

## Die Salamanderpest: Charakterisierung, aktuelle Situation in Deutschland, Handlungsempfehlungen

Philipp Böning<sup>1\*</sup>, Amadeus Plewnia<sup>1</sup>, Jonas Virgo<sup>2</sup>, Judith Adam<sup>3</sup>, Niklas Banowski<sup>4</sup>, Sabrina Bleidißel<sup>5</sup>, Nadja Dabbagh<sup>5</sup>, Lutz Dalbeck<sup>6</sup>, Heidrun Düssel<sup>6</sup>, Svenja Ellwart<sup>1</sup>, Lara Feiler<sup>1</sup>, Viktoria Ferner<sup>1</sup>, Maximilian Fischer<sup>5</sup>, Lara Gemeinhardt<sup>3,7</sup>, Maike Guschal<sup>8</sup>, Arno Geiger<sup>9,10</sup>, Günter Hansbauer<sup>11</sup>, Meike Hechinger<sup>12</sup>, Tobias Hildwein<sup>1</sup>, Anika Hirz<sup>9</sup>, Malvina Hoppe<sup>13</sup>, Laura Jung<sup>14</sup>, Matthias Jurczyk<sup>15</sup>, Kai Kirst<sup>8</sup>, Alexander Kupfer<sup>16,17</sup>, Dominik Werner Melville<sup>18</sup>, Gerd Odenwälder<sup>12</sup>, Dagmar Ohloff<sup>6</sup>, Martin Peters<sup>19</sup>, Kathleen Preissler<sup>3</sup>, Max Prietzel<sup>20</sup>, Timm Reinhardt<sup>3,21</sup>, Martin Schlüpmann<sup>22</sup>, Michael Schneider<sup>23</sup>, Ralf Schreiber<sup>24</sup>, Ulrich Schulte<sup>25</sup>, Vanessa Schulz<sup>26</sup>, Maximilian Schweinsberg<sup>27</sup>, Horst Schwemmer<sup>28</sup>, Simone Sommer<sup>18</sup>, Sebastian Steinfartz<sup>3</sup>, Jürgen Thein<sup>29</sup>, Sönke Twietmeyer<sup>30</sup>, Miguel Vences<sup>26</sup>, Felix Vogt-Pokrant<sup>31</sup>, Norman Wagner<sup>32</sup>, Josef Wegge<sup>8</sup>, Hans-Peter Ziemek<sup>14</sup>, Michael Veith<sup>1</sup> & Stefan Lötters<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Biogeographie, Universität Trier, Universitätsring 15, D-54296 Trier; <sup>2</sup>Evolutionsökologie und Biodiversität der Tiere, Ruhr-Universität Bochum, Universitätsstraße 150, D-44780 Bochum; <sup>3</sup>Molekulare Evolution und Systematik der Tiere, Universität Leipzig, Talstraße 33, D-04103 Leipzig; <sup>4</sup>Tölzerstraße 42, D-82544 Egling; <sup>5</sup>Biologie und ihre Didaktik/Zoologie, Bergische Universität Wuppertal, Gaußstraße 20, D-42119 Wuppertal; <sup>6</sup>Biologische Station im Kreis Düren e. V., Zerkaller Straße 5, D-52385 Nideggen; <sup>7</sup>Biologische Station Westliches Ruhrgebiet e. V., Ripshorster Straße 306, D-46117 Oberhausen; <sup>8</sup>Biologische Station StädteRegion Aachen e. V. Zweifaller Straße 162, D-52224 Stolberg/Rheinland; <sup>9</sup>Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz (LANUV) NRW, Fachbereich 24 Artenschutz, Vogelschutzswarte, Artenschutzzentrum Metelen, Leibnizstraße 10, D-45661 Recklinghausen; <sup>10</sup>Gustavstraße 28, D-45661 Recklinghausen; <sup>11</sup>Calmbergstr. 15b, D-86159 Augsburg; <sup>12</sup>Landratsamt Bodenseekreis, Umweltschutzamt, Albrechtstraße 77, D-88045 Friedrichshafen, Deutschland; <sup>13</sup>Landesbund für Vogel- und Naturschutz in Bayern e. V., Eisvogelweg 1, D- 91161 Hilpoltstein; <sup>14</sup>Institut für Biologiedidaktik, Justus-Liebig-Universität Gießen, Karl-Glöckner-Str. 21c, D-35394 Gießen; <sup>15</sup>Deutsche Gesellschaft für Herpetologie und Terrarienkunde (DGHT) e. V., Vogelsang 27, D-31020 Salzhemmendorf; <sup>16</sup>Abteilung Zoologie, Herpetologie, Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, D-70191 Stuttgart; <sup>17</sup>Institut für Biologie, Universität Hohenheim, Garbenstraße 30, D-70599 Stuttgart; <sup>18</sup>Institut für Evolutionsökologie und Wildtiergenomik, Albert-Einstein-Allee 11, D-89081 Ulm; <sup>19</sup>Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Westfalen, Zur Taubeneiche 10-12, D-59821 Arnsberg; <sup>20</sup>Bayerisches Landesamt für Umwelt, Bürgermeister-Ulrich-Straße 160, D-86179 Augsburg; <sup>21</sup>Bundesamt für Naturschutz, Zoologischer Artenschutz, Konstantinstraße 110, D-53179 Bonn; <sup>22</sup>Arbeitskreis Amphibien und Reptilien NRW, c/o M. Schlüpmann, Hierseier Weg 18, D-58119 Hagen; <sup>23</sup>Pfeiffermühle 3, D-87497 Wertach; <sup>24</sup>Bio-Büro Schreiber, Washingtonallee 33, D-89231 Neu-Ulm; <sup>25</sup>Büro für Faunistische Gutachten – Dr. Ulrich Schulte, Kaiserstraße 2, D-33829 Borgholzhausen; <sup>26</sup>Technische Universität Braunschweig, Zoologisches Institut, Mendelssohnstraße 4, D-38104 Braunschweig; <sup>27</sup>Zentrum für Wasser- und Umweltforschung (ZWU) Universität Duisburg-Essen, Universitätsstraße 2, D-45141 Essen; <sup>28</sup>BUND Naturschutz, Hessestraße 4, D-90443 Nürnberg; <sup>29</sup>Büro für Faunistik und Umweltbildung, Herrleinstraße 2, D-97437 Haßfurt; <sup>30</sup>Nationalparkverwaltung Eifel, Fachgebiet Forschung und Dokumentation, Urftseestraße 34, D-53937 Schleiden-Gemünd; <sup>31</sup>Regierung von Schwaben, Sachgebiet 51 (Naturschutz), Fronhof 10, D-86152 Augsburg; <sup>32</sup>Zweckverband Natura III-Theel, In der Meulwies 1, D-66646 Marpingen; \*) boening@uni-trier.de

### The Salamander plague: Characterization, current situation in Germany, recommendations for action

The pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*), one of the two amphibian chytrid fungi and the cause of the salamander plague, was introduced to Europe from Asia. Currently, *Bsal* outbreaks are known in the wild from > 130 sites in Belgium, Germany, Spain, and the Netherlands, with 88 % of them in Germany, where *Bsal* occurs at least since

2004. Here, *Bsal* is documented from four federal states, Bavaria, Hesse, North Rhine-Westphalia and Rhineland-Palatinate, with varying efforts invested in monitoring and conservation on the federal scale. We present detailed descriptions of the *Bsal* history for all German core areas affected based on the so far largest field-based dataset for *Bsal* (17,030 swabs, 48 % of these since 2020). It is undisputed that *Bsal* is rapidly spreading both locally and long-distance, but dispersal speed and mechanism remain little understood, as sites close to outbreaks can remain pathogen-free. In Germany, *Bsal* mainly affects *Salamandra salamandra*, in which it causes dramatic population declines. However, fire salamanders persist at most enzootic German outbreak sites in low abundance while few populations appear to have vanished. Causes for population survival remain enigmatic but potential resistance appears debateful. Locally, declines of *Triturus cristatus* are likely related to *Bsal*, although some individuals are able to clear infection in the wild. Other German newt species (*Ichthyosaura alpestris*, *Lissotriton helveticus*, *L. vulgaris*) are considered tolerant. Newts may act as important reservoirs and vectors; especially as prolonged infection has been observed. However, pathogen-host dynamics of most newts and anurans remain poorly understood. This emphasises the need to strengthen *Bsal* research, monitoring and to implement surveillance strategies on a national level.

**Key words:** Emerging infectious disease, salamander chytrid fungus, Caudata, amphibian decline, *Bsal* surveillance.

## Zusammenfassung

Der Erreger *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*), einer der beiden Amphibien-Chytridpilze und Verursacher der Salamanderpest, wurde aus Asien nach Europa eingeschleppt. Derzeit sind *Bsal*-Ausbrüche in freier Wildbahn an über 130 Standorten in Belgien, Deutschland, Spanien und den Niederlanden bekannt. 88 % davon liegen in Deutschland, wo der Pilz seit mindestens 2004 vorkommt. Innerhalb Deutschlands tritt der Pilz in den vier Bundesländern Bayern, Hessen, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz auf, wobei auf Bundesebene unterschiedliche Anstrengungen zur Überwachung und Erhaltung unternommen werden. Wir präsentieren hier detaillierte Beschreibungen der *Bsal*-Ausbreitungsgeschichte für alle betroffenen deutschen Kerngebiete auf der Grundlage des bisher größten feldbasierten Datensatzes für *Bsal* (17030 Abstriche, 48 % davon seit 2020). Es ist unbestritten, dass sich der Pilz sowohl lokal als auch über weite Entfernungen schnell ausbreitet, aber die Ausbreitungsgeschwindigkeit und -mechanismen sind nach wie vor wenig verstanden. In Deutschland befällt *Bsal* vor allem den Europäischen Feuersalamander (*Salamandra salamandra*), bei dem der Pilz zu dramatischen Bestandseinbrüchen führt. An den meisten enzootischen Ausbruchsorten in Deutschland gibt es jedoch weiterhin Feuersalamander in geringer Zahl, während nur wenige Populationen verschwunden zu sein scheinen. Die Gründe für das Überleben der Populationen sind nach wie vor rätselhaft, aber eine mögliche Resistenz scheint umstritten. Beim Kammmolch (*Triturus cristatus*) hängt der örtliche Rückgang wahrscheinlich mit *Bsal* zusammen, obwohl einige Individuen in der Lage sind, die Infektion in freier Wildbahn zu überleben. Andere deutsche Molcharten (*Ichthyosaura alpestris*, *Lissotriton helveticus*, *L. vulgaris*) gelten als tolerant. Molche können als wichtige Reservoirs und Vektoren fungieren, zumal eine langwierige Infektion beobachtet wurde. Die Erreger-Wirt-Dynamik der meisten Molche und Anuren ist jedoch nach wie vor kaum verstanden. Dies unterstreicht die Notwendigkeit, die *Bsal*-Forschung und -Überwachung zu verstärken und Maßnahmen zur Eindämmung national umzusetzen.

**Schlüsselbegriffe:** Neu auftretende Infektionskrankheiten, Salamanderpilz, Caudata, Amphibienrückgang, *Bsal*-Monitoring.

## Einleitung

In unserer globalisierten Welt sind neu auftretende, sich ausbreitende Infektionskrankheiten (sog. emerging infectious diseases, EID) zu zentralen Treibern des Biodiversitätsverlusts geworden (z. B. Daszak et al. 2000, Fisher et al. 2012, Sikes et al. 2018). Amphibien sind ein bekanntes Beispiel, vor allem wegen zweier pathogener Pilze der Gattung *Batrachochytrium* (Chytridiomycota), die bei diesen Tieren eine oft letale Hautkrankheit – die Chytridiomykose – verursachen können. Diese Erreger stammen vermutlich beide aus Asien und breiten sich in anderen Teilen der Welt aus, teils mit dramatischen Folgen für die regionale Amphibien-Vielfalt (Woodhams et al. 2011, van Rooij et al. 2015, O’Hanlon et al. 2018, Scheele et al. 2019).

Eines dieser Pathogene ist *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*), der Wissenschaft seit fast 3 Jahrzehnten bekannt. Es befällt Arten aus allen drei Amphibienordnungen. Populationsrückgänge und Aussterbeereignisse sind jedoch besonders bei Arten der beiden amerikanischen Kontinente und in Australien zu beklagen (z. B. Scheele et al. 2019). Menschengemachte Ausbreitungspfade wie der Tierhandel haben vermutlich zu einer globalen Verbreitung von *Bd* geführt (Fisher et al. 2012, Garner et al. 2016, Kok et al. 2022). Einige Amphibienarten werden jedoch offenbar nicht von diesem Erreger infiziert; man spricht von resistenten Arten (nach van Rooij et al. 2015). Andere können infiziert werden, ohne klinische Anzeichen zu entwickeln, und können so zu Reservoiren und Überträgern der Krankheit werden. Sie gelten als tolerant, während es im Gegensatz dazu bei *Bd*-sensiblen Amphibienarten in oftmals kurzer Zeit zu letalen Hautkrankungen kommen kann (nach van Rooij et al. 2015).

Der zweite amphibiopathogene Chytridpilz, *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*), ist erstmals 2013 von infizierten Schwanzlurchen in den Niederlanden beschrieben worden (Martel et al. 2013). Dieses Pathogen verbreitet sich bisher ausschließlich in Europa und befällt primär Schwanzlurche; der Erreger kann jedoch auf einigen Anuren-Taxa überleben (Martel et al. 2014, Nguyen et al. 2017, Stegen et al. 2017, Towe et al. 2021, Castro Monzon et al. 2023). In seinem vermuteten nativen Verbreitungsgebiet (China, Japan, Taiwan, Thailand, Vietnam) kommt *Bsal* an Schwanzlurchen vor, die als resistent oder tolerant gelten (Martel et al. 2014, Laking et al. 2017, Nguyen et al. 2017, Yuan et al. 2018). Dies steht in starkem Kontrast zu Feldbeobachtungen in Europa, wo *Bsal* invasiv ist. Hier befällt dieser Hautpilz bislang insbesondere den Feuersalamander (*Salamandra salamandra*) und verursacht eine erhebliche lokale Sterblichkeit (Martel et al. 2014, 2020, Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Stegen et al. 2017, Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2020a). Daher spricht man bei der *Bsal*-Chytridiomykose auch von der Salamanderpest (Stokstad 2014, Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2020a). In Deutschland hat die Zahl von *Bsal*-Ausbrüchen bei Feuersalamandern seit der Entdeckung rasant zugenommen (z. B. Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Dalbeck et al. 2018, Thomas et al. 2019, Lötters et al. 2018, 2020a). Da *Bsal* hochgradig infektiös und pathogen ist und alle einheimischen Vertreter der Salamandriden befallen kann, stellt dieser Erreger eine ernsthafte Bedrohung für die Schwanzlurchdiversität der westlichen Paläarktis dar. Möglichkeiten zur Eindämmung im Freiland sind demgegenüber begrenzt (Martel et al. 2014, 2020, Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Beukema et al. 2018, Thomas et al. 2019).

Da sich der Erreger kontinuierlich ausbreitet, ist hier eine Aktualisierung des bisherigen Kenntnisstandes (Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2018, 2020a, Schulz et al. 2018, 2020,

Wagner et al. 2019a, b, Schmeller et al. 2020, Thein et al. 2020, Hildwein et al. 2022, Böning et al. 2023, 2024) unter Berücksichtigung neuester Erkenntnisse zu *Bsal* dringend notwendig. Um ein aktuelles Gesamtbild zu schaffen, (1) fassen wir zunächst das Wissen zur Salamanderpest allgemein in Europa und dann (2) detailliert in Deutschland zusammen. Abschließend diskutieren wir (3) mögliche Handlungsempfehlungen.

## Die Salamanderpest in Europa

### Betroffene Länder und Taxa

Außerhalb Chinas, Japans, Taiwans, Thailands und Vietnams (Martel et al. 2014, Laking et al. 2017, Beukema et al. 2018, Yuan et al. 2018) ist *Bsal* in der freien Wildbahn aus Belgien, Deutschland, den Niederlanden und Spanien bekannt (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Stegen et al. 2017, Dalbeck et al. 2018, Thomas et al. 2019, Martel et al. 2020; Abb. 1). Zudem existiert ein Verdachtsfall aus Luxembourg (Porco et al. 2024) und Berichte aus der Terraristik weiterer europäischer Länder (s. u.). Seit seiner Entdeckung wurden im europäischen Verbreitungsgebiet des Erregers 137 Standorte mit *Bsal*-Nachweis registriert (Stand 20. Februar 2024). Die meisten Ausbrüche (89 %) befinden sich

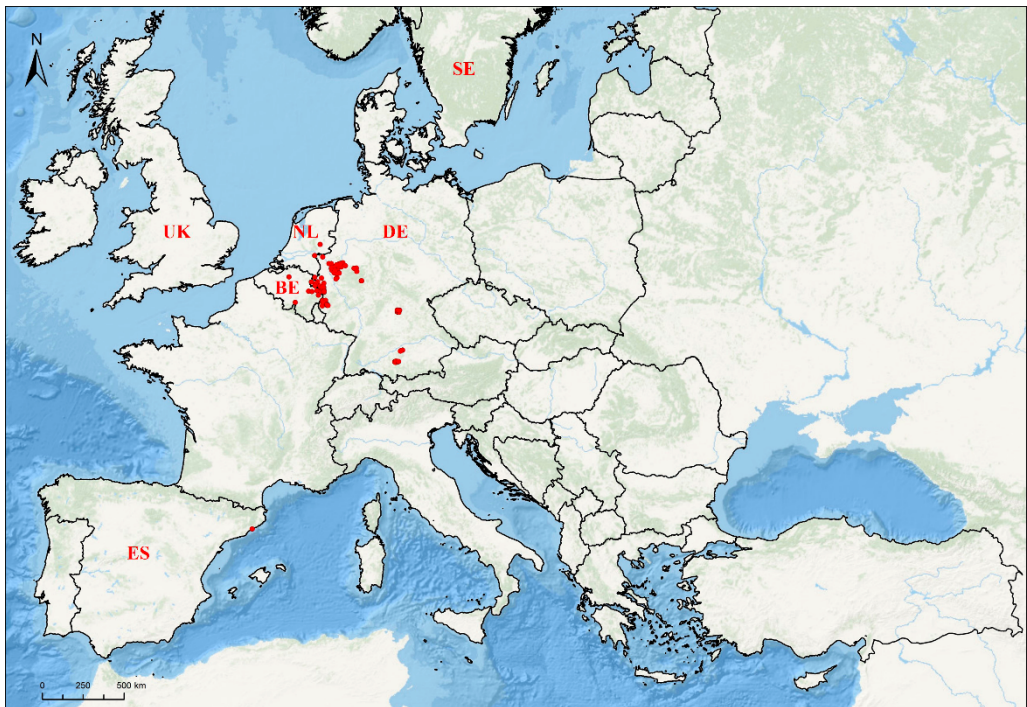


Abb. 1: Bekannte Verbreitung von *Bsal* in Europa. Nachweise im Freiland sind als rote Kreise dargestellt (Länder, aus denen *Bsal* in der Amphibienhaltung bekannt ist: DE = Deutschland, NL = Niederlande, SE = Schweden, ES = Spanien, UK = Vereinigtes Königreich). Nach den im Text zitierten Quellen. Known *Bsal* distribution in Europe. Records in the wild are indicated in red (Countries in which *Bsal* occurs in captivity: DE = Germany, NL = the Netherlands, SE = Sweden, ES = Spain, UK = United Kingdom). Data follows the references mentioned in the text.

in Deutschland (Abb. 1), was dieses Land global zu einem regelrechten *Bsal*-Hotspot macht (Lötters et al. 2020a).

In Europa sind *Bsal*-Infektionen bei folgenden Schwanzlurchen nachgewiesen worden: Feuersalamander, *S. salamandra* (BE, DE, ES, NL); Bergmolch, *Ichthyosaura alpestris* (BE, DE, NL); Fadenmolch, *Lissotriton helveticus* (DE, ES); Teichmolch, *L. vulgaris* (DE, NL); Anatolischer Kammolch, *Triturus anatolicus* (ES, wobei es sich hier um eine gebietsfremde Art handelt); Nördlicher Kammolch, *T. cristatus* (DE, NL); Marmorolch, *T. marmoratus* (ES) (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Stegen et al. 2017, Dalbeck et al. 2018, Lastra González et al. 2019, Wagner et al. 2019a, b, Lötters et al. 2020a, Martel et al. 2020).

In Luxemburg wurde möglicherweise *Bsal* durch Umwelt-DNA aus Wasserproben nachgewiesen; ein infiziertes Tier wurde bislang nicht gefunden (Porco et al. 2024). Simultan genommene Hautabstriche (A- und B-Proben) waren jedoch in unabhängig durchgeführten Laboruntersuchungen negativ (Porco et al. 2024, unpubl. Daten Universität Trier), sodass wir dieses Ergebnis gemäß den bestehenden Kriterien für *Bsal*-Neunachweise (vgl. Lötters et al. 2020a; s. u.) als Verdachtsfall einstufen.

