur Untersuchung der TB-Situation beim dortigen Rotwild (GERSTMAIR, 2011). In der darauffolgenden Saison wurden zusätzlich die Landkreise Ostallgäu und Bad Tölz-Wolfratshausen einbezogen (GERSTMAIR, 2011; BÜTTNER et al., 2013b). Bei zwei Rothirschen im Landkreis Oberallgäu und bei einem Hirsch im Landkreis Bad Tölz-Wolfratshausen wurde *M. caprae*

nachgewiesen. Bei beiden Rothirschen aus dem Landkreis Oberallgäu sowie bei einem Rind aus dem Oberallgäu wurde im DNA-Fingerprinting der Typ Allgäu isoliert. Dagegen zeigte das *M. caprae*-Isolat des Rothirsches aus dem Landkreis Bad Tölz-Wolfratshausen eine weitgehende Übereinstimmung mit dem Muster des Karwendel-Typs. Aufgrund der auffälligen Übereinstimmungen bei Rinder- und Rotwildisolaten des Lechtal- und Allgäutyps erschien eine Infektion untereinander oder durch eine gemeinsame Quelle sehr wahrscheinlich (GERSTMAIR, 2011).

Dieser Studie folgte in der Jagdsaison 2011/12 der deutsche Anteil des EU-Forschungsprojektes „TB Alpine Wildlife“, welches ab der Jagdsaison 2012/13 zeitlich und räumlich zum bayerischen Rotwildmonitoring ausgeweitet wurde (BÜTTNER et al., 2013b; MÜLLER et al., 2014). In Deutschland erstreckte sich das Untersuchungsgebiet der zweijährigen EMIDA-ERA-Net-Studie auf die fünf Landkreise Oberallgäu, Ostallgäu, Bad Tölz-Wolfratshausen, Garmisch-Partenkirchen und Miesbach, die zur genaueren geographischen Zuordnung in 10 x 10 km große Planquadrate unterteilt wurden. Mit 31 *M. caprae*-positiven Tieren war die Fallzahl im Oberallgäu am höchsten (Prävalenz 5,5 %). Im Landkreis Bad Tölz betrug die Prävalenz 5,4 % (6 Fälle), in Garmisch-Partenkirchen 3,7 % (3 Fälle) und im Ostallgäu 8,3 % (1 Fall), während im Miesbach kein TB-Fall auftrat. Im Rahmen der Studie konnten bezüglich der TB beim Rotwild in Bayern zwei Hotspots identifiziert werden: Im Allgäu betraf dies das Gebiet rund um die Gemeinde Oberstdorf im Landkreis Oberallgäu, während sich die positiven TB-Fälle in den oberbayerischen Landkreisen an der Landkreisgrenze zwischen Garmisch-Partenkirchen und Bad Tölz häuften. In den betroffenen beiden Planquadraten bei Oberstdorf lagen die *M. caprae*-Prävalenzen bei 13,8 % und 11,1 % (ANONYMUS, 2013). Dabei waren von Süden nach Norden abnehmende Fallzahlen zu verzeichnen, also mit zunehmender Entfernung von der deutsch-österreichischen Grenze (TITZLER, 2013). Das betroffene Planquadrat zwischen Garmisch und Bad Tölz in unmittelbarer Grenznähe zu Tirol wies im Jagdjahr 2012/13 mit 18,8 % die höchste Prävalenz im Untersuchungsgebiet auf. Anhand der Jagdstrecken und der Rotwildzählungen im Wintergatter wurde für jeden Landkreis näherungsweise die Rotwilddichte berechnet, die im Ober- und Ostallgäu im Vergleich der Landkreise am höchsten war. Zwischen der geographischen Verteilung der Winterfütterungen und der TB-

Prävalenz beim Rotwild konnte kein Zusammenhang hergestellt werden (ANONYMUS, 2013).

Ab April 2012 wurde die EMIDA-ERA-NET Studie zum bayerischen Rotwildmonitoring ausgeweitet (Untersuchungszeiträume der beiden Studien zeitlich um die Jagdsaison 2012/13 überlappend); das Untersuchungsgebiet wurde auf alle bayerischen Landkreise entlang der Alpenkette erweitert. Dabei wurden in den Jagdsaisonen 2012/13 und 2013/14 bei 3.073 Rothirschen die laut der gängigen Literatur häufig von Mykobakterien besiedelten Organe entnommen und auf das Vorkommen von Mykobakterien des MTC untersucht. Bei 62 Tieren konnte in der Kultur *M. caprae* nachgewiesen werden. Am häufigsten waren die medialen Retropharyngeal- und die Darmlymphknoten betroffen, was einmal mehr Hinweise auf eine relativ große Bedeutung oraler Infektionen in der Region gab (MÜLLER et al., 2014).

#### **1.4.2.2. Rinder**

Aufgrund der steigenden Anzahl der TB-Fälle beim Rind wurde von 2007 bis 2010 ein flächendeckendes Monitoring der Rinderbestände im Allgäu durchgeführt. Dies betraf die Landkreise Oberallgäu, Ostallgäu, Unterallgäu, Lindau und die darin liegenden kreisfreien Städte Kaufbeuren, Kempten und Memmingen. Dabei wurden 179.283 Rinder mittels Intrakutantest untersucht. Insgesamt ergab sich für das Untersuchungsgebiet eine Prävalenz von 0,05 %. Überdurchschnittlich oft wurden mit 18,8 % der betroffenen Rinder solche Tiere im Intrakutantest auffällig, die in Österreich geboren worden waren. Der Großteil dieser Tiere wurde in einem Betrieb untersucht (STEBER, 2014). Da im Jahr 2012 an den Schlachthöfen wiederum vermehrt Fälle von Rindertuberkulose diagnostiziert wurden, ordnete das Landratsamt Oberallgäu Reihenuntersuchungen aller im Landkreis gelegenen Rinderbestände an. Bei allen festgestellten Ausbrüchen wurde *M. caprae* isoliert. Daraufhin wurde für ganz Bayern ein differenziertes Untersuchungsprogramm erarbeitet. Zunächst wurden in den Landkreisen und kreisfreien Städten entlang der Alpenkette (Berchtesgadener Land, Traunstein, Rosenheim, Miesbach, Bad Tölz-Wolfratshausen, Garmisch-Partenkirchen, Weilheim-Schongau, Ostallgäu, Unterallgäu, Lindau und Memmingen) stichprobenartig Rinder aus Betrieben untersucht, die aufgrund der Abgabe von Rohmilchprodukten sowie der regelmäßigen Alpung von Rindern als potenzielle Risikobetriebe identifiziert

wurden. Rinder aus dem Norden Bayerns ohne Möglichkeit für Rotwildkontakte und Handelsbeziehungen in die Allgäuer Landkreise bildeten die negative Kontrollgruppe. In keiner der beiden Gruppen wurden Infektionen mit Mykobakterien nachgewiesen. Um die Risikogruppe der gealpten Rinder abzudecken, wurden vor dem Alpauftrieb alle laktierenden Rinder untersucht, die in der Alpsaison 2013 auf Sennalpen gesömmert wurden. Weiterhin wurde in den genannten Landkreisen die Untersuchung aller weiblichen Rinder im Alter von über 12 Monaten und aller gesömmerten Rinder nach Alpabtrieb angeordnet (BÜTTNER et al., 2013b; REHM, 2013). Durch epidemiologische Ermittlungen wurden auch die vorwiegend in Baden-Württemberg gelegenen Kontaktbetriebe der bayerischen Ausbruchsbetriebe sowie alle aus den untersuchten Landkreisen verbrachten Rinder identifiziert und untersucht (REHM, 2013). Besonders im Landkreis Oberallgäu stießen die angeordneten Untersuchungsprogramme auf großen Widerstand bei den Landwirten, sodass diese nach rechtlichen Schritten teilweise ausgesetzt werden mussten (JANUSCHKE und KIESEL, 2014).

#### **1.4.2.3. Alm-/Alpwirtschaft**

Im bayerischen Voralpenland wird wie in vielen alpennahen Gebieten Europas seit Jahrhunderten traditionell die Alm-/Alpwirtschaft praktiziert. In dieser Arbeit wurde für Alm-/Alpbetriebe aus Gründen der Lesbarkeit die einheitliche Benennung „Almbetrieb“ gewählt, obwohl im Untersuchungsgebiet je nach geografischer Lage entweder der bajuwarische Begriff Alm (Oberbayern) oder im alemannischen Sprachraum (u.a. im Allgäu) der Begriff Alp(e) verwendet wird. Almbetriebe sind selbstständige Betriebe mit Weideeinrichtungen im Berggebiet, auf die Rinder aus den Talbetrieben zur Sömmern aufgetrieben werden. Somit ist die Almwirtschaft eine Sonderform der Transhumanz (= Wanderviehwirtschaft, bei der das Vieh nicht oder nur saisonweise eingestallt ist). Heimat- und Almbetriebe können dabei weit auseinander liegen. Ursprüngliches Ziel der Alpwirtschaft war einerseits eine Arbeiterleichterung im Sommer für den Talbetrieb, andererseits die Nutzung des zusätzlichen Futters aus ertragsschwachen, schwer zu bewirtschaftenden Höhenlagen. Je nach Art des aufgetriebenen Viehs und der auf der Alm ausgeführten Tätigkeiten unterscheidet man zwischen Senn-, Melk-, Galt-, Pferde-, Schafalmen usw. Während auf Melk- und Sennalmen gemolken und die Milch auf Sennalmen vor Ort zu Alpkäse verarbeitet wird, werden auf Galtalmen nur nicht laktierende Tiere, vorwiegend

Jungtiere, gesömmert (AELF KEMPTEN, 2014). Entsprechend geringer ist der Arbeitsaufwand auf den Galtalmen, weshalb heutzutage fast ausschließlich nicht laktierende Jungrinder gealpt werden. In Bayern wurden in den letzten Jahren rund 50.000 Rinder auf den Almen gesömmert, wobei es sich zu 80 % um weibliche Jungtiere handelte (STMELF, 2010). Um 1980 war ein Maximum beim Beschlag der bayerischen Alpbetriebe zu verzeichnen. Danach sanken die Bestoßzahlen zunächst ab, bis sich der Trend vor einigen Jahren insbesondere im Allgäu wieder umkehrte (STMELF, 2010). Allgemein weisen die bayerischen Almgebiete große Unterschiede hinsichtlich ihrer Agrarstruktur, geschichtlichem Hintergrund und Bewirtschaftungsdaten auf (STMELF, 2010; TASSER et al., 2013). Im Allgäu sind die Almflächen größer und zugleich die Besatzdichte der Almbetriebe deutlich höher als in den benachbarten oberbayerischen Landkreisen Bad-Tölz und Garmisch-Partenkirchen (ANONYMUS, 2013; TITZLER, 2013). Traditionell werden im Allgäu deutlich mehr Pensionsrinder aufgetrieben als in Oberbayern. Diese stammen häufig aus angrenzenden Regionen, aber teilweise auch aus Norddeutschland und stellen im Allgäu einen Anteil von fast 50 % bei den über sechs Monate alten Jungrinder und ca. 10 % bei den Milchkühen (STMELF, 2010).

Der Almwirtschaft wird von vielen Autoren eine zentrale Rolle im aktuellen Tuberkulosegeschehen zugeschrieben, da sowohl zwischen Rindern aus verschiedenen Heimatbetrieben als auch zwischen Rindern und Rotwild Kontakt- und damit Infektionsmöglichkeiten geschaffen werden (GERSTMAIR, 2011; KÖSSLER, 2012; SCHOEPF et al., 2012; SCHÖNING et al., 2013; TITZLER, 2013; STEBER, 2014). Durch die Almwirtschaft werden beispielsweise für über 50 % der Tiroler Rinderpopulation direkte oder indirekte Kontaktmöglichkeiten zu Rotwild geschaffen (SCHOEPF et al., 2012). Vor dem Hintergrund der möglichen speziesübergreifenden Übertragung von TB auf den Almbetrieben ist vor allem die Mehrfachnutzung der Almflächen durch verschiedene Wildarten und Rinder von Interesse (SCHOEPF et al., 2012; TITZLER, 2013). So überschneiden sich die Almflächen großflächig mit den Lebensräumen von Rot- und Gamswild, aber auch mit den Lebensräumen von Rehwild, Fuchs und Dachs. Im Oberallgäu liegen nur 13 % und im Ostallgäu 15 % der Almfläche außerhalb des Rotwildgebietes (ANONYMUS, 2013; TITZLER, 2013). Das bayerische Rotwildgebiet ist dabei als Teil eines grenzübergreifenden Verbreitungsgebietes

von Rotwild zu verstehen, das bis ins österreichische Tirol hinüberreicht (STMELF, 2010; TASSER et al., 2013; TITZLER, 2013). Es besteht die Vermutung, dass Rinder und Rotwild auf den Almweiden Seite an Seite grasen (SCHOEPF et al., 2012). So könnten sich Rinder einerseits durch die von infiziertem Rotwild mit Fäzes, Urin, Eiter oder Sputum kontaminierte Umwelt oder durch Aerosole bei direktem Kontakt bzw. dem Erkunden von kontaminierten Stellen infizieren (SCHOEPF et al., 2012). Potentielle Infektionsrisiken für die gealpten Rinder stellen in diesem Zusammenhang vom Wild mitbenutzte Salzlecksteine, Tränken und Unterstände dar (PALMER et al., 2004a; GERSTMAIR, 2011; TITZLER, 2013). Durch die Sömmerung von Pensionsrindern aus anderen Regionen Deutschlands auf bayerischen Almbetrieben vergrößert sich die Gefahr der weiträumigen Verschleppung möglicher TB-Infektionen (TITZLER, 2013).

## **2. Netzwerkanalyse**

Die soziale Netzwerkanalyse (SNA) ist eine Methode zur Beschreibung der sozialen Organisation einer Gruppe und der sozialen Einbettung ihrer Akteure. Ursprünglich stammt diese Methode aus der Sozialethnologie (SCHNEGG und LANG, 2002), findet aber mittlerweile auch zunehmend Verwendung in der Human- und Tiermedizin (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Die Analyse von Netzwerken ist in der Epidemiologie zu einem unverzichtbaren Werkzeug bei der Analyse und Kontrolle von Infektionsgeschehen geworden. Da diese Art der Anwendung nur noch bedingt mit ihrem Ursprung in der SNA zusammenhängt, werden die in der Epidemiologie verwendeten Netzwerkanalysen im Folgenden als NWA (Netzwerkanalysen) bezeichnet. Mithilfe der Darstellung und Quantifizierung potentieller Infektionswege zwischen Individuen einer Population werden die Betrachtung der bisherigen Ausbreitungsdynamik einer Infektion, aber auch prädiktive Modelle des Seuchengeschehens erheblich vereinfacht. So können an entsprechender Stelle gezielt Kontroll- und Bekämpfungsmaßnahmen durchgeführt werden (DANON et al., 2011). Eine Einführung in die grundlegenden Konzepte der SNA und Definitionen der in dieser Arbeit verwendeten Begriffe befinden sich im Anhang (Kap. IX.1, S. 134). Für eine vollständige Aufführung und Definitionen der in der veterinärmedizinischen Epidemiologie üblicherweise verwendeten NW-Parameter wird auf die

systematischen Übersichtsarbeiten von DUBÉ et al. (2009), MARTÍNEZ-LÓPEZ et al. (2009a) und DUBÉ et al. (2011) verwiesen.

### **2.1. Anwendung in der Veterinärmedizin**

In der Veterinärmedizin werden NWA erst seit relativ kurzer Zeit eingesetzt und gewinnen seitdem rasch an Bedeutung (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a; CRAFT, 2015). Insbesondere in der veterinärmedizinischen Epidemiologie wurde das Potenzial der NWA zur Vorhersage der Ausbreitungsdynamik von Tierseuchen und den daraus folgenden Möglichkeiten zur gezielteren Bekämpfung bald erkannt (WEBB, 2005; DUBÉ et al., 2009; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a; CRAFT, 2015). Ihr Einsatz ist von großem Nutzen bei der Identifikation von Individuen, Gruppen und Regionen, die bei der Einführung, Verbreitung und Aufrechterhaltung von Tierseuchen maßgeblich beteiligt sind. Auf dieser Grundlage können die strategisch wichtigen Akteure auf gemeinsame Charakteristika untersucht und die Erkenntnisse zur gezielteren Bekämpfung der Krankheit eingesetzt werden (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Gerade bei Nutztier-Netzwerken ist im Tierseuchenfall die Identifikation strategisch wichtiger Knoten („hubs“) wie Tierhändler und -märkte oder lokaler Subgruppen von Vorteil (WEBB, 2005; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a).

Tierbewegungen gelten als wichtigster Risikofaktor für das Einschleppen von Infektionskrankheiten auf Nutztierbetriebe (ORTIZ-PELAEZ et al., 2006). Diese können als Netzwerk dargestellt werden, bei dem die Betriebe als Knoten und die Tierbewegungen zwischen diesen als Kanten definiert werden. Dabei haben die Kanten eine Richtung vom Herkunfts- zum Zukaufsbetrieb; ihr Gewicht gibt die Anzahl bewegter Tiere wieder. Die so dargestellten Tierbewegungen können als mögliche Ausbreitungswege von Infektionskrankheiten betrachtet werden. Im Vergleich zu klassischen epidemiologischen Modellen ist ihre Beurteilung mithilfe einer NWA unabhängig von geographischen Standorten und Distanzen. Vielmehr basiert sie auf der Struktur des Netzwerkes und der topologischen Rolle von Betrieben im Gesamtnetzwerk (NATALE et al., 2009). Klassische Krankheitsausbreitungsmodelle gehen von einem zufälligen Zustandekommen von Kontakten zwischen Einheiten aus, sodass jedes Individuum mit gleicher Wahrscheinlichkeit eine Infektion erwerben und weitergeben kann. Während dies bei homogenen Netzwerken der Fall ist, haben empirische Studien sozialer Netzwerke deren heterogene Struktur gezeigt, wobei eine relative Häufung von

Knoten mit hoher Zentralität auffällt (WASSERMAN und FAUST, 1994). Diese Heterogenität der Beziehungsstruktur zwischen Betrieben und Individuen und ihre Folgen bei der Ausbreitung von Infektionskrankheiten wurde auch in der Veterinärmedizin bestätigt (BÖHM et al., 2009; NATALE et al., 2009). So haben Tierhandelsnetzwerke in der Regel die Charakteristika von skalenfreien („scale-free“) Netzwerken (BARABÁSI et al., 2001) mit Kleine-Welt- („small world“-Eigenschaften (BIGRAS-POULIN et al., 2006; KISS et al., 2006a; NATALE et al., 2009). Small-world-Netzwerke zeichnen sich unter anderem durch kleine durchschnittliche kürzeste Pfaddistanzen („average shortest path length“) und die Existenz vieler Dreiecksbeziehungen aus (WATTS und STROGATZ, 1998). Eine skalenfreie Verteilung lässt sich durch ein sog. Potenzgesetz (power law) beschreiben. Solche Verteilungen weisen erhebliche Schwankungen des Mittelwerts auf, so dass vernünftige Mittelwerte hier oft nicht definiert werden können. Skalenfreie Netzwerke sind gegenüber dem Entfernen von Knoten nach dem Zufallsprinzip sehr robust, zerfallen jedoch durch gezieltes Entfernen von Knoten mit hohem Grad rasch in einzelne Komponenten (BARABASI und BONABEAU, 2003).

Die NWA-Studien in der Veterinärmedizin wurden von DUBÉ et al. (2009) anhand ihrer Fragestellung in vier Kategorien eingeteilt: Beschreibung der Kontaktstruktur von Tierbewegungen (WEBB und SAUTER-LOUIS, 2002; CORNER et al., 2003; WEBB, 2005; BIGRAS-POULIN et al., 2006; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009b), Untersuchung von Epidemien in der Vergangenheit (ORTIZ-PELAEZ et al., 2006; FIRESTONE et al., 2011; FIRESTONE et al., 2012), Beurteilung des Effektes von Verbringungsbeschränkungen für Tiere (VERNON und KEELING, 2012; GREAR et al., 2014) und epidemiologische Modelle zur Vorhersage der Krankheitsausbreitung in einem Netzwerk aufgrund der jeweiligen Kontaktstrukturen des Tierbestandes (KISS et al., 2005; KISS et al., 2006a; NATALE et al., 2009; KEELING et al., 2010; RAUTUREAU et al., 2010; AZNAR et al., 2011; LENTZ et al., 2011; NATALE et al., 2011; NÖREMARK et al., 2011; REYNOLDS et al., 2015). Die beiden letzteren Kategorien wurden von DUBÉ et al. (2011) später zu einer einzigen zusammengefasst.

In den letzten Jahren wurden in zahlreichen Ländern Netzwerkanalysen von Tierbewegungen durchgeführt, um länderspezifische Besonderheiten und kritische

Punkte für den Tierseuchenfall herauszuarbeiten (BIGRAS-POULIN et al., 2006). Zum ersten Mal wurde die NWA in der Veterinärmedizin von WEBB und SAUTER-LOUIS (2002) angewandt, um durch die Darstellung des Kontaktnetzwerkes innerhalb der englischen Schafpopulation Erkenntnisse zur Ausbreitungsdynamik von Scrapie zu gewinnen. CHRISTLEY et al. (2005) analysierten erstmals ein Netzwerk von Rinderbewegungen in Großbritannien und identifizierten Betriebe mit hohen Grad-Zentralitäten als Risikobetriebe für die Weiterverbreitung von Tierseuchen. Der Maul- und Klauenseucheausbruch im Jahre 2001 in Großbritannien gab Anlass zu weiteren NWA-Studien (ORTIZ-PELAEZ et al., 2006). KISS et al. (2006b) zeigten, dass die Identifikation möglicher Zielbetriebe positiver Tiere („Tracing“) bei skalenfreien Netzwerken zu langsam für ein effizientes Aufhalten einer Epidemie war. Dies führte zu dem Schluss, dass Betriebe mit hohen Zentralitätswerten durch sogenanntes „Intelligentes Tracing“ schon vor dem tatsächlichen Tierseuchenfall selektiert und bei dessen Eintreten sofort aus der Handelskette entfernt werden sollten (KISS et al., 2006b). Diesen deskriptiven Studien folgten Kombinationen der SNA mit den verschiedensten anderen Techniken und Modellen (BIGRAS-POULIN et al., 2006; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009b; NATALE et al., 2009; RAUTUREAU et al., 2010; FIRESTONE et al., 2011; FIRESTONE et al., 2012; CHEN et al., 2014; VANDERWAAL et al., 2014; REYNOLDS et al., 2015).

Ein zentrales Thema in der NWA-Forschung der letzten Jahre war die Dynamik von Tierhandelsnetzwerken, welche bei der traditionellen statischen Betrachtung über längere Zeit nicht berücksichtigt wird und zu starken Schwankungen der Netzwerkparameter einzelner Betriebe führt (BAJARDI et al., 2011; NATALE et al., 2011; NÖREMARK et al., 2011; HOLME und SARAMÄKI, 2012; KONSCHAKE et al., 2013; SCHÄRRER et al., 2015). Dies birgt im Tierseuchenfall die Gefahr von Fehlentscheidungen bei der Identifikation epidemiologisch bedeutsamer Betriebe (BAJARDI et al., 2011). Folglich versuchte man dieser Problematik durch die Betrachtung kürzerer Zeitfenster und durch die Definition zahlreicher neuer Begrifflichkeiten zu begegnen, die der Dynamik der Netzwerke und der zeitlichen Validität von dargestellten Infektionsketten Rechnung tragen. Mit der „Disease Flow Centrality“ wurde von NATALE et al. (2011) eine dynamische Messgröße für die Zentralität von Betrieben eingeführt, welche auch zeitliche Veränderungen im

Tierbewegungsnetzwerk einbezieht. Ein weiteres Ziel neuerer Studien war die Anwendung von NWA im Kontext der risikobasierten Überwachung (MARTIN et al., 2011; NÖREMARK et al., 2011; FRÖSSLING et al., 2012; RIBEIRO-LIMA et al., 2015; SCHÄRRER et al., 2015). So entwickelten NÖREMARK et al. (2011) den von DUBÉ et al. (2008) vorgeschlagenen Begriff der Infektionskette („infection chain“) weiter, bei dem durch die Berücksichtigung der zeitlichen Abfolge von Tierbewegungen nur tatsächlich mögliche Infektionsketten und das maximale daraus resultierende Ausmaß der Epidemie erfasst werden. Die Parameter „ingoing infection chain“ (NÖREMARK et al., 2011) und „outgoing infection chain“ (NÖREMARK und WIDGREN, 2014) beziehen zusätzlich zu direkten Handelskontakten eines Betriebes auch indirekte Kontakte mit ein, sodass alle potentiellen Herkunfts- bzw. Zielbetriebe einer Infektion eingeschlossen sind. Entsprechend können diese Werte sowohl zur risikobasierten Überwachung als auch während eines tatsächlichen Tierseuchenausbruches herangezogen werden (NÖREMARK und WIDGREN, 2014). Im Rahmen einer Pilotstudie in Schweden überprüften FRÖSSLING et al. (2012) den praktischen Wert dieser neu definierten Parameter für den Tierseuchenfall. SCHÄRRER et al. (2015) entwickelten basierend auf teils bekannten, teils neu definierten Zentralitätsparametern ein Risikobewertungssystem auf Betriebsebene, wobei erstmals valide Daten zum Umfang der Almwirtschaft in der Schweiz verwendet werden konnten.

### **2.1.1. NWA in der veterinärmedizinischen TB-Forschung**

In der TB-Forschung wurde die NWA anfangs hauptsächlich zur Untersuchung der Sozialstruktur von „maintenance hosts“ und der Kontaktstruktur zwischen verschiedenen Wirtsspezies eingesetzt, um mithilfe der gewonnenen Erkenntnisse effektivere Bekämpfungsstrategien zu entwickeln (CORNER et al., 2003; PORPHYRE, 2008; BÖHM et al., 2009; DREWE et al., 2011). Nach einem TB-Ausbruch in Teilen Minnesotas entwickelten RIBEIRO-LIMA et al. (2015) ein Bewertungssystem, um Risikobetriebe für ein erneutes Auftreten von TB zukünftig gezielt überwachen zu können. Dazu kombinierten sie die Ergebnisse einer NWA der Rinderbewegungen im betroffenen Gebiet mit aus der Literatur bekannten Risikofaktoren bezüglich Rinderbewegungen auf Betriebsebene (RIBEIRO-LIMA et al., 2015). GREAR et al. (2014) analysierten das Netzwerk von Rinderbewegungen in Michigan über mehrere Jahre; in dieser Zeit wurden im

untersuchten Gebiet mehrere Betriebe TB-positiv getestet. Im Gegensatz zu zahlreichen anderen Studien schien weder der Tierverkehr in dem relativ schwach verbundenen Netzwerk einen Risikofaktor für das Auftreten von TB auf Betrieben darzustellen, noch zeichneten sich die positiven Betriebe durch hohe Zentralitätswerte aus (GREAR et al., 2014).

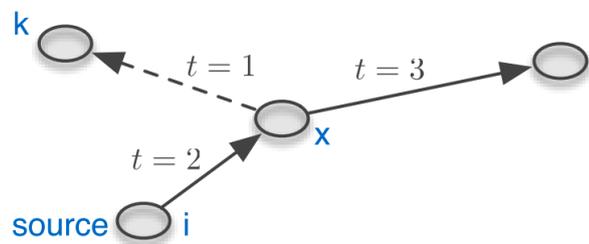
### **2.1.2. NWA in der Veterinärmedizin in Deutschland**

In Deutschland stellten LENTZ et al. (2009) erstmals die in der HIT-Datenbank (Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere) erfassten Rinderbewegungen zwischen Betrieben eines Landkreises dar und arbeiteten exemplarisch die Bedeutung der gängigen Netzwerkparameter für ein deutsches Rinderhandelsnetzwerk heraus. Im Jahre 2011 zeigte eine Analyse des Schweinehandels in Deutschland die Organisation des Netzwerkes in untereinander nur schwach verbundenen, bundeslandübergreifenden Clustern (LENTZ et al., 2011). Ebenfalls am Beispiel eines Handelsnetzwerkes von Schweinebewegungen zeigten Vergleiche unterschiedlicher Simulationen, dass die gezielte Entfernung von Betrieben aus der Handelskette anhand bestimmter Zentralitätsmaße sowohl der zufälligen Entfernung (BÜTTNER et al., 2013a) als auch der Entfernung aufgrund der räumlichen Distanz vom Indexbetrieb (BÜTTNER et al., 2016) überlegen war.

Ebenfalls mithilfe einer NWA untersuchte STEBER (2014) retrospektiv alle Bewegungen aus den Lebensläufen der Rinder, die im TB-Monitoring im Allgäu von 2007 bis 2010 im Tuberkulintest fraglich oder positiv reagiert hatten. So konnte die mögliche epidemiologische Bedeutung der Alpwirtschaft bei der Übertragung der TB herausgearbeitet werden. Das Vorkommen von Betrieben mit positiven TB-Testergebnissen, die vom Netzwerk völlig isoliert waren, deutete STEBER (2014) als möglichen Hinweis auf das Vorhandensein von Reservoiren bei Wildtieren.

Auch in Deutschland wurden Modelle entwickelt, um sich der zeitabhängigen Natur von Tierhandelsnetzwerken weiter anzunähern. So definierten KONSCHAKE et al. (2013) mit der „*dynamic out-component*“ einen dynamischen Zentralitätswert für die Selektion von Betrieben zur risikobasierten Probenentnahme bei Ausbruch einer Schweineseuche. LENTZ et al. (2013) schlugen die Begriffe der Erreichbarkeit („*accessibility*“) und der Kausalitätstreue

(„*causal fidelity*“) vor, um die Kantensequenzen (Pfade) innerhalb eines Netzwerkes im Hinblick auf ihre zeitliche Validität als mögliche Infektionsketten zu beurteilen. Die Kausalitätstreue „*c*“ wurde definiert als Quotient aus der Anzahl der kausalen Pfade eines Netzwerkes geteilt durch die Anzahl der Pfade, die bei aggregierter Darstellung der Kanten als statisches Netzwerk bestehen. Beispielsweise ist in Abb. 1 der Pfad von Knoten *i* zu Knoten *j* unter Berücksichtigung der zeitlichen Reihenfolge der Kanten ein kausaler Pfad, sodass eine Tierseuche sich entlang dieses Pfades ausbreiten könnte. Der Pfad zwischen *i* und *k* würde in der aggregierten Darstellung der Kanten als statisches Netzwerk aber ebenfalls existieren, obwohl die Ausbreitung einer Tierseuche auf diesem Pfad nicht möglich wäre, da die Kante von *x* nach *k* (Zeitpunkt  $t = 1$ ) bereits vor der Kante von *i* nach *x* (Zeitpunkt  $t = 2$ ) bestand.



**Abb. 1: Beispiel für einen kausalen (zeitlich validen) Infektionspfad von Knoten *i* zu Knoten *j* in einem Beispielnetzwerk; die zeitliche Reihenfolge der Kanten wird durch die Zeitpunkte  $t = 1$  als frühester Zeitpunkt bis  $t = 3$  als spätester Zeitpunkt verdeutlicht mit Genehmigung nach LENTZ et al. (2015)**

Die Kausalitätstreue ist also ein Maß für die Qualität der Approximation eines eigentlich zeitabhängigen Netzwerkes als statisches Netzwerk. Ergeben sich für das betrachtete NW niedrige *c*-Werte, so ist aufgrund der Berücksichtigung ihrer zeitlichen Abfolge nur ein kleiner Teil der Pfade als mögliche Infektionsketten zu bewerten und die Darstellung dieser zeitabhängigen Netzwerke in aggregierter Form unzureichend (LENTZ, 2013; LENTZ et al., 2013).

### III. MATERIAL UND METHODEN

Zur Erstellung der vorliegenden Dissertation wurde auf zwei Datenquellen zurückgegriffen. Die Daten zur TB-Situation der Rinder in den bayerischen Landkreisen entlang der Alpenkette wurden in der nationalen Tierbewegungsdatenbank HI-Tier (HIT) abgefragt (KROSCHEWSKI et al., 2006), während die Daten zum Rotwild vom bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) stammen.

#### 1. Daten aus der HIT-Datenbank

##### 1.1. Akquise und Aufbereitung der Rohdaten

Für die Akquise der Daten aus der HIT-Datenbank wurden mithilfe der HIT-Query-Language (STMELF, 2015) alle relevanten Daten extrahiert und vor dem Export mithilfe des integrierten Substitutionsprogrammes anonymisiert. Der Untersuchungszeitraum erstreckte sich von 01.01.2010 bis 31.12.2014. Die Aufbereitung der Daten erfolgte mit der Software „R“ (R CORE TEAM, 2014).

##### 1.1.1. Untersuchungsgebiet

Um die TB-Situation im bayerischen Voralpenraum möglichst vollständig zu erfassen, wurden die Landkreise und kreisfreien Städte entlang der Alpenkette als Untersuchungsgebiet ausgewählt. So sollten sowohl das in einer vorangegangenen Studie zur Beschreibung des TB-Monitorings im Allgäu (STEBER, 2014) betrachtete Gebiet als auch die Untersuchungsgebiete der verwendeten Rotwild-Studien (ANONYMUS, 2013; BÜTTNER et al., 2013b; MÜLLER et al., 2014) abgedeckt werden. Folglich wurden die Landkreise Ostallgäu (OAL), Unterallgäu (UA), Oberallgäu (OA), Garmisch-Partenkirchen (GAP), Bad Tölz-Wolfratshausen (TÖL), Miesbach (MB) und Rosenheim (RO1) sowie die darin liegenden kreisfreien Städte Kaufbeuren (KF), Kempten im Allgäu (KE), Memmingen (MM), Lindau (LI) und Rosenheim (RO) ausgewählt. Sämtliche Daten wurden zunächst für ganz Bayern aus der HI-Tier extrahiert; die Beschränkung auf das Untersuchungsgebiet wurde nachträglich in „R“ durchgeführt. Zu jedem bayerischen Betrieb, der mit Rinderhaltung in Zusammenhang stand, lag die PLZ vor. Ein separater Datensatz mit den Variablen

PLZ, Ort, Landkreis und Bundesland ermöglichte die Zuordnung dieser PLZ und damit der Betriebe zu den betrachteten Landkreisen (MANFRIN, 2015).

### **1.1.2. TB-Befunde**

Seit 01.07.2010 gibt es in der HI-Tier zudem die Möglichkeit, Informationen zu sämtlichen aktuell und vor dem genannten Datum durchgeführten TB-Untersuchungen beim Rind einzutragen (STMELF, 2015). Jedem erhobenen Befund können folgende Daten angefügt werden: Die Ohrmarke (LOM) des untersuchten Tieres, die Betriebsnummer des Heimatbetriebes (BNR15), das Probenentnahme-, -einsende- und -untersuchungsdatum, Probenmaterial, Untersuchungsmethode, kulturelle Nachweise der verschiedenen Mykobakterienspezies auf Spezies- und Komplex-Ebene, Untersuchungsergebnis und Untersuchungsgrund. Mögliche Angaben zu Einzeltierbefunden (ETB) sind dabei „nicht bewertbar“, „negativ“, „positiv“ und „fraglich“. Als Untersuchungsmethoden können Tests am lebenden Tier (Tuberkulin-Monotest, Tuberkulin-Simultantest, Gamma-Interferontest) und postmortale Untersuchungen (Mikroskopie, Polymerase-Kettenreaktion, Erregerisolierung in Zellkultur, kultureller Nachweis mit Speziesdifferenzierung) angegeben werden. Die aufgeführten Informationen wurden für alle im Untersuchungszeitraum in Bayern durchgeführten TB-Untersuchungen abgefragt. Aus dieser Tabelle wurden mithilfe der Software R alle Befunde selektiert, die in den Landkreisen und kreisfreien Städten entlang der Alpenkette erhoben worden waren. Nach Entfernung der Duplikate konnten 370.121 im Untersuchungsgebiet erzielte Testergebnisse zu 348.388 Tieren verwendet werden.

### **1.1.3. Begriffsdefinitionen**

Allgemein weisen alle Untersuchungsmethoden am lebenden Tier niedrigere Sensitivitäts- und Spezifitätswerte auf als die erst postmortal mögliche Erregerkultivierung, bei der zumindest die Spezifität 100 % erreicht (SCHILLER et al., 2010). Entsprechend liegt eine Rindertuberkulose gemäß der RindTbV nur dann vor, wenn ein TB-Test am lebenden Tier durch eine postmortale Untersuchung (Nachweis von *M. bovis* oder *M. caprae* in der Kultur oder durch die PCR) bestätigt wird (2013). Dies wurde in der vorliegenden Arbeit genutzt, um verschiedene Gruppen epidemiologisch interessanter Tiere und Betriebe zu definieren. Die Gruppe von Tieren mit „fraglichem“ Infektionsstatus umfasste alle

Rinder, denen in der HIT ein fraglicher, aber kein zusätzlicher positiver TB-Befund zugeordnet war. Als „positiv“ werden im Folgenden alle Tiere bezeichnet, die ein positives Testergebnis aufwiesen, unabhängig von den Ergebnissen weiterer durchgeführter Untersuchungen und unabhängig von der angewandten Methode. Diese Tiere gelten im Sinne der RindTbV zum Teil lediglich als TB-verdächtig. Die Heimatbetriebe dieser Tiere zum Untersuchungszeitpunkt werden als „positive Betriebe“ zusammengefasst. Die Gruppe „offiziell positiver“ Tiere setzt sich aus Tieren zusammen, die in mindestens einer postmortalen Untersuchung positiv befundet wurden und damit auch gemäß der RindTbV als TB-positiv zu bewerten sind. Per Definition stellt diese Gruppe damit eine Teilmenge der positiven Tiere dar. Analog werden die Betriebe als „offiziell positiv“ bezeichnet, auf denen diese Tiere vor ihrem Tod zuletzt gemeldet waren. Entsprechend werden im Folgenden alle positiven TB-Untersuchungsergebnisse unabhängig von der angewandten Testmethode „positive Befunde“ und nur die postmortal erhobenen positiven Untersuchungsergebnisse „offiziell positive Befunde“ genannt.

Für Alp-/Almbetriebe wurde in dieser Arbeit die einheitliche Benennung „Almbetrieb“ gewählt. Da auch Almbetrieben Informationen hinsichtlich ihrer möglichen epidemiologischen Relevanz im TB-Geschehen zugeordnet werden sollten, wurde in dieser Arbeit der Begriff „positive Almbetriebe“ verwendet. Dieser Status ist im Gegensatz zu Rinderhaltungs-Betrieben nicht mit einem Nachweis von Mykobakterien oder TB auf dem jeweiligen Almbetrieb gleichzusetzen, da auf Almbetrieben aus logistischen Gründen keine TB-Tests durchgeführt werden können. Die Bezeichnung als „(offiziell) positive Almbetriebe“ beruht deshalb auf deren Vorkommen in den Lebensläufen (offiziell) positiver Rinder.

Als fragliche Tiere werden die Rinder eingestuft, deren Untersuchungsergebnisse mindestens einen fraglichen, jedoch keinen positiven Befund enthalten.

Weiterhin war die Definition eines Zeitraumes notwendig, in dem die Ansteckung der Rinder wahrscheinlich erfolgte. Gleichzeitig besteht damit die Vermutung, dass die Tiere in diesem Zeitraum potenziell infektiös für andere Tiere waren. Das Jahr vor dem ersten in der HIT gemeldeten positiven TB-Einzelbefund wird im Folgenden sowohl in Bezug auf Tiere als auch auf Betriebe als „mutmaßlicher

infektiöser Zeitraum“ (MIZ) bezeichnet (= erster positiver TB-Befund minus 365 Tage).

#### **1.1.4. Betriebe**

Mittels der HIT-Query-Language wurde eine Übersichtsliste zu allen bayerischen Betrieben erstellt, die mit der Haltung von Rindern in Zusammenhang stehen. Diese wurden aufgrund der in der HI-Tier angegebenen Betriebstypen ausgewählt. Als relevante Betriebstypen wurden über das Codeset „TYP\_BETR“ (STMELF, 2015) die Nummern 1 (landwirtschaftlicher Rinderhalter), 2 (nicht landwirtschaftlicher Rinderhalter, z. B. Zuchtverband o.Ä.), 3 (Viehhändler), 4 (Schlachtbetrieb), 137 (Almgenossenschaft) und 140 (Weidegenossenschaft) selektiert. Betriebe vom Typ 1 mit landwirtschaftlicher Rinderhaltung werden in dieser Arbeit analog zu ihrer Benennung in der HIT als „landwirtschaftliche Rinderhalter“ bezeichnet. Diese Bezeichnung bezieht sich also ausdrücklich auf die Betriebe, nicht auf deren Besitzer. Da jeder Betrieb mehrere Betriebstypen in die Datenbank einspeisen kann, wurde pro Betrieb jeweils der numerisch höchste Betriebstyp abgefragt. Dies entsprach jeweils dem Betriebstyp mit der höchsten vermuteten epidemiologischen Relevanz. Für ganz Bayern waren dies 72.220 Betriebe, von denen sich 16.039 Betriebe im Untersuchungsgebiet befanden. Für jeden Betrieb in Bayern wurden folgende grundlegenden Informationen abgefragt: die Postleitzahl (PLZ), der höchste angegebene Betriebstyp (TYP\_BETR) und die durchschnittliche Anzahl gemeldeter Rinder am Jahresende (RI\_A\_SUM) gemittelt über den Untersuchungszeitraum. Aus der Entität „ZO\_TB\_RIND“ wurden dann jedem Betrieb Informationen zu auf diesem Betrieb von 2010 bis 2014 ermittelten oder dem Betrieb zugeordneten TB-Untersuchungsergebnissen angefügt. TB-Befunde werden in der HIT in der Regel (bayernweit in 99,5 % der Fälle) nur Betrieben vom Typ 1 (landwirtschaftlicher Rinderhalter), also den Heimatbetrieben der untersuchten Rinder zugeordnet, auch wenn der Befund beispielsweise postmortal am Schlachthof erhoben wurde. Positive Befunde waren in der HIT ausschließlich bei landwirtschaftlichen Rinderhaltungen vermerkt. Für alle Betriebe in Bayern wurden die Anzahl und der Erhebungszeitraum der TB-Befunde abgefragt (Summe aller erhobenen Befunde, frühestes und spätestes zugehöriges Probenentnahme-/Untersuchungsdatum, aufgeschlüsselt als offiziell positive, positive sowie Gesamtzahl der Befunde). Die Zugehörigkeit der Betriebe zu bestimmten Betriebsgruppen (positive Betriebe,

offiziell positive Betriebe, Betriebe aus Lebensläufen der positiven Tiere, Alp- und Weidegenossenschaftsbetriebe) wurde mittels Dummy-Variablen kodiert.

### **1.1.5. Rinder**

In ähnlicher Weise wurde mithilfe der HIT-Query-Language eine Übersicht für alle Rinder zusammengestellt, die während des Untersuchungszeitraumes auf bayerischen Betrieben untersucht worden waren. Zur Berechnung des Alters wurden Geburts- und (falls vorhanden) Todesdatum abgefragt, außerdem wie bei den Betrieben die Summe aller erhobenen TB-Befunde, frühestes und spätestes Probenentnahme-/Untersuchungsdatum bezogen auf alle durchgeführten TB-Untersuchungen und auf Untersuchungen mit positivem und offiziell positivem Ergebnis. Nach Aufbereitung der Daten mit R verblieben Informationen zu 421.205 in Bayern untersuchten Rindern, von denen 348.388 in den Landkreisen und kreisfreien Städten entlang der Alpenkette untersucht worden waren.

### **1.1.6. Lebensläufe**

Für alle in Bayern auf TB untersuchten Rinder wurden in der HI-Tier mithilfe der Funktion „LEBENSLF“ (STMELF, 2015) die Lebensläufe (LLF) abgefragt. Dazu wurden auch Daten vor dem analysierten Studienzeitraum abgefragt, also die vollständigen Lebensläufe dieser Tiere, um die tatsächliche Anzahl an Stationen im Lebenslauf zu erfassen. Im Vergleich zu den mit „RI\_BEWEG“ extrahierten Tierbewegungen (siehe Kapitel III.1.1.7) waren für in Bayern auf TB untersuchte Tiere somit zusätzlich Informationen zu Bewegungen außerhalb Bayerns zugänglich.

Die Datensätze zu den LLF TB-positiver und -negativer Tiere wurden zunächst einer Plausibilitätsprüfung unterzogen und Fehleintragungen soweit möglich korrigiert oder aus der Auswertung ausgeschlossen. Ebenso wurden die LLF solcher Tiere ausgeschlossen, die zusätzlich positiven und negativen Befunden auch fragliche oder invalide Befunde aufwiesen. Bewegungsmeldungen mit einer Differenz der zugeordneten Daten von bis zu zwei Tagen wurden mit einbezogen; in der Auswertung wurde jeweils das Abgangsdatum verwendet. Die weitere Aufbereitung erfolgte im Rahmen der Erstellung der Datensätze „Aufenthalte“ und „Kontakte“ (siehe Kapitel III.1.2.1 und III.1.2.2) und der Applikation (App) zu den NWA (siehe Kapitel III.1.3.2) sowie im Zuge der Vorbereitung für die

Regressionsanalysen (siehe Kapitel III.1.3.3). Tiere mit fraglichen und ungültigen Testergebnissen wurden in die Deskription der Daten mit aufgenommen, bei der Vorbereitung aller weiteren Analysen jedoch entfernt.

Nach Aufbereitung lagen die LLF von 683 positiven (davon 133 offiziell positiven) Rindern vor. Davon gingen 677 positive (129 offiziell positive) Tiere in die Auswertung ein, deren erster positiver TB-Befund im Untersuchungsgebiet erhoben worden war. Außerdem standen nach Datenbereinigung, Abgleich der Ohrmarken mit dem Befunddatensatz sowie Entfernung von Tieren mit fraglichen und ungültigen Testergebnissen die LLF von 346.747 Rindern zur Verfügung, welche im Untersuchungsgebiet getestet und ausschließlich negativ befundet worden waren.