Bei Felduntersuchungen in Europa wurde *Bsal* in Estland, Frankreich, Italien, Kroatien, Lettland, Montenegro, Österreich, Polen, der Schweiz, der Slowakei, Slowenien und der Tschechischen Republik bisher nicht nachgewiesen. Dies lässt darauf schließen, dass der Erreger in diesen Ländern wahrscheinlich momentan nicht vorkommt (Parrott et al. 2017, Baláz et al. 2018, EFSA AHAW et al. 2018, Grasselli et al. 2019, Lastra González et al. 2019, Thomas et al. 2019, Kostanjšek et al. 2021, Saare et al. 2021, Kulikova et al. 2022, Muller et al. 2022, Dondero et al. 2023). In ähnlicher Weise wurde bei einem groß angelegten Screening im Vereinigten Königreich kein *Bsal* bei freilebenden Amphibien nachgewiesen, obwohl der Erreger dort in der Tierhaltung vorkommt (vgl. Cunningham et al. 2019).

Zusätzlich wurde *Bsal* auch in Amphibienhaltungen in Deutschland, den Niederlanden, in Spanien und in Schweden bestätigt (Cunningham et al. 2015, Sabino-Pinto et al. 2015, 2018; Abb. 1). Weitere *Bsal*-Screenings mit ausschließlich negativen Ergebnissen in der Tierhaltung erfolgten in Frankreich, Spanien, Slowenien und in einzelnen Bundesländern in Deutschland (Marquis et al. 2019, Jung et al. 2020, Kostanjšek et al. 2021, Thumsová et al. 2021). Eine detaillierte Auflistung von im Freiland und in der Terraristik positiv getesteten Arten sowie von Arten, die im Labor mit *Bsal* infiziert werden konnten, geben Gilbert et al. (2020) und Castro Monzon et al. (2023).

## Entdeckung und Ausbreitung

*Bsal* wurde erstmals in der niederländischen Feuersalamander-Population im Bunderbos (Provinz Zuid-Limburg) entdeckt, wo ab 2010 eine Mortalität von > 95 % zu einem Zusammenbruch der Population führte (Spitzen-van der Sluijs et al. 2013, 2016, 2018). Ab 2014 beziehungsweise 2015 wurden erstmals Rückgänge von Feuersalamander-Populationen und Nachweise von *Bsal* aus Belgien und Deutschland gemeldet (Martel et al. 2014, Spitzen-van der Sluijs et al. 2016). In den Folgejahren ist *Bsal* an weiteren Stellen in Belgien, Deutschland und den Niederlanden nachgewiesen worden, auch an Molchen (s.u., Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, FOD 2017, Stegen et al. 2017, Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2018, 2020a, Schulz et al. 2018, 2020, Wagner et al. 2019a, b, Schmeller et al. 2020, Thein et al. 2020, Böning et al. 2023). Als bislang viertes europäisches Land

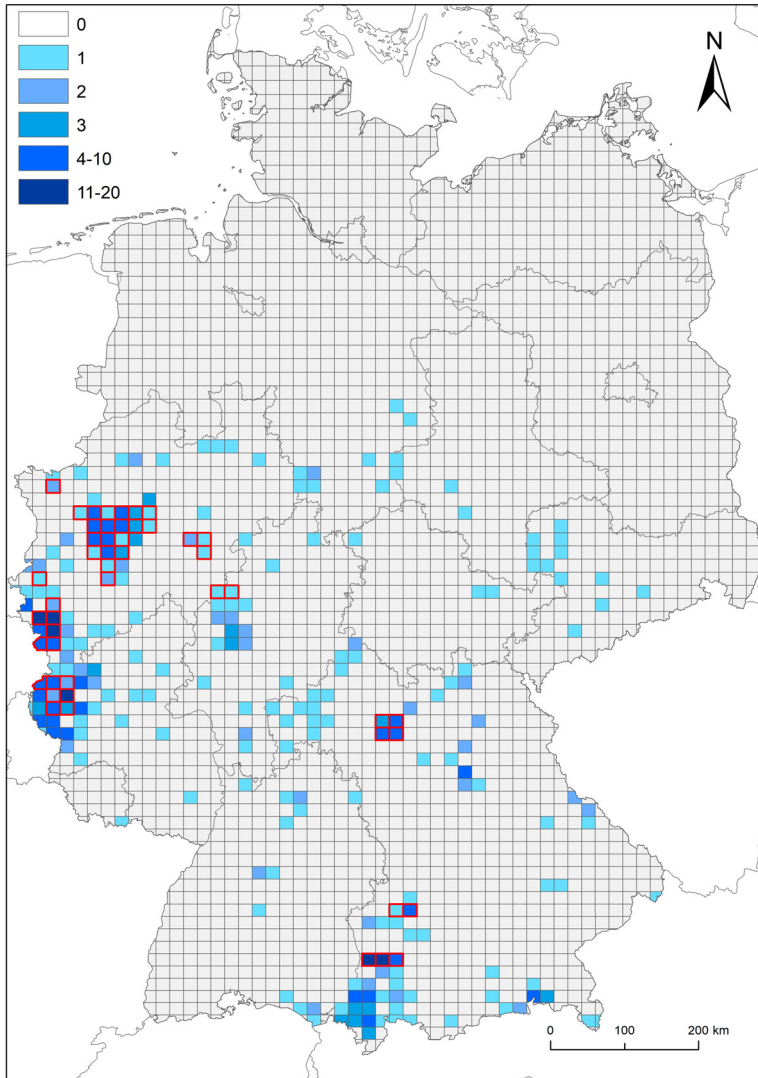


Abb. 2: Anzahl der auf *Bsal* untersuchten Standorte in Deutschland pro Messtischblatt (10 x 10 km<sup>2</sup>), dargestellt in Blaustufen. Raster mit bekannten Vorkommen sind rot umrandet (Stand 15. Februar 2024).

Number of sites per grid cell (10 x 10 km<sup>2</sup>). Cells with known *Bsal* records are highlighted by red outline (as of 15 February 2024).

wurde 2020 Spanien mit einem einzigen Standort in Katalonien als neuer Länder-Nachweis gemeldet (Martel et al. 2020, Abb. 1). Als Verdachtsfälle eingestufte Nachweise aus Nord-Spanien konnten nicht bestätigt werden (Bosch et al. 2021).

Im Gegensatz zu den anderen genannten Ländern wurden in Deutschland in vier Regionen zahlreiche weitere *Bsal*-Vorkommen festgestellt, wobei weitestgehend unklar bleibt, ob sich (1) der Erreger selbstständig verbreitet (2) bzw. vom Menschen verbreitet wird, oder (3), ob es sich dabei um unabhängige Einträge in die Natur handelt, oder (4)

ob der intensive Erfassungsaufwand besonders in Deutschland (Abb. 1, 2) das aktuelle Bild zur *Bsal*-Verbreitung in Europa verzerrt.

Zum einen ist die nördliche und südliche Eifel mit den nördlichen Randregionen betroffen, wo 2015 auch die ersten Nachweise in Deutschland getätigt wurden. Zum anderen wurde *Bsal* ab 2017 im Ruhrgebiet und inzwischen auch den angrenzenden Regionen Bergisches Land, Niederrhein sowie Sauerland und jüngst in Mittelhessen nachgewiesen. Seit 2020 existieren zudem Nachweise im Steigerwald und im Allgäu/Mittelschwaben. Somit sind derzeit insgesamt vier Bundesländer betroffen: Bayern, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2018, 2020a, Schulz et al. 2018, 2020, Wagner et al. 2019a, b, Schmeller et al. 2020, Thein et al. 2020, Böning et al. 2023, Jung et al. 2024).

### Auswirkungen auf Populationen

Der Feuersalamander ist besonders anfällig für die Salamanderpest (Martel et al. 2013, Spitzen-van der Sluijs et al. 2013, Stegen et al. 2017), sodass das Auftreten von *Bsal* in einer Population bei dieser Art binnen kürzester Zeit zu einem starken Rückgang führen kann. Oftmals werden Massensterben beobachtet (z. B. Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Dalbeck et al. 2018, Schulz et al. 2018, 2020, Lötters et al. 2020a, b) und vorläufige Infektionsmodelle prognostizieren sogar das Aussterben betroffener Populationen (z. B. Canessa et al. 2018). Ein Überleben einzelner Individuen nach einem *Bsal*-Ausbruch – auch Jahre später – wurde jedoch immer wieder beobachtet (Spitzen-van der Sluijs et al. 2018, Lötters et al. 2020a, b, Schulz et al. 2020, Erens et al. 2023; Abb. 3) In manchen Populationen bleiben trotz fortgesetzter Funde von mit *Bsal* infizierten Tieren auch die Bestandszusammenbrüche aus bzw. kommt es zu ganz unterschiedlichen Reaktionen (z. B. Verjüngung) der Populationen nach Ausbrüchen (Erens et al. 2023).

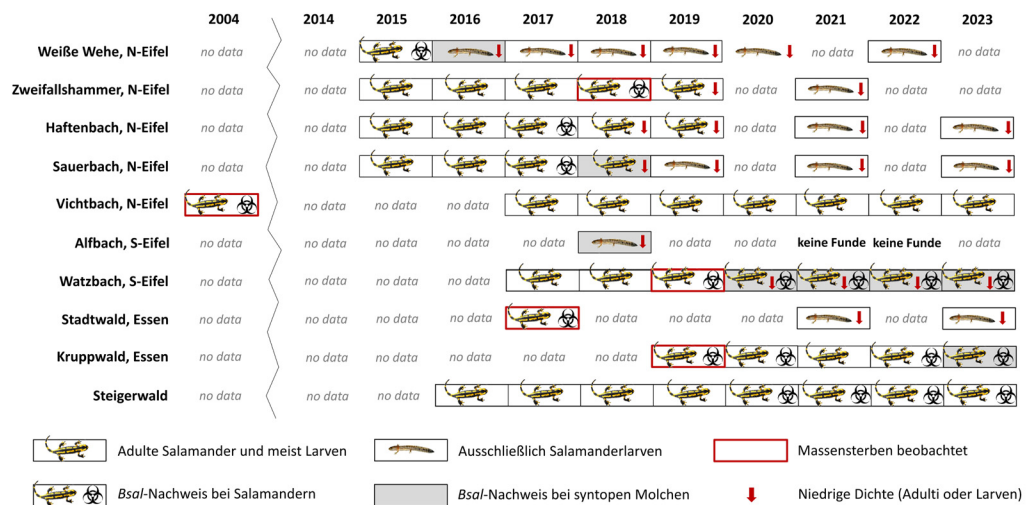


Abb. 3: Detektionshistorien vom Feuersalamander und *Bsal* an einigen untersuchten Standorten (verändert und erweitert nach Lötters et al. 2020a).  
 Detection history of the fire salamander and *Bsal* at some of the studied sites (modified and extended according to Lötters et al. 2020a).

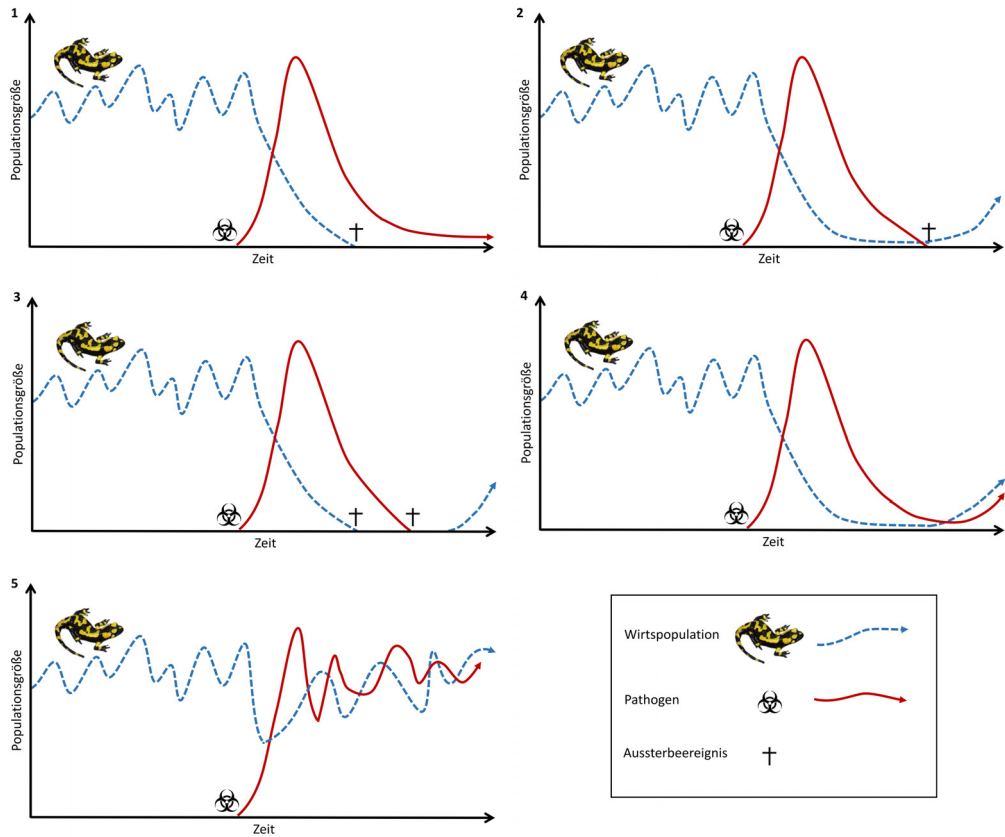


Abb. 4: Hypothetische Szenarien der Entwicklung der Wirts- und Pathogen-Populationen im Falle des Eindringens von *Bsal* in eine Feuersalamander-Population (verändert nach Lötters et al. 2020a). Hypothetical scenarios of host and pathogen populations in case of a *Bsal* invasion in a fire salamander population (modified after Lötters et al. 2020a).

In den meisten Populationen in Deutschland waren adulte und juvenile Feuersalamander sowie Larven auch nach einem *Bsal*-assoziierten Populationszusammenbruch noch in geringer Zahl zu finden (Dalbeck et al. 2018, Wagner et al. 2019a, Lötters et al. 2020a; Abb. 3). Bemerkenswert ist in diesem Zusammenhang eine Beobachtung vom Vichtbach in der Eifel. Hier existiert nach einem offensichtlichen Ausbruch der Salamanderpest mit Massensterben bereits im Jahre 2004 heute eine gesunde Feuersalamander-Population, ohne dass *Bsal* nachweisbar ist (Lötters et al. 2020b). Die Auswirkungen von *Bsal* auf Populationen des Feuersalamanders bleiben somit in Teilen unverstanden, so dass sich verschiedene hypothetische Wirt-Pathogen-Szenarien darstellen lassen (Abb. 4):

1. Aussterben des Wirts und Rückgang des Erregers, gefolgt von einem Überleben des Erregers.
2. Rückgang des Wirts und Aussterben des Erregers, gefolgt von einer Erholung des Wirts.
3. Aussterben des Wirts und des Erregers, gefolgt von einer Wiederbesiedlung durch den Wirt.



4. Rückgang von Wirt und Erreger, gefolgt von einer zeitversetzten Erholung von Wirt und Erreger.
5. Wirt und Erreger oszillieren über die Zeit miteinander, ohne dass es zu Einbrüchen in den jeweiligen Populationen kommt.

Für Szenario 1 finden sich bisher keinerlei Belege, könnte aber durchaus für Teile der Süd-Eifel zutreffen (vgl. Sandvoß et al. 2020). Wie in Abbildung 4 gezeigt, finden wir dort keine Feuersalamander, allerdings *Bsal*-positive Molche, was als Hinweis auf ein Erlöschen der Population nach einem *Bsal*-Ausbruch gedeutet werden könnte. Andere mögliche Ursachen für das Verschwinden des Feuersalamanders sind jedoch nicht auszuschließen. Für eine Bewertung der Szenarien 2-5 ist es derzeit zu früh. Für den Vichtbach in der Nord-Eifel (Abb. 4) sind Szenarien 2 und 3 gut vorstellbar (Lötters et al. 2020b). Auch wären hypothetisch Resistenzausbildungen möglich. Es ist allerdings bisher nicht bekannt, dass *S. salamandra* *Bsal*-resistent oder -tolerant sein kann, und Laboruntersuchungen einzelner Populationen lassen eine solche Annahme ebenfalls nicht zu (Martel et al. 2013, 2020, Stegen et al. 2017). Dennoch berichten Bletz et al. (2018) über ein verlängertes Überleben einiger *Bsal*-infizierter Salamander-Individuen im Labor nach experimenteller Manipulation ihres Haut-Mikrobioms. Sabino-Pinto et al. (2018) fanden zudem bei der Beprobung von Tieren in privaten Haltungen einige *S. salamandra* mit hohen Zoosporenlasten, die allerdings symptomfrei blieben und überlebten. Die von Erens et al. (2023) untersuchten belgischen Populationen deuten auf das Szenario 4 oder 5 in Abbildung 4 hin. Hier lassen sich auch die Populationen Kruppwald (Essen) und möglicherweise auch Steigerwald zuordnen. Nach einem Rückgang der Feuersalamander-Populationen, scheinen diese nun möglicherweise mit dem Pilz zu koexistieren. Umfassende Untersuchungen stehen allerdings noch aus. All diese Beobachtungen deuten immerhin darauf hin, dass Feuersalamander-Populationen durchaus unterschiedlich auf *Bsal* reagieren können. Eine alternative oder zusätzliche Erklärung sind unterschiedliche Stämme des Pathogens mit variierender Virulenz (Kelly et al. 2021; s. auch *Bsal*-Biologie).

### ***Bsal*-Biologie**

*Bd* und *Bsal* zählen zu den einzigen bekannten amphibienpathogenen Vertretern der Chytridiomycota, die im Deutschen auch als Tüpfchenpilze bekannt sind (Rollins-Smith & Le Sage 2021). *Bsal* befällt in erster Linie Schwanzlurche und ist für Vertreter der Familie Salamandridae besonders schädigend oder gar tödlich (Martel et al. 2014). Ähnlich wie *Bd* ist auch *Bsal* in verschiedene Stämme (engl. strains) diversifiziert. Kelly et al. (2021) konnten zeigen, dass in Europa mehrere genetische Linien vorkommen, die sich hinsichtlich ihrer ökologischen Ansprüche (z. B. Temperatur, in der sie optimal wachsen und sich vermehren können) und durch den Verlust oder die Akquise verschiedener Gene stark unterscheiden. Inzwischen ist sogar eine fakultativ saprotrophe Lebensweise einiger *Bsal*-Stämme bekannt, die auf sterilem Buchenlaub wachsen können und damit womöglich nicht mehr zwangsläufig auf Amphibien angewiesen sind (Kelly et al. 2021). Ob die hohe genetische Diversität von *Bsal* in seinem invasiven Verbreitungsgebiet die Folge wiederholter Einschleppung oder der beobachteten hohen Mutationsrate ist, bedarf weiterer Forschung.

Während sich *Bsal* lokal vermutlich vor allem durch Tier-zu-Tier-Kontakt anfälliger (= sensibler) und toleranter Amphibien (z. B. Bergmolch) ausbreitet und etabliert (Benin-

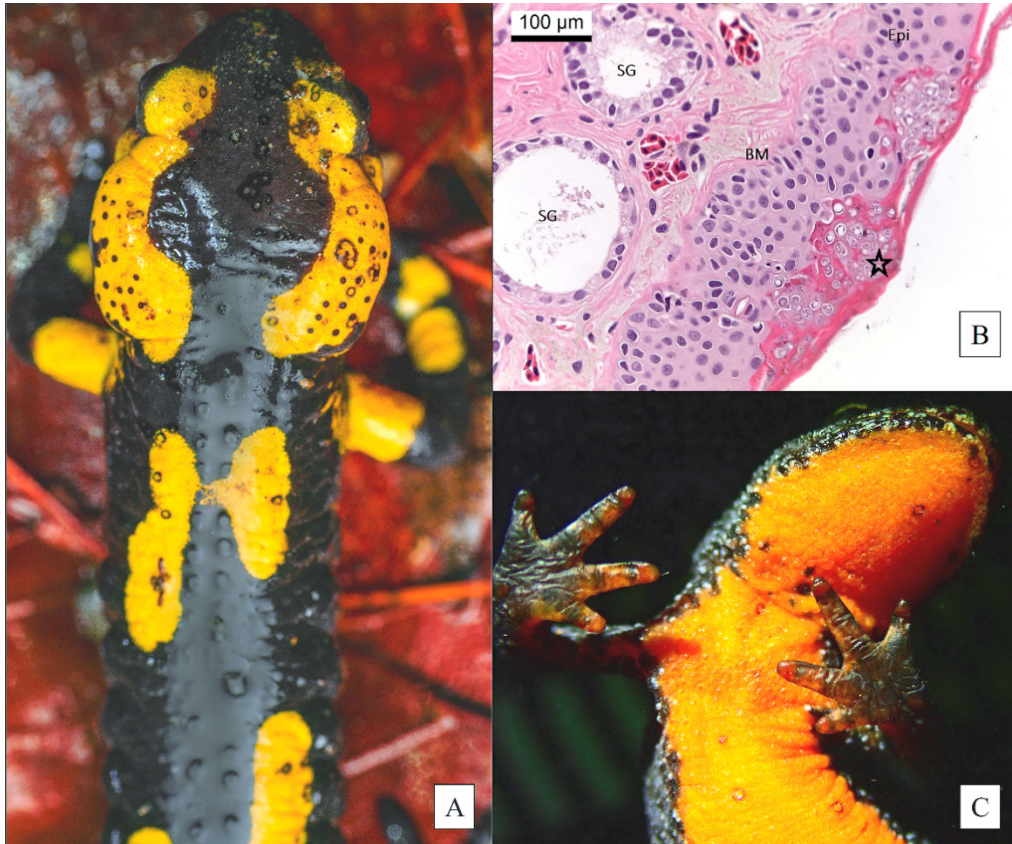


Abb. 5: A: Detailansicht *Bsal*-induzierter Hautläsionen beim Feuersalamander (*Salamandra salamandra*, Foto: N. Banowski; B: *Bsal*-Thalli (Stern) im histologischen Schnitt eines Feuersalamanders (PAS Färbung: BM = Basalmembran, SG = Schleimdrüsen, Epi = Epidermis). Foto: M. Peters nach Plewnia et al. (2023a); C: Bergmolch (*Ichthyosaura alpestris*) mit *Bsal*-typischen ventral liegenden, kreisrunden Hautläsionen. Foto: A. Plewnia.

A: Detailed view of *Bsal*-induced skin lesions in a fire salamander (*Salamandra salamandra*); B: *Bsal* thalli (star) in the histological section of a fire salamander (PAS staining: BM = basal membrane, SG = mucous glands, Epi = epidermis; C: Alpine newt (*Ichthyosaura alpestris*) with ventral circular skin lesions typical of *Bsal*.

nde et al. 2021), geschehen Ausbreitungsprozesse über große Distanz hypothetisch mittels Vektoren wie Wasservögel oder – möglicherweise sogar eher – menschliche Aktivität (Stegen et al. 2017, Thomas et al. 2019, Kok et al. 2022). Ökologische Nischenmodelle zeigen eine großräumige Eignung Mitteleuropas für *Bsal*, weshalb eine weitere Ausbreitung wahrscheinlich erscheint (Beukema et al. 2018, 2021, Lötters et al. 2020a).

Der Erreger ist durch zwei Sporentypen präsent: (1) Motile Zoosporen, die (wie bei *Bd*) begeißelt und für kurze Zeit aktiv schwimmfähig sind (Martel et al. 2013, Stegen et al. 2017); (2) trockenheitstolerante Dauersporen, die passiv auf der Wasseroberfläche treiben und in feuchtem Boden vermutlich mehrere Monate keimfähig bleiben (Stegen et al. 2017). Die beweglichen Zoosporen verhalten sich chemotaktisch gegenüber Galactose, einem Monosaccharid im Mucus (Schleim) der Amphibienhaut, ein möglicher Grund, weshalb der Erreger selbst bei geringer Dichte effizient neue Wirte kolonisieren kann (Wang

et al. 2020, Tompros et al. 2021). Nach dem erfolgreichen „Andocken“ der Sporen an die Amphibienhaut enzystieren sich diese, keimen aus und bilden in den Keratinozyten ihrer Wirte Thalli, die mehrere Sporangien enthalten, in denen wiederum Sporen gebildet und später freigesetzt werden. Der komplette Lebenszyklus dauert für die Typuslinie aus dem Bunderbos in den Niederlanden 5 Tage bei 15 °C (Martel et al. 2013).

Infizierte Individuen anfälliger Arten wie des Feuersalamanders entwickeln oft bereits wenige Tage nach der Infektion ein charakteristisches klinisches Bild, das kreisrunde bis flächig-konfluierende Hautläsionen und tiefgründige Ulzerationen mit dunklem Hof umfasst (Martel et al. 2013, Abb. 5).

Im weiteren Infektionsverlauf werden betroffene Hautpartien von bakteriellen Sekundärinfektionen und Mykosen befallen, was schließlich vermutlich in Verbindung mit der Störung des physiologischen Gleichgewichts innerhalb weniger Wochen (bei *S. salamandra*) zum Tod führt (Rollins-Smith & Le Sage 2021). Sekundärinfektionen treten auch deshalb besonders häufig auf, da *Bsal* die Fähigkeit besitzt, Lymphozyten der Wirte zu inhibieren, weshalb eine Immunantwort ausbleibt (Rollins-Smith & Le Sage 2021, Rollins-Smith et al. 2022). Dies kann auch die Bildung von Resistenzen verhindern, so dass eine erneute Infektion auch nicht-naiver Individuen zu Mortalität führt (Stegen et al. 2017). Weitere potentielle Resistenzbildungsmechanismen, wie die erhöhte Häutungintensität befallener Tiere, sind bisher noch wenig verstanden (Wilber et al. 2021). Bei Ko-Infektionen von *Bsal* und *Bd*, die auch bereits aus dem Freiland – jedoch selten – bekannt sind (Lötters et al. 2018), wird die Expression von mit dem Immunsystem assoziierten Genen sogar noch weiter reduziert, was zu noch höherer Mortalität führen kann (Longo et al. 2019, McDonald et al. 2020, Shepack & Catenazzi 2020).

Bei den Mortalitätsraten beziehungsweise der Toleranz der Wirte zeigt sich ein starkes phylogenetisches Signal mit einer besonders hohen Gefährdung für Vertreter der Salamandridae (Martel et al. 2014, Carter et al. 2020, Gilbert et al. 2020). Die Anfälligkeit hängt dabei maßgeblich von Galactose in der Schleimhaut der Amphibien ab, sie wird jedoch auch von exogenen Faktoren wie der Umgebungstemperatur und der Sporenlast beeinflusst (Stegen et al. 2017, Carter et al. 2020, 2021). Das Hautmikrobiom der Wirte spielt nicht nur eine bedeutende Rolle als Quelle für Sekundärinfektionen, sondern stellt bedingt durch die Produktion pilzhemmender Stoffe einen vieldiskutierten Schutzmechanismus gegenüber *Bsal* dar, wird jedoch selbst von vielen Umweltfaktoren beeinflusst (Becker et al. 2009, Bletz et al. 2018, Bates et al. 2019, Vences et al. 2022).

Eine Behandlung infizierter Wirte ist in Gefangenschaft möglich mittels konstanter Erhöhung der Umgebungstemperatur auf mindestens 25°C über mehrere Wochen, einer Kombination aus erhöhten Temperaturen und dem Wirkstoff Voriconazol oder ausschließlich mittels Bädern in einem Antimykotikum (Itraconazol) (Bloom et al. 2015, Plewnia et al. 2023a). *Bsal*-Sporen können außerhalb ihrer Wirte effektiv durch verschiedene Fungizide oder sogar durch das Koagulationsmittel von in der Feldherpetologie häufig eingesetzten Nitrilhandschuhen abgetötet werden (Thomas et al. 2020, Tompros et al. 2022).

### Gesetzeslage

*Bsal* wurde im Rahmen des europäischen Tiergesundheitsrechts (Verordnung (EU) Nr. 2016/429) bezüglich des Risikos des Überlebens, der Etablierung und der Verbreitung

des Erregers in der EU offiziell bewertet (EFSA et al. 2017, EFSA AHAW et al. 2018). In Folge hat die EU-Kommission seit 2018 einige Beschlüsse bekannt gegeben, die bei der Eindämmung der Salamanderpest in Europa helfen sollten. Der weitreichendste war der am 28. Februar 2018 in Kraft getretene Durchführungsbeschluss 2018/320 (Dokument C 2018/1208) über die „Festlegung von Sofortmaßnahmen für Verbringungen zwischen Mitgliedstaaten und den Eingang in die [Europäische] Union von Sendungen mit Salamandern [im Sinne aller Urodela] im Zusammenhang mit der Infektion mit *Batrachochytrium salamandrivorans*“. Dieser beinhaltete vorübergehende Handelsbeschränkungen und Quarantänemaßnahmen für die Einfuhr in und den Handel mit Schwanzlurchen innerhalb der EU. Diese schränkte potenziell den Handel mit Schwanzlurchen insofern stark ein, dass jede Handelstransaktion, inklusive des privaten Austausches von Tieren unter die Kontrolle der zuständigen Veterinärbehörden gestellt wurde. In Deutschland sind für den Vollzug insbesondere die Veterinärbehörden der Länder, Landkreise und kreisfreien Städte zuständig. Der Durchführungsbeschluss wurde mehrfach, zuletzt bis April 2021 verlängert. Er hatte in Deutschland für die Zeit seiner Wirksamkeit den Effekt, dass der kommerzielle Handel mit Schwanzlurchen auf Tierbörsen und in Zoofachhandlungen zurückgegangen ist.

Der Beschluss wurde zum 21. April 2021 durch die Verordnung EU 2016/429 (Version 21/04/2021) des Europäischen Parlaments und des Rates ersetzt. In dieser sind Schutzmaßnahmen bei auftretenden Tierseuchen beschrieben und soll ein flexibler Regelungsrahmen für Tiergesundheit geschaffen werden. Dies beinhaltet unter anderem, dass die Salamanderpest als meldepflichtige Tierseuche ins nationale Recht aufzunehmen wäre. Weiterhin bestehen die Vorgaben der Durchführungsverordnung EU 2018/1882, welche Seuchenprävention und -bekämpfung nach Kategorien für Tierkrankheiten festlegt.

## Der *Bsal*-Hotspot Deutschland

Die Salamanderpest wurde hierzulande in bisher vier Bundesländern in vier Gebieten nachgewiesen (Lötters et al. 2020a, Böning et al. 2023, Jung et al. 2024; Abb. 2, 6). Diese Gebiete zeichnen sich (regional) durch ein lückenhaftes Vorkommen von *Bsal* aus. Es ist nicht auszuschließen, dass es sich von der südlichen Eifel nach Norden (einschließlich der in Belgien und den Niederlanden anschließenden Vorkommen) und Nord-Osten Richtung Ruhrgebiet und von dort weiter nach Süd-Osten bis nach Mittelhessen um ein zusammenhängendes *Bsal*-Gebiet handelt, dass jedoch nicht vollständig beprobt ist (Abb. 2, 6). Als gesichert kann jedoch angesehen werden, dass die bayerischen Vorkommen isolierte *Bsal*-Gebiete darstellen und dazwischenliegend großflächig bisher keine Salamanderpest nachgewiesen worden ist (Abb. 2, 6; Lötters et al. 2020a sowie unpublizierte Daten der Universität Trier). Ob es sich um Verfrachtung über lange Distanzen durch den Menschen oder zeitlich und räumlich unabhängige *Bsal*-Einträge in die Natur handelt, bleibt unbekannt.

Insgesamt wurden in Deutschland zwischen 2014 und 2024 Amphibien an 550 Standorten auf *Bsal* anhand von Hautabstrichen mittels Tupfer (Swab; vgl. Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2020a, Böning et al. 2023) und anschließender quantitativer Polymerase-Kettenreaktion (qPCR) im Labor (nach Blooi et al. 2013, 2016) überprüft: Bayern (BY): 175 Standorte; Baden-Württemberg: 20; Brandenburg: ohne Angabe; Hessen: 30; Nie-

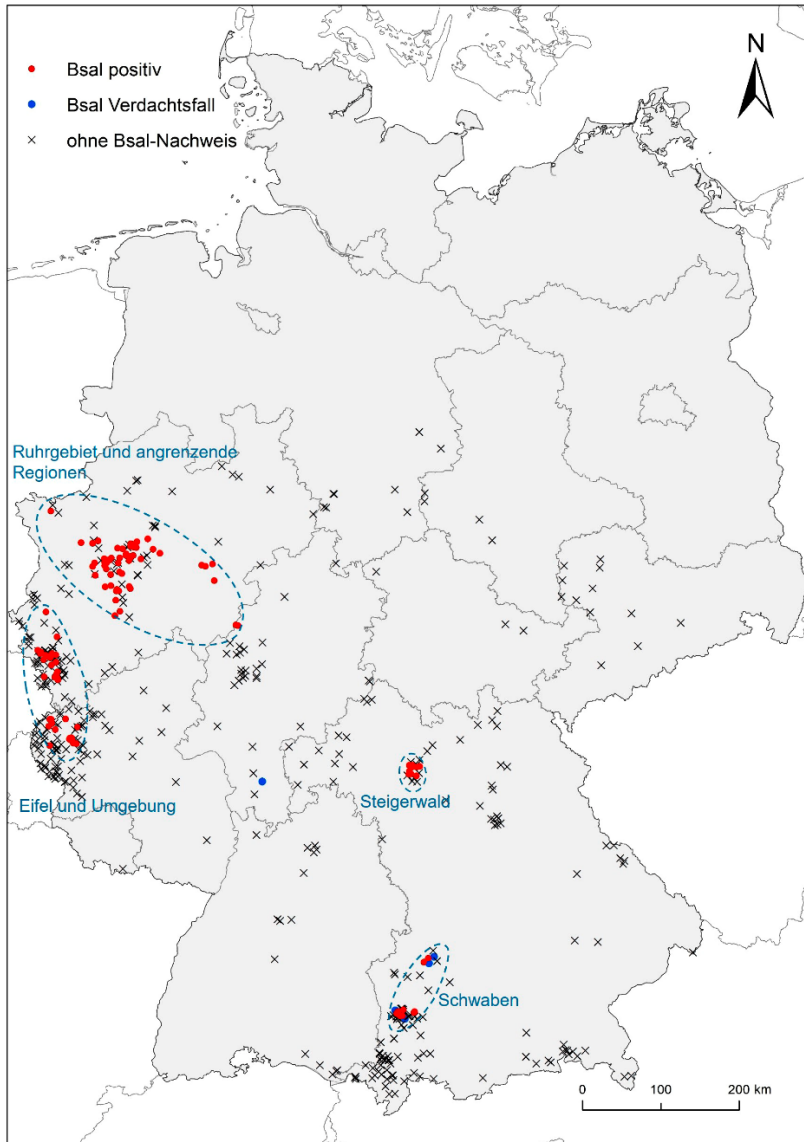


Abb. 6: Untersuchte Standorte auf *Bsal* in Deutschland und derzeitige *Bsal*-Regionen (in blau eingezeichnet).  
 Surveyed sites in Germany and current known *Bsal*-regions (mapped in blue).

dersachsen: 10; Nordrhein-Westfalen (NW): 191; Rheinland-Pfalz (RP): 105; Saarland: 1; Sachsen: 12; Sachsen-Anhalt: 3; Schleswig-Holstein: ohne Angabe; Thüringen: 3.

Der *Bsal*-Erstnachweis im Freiland erfolgte für Deutschland 2015 in der Eifel (Spitzenvan der Sluijs et al. 2016, Dalbeck et al. 2018), derzeit summiert sich die Zahl auf 122 Standorte mit mindestens einem positiven, verifizierten *Bsal*-Nachweis an Schwanzlurchen (Bayern: 27; Hessen: 2; Nordrhein-Westfalen: 77; Rheinland-Pfalz: 18; Tabellen 2–5). Hinzu kommen vier Standorte mit mindestens einem positiven Verdachtsfall, bei wel-

Tab. 1: In Deutschland auf *Bsal* untersuchte Amphibien nach Jahr und Taxon (Nachweise von *Bsal* pro Jahr und Taxon in fett, FS = *Salamandra salamandra*, IA = *Ichthyosaura alpestris*, LH = *Lissotriton helveticus*, LV = *L. vulgaris*, TC = *Triturus cristatus*, AS = *S. atra*, BB = *Bufo bufo*, HA = *Hyla arborea*, RT = *Rana temporaria*, RD = *Rana dalmatina*, BV = *Bombina variegata*, BO = *Bombina bombina*, AO = *Alytes obstetricans*, EC = *Epidalea calamita*, BVI = *Bufo viridis*, P = *Pelophylax* sp., NA = unbestimmt).

Amphibians examined for *Bsal* in Germany by year and taxon (records of *Bsal* per year and taxon in bold; FS = *Salamandra salamandra*, IA = *Ichthyosaura alpestris*, LH = *Lissotriton helveticus*, LV = *L. vulgaris*, TC = *Triturus cristatus*, AS = *S. atra*, BB = *Bufo bufo*, HA = *Hyla arborea*, RT = *Rana temporaria*, RD = *Rana dalmatina*, BV = *Bombina variegata*, BO = *Bombina bombina*, AO = *Alytes obstetricans*, EC = *Epidalea calamita*, BVI = *Bufo viridis*, P = *Pelophylax* sp., NA = not defined).

Jahr	FS	IA	LH	LV	TC	AS	BB	HA	RT	RD	BV	BO	AO	EC	BVI	P	NA	Gesamt
2014	96	4	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		112
2015	461 (26)	99	15	133	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		767
2016	220 (20)	71 (1)	46 (2)	26 (1)	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		377
2017	1597 (15)	394 (15)	386 (8)	112 (42)	21 (17)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		2510
2018	694 (34)	360 (13)	345 (2)	34 (2)	23 (13)	0	42	0	57	0	60	0	1	0	0	0		1616
2019	1249 (123)	803 (44)	632 (2)	416 (30)	85 (4)	38	85	0	73	0	51	0	0	0	0	1		3433
2020	659 (50)	174 (31)	91	115 (7)	120 (21)	0	39	0	16 (1)	1	0	41	9	0	0	2		1267
2021	841 (90)	354 (81)	64	239 (62)	262 (88)	13	19 (2)	3	9	2	8	43	3	3	0	15		1878
2022	1266 (23)	1052 (49)	135	308 (30)	91 (33)	273	24	0	2	0	0	22	65 (2)	1	3	3	10	3255
2023	545 (51)	453 (75)	111 (15)	335 (16)	128 (42)	125	20	0	0	0	0	3	51	6	2	9		1788
2024	27 (25)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		27
Gesamt	7655	3764	1837	1718	803	449	229	3	157	3	119	109	129	10	5	30	10	17030
<i>Bsal</i> positiv	<b>438</b>	<b>308</b>	<b>29</b>	<b>189</b>	<b>217</b>		<b>2</b>		<b>1</b>				<b>2</b>					<b>1186</b>

chen die in der qPCR ermittelten Werte an der Nachweisgrenze lagen (Bayern: 3; Hessen: 1, Tab. 4, 5, siehe Text). Bis Ende Februar 2024 wurde das Pathogen an 428 untersuchten Standorten nicht festgestellt; sie verteilen sich auf alle beprobten Bundesländer (Abb. 2, 6).

Insgesamt wurden 17030 Individuen durch qPCR auf *Bsal* getestet (Tab. 1). Etwas weniger als die Hälfte (45 %) davon waren Proben, die an Feuersalamandern (*S. s. salamandra*, *S. s. terrestris*) genommen wurden. Zu etwa gleichen Anteilen (47 %) entstammten Proben von Molcharten (*Ichthyosaura alpestris*, *Lissotriton helveticus*, *L. vulgaris*, *Triturus cristatus*, total 8122 Proben). Zudem wurden 794 Individuen heimischer Anuren (*Alytes obstetricans*, *Bombina bombina*, *B. variegata*, *Bufo bufo*, *Bufo viridis*, *Epidalea calamita*, *Hyla arborea*, *Pelophylax* sp., *Rana temporaria*, *R. dalmatina*) auf das Pathogen getestet. Auf den Alpensalamander (*S. atra*) entfielen 449 Proben. Bei total 1186 Individuen wurde *Bsal* molekulargenetisch diagnostiziert: bei allen untersuchten Schwanzlurcharten (mit Ausnahme des Alpensalamanders) sowie zusätzlich bei der Geburtshelferkröte und der Erdkröte; ferner bei einem einzigen Exemplar des Grasfroschs (Tab. 1). Alle Angaben basieren auf Spitzen-van der Sluijs et al. (2016), Dalbeck et al. (2018), Lötters et al. (2018, 2020a), Schulz et al. (2018, 2020), Wagner et al. (2019a, b), Schmeller et al. (2020), Thein et al. (2020), Hildwein et al. (2020), Böning et al. (2023, 2024) und Jung et al. (2024) sowie bisher unveröffentlichten Untersuchungen.

## Nordrhein-Westfalen

Wie oben bereits erwähnt, ist in der *Bsal*-Region Eifel mindestens ein Ausbruch am Vichtbach im nordrhein-westfälischen Teil der Eifel (Nordeifel) bekannt, der auf das Jahr 2004 zurückgeht (Lötters et al. 2020b, Abb. 3). Zusätzlich gibt es einen Verdachtsfall

Tab. 2: Zusammenfassung mit Angaben zu Standorten, betroffenen Kreisen und Messtischblättern sowie der Ausbreitungsdynamik von *Bsal* in Nordrhein-Westfalen seit 2004 (FS = Feuersalamander, BM = Bergmolch, KM = Kammolch, TM = Teichmolch).

Summary of *Bsal* localities in North Rhine-Westphalia, affected districts and grid cells as well as *Bsal*-spread dynamics since 2004 (FS = fire salamander, BM = Alpine newt, KM = great crested newt, TM = smooth newt).