#### **1.1.7. Tierbewegungen**

Unter der Entität „RI\_BEWEG“ sind in der HIT-Datenbank alle Rinderbewegungen innerhalb Deutschlands abrufbar, die ab dem 01.01.2010 stattgefunden haben (STMELF, 2015). Zu jeder Einzeltierbewegung stehen die Betriebsnummern von Vor- und Nachbesitzer des betreffenden Rindes, das Bewegungsdatum und die Ohrmarke des Tieres zur Verfügung. Diese Daten wurden für den Untersuchungszeitraum zu allen Tierbewegungen abgefragt, bei denen mindestens einer der beteiligten Betriebe (Herkunfts- oder Zielbetrieb) in Bayern lag. Die erhaltenen 20.719.891 Datenzeilen zu den Tierbewegungen wurden mithilfe von R zunächst bereinigt und anschließend so eingeschränkt, dass wiederum mindestens einer der an der Bewegung beteiligten Betriebe in den betrachteten Landkreisen und kreisfreien Städten lag. So gingen 4.830.183 Tierbewegungen mit Beteiligung von Betrieben aus dem Untersuchungsgebiet in die Auswertung ein. Für die Berechnung bestimmter lokal definierter Zentralitätsmaße sowie in den Regressionsanalysen wurde zusätzlich der ursprüngliche Datensatz verwendet.

Des Weiteren wurden für den Untersuchungszeitraum aus der HI-Tier mithilfe der Entität „RI\_BEWEG“ alle Rinderbewegungen abgefragt, an denen ein Betrieb beteiligt war, der in den Lebensläufen der in Bayern TB-positiv befundenen Rindern vorkam (siehe Kapitel III.1.1.6, im Folgenden als LLF-Betriebe bezeichnet).

## 1.2. Datenaufbereitung

Die Aufbereitung der Daten und praktische Umsetzung von Berechnungen wurde in dieser Arbeit mithilfe der freien (Statistik-) Programmiersprache R durchgeführt. In Kapitel IX.2 werden sämtliche verwendeten R-Pakete aufgeführt. Alle aus der HIT-Datenbank extrahierten Datensätze wurden mit dem Ziel einheitlicher Variablennamen und guter Handhabbarkeit aufbereitet und bereinigt. Dies schloss u.a. die Entfernung von Duplikaten und nicht notwendigen Spalten ein. Außerdem wurden die aus Abfragen für ganz Bayern entstandenen Datensätze (bzgl. Betrieben, Rindern, TB-Befunden und Tierbewegungen) auf die für das Untersuchungsgebiet relevanten Zeilen beschränkt.

Die Betriebstypen 137 (Almgenossenschaft) und 140 (Weidegenossenschaft) aus der HI-Tier wurden für die Auswertung der Daten zu einem Betriebstyp zusammengefasst.

Die zeitliche Einschränkung der Datensätze auf den Untersuchungszeitraum wurde in der Regel bereits bei der Datenakquise aus der HI-Tier vorgenommen. Lediglich die LLF von im Untersuchungszeitraum positiv und ausschließlich negativ getesteten Rindern erstreckten sich über einen längeren Zeitraum, weshalb Bewegungen nach dem 31.12.2014 mithilfe von R nachträglich entfernt wurden.

Zur Vorbereitung der verschiedenen Analysen wurden zahlreiche einander sehr ähnliche Datensätze erzeugt (durch Ergänzung einzelner Variablen in Datensätzen für spezifische Fragestellungen, Bilden von Subsets etc.), die in dieser Arbeit nicht im Einzelnen beschrieben werden. Im Folgenden werden die wichtigsten aus den Rohdaten generierten Datensätze beschrieben.

### 1.2.1. Aufenthalte

Für bestimmte Analysezwecke erwies es sich als günstiger, Aufenthalte statt Bewegungen von Tieren zu betrachten, was letztlich eine andere Darstellungsweise für dieselbe Information ist. Für die TB-positiven Tiere wurde deshalb aus verschiedenen Datensätzen (Bewegungen, Lebensläufe positiver Tiere, Betriebe, Tiere) ein Datensatz mit den folgenden Variablen generiert:

- Tier-ID (Kennung)
- ID des Betriebes, auf dem sich das Tier aufgehalten hatte
- (maximaler) Betriebstyp
- Datum der ersten positiven Untersuchung, die dem Betrieb zugeordnet ist
- Postleitzahl, Ort und Landkreis des Betriebs

- Beginn und Ende des Aufenthalts
- Aufenthaltsdauer
- vorangegangener und darauffolgender Betrieb im LLF des Tieres
- erstes positives Untersuchungsdatum des Tieres
- der ersten positiven Untersuchung des Tieres zugeordneter Betrieb
- Zeitdifferenz zwischen erster positiver Untersuchung und Beginn sowie Ende des Aufenthalts

Insgesamt ergibt sich für die positiven und offiziell positiven Tiere im Untersuchungsgebiet eine Zahl von 3.832 Aufenthalten.

### 1.2.2. Kontakte

Aus dem Datensatz der Aufenthalte wiederum wurde ein Datensatz von (zeitgleichen und auch zeitversetzten) Tierkontakten im Sinne von Aufenthalten im selben Betrieb generiert. Für jedes Paar von Aufenthalten, die jeweils demselben Betrieb zugeordnet sind, wurde in diesem Datensatz eine Zeile mit den folgenden Variablen erstellt:

- IDs der beiden beteiligten Tiere
- Betrieb, in dem der Kontakt stattfand mit (maximalem) Betriebstyp, PLZ, Ort, LKR
- Für beide Tiere: Beginn und Ende des jeweiligen Aufenthaltes, erste positive Untersuchungsdaten sowie deren Zeitdifferenzen zu Beginn/Ende des Aufenthalts (analog zum Kontakte-Datensatz)
- Indikator, ob sich die Aufenthalte der beiden Tiere zeitlich überlappen, also direkter Kontakt möglich war (Dummy-Variable)
- Für zeitlich überlappende Aufenthalte: Beginn und Ende, Dauer
- Indikator, ob eines der beteiligten Tiere offiziell positiv war
- Bei Kontakten auf Almen: Indikator, ob auch in Betrieben anderer Typen ein Kontakt zwischen denselben Tieren stattgefunden hat

Ein Tierkontakt wurde dabei als mögliches Infektionsereignis im Sinne einer gerichteten (Erreger-)Übertragung betrachtet (BELL et al., 1999). Deshalb wurden die beiden den Kontakt darstellenden Aufenthalte in einer Zeile so angeordnet, dass eine Infektion von Tier 2 durch Tier 1 denkbar ist; somit musste das Zugangsdatum von Tier 1 vor dem Abgangsdatum von Tier 2 liegen. Bei zeitlicher Überschneidung der beiden Aufenthalte, also möglichen direkten Kontakten, wurden zwei Zeilen generiert, um die Möglichkeit der Übertragung in beide Richtungen abzubilden.

Der Kontakte-Datensatz zu positiven und offiziell positiven Tieren enthält 58.671 Datenzeilen (= mögliche Kontakte), wovon allerdings ein Großteil Doppelungen darstellt. Dies ist einerseits auf die doppelte Aufführung direkter Kontakte,

andererseits auf wiederholte Kontakte zwischen denselben Tieren auf demselben Betrieb zurückzuführen. Die entsprechenden Auswertungen wurden jeweils mit und ohne Berücksichtigung der Doppelungen durchgeführt. Von der Gesamtzahl der möglichen Kontakte positiver Tiere sind 20.986 Kontakte als direkt zu bewerten, die restlichen 37.685 Kontakte als indirekt (= zeitversetzter Aufenthalte im selben Betrieb). Der erzeugte Datensatz wurde als *igraph*-Objekt abgelegt (siehe Kapitel III.1.3) und diente als Grundlage für die Erstellung des Tierkontakte-Netzwerkes.

### 1.3. Auswertung

Auch für die Auswertung der Daten und die Erstellung von Grafiken wurde die freie Programmiersprache R verwendet (R CORE TEAM, 2014). Teilweise wurden die Grafiken mit dem Microsoft Office Picture Manager®, die Tabellen mit Microsoft Excel® nachbearbeitet (Microsoft®). Sämtliche Auswertungen im Zusammenhang mit Netzwerken wurden mit dem R-Paket *igraph* durchgeführt (CSARDI und NEPUSZ, 2006; THE IGRAPH CORE TEAM, 2014), welches Möglichkeiten zur Verarbeitung, Analyse und grafischen Darstellung von Netzwerken bietet. Die Auswertungen zu Landkarten, Netzwerken und Zentralitätsmaßen wurden mit dem R-Paket *Shiny* (CHANG, 2015) in Form interaktiver Applikationen visualisiert. Jede *Shiny*-Applikation besteht aus drei Teilen: den Server-Input-Dateien in Form von R-Codes (mehrere möglich), dem Server-Code zum Laden der Input-Dateien (*server.R*) und dem Code zur Erstellung der Benutzeroberfläche („user interface“, *ui.R*). Die Applikationen wurden in Zusammenarbeit mit dem Institut für Statistik der LMU München (Lehrstuhl für Statistik und ihre Anwendungen in Wirtschafts- und Sozialwissenschaften, Leitung: Prof. Dr. Kauermann) erstellt. Die Ausgaben dieser Applikationen und die daraus resultierenden Grafiken werden in den Ergebnissen dargestellt.

In allen Grafiken und Diagrammen dieser Arbeit wurden einheitliche Farbschemata benutzt. Ein Farbschema repräsentiert die verschiedenen Betriebstypen, das andere den Infektionsstatus von Tieren/Befunden/Betrieben/Bewegungen.

Die Betriebstypen werden durch folgende Farben dargestellt:

-  Almbetriebe
-  Händler
-  Viehhalter
-  Schlachtbetriebe
-  Sammelkategorie Zuchtbetriebe

Der Infektionsstatus, also die Einordnung eines Betriebes, Tieres oder Befundes als positiv oder offiziell positiv, wird in Diagrammen durch folgende Farbgebung dargestellt:

-  negative Betriebe/Tiere/Befunde
-  fragliche Betriebe/Tiere/Befunde
-  positive Betriebe/Tiere/Befunde
-  offiziell positive Betriebe/Tiere/Befunde

Diese Darstellung wurde für die Visualisierung von Tieren, Betrieben und Tierbewegungen in Form von Netzwerken noch verfeinert, indem bei der Farbgebung zusätzlich der mutmaßliche infektiöse Zeitraum (MIZ) berücksichtigt wurde:

-  positive Betriebe/Tiere/Bewegungen
-  positive Betriebe/Tiere/Bewegungen im MIZ
-  offiziell positive Betriebe/Tiere/Bewegungen
-  offiziell positive Betriebe/Tiere/Bewegungen im MIZ

### 1.3.1. Deskription

Um die Daten zu im Untersuchungsgebiet erhobenen TB-Befunden, untersuchten Betrieben und Tieren zu beschreiben, wurden diese anhand verschiedener Kriterien wie dem Infektionsstatus oder den Betriebstypen der beteiligten Betriebe aufgeschlüsselt. Die Ergebnisse wurden in Form von Grafiken und Tabellen visualisiert.

Für die geografische Deskription der Daten aus der HI-Tier zu rinderhaltenden Betrieben, Tieren und der Almwirtschaft im Untersuchungsgebiet sowie der Daten zu TB-Fällen beim Rotwild (siehe Kapitel III.2.1) wurde mithilfe des R-Pakets *Shiny* eine interaktive Applikation erstellt (siehe Kapitel IX.2).

Zunächst wurden aus den HIT-Daten die zu betrachtenden Variablen pro geografischer Einheit (PLZ- und LKR-Ebene) errechnet und in Tabellenform abgelegt (Ergebnisse auf LKR-Ebene siehe Tab. 1, Kap. IV.1.4, S. 49). Für jedes PLZ-Gebiet bzw. jeden LKR lassen sich in der implementierten Landkarte der Applikation für das vom Betrachter gewählte Zeitfenster folgende Variablen ausgeben:

- Zahl der Betriebe im Zusammenhang mit Rinderhaltung
- Zahl der Almbetriebe
- Zahl und Anteil der Rinderhalter mit Zugängen von Almbetrieben
- Zahl und Anteil positiver Halter
- Zahl und Anteil offiziell positiver Halter
- Zahl und Anteil positiver Almbetriebe
- Zahl und Anteil offiziell positiver Almbetriebe
- Zahl positiver Tiere
- Zahl offiziell positiver Tiere

Die Farbintensität entspricht dabei dem Wert der gewählten Variablen in der jeweiligen geografischen Einheit. Für die kartografische Darstellung der PLZ-Gebiete und Landkreise wurden Shapefiles aus dem Open-Source-Projekt *OpenStreetMap* verwendet (OPENSTREETMAP CONTRIBUTORS, 2015). Die Datensätze zu den Konturen der PLZ entstammen der zugehörigen Community bzw. der verlinkten Internetseite <http://www.suche-postleitzahl.org/> (SCHWOCHOW, 2015), während die Konturen der LKR mithilfe des R-Pakets *Osmar* (R CORE TEAM, 2015) direkt aus *OpenStreetMap* exportiert wurden. Neben der interaktiv modifizierbaren Landkarte wurden in der Applikation eine Zeitachse (Histogramm) mit allen TB-Fällen bei Rindern und Rotwild, eine Tafel zur Anzeige aller verfügbaren Informationen zur betrachteten geografischen Einheit und ein Eingabefeld zur gezielten Suche von PLZ-Gebieten implementiert (siehe Abb. 33 im Anhang, Kap. IX.3, S. 138). Weiterhin ließ sich die Darstellung der TB-Fälle beider Spezies auf beliebige Zeitfenster bis maximal zum gesamten Untersuchungszeitraum einstellen. Anhand der Informationen aus den zugrunde liegenden Landkarten zum ERA-Net-Projekt und bayerischen Rotwild-Monitoring (siehe Kapitel III.2.1) wurden die Raster mit den Planquadraten aus beiden Projekten nachgezeichnet, über die bereits erstellte Landkarte gelegt und die Anzahl zugeordneter Rotwildfälle in Form unterschiedlich großer gelber Symbole eingezeichnet (siehe Abb. 33 im Anhang, Kap. IX.3, S. 138). In Kapitel IV.1.4 wird jeweils nur die mithilfe der Applikation erstellte Landkarte abgebildet.

### 1.3.2. Netzwerkanalysen

Die NWA hatte in dieser Arbeit einerseits die grafische Deskription und Exploration der Daten in Form von Netzwerken zum Ziel, andererseits diente sie der Berechnung von NW-Parametern, welche teilweise als Kovariablen in die Regressionsanalysen eingingen.

Die Grundlage für das Handelsnetzwerk bildete der Datensatz der Tierbewegungen mit Beteiligung von Betrieben aus dem Untersuchungszeitraum, aus dem Teilnetzwerke herausgegriffen und separat betrachtet wurden. Die LLF der (offiziell) positiven Rinder lieferten zusammen mit dem Betriebe-Datensatz die nötigen Informationen zur Erstellung eines Netzwerkes von Tierkontakten.

Grafisch dargestellt wurden im Rahmen dieser Arbeit zwei eng miteinander verzahnte Netzwerktypen. Kontakte zwischen (offiziell) TB-positiven Einzeltieren wurden als ungerichtetes NW visualisiert, während die direkten Handelskontakte der in den LLF der (offiziell) positiven Rinder vorkommenden Betriebe als gerichtetes NW abgebildet wurden. Diese Vorgehensweise spiegelt wider, dass Tierkontakte bidirektionale Verbindungen zwischen zwei Individuen und Tierbewegungen zwischen Betrieben gerichtete (Handels-)Kontakte darstellen (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a; DUBÉ et al., 2011).

#### 1.3.2.1. Netzwerk der Tierbewegungen

Die Erfassung aller Tierbewegungen mit Beteiligung von Betrieben aus dem Untersuchungsgebiet ergab ein gerichtetes Netzwerk mit 34.071 Knoten (13.402 Betriebe der Alpenkette, die in das Netzwerk eingebunden sind, 2.637 isoliert liegende Betriebe der Alpenkette, 18.032 Betriebe außerhalb der Alpenkette, die jedoch in direktem Austausch mit Betrieben innerhalb stehen) und 4.830.183 bzw. 182.137 Kanten bei Streichen mehrfach vorkommender Verbindungen zwischen denselben Knoten.

Dieses Netzwerk (im Folgenden NW 1 genannt) wurde lediglich zur Berechnung der NW-Zentralitätsmaße In-Degree (InD) und Out-Degree (OutD) herangezogen, die lokal definiert sind (d. h. nicht auf das gesamte Netzwerk Bezug nehmen, sondern lediglich auf die direkten Kontakte der betrachteten Betriebe). Die auf dem NW 1 basierenden InD-Werte gingen als Kovariablen in die Regressionsanalysen auf Betriebsebene ein. Von einer Darstellung des NW 1 wurde aus Gründen der Übersichtlichkeit abgesehen.

In dieser Arbeit wurde das NW vor der Berechnung aller nicht lokal definierten Zentralitätsmaße zusätzlich auf diejenigen Bewegungen eingeschränkt, bei denen beide beteiligten Betriebe innerhalb des Untersuchungsgebietes entlang der Alpenkette lagen (im Folgenden NW 2 genannt). Kontakte zu Betrieben außerhalb des Untersuchungsgebietes sind im NW 2 im Gegensatz zu NW 1 also nicht enthalten. Das NW 2 bestand aus 2.176.741 Kanten/Bewegungen zwischen im Untersuchungsgebiet verorteten Betrieben/Knoten. Zur Datenexploration wurde die Struktur des NW 2 aggregiert nach Betriebstypen visualisiert.

In dieser Arbeit diente die Berechnung der Zentralitätsmaße der Betriebe im Untersuchungsgebiet vornehmlich der Datenexploration. Mögliche Unterschiede zwischen verschiedenen Betriebsgruppen hinsichtlich Betriebstyp und Infektionsstatus sollten visualisiert und auf ihre Eignung als Kovariablen in den Regressionsanalysen betrachtet werden. Zur grafischen Darstellung wurde wiederum eine *Shiny*-Applikation erstellt (siehe Abb. 34, im Anhang, Kap. IX.4, S. 139), welche es ermöglichte, Scatterplots zu zwei verschiedenen Zentralitätsmaßen zu erstellen und dabei positive Betriebe und Betriebe bestimmter Typen hervorzuheben. Außerdem konnten die Zentralitätsmaße von bestimmten Betrieben abgefragt werden, welche in den Netzwerk-Applikationen (s.u.) ob ihrer zentralen Stellung auffielen.

Zu diesem Zweck wurden mithilfe des R-Paketes *igraph* (CSARDI und NEPUSZ, 2006) die nachfolgend aufgeführten NW-Parameter für alle Betriebe mit positiven und ausschließlich negativen TB-Testergebnissen im Untersuchungsgebiet errechnet und tabellarisch abgelegt, sodass sie in der Applikation als Variablen für die x- und y-Achse selektiert werden konnten:

- gewichteter In- und Out-Degree
- ungewichteter In- und Out-Degree
- Eigenvektor-Zentralität (ungewichtet und gewichtet)
- Betweenness-Zentralität (ungewichtet und gewichtet, normalisiert)
- Closeness-Zentralität (in und out)

Für die zur Berechnung der Kennzahlen verwendeten Formeln wird auf die Dokumentation zum *igraph*-Paket verwiesen (THE IGRAPH CORE TEAM, 2014). Aus Gründen der Einheitlichkeit der NW-Parameter innerhalb der Applikation wurde auch für die Berechnung der (grundsätzlich lokal definierten) In- und Out-Degrees auf das zuvor abgegrenzte NW 2 zurückgegriffen. Das

zugrunde liegende Netzwerk konnte dabei zeitlich auf Bewegungen innerhalb wählbarer Zeitfenster von Monaten oder Kalenderjahren begrenzt oder der gesamte Untersuchungszeitraum betrachtet werden. Da alle Zentralitätsmaße eine stark rechtsschiefe Verteilung aufwiesen und sich die meisten Untersuchungseinheiten (Betriebe) im unteren linken Bereich des Achsenkreuzes des Scatterplots befanden, wurden zwei Einstellungsmöglichkeiten implementiert, um die visuelle Erfassung zu erleichtern. Der Einfluss extremer Werte konnte durch das Logarithmieren der Variablen visuell gemindert oder die 0,05 % Untersuchungseinheiten mit den höchsten Werten gestrichen werden. Selektierbar waren weiterhin das farbliche Hervorheben der verschiedenen Betriebstypen sowie des Infektionsstatus entsprechend dem bekannten Farbschema, Betriebe ohne TB-Testergebnisse konnten ausgeblendet werden. Um die Unterschiede zwischen selektierten Betriebsgruppen deutlich zu machen, wurden Kerndichteschätzer für die jeweiligen Verteilungen aggregiert nach Betriebstypen und Infektionsstatus angrenzend an die entsprechenden Achsen eingebaut. Weiterhin wurden einige globale NW-Kennzahlen wie die Dichte und die schwach verbundene Riesenkomponente für das betrachtete NW berechnet und in der Applikation ausgegeben.

Abb. 34 (im Anhang, Kap. IX.4, S. 139) zeigt die Oberfläche der Applikation zur Exploration der Zentralitätsmaße anhand eines Beispiels. In Kap. IV.2.2.1 wurden einzelne Grafiken zu ausgewählten NW-Parametern abgebildet und die vorgenommenen Einstellungen im Text erläutert. Besonderes Augenmerk wurde beim Vergleich der Betriebstypen auf die Gruppe der Almbetriebe gelegt, während die Betriebsgruppen der Händler, Züchter und Schlachtbetriebe in dieser Studie von untergeordnetem Interesse waren und teilweise ausgeblendet wurden. Die Scatterplots wurden insbesondere zur Beschreibung des Netzwerkes im Ganzen verwendet, während die Kerndichteschätzer Unterschiede zwischen verschiedenen Gruppen besser widerspiegeln.

Als Vorbereitung für die Visualisierung des Handelsnetzwerkes wurde der Datensatz aller Bewegungen mit Beteiligung von Betrieben aus den LLF positiver Tiere um Informationen aus den Datensätzen zu allen Betrieben Bayerns, den LLF positiver Tiere und den PLZ-Gebieten ergänzt. Um eine epidemiologisch interessante Betriebsgruppe zu beleuchten und zugleich die visuelle Erfassung zu erleichtern, wurde nachfolgend auf die Bewegungen eingeschränkt, die zwischen

den Betrieben aus den LLF positiver Tiere (im Folgenden LLF-Betriebe genannt) erfolgten. Als Grundlage für dieses Handelsnetzwerk (im Folgenden NW 3 genannt) verblieben 540 Knoten, welche den LLF-Betrieben entsprechen sowie 931.030 Kanten, welche Tierbewegungen zwischen diesen Knoten symbolisieren. Den Kanten wurden aus den LLF der positiven Tiere außerdem zwei Attribute in Form von Indikator-Variablen zugewiesen, welche in der Netzwerk-App die Farbe der Kanten bestimmen (siehe Kap. III.1.3.2.3). Die Grundfarbe der Kante wird dadurch festgelegt, ob diese die Bewegung eines positiven oder offiziell positiven Rindes darstellt, während die dynamische Farbgebung zeigt, ob die Bewegung vor oder bereits während des MIZ des bewegten Tieres stattfand.

In dieser Studie wurde mit dem Handelsnetzwerk zwischen den LLF-Betrieben ein zeitabhängiges Netzwerk durch Aggregieren in eine statische und somit einfacher abzubildende Form gebracht. Mit der Kausalitätstreue wurde von LENTZ et al. (2013) eine Größe definiert, um die Güte einer statischen Approximation eines zeitabhängigen Netzwerkes abzuschätzen (siehe Kap. II.2.1.2). Die Kausalitätstreue-Werte wurden für das NW 2, für das in der Applikation visualisierte NW aus allen Bewegungen zwischen LLF-Betrieben und für das nur aus den Bewegungen positiver Tiere bestehende Netzwerk berechnet, um den Anteil der kausalen Pfade an den in der statischen Approximation vorhandenen Pfaden zu bestimmen.

### **1.3.2.2. Netzwerk der Tierkontakte**

Als Basis für die Erstellung des Netzwerkes der Tierkontakte diente der Datensatz mit den direkten und indirekten Kontakten zwischen (offiziell) positiven Tieren. Die positiven Tiere stellen dabei Knoten und die Kanten die Kontakte zwischen den Tieren dar.

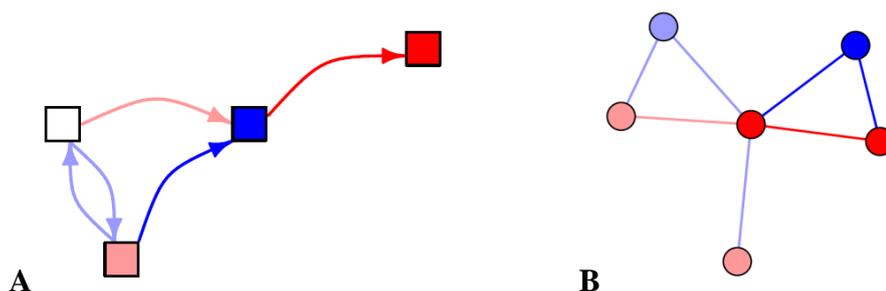
Zur Exploration des Tierkontakte-Netzwerkes wurde die Anzahl der Aufenthalte und Kontakte der positiven und offiziell positiven Tiere nach den zugeordneten Betriebstypen und dem Infektionsstatus der Tiere aufgeschlüsselt. Außerdem wurden die relativen Häufigkeiten der Anzahl (unterschiedlicher) durchlaufener Alm- und anderer Betriebe im Vergleich der (offiziell) positiven und negativen Tiergruppen grafisch dargestellt.

### **1.3.2.3. Visualisierung beider Netzwerktypen**

Um der gegenseitigen Abhängigkeit der beiden abgebildeten Netzwerke

Rechnung zu tragen und die Betrachtung verschiedener Zeitfenster zu ermöglichen, wurde für die gleichzeitige Visualisierung beider Netzwerke ein interaktiver Ansatz in Form einer *Shiny*-App gewählt. Im Kontaktnetzwerk sind die Knoten stets kreisförmig und stellen Tiere dar, während die Knoten im Handelsnetzwerk Quadratform haben und Betrieben entsprechen.

Grafik A in Abb. 2 zeigt ein fiktives Beispiel für ein Handelsnetzwerk. Die quadratisch geformten Knoten stellen somit Betriebe dar, die gerichteten Kanten Tierbewegungen. Die Farbgebung entspricht dem in der gesamten Arbeit verwendeten Farbschema (siehe Kap. III.1.3). Die dunkelblau bzw. dunkelrot gefärbten Betriebe rechts im Bild gelten zum Beispiel als offiziell positive Betriebe, wobei sich der rote Betrieb bereits im MIZ befindet, während der erste positive TB-Befund bei dem dunkelblauen Betrieb noch über ein Jahr entfernt liegt. Der hellrote Betrieb unten im Bild ist lediglich als positiv zu bewerten, da der dort erhobene Befund nicht durch eine postmortale Untersuchung bestätigt wurde. Auf dem verbleibenden, nicht farblich markierten Betrieb wurde während des Untersuchungszeitraums dagegen kein positiver TB-Befund erhoben. Die hell- bzw. dunkelblau gefärbten Kanten entsprechen Bewegungen von Tieren, welche später positiv (hellblau) bzw. offiziell positiv (dunkelblau) getestet wurden, wobei der Zeitpunkt der Bewegung aber noch nicht im MIZ von einem Jahr vor dem ersten positiven Befund lag. Die hell- und dunkelroten Kanten symbolisieren Bewegungen von positiv (hellrot) bzw. offiziell positiv getesteten Tieren, die bereits während des MIZ stattfanden.



**Abb. 2: Beispiele für ein Handelsnetzwerk (A) und ein Kontaktnetzwerk (B)**

In Grafik B in Abb. 2 sind die Knoten kreisförmig und entsprechen Tieren. Ihre Farbe symbolisiert den Infektionsstatus des Tieres zum betrachteten Zeitpunkt. Die Kanten sind in diesem Fall ungerichtet bzw. bidirektional, da sie Kontakte zwischen den Tieren darstellen (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Die Farbe der Kanten steht hier für den minimalen Infektionsstatus der am Kontakt

beteiligten Tiere zum Zeitpunkt des Kontaktes. Für einen Farbwechsel der Kante zu (dunkel)rot müssen sich also beide Tiere im MIZ befinden. Da bei beiden beteiligten Tieren sowohl der Ansteckungszeitpunkt als auch der infektiöse Zeitraum im MIZ vermutet werden, sollten mit dieser Vorgehensweise diejenigen Kontakte hervorgehoben werden, bei denen eine erfolgte Ansteckung als besonders plausibel angenommen werden kann. So befanden sich zwei der Tiere mit offiziell positiven Befunden (dunkelrote Knoten) sowie zwei der Tiere mit positiven Befunden (hellrote Knoten) zum betrachteten Zeitpunkt bereits im MIZ, das verbleibende positive (hellblau) und offiziell positive Tier (dunkelblau) hingegen noch nicht. Die Kontakte zwischen den in der Grafik mittig liegenden positiven und offiziell positiven Tieren fanden im MIZ von jeweils beiden beteiligten Tieren statt (hell- und dunkelrote Kanten), bei allen anderen Kontakten befand sich mindestens eines der beteiligten Tiere noch nicht im MIZ (hell- und dunkelblaue Kanten).

Im Anhang (Kap. IX.5, S. 140) befinden sich nähere Ausführungen zur Oberfläche und den Einstellungsmöglichkeiten der zur Netzwerk-Visualisierung verwendeten Applikation. In Kap. IV.2.1 werden lediglich die erzeugten Grafiken aufgeführt und die gewählten Einstellungen im Text erläutert.

### **1.3.3. Regressionsanalysen**

Um auf der vorhandenen Datengrundlage mögliche Risikofaktoren für das Auftreten von TB auf Betriebs- und Tierebene zu identifizieren, wurden auf beiden Ebenen Regressionsanalysen durchgeführt. Als binäre Zielgröße wurde in beiden Fällen das Vorhandensein mindestens eines positiven Einzeltierbefundes gewählt, weshalb logistische Regressionsmodelle verwendet wurden. Die p-Werte beziehen sich dabei auf die Hypothese  $\beta = 0$  (entsprechend  $\exp(\beta) = 1$ ). In die Auswertung wurden nur Tiere und landwirtschaftliche Rinderhalter aus dem Untersuchungsgebiet einbezogen, denen entweder positive oder ausschließlich negative Testergebnisse zugeordnet waren.

#### **1.3.3.1. Betriebsebene**

Für die Regressionsmodelle auf Betriebsebene wurden folgende Kovariablen verwendet:

- Betriebsgröße, logarithmiert (= durchschnittliche Anzahl gemeldeter Rinder am Jahresende gemittelt über den Untersuchungszeitraum)

- Eingang von Tieren mit österreichischen Ohrmarken (binär)
- In-Degree (InD), logarithmiert (gewichtet und ungewichtet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen der Herkunftsbetriebe)
- Landkreis

Die Angaben zur Betriebsgröße sowie zum LKR konnten unverändert dem Betriebe-Datensatz entnommen werden. Als Referenzkategorie wurde der LKR TÖL verwendet, für alle übrigen LKR im Untersuchungsgebiet wurden Koeffizienten geschätzt.

Außerdem wurden mit dem gewichteten und ungewichteten In-Degree zwei NW-Zentralitätsmaße als Kovariablen ausgewählt. Dazu wurden Informationen aus den Datensätzen aller Tierbewegungen mit Beteiligung von bayerischen Betrieben und aller bayerischen Betriebe im Zusammenhang mit Rinderhaltung miteinander kombiniert. Als Berechnungsgrundlage der gewichteten InDs der Betriebe diente der unveränderte Bewegungsdatensatz, während zur Kalkulation der ungewichteten InDs alle mehrfach vorkommenden Bewegungen entfernt wurden. Die erzeugten Datensätze wurden auf Zielbetriebe aus dem Untersuchungsgebiet sowie auf landwirtschaftliche Rinderhalter beschränkt, da in der HIT nur diesem Betriebstyp positive Befunde zugeordnet waren. Weiterhin wurde für jeden Betrieb eine Dummy-Variable für den Eingang von Tieren mit österreichischen Ohrmarken erstellt. Insgesamt gingen 8.680 landwirtschaftliche Rinderhalter aus dem Untersuchungsgebiet mit positiven ( $n = 239$ ) oder ausschließlich negativen ( $n = 8.441$ ) TB-Testergebnissen in die Analyse ein. Aus diesem Datensatz wurden außerdem zwei Teildatensätze gebildet, welche die Berechnung von Regressionsmodellen für die jeweilige Betriebsgruppe erlaubten: ein Datensatz mit Haltern aus dem LKR OA ( $n = 1.674$ ), für den in der HI-Tier die Mehrzahl der TB-Fälle registriert worden war (siehe Tab. 1, S. 49), sowie ein Datensatz mit Haltern, die einen positiven InD ( $n = 7.791$ ) aufwiesen.

Mit dem Ziel einer einfachen Sensitivitätsanalyse wurden verschiedene Komponenten des Modells variiert. So wurden die folgenden Modelle berechnet:

- Modell mit allen landwirtschaftlichen Rinderhaltern im Untersuchungsgebiet, InDs aufgeschlüsselt nach den fünf Betriebstypen
- Modell mit landwirtschaftlichen Rinderhaltern aus dem LKR OA
- Modell mit landwirtschaftlichen Rinderhaltern mit positivem InD
- Modell mit allen landwirtschaftlichen Rinderhaltern und gewichteten anstelle von ungewichteten InDs

### 1.3.3.2. Tierebene

In ähnlicher Weise wurden die Regressionsanalysen auf Tierebene vorbereitet. Untersuchungseinheiten waren in diesen Modellen die im Untersuchungsgebiet positiv und ausschließlich negativ befundenen Tiere. Das Ziel dieser Analysen war, den Einfluss der Anzahl an Stationen in den LLF der Tiere auf deren Infektionsstatus zu quantifizieren.

Folgende Kovariablen gingen in das Modell ein:

- Alter des Tieres zum Zeitpunkt des ersten positiven Tests (positive Tiere) bzw. des letzten Tests (negative Tiere) in Jahren
- Anzahl der im LLF durchlaufenen Stationen bis zum Testzeitpunkt (Definition s.u.)  
(mit und ohne Berücksichtigung mehrfacher Aufenthalte auf denselben Betrieben, aufgeschlüsselt nach Sammelbetriebstyp Almbetrieb/Nicht-Almbetrieb)
- Landkreis des Heimatbetriebes zum Testzeitpunkt (s.u.)

Aus den Datensätzen zu Betrieben, Befunden, (offiziell) positiven Rindern und den LLF positiv und negativ untersuchter Rinder wurde ein neuer Datensatz als Grundlage für die Regressionsmodelle erstellt. Nach Datenbereinigung, Beschränkung auf Untersuchungsgebiet und -zeitraum sowie Entfernung der Tiere, welche nicht durchgängig in Bayern gelebt hatten, verblieben 628 Tiere mit positivem und 326.072 Tiere mit ausschließlich negativen Testergebnissen.

Als Testzeitpunkt wurde bei den positiven Tiere das Datum des ersten positiven Befundes gewählt, bei nicht positiven Tieren das Datum des letzten bekannten Befundes im Untersuchungszeitraum. Diesem Datum wurde der jeweilige Heimatbetrieb sowie dessen LKR zugeordnet. Das Alter der Tiere entsprach der Differenz von Geburtsdatum und Testdatum in Jahren.

Ähnlich der Kalkulation gewichteter und ungewichteter InDs auf Betriebsebene wurde als Berechnungsgrundlage der Anzahl an Stationen im LLF der Tiere einmal ein Datensatz mit allen in den LLF enthaltenen Tierbewegungen verwendet, während doppelt vorhandene Zeilen beim zweiten Mal ausgeschlossen wurden. So wurden mehrfache Aufenthalte auf einem Betrieb nur bei der Berechnung der „gewichteten“ Anzahl an Stationen berücksichtigt. Bei der Kalkulation der „ungewichteten“ Anzahl der Stationen lag der Fokus somit weniger auf der Anzahl der Aufenthalte pro Tier als auf der Anzahl unterschiedlicher durchlaufener Betriebe. Die errechneten Parameter wurden außerdem nach Sammelbetriebstypen aufgegliedert: Die Betriebstypen Halter,

Züchter und Händler wurden zu einer Sammelkategorie von „Nicht-Almbetrieben“ zusammengefasst, welcher die Kategorie der Almbetriebe gegenüberstand. Stationen auf Schlachthöfen wurden nicht berücksichtigt. Analog zur Vorgehensweise auf Betriebsebene wurde ein Teildatensatz zu Tieren gebildet, welche zum Testzeitpunkt (s.o.) auf Betrieben im LKR OA gemeldet waren ( $n = 64.098$ ).

Um die Robustheit der Ergebnisse einzuschätzen, wurden wie auf Betriebsebene mehrere Modelle berechnet:

- Modell mit allen im Untersuchungsgebiet getesteten Tieren (welche die o.g. Kriterien erfüllten), Anzahl der verschiedenen durchlaufenen Betriebe, dabei Aufschlüsselung der Anzahl nach Almbetrieben und anderen Betriebstypen (Sammelgruppe)
- Modell mit Tieren, welche zum Testzeitpunkt Betrieben aus dem LKR OA zugeordnet waren
- Modell mit allen im Untersuchungsgebiet getesteten Tieren, Anzahl der Betriebswechsel, dabei Aufschlüsselung der Anzahl nach Almbetrieben und anderen Betriebstypen (Sammelgruppe)

## 2. Daten zum Rotwild

### 2.1. Beschreibung

Vom LGL wurden Daten zu 65 TB-Fällen beim Rotwild in Bayern in Form einer Excel-Tabelle zur Verfügung gestellt. Die Daten stammten aus dem ERA-Net-Projekt „Tuberculosis in Alpine Wildlife“ (ANONYMUS, 2013; BÜTTNER et al., 2013b; FINK et al., 2015) und dessen Folgeprojekt, dem bayerischem Rotwild-Monitoring (MÜLLER et al., 2014). Die beiden Projekte schlossen die drei Jagdsaisonen von 2011/2012 bis einschließlich 2013/2014 ein (BÜTTNER et al., 2013b; MÜLLER et al., 2014), wobei die Jagdsaison 2012/2013 als überlappender Zeitraum beider Studien zu verstehen ist (siehe Kapitel II.1.4.2.1). Der letzte in dieser Studie verwendete TB-Fall beim Rotwild stammt vom 19.03.2014. Die vorliegenden kulturell bestätigten *M. caprae*-Fälle ( $n = 65$ ) verteilten sich zeitlich folgendermaßen auf die betrachteten Jagdsaisonen:

- 2011/2012 (ERA-Net):  $n = 3$
- 2012/2013 (überlappender Zeitraum):  $n = 38$
- 2013/2014 (Monitoring):  $n = 24$

Weiterhin lagen zu beiden Studien Landkarten vor, welche die Unterteilung der Untersuchungsgebiete in Planquadrate ( $10 \times 10 \text{ km}^2$  bzw.  $5 \times 5 \text{ km}^2$  Fläche)

veranschaulichten. Diese unterschieden sich zwischen beiden Projekten in Bezeichnung, Anzahl und Lage. Der Wechsel des Systems und damit der verwendeten Landkarte stimmte zeitlich nicht mit dem Startzeitpunkt des Rotwild-Monitorings überein, sodass zwei TB-Fälle aus der Jagdsaison 2013/2014 noch in der Karte zur ERA-Net-Studie dargestellt werden mussten.

Zu jedem TB-positiven Wildstück lagen Informationen zu der Tier-ID (laufende Nummer), zum Abschuss- bzw. Funddatum, zum Fundort (Planquadrante) und zum geschätzten Alter des Tieres vor. In dieser Arbeit wurden lediglich die Variablen (Fund-)Datum und Planquadrat (= Fundort) verwendet. Aufgrund fehlender Angaben zum Funddatum konnten von 65 vorliegenden Fällen tuberkulösen Rotwildes 62 vollständige Datenzeilen verwendet werden.

## **2.2. Auswertung**

Ziel der Auswertung war die Visualisierung möglicher räumlicher und zeitlicher Überlappungen bezüglich bekannter TB-Fälle bei Rindern und Rotwild. Mithilfe des R-Pakets *Shiny* (R CORE TEAM, 2015) wurde eine Applikation programmiert, die interaktiv modifiziert werden kann. Dabei wurden die Planquadrate aus beiden Studien nachgezeichnet und in die erstellte Karte zur geografischen Deskription der TB-Situation der Rinder im Untersuchungsgebiet (siehe Abb. 33, im Anhang, Kapitel IX.3, S. 138) eingefügt. Anschließend wurden die TB-Fallzahlen in Form unterschiedlich großer gelber Kreise in die entsprechenden Planquadrate eingezeichnet.

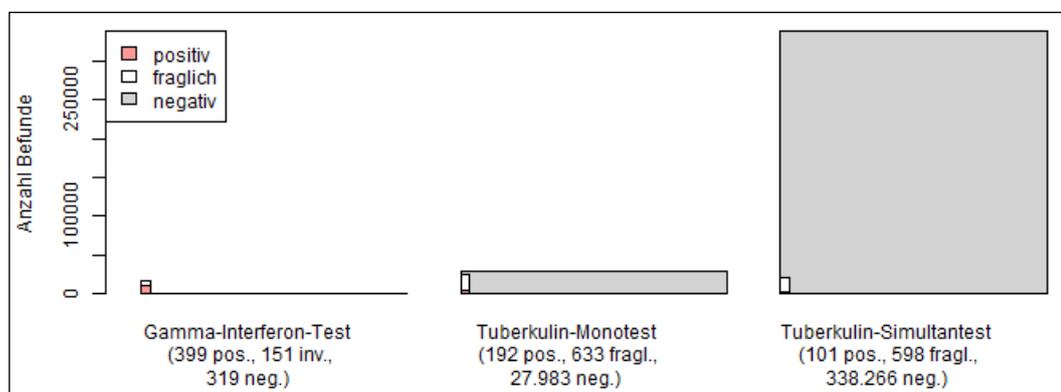
## IV. ERGEBNISSE

### 1. Deskription der Daten zum TB-Geschehen bei Rindern und Rotwild sowie zu Rinder- und Almwirtschaft

#### 1.1. Beschreibung der Befunde

Die 370.121 nach der Datenbereinigung verbliebenen TB-Untersuchungsbefunde aus dem Untersuchungsgebiet wurden zunächst nach Testergebnis betrachtet. Für den Untersuchungszeitraum von 2010 bis einschließlich 2014 waren in der HIT-Datenbank 925 positive (0,25 %), 1.231 fragliche (0,33 %) und 244 (0,07 %) ungültige Testergebnisse hinterlegt. Dem standen 367.721 Befunde mit negativem Ergebnis (99,35 %) gegenüber.

Die TB-Befunde wurden anschließend danach gruppiert, ob sie am lebenden Tier ( $n = 368.643$ ) oder postmortal ( $n = 1.478$ ) erhoben worden waren. Abb. 3 zeigt die Verteilung der am lebenden Tier durchgeführten TB-Untersuchungen nach Testmethode und Ergebnis. Dabei entsprechen die Größen der Flächen der Anzahl der zugehörigen Befunde.

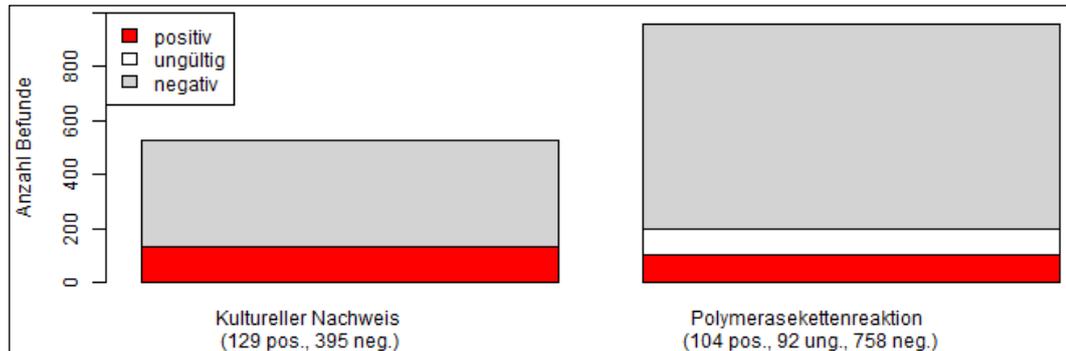


**Abb. 3: Zahl der am lebenden Tier durchgeführten TB-Tests nach Untersuchungsmethode und Ergebnis ( $n = 368.643$ , pos. = positiv, fragl. = fraglich, inv. = ungültig, neg. = negativ)**

Am lebenden Tier wurde am häufigsten der Tuberkulin-Simultantest (TSI) durchgeführt, bei dem 0,03 % der Ergebnisse positiv ausfielen. Am zweithäufigsten durchgeführt wurde der Tuberkulin-Monotest (TMO) mit 0,67 % positiver Testergebnisse. Beim vergleichsweise selten angewandten Gamma-Interferon-Test waren dagegen 45,91 % der Ergebnisse positiv. Während lediglich dem Gamma-Interferon-Test in der HIT-Datenbank ungültige

Testergebnisse zugeordnet waren (17,38 % der Gamma-Interferon-Tests), wiesen TMO und TSI Eintragungen zu fraglichen Ergebnissen auf (TMO 2,20 %, TSI 0,17 %).

In Abb. 4 wird die Zahl der postmortal erhobenen TB-Befunde aufgeschlüsselt nach Untersuchungsmethode und Ergebnis dargestellt.

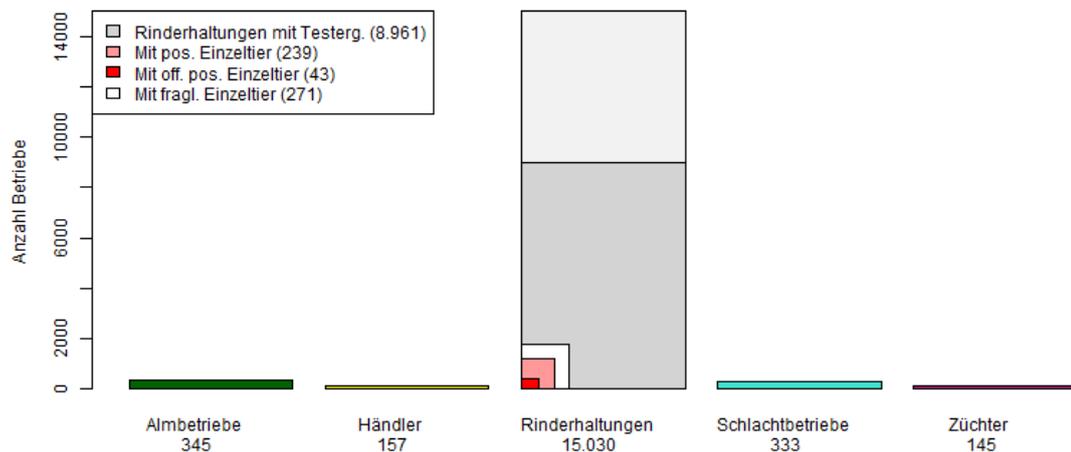


**Abb. 4: Zahl der postmortal durchgeführten TB-Tests nach Untersuchungsmethode und Ergebnis (n = 1.478, pos. = positiv, fragl. = fraglich, ung. = ungültig, neg. = negativ)**

Der Anteil positiver Ergebnisse ist bei den postmortal durchgeführten Untersuchungen (15,76 %) aufgrund der Vorselektion der untersuchten Tiere höher als bei den Lebenduntersuchungen (0,19 %). Die postmortal erhobenen Befunde gelten gemäß der RindTbV als bestätigt TB-positiv (2013). Deshalb sind die zugehörigen Flächen mit dem intensiveren roten Farbton eingefärbt, der in dieser Arbeit das Attribut „offiziell positiv“ symbolisiert. Die PCR kam bei der postmortalen Untersuchung häufiger zum Einsatz als der kulturelle Nachweis nach Anzucht der Mykobakterien und führte in 10,90 % der Fälle zu einem positiven Ergebnis. In der Kultur wurden 24,62 % der Proben als positiv beurteilt.

## 1.2. Beschreibung der Betriebe

Weiterhin wurden die im Untersuchungsgebiet lokalisierten Betriebe (n = 16.039) nach ihrem Betriebstyp und dem durch die TB-Befunde zugeordneten Infektionsstatus aufgeschlüsselt (Abb. 5).



**Abb. 5: Betriebe im Untersuchungsgebiet aufgeschlüsselt nach Betriebstyp und TB-Infektionsstatus (n = 16.039)**

Von 15.030 Betrieben mit landwirtschaftlicher Rinderhaltung im Untersuchungsgebiet waren in der HIT bei 8.961 Betrieben (59,66 %) TB-Testergebnisse eingetragen. Die im Folgenden angegebenen Prozentzahlen beziehen sich dennoch stets auf die Gesamtanzahl der Rinderhaltungen im Untersuchungsgebiet, da die Berechnung des OTF-Status gemäß RindTbV ebenso gehandhabt wird. Im Untersuchungsgebiet besaßen 271 Betriebe (1,80 %) zum Zeitpunkt oder kurz vor der Erhebung des Befundes jeweils mindestens ein Tier mit fraglichem, nicht positiv bestätigtem Testergebnis, 239 Betriebe (1,59 %) ein TB-positiv getestetes Rind und davon 43 Betriebe (0,29 %) ein offiziell positives Rind. Der Anteil von Betrieben mit ungültigen Testergebnissen an diesen Betriebsgruppen wurde dabei nicht dargestellt. Bei den verbleibenden 14.520 im Untersuchungsgebiet angesiedelten Betrieben vom Typ 1 (96,61 %) wurden entweder keine TB-Untersuchungen durchgeführt (n = 6.069 Betriebe, 40,38 %) oder nur negative ( $n_1 = 8.441$  Betriebe) und/oder ungültige Befunde ( $n_2 = 10$ ) erhoben ( $n = n_1 + n_2 = 8.451$  Betriebe, 56,23 %).

Für den Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 können im Untersuchungsgebiet aufgrund der HIT-Daten somit 99,71 % der Betriebe mit landwirtschaftlicher Rinderhaltung als TB-frei im Sinne der RindTbV beurteilt werden, da laut Gesetzestext lediglich Betriebe mit Tieren, die postmortal erhobene positive TB-Befunde aufweisen, als TB-positiv gelten (Verordnung zum Schutz gegen die Tuberkulose des Rindes, 2013).

### 1.3. Beschreibung der Tiere

Insgesamt wurden von 2010 bis 2014 im Untersuchungsgebiet entlang der

Alpenkette 348.388 Rinder auf TB getestet. Von dieser Gesamtmenge wiesen 348.384 Tiere bei mindestens einer Untersuchung gültige Testergebnisse auf. Zur Zahl der nicht getesteten Rinder lagen keine Daten vor. Tiere mit ausschließlich ungültigen Testergebnissen wurden in der folgenden Beschreibung nicht berücksichtigt (n = 4). Bei 677 Tieren (0,19 %) wurde unabhängig von der Untersuchungsmethode ein positiver Befund erhoben, welcher bei 129 Tieren (0,04 %) postmortal bestätigt werden konnte. Für 916 Tiere (0,26 %) waren in der HIT-Datenbank fragliche Testergebnisse eingetragen, ohne dass der Verdacht einer TB-Infektion durch weitere Tests bestätigt wurde. Die Untersuchungen von 346.791 Tieren (99,54 %) führten zu negativen und teilweise zusätzlich zu ungültigen TB-Befunden.

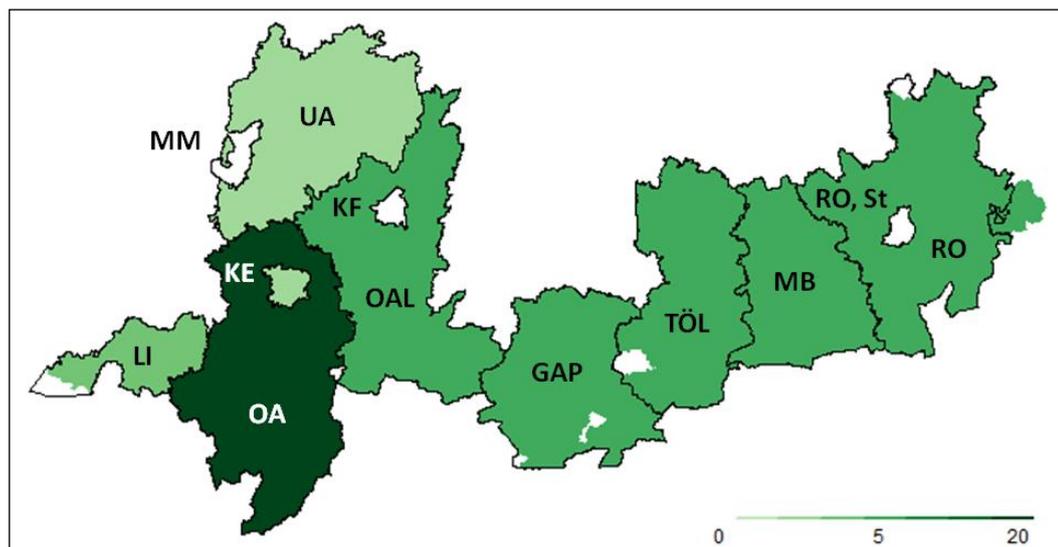
#### **1.4. Geografische Deskription**

Eine Übersicht zur geografischen Verteilung der betrachteten Variablen hinsichtlich Rinderwirtschaft, Almwirtschaft und TB-Geschehen beim Rind auf die LKR und kreisfreien Städte im Untersuchungsgebiet zeigt Tab. 1.

**Tab. 1: Verteilung der Variablen auf die LKR und kreisfreien Städte im Untersuchungsgebiet (Z=absolute Zahl, A=prozentualer Anteil) für den Zeitraum von 2010 bis 2014; geordnet nach Zugehörigkeit zu den Regierungsbezirken Schwaben und Oberbayern (grau unterlegt) und geografischer Lage**

LKR	Betriebe (Z)	Alm- betriebe (Z)	Halter (Z)	Halter mit Almkontakt (Z/A)	Halter mit pos. Tieren (Z/A)	Halter mit off. pos. Tieren (Z/A)	pos. Almbetriebe (Z/A)	off. pos. Almbetriebe (Z/A)
LI	960	16	917	89 (9.71%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)
MIM	112	0	102	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)
UA	2785	4	2700	59 (2.19%)	14 (0.52%)	2 (0.07%)	2 (50%)	0 (0%)
KE	137	3	125	27 (21.6%)	12 (9.6%)	2 (1.6%)	1 (33.33%)	1 (33.33%)
OA	2996	134	2787	839 (30.1%)	196 (7.03%)	29 (1.04%)	72 (53.73%)	28 (20.9%)
KF	34	0	32	2 (6.25%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)
OAL	2449	39	2342	498 (21.26%)	13 (0.56%)	11 (0.47%)	2 (5.13%)	0 (0%)
GAP	766	39	697	256 (36.73%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)
TÖL	1294	34	1192	75 (6.29%)	2 (0.17%)	1 (0.08%)	0 (0%)	0 (0%)
MB	1241	39	1113	22 (1.98%)	1 (0.09%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)
RO	3188	37	2958	62 (2.1%)	1 (0.03%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)
RO (St)	77	0	65	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)

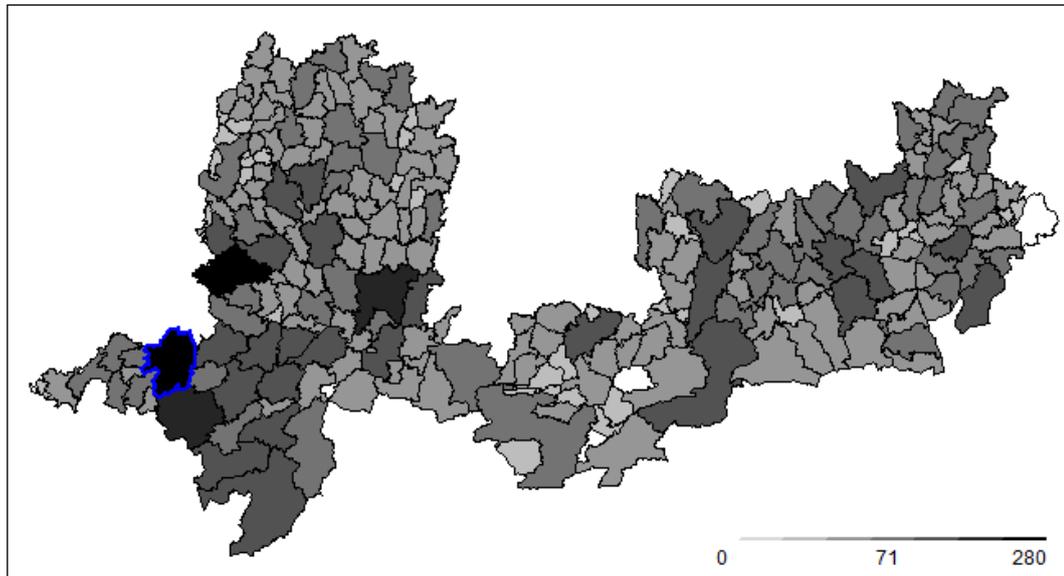
Im Folgenden wurden einzelne Aspekte zur regionalen Verteilung herausgegriffen und mithilfe der programmierten Applikation zur genaueren Differenzierung auf PLZ-Ebene visualisiert. Zur Orientierung zeigt Abb. 6 die Lage der Landkreise und kreisfreien Städte im Untersuchungsgebiet. Die Farbintensität gibt in diesem Beispiel die absolute Anzahl von Almbetrieben pro LKR wieder, welche im LKR OA am höchsten war.



**Abb. 6: Lagen der LKR und kreisfreien Städte im Untersuchungsgebiet; Farbintensität der grünen Farbe in Abhängigkeit zur Anzahl von in der HIT erfassten Almbetrieben für den Zeitraum von 2010 bis 2014**

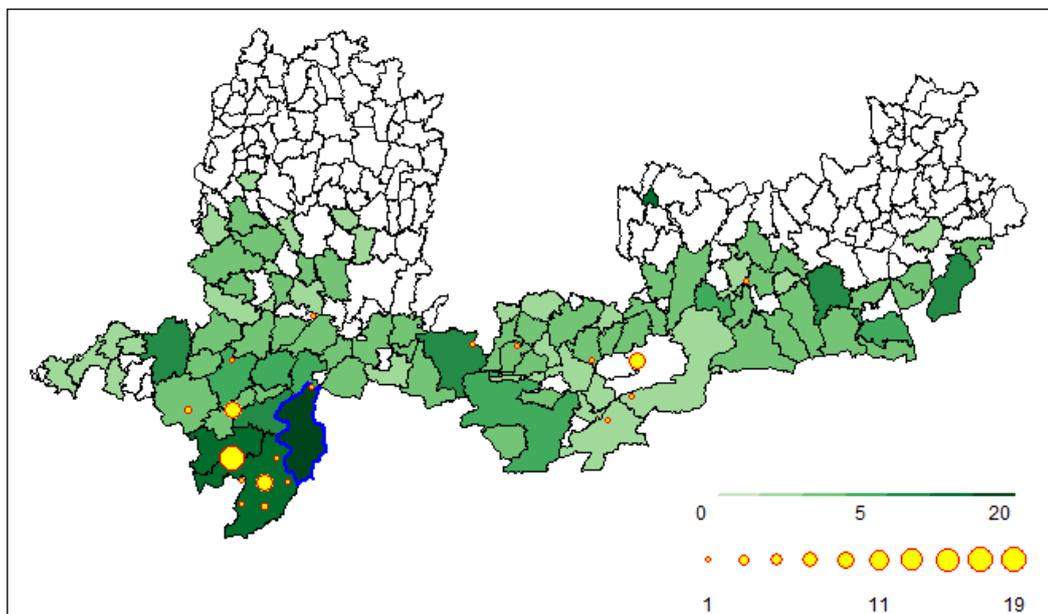
Im Folgenden sind jeweils die PLZ-Gebiete blau umrandet, welche die höchsten numerischen bzw. prozentualen Werte der betrachteten Variable aufweisen. Um mögliche räumliche Überschneidungen zwischen Rindern und Rotwild zu visualisieren, wurden in die Karten zur Almwirtschaft und der TB-Situation der Rinder im Untersuchungsgebiet die aus der EMIDA-ERA-Net-Studie und dem bayerischen Rotwildmonitoring bekannten TB-Fälle beim Rotwild über den gesamten von beiden Studien abgedeckten Zeitraum eingezeichnet.

Einen Überblick über die Dichte von Betrieben bietet Abb. 7. Im LKR RO war die höchste Anzahl von Betrieben sämtlicher Betriebstypen ( $n = 3.188$ ) sowie von landwirtschaftlichen Rinderhaltern verortet ( $n = 2.958$ ), danach folgen die Allgäuer LKR OA ( $n = 2.996$  bzw.  $2.787$ ), UA ( $n = 2.785$  bzw.  $2.700$ ) und OAL ( $n = 2.449$  bzw.  $2.342$ ). Die geringste Anzahl von Betrieben fand sich in der kreisfreien Stadt Kaufbeuren (KF,  $n = 34$  bzw.  $32$ ).



**Abb. 7: Anzahl der Betriebe aller in HI-Tier abgefragten Betriebstypen pro PLZ-Gebiet im Untersuchungsgebiet (für 2010-2014), Farbintensität in Abhängigkeit zur Anzahl von in der HIT erfassten Betrieben, blau umrandet das PLZ-Gebiet mit der höchsten Anzahl an erfassten Betrieben**

Abb. 8 zeigt die Anzahl der Almbetriebe pro PLZ-Gebiet und zugleich die Lokalisation (Zentroid der Planquadrate) und Anzahl der TB-Fälle beim Rotwild.

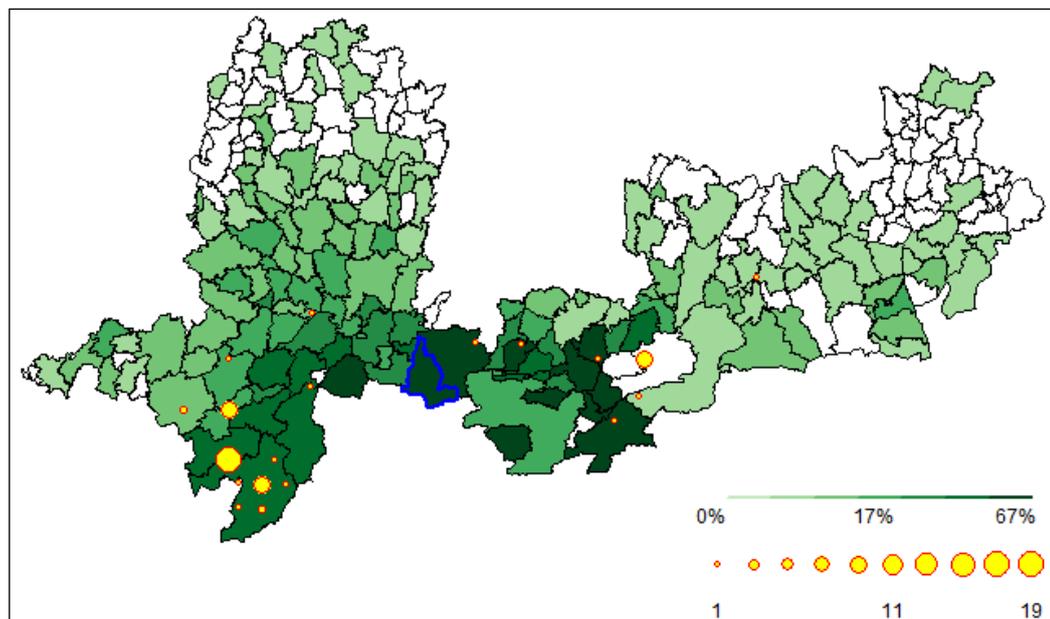


**Abb. 8: Anzahl der Almbetriebe pro PLZ-Gebiet (grüne Einfärbung) sowie der TB-Fälle beim Rotwild (gelb) im Untersuchungsgebiet (für 2010-2014), Größe der gelben Kreise in Abhängigkeit zur Anzahl der TB-Fälle beim Rotwild, Farbintensität der grünen Farbe in Abhängigkeit zur Anzahl von in der HIT erfassten Almbetrieben, blau umrandet das PLZ-Gebiet mit der höchsten Anzahl an erfassten Almbetrieben**

Der LKR OA wies die meisten in der HIT-Datenbank erfassten Almbetriebe (n = 134) auf, während deren Zahl in den LKR OAL (n = 39), GAP (n = 39), MB

(n = 39), RO (n = 37) und TÖL (n = 34) im Mittel ungefähr um den Faktor 3 kleiner war. Während die TB-Fälle beim Rotwild im LKR OA räumlich weitgehend mit den südlich im LKR gelegenen PLZ-Gebieten mit hoher Dichte von Almbetrieben überlappen, ist diese geografische Überschneidung in den oberbayerischen LKR TÖL und GAP weniger ausgeprägt. Der Hotspot des TB-Geschehens beim Rotwild lag dort in einem Gebiet im Südwesten des LKR TÖL, für welches in der HI-Tier keine Almbetriebe registriert waren. Im weiter westlich gelegenen LKR GAP kann wiederum eine Koinzidenz von TB-Nachweisen beim Rotwild und Gebieten mit hoher Anzahl von Almbetrieben festgestellt werden.

In Abb. 9 werden der prozentuale Anteil der Rinderhaltungsbetriebe mit Zugängen von Almbetrieben sowie die TB-Fälle beim Rotwild dargestellt.

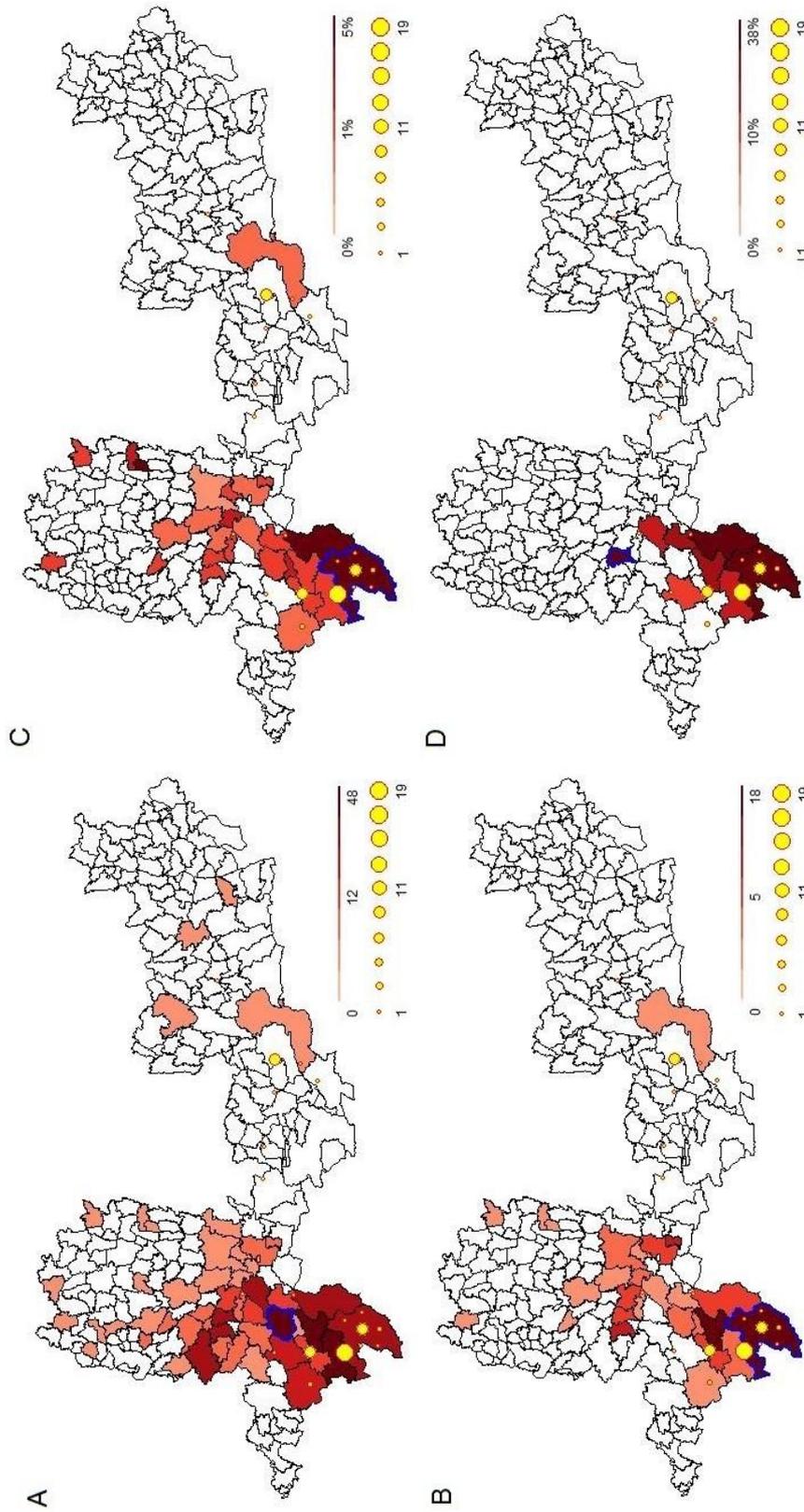


**Abb. 9: Prozentualer Anteil der Rinderhaltungen mit Zugängen von Almbetrieben (grüne Einfärbung) sowie TB-Fälle beim Rotwild (gelb) im Untersuchungsgebiet (für 2010-2014), Größe der gelben Kreise in Abhängigkeit zur Anzahl der TB-Fälle beim Rotwild, Farbintensität der grünen Farbe in Abhängigkeit zur Anzahl von Rinderhaltungen mit in der HIT erfassten Zugängen von Almbetrieben, blau umrandet das PLZ-Gebiet mit der höchsten Anzahl an Rinderhaltungen mit in der HIT erfassten Zugängen von Almbetrieben**

Trotz einer geringeren Anzahl an Almbetrieben ist der Anteil von Haltern mit Zugängen von Almbetrieben im Kreis GAP mit 36,73 % höher als im LKR OA (30,1 %) und auch im Vergleich aller LKR am höchsten. Analog zur Situation bei den Almbetrieben überschneiden sich auch die Gebiete mit hohem prozentualen

Anteil von Haltern mit Almkontakt in den LKR OA und GAP weitgehend mit den Fundorten tuberkulösen Rotwildes, während dies im LKR TÖL nur teilweise der Fall ist. Das PLZ-Gebiet im LKR TÖL selbst, welches die größte Zahl von Rotwildfällen im Karwendelgebiet aufweist, beinhaltet keine Halter mit Zugängen von Almbetrieben. Der an GAP angrenzende südwestliche Teil des LKR TÖL sowie das PLZ-Gebiet mit den einzig nachgewiesenen Rotwildfällen im LKR MB haben einen vergleichsweise niedrigen Anteil von Haltern mit Almkontakt zu verzeichnen.

Abb. 10 visualisiert die geografische Verteilung verschiedener Variablen zum TB-Geschehen bei Rindern auf die PLZ-Bereiche im Untersuchungsgebiet (Anzahl positiver (A) und offiziell positiver (B) Tiere; prozentualer Anteil offiziell positiver Rinderhalter (C) und offiziell positiver Almbetriebe (D; in LLF offiziell positiver Rinder vorkommende Almbetriebe)) sowie die Verteilung der Rotwildfälle.



**Abb. 10:** Anzahl positiver (A) und offiziell positiver (B) Tiere; prozentualer Anteil offiziell positiver Rinderhalter (C) und offiziell positiver Almbetriebe (D); in LLF offiziell positiver Rinder vorkommender Almbetriebe) im Untersuchungsgebiet (für 2010-2014); TB-Fälle beim Rotwild (gelb; A-D); Größe der gelben Kreise in Abhängigkeit zur Anzahl der TB-Fälle beim Rotwild, Farbintensität der roten Farbe in Abhängigkeit zur Höhe des Wertes der jeweiligen Variable, blau umrandet jeweils das PLZ-Gebiet mit dem höchsten Wert der betrachteten Variable

Beim Rotwild lassen sich bezüglich des TB-Vorkommens zwei Hotspots identifizieren (Abb. 10): Im LKR OA stammen die meisten TB-positiv befundenen Rotwildstücke aus den an Österreich angrenzenden PLZ-Gebieten. Der zweite Hotspot befindet sich in den LKR TÖL und GAP (Gebiet Karwendel/Isarwinkel) und dehnt sich im Westen auf angrenzende Bereiche des LKR OAL aus. Während sich die positiven Fälle in TÖL in einem südwestlich gelegenen PLZ-Gebiet konzentrieren, liegen sie im LKR GAP über den gesamten Bereich verteilt. Relativ isoliert von den beiden genannten TB-Herden liegt der Fundort tuberkulösen Rotwildes im LKR MB.

Im Vergleich von Grafik A (positive Tiere) und B (offiziell positive Tiere) aus Abb. 10 zeigt sich, dass die Verteilung positiv getesteter Rinder über die LKR OA und OAL gleichmäßiger erscheint als das Vorkommen offiziell positiver Tiere. Diese bzw. ihre Heimatbetriebe zum Testzeitpunkt (Abb. 10, Grafik B) finden sich lokal konzentriert in den grenznahen südlich gelegenen PLZ-Gebieten des LKR OA (Oberstdorf: n = 24 offiziell positive Tiere, Sonthofen/Ofterschwang: n = 21). Die geografische Verteilung der Almbetriebe aus den LLF der (offiziell) positiven Rinder beschränkt sich ausschließlich auf den südlichen Teil des LKR OA sowie auf die kreisfreie Stadt KE (Abb. 10, Grafik D und im Anhang: Abb. 36, Grafik F, Kapitel IX.6, S. 144). Auf in der HI-Tier eingetragenen Almbetrieben in den oberbayerischen LKR wurden dagegen keine (offiziell) positiv befundenen Rinder gesömmert.

Hinsichtlich der geografischen Überschneidung von TB-Fällen bei Rotwild und Rindern lassen sich zwischen den zwei Kerngebieten Allgäu und Karwendel/Isarwinkel (LKR GAP und TÖL) Unterschiede erkennen (siehe Abb. 10). Um bezüglich der Falldefinition eine Vergleichbarkeit der betrachteten Spezies zu erreichen, wurden für den geografischen Abgleich zunächst offiziell positive Rinder (Abb. 10, Grafik B) näher betrachtet, da bei diesen die TB-Befunde wie bei den Rotwildstücken postmortal erhoben wurden. Im LKR OA konzentrieren sich sowohl die höchsten Fallzahlen und relativen Anteile offiziell positiver Rinderhalter (Abb. 10, Grafik C) als auch die Mehrzahl der TB-Nachweise beim Rotwild auf den südlichen Teil des LKR. Eine Ausnahme von dieser großflächigen Überschneidung bilden Rotwildfälle im PLZ-Gebiet Immenstadt. Auch bei Betrachtung der Rotwildfälle im östlichen Teil des LKR OA lässt sich eine räumliche Koinzidenz mit PLZ-Gebieten konstatieren, in denen

bei Rindern offiziell positive Befunde erhoben wurden. Die bestätigten TB-Fälle beim Rind im LKR OAL befinden sich hauptsächlich in einem zusammenhängenden Gebiet an der Grenze zum LKR OA. Einzelne Nachweise wurden außerdem in nördlich und voneinander isoliert liegenden PLZ-Gebieten des LKR OAL erbracht. Ähnlich stellt sich die Situation im UA dar: Eines der beiden PLZ-Gebiete mit offiziell positiven Rindern befindet sich am nördlichen Rand des LKR, das andere südlich im LKR UA an der gemeinsamen Grenze der LKR OA, OAL und UA. Lediglich im Gebiet dieser gemeinsamen Grenze wurde auch bei Rotwildstücken TB diagnostiziert; die voneinander isoliert liegenden PLZ-Gebieten im Norden der LKR OAL und UA weisen keine Überschneidung von Nachweisen bei beiden Spezies auf.

Die Situation in den oberbayerischen LKR stellt sich anders dar. Während in dem gesamten Gebiet nur ein Rind im LKR TÖL im PLZ-Gebiet Lenggries als offiziell positiv eingestuft wurde, verteilen sich die Rotwildfälle räumlich auf einen größeren Bereich, der den LKR GAP und die angrenzenden Bereiche der LKR OAL und TÖL umfasst. Die von den restlichen Rotwildfällen relativ weit entfernten Rotwildfälle im LKR Miesbach liegen auch im Hinblick auf TB-Nachweise beim Rind isoliert. Betrachtet man zusätzlich die Zahl positiver Rinder pro geografischer Einheit, so überschneiden sich in den Allgäuer LKR fast alle Fälle tuberkulösen Rotwildes mit den betroffenen PLZ-Gebieten der Rinder (Abb. 10, Grafik A).

Betrachtet man die Almbetriebe aus den LLF offiziell positiver Rinder, dann fällt auf, dass die südlich gelegenen PLZ-Gebiete mit solchen Almbetrieben im OA fast vollständig mit den zum Hotspot Allgäu gehörenden Rotwildfällen überlappen (Abb. 10, Grafik D und im Anhang: Abb. 36, Grafik F, Kapitel IX.6, S. 144). In den oberbayerischen LKR tauchte dagegen keiner der dortigen Almbetriebe in den LLF (offiziell) positiver Tiere auf, sodass dort keine räumliche Überschneidung mit dem TB-Geschehen beim Rotwild festzustellen ist. Durch die Erweiterung auf Almbetriebe aus den LLF positiver Tiere wird im gesamten Untersuchungsgebiet keine zusätzliche Überlappung erreicht (Anhang: Abb. 36, Grafik D und E, Kapitel IX.6, S. 144).

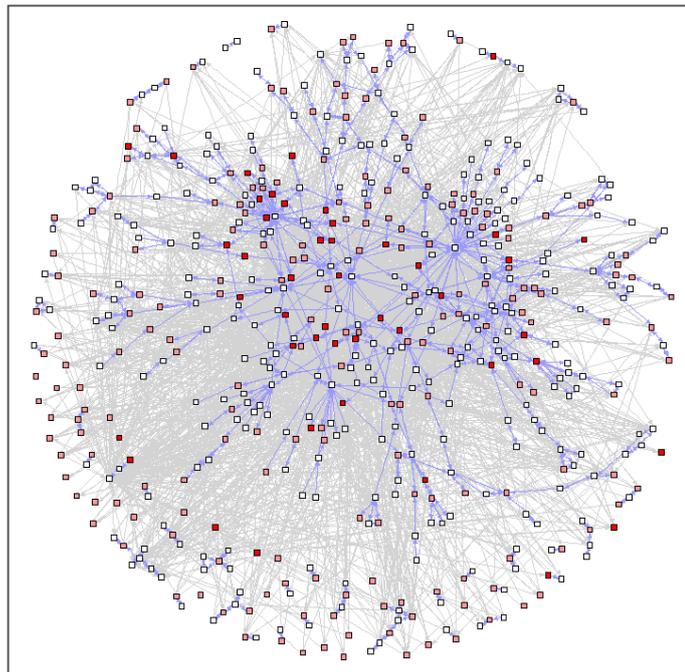
## 2. Netzwerkanalysen

Eine ausklappbare Legende zu den verwendeten Farbschemata und den Definitionen zu Zentralitätsmaßen aus der NWA wurde erstellt, um die visuelle Erfassung der dargestellten Abbildungen während des Lesens zu erleichtern. Diese befindet sich im Anhang auf S. 148 in Kapitel IX.8.

### 2.1. Visualisierung der Netzwerke

Die Grundeinstellungen der Applikation zur Visualisierung der Netzwerke waren folgendermaßen festgelegt: Der mutmaßliche infektiöse Zeitraum eines Rindes war auf 365 Tage vor Erhebung des ersten positiven TB-Befundes festgelegt, ein Kontakt als zeitgleicher Aufenthalt zweier Tiere in einem Betrieb definiert und das betrachtete Zeitfenster umfasste den gesamten Untersuchungszeitraum.

Abb. 11 zeigt das in der Netzwerk-Applikation visualisierte Handels-NW, welches aus allen Betrieben der LLF der positiven Rinder (Knoten,  $n = 540$ ) und allen zwischen 2010 und 2014 erfolgten Rinderbewegungen zwischen diesen Betrieben (Kanten,  $n = 931.030$ ) besteht.

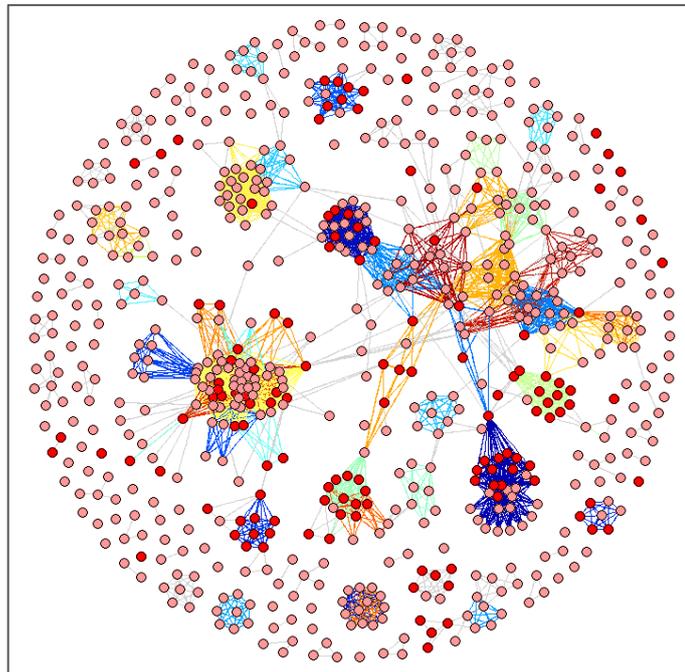


**Abb. 11: Handels-NW mit Darstellung aller Bewegungen (grau) zwischen Betrieben aus den Lebensläufen positiver Rinder, davon Bewegungen positiver Tiere (hellblau) hervorgehoben; gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Wurden alle Bewegungen zwischen den Betrieben aus den LLF der TB-positiv getesteten Rinder (LLF-Betrieben) ausgewählt, führte dies zu einem dichten NW,

bei dem nur wenige Betriebe isoliert von der Riesenkomponente liegen. Der Großteil der Betriebe ist allein über die Bewegungen positiver Tiere verbunden. Allerdings sind visuell kaum mehr Einzelheiten zu erfassen oder zu interpretieren, weshalb die Darstellung im Folgenden auf die Bewegungen positiver und offiziell positiver Tiere beschränkt wurde.

In Abb. 12 ist das aus positiven Rindern (Knoten,  $n = 677$ ) und deren direkten Kontakten ( $n = 10.003$ ) bestehende NW für den gesamten Untersuchungszeitraum dargestellt.



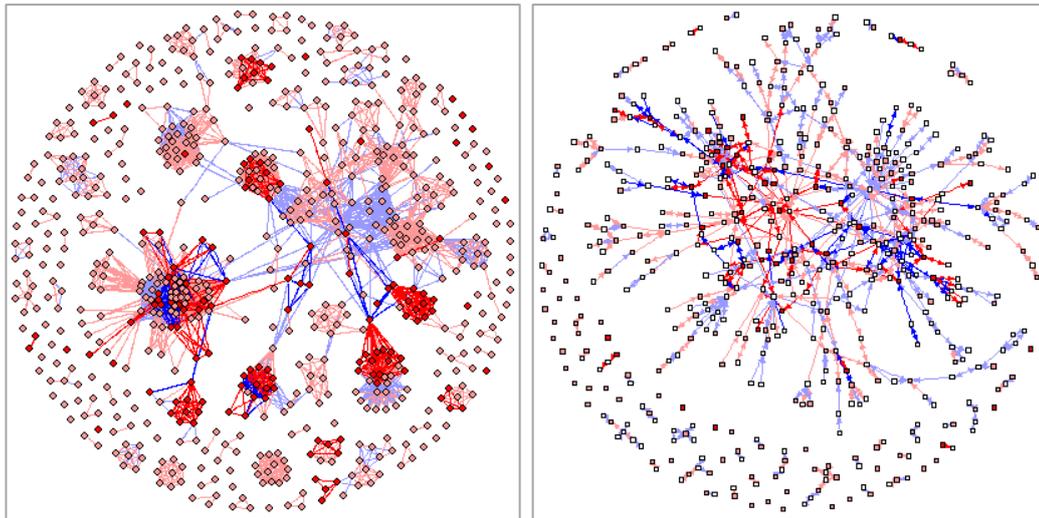
**Abb. 12: Kontakt-NW positiver Rinder, Farbgebung: eine Farbe pro Betrieb, auf dem Kontakte stattgefunden haben, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Die Einfärbung des Tierkontakt-Netzwerkes nach Betrieben ist insofern schwierig zu interpretieren, als dass mehreren Betrieben aufgrund der begrenzten Farbpalette dieselbe Farbe zugeordnet sein kann. In aller Regel gehören nicht direkt zusammenhängende Cluster einer Farbe deshalb zu unterschiedlichen Betrieben. Dennoch lässt sich feststellen, dass einzelne Tiere als Bindeglieder zwischen ansonsten nicht verbundenen Betrieben fungieren. Diese Brückenfunktion wird in der NWA durch die Betweenness-Zentralität beschrieben. Im epidemiologischen Sinn stellten diese Tiere also den Kontakt zwischen Tieren verschiedener Herden her, sodass eine Übertragung von TB durch diese Tiere plausibel erscheint. Allerdings liegen 293 der 677 Knoten

(43,3 %) entweder ganz isoliert oder in Komponenten, die nicht mit anderen Komponenten oder gar der Riesenkomponekte verbunden sind. Die Infektion dieser Tiere ist in der vorliegenden Arbeit also nicht unmittelbar durch den direkten Kontakt bzw. zeitgleichen Aufenthalt in einem Betrieb mit anderen positiven Rindern zu erklären.

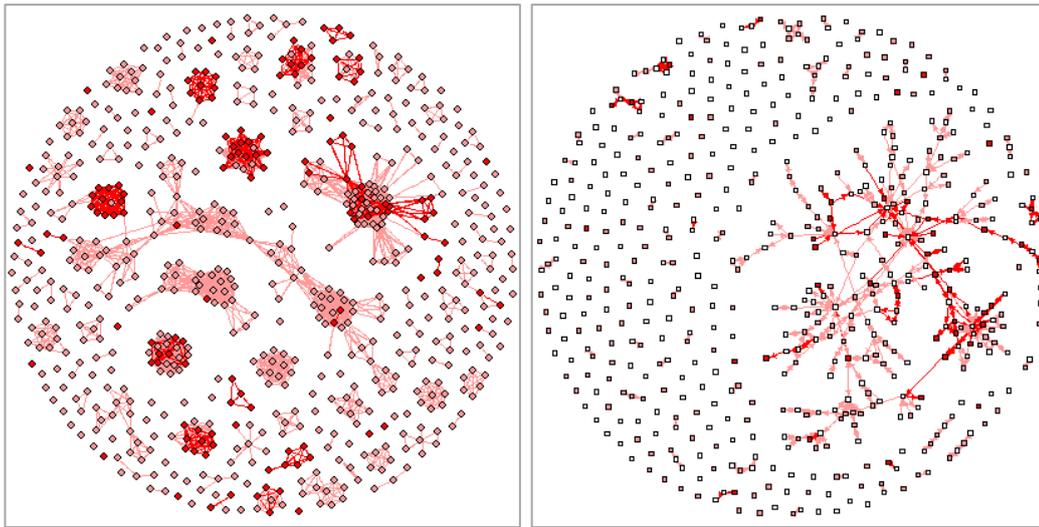
Um den engen Zusammenhang des Tierkontakt- und Handelsnetzwerkes zu berücksichtigen, wurden diese im Folgenden bei gleicher Wahl der Einstellungen nebeneinander abgebildet. Wenn nicht ausdrücklich anders beschrieben, sind im Tierkontakt-NW ausschließlich direkte Kontakte im Sinne von gleichzeitigen Aufenthalten im selben Betrieb dargestellt.

Links in Abb. 13 ist das Kontakt-NW positiver Rinder, rechts das Handels-NW beschränkt auf die Bewegungen (offiziell) positiver Rinder zwischen den LLF-Betrieben zu sehen. Dabei entspricht die Grundfarbe der Kontakte bzw. Bewegungen dem Infektionsstatus der beteiligten Tiere (bei Kontakten) bzw. ausführenden Tiere (bei Bewegungen). Kontakte bzw. Bewegungen positiver Tiere werden hellblau und diejenigen der offiziell positiven Rinder dunkelblau dargestellt (Legende im Anhang, Kapitel IX.8, S. 148). Zusätzlich zum Infektionsstatus der Tiere wird die Farbgebung der Kanten dadurch beeinflusst, ob sich beide beteiligten Tiere zum Zeitpunkt des Kontaktes (Kontakt-NW) bzw. zum Zeitpunkt der Bewegung (Handels-NW) bereits im mutmaßlichen infektiösen Zeitraum von einem Jahr vor Erhebung des ersten positiven Befundes befanden (Farbumschlag nach hell-/dunkelrot).



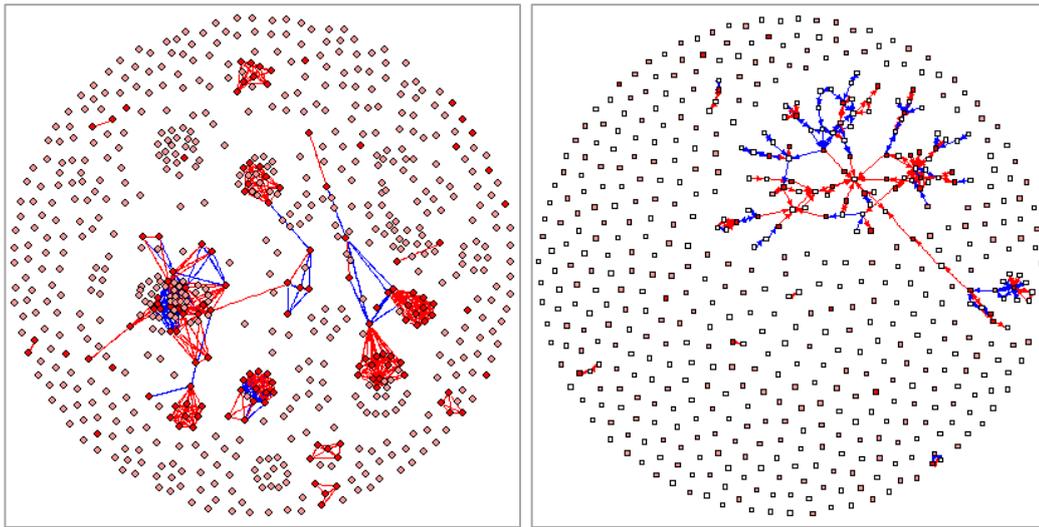
**Abb. 13: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); Kontakte/Bewegungen positiver (hellblaue/-rote Kanten) und offiziell positiver Rinder (dunkelblaue/-rote Kanten) dargestellt, mutmaßlicher infektiöser Zeitraum (MIZ) von einem Jahr berücksichtigt, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Durch diese zusätzliche Hervorhebung von Kontakten bzw. Bewegungen positiver (hellrot) und offiziell positiver Rinder (dunkelrot), welche sich zum Zeitpunkt des Kontaktes oder der Bewegungen bereits im MIZ von einem Jahr vor dem ersten positiven TB-Befund befanden, lassen sich in Abb. 13 jene Kontakte und Bewegungen schnell erfassen, bei denen mit hoher Wahrscheinlichkeit eine Übertragung (Kontakt-NW) von TB oder ein Betriebswechsel (Handels-NW) eines bereits infizierten Rindes stattfand. Diese Kantenmenge umfasst besonders im Kontakt-, aber auch im Handels-NW einen erheblichen Teil der Kanten insgesamt und insbesondere der Riesenkompente. Im Handels-NW lässt sich jedoch feststellen, dass bei alleiniger Berücksichtigung der Bewegungen (offiziell) positiver Tiere 80 der 239 Betriebe mit positiven Befunden (33,5 %) bzw. 8 von 43 Betrieben mit offiziell positiven Testergebnissen (18,6 %) außerhalb der Riesenkompente gelegen und damit nicht allein durch deren Bewegungen erklärbar sind. Dies lässt sich verdeutlichen, indem nur diejenigen Kantenmengen dargestellt werden, die Kontakte und Bewegungen positiver und offiziell positiver Rinder im MIZ symbolisieren (Abb. 14).