Erstnachweis:	Vichtbach/Rott	Jahr: 2004	
Anzahl untersuchter Standorte:	191	Untersuchungszeitraum: 2014-2024	
Anzahl positiver Standorte:	77		
Betroffene Kreise:	Bergisch-Gladbach, Bochum, Bottrop, Dortmund, Duisburg, Düren, Essen, Ennepe-Ruhr-Kreis, Euskirchen, Heinsberg, Herne, Hochsauerlandkreis, Kleve, Mettmann, Mülheim an der Ruhr, Oberhausen, Städteregion Aachen, Wuppertal		
Betroffene Messtischblätter:	4204, 4406, 4407, 4408, 4409, 4410, 4507, 4508, 4509, 4510, 4607, 4608, 4609, 4614, 4615, 4707, 4708, 4709, 4715, 4808, 4903, 4908, 5104, 5203, 5204, 5303, 5304, 5403, 5404		
Ausbreitungsgeschichte			
Wann	Wo	Region	Wirtsarten
2004	Städteregion Aachen, Vichtbach/Rott	Eifel	FS
2015	Städteregion Aachen, Belgenbach	Eifel	FS
	Städteregion Aachen, Fischbach	Eifel	FS, BM, FM
	Städteregion Aachen, Solchbach	Eifel	FS
	Düren, Weiße Wehe	Eifel	FS
2016	Düren, Simonskaul	Eifel	FS
	Städteregion Aachen, Brockenberg	Eifel	BM, TM, KM
2017	Essen, Stadtwald	Ruhrgebiet	FS
	Nationalpark Eifel, Haftenbach	Eifel	FS
	Düren, Rote Wehe	Eifel	FM
	Nationalpark Eifel, Helingsbach Artenschutzteich	Eifel	TM, KM
	Nationalpark Eifel, Helingsbach Amphibienteich	Eifel	BM, TM
	Nationalpark Eifel, Sauerbach	Eifel	FS
2018	Düren, Weberbach/Frenk	Eifel	FS
	Bochum, Dahlhausen/NSG Hörsterholz	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Botanischer Garten/Kalwes	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Querenburg	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Kemnader See/Stiepel	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Hiltroper Volkspark	Ruhrgebiet	FS
	Erkelenz	Kölnener Bucht	FS
	Essen, Stadtwald Garten	Ruhrgebiet	BM
	Essen, Südwestfriedhof	Ruhrgebiet	FS
	Essen, Ruthertal	Ruhrgebiet	FS
	Mettmann, Heiligenhaus	Bergisches Land	FS
	Mettmann, Velbert Deilbach	Bergisches Land	FS
	Mülheim a.d. Ruhr, Rottbachtal und Gartenteich	Ruhrgebiet	FS, BM
	Düren, Teufelspütz	Eifel	TM, BM
Düren, Zweifallshammer	Eifel	FS	
2019	Essen, Kruppwald	Ruhrgebiet	FS
	Essen, Bergerhausen	Ruhrgebiet	TM, BM
	Essen, Wolfsbachtal	Ruhrgebiet	FS
	Ennepe-Ruhr-Kreis, Hattingen Deilbach	Ruhrgebiet	FS
	Ennepe-Ruhr-Kreis, Hattingen Höhenweg	Ruhrgebiet	FS
	Ennepe-Ruhr-Kreis, Witten, Borbachtal	Ruhrgebiet	FS
	Dortmund, Dellwiger Bachtal	Ruhrgebiet	FS
	Kleve, Biener Altrhein	Niederrhein	KM
	Solingen	Bergisches Land	FS
	Düren, Wollebach	Eifel	FS
	Nationalpark Eifel, Winkelenberg	Eifel	KM
2020	Städteregion Aachen, Münsterbusch	Eifel	BM
	Düren, Pierer Wald	Eifel	TM, BM
	Düren, Thönbach	Eifel	BM

	Bochum, Lottental/NSG Waldsiepen	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Dreerholz	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Blumenkamp	Ruhrgebiet	KM, TM, BM
	Bochum, Hofsteder Weiher	Ruhrgebiet	TM, BM
	Bochum, Kleingarten Wohlfahrt	Ruhrgebiet	TM, BM
	Bergisch-Gladbach, Odenthal	Ruhrgebiet	FS
	Städteregion Aachen, Binsfeldhammer	Eifel	BM
	Mettmann, Neandertal	Bergisches Land	FS
	Duisburg, Walsum	Ruhrgebiet	KM
	Herne, Langeloh	Ruhrgebiet	FS, BM, EK
	Mühlheim a.d. Ruhr, Rottbachtal	Ruhrgebiet	FS, GF
	Mettmann, Baulofsbruch	Bergisches Land	FS
	Velbert, Rützkauen	Bergisches Land	FS
2021	Remscheid, Müngstener Brücke	Bergisches Land	FS
	Wuppertal, Lenzhauser Siepen	Bergisches Land	KM
	Wuppertal, Marscheider Teich	Bergisches Land	KM
	Wuppertal, Kalksteinbruch Oetelshofen	Bergisches Land	KM
	Oberhausen, Hiesfelder Wald	Ruhrgebiet	KM
	Bottrop, Köllnischer Wald	Ruhrgebiet	FS
	Dortmund	Ruhrgebiet	FS
Wuppertal, Burgholz	Bergisches Land	FS	
2022	Bergisch-Gladbach, Schildgen	Bergisches Land	FS
	Wuppertal, Hebringhausen	Ruhrgebiet	KM
	Meschede, Freienohl	Sauerland	FS
	Meschede, Oeventrop	Sauerland	FS
2023	Eslohe-Büemke	Sauerland	FS
	Gelsenkirchen, Emscherbruch	Ruhrgebiet	KM, TM
	Bochum, Rechener Park	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, Königsbuscher Wald	Ruhrgebiet	FS
	Bochum, NSG Ölbachtal	Ruhrgebiet	BM
	Unna, Kellerkopf	Ruhrgebiet	FS
	Herne, Volkspark Sodingen	Ruhrgebiet	FS
	Castrop-Rauxel, LSG Westhofsches Feld	Ruhrgebiet	FS
Arnsberg, Fichtenhang	Sauerland	FS	
2024	Leichlingen	Bergisches Land	FS

aus dem Ruhrgebiet aus dem Jahr 2004 (Schulz et al. 2020). Dies belegt, dass dieser Erreger lange vor seiner Entdeckung im zirka 40 km (Luftlinie) entfernten Bunderbos in den Niederlanden (Martel et al. 2013) in Europa angekommen war. Das damit einhergehende Massensterben am Vichtbach im Jahr 2004 blieb der Fachwelt damals unbekannt (Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2020b). Da *Bsal* sich lokal ausbreitet ist anzunehmen, dass weitere, stille Ausbrüche der Salamanderpest in der Region – oder gar anderswo in Deutschland – vorkamen und übersehen wurden (vgl. Schulz et al. 2020). Dies gilt insbesondere für den Zeitraum bis 2015, das Jahr in dem *Bsal* erstmals in einer wildlebenden Feuersalamander-Population in Deutschland (ebenfalls in der nördlichen Eifel) nachgewiesen wurde (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016). *Bsal*-positive Standorte (ermittelt über Hautabstriche und anschließender qPCR nach Blooi et al. 2013, 2016) wurden in der Umgebung von Aachen und Düren sowie im Nationalpark Eifel erfasst (Tab. 2). Vor dem Nachweis von *Bsal* im Jahre 2015 waren die Populationen des Feuersalamanders an mehreren Standorten in dieser Region nach unterschiedlichen Beobachtungen deutlich größer, dies deutet auf gravierende Populationsrückgänge hin, auch wenn statistisch belastbare Daten für diese Aussage fehlen (vgl. Dalbeck et al. 2018). Es ist jedoch bisher keine der Feuersalamander-Populationen in der nördlichen Eifelregion



ausgestorben (Abb. 3). Im Rahmen eines Larvenmonitorings (nach Schmidt et al. 2015, Wagner et al. 2020) konnte in einigen Fällen das Fortbestehen der Art sogar durch frisch abgesetzte Larven bestätigt werden (Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2020a, b, Wagner et al. 2020, unpublizierte Daten Biostationen Aachen und Düren, Abb. 3).

Zudem zeigt die Fundpunktanordnung, ähnlich wie Spitzen-van der Sluijs et al. (2018) in den Niederlanden, dass sich *Bsal* anscheinend nicht stetig diffundierend ausbreitet. Einige Amphibienpopulationen in unmittelbarer Nähe von *Bsal*-Ausbrüchen blieben bisher offenbar unberührt (Dalbeck et al. 2018, Wagner et al. 2019a, Lötters et al. 2020a).

In der *Bsal*-Region Ruhrgebiet einschließlich der angrenzenden Regionen wurde in der Stadt Essen über Hautabstriche und qPCR *Bsal* erstmals 2017 entdeckt, gefolgt von weiteren Nachweisen und Verdachtsfällen in den Städten Essen, Bochum, Mülheim an der Ruhr und dem Kreis Mettmann (Schulz et al. 2018, 2020, Wagner et al. 2019a). Seitdem ereigneten sich sechs Massensterbeereignisse von Feuersalamandern in der Region (Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2018, Schulz et al. 2018, 2020, Wagner et al. 2019a, Tab. 2). Auch hier wird vermutet, dass das Pathogen bereits deutlich vor seiner Entdeckung im Jahr 2017 an mindestens einem Standort vorkam (vgl. Schulz et al. 2020). Besonderer Fokus seit der Entdeckung im Ruhrgebiet lag auf den Stadtgebieten Essen und Bochum.

In Essen wurden seit dem Jahr 2018 regelmäßig in drei Feuersalamander-Populationen Abundanzen der Larven und Adulti untersucht sowie adulte Tiere mittels Hautabstrichen und qPCR beprobt. Ein Zusammenbruch der Population durch *Bsal* wurde an den Standorten Stadtwald und Südwestfriedhof festgestellt. Hier wurden nur einzelne Larven (Stadtwald, Abb. 3) bzw. nur einzelne adulte Tiere gefunden (Südwestfriedhof). Lediglich die Population des Essener Kruppwaldes blieb trotz des anfänglich gehäuften Auftretens von Totfunden im Jahr 2019 stabil (Schulz et al. 2020, Abb. 3). Seither hat hier die Anzahl an gefundenen toten oder *Bsal* positiven Salamandern und Molchen abgenommen, trotz weiterhin einzeln auftretender *Bsal*-Fälle und dem *Bsal*-Nachweis im Essener Kruppwald an Bergmolchen im Jahr 2023. Positiv durch Hautabstriche und qPCR getestete Bergmolche als auch Feuersalamander bleiben augenscheinlich symptomlos. Verglichen mit den anderen Essener Standorten ist ebenso die Larvenabundanz in den Reproduktionsbächen des Kruppwaldes als auch die Aktivität der adulten Tiere nicht eingebrochen (unpublizierte Daten Universität Leipzig).

In Bochum wurden seit 2017 an bislang dreizehn Standorten Hautabstriche von Feuersalamandern und syntopen Amphibienarten genommen und mittels qPCR untersucht. Positive *Bsal*-Nachweise lagen aus zehn Untersuchungsgebieten vor. Hierbei handelte es sich sowohl um Totfunde von Feuersalamandern mit sichtbaren Hautläsionen als auch augenscheinlich unauffällige Individuen von Feuersalamander, Kammmolch, Bergmolch, Teichmolch und Erdkröte. Neben zwei dokumentierten Massensterben des Feuersalamanders im NSG Langeloh (2020/21: > 200 Totfunde) und Rechener Park (2023: 13 Totfunde) stellen die übrigen Positivnachweise meist Einzelfunde dar (2018–2023: je 1–5 Individuen). Im benachbarten Witten kam es zudem im Jahr 2019 zu einem weiteren Massensterben an Feuersalamandern. Darüber hinaus kam es teils zu deutlichen Bestandsrückgängen (Larven und Postmetamorphe) in weiteren *Bsal*-positiven Populationen, jedoch meist ohne belastbare Erhebungsgrundlage. Gegensätzliche Beobachtungen unterstreichen aber auch auf Bochumer Stadtgebiet abermals den individuellen – und bislang wenig verstandenen – epidemiologischen Verlauf eines *Bsal*-Ein-

trages: Trotz dreier *Bsal*-Einzelnachweise (2018, 2019, 2023) besteht im Botanischen Garten/Kalwes nach wie vor eine dichte und gesunde Salamander-Population. Im NSG Langeloh konnten in 2023 – zwei Jahre nach dem Massensterben – erneut gesunde Tiere und Reproduktion nachgewiesen werden, jedoch bei deutlich reduzierter Individuenzahl (Faktor > 10). Neben dem Feuersalamander rückte auch der Kammmolch in den letzten Jahren in den Fokus der Untersuchungen (Böning et al. 2023). Deutliche Bestandsrückgänge wurden in Bochum insbesondere im Bereich der Ruhraue in Stiepel beobachtet. Die räumliche Nähe zu infizierten Populationen des Feuersalamanders legt hier einen kausalen Zusammenhang mit *Bsal* nahe, Hautabstriche syntoper Berg- und Teichmolche in 2023 erwiesen sich jedoch als *Bsal*-negativ.

Außerhalb des Ruhrgebiets, allerdings südöstlich unmittelbar daran angrenzend, wurde im Jahr 2019 in Solingen sowie im Jahr 2021 in Remscheid und Wuppertal *Bsal*, begleitet von Massensterben, entdeckt. Im Jahr 2022 wurde ein erster Nachweis des Erregers für den Hochsauerlandkreis bei Meschede im Arnsberger Wald erbracht (Tab. 2, Abb. 7), bestätigt durch zwei unabhängige Nachweismethoden (Hautabstriche mit qPCR und Histologie). Im darauffolgenden Jahr gelangen zwei weitere Nachweise. *Bsal* ist somit inzwischen im Bergischen Land, sowie südlich davon (Nachweis 2024 in Leichlingen, im Kreis Bergisch-Gladbach), und im Sauerland angekommen.

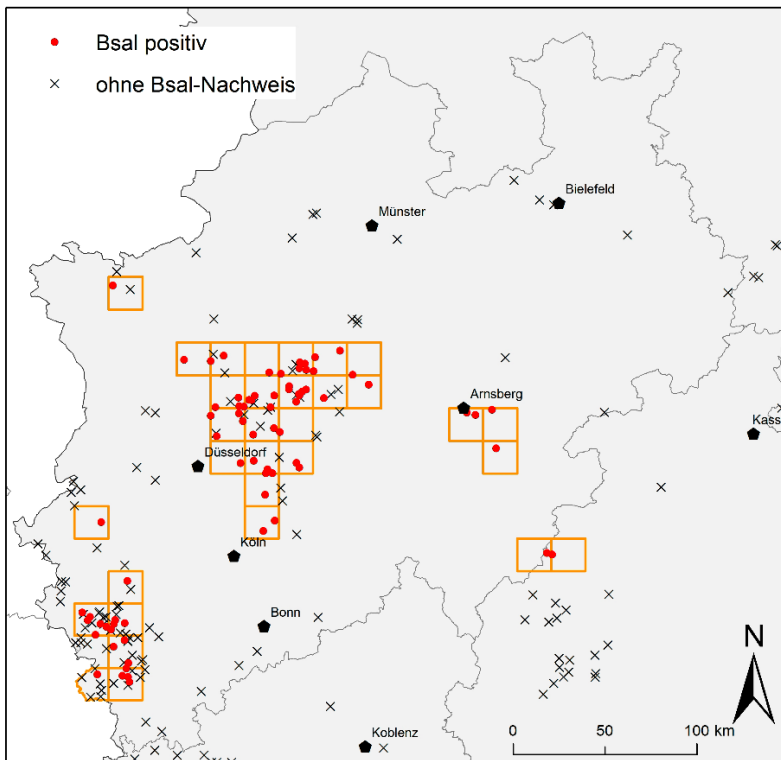


Abb. 7: Übersicht der in Nordrhein-Westfalen beprobten Standorte im Zeitraum 2015–2024. Betroffene Messtischblätter sind in orange dargestellt (vgl. Tab. 2).

Overview of surveyed sites in North Rhine-Westphalia in the period 2015–2023. Affected grid cells are shown in orange (see Tab. 2).

### Rheinland-Pfalz

Der Feuersalamander wurde in Rheinland-Pfalz zuletzt in den 1990er Jahren umfassend kartiert (Bitz et al. 1996). Sandvoß et al. (2020) konnten unter anderem zeigen, dass die Art an vielen historischen Nachweisorten in der südlichen Eifel (*Bsal*-Region Eifel) nicht mehr vorkommt. Demgegenüber legt das aktuelle Vorkommen von *Bsal* in der rheinland-pfälzischen Eifel nahe, dass es in der Vergangenheit möglicherweise zu *Bsal*-induzierten stillen Rückgängen des Europäischen Feuersalamanders gekommen ist, die zu lokalen Aussterbeereignissen geführt haben (Wagner et al. 2019b, Sandvoß et al. 2020). Eine neuerliche Erhebung (unpublizierte Daten Universität Trier) im Jahr 2023 konnte die Ergebnisse aus Sandvoß et al. (2020) nicht widerlegen.

Erstmals wurde *Bsal* in Rheinland-Pfalz an Bergmolchen im Jahr 2017 nachgewiesen (Tab. 3). Weitere *Bsal*-Nachweise in Feuersalamander-Populationen (Methode nach Blooi et al. 2013, 2016) erfolgten ab dem Jahr 2022 in mehreren Waldgebieten südlich von Gerolstein (Tab. 3, Abb. 8). Diese Waldgebiete bilden ein zusammenhängendes Netz bis zur Mosel, sodass eine weiter nach Süden reichende *Bsal*-Ausbreitung naheliegender erscheint – oder zu erwarten ist. Für eine bessere Eingrenzung der Situation wurden mehrere Standorte zwischen den positiven Funden bei Gerolstein und der Mosel untersucht. Die beprobten Individuen (Molche und Feuersalamander) zeigten in der qPCR kein positives Signal auf *Bsal*. Wie durch ein Feuersalamander-Larvenmonitoring (nach Schmidt et al. 2015) untermauert, ist für den Moment (Stand 20. Februar 2024)

Tab. 3: Zusammenfassung mit Angaben zu Standorten, betroffenen Kreisen und Messtischblättern sowie der Ausbreitungsdynamik von *Bsal* in Rheinland-Pfalz seit 2017 (FS = Europäischer Feuersalamander, BM = Bergmolch, KM = Kammolch, TM = Teichmolch, NSG = Naturschutzgebiet).  
 Summary of *Bsal* localities in Rhineland-Palatinate, affected districts and grid cells as well as *Bsal*-spread dynamics since 2017 (FS = fire salamander, BM = Alpine newt, KM = great crested newt, TM = smooth newt, NSG = Nature reserve).

Erstnachweis:	Plütscheid	Jahr: 2017	
Anzahl untersuchter Standorte:	105	Untersuchungszeitraum: 2014-2023	
Anzahl positiver Standorte:	18		
Betroffene Kreise:	Bitburg-Prüm, Vulkaneifel		
Betroffene MTB:	5703, 5704, 5705, 5804, 5805, 5904, 5905		
Ausbreitungsgeschichte			
Wann	Wo	Region	Wirtsarten
2017	Plütscheid	Bitburg-Prüm	BM
2018	Alfbach	Bitburg-Prüm	BM
	Schwarzer Mann	Bitburg-Prüm	BM
	Sellerich	Bitburg-Prüm	BM
	Neuendorf, Dreisbach	Bitburg-Prüm	BM
2019	Brandscheid, Watzbach	Bitburg-Prüm	FS, BM, FM
	Gerolstein, Friedhof	Vulkaneifel	BM
2021	Niederprüm, Tongrube (NSG)	Bitburg-Prüm	KM, TM, BM, FM
2022	Zendscheid, Katzbach	Bitburg-Prüm	FM
	Usch, Datsbach	Bitburg-Prüm	BM, FM
	Densborn 1	Vulkaneifel	FS
	Densborn 2	Vulkaneifel	FS
	Densborn 4	Vulkaneifel	FS
	Densborn 5	Vulkaneifel	FS
	Usch 1	Bitburg-Prüm	BM
	Usch 2	Bitburg-Prüm	BM
	Usch 3	Bitburg-Prüm	BM
2023	Bettenfeld, Bierbach	Bitburg-Prüm	BM, FM

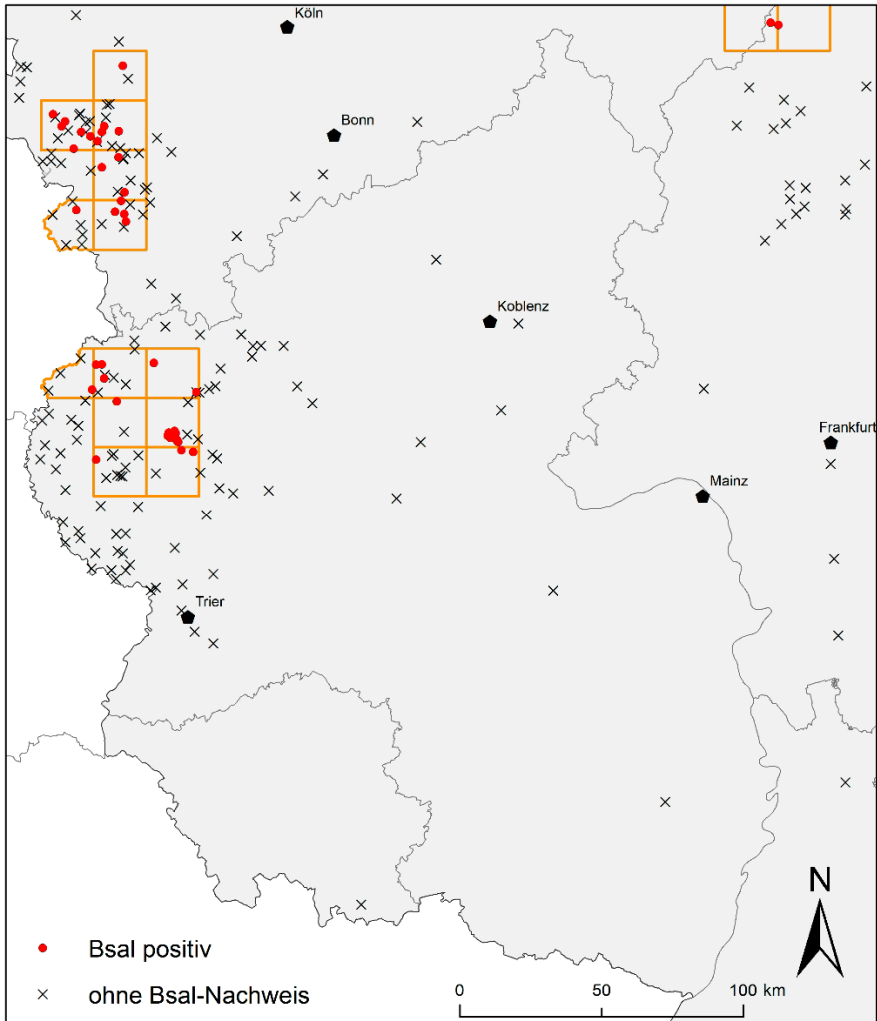


Abb. 8: Übersicht der in Rheinland-Pfalz beprobten Standorte im Zeitraum 2017–2023. Betroffene Messtischblätter sind in orange dargestellt (vgl. Tab. 3).  
 Overview of surveyed sites detected in Rhineland-Palatinate in the period 2017–2023. Affected grid cells are shown in orange (see Tab. 3).

anzunehmen, dass *Bsal* nicht außerhalb der eingezeichneten Messtischblätter in Rheinland-Pfalz vorkommt (Wagner et al. 2020, Abb. 8, unpublizierte Daten Universität Trier). An einigen der Standorte, wo erst relativ kürzlich *Bsal* nachgewiesen wurde, konnte weiterhin Reproduktion belegt werden (Abb. 3, vgl. Erens et al. 2023), wenn auch mit wenigen Larven.