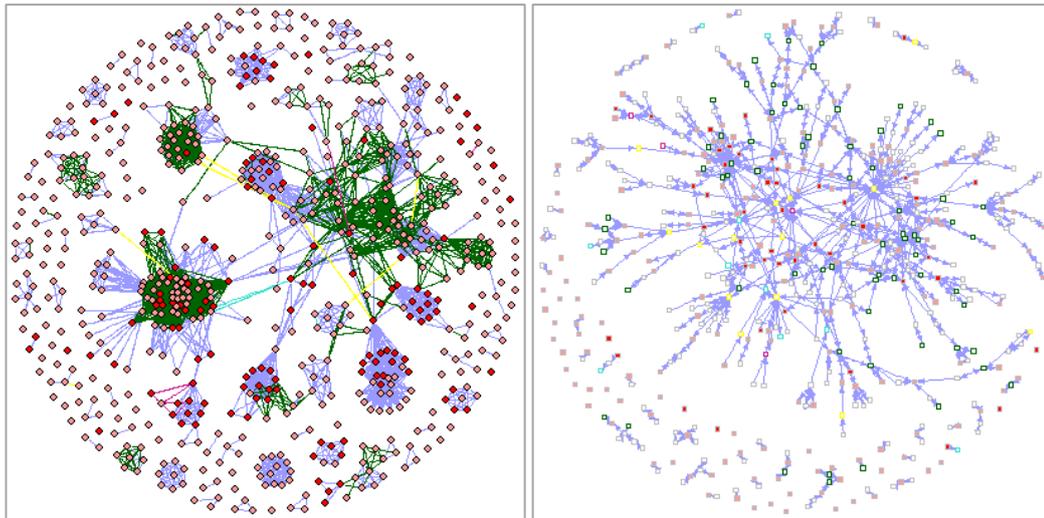
**Abb. 14: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); ausschließlich Kontakte/Bewegungen positiver (hellrote Kanten) und offiziell positiver (dunkelrote Kanten) Rinder dargestellt, die sich zum Zeitpunkt des Kontaktes/der Bewegung im mutmaßlichen infektiösen Zeitraum (MIZ) befanden, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Beschränkt man die Darstellung der Kanten weiter auf die Kontakte bzw. Bewegungen von postmortal positiv befundenen Rindern (Abb. 15), so schrumpfen die Riesenkomponten in beiden Netzwerken so weit, dass der Großteil der Knoten isoliert liegt. Im Kontakt-NW macht der Anteil an Kontakten (Kanten), bei denen beide beteiligten offiziell positiven Rinder sich im MIZ befanden (dunkelrote Kanten), mehr als die Hälfte aller verbliebenen Kanten aus. Im Handels-NW entspricht der Anteil von Tierbewegungen (Kanten) offiziell positiver Rinder, bei denen das verbrachte Rind zum Zeitpunkt der Bewegung schon im MIZ war (dunkelrote Kanten), ungefähr der Hälfte aller Bewegungen (Kanten) offiziell positiver Rinder.



**Abb. 15: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); ausschließlich Kontakte/Bewegungen (dunkelblaue/-rote Kanten) offiziell positiver (postmortal positiv befundeter) Rinder dargestellt, mutmaßlicher infektiöser Zeitraum (MIZ) von einem Jahr berücksichtigt, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

In Abb. 16 ist der Fokus auf die Betriebstypen gelegt. Somit sind im Kontakt-NW die Kontakte (Kanten) und im Handels-NW die Betriebe (Knoten) entsprechend der bekannten Farbschemata (Legende im Anhang auf S. 148) nach dem zugehörigen Betriebstyp eingefärbt. Landwirtschaftlichen Rinderhaltungen ist in beiden Netzwerken keine eigene Farbe zugeordnet. Die Farbe der dort erfolgten Kontakte entspricht dem Infektionsstatus positiver Tiere ohne Berücksichtigung des MIZ (deshalb blaue Kanten im Kontakt-NW) und die Farbe der Rinderhaltungsbetriebe im Handels-NW ihrem Infektionsstatus (hellrote bzw. dunkelrote Knoten).

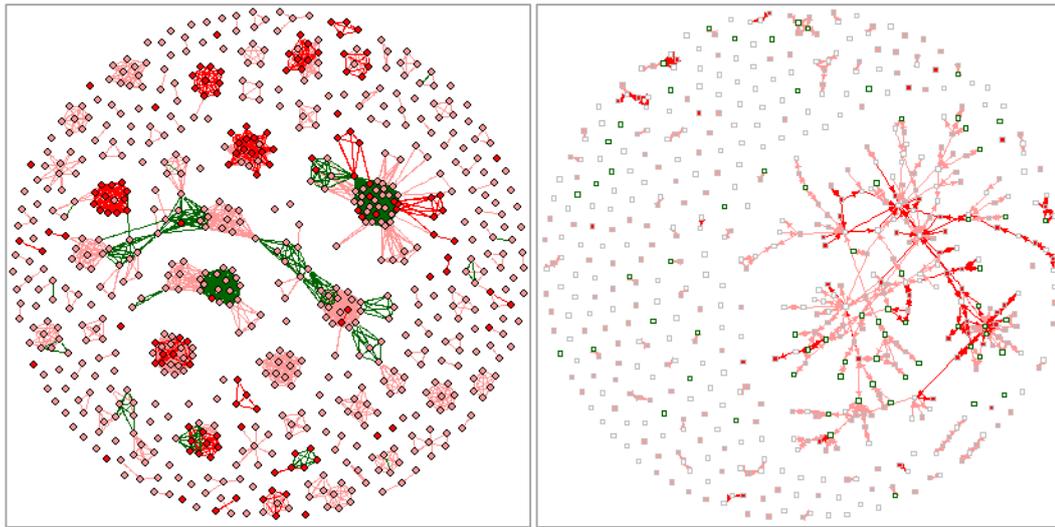


**Abb. 16: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); Kontakte/Bewegungen (offiziell) positiver Tiere dargestellt, Farbgebung der Kanten (Kontakt-NW) bzw. Knoten (Handels-NW) nach dem zugehörigen Betriebstyp (Anhang: Legende auf S. 148), gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Im Kontakt-NW entfällt fast die Hälfte der Kontakte zwischen positiven Tieren (47,63 %) auf Kontakte, welche auf Almbetrieben stattgefunden haben (grüne Kanten). Dies gilt in besonderem Maße für die Riesenkompone, bei der Almbetriebe häufig eine Brückenfunktion zwischen verschiedenen Clustern einnehmen. Auf die anderen hervorgehobenen Betriebsgruppen der Züchter (violett), Händler (gelb) und Schlachter (türkis) entfallen kaum Kontakte zwischen positiven Tieren.

Etwas anders stellt sich die Situation im Handels-NW dar. Neben Almbetrieben kommen dort auch Viehhändlern und Züchtern zentrale Positionen im NW zu. Jedoch ist auch hier der Großteil der Almbetriebe innerhalb der Riesenkompone lokalisiert.

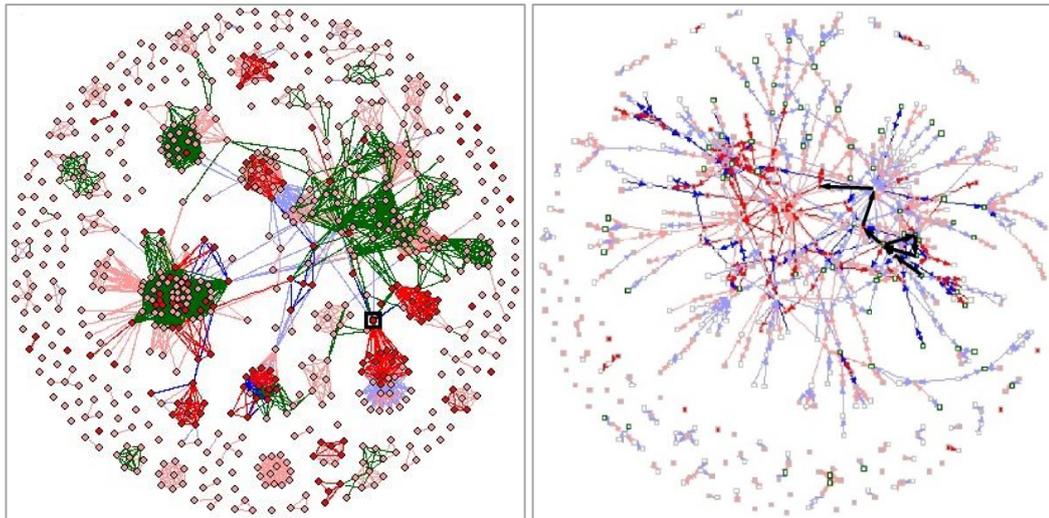
Beschränkt man diese Darstellung mit Hervorhebung der zugehörigen Betriebstypen wiederum auf Kontakte und Bewegungen positiver und offiziell positiver Rinder im MIZ (Abb. 17), so lässt sich die Brückenfunktion der Almbetriebe im Kontakt-NW besonders gut erkennen.



**Abb. 17: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); ausschließlich Kontakte/Bewegungen positiver (hellrote Kanten) und offiziell positiver (dunkelrote Kanten) Rinder dargestellt, die sich zum Zeitpunkt des Kontaktes/der Bewegung im mutmaßlichen infektiösen Zeitraum (MIZ) befanden; Kontakte (links) auf Almbetrieben bzw. Almbetriebe (rechts) grün eingefärbt, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Die ehemalige Riesenkompone ist durch diese Beschränkung in kleinere Cluster und Komponenten zerfallen, da die zwei größten verbleibenden Komponenten nur durch wenige Tiere verbunden waren, die sich zum Zeitpunkt des Kontaktes mehr als ein Jahr vor ihrem ersten positiven Testergebnis befanden. Im Handels-NW hat sich an der Konnektivität hingegen wenig geändert, wobei trotz der Beschränkung noch mehr als die Hälfte der Almbetriebe in der Riesenkompone integriert ist.

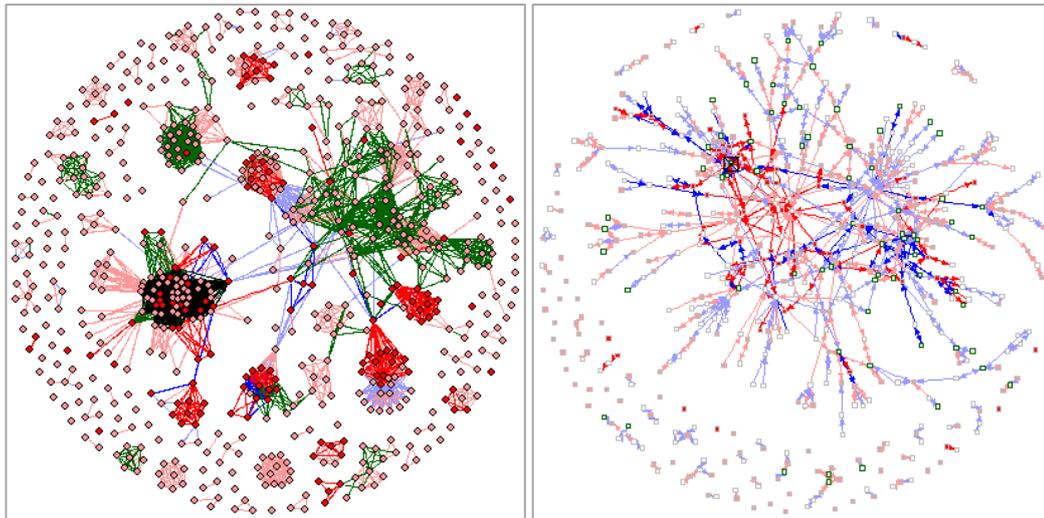
Beispielhaft wurden in Abb. 18 ein Tier und in Abb. 19 ein Betrieb hervorgehoben, denen zentrale Positionen im jeweiligen NW zukommen.



**Abb. 18: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); Kontakte/Bewegungen positiver (hellblaue/-rote Kanten) und offiziell positiver (dunkelblaue/-rote Kanten) Rinder dargestellt, mutmaßlicher infektiöser Zeitraum (MIZ) von einem Jahr berücksichtigt, Kontakte (links) auf Almbetrieben bzw. Almbetriebe (rechts) grün sowie Tier A (beide NW) schwarz hervorgehoben, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Das seinerseits offiziell positiv befundene Tier A durchlief im Laufe seines Lebens beispielsweise mehrere Almbetriebe, einen Viehhändler sowie zwei Betriebe mit zugeordneten postmortal bestätigten positiven TB-Befunden. Im Kontakt-NW stellt dieses Tier die Verbindung zwischen mehreren ansonsten nicht verbundenen Betrieben her, darunter zwischen der Riesenkompente und einem Betrieb mit mehreren positiv und offiziell positiv befundenen Rindern. Eine Einschleppung von TB in diesen Betrieb durch das betrachtete Tier kann als wahrscheinlich angenommen werden.

Der Almbetrieb 270 (Abb. 19) verbindet seinerseits mehrere Betriebe des linken Clusters innerhalb der Riesenkompente und kann als Kontaktort zahlreicher positiver und offiziell positiver Rinder betrachtet werden. Auch im Handels-NW liegt dieser Almbetrieb an zentraler Position innerhalb der Riesenkompente.



**Abb. 19: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); Kontakte/Bewegungen positiver (hellblaue/-rote Kanten) und offiziell positiver (dunkelblaue/-rote Kanten) Rinder dargestellt, mutmaßlicher infektiöser Zeitraum (MIZ) von einem Jahr berücksichtigt, Kontakte (links) auf Almbetrieben bzw. Almbetriebe (rechts) generell grün, Almbetrieb A in beiden NW schwarz hervorgehoben, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**

Um die Auswirkungen unterschiedlicher MIZ, Kontaktdefinitionen und der betrachteten Zeitfenster auf die NW zu untersuchen, wurden im Folgenden die Einstellungen der Applikation hinsichtlich dieser Parameter variiert. Die zugehörigen Abbildungen befinden sich im Anhang (Kapitel IX.7, S. 145 f.)

Erhöhte man den MIZ der Rinder auf 730 Tage (= 2 Jahre) vor dem ersten positiven TB-Befund, fanden die meisten der existierenden Kontakte bzw. Tierbewegungen der positiven und offiziell positiven Tiere in diesem Zeitraum statt (Anhang: Abb. 37, S. 145).

Die Änderung der Kontaktdefinition betraf lediglich das Kontakt-NW. Als Kontakte wurden nun auch indirekte Kontakte von Tieren betrachtet, die im Abstand von höchstens 30 Tagen auf demselben Betrieb gemeldet waren (Anhang: Abb. 38, S. 145). Im Vergleich zu ausschließlich aus direkten Kontakten bestehenden Netzwerken kann eine Verdichtung des Netzwerkes festgestellt werden, wodurch sich zugleich die Zahl isoliert liegender Knoten am Rande des Netzwerkes verringert. Dennoch vermag auch die Einbeziehung indirekter Kontakte nicht alle positiven Tiere zu verbinden.

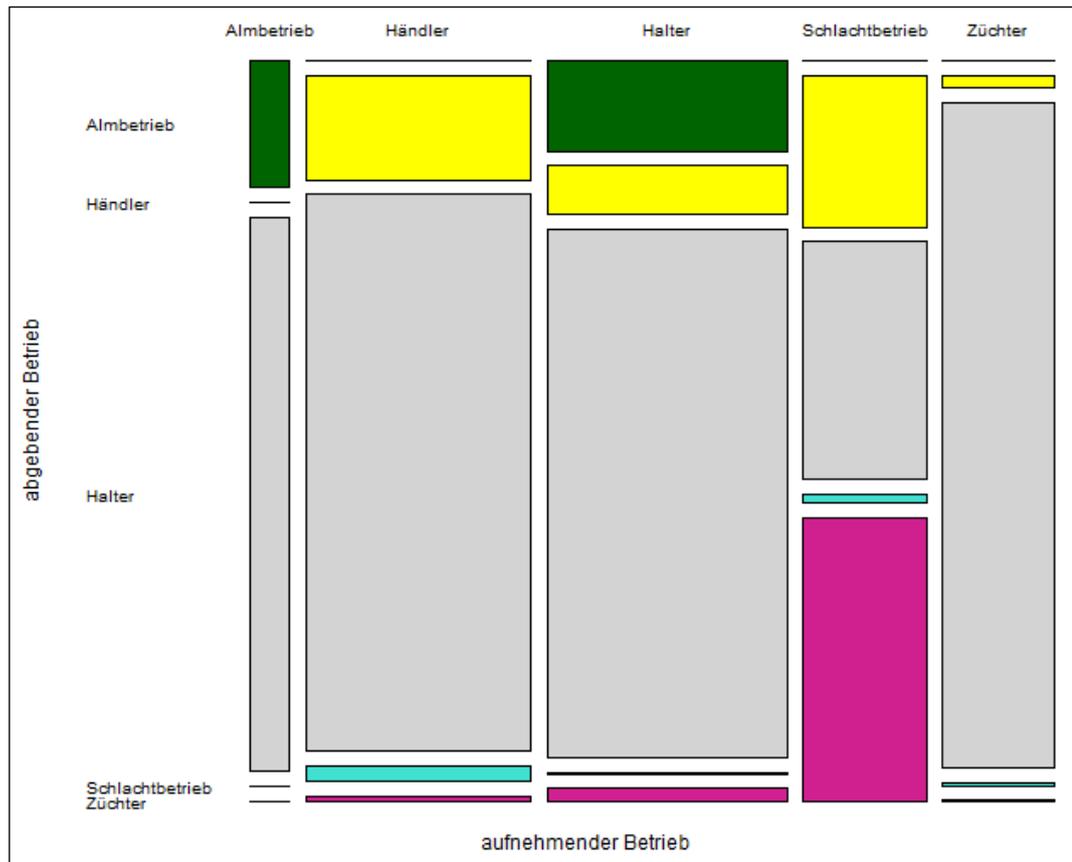
Ein besonderes Augenmerk wurde außerdem auf die Zeitabhängigkeit der betrachteten Netzwerke gelegt, welche in den statischen Ausgaben der Netzwerke kaum zum Ausdruck kommt. In der interaktiven Form der Applikation kann dies

visuell dargestellt werden. Im Anhang werden das Kontakt- und Handels-NW deshalb über unterschiedlich lange Betrachtungszeiträume visualisiert (Abb. 39, S. 147, Grafiken A bis D). Diese werden ausgehend von einem das Jahr 2010 umfassenden einjährigen Zeitraum (Grafik A) jeweils um ein Jahr verlängert (Grafik D: Zeitraum von 2010 bis 2013). Bei dieser Betrachtung unterschiedlich großer Zeitfenster wird der Wechsel der Tiere und Betriebe in den MIZ im Farbumschlag der Knoten von blau nach rot sichtbar. Von Grafik C zu Grafik D ergeben sich kaum Änderungen, was durch das Auftreten der meisten TB-Fälle in der ersten Hälfte des Jahres 2013 erklärbar ist. Allerdings sind bei Betrachtung kürzerer Zeiträume einige Komponenten isoliert voneinander und Pfade unterbrochen, die bei der Betrachtung des gesamten Untersuchungszeitraums zusammenhängend erschienen.

## **2.2. Exploration des Handelsnetzwerkes**

Auch bei der Exploration der Netzwerke wurde das allgemeingültige Farbschema verwendet (Legende im Anhang auf S. 148).

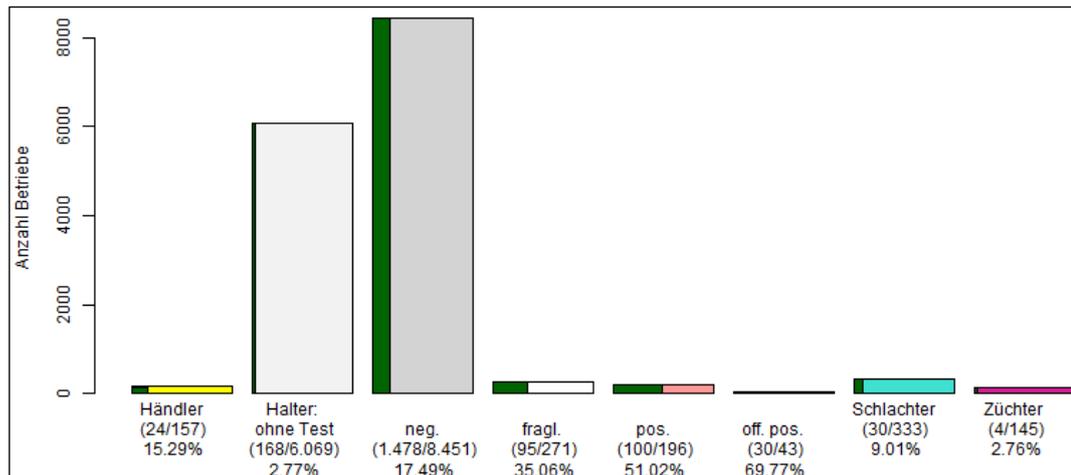
In Abb. 20 wird die Struktur von NW 2 (bestehend aus Kanten/Bewegungen zwischen im Untersuchungsgebiet verorteten Betrieben/Knoten) dargestellt, indem die Bewegungen anteilig nach den Betriebstypen der abgebenden und aufnehmenden Betriebe aufgeschlüsselt wurden. Dabei entsprechen die Größen der Flächen der Anzahl an Bewegungen, die zwischen Betrieben des jeweiligen Paares von Betriebstypen stattfanden.



**Abb. 20: Darstellung der Bewegungen im Netzwerk, das die Bewegungen/Kanten zwischen im Untersuchungsgebiet verorteten Betrieben/Knoten beinhaltet (NW 2), aufgegliedert nach Betriebstypen abgebender und aufnehmender Betriebe**

Folgende Eigenschaften des Handelsnetzwerkes fallen auf: Beim überwiegenden Teil der Bewegungen ist mindestens ein landwirtschaftlicher Rinderhalter oder Viehhändler beteiligt. Schlachthöfe nehmen Tiere auf, geben aber nur sehr wenige ab. Insgesamt führt nur ein geringer Anteil aller Bewegungen in Schlachthöfe. Züchter geben relativ viele Tiere an Schlachthöfe ab. Almbetriebe haben fast ausschließlich zu Haltern und anderen Almbetrieben Handelskontakt.

Ein Fokus dieser Arbeit liegt auf der epidemiologischen Relevanz der Almwirtschaft. Daher wurde weiterhin nach Betriebstypen und Infektionsstatus aufgeschlüsselt betrachtet, welcher Anteil von Betrieben Zugänge von Almbetrieben aufwies (Abb. 21).

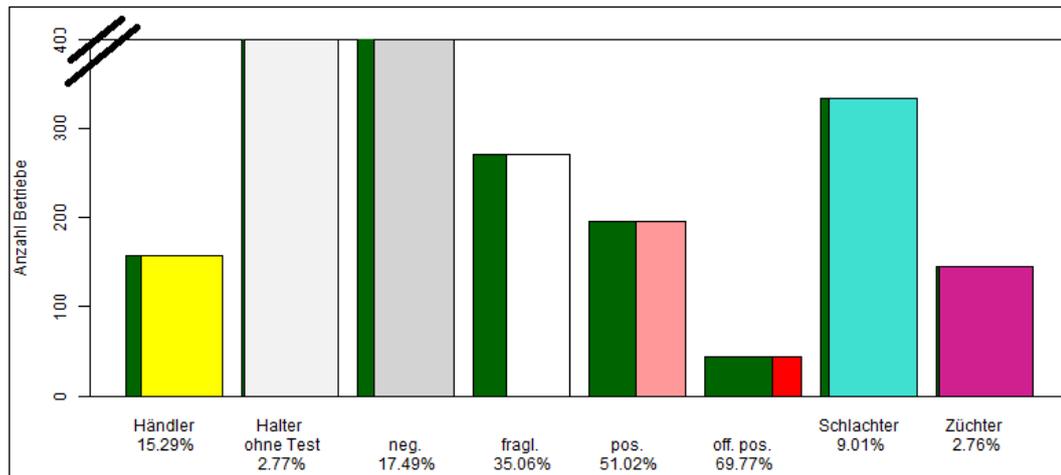


**Abb. 21: Absolute und relative Anzahl von Betrieben je Betriebstyp bzw. bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern je Infektionsstatus, die Tiere von Almbetrieben erhalten (Breite der grünen Säulen entspricht Anteil von Betrieben mit Zugängen von Almbetriebe pro Gruppe, restliche Farbgebung nach Farbschema)**

Betrachtet man alle Betriebsgruppen außer den landwirtschaftlichen Rinderhaltern, weisen diese einen relativ niedrigen Anteil von Betrieben mit Tierzugängen von Almbetrieben auf (Händler 15,29 %, Schlachtbetriebe 9,10 %, Züchter 2,76 %). Diesen genannten Gruppen kann kein Infektionsstatus zugewiesen werden, da TB-Befunde in der Regel Betrieben vom Typ 1 (landwirtschaftlichen Rinderhaltern) zugeordnet sind.

Bei den landwirtschaftlichen Rinderhaltern mit positiven und offiziell positiven Einzeltierbefunden fällt im Vergleich mit den nicht getesteten und ausschließlich negativ befundeten Rinderhaltungsbetrieben sowie den übrigen Betriebsgruppen ein höherer Anteil von Betrieben mit direkten Handelsbeziehungen zu Almbetrieben auf (Halter mit positiven Befunden 51,02 %, Halter mit offiziell positiven Befunden 69,77 %, Halter ohne Befunde 2,77 %, Halter mit ausschließlich negativen Befunden 17,49 %). Bei der Gruppe der Rinderhaltungsbetriebe mit fraglichen Testergebnissen erhielten 35,06 % der Betriebe Tierzugänge von Almbetrieben.

Um die visuelle Erfassung zu erleichtern, wurde Abb. 21 nochmals mit abgeschnittener y-Achse dargestellt (siehe Abb. 22).

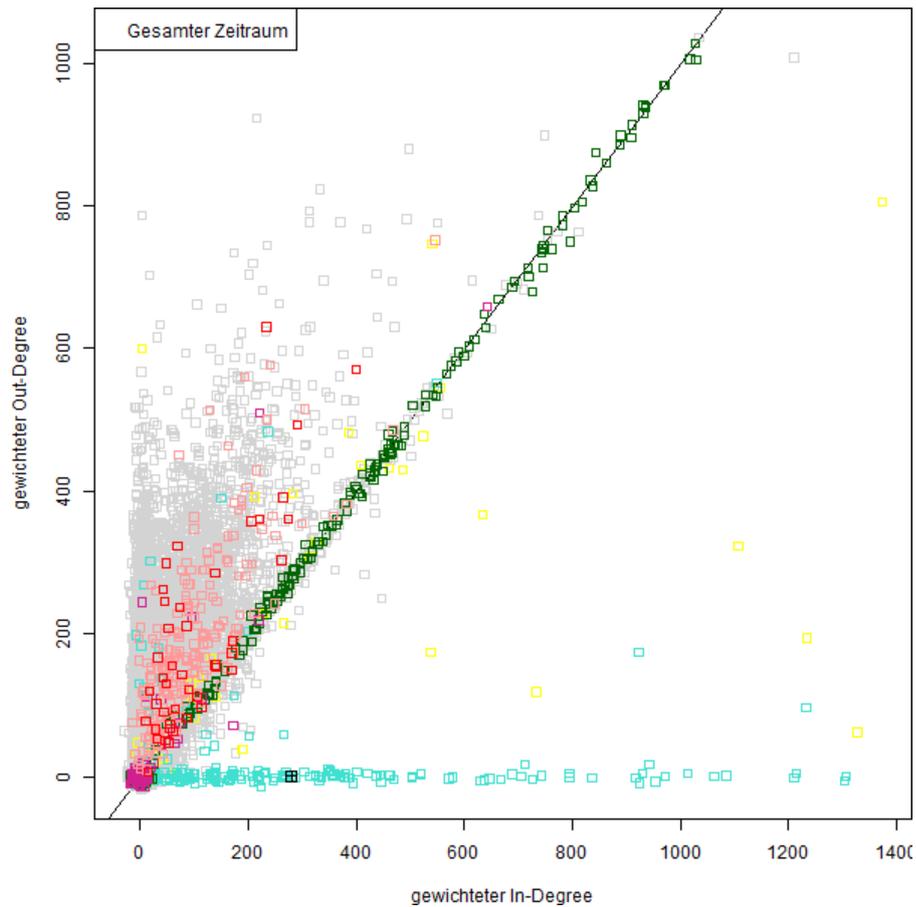


**Abb. 22: Relative Anzahl von Betrieben je Betriebstyp bzw. bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern je Infektionsstatus, die Tiere von Almbetrieben erhalten (Breite der grünen Säulen entspricht Anteil von Betrieben mit Zugängen von Almbetriebe pro Gruppe); entspricht Abb. 21 (ohne absoluten Anteil) mit abgeschnittener y-Achse**

### 2.2.1. Zentralitätsmaße

Mithilfe der Applikation wurden Kerndichteschätzungen der Zentralitätsmaße erstellt, um einerseits Betriebe mit und ohne positive TB-Testergebnisse und andererseits die Betriebe verschiedener Typen auf Unterschiede in der Verteilung der Zentralitätsmaße hin zu betrachten. Bei der Darstellung dieser Kerndichteschätzungen wurden die Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten und die Mediane als vertikale Linien in der Farbe der zugehörigen Betriebsgruppe eingezeichnet. Schlachthöfe wurden in den Abbildungen zur Kerndichteschätzung aufgrund ihrer untergeordneten epidemiologischen Relevanz bei der Krankheitsausbreitung nicht aufgeführt. Um den Vergleich zwischen den Betriebsgruppen zu ermöglichen, wurden auch landwirtschaftliche Rinderhalter ohne Testergebnisse aus dem Untersuchungsgebiet eingeblendet.

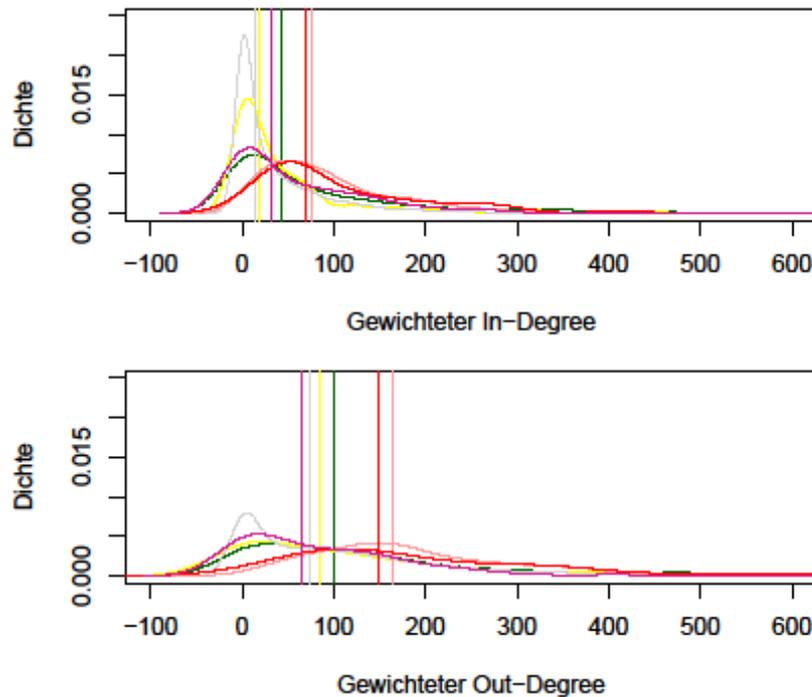
Zusätzlich wurden die gewichteten Degree-Werte (In-Degree und Out-Degree) in Abb. 23 gegeneinander aufgetragen, um einige grundlegende Eigenschaften des betrachteten Tierhandelsnetzwerkes zu zeigen.



**Abb. 23: Gewichteter In- und Out-Degree der Betriebe im Untersuchungsgebiet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen bzw. Infektionsstatus bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Farbgebung nach Farbschema**

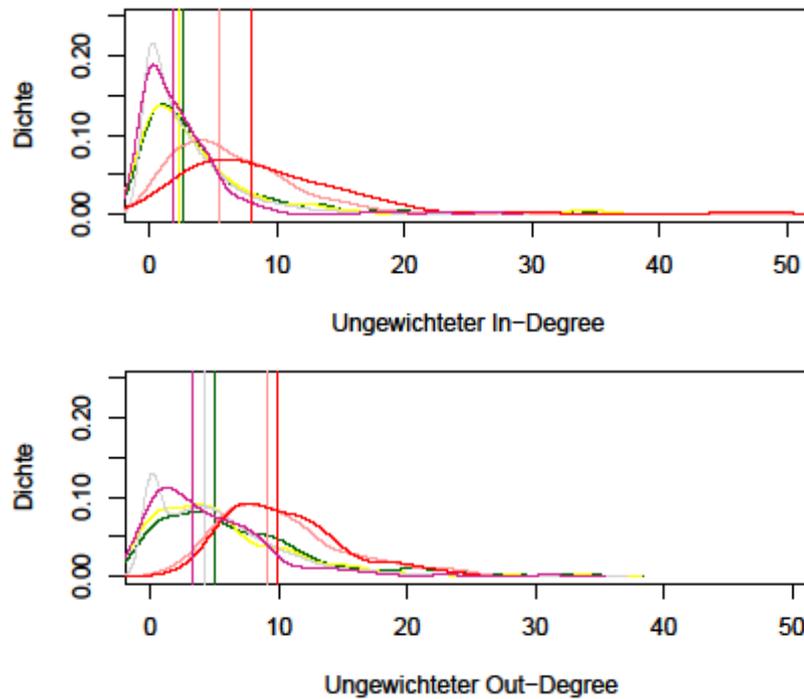
Die Mehrzahl der Betriebe mit landwirtschaftlicher Rinderhaltung hat mehr ausgehende als eingehende Tiere zu verzeichnen (Punkte links der Diagonalen, siehe auch Kerndichteschätzungen in Abb. 24). Die Subgruppen positiver und offiziell positiver Rinderhalter scheinen tendenziell mehr Tiere mit anderen Betrieben auszutauschen als die Gesamtheit aller Rinderhalter im Untersuchungsgebiet. Diese Beobachtung ist im Scatterplot nur zu erahnen und wird bei Betrachtung der Kerndichteschätzung (Abb. 24) deutlicher. Almbetriebe nehmen ähnlich viele Tiere auf wie sie abgeben, zeigen also eine relativ ausgeglichene Handelsbilanz (Punkte auf der Diagonalen). Bei Züchtern und Händlern sind vielfach extreme Werte zu sehen. Im Folgenden werden die Betriebsgruppen der Züchter, Händler und Almbetriebe mehrfach verglichen, weil bei allen drei Gruppen von einem regelmäßigen vollständigen Austausch des Tierbestandes auszugehen ist. So liegen die Mediane der Kerndichteschätzer für den gewichteten In- und Out-Degree von Almbetrieben über den Medianen von

Züchtern und Händlern (siehe Kerndichteschätzungen in Abb. 24). Schlachtbetriebe nehmen größtenteils nur Tiere auf.



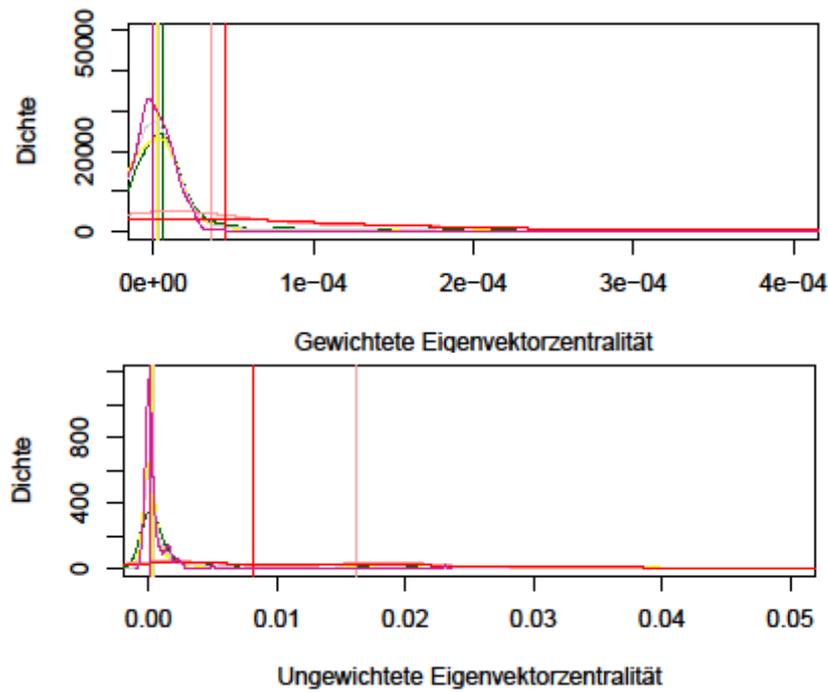
**Abb. 24: Kerndichteschätzungen für gewichteten In- und Out-Degree der Betriebe im Untersuchungsgebiet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen bzw. Infektionsstatus bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Mediane als vertikale Linie dargestellt, Farbgebung nach Farbschema**

Die meisten der beschriebenen Charakteristika finden sich – allerdings weniger deutlich - auch bei der Betrachtung der ungewichteten Degrees wieder (Abb. 25, bei den Kerndichteschätzungen zu den ungewichteten Out-Degrees wird der Median der Händler vom Median der Halter ohne positive Befunde (grau) verdeckt). Die Mediane der Kerndichteschätzungen bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern mit positiven und offiziell positiven TB-Befunden liegen auch bei den ungewichteten In- und Out-Degrees über denen der Rinderhalter ohne positive Befunde. Betriebe mit positiven TB-Befunden haben also mehr ein- und ausgehende Handelskontakte und damit direkte Kontaktbetriebe als Betriebe ohne positive TB-Befunde. Weiterhin liegt der Median der ungewichteten Out-Degrees bei Almbetrieben über den Medianen der Händler und Züchter. Dies bedeutet, dass von Almbetrieben aus Rinder auf eine größere Anzahl von unterschiedlichen Zielbetrieben geschickt werden als von Händlern oder Züchtern aus. Lediglich beim ungewichteten In-Degree liegt der Median der Kerndichteschätzungen bei den Almbetrieben nicht über dem Median der Händler.

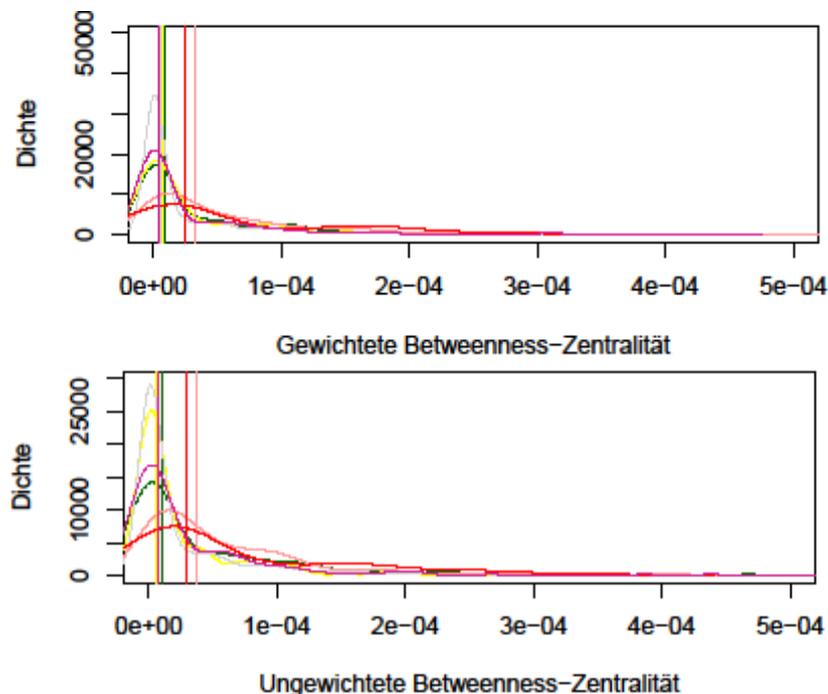


**Abb. 25: Kerndichteschätzungen für ungewichteten In- und Out-Degree der Betriebe im Untersuchungsgebiet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen bzw. Infektionsstatus bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Mediane als vertikale Linie dargestellt, Farbgebung nach Farbschema**

Ähnliche Bilder ergeben sich auch bei der Eigenvektor- und der Betweenness-Zentralität (Abb. 26, Abb. 27). Die Eigenvektorzentralität kann dabei als Maß für die Exponiertheit von Betrieben verstanden werden, da dieser NW-Parameter die Zentralität der direkten Kontaktbetriebe der jeweiligen betrachteten Betriebe mit einberechnet. Deshalb ist dieser Wert beim Vergleich der Betriebsgruppen mit unterschiedlichem Infektionsstatus von Bedeutung. Bezüglich der Ausbreitung von Tierseuchen ist dagegen die Betweenness-Zentralität von Interesse, da Betriebe mit einer hohen Betweenness-Zentralität durch das häufige Vorkommen auf kürzesten Pfaden als sogenannte „Superspreader“ fungieren und eine Krankheit in sehr effizienter Weise im Netzwerk verbreiten können.



**Abb. 26: Kerndichteschätzungen zu gewichteter und ungewichteter Eigenvektorzentralität der Betriebe im Untersuchungsgebiet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen bzw. Infektionsstatus bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Mediane als vertikale Linie dargestellt, Farbgebung nach Farbschema**



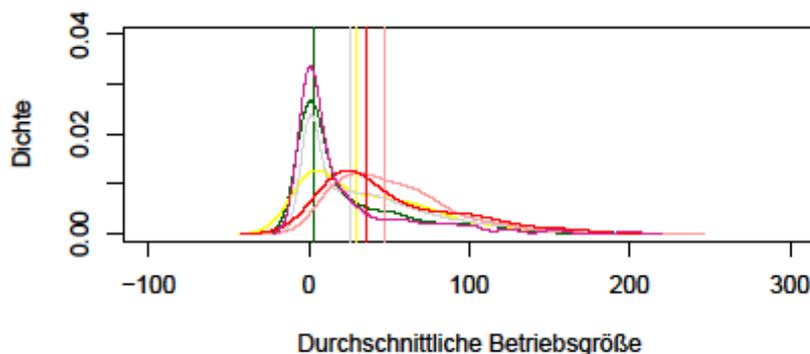
**Abb. 27: Kerndichteschätzungen zu gewichteter und ungewichteter Betweenness-Zentralität der Betriebe im Untersuchungsgebiet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen bzw. Infektionsstatus bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Mediane als vertikale Linie dargestellt, Farbgebung nach Farbschema**

Vergleicht man zunächst die Betriebe unterschiedlichen Betriebstyps, ergeben sich hinsichtlich der gewichteten und ungewichteten Eigenvektor-Zentralität für alle Betriebstypen ähnliche Werte. Bei der gewichteten und ungewichteten Betweenness-Zentralität liegt der Median der Almbetriebe tendenziell über denen der anderen Betriebsgruppen.

Im Vergleich der Betriebe mit unterschiedlichem Infektionsstatus zeigt sich ein deutlicheres Bild. Analog zu der Situation bei den Degree-Zentralitäten ergibt sich für die Subgruppen der Rinderhaltungs-Betriebe mit positiven und offiziell positiven Einzeltierbefunden auch bei Eigenvektor- und Betweenness-Zentralität eine breitere Verteilung der Werte als für die Gesamtheit der Rinderhalter.

Insgesamt deuten die dargestellten Ergebnisse der betrachteten Zentralitätsmaße darauf hin, dass im Handelsnetzwerk Betriebe mit positiven TB-Testergebnissen tendenziell höhere Zentralitätswerte bzgl. ihrer Exponiertheit aufwiesen als Betriebe ohne positive Befunde. Almbetriebe zeigten im Vergleich zu den anderen Betriebstypen ähnlich hohe oder marginal höhere Werte in Parametern, die zentrale Positionen bzgl. der Weiterverbreitung von Tierseuchen identifizieren.

Anders verhält sich die Verteilung der Werte hinsichtlich der über den Untersuchungszeitraum gemittelten durchschnittlichen Betriebsgröße am Jahresende (Abb. 28).

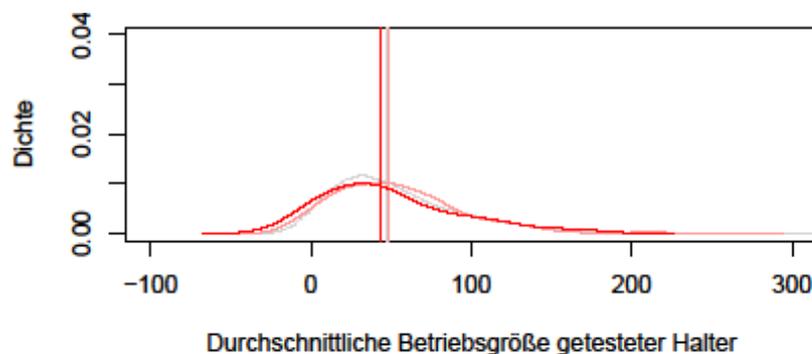


**Abb. 28: Kerndichteschätzungen zur durchschnittlichen Betriebsgröße (Betriebsgröße am Jahresende gemittelt über den Untersuchungszeitraum) der Betriebe im Untersuchungsgebiet, aufgeschlüsselt nach Betriebstypen bzw. Infektionsstatus bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Mediane als vertikale Linie dargestellt, Farbgebung nach Farbschema**

Alm- und Zuchtbetriebe haben im Gegensatz zu Händlern und landwirtschaftlichen Rinderhaltern sehr niedrige Medianwerte zu verzeichnen.

Positive und offiziell positive Rinderhaltungs-Betriebe zeigen dagegen, wie bei der Betrachtung der Zentralitätsmaße, eine breitere Verteilung und einen höheren Medianwert als die Gesamtheit der Betriebe.

Um die Vergleichbarkeit der Betriebe unterschiedlicher Typen zu gewährleisten, wurde bei der Erstellung der bisher abgebildeten Kerndichteschätzungen der Zentralitätsmaße jeweils die Gesamtheit der landwirtschaftlichen Rinderhalter (grau) mit den Subgruppen der positiven (hellrot) und offiziell positiven (dunkelrot) Rinderhaltern verglichen. Zusätzlich wurden dieselben Kerndichteschätzungen der betrachteten Parameter nur für Rinderhalter mit zugeordneten TB-Testergebnissen erstellt (Daten nicht gezeigt). Somit wurden die Gruppe der Rinderhalter mit ausschließlich negativen Ergebnissen mit den Gruppen der Rinderhalter mit (offiziell) positiven TB-Befunden verglichen (Beschränkung analog zur Vorbereitung der Regressionsanalysen, siehe Kapitel III.1.3.3). Die beschriebenen Tendenzen bezüglich der Verteilung der Zentralitätswerte ließen sich auch bei Beschränkung auf getestete Betriebe bestätigen. Lediglich hinsichtlich der Betriebsgröße hatten offiziell positive Rinderhaltungs-Betriebe keinen höheren Medianwert als Betriebe mit ausschließlich negativen TB-Befunden (Abb. 29).



**Abb. 29: Kerndichteschätzungen zur durchschnittlichen Betriebsgröße (Betriebsgröße am Jahresende gemittelt über den Untersuchungszeitraum) der landwirtschaftlichen Rinderhalter, aufgeschlüsselt nach Infektionsstatus, Darstellung der Werte jeweils am 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Mediane als vertikale Linie dargestellt, Farbgebung: Betriebe mit positiven und offiziell positiven Tieren nach Farbschema, Betriebe mit ausschließlich negativen Befunden hellgrau**

Zusätzlich wurden einige globale NW-Kennzahlen berechnet. Zwischen den 16.039 Betrieben im Untersuchungsgebiet fanden 2.176.741 Bewegungen statt, die 96.548 Betriebe-Paare miteinander verbanden. Die Dichte des NW, also der Anteil an tatsächlich existierenden Kanten geteilt durch die maximal mögliche

Anzahl an Kanten, betrug 0.000375. Die schwach verbundene Riesenkomponente umfasste 13.222 Betriebe, die zweitgrößte schwach verbundene Komponente lediglich zwei Betriebe. Der Clustering-Koeffizient betrug 0.00954.

### **2.2.2. Bestimmung der Kausalitätstreue**

Bereits unter der Visualisierung der Netzwerke (Kapitel IV.2.1) wurden die Netzwerke auch über kürzere Zeitfenster dargestellt, um die Zeitabhängigkeit der Netzwerke herauszuarbeiten. Zusätzlich sollten die abgebildeten Netzwerke sowie das NW 2 (Berechnungsgrundlage der Zentralitätsmaße) rechnerisch auf ihre Eignung für eine statische Approximation überprüft werden. Dazu wurden die Kausalitätstreue-Werte der Netzwerke (Quotient der Anzahl von im zeitabhängigen NW existierenden Pfaden geteilt durch die Anzahl der Pfade im zeitlich aggregiert dargestellten Netzwerk) berechnet (LENTZ, 2013; LENTZ et al., 2013). Ein Wert  $\leq 1$  bedeutet, dass nicht alle in der statischen Darstellung vorhandenen Pfade tatsächlich als kausale Infektionsketten zu werten sind.

Für das NW 2, das alle Tierbewegungen zwischen den Betrieben im Untersuchungsgebiet darstellt, ergab sich ein Wert von  $c=0,93$ . Im Gegensatz dazu lag der  $c$ -Wert für die Bewegungen der positiven und offiziell positiven Rinder bei 0,20. Bei zusätzlicher Berücksichtigung aller Bewegungen zwischen den Betrieben aus den LLF der positiven Tiere (Grundmenge der Kanten im Handels-NW), also auch solcher von negativ getesteten Tieren, ergab sich wiederum ein  $c$ -Wert von 0,97.

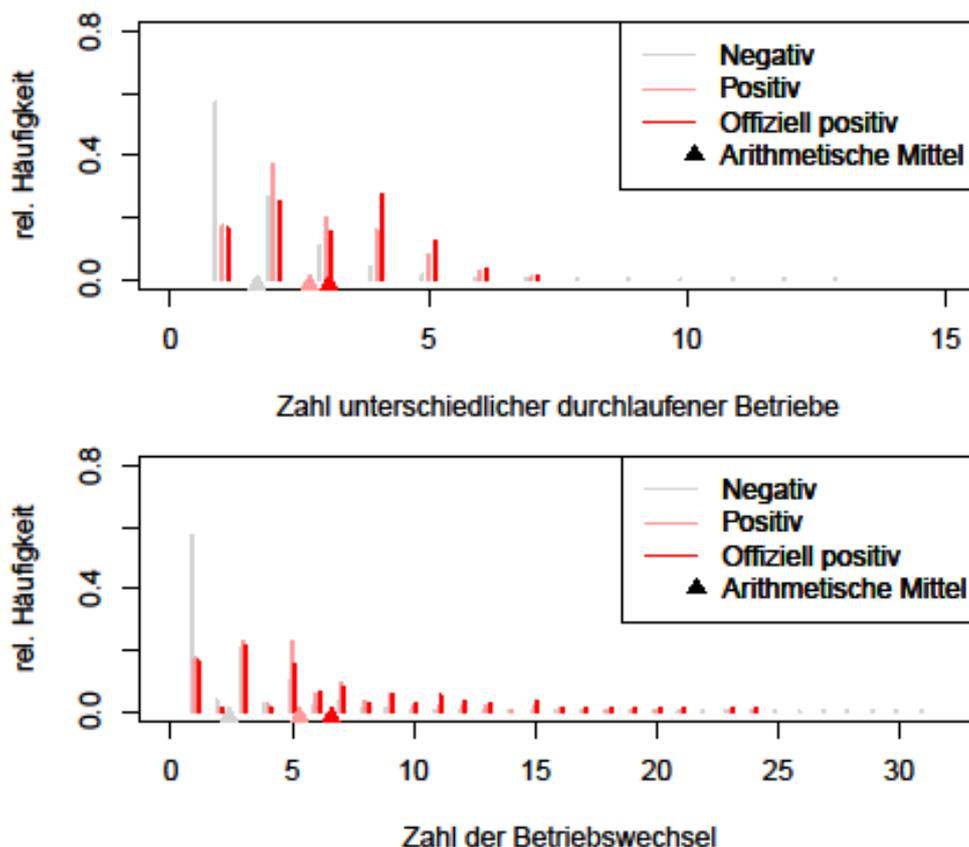
## **2.3. Exploration des Tierkontakt-Netzwerkes**

### **2.3.1. Aufenthalte positiver Tiere auf Betrieben verschiedener Typen**

Um die Bedeutung der Betriebstypen im Netzwerk der Tierkontakte näher zu betrachten, wurden die Aufenthalte der positiven Tiere nach deren Infektionsstatus (positiv oder offiziell positiv) und dem Betriebstyp des zugehörigen Betriebes aufgeschlüsselt. Die absolute Anzahl der Aufenthalte positiver Tiere auf Almbetrieben entspricht 40,13 % der Aufenthalte auf landwirtschaftlichen Rinderhaltungs-Betrieben. Die Aufenthalte auf Betrieben anderer Typen sind im Vergleich weniger zahlreich. Ähnlich stellt sich das Verhältnis der Aufenthalte offiziell positiver Tiere auf Almbetrieben zu Aufenthalten bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern dar (36,32 %). Wiederum

kommen den anderen Betriebstypen vergleichsweise weniger Aufenthalte offiziell positiver Tiere zu.

Dieser relativ hohe Anteil von Aufenthalten positiver und offiziell positiver Tiere auf Almbetrieben deutet einmal mehr auf einen möglichen Einfluss von Almaufenthalten auf den Infektionsstatus der Tiere hin. Um den hier fehlenden Vergleich mit ausschließlich negativ befundeten Tieren ebenfalls zu berücksichtigen, wurde die Anzahl der Stationen auf Alm- und anderen Betrieben außerdem zwischen den Gruppen von Tieren mit positiven, offiziell positiven und ausschließlich negativen TB-Befunden verglichen. In Abb. 30 wurden die relativen Häufigkeiten der Anzahl an unterschiedlichen durchlaufenen Betrieben und der Anzahl an Betriebswechseln jeweils aufgeschlüsselt nach dem Teststatus der Tiere grafisch dargestellt. Die Definition der positiven und (ausschließlich) negativen Tiergruppe entsprach dem Vorgehen bei den Regressionsanalysen; offiziell positive Tiere wurden zudem separat betrachtet.



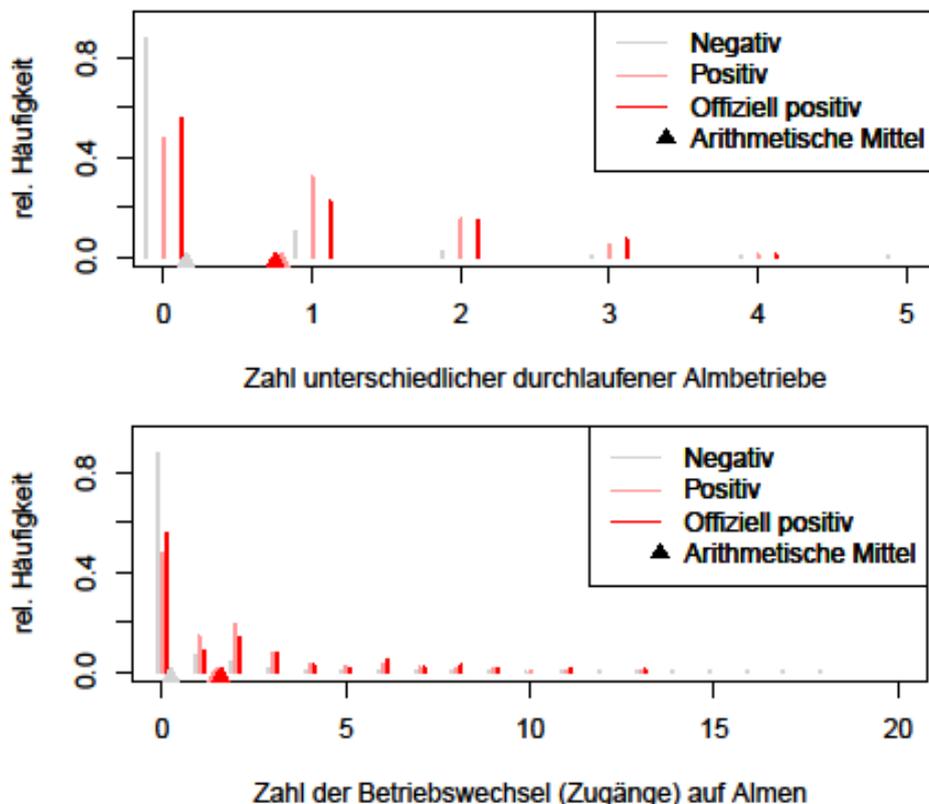
**Abb. 30: Relative Häufigkeit der Anzahl unterschiedlicher durchlaufener Betriebe und der Anzahl der Betriebswechsel nach Infektionsstatus der Tiere (Pfeile: arithmetische Mittel)**

Die obere Grafik gibt die Zahl unterschiedlicher Betriebe wieder, auf denen sich ein Rind im Laufe seines Lebens aufgehalten hat. So werden bei wiederholtem

Wechsel zwischen zwei bestimmten Betrieben (z. B. dem Heimatbetrieb und einem Almbetrieb) nur zwei Betriebe gezählt. Die untere Grafik hingegen berücksichtigt die Anzahl aller Betriebswechsel im Leben eines Tieres einschließlich solcher Doppelungen.

Im Vergleich mit Tieren, die ausschließlich negativ getestet wurden, sind die arithmetischen Mittel der Zahl unterschiedlich durchlaufener Betriebe und der Zahl der Betriebswechsel für die positiven und offiziell positiven Tiere leicht erhöht. Tendenziell hatten positive und offiziell positive Tiere im Laufe ihres Lebens also mehr Betriebswechsel zu verzeichnen und durchliefen eine höhere Anzahl unterschiedlicher Betriebe als Tiere mit ausschließlich negativen TB-Testergebnissen.

Analog dazu wurde die Betrachtung der Tiergruppen nach Infektionsstatus für die Anzahl durchlaufener (unterschiedlicher) Almbetriebe und die Anzahl von Zugängen zu Almbetrieben durchgeführt (Abb. 31).



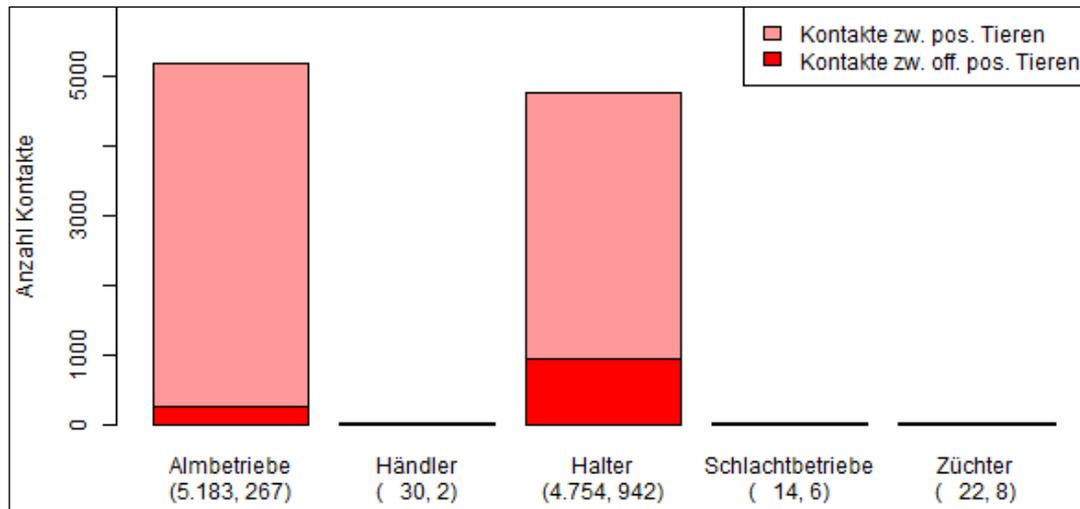
**Abb. 31: Relative Häufigkeit der Anzahl unterschiedlicher durchlaufener Almbetriebe und der Anzahl der Zugänge zu Almbetrieben nach Infektionsstatus der Tiere (Pfeile: arithmetische Mittel, hellroter Keil von dunkelrotem Keil überdeckt)**

Wiederum zeigt die obere Grafik die relative Häufigkeit der Anzahl unterschiedlicher Almbetriebe, die ein Rind während seines Lebens durchlaufen hat. Auf der unteren Grafik ist die relative Häufigkeit der Anzahl von Zugängen auf Almbetriebe im Leben eines Tieres abgebildet. Mehrfache Bewegungen auf dieselbe Alm durch ein Tier werden in der unteren Grafik somit berücksichtigt. Dabei ergab sich hinsichtlich der zu den Tiergruppen gehörigen Verteilungen und arithmetischen Mittel ein ähnliches Bild wie bei den durchlaufenen Betrieben aller Typen (Abb. 30). Positive und offiziell positive Rinder wurden im Vergleich zu ausschließlich negativ befundeten Rindern also häufiger gealpt und durchliefen eine größere Anzahl unterschiedlicher Almbetriebe.

### **2.3.2. Kontakte positiver Tiere auf Betrieben verschiedener Typen**

Insgesamt umfasste der Datensatz der Kontakte zwischen positiven, einschließlich offiziell positiver Tiere, 58.671 Kontakte (davon 37.685 zeitversetzt bzw. indirekt, und 20.986 zeitgleich bzw. direkt).

Vor der grafischen Exploration wurde zunächst auf direkte Kontakte (gleichzeitige Aufenthalte auf demselben Betrieb) positiver bzw. offiziell positiver Tiere eingeschränkt und jeder Kontakt zwischen einem Paar von Tieren nur einfach gezählt. Ebenso wurden Kontakte, die außer auf Almbetrieben auch auf Betrieben eines anderen Typs stattgefunden hatten, jeweils den Betrieben des anderen Typs zugeordnet. Schließlich wurde in Abb. 32 die Kontaktanzahl zwischen positiven bzw. offiziell positiven Tieren nach dem Auftreten auf den verschiedenen Betriebstypen dargestellt.



**Abb. 32: Anzahl der Kontakte (direkt, unter Ausschluss der Doppelungen) zwischen positiven/offiziell positiven Tieren aggregiert nach Betriebstyp; Kontakte, die sowohl bei Haltern als auch bei Almbetrieben auftraten, wurden den Haltern zugeordnet**

Ähnlich der Situation bei den Aufenthalten positiver und offiziell positiver Tiere fand auch der Großteil der Kontakte zwischen (offiziell) positiven Tieren auf Almbetrieben oder auf Betrieben landwirtschaftlicher Rinderhalter statt. Bei den positiven Tieren entfielen mehr Kontakte auf Almbetriebe ( $n = 5.183$ , 51,81 % der Gesamtsumme der Kontakte positiver Tiere) als auf landwirtschaftliche Rinderhalter ( $n = 4.754$ , 47,53 % der Gesamtsumme der Kontakte positiver Tiere). Dies verhält sich bei offiziell positiven Tieren jedoch anders. Hier fanden nur 267 Kontakte (21,80 % der Gesamtsumme der Kontakte offiziell positiver Tiere) zwischen offiziell positiven Tieren auf Almbetrieben und 942 Kontakte (76,90 % der Gesamtsumme der Kontakte offiziell positiver Tiere) auf Typ 1-Betrieben statt.

### 3. Regressionsanalysen

#### 3.1. Regressionsanalysen auf Betriebsebene

Insgesamt gingen 8.680 landwirtschaftliche Rinderhalter aus dem Untersuchungsgebiet mit positiven ( $n = 239$ ) oder ausschließlich negativen Einzeltierbefunden ( $n = 8.441$ ) in die Modelle ein. Im Modell für den Teildatensatz der Halter aus dem LKR OA verblieben 1.674 Halter ( $n_{\text{pos. Halter}} = 196$ ,  $n_{\text{neg. Halter}} = 1.478$ ). Die Einschränkung auf Halter mit positivem In-Degree führte zu 7.791 Betrieben ( $n_{\text{pos. Halter}} = 237$ ,  $n_{\text{neg. Halter}} = 7.554$ ).

Tab. 2 zeigt die in den Modellen errechneten Koeffizientenschätzungen für den Einfluss unterschiedlicher Netzwerkparameter und Betriebslokalisationen auf das Auftreten von positiven TB-Befunden in Rinderhaltungsbetrieben. Als Referenzkategorie bezüglich der Betriebslokalisation wurde der LKR TÖL verwendet, für alle übrigen LKR im Untersuchungsgebiet wurden Koeffizienten geschätzt.

**Tab. 2: Ergebnisse der Regressionsanalyse verschiedener Netzwerkparameter und Lokalisationen auf das Auftreten positiver TB-Befunde auf Betriebsebene (aufgeteilt nach ungewichteten und gewichteten In-Degrees und nach unterschiedlichen Gruppen von Rinderhaltern); Log=logarithmische Transformation**

	Ungewichtete InDs						Gewichtete InDs	
	Alle Halter		Halter LKR OA		Halter pos. InD		Alle Halter	
	exp( $\beta$ )	p	exp( $\beta$ )	p	exp( $\beta$ )	p	exp( $\beta$ )	p
(Intercept)	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Betriebsgröße (log)	1,28	<b>0,01</b>	1,22	<b>0,04</b>	1,30	<b>&lt;0,01</b>	1,13	0,17
InD Halter (log)	1,20	0,05	1,08	0,44	1,15	0,14	1,20	<b>&lt;0,01</b>
InD Züchter (log)	1,11	0,72	1,22	0,59	1,08	0,79	1,05	0,65
InD Händler (log)	1,07	0,66	1,12	0,54	1,04	0,82	1,04	0,51
InD Schlachter (log)	0,17	0,24	0,36	0,51	0,18	0,25	0,29	0,30
InD Almen (log)	2,46	<b>&lt;0,01</b>	2,34	<b>&lt;0,01</b>	2,41	<b>&lt;0,01</b>	1,28	<b>&lt;0,01</b>
Eingang österreich. Tiere	1,21	0,37	1,11	0,68	1,23	0,33	1,27	0,25
LKR Garmisch-Partenkirchen	0,00	0,98			0,00	0,98	0,00	0,98
Kaufbeuren Stadt	0,00	1,00			0,00	1,00	0,00	1,00
Kempten Stadt	51,42	<b>&lt;0,01</b>			50,91	<b>&lt;0,01</b>	46,53	<b>&lt;0,01</b>
LKR Lindau	0,00	0,98			0,00	0,98	0,00	0,98
Memmingen Stadt	0,00	0,99			0,00	0,99	0,00	0,99
LKR Miesbach	0,54	0,61			0,53	0,61	0,51	0,58
LKR Oberallgäu	31,19	<b>&lt;0,01</b>			30,57	<b>&lt;0,01</b>	31,19	<b>&lt;0,01</b>
LKR Ostallgäu	2,08	0,34			2,05	0,35	2,12	0,33
LKR Rosenheim	0,35	0,40			0,39	0,45	0,38	0,44
Rosenheim Stadt	0,00	0,99			0,00	1,00	0,00	0,99
LKR Unterallgäu	2,94	0,16			2,89	0,17	3,42	0,11
LKR Tölz-Wolfratshausen	1,00	-			1,00	-	1,00	-

Für die In-Degrees ergeben sich in aller Regel Parameterschätzer mit einem Wert über eins, d.h. das Risiko für einen positiven TB-Befund auf Betriebsebene steigt mit wachsendem InD (Ausnahme: InD von Schlachtbetrieben). Ungewichtete und

gewichtete InDs führen zu Schätzparametern, welche für die jeweilige Variable in allen Modellen meist in ähnlichen Wertebereichen liegen. Die Anzahl der eingehenden Tiere scheint im Hinblick auf das Risiko von eingehenden Handelskontakten also keine wesentliche Rolle zu spielen. Die Odds Ratios ( $\exp(\beta)$ ) für den InD von Almbetrieben sind im Vergleich zu den Werten der InDs von anderen Betriebstypen durch alle Variationen des Modells hinweg erhöht. Tierzugänge von Almbetrieben scheinen das Risiko für einen positiven TB-Befund auf Betriebsebene also stärker zu erhöhen als Zugänge von Betrieben anderen Typs. Die Schätzer hinsichtlich der Betriebsgröße ergeben dagegen nur in den drei Modellen mit den ungewichteten InDs signifikante Ergebnisse. Der Eingang von Tieren mit österreichischen Ohrmarken führte in keinem der berechneten Modelle zu einem signifikanten Ergebnis. Hinsichtlich der geografischen Lage weisen die Schätzer bezüglich der Lage von Betrieben im LKR OA und in der kreisfreien Stadt KE durchweg erhöhte Werte auf.

### 3.2. Regressionsanalysen auf Tierebene

Nach Einschränkung auf Tiere mit positiven und ausschließlich negativen Untersuchungsergebnissen, welche durchgängig auf bayerischen Betrieben gemeldet waren, verblieben 326.700 Tiere ( $n_{\text{pos. Tiere}} = 628$ , davon  $n_{\text{off. pos. Tiere}} = 117$ ,  $n_{\text{neg. Tiere}} = 326.072$ ). Der Teildatensatz von im LKR OA getesteten Tieren umfasste dabei 64.098 Tiere (davon positiv:  $n = 482$ , offiziell positiv:  $n = 70$ ).

Bei positiven Tieren wurden nur die Stationen bis zum ersten positiven Testergebnis berücksichtigt, während bei negativen Tieren alle Stationen bis zum Datum des letzten im Untersuchungszeitraum erhobenen Befundes einbezogen wurden. Wiederum wurde der LKR TÖL als Referenzkategorie hinsichtlich der Betriebslokalisierung definiert.

Für die Koeffizientenschätzungen ergab sich folgendes Bild (Tab. 3):

**Tab. 3: Ergebnisse der Regressionsanalyse des Alters, der Stationen auf Alm- und Nicht-Almbetrieben und der Lokalisationen auf das Auftreten positiver TB-Befunde auf Tierebene**

	Zahl Stationen (ungewichtet)				Zahl Betriebswechsel (gewichtet)	
	Alle Tiere		Tiere LKR OA		Alle Tiere	
	exp( $\beta$ )	p	exp( $\beta$ )	p	exp( $\beta$ )	p
(Intercept)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Alter (Jahre)	1,01	0,53	1,01	0,65	0,95	<b>0,00</b>
Anzahl Stationen Almbetriebe	2,03	<b>&lt;0,01</b>	1,99	<b>&lt;0,01</b>	1,23	<b>&lt;0,01</b>
Anzahl Stationen Nicht-Almbetriebe	1,26	<b>&lt;0,01</b>	1,19	<b>&lt;0,01</b>	1,22	<b>&lt;0,01</b>
LKR Garmisch-Partenkirchen	0,00	0,97			0,00	0,96
Kaufbeuren, Stadt	0,00	0,99			0,00	0,99
Kempten, Stadt	177,68	<b>&lt;0,01</b>			186,79	<b>&lt;0,01</b>
LKR Lindau	0,00	0,95			0,00	0,95
Memmingen, Stadt	0,00	0,98			0,00	0,98
LKR Miesbach	0,54	0,62			0,45	0,52
LKR Oberallgäu	57,97	<b>&lt;0,01</b>			62,18	<b>&lt;0,01</b>
LKR Ostallgäu	3,94	0,06			4,31	0,05
LKR Rosenheim	0,33	0,36			0,33	0,36
Rosenheim, Stadt	0,00	0,99			0,00	0,99
LKR Unterallgäu	4,90	<b>0,03</b>			5,64	<b>0,02</b>
LKR Tölz-Wolfratshausen	1,00	-			1,00	-

Die Ergebnisse der Regressionsanalyse auf Tierebene weisen größtenteils in dieselbe Richtung wie die Resultate der Analyse auf Betriebsebene. Auch hier scheinen Aufenthalte auf Almbetrieben das Risiko für einen positiven TB-Befund stärker zu erhöhen als Aufenthalte auf Betrieben anderer Kategorien. Dabei steigt das Infektionsrisiko mit der Anzahl der bis zum Testzeitpunkt durchlaufenen unterschiedlichen Betriebe an. Eine Ausnahme hinsichtlich der hervorgehobenen Bedeutung von Almbetrieben stellt das Modell mit den gewichteten InDs dar, in dem die absolute Zahl der Betriebswechsel berücksichtigt wird. Hier scheinen Betriebswechsel auf Almen etwa denselben Einfluss auf den Infektionsstatus der Tiere zu haben wie Wechsel auf Betriebe anderer Kategorien. Weitere Kovariablen mit signifikantem Einfluss auf den Infektionsstatus waren analog zu den Ergebnissen auf Betriebsebene die Meldung der Tiere zum Untersuchungszeitpunkt auf Betrieben im LKR OA und der kreisfreien Stadt KE. Allerdings hatte auf Tierebene zusätzlich die Meldung der Tiere auf Betrieben im LKR UA einen signifikanten Einfluss auf deren TB-Infektionsstatus.

## V. DISKUSSION

In dieser Studie wurden geografische Darstellungen, Regressionsanalysen sowie Analysen von Gesamtnetzwerken und egozentrischen Handels- und Kontakt-NW kombiniert. Die Netzwerke aus Kontakten und Bewegungen von Rindern wurden zeitlich aggregiert und als statisch betrachtet. Mit dieser Vorgehensweise konnte die Hypothese einer Schlüsselposition von Almbetrieben im TB-Geschehen im bayerischen Voralpenland untermauert und gemeinsame Charakteristika von Betrieben mit (offiziell) positiven TB-Befunden hinsichtlich ihrer Netzwerk-Topologie identifiziert werden.

Bereits bei der Erstellung des Studiendesigns waren einige Rahmenbedingungen und Definitionen festzulegen, welche alle Bereiche der Studie beeinflussten. Die Auswahl des langen Untersuchungszeitraumes über fünf Jahre liegt in den epidemiologischen Besonderheiten der TB des Rindes begründet. Die Inkubationszeit der TB kann bei Rindern mehrere Jahre umfassen und die Infektion kann ohne regelmäßige TB-Untersuchungen auch auf Betriebsebene entsprechend lange unentdeckt bleiben (MOSER et al., 2014; RIBEIRO-LIMA et al., 2015). Vermutlich scheiden die Tiere in diesem Zeitraum aber bereits Erreger aus (MOSER et al., 2014). Deshalb wurde der mutmaßliche infektiöse Zeitraum (MIZ) in dieser Studie auf ein Jahr festgelegt. Ein Rind kann also direkt nach dem (idealerweise) jährlich durchgeführten TB-Test das Stadium kurz nach der Erstinfektion erreichen, in dem eine TB-Infektion mit dem Tuberkulin-Mono- oder –simultantest am lebenden Tier nachgewiesen werden und das Tier andere Rinder infizieren kann. Vermutlich wird der tatsächliche infektiöse Zeitraum damit insgesamt eher unter- als überschätzt, da nur ein Teil der Rinderpopulation im bayerischen Voralpenraum jedes Jahr auf TB getestet wird (BÜTTNER et al., 2013b; REHM, 2013). Weiterhin wurde aufgrund der insgesamt relativ niedrigen Anzahl positiver TB-Befunde in der untersuchten Population jedem Tier und jedem Betrieb der Infektionsstatus zugeordnet, welcher dem maximalen in der HIT-Datenbank enthaltenen Testergebnis entsprach. Berücksichtigt man die mangelnden Spezifitäten insbesondere der Lebenduntersuchungen auf TB beim Rind (DE LA RUA-DOMENECH et al., 2006; SCHILLER et al., 2010), wurde die absolute Anzahl TB-positiver Tiere und Betriebe damit möglicherweise überschätzt. Andererseits sind wegen der ebenfalls unzureichenden Sensitivitäten

der Testmethoden auch falsch negative Testergebnisse wahrscheinlich. Bei der Gruppe der als offiziell positiv definierten Tiere und Betriebe (mit positiven Befunden bei einer postmortalen Untersuchung) ist aufgrund der Spezifitäten der postmortalen Untersuchungsmethoden von einer tatsächlich vorliegenden TB-Infektion auszugehen. Dagegen sollte die Definition der positiven (mit positiven Befunden bei einer Lebenduntersuchung) Tiere und Betriebe eher als Versuch der Identifikation von erweiterten epidemiologisch interessanten Tier- und Betriebsgruppen betrachtet werden.

In dieser Studie wurden ausschließlich Sekundärdaten verwendet. Alle Daten zu den TB-Fällen beim Rotwild wurden vom bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) zur Verfügung gestellt. Die Daten zur Rinder- und Alpwirtschaft sowie zu Tierbewegungen entstammen dem Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere (HIT-Datenbank). Die Vollständigkeit dieser deutschen Viehverkehrs-Datenbank wird zusätzlich zur gesetzlichen Grundlage dadurch gewährleistet, dass die Prämienzahlungen der EU für alle an der Viehwirtschaft beteiligten Betriebe von der vollständigen und zeitnahen Eingabe der Daten in die HIT-Datenbank abhängen (KROSCHEWSKI et al., 2006). Die zugrunde liegenden Daten bezüglich der Rinderhaltungs-Betriebe und Tierbewegungen im Untersuchungsgebiet dürften also die größtmögliche Genauigkeit bieten. Dagegen standen in dieser Studie nur Daten zu auf TB getesteten Rindern, aber keine Daten zur Gesamtheit der im Untersuchungsgebiet gemeldeten Rinder zur Verfügung, da die Berechnung dieser Grundgesamtheit über die Funktion „Bestandsregister“ sehr aufwändig gewesen wäre.

Als weiterer kritischer Punkt hinsichtlich der Vollständigkeit der HIT-Daten ist die Erfassung der Almbetriebe in der HIT-Datenbank zu nennen. So existiert in den LKR im Untersuchungsgebiet laut Informationen der alpwirtschaftlichen Vereine Allgäu und Oberbayern (entnommen aus TITZLER (2013) und ANONYMUS (2013)) eine deutlich größere Anzahl an Alm-/Alpbetrieben als die in der HIT-Datenbank erfasste Anzahl. In der HIT-Datenbank und folglich auch in dieser Studie waren für das Gebiet einschließlich der LKR OA, OAL, GAP, TÖL und MB lediglich 28.27 % der Almbetriebe erfasst, die den alpwirtschaftlichen Vereinen bekannt waren.

Neben den Bewegungsdaten werden in der HIT auch Daten zu bestimmten Tierkrankheiten wie der bovinen Virusdiarrhö oder der bovinen Tuberkulose erhoben (KROSCHEWSKI et al., 2006). Da die Datenerhebung bezüglich der TB-Bekämpfung in zahlreichen Veterinärämtern verschiedener Landkreise und Regierungsbezirke stattfand, erschienen die in der HIT zusammengefassten Daten als einheitlichste und zugleich vollständigste verfügbare Datengrundlage. Allerdings wurde erst im Juli des Jahres 2010 die Möglichkeit der Einspeisung von TB-Befunden (auch rückwirkend) in der Datenbank implementiert, sodass die Daten insbesondere zu Beginn des Untersuchungszeitraumes als unvollständig angesehen werden müssen.

Die Daten zu den TB-Fällen beim Rotwild aus den drei Jagdsaisons von 2011/2012 bis einschließlich 2013/2014 wurden vom bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) zur Verfügung gestellt, wo sämtliche im Rahmen der EMIDA-ERA-Net-Studie und des bayerischen TB-Monitorings entnommenen Rotwildproben untersucht wurden. Der Umfang der verwendeten Daten zum Rotwild ( $n = 62$  Fälle) stimmt bis auf drei unvollständige Datenzeilen mit den bereits veröffentlichten Studien zur TB-Situation beim Rotwild in Bayern überein, die auf denselben Rohdaten basieren (BÜTTNER et al., 2013b; MÜLLER et al., 2014; FINK et al., 2015). Allerdings decken die Datenreihen beim Rotwild im Vergleich zu den Datenreihen beim Rind nicht den gesamten Untersuchungszeitraum ab. Durch die Beschränkung auf drei Jagdsaisons fehlen am Anfang und am Ende des Untersuchungszeitraumes Daten zu TB-Fällen beim Rotwild. Weiterhin ist als Problematik der zugrunde liegenden Primärdaten die relativ willkürliche Probenentnahme bei erlegten Wildtieren durch die Jagdausübungsberechtigten zu nennen.

Aufgrund der genannten Einschränkungen sind insbesondere die räumlich-geografischen Darstellungen hinsichtlich der Überlappung von TB-Fällen bei Rotwild und Rindern und der Situation der Almwirtschaft rein deskriptiv zu verstehen.

Ziel der Netzwerkanalysen (NWA) in dieser Studie war es einerseits, die Hypothese einer möglichen Sonderstellung von Alm-/Alpbetrieben bei der Verbreitung der bovinen TB im Untersuchungsgebiet zu prüfen und andererseits Netzwerkparameter für die Regressionsmodelle zu liefern. Für alle Betriebe im

Untersuchungsgebiet wurden in der Applikation „Zentralitätsmaße“ verschiedene in den bisherigen veterinärmedizinischen NWA-Studien häufig verwendete Zentralitätsparameter (jeweils gewichteter und ungewichteter In-Degree (InD), Out-Degree (OutD), Betweenness-Zentralität und Eigenvektorzentralität) berechnet (DUBÉ et al. (2009), MARTÍNEZ-LÓPEZ et al. (2009a), NATALE et al. (2009); AZNAR et al. (2011); GREAR et al. (2014); RIBEIRO-LIMA et al. (2015); BÜTTNER et al. (2016)). In-Degree (CHRISTLEY et al., 2005; DUBÉ et al., 2011) und Eigenvektorzentralität (BONACICH, 2007; NATALE et al., 2009; RIBEIRO-LIMA et al., 2015) geben dabei die Exponiertheit von Betrieben im Handels-NW gegenüber dem Eintrag von Tierseuchen durch eingehende Tierbewegungen wieder, während Out-Degree (DUBÉ et al., 2011; BÜTTNER et al., 2013a) und Betweenness-Zentralität (ORTIZ-PELAEZ et al., 2006; NATALE et al., 2009; RIBEIRO-LIMA et al., 2015; BÜTTNER et al., 2016) die Fähigkeit zur Weiterverbreitung von Tierseuchen quantifizieren. Bei der Verteilung der Zentralitätsmaße wurden anstelle von relativen Häufigkeiten zugunsten der Einheitlichkeit und Vergleichbarkeit aller betrachteten Maße Kerndichteschätzer verwendet, da die komplexeren Zentralitätsmaße (Betweenness- und Eigenvektorzentralität) auch nicht ganzzahlige Maße annehmen können.

Bei der Definition des fünf Jahre umfassenden Untersuchungszeitraums standen sich zwei Überlegungen entgegen. Einerseits legte die Epidemiologie der bovinen TB einen möglichst langen Studienzeitraum nahe (GREAR et al., 2014; MOSER et al., 2014; RIBEIRO-LIMA et al., 2015). Andererseits sollte idealerweise die zeitliche Abfolge der Tierbewegungen im Netzwerk berücksichtigt werden, um die Kausalität möglicher Infektionsketten zu wahren (NATALE et al., 2011; NÖREMARK et al., 2011; FRÖSSLING et al., 2012; HOLME und SARAMÄKI, 2012; LENTZ, 2013; LENTZ et al., 2013; NÖREMARK und WIDGREN, 2014; CRAFT, 2015; PELLIS et al., 2015). Die Berechnung von entsprechenden Netzwerkparametern wie dem „ingoing contact chain“ und „outgoing contact chain“ (NÖREMARK et al., 2011; NÖREMARK und WIDGREN, 2014) über den gesamten Zeitraum, aber auch für jeweils ein Jahr umfassende Teilnetzwerke, war selbst bei Erweiterung der Rechenkapazitäten durch Benutzung externer Server nicht möglich. Andere Studien zu TB auf Basis von NWA stießen auf ähnliche Probleme (GREAR et al., 2014; RIBEIRO-LIMA et al., 2015), weshalb in den bisher veröffentlichten Studien alle eigentlich zeitabhängigen Netzwerke

zeitlich aggregiert dargestellt wurden und das kürzeste betrachtete Zeitfenster ein Jahr betrug (RIBEIRO-LIMA et al., 2015). So wurden auch in dieser Studie alle betrachteten zeitabhängigen Netzwerke durch Aggregation statisch approximiert. Die Güte dieser Approximationen wurde durch die Berechnung der Kausalitätstreue (LENTZ, 2013; LENTZ et al., 2013) geschätzt.

Bei der Exploration der Aufenthalte und Kontakte (bestätigt) positiver Rinder wurden Kontakte, die außer auf Almbetrieben auch auf Betrieben eines anderen Typs stattgefunden hatten, jeweils den Betrieben des anderen Typs zugeordnet. Mit dieser Vorgehensweise sollten Aufenthalte und Kontakte auf Almbetrieben eher unter- als überschätzt werden. Zudem erschien eine Ansteckung im Heimatbetrieb wahrscheinlicher als eine Ansteckung während der wenige Monate dauernden Alpsaison.

Die Regressionsanalysen hatten die Identifikation von Risikofaktoren für positive TB-Befunde bei Tieren und Betrieben im Untersuchungsgebiet entlang der Alpenkette zum Ziel. Aufgrund der binären Zielgrößen wurden logistische Regressionsmodelle ausgewählt, die allerdings mit methodischen Schwierigkeiten behaftet sind. Problematisch war beispielsweise die Konstruktion der Vergleichsgruppen für die Betriebe und Tiere mit positiven Befunden. Von einer Beschränkung auf offiziell positive (postmortal bestätigte) TB-Befunde wurde sowohl bei Betrieben als auch bei Tieren abgesehen, um die ohnehin geringe Varianz der Zielgröße nicht zusätzlich zu verkleinern. So wurden in dieser Studie Betriebe und Tiere mit positiven und ausschließlich negativen TB-Befunden als zu vergleichende Gruppen definiert. Bei den positiven Tieren und Haltern wurden somit auch Untersuchungseinheiten berücksichtigt, denen neben (offiziell) positiven teilweise zusätzlich fragliche und ungültige Testergebnissen zugeordnet waren, während diese bei den negativen Kontrollgruppen ausgeschlossen wurden. In den Analysen auf Tierebene war zum Vergleich der Anzahl an Stationen im LLF der Ausschluss von Tieren, welche nicht ausschließlich in Bayern gelebt hatten, notwendig. Allerdings ließ diese Vorgehensweise epidemiologisch interessante Gruppen wie die aus Österreich stammenden Rinder außen vor.

Bei der Regression auf Betriebsebene führte die stark rechtsschiefe Verteilung der InD-Werte trotz log-Transformation zu teilweise instabilen Schätzungen. Durch die starke Korrelation von gewichtetem und ungewichtetem InD ließen sich die Effekte der beiden Kovariablen schwer trennen. Die Variation verschiedener

Komponenten des Modells hatte eine einfache Sensitivitätsanalyse zum Ziel. Neben den Modellen mit allen landwirtschaftlichen Rinderhaltungsbetrieben und gewichteten bzw. ungewichteten InDs wurde ein Modell mit Rinderhaltungsbetrieben aus dem LKR OA berechnet, da in diesem LKR die meisten TB-Fälle beim Rind aufgetreten waren (Tab. 1, S. 49). Um die Betrachtung auf eine etwas homogenere Untergruppe zu beschränken, wurde ein weiteres Modell lediglich für Betriebe mit positivem InD berechnet.

Bei der Regression auf Tiererebene ging die Anzahl der LLF-Stationen mit und ohne Berücksichtigung („Gewichtung“) mehrfacher Aufenthalte auf denselben Betrieben in das Modell ein, um die Bedeutung der absoluten Anzahl an Betriebswechsellern sowie der Anzahl an unterschiedlichen besuchten Betrieben separat beurteilen zu können. Dabei wurden die Aufenthalte nach dem Betriebstyp der besuchten Betriebe aufgeschlüsselt, sodass die Aufenthalte auf Almbetrieben als möglicher Risikofaktor (SCHOEPF et al., 2012; STEBER, 2014; FINK et al., 2015) getrennt von den Aufenthalten auf Betrieben anderer Typen (Sammelbetriebsgruppe „Nicht-Alm-Betriebe“) betrachtet werden konnten. Bei positiven Tieren wurde das Datum des ersten positiven Befundes als Testzeitpunkt definiert, bei nicht positiven Tieren hingegen das Datum des letzten im Untersuchungszeitraum erhobenen Befundes. Dies stellt im Hinblick auf die Schätzung des Effektes der Stationen bis zum Testzeitpunkt eine konservative Herangehensweise dar, da für die Anzahl der Stationen bei positiven Tieren der niedrigste mögliche Wert, für die negativen hingegen der höchste verwendet wird. Der Effekt der Anzahl an LLF-Stationen auf den Infektionsstatus wird also eher unterschätzt als überschätzt.

Insgesamt traten beim Design der Modelle auf Betriebsebene weniger methodische Schwierigkeiten auf als bei den Tier-Modellen, sodass sie mit entsprechend weniger Einschränkungen interpretierbar sind.

Betrachtet man die am lebenden Tier erhobenen Befunde, so fällt auf, dass mit dem Gamma-Interferon-Test im Vergleich zu den anderen Testmethoden relativ viele positive Befunde erhoben wurden. So sind 45,91 % der mit dem Gamma-Interferon-Test erhobenen Befunde positiv, beim Monotest dagegen lediglich 0,67 % und beim Simultantest 0,03 %. Außerdem waren nur dem Gamma-Interferon-Test ungültige Testergebnisse zugeordnet (17,38 % der Gamma-Interferon-Testergebnisse). Diese hohen Anteile an positiven und

ungültigen Testergebnissen werfen dahingehend Fragen auf, ob bei der Probenentnahme oder –bearbeitung oder bei der Selektion der getesteten Tiere Faktoren auftraten, welche die Sensitivität und Spezifität des Gamma-Interferon-Tests negativ beeinflusst haben. Generell bestehen insbesondere wegen der hohen logistischen Anforderungen Bedenken bezüglich der Sensitivität und Spezifität des Gamma-Interferon-Tests unter Feldbedingungen (DE LA RUA-DOMENECH et al., 2006; SCHILLER et al., 2010). Derzeit wird an der Klinik für Wiederkäuer eine Doktorarbeit erstellt, in der mithilfe einer Latente-Klassen-Analyse Sensitivitäten und Spezifitäten der im Allgäu angewandten Testmethoden geschätzt und mögliche Gründe für diese Ergebnisse diskutiert werden (PUCKEN, 2016). Der hohe Anteil positiver Testergebnisse beim Gamma-Interferon-Test führt in dieser Arbeit möglicherweise zu einer Überschätzung der absoluten Zahl TB-positiver Tiere und damit auch der absoluten Zahl von Betrieben mit zugeordneten positiven Befunden.

Bei der Deskription der Betriebe und Rinder nach Infektionsstatus ist ebenso wie bei den Befunden zu berücksichtigen, dass alle Tiere mit mindestens einem positiven Testergebnis und damit auch die zugehörigen Betriebe in dieser Studie als positiv bewertet wurden. Die absolute Anzahl von Betrieben mit positiven Testergebnissen ( $n = 239$ ) ist also mit Vorsicht zu interpretieren. Dagegen kann aufgrund der relativ hohen Spezifitäten der postmortalen Testmethoden (COLLINS, 2011) und insbesondere der kulturellen Anzucht (SCHILLER et al., 2011) angenommen werden, dass die 43 Betriebe mit postmortal erhobenen positiven Befunden richtig positive Tiere ( $n = 129$ ) im Bestand hatten. Bezogen auf die Grundgesamtheit der landwirtschaftlichen Rinderhalter im Untersuchungsgebiet ( $n = 15.030$ ) sind für den Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 allerdings nur 99,7 % der Betriebe als TB-frei im Sinne der Verordnung zum Schutz gegen die Tuberkulose des Rindes (2013) zu bewerten. Dieser Anteil fällt zumindest auf regionaler Ebene unter den Grenzwert für den Erhalt des OTF-Status (jährlich 99,9 % der rinderhaltenden Betriebe TB-frei während der letzten zehn Jahre gemäß Richtlinie 97/12/EG). Sollte sich die Kooperationsbereitschaft der Landwirte im Untersuchungsgebiet bei Maßnahmen der Tierseuchenbekämpfung (JANUSCHKE und KIESEL, 2014) weiter verschlechtern und mehr als 0,1 % der Betriebe betroffen sein, wäre der OTF-

Status von Deutschland in Gefahr und eine Regionalisierung gemäß Richtlinie 97/12/EG möglich. Dies würde bedeuten, dass die lediglich die Region Allgäu reglementiert werden könnte, während die restlichen Gebiete Deutschlands den OTF-Status behalten.