Ähnlich wie in der nordrhein-westfälischen Eifel ist *Bsal* – zumindest bislang – in der Südeifel keinesfalls flächendeckend verbreitet (Abb. 8, vgl. auch Wagner et al. 2019a). Zudem konnten einige ehemalige *Bsal*-Standorte (Alfbach, Plütscheid, Gerolstein) seit ihrem Nachweis nicht wiederholt bestätigt werden, weder an beprobten Molchen, noch an Feuersalamandern (Tab. 3).

### Bayern

Der Erreger wurde im Naturpark Steigerwald im Norden Bayerns (*Bsal*-Region Steigerwald) erstmals im Jahr 2020 an Feuersalamandern mehr als 250 km entfernt von den zuvor bekannten und oben beschriebenen *Bsal*-Regionen nachgewiesen (Thein et al. 2020, Tab. 4, Abb. 9). Der Steigerwald ist ein größtenteils als FFH-Gebiet sowie als besonderes Schutzgebiet (SPA) des europäischen Natura-2000-Netzes ausgewiesenes Mittelgebirge und ist darüber hinaus ein beliebtes Ausflugsziel (Thein et al. 2020).

Seit dem ersten Nachweis findet ein *Bsal*-Monitoring im Steigerwald statt. Es werden engmaschig Populationen in weiten Teilen des Steigerwalds untersucht. Dabei wird ein Larvenmonitoring (vereinfacht nach Schmidt et al. 2015) zur Überwachung der Bestände eingesetzt und zum anderen werden Hautabstriche von adulten Feuersalamandern zwecks qPCR-Diagnostik (nach Blooi et al. 2013, 2016) genommen. Bisher zeigt sich, dass sich *Bsal* im Steigerwald lokal weiter ausbreitet. Im Untersuchungszeitraum wurden von insgesamt 335 beprobten Feuersalamandern 37 Individuen (= 11 %) positiv auf *Bsal* getestet. 16 dieser Positivbefunde wurden an Feuersalamandern im gleichen Waldgebiet nordöstlich von Ebrach in einem Radius von max. 2,4 km um den Erstfundort festgestellt. Der zweite Schwerpunkt mit 21 *Bsal*-positiven Befunden liegt etwa 5–8 km entfernt in den Wäldern nördlich des Erstfundes. Zudem konnte in allen untersuchten Bächen mindestens in einem Jahr Larven nachgewiesen werden. Es gab bisher keine Hinweise auf ein Erlöschen von Larvenvorkommen in einzelnen Bächen.

Tab. 4: Zusammenfassung mit Angaben zu Standorten, betroffenen Kreisen und Messtischblättern sowie der Ausbreitungsdynamik von *Bsal* im Steigerwald und Schwaben, BY, seit 2020 (FS = Feuersalamander, BM = Bergmolch, KM = Kammolch, TM = Teichmolch).

Summary of *Bsal* localities in the Steigerwald area and Schwaben, Bavaria, affected districts and grid cells as well as *Bsal*-spread dynamics since 2020 (FS = fire salamander, BM = Alpine newt, KM = great crested newt, TM = smooth newt).

Erstnachweis:		Daxberg, Ebrach	Jahr: 2020
Anzahl untersuchter Standorte:		105	Untersuchungszeitraum:
Anzahl positiver Standorte:		26 (29)	2020-2023
Betroffene Kreise:		Unterallgäu, Augsburg, Bamberg, Schweinfurt, Haßberge	
Betroffene MTB:		6028, 6029, 6128, 6129, 7927, 7928, 7929, 7529, 7530	
Ausbreitungsgeschichte			
Wann	Wo	Region	Wirtsarten
2020	Unterallgäu, Daxberg	Schwaben	BM
	Bamberg, Ebrach (mehrere Standorte)	Steigerwald	FS, BM
	Haßberge, Fabrikschleichach (mehrere Standorte)	Steigerwald	FS, KM
2021	Unterallgäu, Daxberg (mehrere Standorte)	Schwaben	BM, TM
	Unterallgäu, Arlesried	Schwaben	BM, TM
	Unterallgäu, Dankelsried	Schwaben	BM, TM
	Unterallgäu, Hohenreuten	Schwaben	TM
	Unterallgäu, Kohlberg (mehrere Standorte)	Schwaben	BM, TM
	Bamberg, Ebrach (mehrere Standorte)	Steigerwald	FS, BM, TM
2022	Unterallgäu, Kirchstetten	Schwaben	BM, TM
	Unterallgäu, Frickenhausen ( <i>Verdacht</i> )	Schwaben	BM, TM
	Unterallgäu, Mindelheim Morau	Schwaben	BM, TM, KM
	Unterallgäu, Nassbeuren, Hillental Süd	Schwaben	BM, TM
	Unterallgäu, Biberbach Affaltern ( <i>Verdacht</i> )	Schwaben	BM
Augsburg, Emersacker Lauterbrunn ( <i>Verdacht</i> )	Schwaben	TM	
2023	Augsburg, Bonstetten ( <i>Verdacht</i> )	Schwaben	BM, TM
	Augsburg, Reutern	Schwaben	BM
	Augsburg, Emersacker Lauterbrunn ( <i>Verdacht bestätigt</i> )	Schwaben	BM

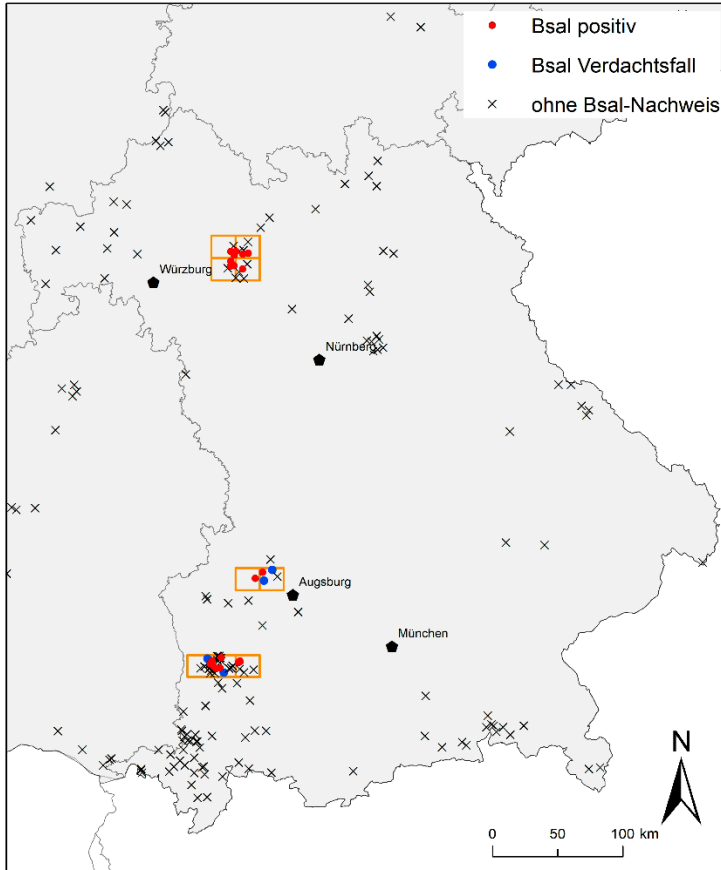


Abb. 9: Übersicht auf die Untersuchungskulisse in Bayern mit den *Bsal*-Regionen Steigerwald und Schwaben, inklusive der beprobten Standorte im Zeitraum 2020–2023. Betroffene Messtischblätter sind orange gerahmt (vgl. Tab. 4).

Overview of the *Bsal*-sampling in Bavaria with the *Bsal* regions Steigerwald and Schwaben (engl. Swabia) including surveyed sites in the period 2020–2023. Affected grid cells are framed in orange (see Tab. 4).

In der *Bsal*-Region Schwaben wurden erstmals im Jahr 2020 tote Bergmolche in Gartenteichen in Daxberg nordöstlich von Memmingen aufgefunden (Schmeller et al. 2020). Die Tiere wiesen teilweise *Bsal*-typische Läsionen auf. Histologische und genetische Analysen bestätigten das *Bsal*-Vorkommen (Schmeller et al. 2020). Der Nachweis gelang ausschließlich an Molchen, der Feuersalamander kommt in dieser Region nicht vor. Dafür liegen Vorkommen des Alpensalamanders (*Salamandra atra*) in rund 50 km Entfernung. Die Art gilt als empfänglich für *Bsal* und zeigte im Infektionsexperiment eine hohe Mortalität (Martel et al. 2014). An 14 untersuchten Standorten des Alpensalamanders wurde nach Böning et al. (in Druck) bislang kein *Bsal*-Nachweis festgestellt.

Zwischen 2020 und 2022 wurde in der Region Schwaben ein *Bsal*-Monitoring über Hautabstriche und anschließender qPCR (nach Blooi et al. 2013, 2016) durchgeführt. Hier lag der Fokus, anders als im Steigerwald, auf den Molchpopulationen im Ausbruchsbereich sowie in einem Radius von 10 km um den ersten Nachweis. Es wurden zusammenfassend zehn neue Nachweise erbracht und der Erstnachweis aus der Region bestätigt.

Die Nachweise befanden sich sowohl nordöstlich als auch südöstlich der Ortschaft. Im Jahr 2022 erfolgten vier weitere positive *Bsal*-Nachweise, diesmal auch weiter südlich. Die derzeitige Verbreitungskulisse zeigt, dass die Salamanderpest im Umkreis von Daxberg bereits etabliert und im Landkreis Unterallgäu weiter verbreitet ist – und dies vermutlich schon vor dem Jahr des Erstnachweises – als bisher angenommen. Weiter nach Süden scheint die Salamanderpest noch nicht vorgedrungen zu sein, dies lassen zumindest Beprobungsergebnisse aus den Jahren 2022 und 2023 vermuten. Stattdessen wurden zwei Verdachtsfälle nordwestlich von Augsburg an Molchen im Jahr 2022 festgestellt. Hier wurde ein Teichmolch durch zwei Labore mittels Hautabstrich und qPCR positiv auf *Bsal* getestet. Eine weiterführende Untersuchung mittels PCR mit einem weiteren Primer (28S, nach Iwanowicz et al. 2017) sowie anschließender Sequenzierung bestätigten die Resultate der qPCR. Im Jahr 2023 wurden wiederholt *Bsal*-positive Tiere nachgewiesen. Es muss also davon ausgegangen werden, dass es sich bei den Befunden um den Salamanderpilz handelt. Die Funde in Augsburg nehmen wir zum Anlass, die Ausbrechungsregion in Schwaben umzubenennen. Die bisherige Bezeichnung „Allgäu“ trifft auf die aktuelle Verbreitung von *Bsal* in Westbayern nicht zu.

## Hessen

In Hessen werden seit 2018 Feuersalamander-Populationen auf das Pathogen untersucht (Tab. 5, Abb. 10). Zur Prävention vor potenziellen *Bsal*-Ausbrüchen in Hessen wurde an bisherige positive *Bsal*-Nachweise in hessischen Privathaltungen angeknüpft und 2019 als erste Maßnahme auf freiwilliger Basis bei der oberen Naturschutzbehörde (Regierungspräsidium) gemeldete Privathaltungen von Feuersalamandern in Hessen untersucht (Sabino-Pinto et al. 2015, 2018). Es wurden neun Privathaltungen in Hessen und insgesamt 174 Individuen verschiedener Schwanzlurcharten auf *Bsal* beprobt. Dabei wurden Hautabstriche von unterschiedlichen Amphibienarten genommen und mittels qPCR-Diagnostik untersucht. Es gab keinen Nachweis einer *Bsal*-Infektion (Jung et al. 2020). Seit 2022 wird eine Molchgemeinschaft in der Tongrube Wembach südöstlich von Darmstadt auf das Vorhandensein von *Bsal* beprobt. Während im Jahr 2022 die genommenen Hautabstriche einen negativen *Bsal*-Befund ergaben, wurde 2023 das Pathogen an einem Kammmolch möglicherweise nachgewiesen (HLNUG 2023, Tab. 5). Der Befund beruht ausschließlich auf Analysen von Hautabstrichen mittels qPCR und konnte bisher nicht durch eine weitere, unabhängige Methode (z. B. Histopathologie)

Tab. 5: Zusammenfassung mit Angaben zu Standorten, betroffenen Kreisen und Messtischblättern sowie der Ausbreitungsdynamik von *Bsal* in Hessen (FS = Europäischer Feuersalamander, KM = Kammmolch).

Summary of *Bsal* localities in Hesse, affected districts and grid cells as well as *Bsal*-spread dynamics (FS = Fire salamander, KM = great crested newt).

Erstnachweis:		Biedenkopf	Jahr: 2024
Anzahl untersuchter Standorte:		27	Untersuchungszeitraum: 2018-2024
Anzahl positiver Standorte:		2 (3)	
Betroffene Kreise:		Marburg-Biedenkopf	
Betroffene MTB:		5016, 5017	
Ausbreitungsgeschichte			
Wann	Wo	Region	Wirtsarten
2023	Tongrube Wembach ( <i>Verdacht</i> )	Vorderer Odenwald	KM
2024	Wallau, Hainbachtal	Lahn-Dill Bergland	FS
	Biedenkopf, Weifenbach	Lahn-Dill Bergland	FS

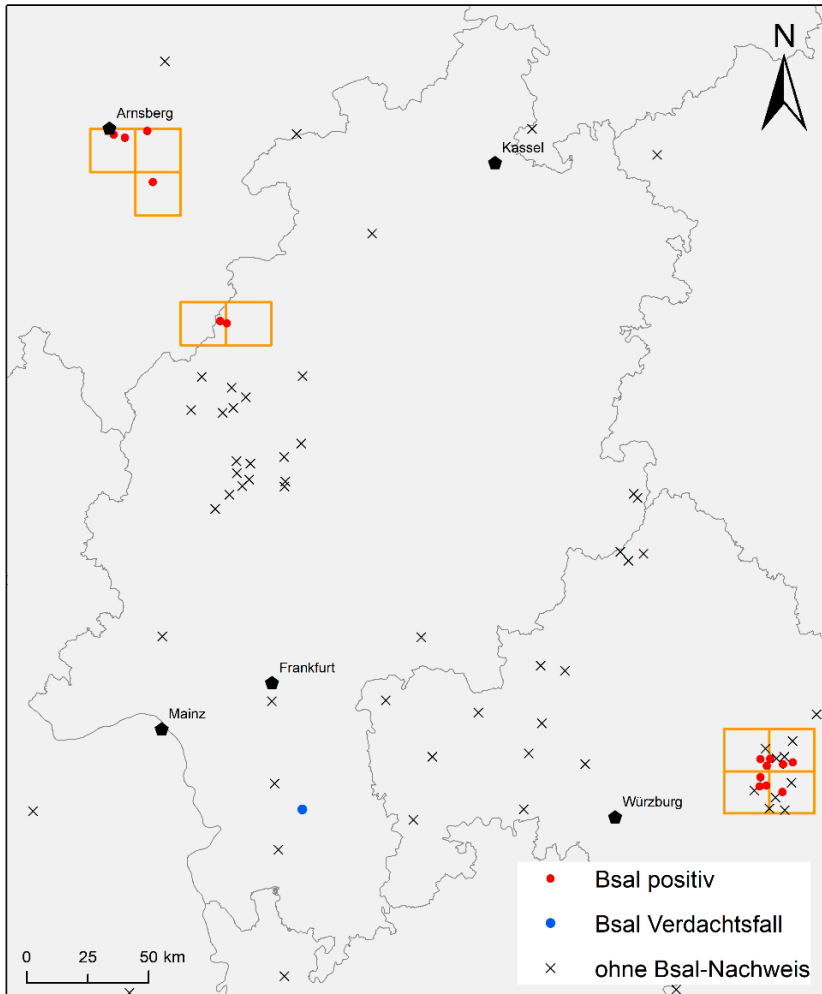


Abb. 10: Übersicht auf die beprobten Standorte im Zeitraum 2020–2024 in Hessen. Betroffene Mess-tischblätter sind orange gerahmt (vgl. Tab. 5).

Overview of the surveyed sites in the period 2020–2023 in Hesse. Affected grid cells are framed in orange (see Tab. 5).

verifiziert werden. Es wurden ferner keine Totfunde an diesem Standort dokumentiert, sodass dieser Nachweis vorerst als Verdachtsfall gewertet wird (nach Lötters et al. 2020 und s. u.). Seitdem wurden Präventionsmaßnahmen eingeleitet und das Monitoring intensiviert. Für den Feuersalamander erfolgte kein positiver *Bsal*-Nachweis in dieser Region.

Im Januar 2024 erfolgte der erste Freilandnachweis von *Bsal* am Europäischen Feuersalamander in Hessen (Jung et al. 2024). Im Grenzbereich zu Nordrhein-Westfalen wurden mehr als 30 tote Feuersalamander im Bereich von zwei Winterquartieren gefunden (Abb. 10). Die anschließenden Untersuchungen auf *Bsal* (qPCR und Histologie) erbrachten *Bsal*-positive Befunde aller Proben in A- und B-Probe. In der Befalls-Region werden nun intensive Monitorings durchgeführt, um das Ausmaß des Ausbruches zu dokumentieren (vgl. Jung et al. 2024).



## Erkenntnisse zu *Bsal* bei Amphibien, außerhalb der Gattung *Salamandra*

Für Arten der Gattung *Salamandra* – in Deutschland ist bislang nur der Feuersalamander betroffen – führt *Bsal* zu einer todbringenden Erkrankung (Martel et al. 2013, 2014, Stegen et al. 2017), wenngleich dies aus bislang nur wenig verstandenen Gründen nicht zwingend zum Aussterben von Populationen führt (vgl. Lötters et al. 2020a, b, Schulz 2020, Erens et al. 2023). Noch weniger verstanden ist der Einfluss der Salamanderpest auf die heimischen Molche, die jedoch erwiesenermaßen weniger anfällig für *Bsal* sind und in unterschiedlichem Grade als tolerant gelten (vgl. Lötters et al. 2020a, Böning et al. 2023). Es ist bekannt, dass *Bsal* beim Berg- und Fadenmolch auftreten kann, ohne dass Symptome, wie sie beim Feuersalamander bekannt sind (z. B. Spitzen-van der Sluijs et al. 2016, Stegen et al. 2017, Dalbeck et al. 2018), auftreten. Anders als bei dieser Art ist bei den genannten Molcharten eine *Bsal*-induzierte Mortalität aus dem Freiland sowie aus Infektionsexperimenten bisher nicht belegt. Es wurden lediglich einzelne *Bsal*-bedingte Todesfälle aus der Terrarienhaltung gemeldet (zusammengefasst in Castro Monzon et al. 2023). Beim Teichmolch ist der derzeitige Wissensstand noch ausgesprochen lückenhaft. Zumindest kann sich die Art im Freiland infizieren (Lötters et al. 2020), und Laborinfektionsexperimente zeigten einen teils letalen Ausgang von *Bsal*-Infektionen (Bates et al. 2019). Insgesamt besteht somit beim Teichmolch noch deutlicher Forschungsbedarf.