Bei Betrachtung der geografischen Verteilung der TB-Fälle beim Rind fiel auf, dass sich diese ähnlich den Ergebnissen der Vorgängerdissertation von STEBER (2014) räumlich im LKR OA, der darin liegenden kreisfreien Stadt Kempten (KE) und angrenzenden Teilen der LKR OAL und UA konzentrierten. In der vorliegenden Studie wiesen allerdings die PLZ-Gebiete im südlichen Teil des LKR OA die höchsten absoluten Anzahlen von Tieren und Betrieben mit positiven Befunden auf, was im Vergleich zu den Ergebnissen von STEBER (2014) eine Verlagerung des TB-Geschehens nach Süden darstellt. Im selben Bereich nahe der österreichischen Grenze wurde auch die Mehrzahl der Rotwild-Fälle im Untersuchungsgebiet nachgewiesen (BÜTTNER et al. (2013b); MÜLLER et al. (2014); RETTINGER et al. (2015)). In den oberbayerischen LKR waren für den Zeitraum von 2010 bis 2014 nur ein Rind mit postmortal bestätigtem TB-Befund (LKR TÖL) und einzelne Rinder mit positiven Befunden in Lebendtests (LKR TÖL, MB und RO) erfasst. Der zweite Hotspot beim Rotwild erstreckte sich dagegen über zusammenhängende Teile der LKR OAL, GAP, TÖL und MB mit einem Schwerpunkt im Isarwinkel (BÜTTNER et al. (2013b); MÜLLER et al. (2014); RETTINGER et al. (2015)). In den Allgäuer LKR überschneiden sich die Gebiete mit bestätigten TB-Fällen bei Rinder und Rotwild also großflächig, während dies in den oberbayerischen LKR nur teilweise der Fall ist. Allerdings sind die Fälle beim Rotwild nicht so ortsgebunden aufzufassen wie die kartografische Darstellung suggeriert. Das Streifgebiet von Hirschen kann sich laut einer Studie aus Neuseeland auf bis zu 60 km<sup>2</sup> erstrecken (YOCKNEY et al., 2013), in den bayerischen Alpen wanderten Hirsche in bis zu 25 km entfernt liegende Gebiete aus (GEORGII und SCHRÖDER, 1983). Dennoch scheint das TB-Geschehen bei Rindern und Rotwild im Allgäu enger zusammenzuhängen als in den oberbayerischen LKR, wo die TB hauptsächlich beim Rotwild nachgewiesen wurde. Die beiden Regionen unterscheiden sich zunächst in der Prävalenz beim Rotwild. Diese wurde im Jagdjahr 2012/13 für die LKR OA und OAL mit 5,3 % angegeben, für LKR TÖL, MB und GAP mit 2,2 % (BÜTTNER et al., 2013b). Weiterhin wurden in beiden Hotspot-Gebieten jeweils

dieselben Genotypen von *M. caprae* bei Rindern und Rotwild nachgewiesen (Lechtal und Allgäu in den Allgäuer LKR, Karwendel in den oberbayerischen LKR), sodass von einer speziesübergreifenden Übertragung in beiden Regierungsbezirken auszugehen ist (DOMOGALLA et al., 2013; RETTINGER et al., 2015). Denkbar wäre zum Beispiel, dass der in den oberbayerischen LKR dominierende Genotyp Karwendel eine höhere Wirtsspezifität für Rotwild aufweist als die Genotypen Allgäu und Lechtal. Der Verlust von Genmaterial in der RD4-Region wurde in der Literatur als mögliche Anpassung an bestimmte Wirtsspezies gedeutet (DOMOGALLA et al., 2013; RETTINGER et al., 2015).

Andere mögliche Gründe für die unterschiedliche Korrelation der TB-Geschehen bei Rindern und Rotwild in Oberbayern und Schwaben könnten mit der Almwirtschaft zusammenhängen, der viele Autoren einen zentralen Stellenwert bei der speziesübergreifenden Übertragung zumessen (SCHOEPF et al., 2012; TITZLER, 2013; STEBER, 2014; FINK et al., 2015). Deshalb wurde die Überlappung von PLZ-Gebieten mit Almbetrieben aus den LLF der positiven und offiziell positiven Rinder mit den Rotwild-Hotspots betrachtet. Hier ist die Diskrepanz zwischen beiden Regierungsbezirken noch deutlicher als bei bloßer Betrachtung der TB-Fälle beider Spezies. Im OA und angrenzenden Teilen der LKR UA und OAL überschneiden sich die Gebiete mit TB-Fällen beim Rotwild fast vollständig mit den PLZ-Gebieten, auf deren Almbetrieben (offiziell) positive Rinder gesömmert wurden. Dagegen wurde auf den Almbetrieben in Oberbayern während des Untersuchungszeitraums kein Rind mit (postmortal bestätigtem) positivem TB-Befund gealpt, sodass es keine Überschneidungen mit Rotwild-Fällen geben kann. Dies lässt vermuten, dass der Almwirtschaft im Allgäu bei der Übertragung von TB zwischen Rindern und Rotwild eine größere epidemiologische Bedeutung zukommt als in Oberbayern (Schwerpunkt Isarwinkel). Mögliche Gründe für diese These liefern Unterschiede in der Almwirtschaft der beiden Gebiete sowie Unterschiede bezüglich der Überschneidung von Lebensräumen des Rotwildes mit den Almflächen. Die Hochallgäuer Almregion ist als grenzübergreifende Almfläche zu verstehen, in der sehr enge Weidebeziehungen zwischen Bayern und Tirol bzw. Vorarlberg gepflegt werden (STMELF, 2010; TITZLER, 2013). In den angrenzenden österreichischen Gebieten wurden in den letzten Jahren zahlreiche TB-Fälle bei Rindern (KÖSSLER, 2012; SCHOEPF et al., 2012) und in der Rotwildpopulation

(Prävalenzen von bis zu 40 %) registriert (KÖSSLER, 2012). Dagegen wird besonders auf Almbetrieben in den LKR OAL und GAP (westlicher Teil des oberbayerischen Hotspots) eine hohe Anzahl an Großvieheinheiten pro Almpersonal gealpt, sodass häufig Zäune die Funktion eines Hirten ersetzen (STMELF, 2010). Zugleich könnten diese Zäune als Nebeneffekt direkte und indirekte Kontakte zwischen Rotwild und Rindern erschweren. Trotz größerer Almflächen haben die Almbetriebe in den Allgäuer LKR am Alpenrand (OA 1,7 Rinder/ha, OAL 1,5 Rinder/ha) eine höhere Nutztierdichte aufzuweisen als die Almbetriebe in den oberbayerischen LKR (TÖL 1,1 Rinder/ha und MB 1,0 Rinder/ha, GAP 0,9 Rinder/ha, ANONYMUS (2013); TASSER et al. (2013); TITZLER (2013)). Ebenso verhält es sich mit der aufsummierten Dichte an Rindern und Rotwild (Herbivoreneinheiten pro 100 ha Almfläche je Landkreis (ausschließlich anderer Wildtierspezies): OAL 167,8, OA 152,4, TÖL 107,2, MB 103,7, GAP 90,3; ANONYMUS (2013); TITZLER (2013)). Neben diesen Unterschieden in der Dichte an Individuen beider Spezies scheint ein weiterer Punkt von besonderer Bedeutung zu sein: Im LKR OA ist die gemeinsame Nutzung von Äsungsflächen des Rotwildes durch gealpte Nutztiere und Rotwild am ausgeprägtesten. Der Anteil der Überschneidungsfläche von Almflächen und Rotwildlebensraum an der Rotwild-Äsungsfläche ist im LKR OA deutlich höher als in den anderen LKR (OA 21 %, OAL 5 %, GAP 3 %, TÖL 3 %, MB 6 %; ANONYMUS (2013); TITZLER (2013)). Alle diese Faktoren sprechen im Vergleich der beiden Hotspot-Gebiete beim Rotwild dafür, dass direkte und indirekte Kontakte zwischen Rindern und Rotwild auf Almweiden in den Allgäuer LKR mit höherer Wahrscheinlichkeit zustande kommen als in den oberbayerischen LKR. DOHNA et al. (2014) konnten in einer amerikanischen Studie allerdings zeigen, dass weder die Dichte von Rindern und Wildtieren in einem bestimmten Gebiet, noch die übliche Nutzung des Habitats durch die beteiligten Spezies einen guten prädiktiven Wert hinsichtlich der Häufigkeit von Kontakten zwischen beiden Spezies darstellten. Die Distanz zwischen Individuen beider Spezies hing vielmehr von komplexem individuellem Verhalten ab, welches über die Zeit große Schwankungen zeigte (DOHNA et al., 2014).

Insgesamt wird die Aussagekraft der Hypothese der unterschiedlichen Bedeutung der Almwirtschaft in den Regierungsbezirken Schwaben und Oberbayern dadurch gemindert, dass der Anteil an in der HIT registrierten Almbetrieben in den

betrachteten LKR stark variiert (OA: laut alpwirtschaftlichen Vereinen Allgäu und Oberbayern  $n = 629$  versus  $n = 134$  in der HIT und damit in dieser Studie, OAL:  $n = 30$  versus  $39$ , GAP:  $n = 48$  versus  $39$ , TÖL:  $n = 144$  versus  $34$ , MB:  $n = 157$  versus  $39$ ; RO und UA nicht angegeben). Dieser sehr unterschiedliche Anteil an erfassten Almbetrieben lässt sich möglicherweise durch die Entstehungsgeschichte der Almbetriebe erklären. In der HIT werden vor allem die Almen in den Gebieten gut wiedergegeben, in denen aus historischen Gründen größere Gemeinschafts- und Genossenschaftsalmen überwiegen (historischer Hintergrund der Erbfolge je nach Bevölkerungsstamm, TASSER et al. (2013)). So sind in den LKR GAP und OAL teilweise sogar mehr Almbetriebe in der HIT erfasst als bei den alpwirtschaftlichen Vereinen. Im Gegensatz dazu überwiegen in den LKR TÖL und OA, für die nur ein vergleichsweise geringer Teil von Almbetrieben in der HIT registriert ist, private Almbetriebe deutlich (TASSER et al., 2013). Gerade in diesen Gebieten wird deshalb wahrscheinlich ein großer Anteil der Alpungen von Rindern nicht in der HIT erfasst. Mit den zugrunde liegenden, untereinander kaum vergleichbaren Daten ist deshalb nicht belegbar, dass der Almwirtschaft in den Regierungsbezirken Schwaben und Oberbayern eine andere Bedeutung bei der speziesübergreifenden Übertragung zukommt. Die Interpretation der Daten hinsichtlich der TB-Übertragung auf Almbetrieben innerhalb der Rinderpopulation ist insofern etwas weniger kritisch zu betrachten, als dass zumindest viele größere Almbetriebe oder Almgenossenschaften mit einer großen Anzahl von verschiedenen auftreibenden landwirtschaftlichen Rinderhaltern erfasst sind. Insbesondere der Anteil von Rinderhaltern mit Almkontakt (Abb. 9) ist zwischen den LKR vor diesem Hintergrund aber nur schlecht vergleichbar. Um genauere Aussagen zur epidemiologischen Relevanz der Almwirtschaft entlang der Alpenkette für das aktuelle TB-Geschehen treffen zu können, müssten die tatsächlich vorhandenen Almbetriebe in der HIT-Datenbank registriert und Alpungen von Rindern ebenso wie alle anderen Tierbewegungen von den Rinderhaltern in die Datenbank eingespeist werden. Die Meldung von Alpungen in der nationalen Tierverkehrsdatenbank wurde auch in der Schweiz erst kürzlich obligatorisch und erlaubt seitdem zuverlässigere Aussagen zu diversen Themen rund um die Almwirtschaft (SCHÄRRER et al., 2015).

In den Netzwerk-Analysen zeigte sich, dass das NW aus allen Bewegungen zwischen den Betrieben aus den LLF positiver Rinder dicht war und fast alle Betriebe miteinander verbunden waren. Allerdings sind einige der Betriebe am Rand sogenannte „sinks“, bei denen nur Tierbewegungen ein- und keine Bewegungen von ihnen ausgehen. Die Kausalitätstreue für dieses Netzwerk betrug 92 %, sodass fast alle Pfade zwischen den Betrieben im Netzwerk als kausale Pfade im Sinne von möglichen Infektionsketten zu bewerten sind. In diesem Netzwerk könnte die TB auf den vorhandenen Pfaden also fast alle Betriebe erreicht haben.

Bemerkenswert erscheint, dass sowohl im NW aus den Kontakten positiver Rinder als auch im Handels-NW aus den Bewegungen positiver Rinder nicht alle (offiziell) positiven Rinder und Betriebe (Knoten im jeweiligen NW) innerhalb der Riesenkomponente liegen. So sind im Kontakt-NW 43,3 % der positiven und 27,8 % der offiziell positiven Rinder isoliert von der Riesenkomponente und ihr positiver Infektionsstatus nicht unmittelbar durch den Kontakt mit anderen positiven Rindern zu erklären. Im Handels-NW sind 33,5 % der positiven und 18,6 % der offiziell positiven Betriebe nicht durch Bewegungen positiver Rinder verbunden. Zumindest bei den positiven Rindern bzw. Betrieben mit positiven Rindern ist allerdings zu beachten, dass aufgrund der Testsensitivitäten und -spezifitäten der Lebendtests auch falsch positive Tiere erfasst sein könnten, welche möglicherweise einen Teil der isolierten Knoten im Kontakt-NW stellen. Obwohl diese Anteile von isoliert liegenden Knoten und Komponenten bereits relativ hoch erscheinen, sind einige durchaus plausible Einschränkungen bei dieser Betrachtungsweise noch nicht berücksichtigt. Die Beschränkung der Darstellung auf Kontakte und Bewegungen offiziell positiver Tiere sowie von Tieren, die sich im mutmaßlichen infektiösen Zeitraum von einem Jahr vor ihrem ersten positiven Befund befanden, minderte die Konnektivität beider betrachteten NW weiter. Weitere nicht einbezogene Punkte sind die Richtung der Bewegungen im Handels-NW sowie die Kausalität der dargestellten Pfade in beiden NW. Bei Hervorhebung der zugehörigen Betriebstypen im Kontakt-NW positiver Rinder fällt der hohe Anteil an direkten Kontakten positiver Rinder auf, die auf Almbetrieben stattfanden. Der vergleichsweise deutlich geringere Anteil von Kontakten positiver Rinder bei Züchtern und Händlern ist dadurch erklärbar, dass sich Rinder über mehrere Monate auf Almbetrieben, aber meist nur wenige Tage

bei Züchtern oder Händlern aufhalten. Die Wahrscheinlichkeit für einen direkten Kontakt auf Almbetrieben ist damit wesentlich höher. Insgesamt gibt dieser hohe Anteil von direkten Rinderkontakten auf Almbetrieben an den Gesamtkontakten einen Hinweis auf die mögliche Bedeutung von Almbetrieben bei der speziesinternen Übertragung. Bei Änderung des MIZ auf 730 Tage, sodass positiv befundene Rinder bereits zwei Jahre vor ihrem ersten positiven Befund infektiös für andere Rinder sein konnten, fiel auf, dass daraufhin fast alle Kontakte und Bewegungen positiver Rinder in diesem Zeitraum stattfanden. Dies ist angesichts des fünf Jahre umfassenden Untersuchungszeitraumes nicht überraschend. Dagegen führte die Erweiterung der Kontaktdefinition auf indirekte Kontakte (Aufenthalt im selben Betrieb im Abstand von höchstens 30 Tagen) zum Entstehen zahlreicher neuer Kanten, die den überwiegenden Teil der positiven Rinder verbanden. Doch selbst bei Hinzunahme dieser indirekten Kontakte lagen etliche Knoten weiterhin isoliert. Die sukzessive Betrachtung von größer werdenden Zeitfenstern demonstriert, wie vorsichtig die über fünf Jahre aggregierten Darstellungen der NW zu interpretieren sind. Zum Teil entstehen Cluster und Kanten in den jahresweise betrachteten Netzwerken am Ende des Untersuchungszeitraumes, sodass einige Komponenten isoliert voneinander liegen und Pfade unterbrochen sind, die bei der Betrachtung des gesamten Untersuchungszeitraums zusammenhängend erschienen. Dies deutet auf eine fehlende Kausalität der statisch dargestellten Pfade hin. Für das NW aus den Bewegungen positiver Tiere ergab sich ein Kausalitätstreue-Wert (LENTZ, 2013; LENTZ et al., 2013) von 0,20, sodass nur bei 20 % der über den gesamten Zeitraum dargestellten Pfade die Interpretation als kausale Infektionsketten gerechtfertigt ist. Waren also schon bei Betrachtung des zeitlich aggregierten Netzwerkes bei Weitem nicht alle Betriebe mit (offiziell) positiven TB-Befunden durch die Bewegungen (offiziell) positiver Tiere verbunden, so kann sich nur entlang von 20 % der dargestellten Pfade aus Bewegungen (offiziell) positiver Tiere die TB tatsächlich ausgebreitet haben. Folglich muss diese Ausbreitung zum Großteil über andere Wege oder Faktoren erfolgt sein als über die Bewegungen positiver Rinder. Eine mögliche Erklärung wären nicht als positiv erkannte Rinder, was in Anbetracht der Sensitivitäten und Spezifitäten der Lebenduntersuchungen auf TB (SCHILLER et al., 2010) und der nicht flächendeckend und regelmäßig durchgeführten Tests im Untersuchungsgebiet durchaus plausibel erscheint. Für das NW aus allen Bewegungen zwischen den

Betrieben aus den LLF der positiven Tiere betrug der Kausalitätstreue-Wert (LENTZ, 2013; LENTZ et al., 2013) 0,97. Somit können in diesem Fall 97 % der dargestellten Pfade als mögliche Infektionsketten gewertet werden, was die Theorie der TB-Ausbreitung durch nicht als positiv erkannte Rinder unterstützt. Anhand der vorliegenden Daten ist in dieser Studie keine Aussage möglich über alle nicht in der HIT erfassten Ausbreitungsmöglichkeiten. Die Ergebnisse der geografischen Deskription sowie anderer Studien geben jedoch Grund zur Annahme, dass die speziesübergreifende Übertragung zwischen Rotwild und Rindern ebenfalls eine Rolle spielt (SCHOEPF et al., 2012; DOMOGALLA et al., 2013; FINK et al., 2015; RETTINGER et al., 2015). Weiterhin könnten Handels- oder Tierkontakte über nicht in der HIT erfasste Almbetriebe oder auf benachbarten Weiden landwirtschaftlicher Rinderhalter im Tal von Bedeutung sein.

Die Exploration der Struktur des Handels-NW aus allen Rinderbewegungen zeigte, dass Almbetriebe größtenteils mit Haltern und anderen Almbetrieben Tiere austauschten. Überraschend mag erscheinen, dass Schlachthöfe in geringem Ausmaß (lebende) Tiere abgaben. Dies ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass in dieser Studie jedem Betrieb der maximale numerische Betriebstyp zugewiesen wurde, sodass beispielsweise landwirtschaftliche Rinderhalter mit einer zusätzlichen Schlachtgenehmigung als Schlachtbetriebe betrachtet wurden. Dass im Vergleich zur Gesamtheit der Bewegungen nur relativ wenige Bewegungen in Schlachthöfe führten, konnte bei der Berechnung der Stationen in den LLF der Rinder bestätigt werden. Außerdem fiel der relativ hohe Anteil an Bewegungen auf, die von Betrieben der Sammelkategorie „Züchter“ zu Schlachtbetrieben führten. Bei entsprechenden Nachforschungen in der HIT-Datenbank ließ sich ein sehr zentraler Betrieb im Handels-NW identifizieren, welcher der Kategorie der Züchter angehörte und als Erzeugergemeinschaft für Schlachtvieh Tiere von einzelnen Tierhaltern aufkaufte, um sie anschließend in größeren Kohorten an Schlachtbetriebe weiterzuverkaufen. Die Berechnung der absoluten und relativen Anzahl von Betrieben nach Betriebstyp (bei landwirtschaftlichen Rinderhaltern aufgeteilt nach Infektionsstatus) wies auf den möglichen Einfluss der Sömmerung von Rindern auf den Infektionsstatus von landwirtschaftlichen Rinderhaltungsbetrieben hin. Daher wurden Zugänge von Almbetrieben (ungewichteter und gewichteter InD) als Kovariable in die Regressionsanalysen aufgenommen.

Die Exploration der Zentralitätsmaße enthüllte zunächst einige grundlegende Eigenschaften des NW. Landwirtschaftliche Rinderhalter verkauften mehrheitlich eine größere Anzahl an Rindern als sie zukaufen. Dies ist eine Grundeigenschaft der Rinderzucht, die auch von RIBEIRO-LIMA et al. (2015) beschrieben wurde. Auch die beobachteten extremen Degree-Werte bei Züchtern, Viehhändlern und Schlachtbetrieben sind aus anderen Studien bekannt (CHRISTLEY et al., 2005; RIBEIRO-LIMA et al., 2015). Dass Almbetriebe eine ausgeglichene Handelsbilanz zeigen, liegt in der saisonalen Natur der Almwirtschaft begründet. Bis auf wenige Ausnahmen infolge von Abgängen nach Unfällen oder Kalbungen sollte die gleiche Anzahl an Rindern im Frühsommer auf die Alm aufgetrieben und im Herbst wieder abgetrieben werden. Im Vergleich der Gruppen mit regelmäßigem vollständigem Austausch des Tierbestandes (Händler, Züchter, Almbetriebe) fiel auf, dass Almbetriebe trotz der kurzen Bewirtschaftungszeit von wenigen Monaten im Jahr bei allen betrachteten Zentralitätsmaßen höhere oder ähnliche hohe Medianwerte aufwiesen als bzw. wie Händler und Züchter, die über das gesamte Jahr hinweg operieren. Dies untermauert die Hypothese einer zentralen und mit Händlern vergleichbaren Position von Almbetrieben im Handels-NW. Diese Zentralität wird aufgrund der Qualität der vorliegenden Daten zu Almbetrieben vermutlich noch unterschätzt. Ebenso verhielt sich die Verteilung der betrachteten Zentralitätsmaße im Vergleich der positiven und offiziell positiven Betriebe mit der Gesamtheit der Betriebe im Untersuchungsgebiet. Auch hier wiesen die Subgruppen positiver und offiziell positiver Betriebe in allen Kerndichteschätzungen höhere Medianwerte auf als die Grundgesamtheit der Betriebe im Untersuchungsgebiet. Betriebe mit positiven und offiziell positiven Tieren handeln also tendenziell eine höhere Anzahl an Rindern mit einer höheren Anzahl unterschiedlichen Handelspartner (In- und Out-Degree), liegen öfter auf den kürzesten Pfaden durch das NW (Betweenness-Zentralität) und handeln öfter als die Gesamtheit der Rinderhalter mit anderen Betrieben, die ihrerseits zentrale Positionen im NW einnehmen (Eigenvektor-Zentralität). Betriebe mit (offiziell) positiven Tieren hatten somit im Vergleich mit der Gesamtheit an Betrieben relativ zentrale Positionen im Handels-NW inne, waren deshalb besonders vulnerabel für die Einschleppung von Tierseuchen durch eingehende Tierbewegungen und konnten diese nach dem Eintrag auf den Betrieb in effizienter Weise weiterverbreiten. In der einzigen anderen Studie von GREAR et al. (2014) in den USA zu TB auf NW-Basis, die

wie die vorliegende Arbeit auf Daten zu nachgewiesenen TB-Fällen auf Rinderbetrieben beruhte, war dies nicht der Fall. Der Großteil der Betriebe mit TB-Fällen in deren Studie hatte keine zentrale Position im Tierbewegungs-NW, während umgekehrt bei vielen zentral gelegenen Betrieben keine TB-Infektionen nachgewiesen wurden (GREAR et al., 2014). Für das bovine Coronavirus konnten auf Betriebsebene hohe In-Degree-Werte (FRÖSSLING et al., 2012) und für die Maul- und Klauenseuche hohe Betweenness-Zentralitätswerte (ORTIZ-PELAEZ et al., 2006) als Risikofaktoren für positive Befunde identifiziert werden. Im hier betrachteten Untersuchungsgebiet könnten diese Zentralitätsmaße ähnlich wie in den Studien von RIBEIRO-LIMA et al. (2015) und SCHÄRRER et al. (2015) aktiv zur Risikobewertung von Betrieben und gezielten Seuchenüberwachung eingesetzt werden, um potentielle TB-Risikobetriebe zu identifizieren und gezielt zu beproben bzw. die Tiere aus diesen Betrieben am Schlachthof gezielt zu untersuchen.

Bei der Exploration des Tierkontakte-Netzwerkes zeigte sich, dass sich (offiziell) positive Rinder relativ häufig auf Almbetrieben aufgehalten hatten. Beim Vergleich von positiv mit offiziell positiv und ausschließlich negativ getesteten Rindern waren die arithmetischen Mittel für die (offiziell) positiven Tiere hinsichtlich der Zahl unterschiedlicher durchlaufener Betriebe genauso wie bezüglich der Betriebswechsel leicht erhöht. Dasselbe galt für die Anzahl der Betriebswechsel auf Almbetriebe im Leben der Tiere sowie für die Anzahl der unterschiedlichen durchlaufenen Almbetriebe, hier allerdings in etwas geringerem Maße. Eine höhere Anzahl an Stationen auf landwirtschaftlichen Betrieben und auf Almbetrieben in den LLF von Rindern schien das Risiko für eine TB-Infektion also zu erhöhen. Betriebswechsel wurden in der Studie von RAMÍREZ-VILLAESCUSA et al. (2009) ebenfalls als Risikofaktor für TB auf Tierebene beschrieben, was STEBER (2014) für die Population der von 2007 bis 2010 im Allgäu getesteten Rinder nicht bestätigen konnte.

Im Rahmen der Exploration der Tierkontakte entfielen trotz der konservativen Vorgehensweise bei der Zuordnung der Kontakte bei den positiven Tieren mehr Kontakte auf Almbetriebe als auf landwirtschaftliche Rinderhalter. Dies verhält sich bei offiziell positiven Tieren etwas anders. In dieser Hinsicht fällt bei Betrachtung des Kontakt-NW positiver Tiere auf, dass einige Cluster mit zahlreichen offiziell positiven Tieren nur durch einzelne Tiere mit

Brückenfunktion mit der Riesenkomponente verbunden waren. Eine mögliche Erklärung für diese Diskrepanz zwischen positiven und offiziell positiven Rindern könnte also sein, dass sich diese Tiere vor dem Zugang zu dem jeweiligen Betrieb auf einem Alm- oder anderen Betrieb infiziert und die anderen Tiere in Abwesenheit regelmäßiger Untersuchungen auf TB über Jahre angesteckt haben. Insgesamt ist das dargestellte Kontakt-NW aus direkten Kontakten (offiziell) positiver Rinder insofern etwas besser interpretierbar als das Handels-NW, als dass eine Ansteckung zweier Rinder bei einem Kontakt durch die Definition des Kontaktes als gleichzeitigen Aufenthalt relativ plausibel erscheint. Allerdings ist auch diese Kontaktdefinition nicht absolut zu sehen, da sich Rinder beispielsweise aufgrund der Aufstallung in verschiedenen Gebäuden oder auf räumlich getrennten Weiden auch dann nicht zwingend treffen, wenn sie auf demselben Betrieb gemeldet sind. Selbst bei gemeinsamer Aufstallung haben also nicht alle Tiere automatisch Kontakt miteinander. Bei der Analyse eines Kontaktnetzwerkes von Kälbern in hoher räumlicher und zeitlicher Auflösung konnten CHEN et al. (2014) nachweisen, dass die Kontaktstruktur selbst bei gemeinsamer Aufstallung im gleichen Abteil über Stunden stark variierte. Zudem ist auch in dem hier betrachteten Kontakt-NW die Kausalitätstreue der dargestellten Pfade nicht gewährleistet.

Wie bereits die Exploration der betrachteten NW wiesen auch die Ergebnisse der Regressionsanalysen auf Tier- und Betriebsebene auf eine Sonderstellung der Almwirtschaft bei der Verbreitung der bovinen TB im Untersuchungsgebiet hin. Dass die Betriebsgröße nicht in allen Modellen einen signifikanten Risikofaktor für positive TB-Befunde auf Betriebsebene darstellt, kann als übereinstimmend mit anderen Studien betrachtet werden. In der Studie von STEBER (2014) wurde die Betriebsgröße als Risikofaktor für TB-Fälle auf Rinderhaltungsbetrieben beschrieben, bei OLEA-POPELKA et al. (2008) hingegen nur in bestimmten Modellen. Zugänge von Rindern aus Österreich, die in der Studie von STEBER (2014) im Intrakutantest überdurchschnittlich häufig auffällig waren, stellten in der vorliegenden Studie keinen Risikofaktor für den Eintrag von TB in Betriebe dar. Allerdings war die landesspezifische Ohrmarke die einzige Möglichkeit, die vermutete Risikogruppe österreichischer Tiere zu erfassen, da Zu- und Abgänge von und in andere EU-Länder in der HIT-Datenbank keine Informationen zu dem Herkunfts- bzw. Zielland beinhalten. Deshalb konnte nicht überprüft werden, ob

beispielsweise die Alpfung von Tieren auf österreichischen Alm-/Alpbetrieben bezüglich der TB einen Risikofaktor auf Betriebs- oder Tierebene darstellt. Da eingehender Tierverkehr in der Literatur als einer der wichtigsten Risikofaktoren für den Eintrag von Tierseuchen gilt (ORTIZ-PELAEZ et al., 2006; NATALE et al., 2009; RAMÍREZ-VILLAESCUSA et al., 2009), sollte ein entsprechendes Zentralitätsmaß als Kovariable verwendet werden. Der gewichtete und ungewichtete In-Degree wurde komplexeren Parametern aus mehreren Gründen vorgezogen. Einerseits erforderte deren Definition auf lokaler Ebene (nur direkte Kontakte berücksichtigt) keine vorherige Beschränkung auf ein (kleineres) Gesamtnetzwerk, sodass als Berechnungsgrundlage der InDs das Netzwerk aus allen Bewegungen mit Beteiligung von Betrieben aus dem Untersuchungsgebiet verwendet werden konnte (NW 1, Kapitel III.1.3.2.1, S. 35). Zusätzlich erlaubte der Wertebereich im Gegensatz zu den anderen in dieser Studie betrachteten Zentralitätsmaßen (Eigenvektor- und Betweenness-Zentralität) eine Log-Transformation (bzw.  $\log(n+1)$ ) zur Abschwächung der Rechtsschiefe. Vor allem aber erschien der InD gut geeignet, um die Betriebstypen der abgebenden Betriebe einzubeziehen und damit die mögliche epidemiologische Bedeutung der Almwirtschaft im Modell zu berücksichtigen. Die anderen in dieser Studie betrachteten Zentralitätsmaße beziehen sich auf die Position der Betriebe im Gesamt-NW und nicht auf die direkten Nachbarbetriebe, sodass eine Berücksichtigung der Betriebstypen nicht ohne Weiteres möglich gewesen wäre. Zudem lassen sich beide Grad-Zentralitätsmaße in vergleichsweise konkreter Weise interpretieren, was sich auch auf die Ergebnisse der Regressionsanalysen übertragen lässt. Die geografische Deskription des TB-Geschehens beim Rind deutete in dieser Arbeit auf den Einfluss einer geografischen Komponente hin, weshalb auch die Verortung der Betriebe in den verschiedenen LKR und kreisfreien Städten im Untersuchungsgebiet als Kovariable in die Analyse einging. Der In-Degree hinsichtlich anderer landwirtschaftlicher Rinderhalter war lediglich in einem Modell signifikant, der In-Degree bezüglich des Handelskontaktes mit Almbetrieben hingegen stellte über alle Variationen der Regressionsmodelle hinweg einen signifikanten Risikofaktor für positive TB-Befunde auf Betriebsebene dar ( $p < 0,01$ ). Der Auftrieb von Rindern auf Alm-/Alpbetriebe scheint das TB-Risiko für den Heimatbetrieb also zu erhöhen. In den Modellen mit ungewichteten In-Degrees zeigen die Almbetriebe im Vergleich mit anderen Betriebstypen deutlich höhere Koeffizientenschätzer, was

in den Modellen mit gewichteten Degrees nicht der Fall ist. Eine mögliche Erklärung wäre, dass Betriebe meist mehrere Tiere (z. B. alle Jungtiere) jährlich auf derselben Alm sömmern. Ein Kontakt mit einem Almbetrieb erhöht den ungewichteten In-Degree des Heimatbetriebes also um eins, den gewichteten In-Degree dagegen um höhere Werte. Dies könnte so gedeutet werden, dass das TB-Risiko für den Heimatbetrieb durch den (Wieder-)Zugang eines einzelnen Tieres nach der Alpung nur marginal erhöht wird, was sich durch die regelmäßige Alpung mehrerer oder gar aller Tiere aufsummiert. Eine andere mögliche Erklärung dafür wäre, dass die Zugänge einzelner Tiere von Almbetrieben nicht per se ein höheres TB-Risiko für den Heimatbetrieb bergen als Tierzugänge von Betrieben anderer Typen, sondern die regelmäßigen Ab- und Zugänge vieler Tiere letztlich zu diesem erhöhten Risiko führen. Das würde bedeuten, dass die Rückkehr von betriebseigenen Tieren nach der Alpung ein ähnlich hohes TB-Risiko mit sich bringt wie der Zukauf von Tieren von anderen Betrieben mit unbekannter Vorgeschichte. Letztendlich spricht also auch diese Interpretation wieder für den Einfluss der Alpung auf den Infektionsstatus von Tieren und Betrieben. Die erhöhten Koeffizientenschätzer bezüglich des In-Degree von Schlachtbetrieben sind vermutlich ein Artefakt aufgrund der geringen Anzahl von Abgängen von diesem Betriebstyp. Ein weiterer signifikanter Risikofaktor für TB-Fälle auf Betrieben war die Verortung der Betriebe im LKR Oberallgäu und der darin gelegenen kreisfreien Stadt Kempten (beide in allen Modellen  $p < 0,01$ ). Es scheint also weitere, im Modell nicht berücksichtigte Einflussfaktoren zu geben, die sich in der räumlichen Verteilung der TB-Fälle niederschlagen. An dieser Stelle rückt wieder die in dieser Studie nicht näher überprüfbare Vermutung in den Fokus, dass ein Zusammenhang mit den ein ähnliches räumliches Muster aufweisenden TB-Fällen bei Rotwild besteht. Allerdings sollte bei einzelnen TB-Fällen beim Rind in zuvor TB-freien Betrieben auch die Möglichkeit einer Übertragung von anderen Haus- und Wildtierarten (UNE und MORI, 2007; TITZLER, 2013) sowie vom Menschen auf das Rind (KRAJEWSKA et al., 2012) nicht außer Acht gelassen werden.

In dieselbe Richtung weisen die Ergebnisse der Regressionsanalyse auf Tierebene. Aufenthalte auf Almbetrieben scheinen das Risiko für einen positiven TB-Befund stärker zu erhöhen als Aufenthalte auf Betrieben anderer Kategorien. So ist die Anzahl der Stationen auf Betrieben anderer Typen zwar ebenso wie die Anzahl

der Stationen auf Almbetrieben in allen Modellen ein signifikanter Risikofaktor, allerdings sind die Koeffizientenschätzer für die Aufenthalte auf Almbetrieben durchweg höher. Insgesamt steigt das TB-Infektionsrisiko für ein Tier also mit der Anzahl der bis zum Testzeitpunkt durchlaufenen unterschiedlichen Betriebe an, was von RAMÍREZ-VILLAESCUSA et al. (2009) in England beschrieben wurde, von STEBER (2014) für die im Allgäu untersuchten Rinder aber nicht bestätigt wurde. Dieser Zusammenhang besteht allerdings nur, wenn lediglich die Anzahl der Stationen bis zum Untersuchungsdatum (erster positiver Befund bei positiven Tieren, letzter negativer Befund bei negativen Tieren) berücksichtigt wird. Werden auch die nach der letzten TB-Untersuchung durchlaufenen Stationen mitgezählt, so ergibt sich der umgekehrte Zusammenhang, da die negativ getesteten Tiere im Vergleich zu den teilweise diagnostisch getöteten positiven Tieren mehr Zeit haben, um weitere Stationen zu „sammeln“. Analog zu den Ergebnissen auf Betriebsebene bildet bezüglich der hervorgehobenen Bedeutung von Almbetrieben nur das Modell eine Ausnahme, in dem die absolute („gewichtete“) Zahl der Betriebswechsel berücksichtigt wird. In diesem Modell scheinen Betriebswechsel auf Almen etwa denselben Einfluss auf den Infektionsstatus der Tiere zu haben wie Wechsel auf Nicht-Alm-Betriebe. Eine mögliche Erklärung für diese Inkonsistenz wäre (ähnlich der Betriebsebene), dass ein zusätzlicher Alm-Betrieb („ungewichtetes Modell“) im Lebenslauf eines Tieres häufiger genutzt wird und somit zu einer stärkeren Erhöhung der Zahl an Betriebswechsel („gewichtetes Modell“) führt als dies bei einem zusätzlichen Rinderhalter im Lebenslauf der Fall ist. Schließlich werden Almbetriebe häufiger wiederholt besucht als andere Betriebe (1,49 Mal statt 1,34 Mal). Ebenfalls analog zu den Ergebnissen auf Betriebsebene hatten die Meldung der Tiere zum Untersuchungszeitpunkt auf Betrieben im LKR OA und der kreisfreien Stadt KE in allen Modellvariationen signifikanten Einfluss auf den Infektionsstatus. Das Alter der Tiere war nur in dem Modell mit der absoluten Anzahl an Betriebswechsel ein signifikanter Risikofaktor. Über den Zusammenhang eines erhöhten TB-Infektionsrisikos eines Tieres mit zunehmendem Alter gehen die Meinungen in der Literatur auseinander. Während dieser Zusammenhang bei RAMÍREZ-VILLAESCUSA et al. (2009) zu bestehen schien, war dies bei OLEA-POPELKA et al. (2008) nicht der Fall. In der Vorgängerarbeit von STEBER (2014) stellten eher die drei und vier Jahre alten Rinder eine Risikogruppe dar.

Trotz einiger methodischer Schwierigkeiten, die bei der Regressionsanalyse auf Tierebene gravierender waren als auf Betriebsebene, deuten die Ergebnisse der Regressionsanalysen genauso wie die Visualisierung und Exploration der betrachteten Netzwerke auf eine epidemiologische Sonderstellung der Almwirtschaft im TB-Geschehen im bayerischen Voralpenland hin.

In dieser Arbeit konnte mithilfe von Analysen der räumlichen Struktur von TB-Fällen bei Rindern und Rotwild, der Analyse von Rinderhandels- und Kontaktnetzwerken sowie von Regressionsanalysen basierend auf Rinderdaten die Hypothese einer erhöhten epidemiologischen Relevanz von Almbetrieben im aktuellen TB-Ausbruch (SCHOEPF et al., 2012; STEBER, 2014; FINK et al., 2015) bei Rindern im bayerisch-österreichischen Grenzgebiet zumindest auf deutscher Seite bestätigt werden. Um genauere Aussagen zur epidemiologischen Relevanz der Alm-/Alpbetriebe im Untersuchungsgebiet treffen zu können, müssten alle im Untersuchungsgebiet existierenden Alm-/Alpbetriebe in der HIT-Datenbank erfasst und die Eingabe von Alpmengen in die HIT für Landwirte (wie kürzlich in der Schweiz eingeführt, SCHÄRRER et al. (2015)) obligatorisch werden. Aufgrund der spärlichen Datenlage zu den Rotwild-Fällen bleibt jedoch weiterhin ungeklärt, ob diese Sonderstellung der Almwirtschaft durch das Zusammenführen von Rindern aus unterschiedlichen Herkunftsbetrieben oder die dadurch entstehende Möglichkeit einer speziesübergreifenden Übertragung zwischen Rotwild und Rindern bedingt wird. So war die Integration von Kontakten zwischen Rindern und Rotwild in Form einer NWA in dieser Studie nicht möglich, da zu diesen Kontakten keine Daten vorlagen. Dies ist ein gängiges Problem bei Wildtieren, weshalb zu Kontakt-NW zwischen Haus- und Wildtieren kaum Literatur existiert (CRAFT, 2015). Da die Almwirtschaft außer ihren landwirtschaftlichen auch zahlreiche gesellschaftsrelevante und ökologische Funktionen hat (STMELF, 2010; TASSER et al., 2013), ist sie trotz ihrer Schlüsselstellung im TB-Geschehen eine unbedingt schützenswerte traditionelle Form der Landwirtschaft in Berggebieten. Im Hinblick auf dieses Ziel müssten weitere Studien zeigen, ob auf den Almbetrieben und –weiden die speziesinterne oder die speziesübergreifende Übertragung von größerer Bedeutung ist.

Grundlegende Schwierigkeiten bei der Anwendung von NWA in der Tiermedizin sind einerseits die großen zu verwendenden Datenmengen, die nur durch spezifische Software verarbeitet werden können. Weiterhin scheitert die

Beschaffung geeigneter Daten häufig aus finanziellen, politischen oder datenschutzrechtlichen Gründen. Gerade für die Identifikation zentraler Betriebe im Tierseuchengeschehen anhand von NWA-Parametern ist eine schnelle Bereitstellung großer vergleichbarer Datenmengen aber entscheidend (KROSCHEWSKI et al., 2006; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a; DUBÉ et al., 2011). Für den größtmöglichen Erkenntnisgewinn und schnellen Einsatz von Netzwerkanalysen im Tierseuchenfall oder bei der risikobasierten Überwachung sollte deshalb ein entsprechendes NWA-Tool an einer direkten Schnittstelle zur HIT-Datenbank implementiert werden, um für die zuständigen Behörden alle wichtigen Informationen ohne zeitliche Verzögerung verfügbar zu halten. Wertvolle Informationen könnte auch eine Kombination einer NWA mit den Ergebnissen der molekularen Typisierung der Erreger im bayerischen Voralpenland bringen. Generell wäre die Einführung von grundlegenden Formalismen zur Analyse von zeitabhängigen Netzwerken wünschenswert, da dies eher der Realität entspricht als die bisher und auch in dieser Studie aus praktischen Gründen verwendeten meist zeitlich aggregierten Netzwerke (DANON et al., 2011; GREEN et al., 2011; PELLIS et al., 2015). Entsprechende Software wird - wie auch in dieser Studie - häufig für spezifische Einzelfälle entwickelt, da bisher noch keine benutzerfreundliche und breit einsetzbare Software auf dem Markt erhältlich ist. Bei der Planung und Durchführung von NWA-Studien ist die Kooperation von Methodikern wie Bioinformatikern, Physikern oder Molekularbiologen mit den anwendungsorientierten Berufsgruppen der Tierärzte und Ökologen unabdingbar (CRAFT, 2015).

Unabhängig von der angewandten Untersuchungsmethode ist die Kontrolle von TB eine Langzeit-Verpflichtung und ihre Elimination beinahe unmöglich, sobald eine oder mehrere Wildtierspezies - wie derzeit im bayerisch-österreichischen Grenzgebiet das Rotwild - den Status eines „Maintenance host“ haben (MORRIS et al., 1994; FITZGERALD und KANEENE, 2013). Dies verschärft sich zusätzlich, wenn die Weidewirtschaft vor Ort mehrere Spezies einschließt. In diesem Fall müssen die örtlichen Veterinärbehörden die Bekämpfung der TB über Jahre konsequent durchführen und über die entsprechende Autorität und politische Rückendeckung verfügen (REVIRIEGO GORDEJO und VERMEERSCH, 2006). Indirekten Kontakten von Wildtieren und Rindern scheint die größere Bedeutung bei der Übertragung von TB zuzukommen als direkten Kontakten (O'BRIEN et

al., 2006; BÖHM et al., 2007; WALTER et al., 2012; BROOK et al., 2013; KUKIELKA et al., 2013; GORTÁZAR et al., 2015), was durch die Verteilung der TB-spezifischen Läsionen beim Rotwild im Alpenraum unterstützt wird (BÜTTNER et al., 2013b; MÜLLER et al., 2014; FINK et al., 2015). In einer spanischen Studie (BARASONA et al., 2013) wurden mit vielversprechenden Ergebnissen Zäune und Gatter eingesetzt, um Kontakte zwischen Wildtieren und Rindern zu reduzieren. Eine weitere relativ effiziente Möglichkeit in dieser Hinsicht wäre der Einsatz von Herdenschutzhunden (VERCAUTEREN et al., 2008). Angesichts der in dieser Arbeit aufgestellten Hypothese, dass auch nicht als positiv erkannte Rinder im Untersuchungsgebiet zur Ausbreitung der TB beigetragen haben, erscheinen im bayerischen Voralpenland als derzeitigem Schwerpunkt des TB-Geschehens zusätzliche Untersuchungsmaßnahmen zur amtlichen Fleischuntersuchung auf TB empfehlenswert. Um die Übertragung von TB während und nach der Alpsaison innerhalb der Rinderpopulation zu minimieren, ist eine Fortführung der Untersuchungen vor und nach der Sömmerung unbedingt nötig und eine Ausweitung dieser Untersuchungen auf alle Tiere in den Heimatbetrieben gealpter Rinder zu empfehlen. Auch die Einführung von Tuberkulintests vor geplanten Tierbewegungen wäre in den Risikogebieten eine Möglichkeit, die Neuinfektionsrate von Herden zu senken (CLEGG et al., 2008). Ob die TB ursprünglich aus der Nutztier- oder der Wildpopulation eintragen wurde oder gar eine Übertragung vom Mensch auf das Tier erfolgte, wird sich wohl nicht mehr klären lassen (JANKO und KÖNIG, 2012; TITZLER, 2013; STEBER, 2014; RETTINGER et al., 2015). Vielmehr sollten sich zukünftige Bemühungen auf das Verhindern einer Weiterverbreitung innerhalb und zwischen den beiden betroffenen Spezies konzentrieren und dabei alle beteiligten lokalen Interessensgruppen in das Erreichen dieses gemeinsamen Zieles einbinden. Dabei sollte das derzeitige TB-Geschehen bei Rindern und Rotwild im bayerisch-österreichischen Grenzgebiet als länderübergreifendes Problem verstanden und gemeinsame Lösungsansätze angestrebt werden. Eine Voraussetzung dafür wäre eine Rückverfolgbarkeit von Tierbewegungen innerhalb der EU über Ländergrenzen hinweg.

## VI. ZUSAMMENFASSUNG

Seit dem Jahr 2007 wurden im bayerisch-österreichischen Grenzgebiet zunehmende Fallzahlen von *M. caprae*-Infektionen bei Rindern und Rotwild registriert. In der vorliegenden Arbeit wurden geografische Darstellungen, retrospektive Analysen von Kontakt- und Handelsnetzwerken sowie Regressionsanalysen kombiniert, um weitere Erkenntnisse zur epidemiologischen Relevanz von Alm-/Alpbetrieben im aktuellen Tuberkulose-Ausbruch bei Rindern im bayerischen Voralpenland zu gewinnen. Außerdem wurde die geografische Verteilung der TB-Fälle bei Rindern und Rotwild auf Überschneidungen überprüft. Die Daten zu den TB-Fällen sowie zu den Bewegungen der Rinder aus Betrieben in Landkreisen entlang der Alpenkette entstammen der HIT-Datenbank und decken den Studienzeitraum von 2010 bis 2014 ab. Die Daten zu TB-Fällen beim Rotwild wurden im Rahmen der EMIDA-ERA-Net-Studie (Projekt: „TB Alpine Wildlife“) und des bayerischen Rotwildmonitorings erhoben.