Böning et al. (2023) zeigen rezent deutliche Rückgänge beim Nördlichen Kammolch, die mit dem Auftreten von *Bsal* im Zusammenhang stehen könnten. Die Art ging in historisch individuenstarken Populationen, in denen nun *Bsal* auftritt, deutlich zurück. Es können an unterschiedlichen Standorten jedoch weiterhin Individuen mit unterschiedlichen Infektionslasten im Jahresverlauf gefunden werden, einschließlich *Bsal*-negativer Exemplare, die zuvor deutlich positiv getestet wurden (Böning et al. 2023). Es bleibt unklar, wie sich *Bsal* langfristig auf die betroffenen Populationen des Nördlichen Kammolchs auswirkt. Er ist weiterhin als sensible Art gegenüber dem Erreger einzustufen und zumindest ausgewählte Bestände sollten ebenso wie die des Feuersalamanders zukünftig auf Infektionen und Bestandsentwicklungen überprüft werden.

Der Status von Anuren als Vektoren für den Salamanderpilz ist noch nicht systematisch untersucht worden. Laboruntersuchungen zeigen, dass Geburtshelferkröten (*Alytes obstetricans*) als Vektoren dienen können (Stegen et al. 2017), was durch Hildwein et al. (2022) im Freiland an mindestens einem Standort bestätigt werden konnte. Darüber hinaus existiert für Deutschland nur ein bestätigter Nachweis von *Bsal* auf einem Grasfrosch (Lötters et al. 2020a), sowie an einzelnen Erdkröten am Standort Herne-Langeloh (Tab. 3). Ob es sich dabei um infizierte Tiere handelte, bleibt unklar. Alle übrigen bisher untersuchten Hautabstriche (insgesamt 607) von Anurenarten blieben negativ (Lötters et al. 2020a, unpublizierte Daten Universitäten Trier und Leipzig). Allerdings erfolgten die Beprobungen von Anuren – wenn auch innerhalb des *Bsal*-Verbreitungsgebietes – meistens zufällig. Es kann somit nicht ausgeschlossen werden, dass neben der Geburtshelferkröte auch andere Anuren, etwa in Gebieten mit akuten Massensterben, eine Rolle als *Bsal*-Vektor oder -Reservoir spielen können.

## Maßnahmen zur Eindämmung der Salamanderpest und Handlungsempfehlungen

Sich ausbreitende Infektionskrankheiten (EIDs) stellen eine große Herausforderung für den Schutz der Biodiversität im Anthropozän dar. Vor allem die Bekämpfung der Ausbreitung von invasiven Pathogenen, die Krankheiten nur bei Wildtieren hervorrufen, ist zunehmend eine wichtige Aufgabe für die Erhaltung der biologischen Vielfalt auf der ganzen Welt (z. B. Woodhams et al. 2011, Garner et al. 2016, Plewnia et al. 2023b). Dementsprechend stellen Feldstudien – einschließlich des Monitorings von Wirten und Erregern – unverzichtbare Maßnahmen dar, die als Grundlage zur Entwicklung von Schutzmaßnahmen dienen, was wiederholt auch im Zusammenhang mit der Salamanderpest formuliert wurde (für Deutschland z. B. Dalbeck et al. 2018, Lötters et al. 2020a, Schulz et al. 2020, Wagner et al. 2019a, b).

In einer umfassenden Studie diskutieren Thomas et al. (2019) die Grenzen und Möglichkeiten des Managements von *Bsal*. Allerdings muss an dieser Stelle erwähnt werden, dass bisher keine langfristig effektiven Managementmaßnahmen im Freiland bekannt sind, sofern der Erreger bereits eingetragen wurde (vgl. Martel et al. 2020). Dies unterstreicht die besondere Bedeutung von präventiven Hygienemaßnahmen, die eine anthropogene Verschleppung von *Bsal* effizient aufhalten können. Der im Jahre 2020 erstellte europäische *Bsal*-Aktionsplan empfiehlt zwar Strategien, die Umsetzung dieser liegt allerdings bei den jeweiligen EU-Staaten (Gilbert et al. 2020). Eine Umsetzung in Deutschland auf nationaler Ebene wurde gefordert, wurde allerdings bisher nicht umfassend durchgeführt (Lötters et al. 2020a). In einigen Bundesländern – gerade in den von der Salamanderpest betroffenen – ist man sich jedoch der Problematik bewusst und reagiert auf verschiedene Weise.

### Umsetzung auf Länderebene

In Nordrhein-Westfalen wurde durch das Landesamt für Umwelt- und Verbraucherschutz (LANUV) in Zusammenarbeit mit der Universität Trier ein Hygieneprotokoll zur Verhinderung der Übertragung von *Bsal* entworfen, welches mittlerweile als Grundlage für Hygieneprotokolle anderer Länder dient. Im Jahr 2023 hat das LANUV schließlich ein Landeskonzept zur Salamanderpest erarbeitet (s. u.), welches derzeit etabliert wird (Stand 20. Februar 2024).

In Rheinland-Pfalz wurde seit 2021 im Rahmen der Aktion Grün (gefördert durch das Ministerium für Klimaschutz, Umwelt, Energie und Mobilität, MKUEM), neben einem *Bsal*-Monitoring, welches eine Beprobungskampagne und die Weiterführung des Frühwarnsystems beinhaltet, eine Erhaltungszucht für regionale genetische Linien des Feuersalamanders und des Nördlichen Kammmolchs aufgebaut. Seit 2016 läuft hier bereits eine Meldekampagne für den Feuersalamander (passives Monitoring durch Citizen Science). Handlungsempfehlungen werden erarbeitet (Stand 20. Februar 2024).

In Bayern wurde unmittelbar nach Bekanntwerden der *Bsal*-Ausbrüche im Jahre 2020 mit einem Monitoring, initiiert durch das Landesamt für Umwelt (LfU), reagiert. Ferner wird auch im bayerischen Artenhilfsprojekt (AHP) Feuersalamander, koordiniert durch den Landesbund für Vogelschutz e. V. (LBV), den Bund Naturschutz e. V. (BUND) und den Landesverband für Amphibien- und Reptilienschutz in Bayern e. V. (LARS) ein *Bsal*-Monitoring durchgeführt (Stand 15. Februar 2024).

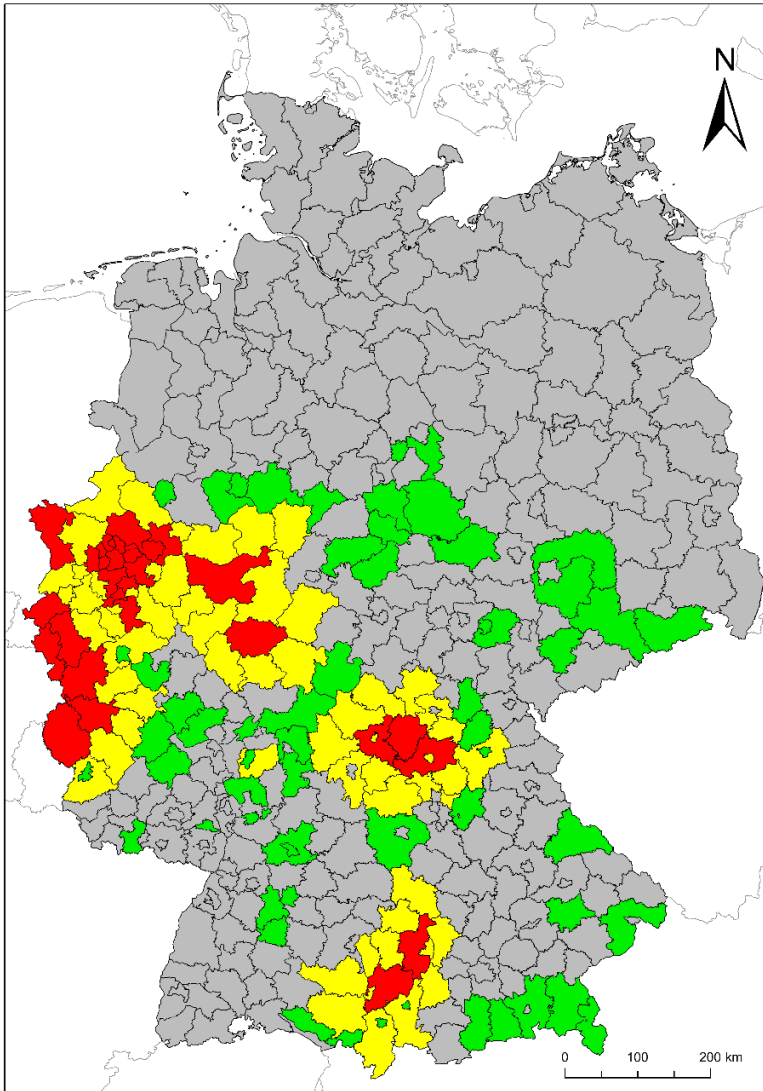


Abb. 11: Einteilung der Landkreise (LKR) und kreisfreien Städte Deutschlands nach ihren *Bsal*-Gefährdungstatus gemäß dem LANUV-Farbstufenmodell (Rot = aktueller *Bsal*-Nachweis im LKR, Gelb = LKR angrenzend an LKR mit *Bsal*-Nachweis, Grün = kein *Bsal*-Nachweis, Grau = keine Daten vorhanden, vgl. Tab. 6, 7). Eine barrierefreie Darstellung als pdf ist verfügbar unter [www.laurenti.de](http://www.laurenti.de).

*Bsal* risk classification of districts and independent cities in Germany according to the LANUV colour code model (Red = recent *Bsal*-Site in district, Yellow = district shares boundary with a *Bsal*-positive district, Green = no *Bsal* detected, Grey = no data available, see Tab. 6, 7). A colour blind friendly version as pdf is available at [www.laurenti.de](http://www.laurenti.de).

In Hessen werden seit 2015 umfängliche Maßnahmen betrieben. Neben dem erwähnten Artenschutzprojekt besteht seit 2015 eine Meldekampagne für den Feuersalamander. Im Jahr 2019 wurde ein Frühwarnsystem auf Grundlage der Larvenerfassung etabliert, welches in Form eines Citizen-Science-Ansatzes durchgeführt wird. Im Jahr 2021 wurde ein Nachzuchtprojekt in Abstimmung mit dem Regierungspräsidium Gießen an der

Wilhelm-von-Oranien-Schule, Dillenburg etabliert. Mit dem neuen *Bsal*-Nachweis in Hessen wurde eine intensive Suche und Beprobung von Schwanzlurchen in der Umgebung initiiert (Jung et al. 2024).

In Baden-Württemberg fanden Beprobungen in Populationen des Europäischen Feuersalamanders an 16 Standorten statt. Unter den getesteten Salamandern befanden sich auch zahlreiche Toffunde aus Gewässern oder in Nähe von Straßen und Wegen, welche im Rahmen der Landesweiten Artenkartierung Amphibien und Reptilien in Baden-Württemberg (LAK, siehe z. B. Pogoda et al. 2021) dem Staatlichen Museum für Naturkunde Stuttgart gebracht wurden. Der Salamanderpilz wurde bisher nicht in Baden-Württemberg nachgewiesen. Jedoch existiert in Baden-Württemberg weder ein flächendeckendes Stichprobenmonitoring von *Bsal* noch werden aktuell Maßnahmen diskutiert, um den Erhalt der genetischen Linien des Feuersalamanders bei Auftreten des Salamanderpilzes zu gewährleisten.

Zur Überwachung der Ausbreitung und zur Bekämpfung der Salamanderpest empfehlen wir, dass für Nordrhein-Westfalen ausgearbeitete Konzept des LANUV auf alle Bundesländer zu übertragen. Es umfasst fünf Säulen: (1) aktives Monitoring (Feuersalamanderlarven und Hautabstriche von Adulti für *Bsal*-Untersuchungen), (2) gezielte Artenschutzmaßnahmen, (3) Öffentlichkeitsmaßnahmen (passives Monitoring durch Meldungen/Citizen Science, Aufklärung in der Bevölkerung), (4) Erhaltungszucht und (5) Datenverwaltung. Zur Einstufung des Gefährdungsgrades durch *Bsal* sowie nötiger Handlungen wurde ein Farbstufenmodell entwickelt (Tab. 6). Diese Einstufungen berücksichtigen auch die modellierten Ausbreitungsdynamiken von Schmidt et al. (2017) und Akçakaya et al. (2023), welche eine Ausbreitungsgeschwindigkeit von *Bsal* zwischen 4 und 16 km pro Jahr plausibel erscheinen lassen. Die Einstufung erfolgt auf Basis der Kommunen und kreisfreien Städte. Das LANUV-Farbstufenmodell und die konzeptionellen Überlegungen beziehungsweise die Umsetzung werden an gegebener Stelle ausführlich beschrieben. Wenn man dem sich daraus ergeben möglichen bundesweiten Diskurs vorgreift und die LANUV-Farbstufen auf ganz Deutschland auf der Verwaltungsebene der unteren Naturschutzbehörden anwendet, lassen sich aktuell 148 von 402 Landkreisen und kreisfreien Städten bezüglich *Bsal* bewerten (Abb. 11, Tab. 7).

### **Erhaltungszuchten**

Von *Bsal* betroffene Populationen, beispielsweise des Feuersalamanders, können durch Haltungsmaßnahmen gefördert werden. Die Arterhaltung (oder die Erhaltung einer lokalen genetischen Linie einer Art) außerhalb ihres natürlichen Lebensraumes sollte dann angewendet werden, wenn *Bsal* das Vorkommen erheblich gefährdet. Diese Handlungsempfehlung setzt eine koordinierte Vorgehensweise voraus, in der im Vorfeld die Dauer, Kosten, Räumlichkeiten, Einhaltung der Hygienemaßnahmen, Einhaltung der Haltungsrichtlinien der jeweiligen Art(en) und der Einbezug von Experten ausgearbeitet und sichergestellt werden muss (Gilbert et al. 2020). Darüber hinaus sollte auch darüber entschieden werden, ob die Maßnahme ebenso eine Zucht der genetischen Linie beinhalten soll – im Gegensatz zu einer temporären menschlichen Inobhutnahme für eine spätere Wiederansiedlung der Wildfänge. Denn die Strategie kann auch vorerst nur dazu genutzt werden, befallene und erkrankte Tiere aus der Natur zu entnehmen, gesundzupflegen und anschließend in die temporäre Hälterung (ggf. über

mehrere Jahre) zu überführen. Allerdings gilt hier im Vorfeld zu klären, ab welchem Krankheitsstadium und wie viele Tiere entnommen werden sollen. Gerade bei Massensterbeereignissen kann die Haltung der Tiere schnell an ihre Kapazitätsgrenze gelangen. Darüber hinaus ist eine visuelle Einschätzung über den Krankheitszustand eines Tieres nicht immer sicher zu treffen (vgl. Schulz et al. 2020). Die Umsetzung der Handlungsstrategien sollte umfassend und länderübergreifend geplant werden und darüber hinaus in enger Abstimmung mit den zuständigen Behörden erfolgen. Ebenso empfehlen wir den Austausch zwischen den jeweiligen Erhaltungsprogrammen, die zum Schutz gegen *Bsal* eingerichtet werden.

### **Austausch und Verfügbarkeit von Informationen**

Die oben angesprochenen Maßnahmen können nur dann umgesetzt werden, wenn die aktuelle Verbreitung des Pathogens in Deutschland bekannt ist. Es ist daher essenziell, dass *Bsal*-Fundpunktdaten stetig aktualisiert und dauerhaft abrufbar sind. Aus diesem Grund empfehlen wir, dass Institutionen und Behörden ihre Fundpunktdaten (positive und negative) nach eingehender Prüfung für eine Online-Karte zur Verfügung stellen. Fundpunkte, die im Rahmen von Forschungsprojekten entstehen, sollten, nachdem sie publiziert wurden, ebenfalls zur Verfügung gestellt werden. Übermittelte Daten sollten Koordinaten, Beprobungsdatum, Anzahl beprobter Individuen pro Art und Anzahl positiver Tiere pro Art enthalten. Dieser Schritt soll es Behörden, Institutionen und Interessierten dauerhaft ermöglichen, sich über die Verbreitung des Salamanderpilzes in Deutschland zu informieren. Die dieser Publikation zugrundeliegenden Daten können als Grundlage in die Online-Karte einfließen. Die Rohdatentabelle ist als pdf verfügbar unter [www.laurenti.de](http://www.laurenti.de).

### **Umgang mit Verdachtsfällen**

Wir gehen davon aus, dass auch bei zukünftigen Erfassungen Verdachtsfälle auftreten werden. Es werden solche *Bsal*-positiven Proben von Schwanz- und Froschlurchen als Verdachtsfälle eingestuft, die in *Bsal*-freien Landschaftseinheiten in mind. 200 km von bereits bekannten Fundorten auftreten, oder wenn der Nachweis an einer bisher nicht betroffenen Art oder Unterart erfolgte (Lötters et al. 2020). Diese sind durch eine unabhängige Methode zu verifizieren. Bisher gelten die qPCR mit A- und B-Probe, sowie die Histologie als valide Methoden zur Bestätigung eines Verdachtsfalls (Thomas et al. 2018), der dadurch als Neunachweis gewertet wird. Diese Methoden sind besonders effektiv bei Meldungen von Totfunden, gerade bei Feuersalamandern, mit anschließender Nachsuche, Beprobung und Entnahme von verstorbenen Tieren (z. B. Dalbeck et al. 2018, Schulz et al. 2020, Schmeller et al. 2020, Thein et al. 2020). Bei *Bsal*-Beprobungen im Rahmen von Screenings und Monitorings stößt diese Methodenkombination an ihre Grenzen, gerade wenn Molchgemeinschaften in die Beprobungen mit einfließen. Oftmals zeigen diese Arten (aber auch der Feuersalamander) keine offensichtlichen Hautläsionen, die Infektion verläuft asymptomatisch (Sabino-Pinto et al. 2018, Böning et al. 2023). *Bsal*-Analysen mittels Umwelt-DNA durchzuführen ist eine vielversprechende Methode, da es keines Fangs und keiner Beprobung bedarf und lediglich Wasserproben genommen werden müssen (Spitzen-Van der Sluijs et al. 2020). Vergleichende Studien mit Hautabstrichen zeigen allerdings, dass die Detektion mittels Umwelt-DNA fehleranfällig ist und es zu falsch-positiven und falsch-negativen Proben kommen kann

(s. o., vgl. Bosch et al. 2021, Porco et al. 2024, unpublizierte Daten Universität Trier). Darüber hinaus wurden für diese Methode keine Nachweisgrenzen eingeführt, wie es z. B. für Hautabstriche der Fall ist (z. B. Thomas et al. 2019).

Kommt es bei der Diagnostik (Umwelt-DNA und bei Molchgemeinschaften) zu einem positiven *Bsal*-Nachweis, ist es meist nicht möglich, dieses Ergebnis mittels Histologie zu verifizieren. Wir schlagen aus diesem Grund folgende Vorgehensweise vor, um falsch-positive Proben ausschließen zu können:

1. Kontamination ausschließen durch Negativkontrollen,
2. B-Probe von einem unabhängigen Labor überprüfen lassen,
3. Proben mithilfe eines weiteren *Bsal*-spezifischen Primers testen (28S) und anschließend sequenzieren (siehe Iwanowicz et al. 2017),
4. eine weitere Probenahme im selben, oder darauffolgenden Jahr und
5. zusätzlich für Umwelt-DNA: Molchgemeinschaften in *Bsal*-positiv detektierten Gewässern beproben und zuvor genannte Schritte befolgen.

Wird durch die Schritte 1–4 *Bsal* nachgewiesen, kann von einem Befall durch *Bsal* an dem untersuchten Standort ausgegangen werden (siehe auch Sabino-Pinto et al. 2018). Unabhängig von dem Ergebnis sollten Behörden und Akteure informiert werden, so dass vorsorgliche Maßnahmen umgesetzt werden können, die eine potenzielle weitere Verschleppung von dem Fundort aus verhindern.

Tab. 6: Übersicht zur regionalen Einstufung der *Bsal*-Gefährdung auf Landkreisebene (LANUV-Farbstufenmodell) gemäß des *Bsal*-Landeskonzeptes Nordrhein-Westfalen.

Regional categorization of the *Bsal* risk at district level (LANUV colour model) according to the *Bsal* concept for North Rhine-Westphalia.

	<b>Blaue Region</b>	<b>Rote Region</b>	<b>Gelbe Region</b>	<b>Grüne Region</b>	<b>Graue Region</b>
	Ehemalige <i>Bsal</i> -Gebiete. Letzter <i>Bsal</i> -Positiv-Nachweis muss mind. 5 Jahre zurückliegen. In diesem Zeitraum müssen mind. 2 <i>Bsal</i> -Negativ-Nachweise erbracht werden.	Aktuelle <i>Bsal</i> -Gebiete. Letzter <i>Bsal</i> -Positiv-Nachweis liegt nicht länger als 5 Jahre zurück.	Potentielle <i>Bsal</i> -Gebiete. Diese Gebiete grenzen unmittelbar an aktuelle <i>Bsal</i> -Gebiete an.	<i>Bsal</i> -freie Gebiete. In diesem Gebiet wurde ein <i>Bsal</i> -Negativ-Nachweis erbracht und es ist nicht angrenzend an aktuelle <i>Bsal</i> -Gebiete.	In Gebieten der grauen Region gibt es eine unzureichende Datenlage und sie können keinem <i>Bsal</i> -Status zugeordnet werden.
Monitoring Feuersalamanderlarven	2-jähriger Erfassungsturnus	Jährliche Präsenz-/Absenz-Kontrolle; bei Präsenz-Nachweis 1-jähriger Erfassungsturnus	1-jähriger Erfassungsturnus	2-3-jähriger Erfassungsturnus	1-malige Erfassung
<i>Bsal</i> -Beprobungen	2-jähriger Beprobungsturnus	3x innerhalb von 5 Jahren nach letztem <i>Bsal</i> -Positiv-Nachweis	1-jähriger Beprobungsturnus	2-3-jähriger Beprobungsturnus	1-malige Beprobung
Artenschutzmaßnahmen	Schulung Personal, Hinweisschilder, Hygienemaßnahmen, Meidung unbefestigter Wege, Weiterleitung Fund- und Verdachtsmeldungen			Schulung Personal und relevanter Verbände, Weiterleitung Fund- und Verdachtsmeldungen	
Öffentlichkeitsarbeit	Ansprechperson, Webbasierte Inhalte, Flyer, Beschilderung, Beiträge, Einbezug Verbände, Veranstaltungen			Ansprechperson, Webbasierte Inhalte, Flyer	

Tab. 7: Auflistung der nach der *Bsal*-Gefährdung eingestufenen Landkreise gemäß des *Bsal*-Landeskonzepthes NRW (LANUV, unveröff.). Eine barrierefreie Darstellung als pdf ist verfügbar unter [www.laurenti.de](http://www.laurenti.de).

List of districts evaluated after *Bsal* risk categories (Hirz model) according to the *Bsal* concept for NRW (LANUV, unpublished). A colour blind friendly version as pdf is available at [www.laurenti.de](http://www.laurenti.de).

Bundesland	Landkreis	Einstufung
Baden-Württemberg	Böblingen	Green
Baden-Württemberg	Biberach	Yellow
Baden-Württemberg	Bodenseekreis	Green
Baden-Württemberg	Heidelberg	Green
Baden-Württemberg	Heilbronn, kreisfreie Stadt	Green
Baden-Württemberg	Heilbronn	Green
Baden-Württemberg	Ravensburg	Yellow
Baden-Württemberg	Stuttgart	Green
Baden-Württemberg	Tübingen	Green
Bayern	Aichach-Friedberg	Yellow
Bayern	Ansbach	Green
Bayern	Aschaffenburg	Green
Bayern	Augsburg, kreisfreie Stadt	Yellow
Bayern	Augsburg	Red
Bayern	Bad Kissingen	Yellow
Bayern	Bad Tölz-Wolfratshausen	Green
Bayern	Bamberg, kreisfreie Stadt	Yellow
Bayern	Bamberg	Red
Bayern	Bayreuth, kreisfreie Stadt	Green
Bayern	Bayreuth	Yellow
Bayern	Berchtesgadener Land	Green
Bayern	Cham	Green
Bayern	Coburg	Yellow
Bayern	Dillingen an der Donau	Yellow
Bayern	Dingolfing-Landau	Green
Bayern	Donau-Ries	Yellow
Bayern	Erlangen-Höchststadt	Yellow
Bayern	Forchheim	Yellow
Bayern	Günzburg	Yellow
Bayern	Haßberge	Red
Bayern	Kaufbeuren	Green
Bayern	Kempten (Allgäu)	Green
Bayern	Kitzingen	Yellow
Bayern	Kronach	Green
Bayern	Kulmbach	Green

Bundesland	Landkreis	Einstufung
Bayern	Landsberg am Lech	Yellow
Bayern	Lichtenfels	Yellow
Bayern	Lindau (Bodensee)	Green
Bayern	Main-Spessart	Yellow
Bayern	Memmingen	Yellow
Bayern	Miesbach	Green
Bayern	Miltenberg	Green
Bayern	Nürnberger Land	Green
Bayern	Neu-Ulm	Yellow
Bayern	Neustadt an der Aisch-Bad Windsheim	Yellow
Bayern	Oberallgäu	Yellow
Bayern	Ostallgäu	Yellow
Bayern	Passau	Green
Bayern	Rhön-Grabfeld	Yellow
Bayern	Rosenheim	Green
Bayern	Schweinfurt, kreisfreie Stadt	Yellow
Bayern	Schweinfurt	Red
Bayern	Traunstein	Green
Bayern	Unterallgäu	Red
Bayern	Würzburg	Yellow
Hessen	Bergstraße	Green
Hessen	Darmstadt-Dieburg	Yellow
Hessen	Darmstadt	Green
Hessen	Frankfurt am Main	Green
Hessen	Fulda	Green
Hessen	Gießen	Yellow
Hessen	Lahn-Dill-Kreis	Yellow
Hessen	Main-Kinzig-Kreis	Green
Hessen	Marburg-Biedenkopf	Red
Hessen	Rheingau-Taunus-Kreis	Green
Hessen	Schwalm-Eder-Kreis	Yellow
Hessen	Vogelsbergkreis	Yellow
Hessen	Waldeck-Frankenberg	Yellow
Niedersachsen	Braunschweig	Green
Niedersachsen	Göttingen	Green
Niedersachsen	Goslar	Green
Niedersachsen	Helmstedt	Green
Niedersachsen	Holzminde	Green
Niedersachsen	Osterode am Harz	Green
NRW	Bielefeld	Green
NRW	Bochum	Red

Bundesland	Landkreis	Einstufung
NRW	Bonn	Green
NRW	Borken	Yellow
NRW	Bottrop	Red
NRW	Coesfeld	Yellow
NRW	Düren	Red
NRW	Düsseldorf	Yellow
NRW	Dortmund	Red
NRW	Duisburg	Red
NRW	Ennepe-Ruhr-Kreis	Red
NRW	Essen	Red
NRW	Euskirchen	Red
NRW	Gütersloh	Green
NRW	Gelsenkirchen	Red
NRW	Höxter	Yellow
NRW	Hagen	Yellow
NRW	Hamm	Yellow
NRW	Heinsberg	Red
NRW	Herne	Red
NRW	Hochsauerlandkreis	Red
NRW	Köln	Yellow
NRW	Kleve	Red
NRW	Krefeld	Yellow
NRW	Leverkusen	Yellow
NRW	Lippe	Green
NRW	Märkischer Kreis	Yellow
NRW	Mönchengladbach	Yellow
NRW	Mülheim an der Ruhr	Red
NRW	Münster	Green
NRW	Mettmann	Red
NRW	Oberbergischer Kreis	Yellow
NRW	Oberhausen	Red
NRW	Olpe	Yellow
NRW	Paderborn	Yellow
NRW	Recklinghausen	Red
NRW	Remscheid	Yellow
NRW	Rhein-Erft-Kreis	Yellow
NRW	Rhein-Kreis Neuss	Yellow

Bundesland	Landkreis	Einstufung
NRW	Rhein-Sieg-Kreis	Yellow
NRW	Rheinisch-Bergischer Kreis	Red
NRW	Siegen-Wittgenstein	Yellow
NRW	Soest	Yellow
NRW	Solingen	Red
NRW	Städteregion Aachen	Red
NRW	Unna	Red
NRW	Viersen	Yellow
NRW	Wesel	Yellow
NRW	Wuppertal	Red
Rheinland-Pfalz	Ahrweiler	Yellow
Rheinland-Pfalz	Bad Kreuznach	Green
Rheinland-Pfalz	Berncastel-Wittlich	Yellow
Rheinland-Pfalz	Cochem-Zell	Yellow
Rheinland-Pfalz	Eifelkreis Bitburg-Prüm	Red
Rheinland-Pfalz	Mayen-Koblenz	Yellow
Rheinland-Pfalz	Neustadt an der Weinstraße	Green
Rheinland-Pfalz	Neuwied	Green
Rheinland-Pfalz	Rhein-Hunsrück-Kreis	Green
Rheinland-Pfalz	Rhein-Lahn-Kreis	Green
Rheinland-Pfalz	Trier-Saarburg	Yellow
Rheinland-Pfalz	Trier	Green
Rheinland-Pfalz	Vulkaneifel	Red
Saarland	Saarpfalz-Kreis	Green
Sachsen-Anhalt	Harz	Green
Sachsen-Anhalt	Mansfeld-Südharz	Green
Sachsen	Leipzig	Green
Sachsen	Mittelsachsen	Green
Sachsen	Nordsachsen	Green
Sachsen	Sächsische Schweiz-Osterzgebirge	Green
Sachsen	Zwickau	Green
Thüringen	Eichsfeld	Green
Thüringen	Hildburghausen	Yellow
Thüringen	Jena	Green
Thüringen	Saale-Holzland-Kreis	Green

## Danksagung

Wir bedanken uns herzlich bei Clara Arranz, Paul Bachhausen, Frederik Bartsch, Jana Beckert, Sven Bodingbauer, Leonard Bolte, Tim Borutta, Ulrich Budszuhn, Stephan Bürger, Oskar DREWELLO, Ninja Dyczmons, Julian Enß, Christopher Falke, Charlotte Faul, Sam Fielinghaus, Karin Fischer, Klemens Fritz, Peter Gausmann, Benedikt Glingener, Julian Glos, Marc Gose, Nadine Hammerschmidt, Mareike Hansen, Andreas Hertz, Torsten Himmel, Heiko Hinnenberg, Jens Hoberg, Thomas Hörren, Katharina Hund, Sven Kartik, Alexander Kerres, Andreas Koch, Thomas Kordges, Henrike Körber, Mathias Krisch, Louisa Kron, Lennard Krunig, Oliver Krüske, Christiane Kurau, Axel Kwet, Hannah Kurau, Svenja Luther, Amy MacLeod, Lisa Margowski,



An Martel, Lina Martin, Martin Maschka, Paul Mausbach, Christopher Mertes, Marla Müller, Stephan Münnig, Lena Neuhardt, Verena Niehuis, Carolin Niester Suan Lee Ong, Frank Pasmans, Peter Pogoda, Manuela Rachersberger, Christina Rasch, Hannah Rau, Tobias Rautenberg, Philip Rehsen, Maurice Römhild, Louisa Rothe, Yul Rottmann, Joana Sabino-Pinto, Benedikt R. Schmidt, Julia Schwandner, Heidi Selheim, Larissa Seuffer, Peter Sound, Daniela Specht, Moritz Specht, Annemarieke Spitzen-van der Sluijs, Rainer Stawikowski, Lisa Stegmeyer, Daniel Steinort, Marion Valentin, Julia van der Mond, Jonas Viebahn, Michael Waitzmann, Niko Weinbeer und Thomas Ziegler sowie bei allen Föjlern, Studierenden und ehrenamtlichen Mitarbeitenden für ihre tatkräftige Unterstützung im Feld und im Labor, sowie dem Landesverband für Amphibien- und Reptilienschutz in Bayern (LARS) e. V. für die Kooperation in Bayern. Wir danken David Porco für die Zusendung von Proben aus Luxemburg. Die Daten dieser Publikation entstammen aus Projekten gefördert von dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) mit Mitteln des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) als Teil des F+E Vorhabens Monitoring und Entwicklung von Vorsorgemaßnahmen zum Schutz vor der Ausbreitung des Chytridpilzes *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*) im Freiland (3517821000), von der Europäischen Kommission (Tender ENV.B.3/SER/2016/0028, Mitigating a new infectious disease in salamanders to counteract the loss of biodiversity), der Deutschen Bundesstiftung Umwelt (DBU), der Bezirksregierung Köln, dem Landesamt für Natur-, Umwelt und Verbraucherschutz NRW, dem Landesamt für Umwelt Bayern im Rahmen des Projektes *Bsal*-Monitoring von Molch- und Feuersalamander-Populationen in Bayern 2021–2023, der Regierung von Mittelfranken im Rahmen des Projektes Artenhilfsprogramm für den Feuersalamander, dem Ministerium für Klimaschutz, Umwelt, Energie und Mobilität Rheinland-Pfalz durch das Förderprogramm Aktion Grün im Rahmen des Projektes Maßnahmen zum Erhalt der durch die Salamanderpest bedrohten Amphibien-Arten Feuersalamander und Kammolch in Rheinland-Pfalz sowie des Projektes Prävention und Schutz aller rheinland-pfälzischen Molch- und Salamanderarten vor dem asiatischen Salamanderpilz (*Batrachochytrium salamandrivorans*), dem Hessischen Landesamt für Naturschutz, Umwelt und Geologie im Rahmen des Artenschutzprojekt für die Populationen des hessischen Feuersalamanders, der Nikolaus-Koch-Stiftung, dem DGHT Wilhelm-Peters-Fonds und dem Zoo Landau. Die Genehmigungen für die Feldarbeit wurden dankenswerterweise ausgestellt von der Unteren Naturschutzbehörde StädteRegion Aachen (NRW), der Unteren Naturschutzbehörde Bochum, der Unteren Naturschutzbehörde Düren (NRW), der Unteren Naturschutzbehörde Ennepe-Ruhr-Kreis, der Unteren Naturschutzbehörde Essen, der Unteren Naturschutzbehörde Mülheim an der Ruhr, der Unteren Naturschutzbehörde Oberhausen, der Unteren Naturschutzbehörde Remscheid, der Unteren Naturschutzbehörde Solingen, der Unteren Naturschutzbehörde Wuppertal und der Struktur- und Genehmigungsdirektion Nord (RLP), dem Hessischen Landesamt für Naturschutz, Umwelt und Geologie (HLNUG), der Bezirksregierung Tübingen, der Regierung von Unterfranken, der Regierung von Oberfranken, der Regierung von Schwaben, der Regierung Oberbayern, dem Nationalpark Eifel und dem Nationalpark Berchtesgaden.

## Literatur

- Akçakaya, H. R., K. Neam, L. Hobin, S. Lötters, A. Martel & F. Pasmans (2023): Assessing the extinction risks of amphibians impacted by infectious diseases. – *Biological Conservation* 284: 110205.
- Baláz, V., M. Solský, D. Lastra González, B. Havlíková, J. G. Zamorano, C. G. Sevilleja, L. Torrent & J. Vojar (2018): First survey of the pathogenic fungus *Batrachochytrium salamandrivorans* in wild and captive amphibians in the Czech Republic. – *Salamandra* 54: 87–91.
- Bates, K. A., J. M. G. Shelton, V. L. Mercier, K. P. Hopkins, X. A. Harrison, S. O. Petrovan & M. C. Fisher (2019): Captivity and infection by the fungal pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* perturb the amphibian skin microbiome. – *Frontiers in Microbiology* 10: 1834.

- Becker, M. H., R. M. Brucker, C. R. Schwantes, R. N. Harris & K. P. C. Minbiole (2009): The bacterially produced metabolite violacein is associated with survival of amphibians infected with a lethal fungus. – *Applied and Environmental Microbiology* 75: 6635–6638.
- Beninde, J., F. Keltsch, M. Veith, A. Hochkirch & N. Wagner (2021): Connectivity of Alpine newt populations (*Ichthyosaura alpestris*) exacerbates the risk of *Batrachochytrium salamandrivorans* outbreaks in European fire salamanders (*Salamandra salamandra*). – *Conservation Genetics* 22: 653–659.
- Beukema, W., A. Martel, T. T. Nguyen, K. Goka, D. S. Schmeller, Z. Yuan, A. E. Laking, T.-Q. Nguyen, C.-F. Lin, J. Shelton, et al. (2018): Environmental context and differences between native and invasive observed niches of *Batrachochytrium salamandrivorans* affect invasion risk assessments in the Western Palaearctic. – *Diversity & Distributions* 24: 1788–1801.
- Beukema, W., J. Erens, V. Schulz, G. Stegen, A. Spitzen-van der Sluijs, T. Stark, A. Laudelout, T. Kinet, T. Kirschey, M. Poulain, et al. (2021): Landscape epidemiology of *Batrachochytrium salamandrivorans*: reconciling data limitations and conservation urgency. – *Ecological Applications* 31(5): e02342.
- Bitz, A., K. Fischer, L. Simon, R. Thiele & M. Veith (1996): Die Amphibien und Reptilien in Rheinland-Pfalz. – Gesellschaft für Naturschutz und Ornithologie, Nassau.
- Bletz, M. C., M. Kelly, J. Sabino-Pinto, E. Bales, S. Van Praet, W. Bert, F. Boyen, M. Vences, S. Steinfartz, F. Pasmans, et al. (2018): Disruption of skin microbiota contributes to salamander disease. – *Proceedings of the Royal Society B* 285: 20180758.
- Blooi, M., F. Pasmans, J. E. Longcore, A. Spitzen-van der Sluijs, F. Vercammen & A. Martel (2013): Duplex real-time PCR for rapid simultaneous detection of *Batrachochytrium dendrobatidis* and *Batrachochytrium salamandrivorans* in amphibian samples. – *Journal of Clinical Microbiology* 51: 4173–4177.
- Blooi, M., F. Pasmans, L. Rouffaer, F. Haesebrouck, F. Vercammen & A. Martel (2015): Successful treatment of *Batrachochytrium salamandrivorans* infections in salamanders requires synergy between voriconazole, polymyxin E and temperature. – *Scientific Reports* 5: 11788.
- Bosch, J., A. Martel, J. Sopniewski, B. Thumsová, C. Ayres, B. C. Scheele, G. Velo-Antón & F. Pasmans (2021): *Batrachochytrium salamandrivorans* threat to the Iberian urodele hotspot. – *Journal of Fungi* 7: 644.
- Böning, P., J. Virgo, S. Bleidißel, N. Dabbagh, L. Dalbeck, S. Ellwart, L. Feiler, V. Ferner, T. Fleck, L. Gemeinhardt, et al. (2023): Key questions about the impact of the salamander plague on the northern crested newt (*Triturus cristatus*) – a German perspective. – *Salamandra* 59: 107–116.
- Böning, P., S. Lötters, B. Bazaghi, M. Bock, B. Bok, L. Bonato, G. F. Ficetola, F. Glaser, J. Griese, M. Grabher, et al. (in Druck): Alpine salamanders at risk? The current status of an emerging fungal pathogen. – *Plos One*.
- Blooi, M., F. Pasmans, J. E. Longcore, A. Spitzen-van der Sluijs, F. Vercammen & A. Martel (2016): Correction for Blooi et al., duplex real-time PCR for rapid simultaneous detection of *Batrachochytrium dendrobatidis* and *Batrachochytrium salamandrivorans* in amphibian samples. – *Journal of Clinical Microbiology* 54: 246.
- Canessa, S., C. Bozzuto, E. H. Campbell Grant, S. S. Cruickshank, M. C. Fisher, J. C. Koella, S. Lötters, A. Martel, F. Pasmans, B. C. Scheele, et al. (2018): Decision making for mitigating emerging wildlife diseases: from theory to practice. – *Journal of Applied Ecology* 55: 1987–1996.
- Carter, E. D., D. L. Miller, A. C. Peterson, W. B. Sutton, J. P. W. Cusaac, J. A. Spatz, L. Rollins-Smith, L. Reinert, M. Bohanon, L. A. Williams, et al. (2020): Conservation risk of *Batrachochytrium salamandrivorans* to endemic lungless salamanders. – *Conservation Letters* 13: e12675.
- Carter, E. D., M. C. Bletz, M. Le Sage, B. LaBumbard, L. A. Rollins-Smith, D. C. Woodhams, D. L. Miller & M. J. Gray (2021): Winter is coming – Temperature affects immune defenses and susceptibility to *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *PLoS Pathogens* 17(2): e1009234.
- Castro Monzon, F., M.-O. Rödel, F. Ruland, G. Parra-Olea & J. M. Jeschke (2023): *Batrachochytrium salamandrivorans*' Amphibian Host Species and Invasion Range. – *EcoHealth* 19: 475–486.
- Cunningham, A. A., K. Beckmann, M. Perkins, L. D. Fitzpatrick, R. Cromie, J. Redbond, M. F. O'Brien, P. Ghosh, J. Shelton & M. C. Fisher (2015): Emerging disease in UK amphibians. – *Veterinary Record* 176: 468.
- Cunningham, A. A., F. Smith, T. J. McKinley, M. W. Perkins, L. D. Fitzpatrick, O. N. Wright & B. Lawson (2019): Apparent absence of *Batrachochytrium salamandrivorans* in wild urodeles in the United Kingdom. – *Scientific Reports* 9: 2831.
- Dalbeck, L., H. Düssel-Siebert, A. Kerres, K. Kirst, A. Koch, S. Lötters, D. Ohlhoff, J. Sabino-Pinto, K. Preissler, U. Schulte, et al. (2018): Die Salamanderpest und ihr Erreger *Batrachochytrium salamandrivorans* (Bsal): aktueller Stand in Deutschland. – *Zeitschrift für Feldherpetologie* 25: 1–22.