Visualisiert wurden ein egozentrisches Netzwerk aus Kontakten von positiv befundenen Rindern und ein Handelsnetzwerk aus Rinderbewegungen zwischen den in deren Lebensläufen vorkommenden Betrieben. Für das Handels-NW aus den Rinderbewegungen zwischen allen im Untersuchungsgebiet lokalisierten Betrieben wurden Zentralitätsmaße berechnet, die zwischen Betriebsgruppen mit unterschiedlichem Infektionsstatus verglichen wurden. Mithilfe von Regressionsanalysen wurden mögliche Risikofaktoren für das Auftreten von positiven TB-Befunden auf Betriebs- und Tierebene überprüft.

Die räumliche Verteilung der TB-Fälle bei Rotwild und Rindern deutete auf einen stärkeren Zusammenhang der TB-Situation beider Spezies im Allgäu hin als in den oberbayerischen Landkreisen entlang der Alpenkette. Durch die dargestellten Kontakte positiver Rinder untereinander und deren Bewegungen konnte ein beträchtlicher Anteil, jedoch nicht alle positiven TB-Befunde bei Tieren und Betrieben im Untersuchungsgebiet plausibilisiert werden. Wurde zusätzlich die Kausalitätstreue der über fünf Jahre aggregierten Infektionspfade berücksichtigt, schrumpfte der erklärbare Anteil an TB-positiven Tieren und Betrieben nochmals deutlich. Somit müssen bei der Ausbreitung der bovinen TB im bayerischen Voralpenland neben den Bewegungen und Kontakten der positiven Tiere weitere,

in dieser Studie nicht näher überprüfbare Faktoren wie z.B. das Rotwild oder nicht bzw. falsch negativ getestete Rinder beteiligt gewesen sein. Die errechneten Zentralitätsmaße bezüglich der Exposition (In-Degree, Eigenvektorzentralität) sowie bezüglich der Fähigkeit der Weiterverbreitung von Infektionen (Out-Degree, Betweenness-Zentralität) schienen mit dem Infektionsstatus zu korrelieren. Diese Korrelation könnte sowohl im Kontext der risikobasierten Überwachung als auch im Tierseuchenfall genutzt werden, um potentielle Risikobetriebe zu identifizieren. Sowohl deskriptive Analysen der Daten und der Netzwerke als auch die Regressionsanalysen legen eine Schlüsselposition der Alm-/Alpbetriebe bei der Ausbreitung der TB in den bayerischen LKR entlang der Alpenkette nahe.

Kritische Punkte der Studie waren insbesondere die Unvollständigkeit der HIT-Daten hinsichtlich der Almbetriebe im Untersuchungsgebiet sowie die retrospektive Analyse der zeitabhängigen Netzwerke, die über den gesamten Untersuchungszeitraum von fünf Jahren aggregiert wurden. Aufgrund der spärlichen Datenlage beim Rotwild konnte in dieser Studie keine Aussage darüber getroffen werden, ob die zentrale Bedeutung von Alm-/Alpbetrieben im TB-Geschehen im Untersuchungsgebiet eher den Kontaktmöglichkeiten von Rindern aus vielen verschiedenen Herkunftsbetrieben oder der speziesübergreifenden Übertragung zwischen Rindern und Rotwild geschuldet ist.

Die Kombination von räumlicher Deskription, Netzwerk- und Regressionsanalysen konnte wichtige neue Erkenntnisse zur Epidemiologie der bovinen TB im bayerischen Voralpenraum bringen. Damit konnte insbesondere die zentrale Rolle der Alm-/Alpwirtschaft im aktuellen Ausbruchsgeschehen dargestellt werden.

## VII. SUMMARY

From 2007 onwards, increasing numbers of infections with *M. caprae* were reported in cattle and red deer in the southern alpine region of Bavaria close to the Austrian border. This study combined geographic description of data, retrospective analyses of contact and trade networks and regression analyses to gain further insight into the epidemiological relevance of alpine pasturing in the current TB-outbreak in cattle in the alpine region of Bavaria. Furthermore, the geographic distribution of TB cases in both cattle and deer was assessed for spatial overlapping. Data on TB-cases in cattle and movement data of cattle originating from holdings localized in the Bavarian districts bordering the Alps were obtained from the national database for cattle and swine (HIT-Datenbank) and cover the study period from 2010 to 2014. Data on TB-cases in red deer were collected within the framework of the European study EMIDA-ERA-Net (project: „TB Alpine Wildlife“) and of the regional follow-up study, the Bavarian TB-Monitoring in red deer.

Two networks were visualized: An egocentric contact network consisting of the contacts of TB-positive cattle and a trade network representing cattle movements between holdings that had been visited by positive cattle. For the trade network consisting of all cattle movements between cattle holdings localized in the study area, centrality measures were calculated for all holdings and compared between groups of holdings with different status of infection. Possible risk factors for the incidence of positive TB results in cattle and cattle holdings, respectively, were evaluated using regression analyses.

The spatial distribution of TB-cases in red deer und cattle suggested a stronger association of the TB-situation of both species in the region “Allgäu” than in the districts of Upper Bavaria bordering the Alps. The contacts and movements of positive cattle could account for a noticeable amount of positive TB results in cattle holdings, but not for all. This explainable proportion of positive cattle and holdings diminished even further, when the causal fidelity of the infection chains aggregated over five years was taken into account. Therefore, other factors in addition to the contacts and movements of positive cattle (e.g. red deer or movements of cattle not tested for TB or with false negative test results) must

---

have contributed to the spread of bovine TB in the alpine region of Bavaria. These factors could not be assessed in this study. The calculated centrality measures reflecting the exposition (in-degree, eigenvector centrality) and the potential of holdings to spread infection (out-degree, betweenness centrality) both seemed to correlate with the infection status of cattle holdings. This correlation could be used to identify cattle holdings potentially at risk of infection in the context of risk-based surveillance or during outbreaks. Descriptive analyses of the data and the networks as well as regression analyses suggested a key role of alpine pasturing in the spread of bovine TB in the alpine Bavarian districts.

The incomplete registration of alpine pastures in the HIT-database and the retrospective analysis of time-dependent networks aggregated over the whole study period of five years have to be considered critical points in this study. Concerning the central position of alpine pastures, this study could not assess the respective importance of intra- and inter-species transmission due to scarcity of data on red deer.

The combination of spatial description, network and regression analyses could provide valuable insights into the epidemiology of bovine tuberculosis in the alpine region of Bavaria. Thus, the central position of communal alpine pasturing in the current outbreak could be demonstrated.

---

## VIII. LITERATURVERZEICHNIS

AELF Kempten. Land- und Alpwirtschaft im Allgäu. AELF Kempten, ed. Kempten: Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten 2014: [www.aelf-ke.bayern.de/daten\\_fakten/linkurl\\_1.pdf](http://www.aelf-ke.bayern.de/daten_fakten/linkurl_1.pdf). 07.04.2014.

AGES (2013) Tuberkulose beim Rotwild im alpinen Raum. Österreichisches Bundesministerium für Gesundheit.

Amanfu W. The situation of tuberculosis and tuberculosis control in animals of economic interest. *Tuberculosis* 2006; 86: 330-5.

ANONYMUS (2013) EMIDA ERA-Net: TB Alpine Wildlife - Tuberkulose bei Wildtieren im Alpenraum. Ed König A. Technische Universität München, Freising.

Aranaz A, Liebana E, Mateos A, Dominguez L, Vidal D, Domingo M, Gonzolez O, Rodriguez-Ferri EF, Bunschoten AE, Van Embden JD, Cousins D. Spacer oligonucleotide typing of *Mycobacterium bovis* strains from cattle and other animals: a tool for studying epidemiology of tuberculosis. *J Clin Microbiol* 1996; 34: 2734-40.

Aranaz A, De Juan L, Montero N, Sanchez C, Galka M, Delso C, Alvarez J, Romero B, Bezos J, Vela AI, Briones V, Mateos A, Dominguez L. Bovine tuberculosis (*Mycobacterium bovis*) in wildlife in Spain. *J Clin Microbiol* 2004; 42: 2602-8.

Aznar MN, Stevenson MA, Zarich L, Leon EA. Analysis of cattle movements in Argentina, 2005. *Prev Vet Med* 2011; 98: 119-27.

Bajardi P, Barrat A, Natale F, Savini L, Colizza V. Dynamical Patterns of Cattle Trade Movements. *PLoS One* 2011; 6: e19869.

Barabási A-L, Ravasz E, Vicsek T. Deterministic scale-free networks. *Physica A*:

---

Statistical Mechanics and its Applications 2001; 299: 559-64.

Barabasi AL, Bonabeau E. Scale-free networks. *Sci Am* 2003; 288: 60-9.

Barasona JA, VerCauteren KC, Saklou N, Gortazar C, Vicente J. Effectiveness of cattle operated bump gates and exclusion fences in preventing ungulate multi-host sanitary interaction. *Prev Vet Med* 2013; 111: 42-50.

Bell DC, Atkinson JS, Carlson JW. Centrality measures for disease transmission networks. *Social Networks* 1999; 21: 1-21.

Bienert M (2011) *Alp: himmelhoch, erdenschön*, 1st edn. Faro im Fona Verlag AG, Lenzburg

Bigras-Poulin M, Thompson R, Chriél M, Mortensen S, Greiner M. Network analysis of Danish cattle industry trade patterns as an evaluation of risk potential for disease spread. *Prev Vet Med* 2006; 76: 11-39.

Böhm M, White PCL, Chambers J, Smith L, Hutchings MR. Wild deer as a source of infection for livestock and humans in the UK. *The Veterinary Journal* 2007; 174: 260-76.

Böhm M, Hutchings MR, White PC. Contact networks in a wildlife-livestock host community: identifying high-risk individuals in the transmission of bovine TB among badgers and cattle. *PLoS One* 2009; 4: e5016.

Bonacich P. Some unique properties of eigenvector centrality. *Social Networks* 2007; 29: 555-64.

Boniotti MB, Gorla M, Loda D, Garrone A, Benedetto A, Mondo A, Tisato E, Zanoni M, Zoppi S, Dondo A, Tagliabue S, Bonora S, Zanardi G, Pacciarini ML. Molecular Typing of *Mycobacterium bovis* Strains Isolated in Italy from 2000 to 2006 and Evaluation of Variable-Number Tandem Repeats for Geographically

Optimized Genotyping. *Journal of Clinical Microbiology* 2009; 47: 636-44.

Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Fiebig L, Haas W (2014) Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2013. Robert-Koch-Institut, Berlin.

Brook RK, Wal EV, van Beest FM, McLachlan SM. Evaluating use of cattle winter feeding areas by elk and white-tailed deer: Implications for managing bovine tuberculosis transmission risk from the ground up. *Prev Vet Med* 2013; 108: 137-47.

Brosch R, Gordon SV, Marmiesse M, Brodin P, Buchrieser C, Eiglmeier K, Garnier T, Gutierrez C, Hewinson G, Kremer K, Parsons LM, Pym AS, Samper S, van Soolingen D, Cole ST. A new evolutionary scenario for the *Mycobacterium tuberculosis* complex. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2002; 99: 3684-9.

Büttner K, Krieter J, Traulsen A, Traulsen I. Efficient interruption of infection chains by targeted removal of central holdings in an animal trade network. *PLoS One* 2013a; 8: e74292.

Büttner K, Krieter J, Traulsen A, Traulsen I. Epidemic Spreading in an Animal Trade Network - Comparison of Distance-Based and Network-Based Control Measures. *Transboundary and emerging diseases* 2016; 63: 122-34.

Büttner M, Just F, Neuendorf E, Hörmansdorfer S, Zimmermann P, Hafner-Marx A, Müller M, Schick M, Deischi K. Tuberkulose bei Rind und Rotwild in Bayern. *Rundschau für Fleischhygiene und Lebensmittelüberwachung* 2013b; 9: 341-5.

Castillo L, Fernandez-Llario P, Mateos C, Carranza J, Benitez-Medina JM, Garcia-Jimenez W, Bermejo-Martin F, Hermoso de Mendoza J. Management practices and their association with *Mycobacterium tuberculosis* complex prevalence in red deer populations in Southwestern Spain. *Prev Vet Med* 2011; 98: 58-63.

---

Chang W (2015) shiny: Web Application Framework for R.

Chen S, White BJ, Sanderson MW, Amrine DE, Ilany A, Lanzas C. Highly dynamic animal contact network and implications on disease transmission. *Sci Rep* 2014; 4: 4472.

Chiari M, Zanoni M, Alborali LG, Zanardi G, Avisani D, Tagliabue S, Gaffuri A, Pacciarini ML, Boniotti MB. Isolation of *Mycobacterium caprae* (Lechtal Genotype) from Red Deer (*Cervus elaphus*) in Italy. *J Wildl Dis* 2014; 50: 330–3.

Christley RM, Robinson SE, Lysons R, French NP, Mellor DJ, Russell AM, Wood JLN (2005) Network analysis of cattle movement in Great Britain. *Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine. Proceedings of a meeting held at Nairn, Inverness, Scotland, 30th March-1st April 2005. Nairn, Inverness, Scotland.* 234-44

Clegg TA, More SJ, Higgins IM, Good M, Blake M, Williams DH. Potential infection-control benefit for Ireland from pre-movement testing of cattle for tuberculosis. *Prev Vet Med* 2008; 84: 94-111.

Coleman JD, Cooke MM. *Mycobacterium bovis* infection in wildlife in New Zealand. *Tuberculosis (Edinb)* 2001; 81: 191-202.

Collins DM. Advances in molecular diagnostics for *Mycobacterium bovis*. *veterinary microbiology* 2011; 151: 2-7.

Corner LA. The role of wild animal populations in the epidemiology of tuberculosis in domestic animals: how to assess the risk. *Vet Microbiol* 2006; 112: 303-12.

Corner LAL, Pfeiffer DU, Morris RS. Social-network analysis of *Mycobacterium bovis* transmission among captive brushtail possums (*Trichosurus vulpecula*). *Prev Vet Med* 2003; 59: 147-67.

Craft ME. Infectious disease transmission and contact networks in wildlife and livestock. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences* 2015; 370: 12.

Csardi G, Nepusz T. The igraph software package for complex network research. *InterJournal Complex Systems* 2006; 1695: 1695.

Danon L, Ford AP, House T, Jewell CP, Keeling MJ, Roberts GO, Ross JV, Vernon MC. Networks and the Epidemiology of Infectious Disease. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases* 2011; 2011

de la Rua-Domenech R, Goodchild AT, Vordermeier HM, Hewinson RG, Christiansen KH, Clifton-Hadley RS. Ante mortem diagnosis of tuberculosis in cattle: a review of the tuberculin tests, gamma-interferon assay and other ancillary diagnostic techniques. *Res Vet Sci* 2006; 81: 190-210.

Delahay RJ, De Leeuw ANS, Barlow AM, Clifton-Hadley RS, Cheeseman CL. The Status of *Mycobacterium bovis* Infection in UK Wild Mammals: A Review. *The Veterinary Journal* 2002; 164: 90-105.

Delahay RJ, Smith GC, Barlow AM, Walker N, Harris A, Clifton-Hadley RS, Cheeseman CL. Bovine tuberculosis infection in wild mammals in the South-West region of England: A survey of prevalence and a semi-quantitative assessment of the relative risks to cattle. *The Veterinary Journal* 2007; 173: 287-301.

Diaz-Bone R (2006) Eine kurze Einführung in die sozialwissenschaftliche Netzwerkanalyse. In: *Mitteilungen aus dem Schwerpunkt Methodenlehre*. Institut für Soziologie, Freie Universität Berlin.

Dohna Hz, Peck DE, Johnson BK, Reeves A, Schumaker BA. Wildlife–livestock interactions in a western rangeland setting: Quantifying disease-relevant contacts. *Prev Vet Med* 2014; 113: 447-56.

Domogalla J, Prodinger WM, Blum H, Krebs S, Gellert S, Müller M, Neuendorf E, Sedlmaier F, Büttner M. Region of Difference 4 in Alpine *Mycobacterium caprae* Isolates Indicates Three Variants. *Journal of Clinical Microbiology* 2013; 51: 1381-8.

Drewe JA, Eames KTD, Madden JR, Pearce GP. Integrating contact network structure into tuberculosis epidemiology in meerkats in South Africa: Implications for control. *Prev Vet Med* 2011; 101: 113-20.

Dubé C, Ribble C, Kelton D, McNab B. Comparing Network Analysis Measures to Determine Potential Epidemic Size of Highly Contagious Exotic Diseases in Fragmented Monthly Networks of Dairy Cattle Movements in Ontario, Canada. *Transboundary and emerging diseases* 2008; 55: 382-92.

Dubé C, Ribble C, Kelton D, McNab B. A Review of Network Analysis Terminology and its Application to Foot-and-Mouth Disease Modelling and Policy Development. *Transboundary and emerging diseases* 2009; 56: 73-85.

Dubé C, Ribble C, Kelton D, McNab B. Introduction to network analysis and its implications for animal disease modelling. *Rev Sci Tech* 2011; 30: 425-36.

Dürr S, Müller B, Alonso S, Hattendorf J, Laisse CJ, van Helden PD, Zinsstag J. Differences in primary sites of infection between zoonotic and human tuberculosis: results from a worldwide systematic review. *PLoS Negl Trop Dis* 2013; 7: e2399.

Entscheidung der Kommission vom 15. Juli 1999 (99/467/EG) (über die amtliche Anerkennung der Tuberkulosefreiheit von Rinderbeständen in bestimmten Mitgliedstaaten und Regionen der Mitgliedstaaten und zur Aufhebung der Entscheidung 97/76/EG)

Erlor W, Martin G, Sachse K, Naumann L, Kahlau D, Beer J, Bartos M, Nagy G, Cvetnic Z, Zolnir-Dovc M, Pavlik I. Molecular fingerprinting of *Mycobacterium bovis* subsp. *caprae* isolates from central Europe. *J Clin Microbiol* 2004; 42:

2234-8.

Fine AE, O'Brien DJ, Winterstein SR, Kaneene JB. An Effort to Isolate Mycobacterium bovis from Environmental Substrates during Investigations of Bovine Tuberculosis Transmission Sites (Cattle Farms and Wildlife Areas) in Michigan, USA. ISRN Vet Sci 2011; 2011: 787181.

Fink M, Schleicher C, Gonano M, Prodinger WM, Pacciarini M, Glawischnig W, Ryser-Degiorgis MP, Walzer C, Stalder GL, Lombardo D, Schobesberger H, Winter P, Büttner M. Red Deer as Maintenance Host for Bovine Tuberculosis, Alpine Region. Emerging Infectious Disease journal 2015; 21: 464-7.

Firestone SM, Ward MP, Christley RM, Dhand NK. The importance of location in contact networks: Describing early epidemic spread using spatial social network analysis. Prev Vet Med 2011; 102: 185-95.

Firestone SM, Christley RM, Ward MP, Dhand NK. Adding the spatial dimension to the social network analysis of an epidemic: investigation of the 2007 outbreak of equine influenza in Australia. Prev Vet Med 2012; 106: 123-35.

Fitzgerald SD, Kaneene JB. Wildlife reservoirs of bovine tuberculosis worldwide: hosts, pathology, surveillance, and control. Vet Pathol 2013; 50: 488-99.

Friedrich-Loeffler-Institut BfT (2013) Informationen des FLI zur Rindertuberkulose. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Insel Riems.

Friedrich-Loeffler-Institut BfT (2014a) Tiergesundheitsjahresbericht 2013. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Insel Riems.

Friedrich-Loeffler-Institut BfT (2014b) Handlungshilfe zur Verordnung zum Schutz gegen die Tuberkulose des Rindes. Friedrich-Loeffler-Institut,

---

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Insel Riems.

Frössling J, Ohlson A, Björkman C, Håkansson N, Nöremark M. Application of network analysis parameters in risk-based surveillance – Examples based on cattle trade data and bovine infections in Sweden. *Prev Vet Med* 2012; 105: 202-8.

Gannon BW, Hayes CM, Roe JM. Survival rate of airborne *Mycobacterium bovis*. *Res Vet Sci* 2007; 82: 169-72.

Gavin W, Broughan J, Chambers M, Clifton-Hadley R, Crawshaw T, de la Fuente J, Delahay R, Gavier-Widen D, Gortazar C, Hewinson G, Jackson V, Martín-Hernando MP, Neimanis A, Salguero FJ, Vicente J, Ward A, McDonald R (2009) Scientific Review on Tuberculosis in wildlife in the EU. In: CFP/EFSA/AHAW/2008/3. EFSA.

Georgii B, Schröder W. Home range and activity patterns of male red deer (*Cervus elaphus* L.) in the alps. *Oecologia* 1983; 58: 238-48.

Gerstmair EM. Validierung molekularbiologischer und immunologischer Nachweisverfahren für die Tuberkulose bei Rindern und Tuberkulosemonitoring beim Rotwild. Diss. med. vet. 2011. Ludwig-Maximilians-Universität München.

Glawischig W, Allerberger F, Messner C, Schonbauer M, Prodinger WM. Tuberculosis in free-living red deer (*Cervus elaphus hippelaphus*) in the northern Alps. *Wiener Tierärztliche Monatsschrift* 2003; 90: 38-44.

Gortázar C, Che Amat A, O'Brien DJ. Open questions and recent advances in the control of a multi-host infectious disease: animal tuberculosis. *Mammal Review* 2015; 45: 160-75.

Grange JM. *Mycobacterium bovis* infection in human beings. *Tuberculosis (Edinb)* 2001; 81: 71-7.

Grear DA, Kaneene JB, Averill JJ, Webb CT. Local cattle movements in response to ongoing bovine tuberculosis zonation and regulations in Michigan, USA. *Prev Vet Med* 2014; 114: 201-12.

Green DM, Werkman M, Munro LA, Kao RR, Kiss IZ, Danon L. Tools to study trends in community structure: Application to fish and livestock trading networks. *Prev Vet Med* 2011; 99: 225-8.

Griffin JF, Buchan GS. Aetiology, pathogenesis and diagnosis of *Mycobacterium bovis* in deer. *Vet Microbiol* 1994; 40: 193-205.

Hardstaff JL, Marion G, Hutchings MR, White PC. Evaluating the tuberculosis hazard posed to cattle from wildlife across Europe. *Res Vet Sci* 2014;

Hermoso de Mendoza J, Parra A, Tato A, Alonso JM, Rey JM, Pena J, Garcia-Sanchez A, Larrasa J, Teixido J, Manzano G, Cerrato R, Pereira G, Fernandez-Llario P, Hermoso de Mendoza M. Bovine tuberculosis in wild boar (*Sus scrofa*), red deer (*Cervus elaphus*) and cattle (*Bos taurus*) in a Mediterranean ecosystem (1992-2004). *Prev Vet Med* 2006; 74: 239-47.

Holme P, Saramäki J. Temporal networks. *Physics Reports* 2012; 519: 97-125.

Indra A, Hofer E, Glawischnig W, Schoepf K, Allerberger F, Prodinger WM. Cluster of human *Mycobacterium caprae*-infections in Austria 2010/2011 is unrelated to prevalent animal tuberculosis. *Wiener Tierärztliche Monatsschrift* 2012; 99: 55-9.

Janko C, König A (2012) Ein (Er)reger Austausch. In: Bayerisches Landwirtschaftliches Wochenblatt.

Januschke P, Kiesel K (2014) Tbc: 25 000 Tiere nicht getestet. In: Allgäuer Anzeigebblatt. PMG Presse-Monitor GmbH, Oberallgäu.

Johnson LK, Liebana E, Nunez A, Spencer Y, Clifton-Hadley R, Jahans K, Ward A, Barlow A, Delahay R. Histological observations of bovine tuberculosis in lung and lymph node tissues from British deer. *Veterinary Journal* 2008; 175: 409-12.

Keeling MJ, Danon L, Vernon MC, House TA. Individual identity and movement networks for disease metapopulations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 2010; 107: 8866-70.

Kiss IZ, Green DM, Kao RR. Disease contact tracing in random and clustered networks. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 2005; 272: 1407-14.

Kiss IZ, Green DM, Kao RR. The network of sheep movements within Great Britain: network properties and their implications for infectious disease spread. *Journal of The Royal Society Interface* 2006a; 3: 669-77.

Kiss IZ, Green DM, Kao RR. Infectious disease control using contact tracing in random and scale-free networks. *J R Soc Interface* 2006b; 3: 55-62.

Konschake M, Lentz HHK, Conraths FJ, Hovel P, Selhorst T. On the Robustness of In- and Out-Components in a Temporal Network. *PLoS One* 2013; 8(2):e55223. doi:10.1371/journal.pone.0055223

Kössler J (2012) Bekämpfung der Tuberkulose beim Rotwild im oberen Lechtal - aktueller Stand. In: 18. Österreichische Jägertagung 2012. Ed Raumberg-Gumpenstein L-uFfL.

Krajewska M, Kozińska M, Zwolska Z, Lipiec M, Augustynowicz-Kopeć E, Szulowski K. Human as a source of tuberculosis for cattle. First evidence of transmission in Poland. *veterinary microbiology* 2012; 159: 269-71.

Kroschewski K, Kramer M, Micklich A, Staubach C, Carmanns R, Conraths FJ. Animal disease outbreak control: the use of crisis management tools. *Rev Sci*

---

Tech 2006; 25: 211-21.

Kubica T, Rusch-Gerdes S, Niemann S. Mycobacterium bovis subsp. caprae caused one-third of human M. bovis-associated tuberculosis cases reported in Germany between 1999 and 2001. Journal of Clinical Microbiology 2003; 41: 3070-7.

Kukielka E, Barasona JA, Cowie CE, Drewe JA, Gortazar C, Cotarelo I, Vicente J. Spatial and temporal interactions between livestock and wildlife in South Central Spain assessed by camera traps. Prev Vet Med 2013; 112: 213-21.

Lentz H, Kasper M, Selhorst T. Beschreibung des Handels mit Rindern in Deutschland mittels Netzwerkanalyse—Ergebnisse von Voruntersuchungen. Network analysis of the German cattle trade net—Preliminary results. Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 2009; 6: 193-8.

Lentz H (2013) Paths for epidemics in static and temporal networks, Diss. rer. nat. Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät I, Humboldt-Universität, Berlin.

Lentz H, Koher A, Hövel P, Gethmann J, Sauter-Louis C, Selhorst T, Conraths F (2015) Livestock disease spread through animal movements: a static and temporal network analysis of pig trade. Friedrich-Loeffler-Institut, submitted.

Lentz HHK, Konschake M, Teske K, Kasper M, Rother B, Carmanns R, Petersen B, Conraths FJ, Selhorst T. Trade communities and their spatial patterns in the German pork production network. Prev Vet Med 2011; 98: 176-81.

Lentz HHK, Selhorst T, Sokolov IM. Unfolding Accessibility Provides a Macroscopic Approach to Temporal Networks. Physical Review Letters 2013; 110: 118701.

Liebana E, Johnson L, Gough J, Durr P, Jahans K, Clifton-Hadley R, Spencer Y, Hewinson RG, Downs SH. Pathology of naturally occurring bovine tuberculosis

in England and Wales. *The Veterinary Journal* 2008; 176: 354-60.

Manfrin A. Database-Marketing: Postleitzahlen zum Download. Manfrin A, ed. Freiburg: IT Consulting in Freiburg 2015: <http://www.manfrin-it.com/postleitzahlen/plz.html>. 12.08.2015.

Martín-Hernando MP, Torres MJ, Aznar J, Negro JJ, Gandía A, Gortázar C. Distribution of Lesions in Red and Fallow Deer Naturally Infected with *Mycobacterium bovis*. *Journal of Comparative Pathology* 2010; 142: 43-50.

Martin V, Zhou X, Marshall E, Jia B, Fusheng G, FrancoDixon MA, DeHaan N, Pfeiffer DU, Soares Magalhães RJ, Gilbert M. Risk-based surveillance for avian influenza control along poultry market chains in South China: The value of social network analysis. *Prev Vet Med* 2011; 102: 196-205.

Martínez-López B, Perez AM, Sánchez-Vizcaíno JM. Social Network Analysis. Review of General Concepts and Use in Preventive Veterinary Medicine. *Transboundary and emerging diseases* 2009a; 56: 109-20.

Martínez-López B, Perez AM, Sánchez-Vizcaíno JM. Combined application of social network and cluster detection analyses for temporal-spatial characterization of animal movements in Salamanca, Spain. *Prev Vet Med* 2009b; 91: 29-38.

Menzies F. Tuberculosis in deer: Another piece in the unfinished *Mycobacterium bovis* jigsaw. *The Veterinary Journal* 2008; 175: 287-8.

Menzies FD, Neill SD. Cattle-to-Cattle Transmission of Bovine Tuberculosis. *The Veterinary Journal* 2000; 160: 92-106.

Michel AL, Müller B, van Helden PD. *Mycobacterium bovis* at the animal–human interface: A problem, or not? *veterinary microbiology* 2010; 140: 371-81.

Miller R, Kaneene JB, Fitzgerald SD, Schmitt SM. Evaluation of the influence of

supplemental feeding of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) on the prevalence of bovine tuberculosis in the Michigan wild deer population. *J Wildl Dis* 2003; 39: 84-95.

Miller R, Kaneene JB, Schmitt SM, Lusch DP, Fitzgerald SD. Spatial analysis of *Mycobacterium bovis* infection in white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) in Michigan, USA. *Prev Vet Med* 2007; 82: 111-22.

Miller RS, Farnsworth ML, Malmberg JL. Diseases at the livestock-wildlife interface: status, challenges, and opportunities in the United States. *Prev Vet Med* 2013; 110: 119-32.

Morris RS, Pfeiffer DU, Jackson R. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections. *veterinary microbiology* 1994; 40: 153-77.

Moser I, Köhler H, Menge C. Die Tuberkulose des Rindes – überraschend wieder oder immer noch präsent? *Tierärztliche Praxis Großtiere* 2014; 42: 240-9.

Müller B, Dürr S, Alonso S, Hattendorf J, Laisse CJ, Parsons SD, van Helden PD, Zinsstag J. Zoonotic *Mycobacterium bovis*-induced tuberculosis in humans. *Emerg Infect Dis* 2013; 19: 899-908.

Müller M, Hafner-Marx A, Ehrlein J, Ewringmann T, Ebert U, Weber BK, Breuer W, Kupca A, Rettinger A, Zimmermann P, Domogalla J, Janko C, Büttner M, Deischl K, Schick M. Pathomorphologische Veränderungen bei der Tuberkulose des Rotwildes verursacht durch *Mycobacterium caprae*. *Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle* 2014; 21: 1-7.

Naranjo V, Gortazar C, Vicente J, de la Fuente J. Evidence of the role of European wild boar as a reservoir of *Mycobacterium tuberculosis* complex. *veterinary microbiology* 2008; 127: 1-9.

Natale F, Giovannini A, Savini L, Palma D, Possenti L, Fiore G, Calistri P.

---

Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev Vet Med* 2009; 92: 341-50.

Natale F, Savini L, Giovannini A, Calistri P, Candeloro L, Fiore G. Evaluation of risk and vulnerability using a Disease Flow Centrality measure in dynamic cattle trade networks. *Prev Vet Med* 2011; 98: 111-8.

Nöremark M, Håkansson N, Lewerin SS, Lindberg A, Jonsson A. Network analysis of cattle and pig movements in Sweden: Measures relevant for disease control and risk based surveillance. *Prev Vet Med* 2011; 99: 78-90.

Nöremark M, Widgren S. EpiContactTrace: an R-package for contact tracing during livestock disease outbreaks and for risk-based surveillance. *BMC Vet Res* 2014; 10: 71.

O'Brien DJ, Schmitt SM, Fitzgerald SD, Berry DE, Hickling GJ. Managing the wildlife reservoir of *Mycobacterium bovis*: the Michigan, USA, experience. *Vet Microbiol* 2006; 112: 313-23.

O'Reilly LM, Daborn CJ. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections in animals and man: A review. *Tubercle and Lung Disease* 1995; 76, Supplement 1: 1-46.

Olea-Popelka FJ, Costello E, White P, McGrath G, Collins JD, O'Keeffe J, Kelton DF, Berke O, More S, Martin SW. Risk factors for disclosure of additional tuberculous cattle in attested-clear herds that had one animal with a confirmed lesion of tuberculosis at slaughter during 2003 in Ireland. *Prev Vet Med* 2008; 85: 81-91.

OpenStreetMap Contributors. OpenStreetMap®. OpenStreetMap Foundation, ed. 2015: [www.openstreetmap.org](http://www.openstreetmap.org). 12.08.2015.

Ortiz-Pelaez A, Pfeiffer DU, Soares-Magalhães RJ, Guitian FJ. Use of social

network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev Vet Med* 2006; 76: 40-55.

Palmer MV, Whipple DL, Olsen SC. Development of a model of natural infection with *Mycobacterium bovis* in white-tailed deer. *J Wildl Dis* 1999; 35: 450-7.

Palmer MV, Waters WR, Whipple DL. Investigation of the transmission of *Mycobacterium bovis* from deer to cattle through indirect contact. *Am J Vet Res* 2004a; 65: 1483-9.

Palmer MV, Waters WR, Whipple DL. Shared feed as a means of deer-to-deer transmission of *Mycobacterium bovis*. *J Wildl Dis* 2004b; 40: 87-91.

Palmer MV. Tuberculosis: a reemerging disease at the interface of domestic animals and wildlife. *Curr Top Microbiol Immunol* 2007; 315: 195-215.

Pavlik I, Dvorska L, Bartos M, Parmova I, Melicharek I, Jesenska A, Havelkova M, Slosarek M, Putova I, Martin G. Molecular epidemiology of bovine tuberculosis in the Czech Republic and Slovakia in the period 1965-2001 studied by spoligotyping. *Veterinari Medicina-Praha* 2002; 47: 181-94.

Pellis L, Ball F, Bansal S, Eames K, House T, Isham V, Trapman P. Eight challenges for network epidemic models. *Epidemics* 2015; 10: 58-62.

Phillips CJC, Foster CRW, Morris PA, Teverson R. The transmission of *Mycobacterium bovis* infection to cattle. *Res Vet Sci* 2003; 74: 1-15.

Porphyre T. Factors Associated with the Transmission Dynamics of Bovine Tuberculosis in New Zealand. *Diss. med. vet.* 2008. Massey University, Palmerston North, New Zealand.

Probst C, Freuling C, Moser I, Geue L, Kohler H, Conraths FJ, Hotzel H, Liebler-

Tenorio EM, Kramer M. Bovine tuberculosis: making a case for effective surveillance. *Epidemiol Infect* 2011; 139: 105-12.

Prodinger WM, Eigentler A, Allerberger F, Schönbauer M, Glawischnig W. Infection of Red Deer, Cattle, and Humans with *Mycobacterium bovis* subsp. *caprae* in Western Austria. *Journal of Clinical Microbiology* 2002; 40: 2270-2.

Prodinger WM, Allerberger F, Schönbauer M, Glawischnig W (2003) Molekulare Epidemiologie von Infektionen durch *Mycobacterium bovis* subspecies *caprae* in Westösterreich. In: 2. Arbeitstagung "Mycobakterieninfektion". Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft, Arbeitskreis Veterinärmedizinische Infektionsdiagnostik, Jena.

Prodinger WM, Brandstatter A, Naumann L, Pacciarini M, Kubica T, Boschioli ML, Aranaz A, Nagy G, Cvetnic Z, Ocepek M, Skrypnyk A, Erler W, Niemann S, Pavlik I, Moser I. Characterization of *Mycobacterium caprae* isolates from Europe by mycobacterial interspersed repetitive unit genotyping. *Journal of Clinical Microbiology* 2005; 43: 4984-92.

Prodinger WM, Indra A, Koksalan OK, Kilicaslan Z, Richter E. *Mycobacterium caprae* infection in humans. *Expert Rev Anti Infect Ther* 2014; 12: 1501-13.

Pucken VB (2016) Bovine tuberculosis: Evaluating diagnostic tests in the absence of a gold standard. Ludwig-Maximilians-Universität München, in Vorbereitung.

R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing 2014: <http://www.R-project.org/>. 07.04.2015.

R Core Team. The Comprehensive R Archive Network. R Foundation for Statistical Computing 2015: <http://cran.r-project.org/web/packages/>. 15.04.2015.

Ramírez-Villaescusa AM, Medley GF, Mason S, Green LE. Herd and individual

animal risks associated with bovine tuberculosis skin test positivity in cattle in herds in south west England. *Prev Vet Med* 2009; 92: 188-98.

Rautureau S, Dufour B, Durand B. Vulnerability of Animal Trade Networks to The Spread of Infectious Diseases: A Methodological Approach Applied to Evaluation and Emergency Control Strategies in Cattle, France, 2005. *Transboundary and emerging diseases* 2010; 58: 110-20.

Rehm N (2013) Tuberkulose in Deutschland; Rückkehr einer in Vergessenheit geratenen Tierseuche? Herbsttagung der Tierärztlichen Vereinigung für Lebensmittelsicherheit und Tiergesundheit (TVL), 28.11.2013. Luzern

Rettinger A, Broeckl S, Fink M, Prodinger WM, Blum H, Krebs S, Domogalla J, Just F, Gellert S, Straubinger RK, Büttner M. The Region of Difference Four is a Robust Genetic Marker for Subtyping *Mycobacterium caprae* Isolates and is Linked to Spatial Distribution of Three Subtypes. *Transboundary and emerging diseases* 2015; doi: 10.1111/tbed.12438

Reviriego Gordejo FJ, Vermeersch JP. Towards eradication of bovine tuberculosis in the European Union. *veterinary microbiology* 2006; 112: 101-9.

Reynolds JJ, Hirsch BT, Gehrt SD, Craft ME (2015) Raccoon contact networks predict seasonal susceptibility to rabies outbreaks and limitations of vaccination. In: *J Anim Ecol*, 2015/07/15, in press edn.

Rhyan JC, Spraker TR. Emergence of diseases from wildlife reservoirs. *Vet Pathol* 2010; 47: 34-9.

Ribeiro-Lima J, Enns EA, Thompson B, Craft ME, Wells SJ. From network analysis to risk analysis-An approach to risk-based surveillance for bovine tuberculosis in Minnesota, US. *Prev Vet Med* 2015; 118: 328-40.

Richtlinie des Rates vom 17. März 1997 (97/12/EG) (Anhang A, Teil I, Nummern

4, 5 und 6)

Romero B, Rodriguez S, Bezos J, Diaz R, Copano MF, Merediz I, Minguez O, Marques S, Palacios JJ, Garcia de Viedma D, Saez JL, Mateos A, Aranaz A, Dominguez L, de Juan L. Humans as source of Mycobacterium tuberculosis infection in cattle, Spain. *Emerg Infect Dis* 2011; 17: 2393-5.

Schärrer S, Widgren S, Schwermer H, Lindberg A, Vidondo B, Zinsstag J, Reist M. Evaluation of farm-level parameters derived from animal movements for use in risk-based surveillance programmes of cattle in Switzerland. *BMC Vet Res* 2015; 11: 149.

Schiller I, Oesch B, Vordermeier HM, Palmer MV, Harris BN, Orloski KA, Buddle BM, Thacker TC, Lyashchenko KP, Waters WR. Bovine Tuberculosis: A Review of Current and Emerging Diagnostic Techniques in View of their Relevance for Disease Control and Eradication. *Transboundary and emerging diseases* 2010; 57: 205-20.

Schiller I, Waters WR, Vordermeier HM, Jemmi T, Welsh M, Keck N, Whelan A, Gormley E, Boschioli ML, Moyon JL, Vela C, Cagiola M, Buddle BM, Palmer M, Thacker T, Oesch B. Bovine tuberculosis in Europe from the perspective of an officially tuberculosis free country: trade, surveillance and diagnostics. *Vet Microbiol* 2011; 151: 153-9.

Schmitt SM, Fitzgerald SD, Cooley TM, Bruning-Fann CS, Sullivan L, Berry D, Carlson T, Minnis RB, Payeur JB, Sikarskie J. Bovine tuberculosis in free-ranging white-tailed deer from Michigan. *J Wildl Dis* 1997; 33: 749-58.

Schmitt SM, O'Brien DJ, Bruning-Fann CS, Fitzgerald SD. Bovine tuberculosis in Michigan wildlife and livestock. *Ann N Y Acad Sci* 2002; 969: 262-8.

Schnegg M, Lang H. Netzwerkanalyse. Eine praxisorientierte Einführung. *Methoden der Ethnographie* 2002; 1: 1-55.

Schoepf K, Prodinger WM, Glawischnig W, Hofer E, Revilla-Fernandez S, Hofrichter J, Fritz J, Kofer J, Schmoll F. A Two-Years' Survey on the Prevalence of Tuberculosis Caused by *Mycobacterium caprae* in Red Deer (*Cervus elaphus*) in the Tyrol, Austria. *ISRN Veterinary Science* 2012; 2012: 245138-.

Schöning JM, Cerny N, Prohaska S, Wittenbrink MM, Smith NH, Bloemberg G, Pewsner M, Schiller I, Origgi FC, Ryser-Degiorgis MP. Surveillance of bovine tuberculosis and risk estimation of a future reservoir formation in wildlife in Switzerland and Liechtenstein. *PLoS One* 2013; 8: e54253.

Schwochow M. Postleitzahlen Deutschland. 2015: <http://www.suche-postleitzahl.org/>. 16.04.2015.

Selbitz H-J, Truyen U, Valentin-Weigand P (2011) Tiermedizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre, 9th edn. Enke Verlag, Stuttgart. 280

Steber U. Epidemiologische Beschreibung des Monitoring-Programmes zur bovinen Tuberkulose im Allgäu von 2007 bis 2010. Diss. med. vet. 2014. LMU München.

StMELF (2010) Alm- und Alpwirtschaft in Bayern, Nr. 2010/07 edn. Ed Ringler A. Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, München.

StMELF. Data Dictionary der zentralen Datenbank HI-Tier. Hartmann H, ed. München: Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten 2015; 02.02.2015: <http://www.hi-tier.de/Entwicklung/Konzept/HIT-DD/Default.htm>. 02.04.2015.

Tasser E, Aigner S, Egger G, Pieper J, Tappeiner U (2013) Almatlas/Alpatlas. Athesia Druck GmbH. 199

The igraph core team. R igraph manual pages. Csardi, Gabor 2014; 24.04.2014:

<http://igraph.org/r/doc/>. 23.06.2015.

Titzler L (2013) Lebensraumanalyse von Wild- und Nutztieren im bayerischen Alpenraum vor dem Hintergrund der Tuberkuloseinfektion. Bachelor's Thesis, Technische Universität München, Freising.

Torgerson PR, Torgerson DJ. Public health and bovine tuberculosis: what's all the fuss about? *Trends Microbiol* 2010; 18: 67-72.

Tweddle NE, Livingstone P. Bovine tuberculosis control and eradication programs in Australia and New Zealand. *Vet Microbiol* 1994; 40: 23-39.

Une Y, Mori T. Tuberculosis as a zoonosis from a veterinary perspective. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 2007; 30: 415-25.

VanderWaal KL, Atwill ER, Isbell LA, McCowan B. Linking social and pathogen transmission networks using microbial genetics in giraffe (*Giraffa camelopardalis*). *J Anim Ecol* 2014; 83: 406-14.

Vercauteren KC, Lavelle MJ, Hygnstrom S. Fences and Deer-Damage Management: A Review of Designs and Efficacy. *Wildlife Society Bulletin* 2006; 34: 191-200.

Vercauteren KC, Lavelle MJ, Phillips GE. Livestock Protection Dogs for Deterring Deer From Cattle and Feed. *Journal of Wildlife Management* 2008; 72: 1443-8.

Vernon MC, Keeling MJ. Impact of regulatory perturbations to disease spread through cattle movements in Great Britain. *Prev Vet Med* 2012; 105: 110-7.

Verordnung zum Schutz gegen die Tuberkulose des Rindes (in der Fassung der Bekanntmachung vom 12. Juli 2013, die durch Artikel 16 der Verordnung vom

17. April 2014 geändert worden ist)

Vicente J, Hofle U, Garrido JM, Fernandez-De-Mera IG, Juste R, Barral M, Gortazar C. Wild boar and red deer display high prevalences of tuberculosis-like lesions in Spain. *Vet Res* 2006; 37: 107-19.

Vicente J, Hofle U, Garrido JM, Fernandez-de-Mera IG, Acevedo P, Juste R, Barral M, Gortazar C. Risk factors associated with the prevalence of tuberculosis-like lesions in fenced wild boar and red deer in south central Spain. *Vet Res* 2007; 38: 451-64.

Vicente J, Barasona JA, Acevedo P, Ruiz-Fons JF, Boadella M, Diez-Delgado I, Beltran-Beck B, Gonzalez-Barrio D, Queiros J, Montoro V, de la Fuente J, Gortazar C. Temporal trend of tuberculosis in wild ungulates from Mediterranean Spain. *Transboundary and emerging diseases* 2013; 60 Suppl 1: 92-103.

Walter WD, Anderson CW, Smith R, Vanderklok M, Averill JJ, VerCauteren KC. On-Farm Mitigation of Transmission of Tuberculosis from White-Tailed Deer to Cattle: Literature Review and Recommendations. *Veterinary medicine international* 2012; 2012: 15.

Wasserman S, Faust K (1994) *Social Network Analysis: Methods and Applications*. Cambridge University Press, Cambridge

Watts DJ, Strogatz SH. Collective dynamics of 'small-world' networks. *Nature* 1998; 393: 440-2.

Webb C, Sauter-Louis C (2002) Investigations into the contact structure of the British sheep population. *Proceedings-Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine*. 10-20

Webb CR. Farm animal networks: unraveling the contact structure of the British sheep population. *Prev Vet Med* 2005; 68: 3-17.

---

WHO (2014) Global tuberculosis report 2014. World Health Organization, Genf.

Yockney IJ, Nugent G, Latham MC, Perry M, Cross ML, Byrom AE. Comparison of ranging behaviour in a multi-species complex of free-ranging hosts of bovine tuberculosis in relation to their use as disease sentinels. *Epidemiol Infect* 2013; 141: 1407-16.

Zanella G, Duvauchelle A, Hars J, Moutou F, Boschioli ML, Durand B. Patterns of lesions of bovine tuberculosis in wild red deer and wild boar. *Veterinary Record* 2008; 163: 43-7.

## **IX. ANHANG**

### **1. Einführung in die soziale Netzwerkanalyse**

Ziel der SNA ist die Betrachtung der Ordnung innerhalb eines Netzwerkes. Die zwei wichtigsten Bestandteile sind einerseits die Akteure selbst, andererseits die Beziehungen zwischen diesen. Die Akteure können dabei je nach Definition einzelne Personen oder Tiere, ethnische Gruppen oder auch Betriebe sein und werden meist „nodes“ (Knoten) genannt (SCHNEGG und LANG, 2002; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Ungerichtete oder reziproke Beziehungen werden als „edges“ (Kanten), gerichtete Beziehungen als „arcs“ (im Deutschen ebenfalls Kanten genannt) bezeichnet (WASSERMAN und FAUST, 1994; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Allgemein werden in der SNA zwei Arten von Netzwerken unterschieden: Die persönlichen oder egozentrischen Netzwerke befassen sich mit der sozialen Einbettung und dem Umfeld einzelner Akteure und werden meist durch Befragung der Individuen erhoben (SCHNEGG und LANG, 2002; DIAZ-BONE, 2006), während Gesamtnetzwerke mithilfe verschiedener graphentheoretischer Konzepte die Struktur des Netzwerkes im Allgemeinen beschreiben. Im Gegensatz zum Gesamtnetzwerk können im persönlichen Netzwerk somit auch zuvor unbekannte Akteure auftauchen (SCHNEGG und LANG, 2002). Weiterhin werden gerichtete Netzwerke mit unidirektionalen Beziehungen von ungerichteten Netzwerken unterschieden, deren Kanten bidirektional/reziprok sind. Tierbewegungen in einer Region sind zum Beispiel gerichtete Beziehungen zwischen verkaufenden und zukaufenden Betrieben und ihre Gesamtheit als gerichtetes Netzwerk zu verstehen, während Tierkontakte zwischen beliebigen Individuen einer Herde als ungerichtetes Netzwerk darstellbar sind (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a; DUBÉ et al., 2011). Außerdem können je nach Studie Eigenschaften auf drei verschiedenen Ebenen betrachtet werden: Eigenschaften von Knoten (kategoriale Eigenschaften), von Beziehungen (relationale Eigenschaften) und Eigenschaften des Netzwerkes selbst (DIAZ-BONE, 2006). Die wichtigsten graphentheoretischen Konzepte sind die Dichte, die Konnektivität, die Zentralität und verschiedene Konzepte von Subgruppen. Die Dichte beschreibt, wie eng eine Gruppe untereinander verbunden ist, indem sie den Anteil der vorhandenen an den im Netzwerk möglichen Beziehungen angibt. Mit der Dichte verbunden ist der Grad der

Akteure, welcher die Anzahl der ein- und ausgehenden Beziehungen einzelner Akteure beschreibt (s.u.). Um das Ordnungsmuster innerhalb des Netzwerkes zu analysieren, betrachtet man die Konnektivität. Nach der Graphentheorie ist ein Graph dann zusammenhängend, wenn jeder beliebige Punkt des Graphen von allen anderen Punkten aus zu erreichen ist. Mithilfe dieses Konzeptes lassen sich Subgruppen (sog. Komponenten) definieren, welche Inseln bilden und mit dem restlichen Netzwerk nicht verbunden sind. Weiterhin kann man unter dem Gesichtspunkt der Verbundenheit einzelne Akteure und Paare von Akteuren betrachten (SCHNEGG und LANG, 2002). So können zwei Akteure sich meist über unterschiedliche Pfade innerhalb des Netzwerkes erreichen, wobei sich die Länge der Pfade auf die Anzahl der zwischengeschalteten Knoten bezieht (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Diese wird Distanz genannt (SCHNEGG und LANG, 2002), der kürzeste Pfad zwischen zwei Akteuren geodätische Distanz. Eines der Ziele der SNA ist die Identifikation von Knoten, die eine zentrale Stellung im Netzwerk einnehmen (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Diese Stellung wird als Zentralität („centrality“) eines Akteurs wiedergegeben und umfasst verschiedene Begriffe: Die Grad-Zentralität („degree centrality“) eines Akteurs ist ein Maß für die Anzahl seiner Kontakte. In gerichteten Netzwerken wird dabei zwischen der Anzahl der vom Akteur ausgehenden (Out-Degree) und bei ihm eintreffenden Kontakte (In-Degree) unterschieden (WASSERMAN und FAUST, 1994; MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Knoten mit überdurchschnittlich hohen Grad-Zentralitätswerten werden „hubs“ genannt (DUBÉ et al., 2009). Die Eigenvektorzentralität eines Akteurs ist der Degree-Zentralität insofern ähnlich, als dass auch hier die eingehenden Kontakte aufsummiert werden. Zusätzlich beinhaltet diese Maßzahl allerdings, wie zentral jene Akteure sind, von denen die direkten Kontakte eingehen. Zugänge von ihrerseits zentralen Akteuren gelten als bedeutsamer als Zugänge von isoliert liegenden Akteuren. Mathematisch lässt sich diese allseitige Abhängigkeit der Maßzahlen für die Akteure im Netzwerk als Eigenvektorproblem beschreiben. So entspricht der Eigenvektorzentralitäts-Wert dem Wert des ersten Eigenvektors der Adjazenzmatrix  $A$  (BONACICH, 2007). Auch die Eigenvektorzentralität kann für gewichtete und ungewichtete Netzwerke berechnet werden. Grad- und Eigenvektorzentralitäts-Werte bieten sich deshalb an, um in einem Netzwerk besonders exponierte Akteure zu identifizieren. Die Closeness- und Betweenness-Zentralität von Akteuren dienen dagegen der Quantifizierung ihrer

Einflussmöglichkeiten. Die Closeness-Zentralität („closeness centrality“) spiegelt die allgemeine Eingebundenheit des Akteurs wieder und bezeichnet die durchschnittliche reziproke geodätische Distanz eines Akteurs zu allen anderen Akteuren des Netzwerks. Sie kann also als Maß für die Autonomie eines Akteurs verstanden werden (SCHNEGG und LANG, 2002). Einen hohen Wert an Betweenness-Zentralität besitzt ein Akteur, der an einem zentralen Punkt des Netzwerkes eine Vermittlerrolle einnimmt, über die andere Akteure miteinander in Kontakt treten können bzw. müssen. Die Betweenness-Zentralität ist definiert als Anzahl der geodätischen Pfade, die über diesen Akteur führen (SCHNEGG und LANG, 2002; DUBÉ et al., 2011).

Weiterhin sind Netzwerke anhand des Maßes der Verbundenheit oft in Subgruppen unterteilbar, deren Akteure untereinander stärker verbunden sind als mit dem restlichen Netzwerk (WASSERMAN und FAUST, 1994; SCHNEGG und LANG, 2002). Als Komponenten werden alle Segmente eines Netzwerkes bezeichnet, die miteinander verbunden sind. Um der Definition einer stark verbundenen Komponente zu genügen, müssen alle in der Komponente enthaltenen Knoten auch bei Berücksichtigung der Kantenrichtung miteinander in Kontakt treten können, ansonsten ist die Komponente schwach verbunden (MARTÍNEZ-LÓPEZ et al., 2009a). Typischerweise vereint eine einzige dominante Komponente die Mehrzahl der Knoten eines Netzwerkes und wird dann Riesenkomponekte genannt. Bei der Ausbreitung von Infektionskrankheiten spielt dieses Konzept eine große Rolle, da eine in das Netzwerk eingeführte Krankheit folglich alle in einer Riesenkomponekte enthaltenen Knoten erreichen kann (DANON et al., 2011).

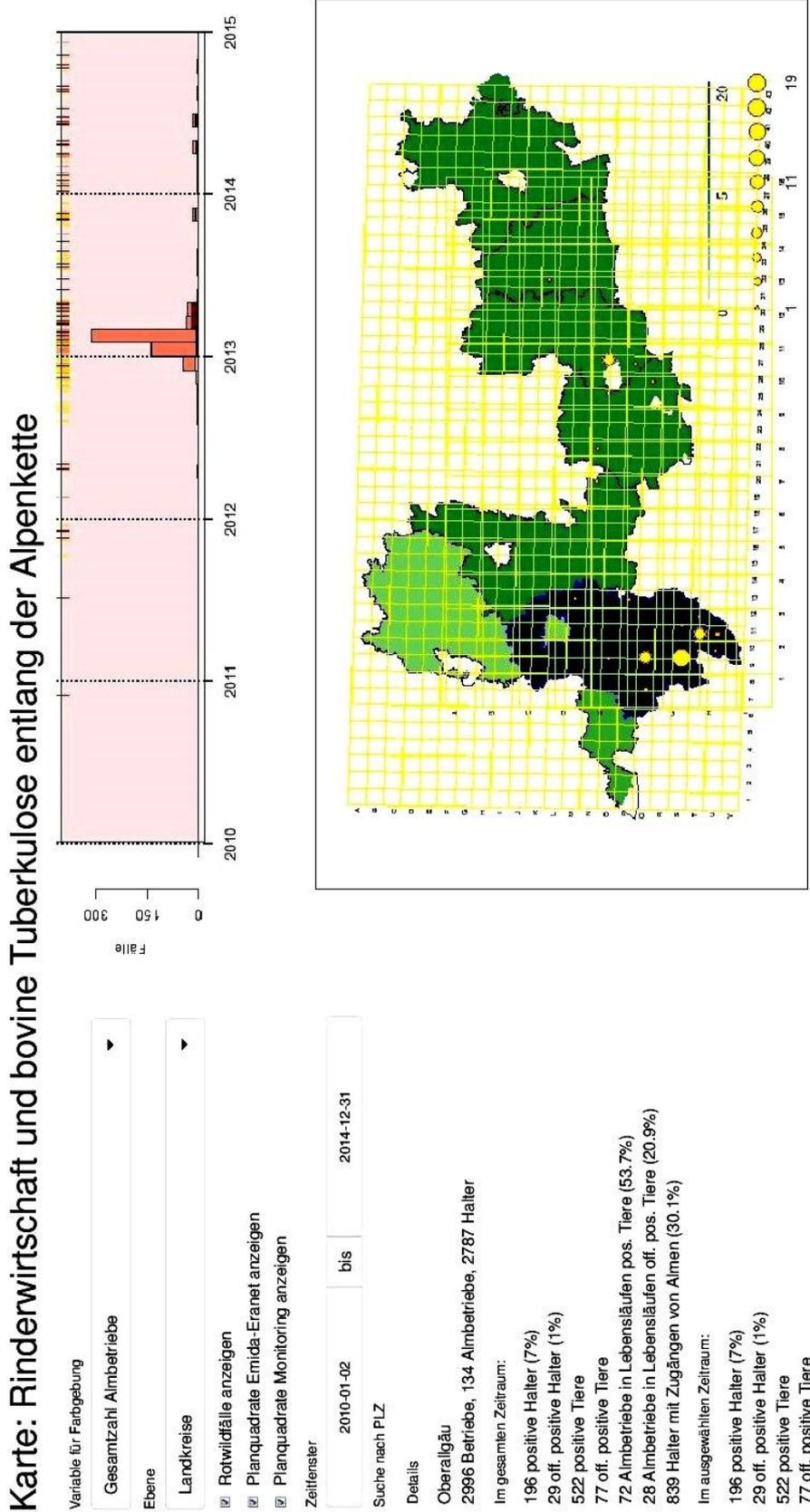
## 2. Verwendete Software bei der Datenanalyse

Sämtliche Auswertungen in dieser Arbeit wurden mithilfe der Programmiersprache R erstellt (R CORE TEAM, 2014). Dabei waren einige R-Pakete von zentraler Bedeutung:

- *data.table*: Die Bearbeitung großer Datenmengen wurde durch das R-Paket *data.table* erleichtert (R CORE TEAM, 2015).
- *gtools*: Bei der Erstellung des Kontakte-Datensatzes wurde das R-Paket *gtools* genutzt (R CORE TEAM, 2015).

- *igraph*: Dieses umfangreiche Paket von CSARDI und NEPUSZ (2006) bietet Möglichkeiten zur Verarbeitung, Analyse und grafischen Darstellung von Netzwerken.
- *Shiny*: Alle interaktiv modifizierbaren Applikationen wurden in dieser Studie mithilfe des R-Paketes *Shiny* umgesetzt. Jede *Shiny*-Applikation setzt sich aus drei Teilen zusammen: den Server-Input-Dateien in Form von R-Codes (mehrere möglich), dem Server-Code zum Laden der Input-Dateien (*server.R*) und dem Code zur Erstellung der Benutzeroberfläche („user interface“, *ui.R*). *Shiny* ermöglicht das Steuern und interaktive Gestalten in R erstellter Auswertungen durch eine Oberfläche in einem Webbrowser. Im Rahmen dieser Arbeit wurden drei Aspekte der Auswertung (Geografische Deskription, Netzwerkvisualisierung, Betrachtung von Zentralitätsmaßen) in dieser Form umgesetzt.
- *shapefiles*, *mapprools*, *SDMTools* und *RColorBrewer*: Bei der Vorbereitung der Landkarten und deren Visualisierung in Form einer Applikation wurden diese R-Pakete (R CORE TEAM, 2015) verwendet.
- *colorRamps* wurde bei der Visualisierung der Netzwerke in Form einer *shiny*-Applikation verwendet.

### 3. Applikation zur geografischen Deskription



**Abb. 33: Beispiel für Einstellung der Applikation zur geografischen Deskription: Farbintensität der grünen Farbe in Abhängigkeit zur Anzahl der in der HIT erfassten Almbetriebe auf LKR-Ebene (2010-2014), Größe der gelben Kreise in Abhängigkeit zur Anzahl der TB-Fälle beim Rotwild, LKR OA für detaillierte Informationen selektiert (blau umrandet links im Bild), Planquadratrate aus EMIDA-ERA-Net-Studie (weiter südlich reichend) und bayerischem Rotwildmonitoring sowie TB-Fälle beim Rotwild (gelb) eingezeichnet**

## 4. Applikation zur Exploration der Zentralitätsmaße

### Zentralitätsmaße zum Handelsnetzwerk

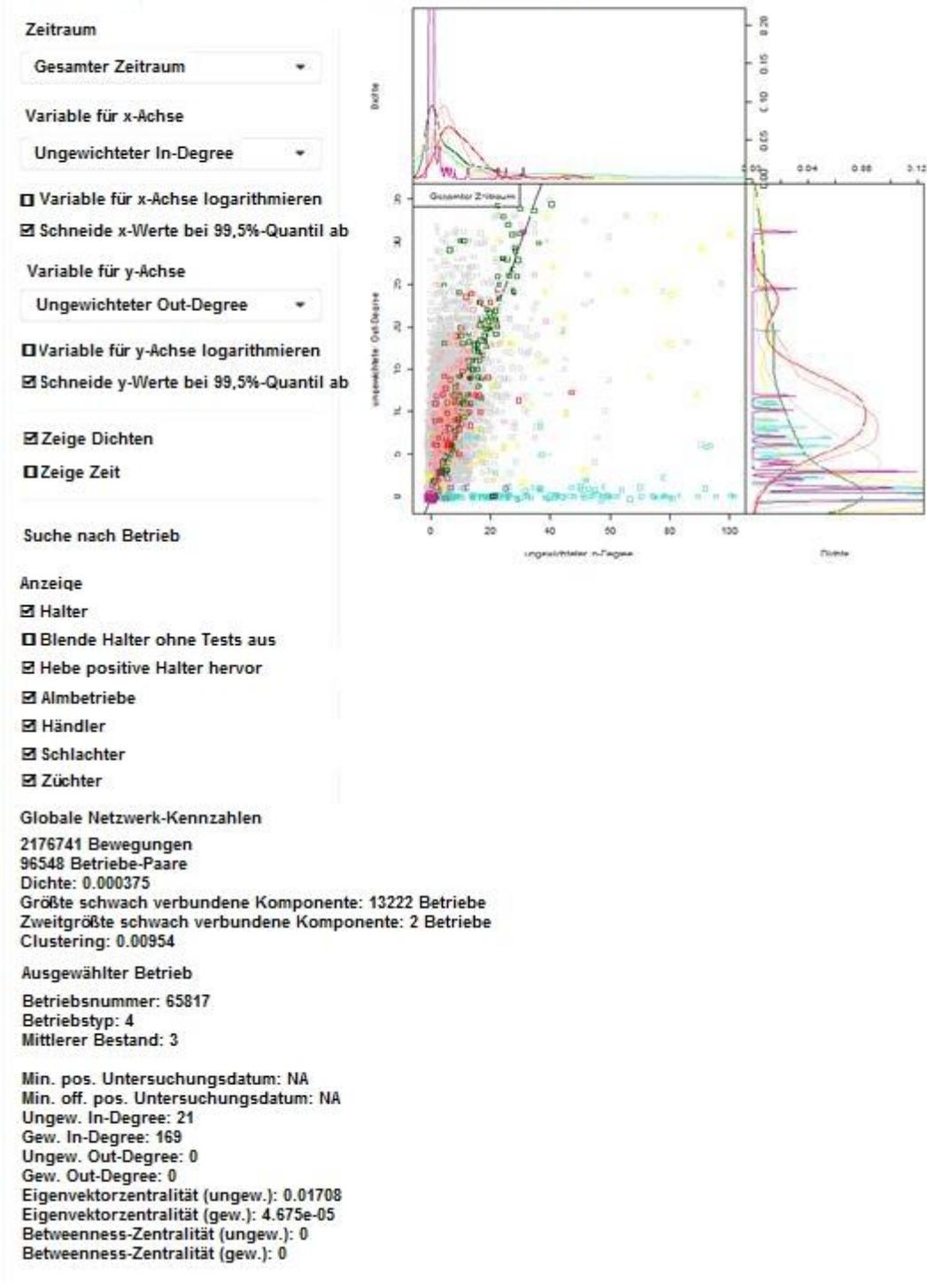


Abb. 34: Beispiel für Einstellung der Applikation zur Exploration der Zentralitätsmaße: gewählte Variable für x-Achse: ungewichteter In-Degree; gewählte Variable für y-Achse: ungewichteter Out-Degree; beide Werte bei jeweiligem 99,5 %-Quantil abgeschnitten, Kerndichteschätzer für Verteilungen der Variablen aktiviert; alle Betriebstypen aktiviert, Halter ohne Testergebnisse eingblendet

## 5. Applikation zur Visualisierung der Netzwerke

Kontakt- und Handelsnetzwerk: Positive / off. positive Tiere

**Anzeige**

Tier-Kontakt-Netzwerk

Betriebe-Transporte-Netzwerk

Zeit

Zuchtbetriebe hervorheben

Schlachtbetriebe hervorheben

Händler hervorheben

Almbetriebe hervorheben

**Zeitraum**

2010-01-02 bis 2014-12-31

< > < >

**Mutmaßlicher infektiöser Zeitraum**

Suche Betrieb

Suche Tier

Fälle

0 150

**Tiere-Kontakte-Netzwerk**

**Tierbewegungen zwischen Betrieben**

**Seed für Layout**

Aufenthalt im selben Betrieb (positive Tiere)

Aufenthalt im selben Betrieb (positive Tiere, infektiöser Zeitraum)

Aufenthalt im selben Betrieb (offiziell positive Tiere)

Aufenthalt im selben Betrieb (offiziell positive Tiere, infektiöser Zeitraum)

**Maximaler Abstand zwischen Aufenthalten**

Pfeile anzeigen

Nur offiziell positive Tiere zeigen

**Knotenabstoßung**

1 3 5

1 2 3 4 5

**Farbgebung**

\* Infektionsstatus

o Betrieb

Seed für Layout

Layout anpassen

Lebensläufe

Positive

Positiv und infektiöser Zeitraum

Offiziell positiv

Offiziell positiv und infektiöser Zeitraum

Pfeile anzeigen

Nur offizielle positive Betriebe anzeigen

**Seed für Layout**

Layout anpassen

**Abb. 35: Oberfläche der NW-App; Einstellungen: Kontakt-NW auf direkte Kontakte positiver Tiere beschränkt, Handels-NW mit Darstellung aller Bewegungen zwischen LLF-Betrieben, davon Bewegungen positiver Tiere hervorgehoben; gesamter Untersuchungszeitraum gewählt**

Abb. 35 zeigt die Oberfläche der Applikation, welche aus drei Plots besteht:

- Zeitleiste: Histogramm über Auftreten positiver (hellrot) und offiziell positiver (dunkelrot) TB-Befunde;  
pro Rind jeweils erstes positives Testdatum
- Suchfunktion für Betrieb/Tier
- Tier-Kontakte-NW: NW der Kontakte (= zeitgleiche Aufenthalte im selben Betrieb) zwischen (offiziell) positiven Rindern
- Betriebe-Handels-NW: NW der Tierbewegungen zwischen Betrieben aus LLF positiver Tiere

Folgende globalen Einstellungsmöglichkeiten beeinflussen die Ausgabe beider NW-Plots:

- Hervorhebung der zu einem bestimmten Betriebstyp gehörenden Knoten (Handels-NW) bzw. Kanten (Kontakt-NW)
- Wahl eines Zeitfensters: Beschränkung auf Kontakte/Bewegungen, welche innerhalb des gewählten Zeitfensters stattgefunden haben
- Festlegung des mutmaßlichen infektiösen Zeitraumes (MIZ), standardmäßig auf 365 Tage gesetzt

Beim Tierkontakte-NW können außerdem folgende Einstellungen vorgenommen werden:

- Farbgebung:
  - Infektionsstatus: s.u. (Unterpunkt Schichten)
  - Betrieb: Kontakte, welche auf dem selben Betrieb stattgefunden haben, in einer Farbe dargestellt
- Schichten (falls Farbgebung entsprechend Infektionsstatus gewählt): je nach Infektionsstatus und Eintritt der beteiligten Tiere in den MIZ können verschiedene Schichten gewählt werden, welche die Farbgebung definieren (siehe Beispiel zu Grafik B in Abb. 2)
- Wahl des maximalen Abstandes zwischen den dargestellten Aufenthalten in Tagen; standardmäßig auf Null gesetzt (= direkte Kontakte), positive Werte berücksichtigen auch indirekte Kontakte im Sinne zeitversetzter Aufenthalte auf dem selben Betrieb
- Anzeige der Pfeile der Kanten; nur bei Betrachtung indirekter Kontakte sinnvoll, um anzuzeigen, welche Ansteckungsrichtung aufgrund der zeitlichen Struktur möglich ist
- Beschränkung auf die Anzeige offiziell positiver Tiere, sodass lediglich positiv getestete Tiere per Definition isoliert liegen
- Definition der Werte für Knotenabstoßung im verwendeten Spring-Embedder-Algorithmus (Fruchterman-Reingold) (THE IGRAPH CORE TEAM, 2014)
- Auswahl des Startwertes („Seed“) für den Layout-Algorithmus; zum Zweck besserer Reproduzierbarkeit

Beim Betriebe-Handelsnetzwerk können eingestellt werden:

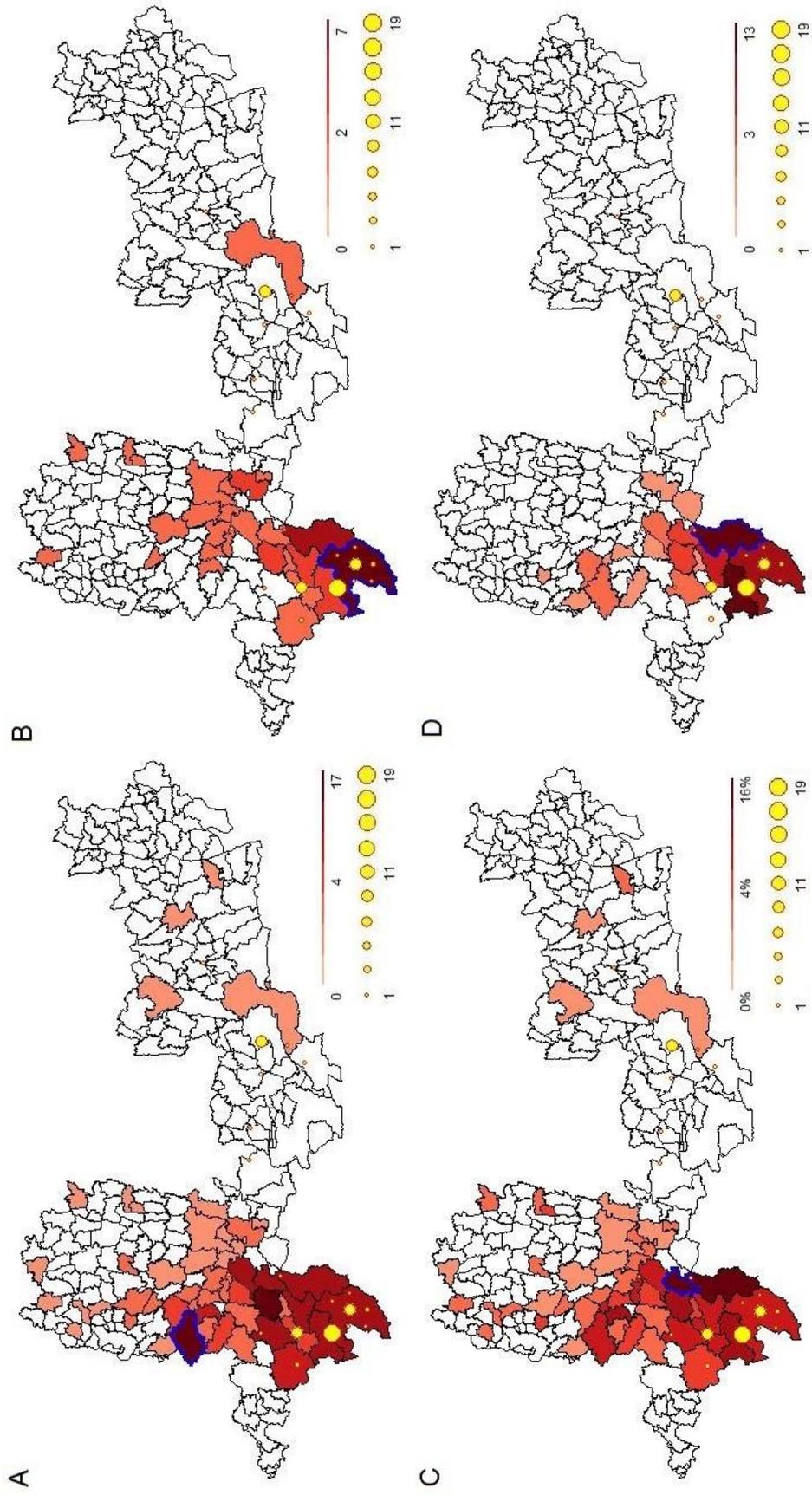
- Schichten:  
analog zum Schichten im Tierkontakte-NW, siehe Beispiel zu Grafik A in Abb. 2;

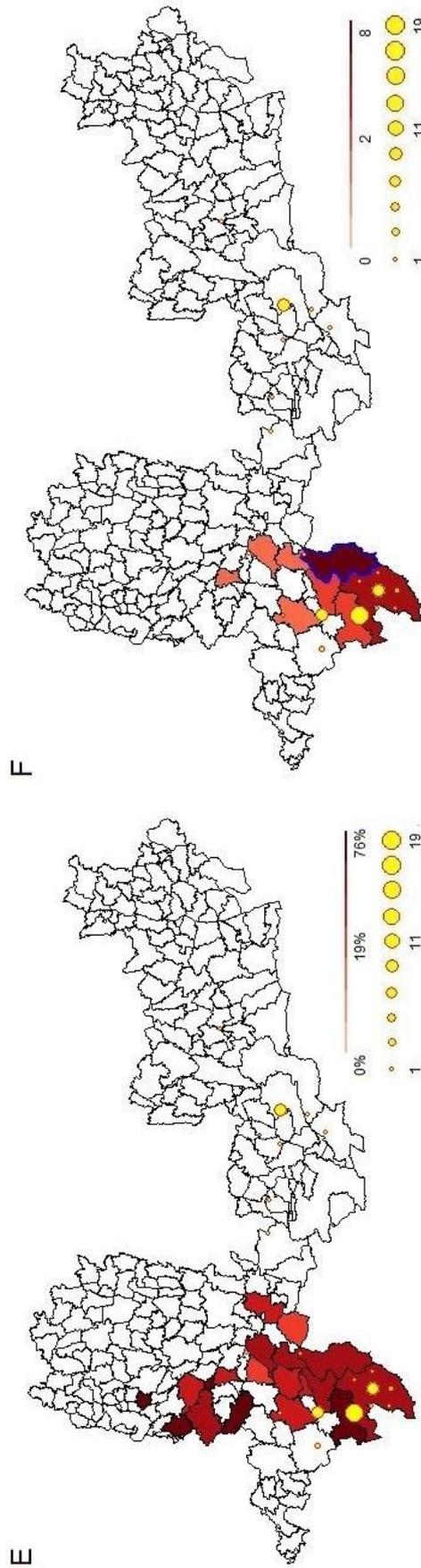
---

zusätzlich zu den Bewegungen der (offiziell) positiven Tiere sind alle Tierbewegungen zwischen den LLF-Betrieben einstellbar (Farbe hellgrau)

- Anzeige der Pfeile der Kanten; standardmäßig aktiviert
- Hervorheben von offiziell positiven Betrieben
- Auswahl des Startwertes („Seed“) für den Layout-Algorithmus

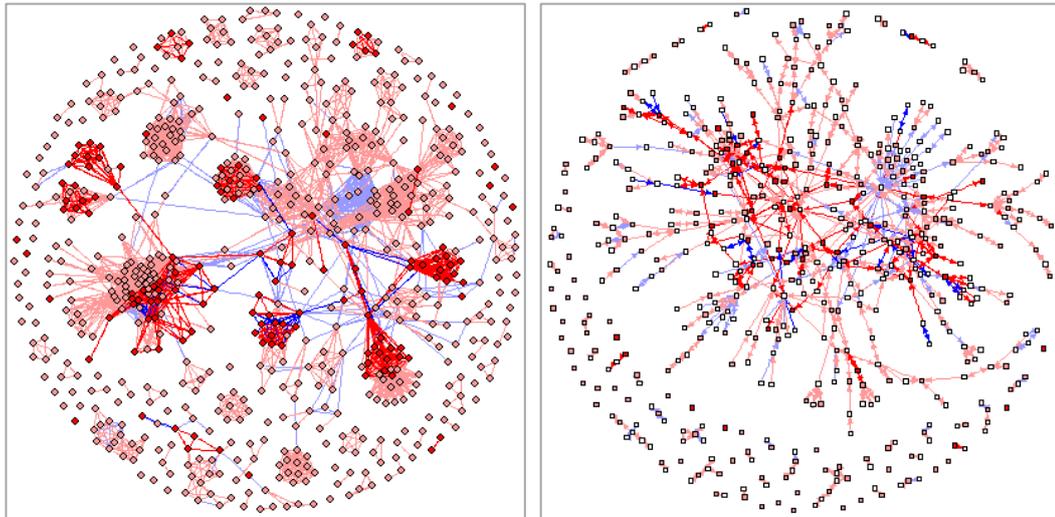
6. Ergänzung zur geografischen Deskription der Daten



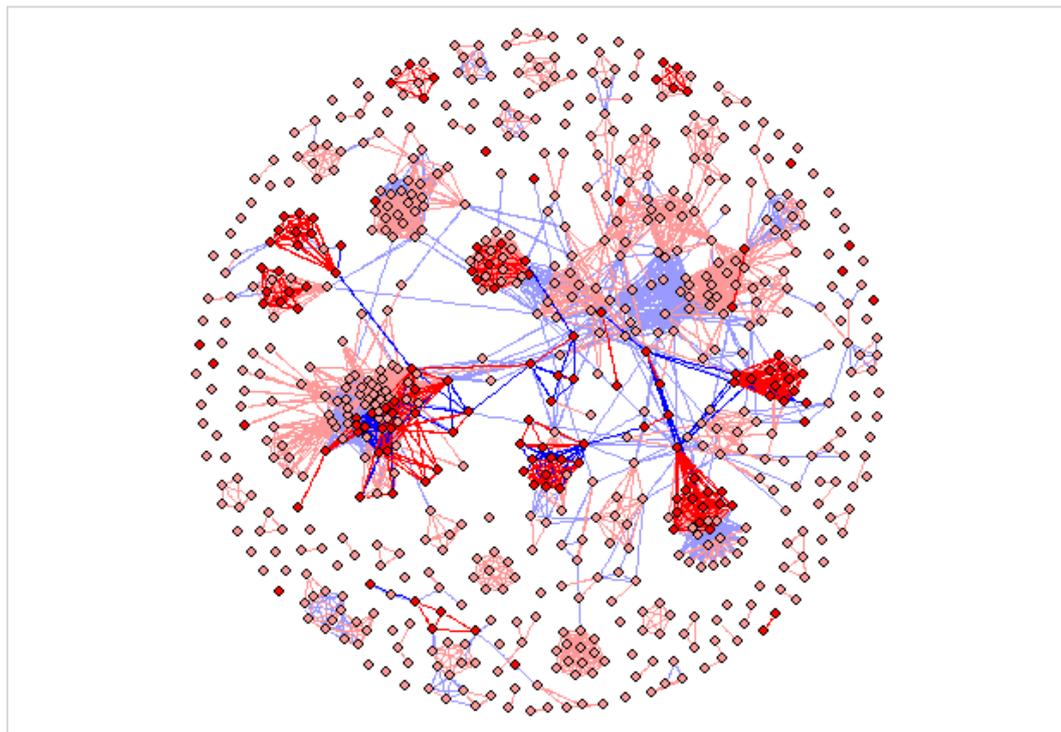


**Abb. 36: Anzahl positiver (A) und offiziell positiver (B) Halter; prozentualer Anteil positiver Rinderhalter (C); Anzahl (D) und Anteil (E) positiver Almbetriebe (= in LLF positiver Rinder vorkommender Almbetriebe) sowie Anzahl offiziell positiver Almbetriebe (F; in LLF positiver Rinder vorkommender Almbetriebe) (für 2010-2014); TB-Fälle beim Rotwild (gelb; A-F); Größe der gelben Kreise in Abhängigkeit zur Anzahl der TB-Fälle beim Rotwild, Farbintensität der roten Farbe in Abhängigkeit zur Höhe des Wertes der jeweiligen Variable, blau umrandet jeweils das PLZ-Gebiet mit dem höchsten Wert der betrachteten Variable**

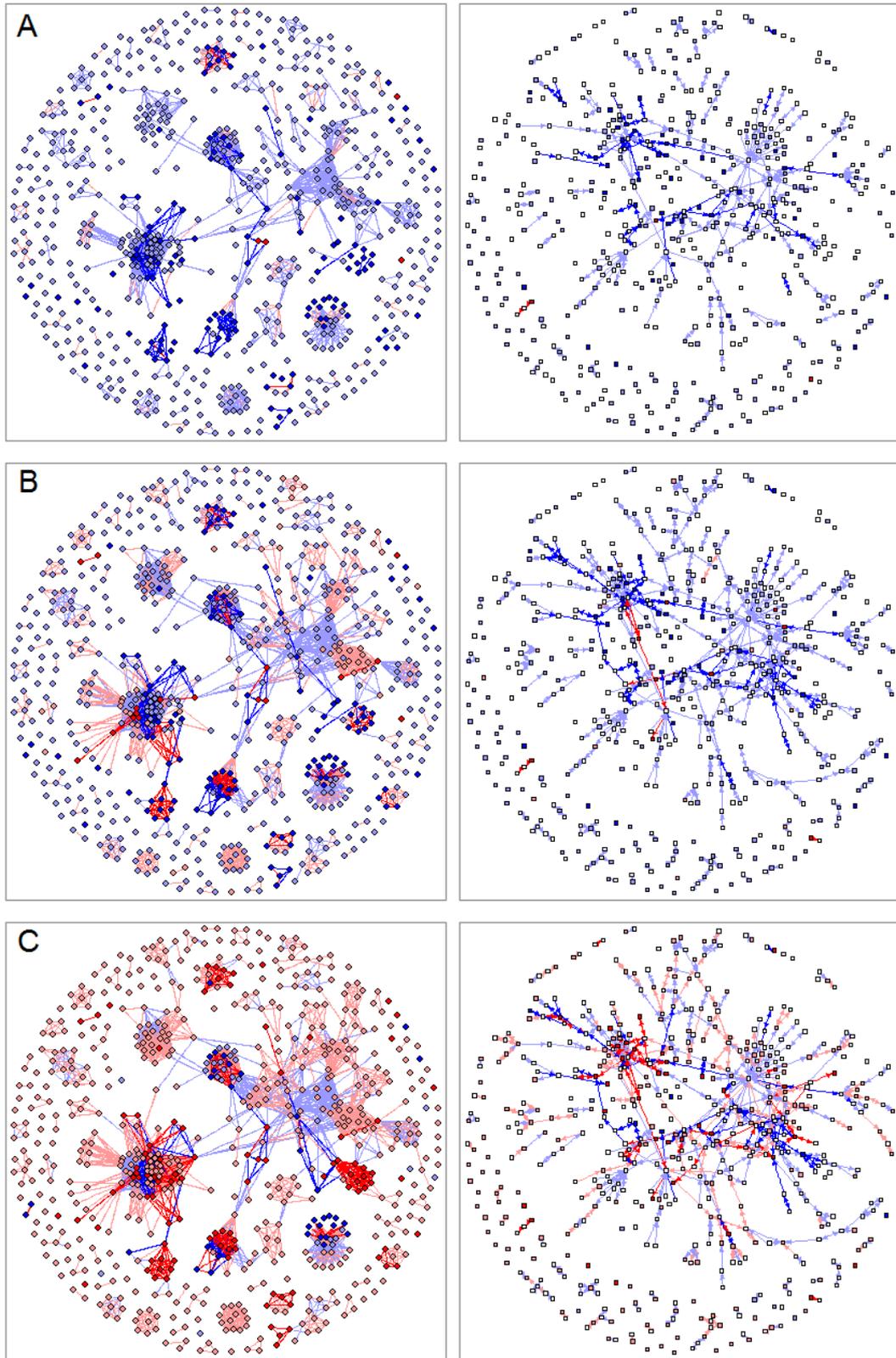
## 7. Ergänzung zur Visualisierung der Netzwerke

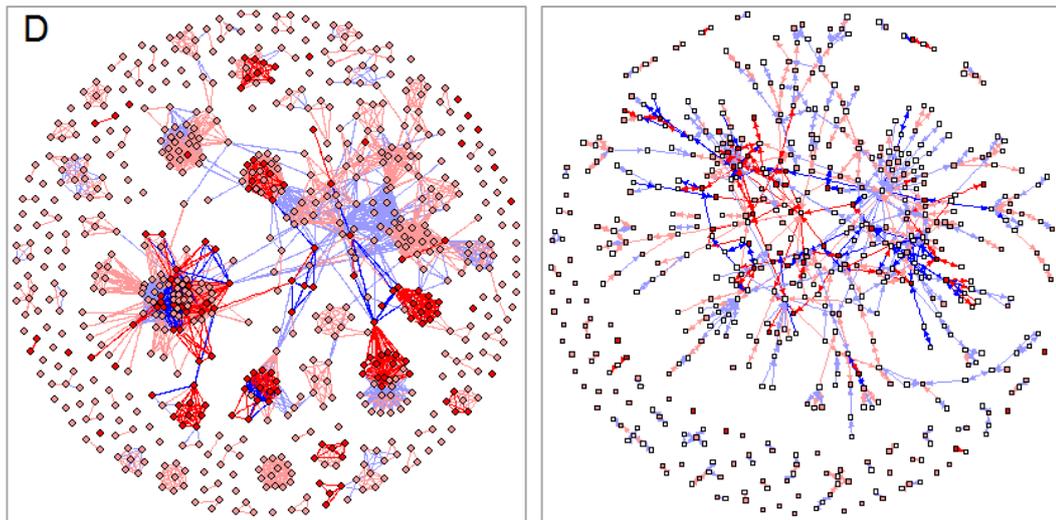


**Abb. 37: Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); Kontakte/Bewegungen positiver (hellblaue/-rote Kanten) und offiziell positiver Rinder (dunkelblaue/-rote Kanten) dargestellt, mutmaßlicher infektiöser Zeitraum (MIZ) von 730 Tagen berücksichtigt, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**



**Abb. 38: Kontakt-NW; Kontakte positiver und offiziell positiver Rinder dargestellt, MIZ von einem Jahr berücksichtigt, zusätzlich zu direkten auch indirekte Kontakte mit bis zu 30 Tagen Differenz zwischen den Aufenthalten berücksichtigt, gesamter Untersuchungszeitraum von 2010 bis 2014 gewählt**





**Abb. 39: Zeitliche Exploration von Kontakt-NW (links) und Handels-NW (rechts); Kontakte/Bewegungen positiver und offiziell positiver Rinder dargestellt, MIZ berücksichtigt, Beschränkung des betrachteten Zeitraumes auf die Jahre 2010 (A), 2010 und 2011 (B), 2010 bis 2012 (C) und 2010 bis 2013 (D)**

## 8. Legende

### Durchgehend verwendete Farbschemata

#### Betriebstypen:

	Almbetriebe		Händler
	Viehhalter		Schlachtbetriebe
	Sammelkategorie Zuchtbetriebe		

#### Infektionsstatus in Diagrammen:

	negative Betriebe/Tiere/Befunde
	fragliche Betriebe/Tiere/Befunde
	positive Betriebe/Tiere/Befunde
	offiziell positive Betriebe/Tiere/Befunde

#### Infektionsstatus in Netzwerken (MIZ/mutmaßlicher infektiöser Zeitraum berücksichtigt):

	positive Betriebe/Tiere/Bewegungen
	positive Betriebe/Tiere/Bewegungen im MIZ
	offiziell positive Betriebe/Tiere/Bewegungen:
	offiziell positive Betriebe/Tiere/Bewegungen im MIZ:

### Netzwerkanalyse – Begriffe und deren konkrete Anwendung

#### Zentralität eines Knotens:

- (Gewichteter) Grad Anzahl der (gewichteten) Kontakte (=Kanten) eines Knotens
- (Gew.) In-Degree (Gewichtete) Anzahl der bei einem Knoten eintreffenden Kontakte
- (Gew.) Out-Degree (Gewichtete) Anzahl der von einem Knoten ausgehenden Kontakte
- Betweenness Anzahl der geodätischen Pfade über einen Knoten
- Eigenvektor Werte des ersten Eigenvektors der Adjazenzmatrix A eines Knotens  
(= Maßzahl, die neben den eingehenden Kontakten auch die Zentralität der direkten Kontaktknoten eines Betriebes berücksichtigt)

#### Konzepte von Subgruppen:

- Komponenten Segmente eines Netzwerkes, die nur untereinander verbunden sind
- Riesenkomponente Komponente, die die Mehrzahl der Knoten eines Netzwerkes vereint

## X. DANKSAGUNG

Allen, die mich bei der Erstellung dieser Arbeit in irgendeiner Weise unterstützt haben, möchte ich ganz herzlich danken.

Diese Studie war nur durch eine interdisziplinäre Zusammenarbeit von verschiedenen Wissenschaftlern und Instituten und deren intensive fachliche Unterstützung möglich.

Mein besonderer Dank gilt dabei meiner Betreuerin, Frau Dr. Carola Sauter-Louis, die quasi rund um die Uhr ein offenes Ohr für meine fachlichen Fragen und „Notfälle“ hatte und mich in jeder Hinsicht unterstützt hat. Ganz herzlich möchte ich mich auch bei meiner Doktormutter Prof. Gabriela Knubben-Schweizer für die Betreuung und Unterstützung bedanken. Jegliche bürokratischen Hindernisse bei dieser Studie hat Susanne Thubauville im Sekretariat erfolgreich umschifft, vielen Dank auch dafür.

Ein ganz herzliches Dankeschön möchte ich auch Johannes Bracher und Lena Straub vom Institut für Statistik der LMU München aussprechen, die mich im Rahmen eines Consulting-Projektes bei der Datenaufbereitung, -analyse und der Implementierung der *Shiny*-Applikationen unterstützt haben und das Endergebnis auch noch Korrektur gelesen haben. Viele lange Stunden und E-Mails sind in unsere Diskussionen über das beste Modell und die optimale Darstellung geflossen – danke für dieses außergewöhnliche Engagement, ohne euch sähe das Endergebnis dieser Arbeit sicherlich anders aus.

Danken möchte ich auch den Mitarbeitern der HIT/ZID-Zentrale im bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, die meine ersten Schritte in der Welt der Informatik und des Programmierens begleitet und mir diese Zeit der Datenakquise viel angenehmer gemacht haben als ich befürchtet hatte. Hier sind insbesondere Helmut Hartmann, Ralph Reuchlein und Frau Dr. Kaja Kokott zu nennen. Generell bin ich dem bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten zu großem Dank verpflichtet für die Finanzierung dieser Studie, aber auch für die Bereitstellung eines Arbeitsplatzes im Ministerium für die Zeit der Datenakquise.

Danken möchte ich auch Sara Schärler – zu der Zeit am Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen in Bern beschäftigt – und Dr. Hartmut Lentz vom FLI in Riems für die konstruktive Kritik und hilfreiche Diskussionen bei der Entwicklung dieser Studie. Vielen Dank auch den Mitarbeitern des Institutes für Epidemiologie des FLI für wertvolle Anregungen und die herzliche Aufnahme während meiner Arbeitsaufenthalte auf der Insel Riems.

Prof. Dr. Dr. Mathias Büttner, Dr. Matthias Müller und Dr. Angela Hafner-Marx vom Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit in Oberschleißheim bzw. Erlangen gilt mein Dank für die Bereitstellung der Daten zum Rotwild aus dem EMIDA-ERA-Net-Projekt und dem bayerischen TB-Monitoring.

Bedanken möchte ich mich auch bei allen meinen Kollegen und Mitdoktoranden an der Klinik für Wiederkäuer in Oberschleißheim, die meine Zeit an der Klinik und insbesondere auch im Stall zu einer unvergesslichen gemacht haben. Eine so gute Stimmung im Team ist wirklich nicht selbstverständlich, ich bin sehr dankbar dafür! Besonders das höchst unterhaltsame Üben von Vorträgen mit meiner Kollegin Valerie-Beau Pucken ist mir in bester Erinnerung.

Danke auch an alle meine Freunde, die mir in Frustphasen zugehört und mich aufgemuntert haben und Shari und Teresa zusätzlich für das Korrekturlesen. Auch meinem Freund Markus danke ich von Herzen für die moralische Unterstützung, wenn es mit der Dissertation mal wieder nicht so voranging wie gewünscht.

Zu guter Letzt möchte ich mich bei meinen Eltern bedanken, die immer für mich da waren und insbesondere bei meinem Vater, der oft sehr spontan Vorträge und vorläufige Versionen der Dissertation Korrektur gelesen hat. Ich hoffe, dass ich euch an entsprechender Stelle genauso zur Seite stehen kann wie ihr es bei mir getan habt.