- Daszak P., A. A. Cunningham & A. D. Hyatt (2000): Emerging infectious diseases of wildlife – threats to biodiversity and human health. – *Science* 287: 443–449.
- Dondero, L., G. Allaria, G. Rosa, A. Costa, G.F. Ficetola, R. Cogoni, E. Grasselli & S. Salvidio (2023): Threats of the emerging pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*) to Italian wild salamander populations. – *Acta Herpetologica* 18: 3–9.
- EFSA (European Food Safety Authority), V. Baláž, C. G. Schmidt, K. Murray, E. Carnesecchi, A. Garcia, A. Gervelmeyer, L. Martino, I. Munoz-Guajardo, F. Verdonck, G. Zancanaro & C. Fabris (2017): Scientific and technical assistance concerning the survival, establishment and spread of *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*) in the EU. – *EFSA Journal* 15: e04739.
- EFSA AHAW (European Food Safety Authority Panel on Animal Health and Welfare), S. More, A. Bøtner, A. Butterworth, P. Calistri, K. Depner, S. Edwards, B. Garin-Bastuji, M. Good, C. G. Schmidt, V. Michel, et al. (2017): Assessment of listing and categorisation of animal diseases within the framework of the Animal Health Law (Regulation (EU) No 2016/429): *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*). – *EFSA Journal* 15: e05071.
- EFSA AHAW (European Food Safety Authority Panel on Animal Health and Welfare), S. More, M. A. Miranda, D. Bicout, A. Bøtner, A. Butterworth, P. Calistri, K. Depner, S. Edwards, B. Garin-Bastuji, M. Good, et al. (2018): Risk of survival, establishment and spread of *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*) in the EU. – *EFSA Journal* 16: e05259.
- Erens, J., K. Preissler, J. Speybroeck, W. Beukema, A. Spitzen-van der Sluijs, T. Stark, A. Laudelout, T. Kinet, B. R. Schmidt, A. Martel & F. Pasmans (2023): Divergent population responses following salamander mass mortalities and declines driven by the emerging pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Proceedings of the Royal Society B* 290: 20230510.
- Fisher, M. C., D. A. Henk, C. J. Briggs, J. S. Brownstein, L. C. Madoff, S. L. McCraw & S. J. Gurr (2012): Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health. – *Nature* 282: 186–194.
- Fitzpatrick, L. D., F. Pasmans, A. Martel & A. A. Cunningham (2018): Epidemiological tracing of *Batrachochytrium salamandrivorans* identifies widespread infection and associated mortalities in private amphibian collections. – *Scientific Reports* 8: 13845.
- FOD (2017): Chytridiomycose *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*), Actieplan – België. – Brussels (FOD Volksgezondheid).
- Garner, T. W., B. R. Schmidt, A. Martel, F. Pasmans, E. Muths, A. A. Cunningham, C. Weldon, M. C. Fisher & J. Bosch (2016): Mitigating amphibian chytridiomycoses in nature. – *Philosophical Transactions of the Royal Society London B* 5: 371.
- Gilbert, M. J., A. M. Spitzen-van der Sluijs, S. Canessa, J. Bosch, A. Cunningham, E. Grasselli, A. Laudelout, S. Lötters, C. Miaud, S. Salvidio, et al. (2020): Mitigating *Batrachochytrium salamandrivorans* in Europe. *Batrachochytrium salamandrivorans* emergency action plan for European urodeles. – European Commission, Directorate-General Environment, Directorate B – Natural Capital Unit B.3 – Nature, Nijmegen.
- Hildwein, T., A. Plewnia, S. Lötters, M. Veith & P. Böning (2023): Die Geburtshelferkröte (*Alytes obstetricans*) als Reservoir für *Batrachochytrium salamandrivorans* im Freiland? – 58. Jahrestagung für Herpetologie und Terrarienkunde, DGHT e. V., Berlin.
- HLNUG (2023): Erstmalig Salamanderpest in Hessen nachgewiesen. Pressemitteilung vom 9.6.2023, [https://www.hgon.de/fileadmin/HGONContent/06-Entdecken/2023/Bsal/HLNUG\\_PM\\_Erstmalig\\_S\\_en\\_nachgewiesen.pdf](https://www.hgon.de/fileadmin/HGONContent/06-Entdecken/2023/Bsal/HLNUG_PM_Erstmalig_S_en_nachgewiesen.pdf) [aufgerufen am 13.10.2023].
- Iwanowicz, D. D., W. B. Schill, D. H. Olson, M. J. Adams C. Densmore, R. S. Conman, C. Adams, J. C. Figiel, C. W. Anderson, A. R. Blaustein, et al. (2017): Potential concerns with analytical methods used for detection of *Batrachochytrium salamandrivorans* from archived DNA of amphibian swab samples, Oregon, USA. – *Herpetological Review* 48:352–355.
- Jung, L., J. Dusek, T. Lüddecke, V. Schulz, K. Maier-Sam, L. Habich, A. Mosebach, M. Lierz & H.-P. Ziemek (2020): Epidemiological screening of captive salamanders reveals current absence of *Batrachochytrium salamandrivorans* in private collections throughout the federal state of Hesse (Germany). – *Salamandra* 56: 233–238.
- Jung, L., L. Hoyer, J. Mattner, P. Böning, A. Kiesler, T. Eisenberg & H.-P. Ziemek (2024): Vorläufiger Bericht über den Erstdnachweis von *Bsal* (*Batrachochytrium salamandrivorans*) an Feuersalamandern im Freiland in Hessen. – *Zeitschrift für Feldherpetologie* 31: 238–240.

- Grasselli, E., G. Bianchi, L. Dondero, V. Marchianò, M. Carafa, M. Perrone & S. Salvidio (2019): First screening for *Batrachochytrium salamandrivorans* (*Bsal*) in wild and captive salamanders from Italy. – *Salamandra* 55: 124–126.
- Kelly, M., F. Pasmans, J. F. Muñoz, T. P. Shea, S. Carranza, C. A. Cuomo & A. Martel (2021): Diversity, multi-faceted evolution, and facultative saprotrophism in the European *Batrachochytrium salamandrivorans* epidemic. – *Nature Communications* 12: 6688.
- Kok, P. J. R., A. Laking, C. Smith, A. Berti, A. Martel & F. Pasmans (2022): Tourism may threaten wildlife disease refugia. – *Conservation Letters* 15(4): e12902.
- Kostanjšek, R., M. Turk, M. Vek, I. Gutiérrez-Aguirre & N.G. Cimermann (2021): First screening for *Batrachochytrium dendrobatidis*, *B. salamandrivorans* and ranavirus infections in wild and captive amphibians in Slovenia. – *Salamandra* 57:162–166.
- Kulikova, A. A., A. Pupina, M. Pupins, A. Čeirāns & V. Baláž (2022): Survey for *Batrachochytrium dendrobatidis* and *Batrachochytrium salamandrivorans* in Latvian Water Frogs. – *Journal of Wildlife Diseases* 58: 440–444.
- Laking, A. E., H. N. Ngo, F. Pasmans, A. Martel & T. T. Nguyen (2017): *Batrachochytrium salamandrivorans* is the predominant chytrid fungus in Vietnamese salamanders. – *Scientific Reports* 7: 44443.
- Lastra González, D., V. Baláž, M. Solský, B. Thumsová, K. Kolenda, A. Najbar, B. Najbar, M. Kautman, P. Chajma, M. Balogová, et al. (2019): Recent findings of potentially lethal salamander fungus *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Emerging Infectious Diseases* 25: 1416–1418.
- Longo, A. V., R. C. Fleischer & K. R. Lips (2019): Double trouble: co-infections of chytrid fungi will severely impact widely distributed newts. – *Biological Invasions* 21: 2233–2245.
- Lötters, S., N. Wagner, A. Kerres, M. Vences, S. Steinfartz, J. Sabino-Pinto, L. Seuffer, K. Preissler, V. Schulz & M. Veith (2018): First report of host co-infection of parasitic amphibian chytrid fungi. – *Salamandra* 54: 287–290.
- Lötters, S., N. Wagner, G. Albaladejo, P. Böning, L. Dalbeck, H. Düssel, S. Feldmeier, M. Guschal, K. Kirst, D. Ohlhoff, et al. (2020a): The amphibian pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* in the hotspot of its European invasive range: past – present – future. – *Salamandra* 56: 173–188.
- Lötters, S., M. Veith, N. Wagner, A. Martel & F. Pasmans (2020b): *Bsal*-driven salamander mortality pre-dates the European index outbreak. – *Salamandra* 56: 239–242.
- Martel, A., A. Spitzen-van der Sluijs, M. Blooi, W. Bert, R. Ducatelle & M. C. Fisher (2013): *Batrachochytrium salamandrivorans* sp. nov. causes lethal chytridiomycosis in amphibians. – *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 110: 15325–15329.
- Martel, A., M. Blooi, C. Adriaensen, P. van Rooij, W. M. Beukema, M. C. Fisher, R. A. Farrer, B. R. Schmidt, U. Tobler, K. Goka, et al. (2014): Recent introduction of a chytrid fungus endangers Western Palearctic salamanders. – *Science* 346: 630–631.
- Martel, A., M. Vila-Escalé, D. Fernández-Giberteau, A. Martinez-Silvestre, S. Canessa, S. van Praet, P. Pannon, K. Chiers, A. Ferran, M. Kelly, et al. (2020): Integral chain management of wildlife diseases. – *Conservation Letters*: e12707.
- Marquis, O., C. Miaud, C. Gibault & N. Chai (2019): A first screening of chytrid fungus *Batrachochytrium* in amphibians in French zoos. – *International Zoo Yearbook* 53: 217–226.
- McDonald, C. A., A. V. Longo, K. R. Lips & K. R. Zamudio (2020): Incapacitating effects of fungal coinfection in a novel pathogen system. – *Molecular Ecology* 29: 3173–3186.
- Muller, J., A. Plewnia, P. Böning, A. C. Frantz & R. Stassen (2022): Quantitative larval monitoring of *Salamandra salamandra* as an early warning system for *Batrachochytrium salamandrivorans* detection in Luxembourg. – *Bulletin de la Société des naturalistes luxembourgeois* 124: 167–178.
- Nguyen, T. T., T. V. Nguyen, T. Ziegler, F. Pasmans & A. Martel (2017): Trade in wild anurans vectors the urodelan pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* into Europe. – *Amphibia-Reptilia* 38: 554–556.
- O’Hanlon, S. J., A. Rieux, R. A. Farrer, G. M. Rosa, B. Waldman, A. Bataille, T. A. Kosch, K. A. Murray, B. Brankovics, M. Fumagalli, et al. (2018): Recent Asian origin of chytrid fungi causing global amphibian declines. – *Science* 360: 621–627.
- Parrott, J. C., A. Shepack, D. Burkart, B. La Bumbard, P. Scimè, E. Baruch & A. Catenazzi (2017): Survey of pathogenic chytrid fungi (*Batrachochytrium dendrobatidis* and *B. salamandrivorans*) in salamanders from three mountain ranges in Europe and the Americas. – *EcoHealth* 14: 296–302.
- Plewnia, A., S. Lötters, M. Veith, M. Peters & P. Böning (2023a): Successful drug-mediated host clearance of *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Emerging Infectious Diseases*, 29: 411–414.

- Plewnia, A., P. Böning & S. Lötters (2023b): Mitigate diseases to protect biodiversity. – *Science* 6637:1098.
- Pogoda, P., J. Schwandner, N. Hammerschmidt & A. Kupfer (2021): Ein erfolgreiches Citizen Science Projekt: Landesweite Artenkartierung Amphibien und Reptilien. – *NaturschutzInfo* 2021 (1/2): 1–7.
- Rollins-Smith, L. A. & E. H. Le Sage (2021): *Batrachochytrium* fungi: stealth invaders in amphibian skin. – *Current Opinion in Microbiology* 61: 124–132.
- Rollins-Smith, L. A., L. K. Reinert, M. Le Sage, K. N. Linney, B. M. Gillard, T. P. Umile & K. P. C. Minbiole (2022): Lymphocyte Inhibition by the Salamander-Killing Chytrid Fungus, *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Infection and Immunity* 90(3): e00020-22.
- Rote-Liste-Gremium Amphibien und Reptilien (2020): Rote Liste und Gesamtartenliste der Amphibien (Amphibia) Deutschlands. – *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 170: 1–86.
- Saare, L., A. Laasmaa, S. Anslan, R. Rannap & L. Tedersoo (2021): Surveying for *Batrachochytrium dendrobatidis* and *B. salamandrivorans* in wild and captive amphibian populations in Estonia and Latvia. – *Diseases of Aquatic Organisms* 145: 101–109.
- Sabino-Pinto, J., M. Bletz, R. Hendrix, R. G. B. Perl, A. Martel, F. Pasmans, S. Lötters, F. Mutschmann, D. S. Schmeller, B. R. Schmidt, et al. (2015): First detection of the emerging fungal pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* in Germany. – *Amphibia-Reptilia* 36: 411–416.
- Sabino-Pinto, J., M. Veith, M. Vences & S. Steinfartz (2018): Asymptomatic infection of the fungal pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* in captivity. – *Scientific Reports* 8: 11767.
- Sandvoß, M., N. Wagner, S. Lötters, S. Feldmeier, V. Schulz, S. Steinfartz & M. Veith (2020): Spread of the pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans* and large-scale absence of larvae suggests unnoticed declines of the European fire salamander in the Southern Eifel Mountains. – *Salamandra* 56: 215–226.
- Scheele, B. C., F. Pasmans, L. F. Skerratt, L. Berger, A. Martel, W. Beukema, A. A. Acevedo, P. A. Burrowes, T. Carvalho, A. Catenazzi, et al. (2019): Amphibian fungal panzootic causes catastrophic and ongoing loss of biodiversity. – *Science* 363: 1459–1463.
- Schmeller, D. S., R. Utzel, F. Pasmans & A. Martel (2020): *Batrachochytrium salamandrivorans* kills alpine newts (*Ichthyosaura alpestris*) in southernmost Germany. – *Salamandra* 56: 230–232.
- Schmidt, B., G. Gschwend, G. Bachmann, J.A. & P. Demond (2015): Use of removal sampling to estimate abundance of larval salamanders (*Salamandra salamandra*) in streams. – *Amphibia-Reptilia* 36: 87–92.
- Schmidt, B. R., C. Bozzuto, S. Lötters & S. Steinfartz (2017): Dynamics of host populations affected by the emerging fungal pathogen *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Royal Society Open Science* 4: 160801.
- Schulz, V., S. Steinfartz, A. Geiger, K. Preissler, J. Sabino-Pinto, M. Krisch, N. Wagner & M. Schlüpmann (2018): Ausbreitung der Salamanderpest in Nordrhein-Westfalen. – *Natur in NRW* 2018: 26–30.
- Schulz, V., A. Schulz, M. Klamke, K. Preißler, J. Sabino-Pinto, M. Müsken, M. Schlüpmann, L. Heldt, F. Kamrad, J. Enß, et al. (2020): *Batrachochytrium salamandrivorans* in the Ruhr District, Germany: history, distribution, decline dynamics and disease symptoms of the salamander plague. – *Salamandra* 56: 189–214.
- Shepack, A. & A. Catenazzi (2020): Transcriptomics reveal immune downregulation of newts overwhelmed by chytrid co-infection. – *Molecular Ecology* 29: 3167–3169.
- Sikes, B. A., J. L. Bufford, P. E. Hulme, J. A. Cooper, P. R. Johnston & R. P. Duncan (2018): Import volumes and biosecurity interventions shape the arrival rate of fungal pathogens. – *Plos Biology* 16: e2006025.
- Spitzen-van der Sluijs, A., F. Spikmans, W. Bosman, M. de Zeeuw, T. van der Meij, E. Goverse, M. J. L. Kik, F. Pasmans & A. Martel (2013): Rapid enigmatic decline drives the fire salamander (*Salamandra salamandra*) to the edge of extinction in the Netherlands. – *Amphibia-Reptilia* 34: 233–239.
- Spitzen-van der Sluijs, A., A. Martel, J. Asselberghs, E. K. Bales, W. Beukema, M. C. Bletz, L. Dalbeck, E. Goverse, A. Kerres, T. Kinet, et al. (2016): Expanding distribution of lethal amphibian fungus *Batrachochytrium salamandrivorans* in Europe. – *Emerging Infectious Diseases* 22: 1286–1288.
- Spitzen-van der Sluijs, A., G. Stegen, S. Bogaerts, S. Canessa, S. Steinfartz, N. Janssen, W. Bosman, F. Pasmans & A. Martel (2018): Post-epizootic salamander persistence in a disease-free refugium suggests poor dispersal ability of *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Scientific Reports* 8: 3800.
- Stegen, G., F. Pasmans, B. R. Schmidt, L. O. Rouffaer, S. van Praet, M. Schaub, S. Canessa, A. Laudelout, T. Kinet, C. Adriaensens, et al. (2017): Drivers of salamander extirpation mediated by *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Nature* 544: 353–356.
- Stokstad, E. (2014): The coming salamander plague. – *Science* 346: 530–531.

- Sun, G., Z. Yang, T. Kosch, K. Summers & J. Huang (2011): Evidence for acquisition of virulence effectors in pathogenic chytrids. – *BMC Evolutionary Biology* 11: 195.
- Thein, J., U. Reck, C. Dittrich, A. Martel, V. Schulz & G. Hansbauer (2020): Preliminary report on the occurrence of *Batrachochytrium salamandrivorans* in the Steigerwald, Bavaria, Germany. – *Salamandra* 56: 227–229.
- Thomas, V., M. Blooi, P. van Rooij, S. van Praet, E. Verbrugghe, E. Grasselli, M. Lukac, S. Smith, F. Pasmans & A. Martel (2018): Recommendations on diagnostic tools for *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Transboundary and Emerging Diseases* 65: e478–e488.
- Thomas, V., Y. Wang, P. van Rooij, E. Verbrugghe, V. Baláz, J. Bosch, A. A. Cunningham, M. C. Fischer, T. W. J. Garner, M. J. Gilbert, et al. (2019) Mitigating *Batrachochytrium salamandrivorans* in Europe. – *Amphibia-Reptilia* 40: 265–290.
- Thomas, V., P. Van Rooij, C. Meerpoel, G. Stegen, J. Wauters, L. Vanhaecke, A. Martel & F. Pasmans (2020): Instant killing of pathogenic chytrid fungi by disposable nitrile gloves prevents disease transmission between amphibians. – *Plos One* 15(10): e0241048.
- Thumsová, B., J. Bosch & A. Martinez-Silvestre (2021): Incidence of emerging pathogens in the legal and illegal amphibian trade in Spain. – *Herpetology Notes* 14: 777–784.
- Tompros, A., A. D. Dean, A. Fenton, M. Q. Wilber, E. D. Carter & M. J. Gray (2021): Frequency-dependent transmission of *Batrachochytrium salamandrivorans* in eastern newts. – *Transboundary and Emerging Diseases* 69: 731–741.
- Tompros, A., M. Q. Wilber, A. Fenton, E. D. Carter & M. J. Gray (2022): Efficacy of Plant-Derived Fungicides at Inhibiting *Batrachochytrium salamandrivorans* Growth. – *Journal of Fung* 8: 1025.
- Towe, A. E., M. J. Gray, E. D. Carter, M. Q. Wilber, R. J. Ossiboff, K. Ash, M. Bohanon, B. A. Bajo & D. L. Miller (2021): *Batrachochytrium salamandrivorans* Can Devour More than Salamanders. – *Journal of Wildlife Diseases* 57: 942–948.
- Van Rooij, P., A. Martel, F. Haesenbrouck & F. Pasmans (2015): Amphibian chytridiomycosis: a review with focus on fungus-host interactions. – *Veterinary Research* 46: 137.
- Van Rooij, P., F. Pasmans, Y. Coen & A. Martel (2017): Efficacy of chemical disinfectants for the containment of the salamander chytrid fungus *Batrachochytrium salamandrivorans*. – *Plos One* 12: e0186269.
- Vences, M., V. Schulz, L. Heldt, F. Kamprad, K. Ruthsatz, K. Preissler, M. Müsken & S. Steinfartz (2022): Comparative abundance of cutaneous bacteria in Central European amphibians. – *Salamandra* 58: 275–288.
- Wagner, N., V. Schulz, S. Steinfartz, T. Reinhardt, M. Vences, S. Lötters, L. Dalbeck, H. Düssel-Siebert, M. Guschal, K. Kirst, et al. (2019a): Aktuelle Erkenntnisse zum Status der Salamanderpest in Deutschland. – *Natur und Landschaft* 94: 463–471.
- Wagner, N., S. Lötters, S. Feldmeier, J. Beninde, K. Bredimus, D. C. Christiansen, J. Ewen, L. Feiler, G. Fichera, B. Fontaine, et al. (2019b): Aktueller Kenntnisstand zur Verbreitung des Erregers der Salamanderpest (*Batrachochytrium salamandrivorans*) in Rheinland-Pfalz. – *Dendrocopos* 46: 35–66.
- Wagner, N., S. Lötters, L. Dalbeck, H. Düssel, M. Guschal, K. Kirst, D. Ohlhoff, J. Wegge, T. Reinhardt & M. Veith (2020): Long-term monitoring of European fire salamander populations (*Salamandra salamandra*) in the Eifel Mountains (Germany): five years of removal sampling of larvae. – *Salamandra* 56: 243–253.
- Wang, Y., E. Verbrugghe, L. Meuris, K. Chiers, M. Kelly, D. Strubbe, N. Callewaert, F. Pasmans & A. Martel (2021): Epidermal galactose spurs chytrid virulence and predicts amphibian colonization. – *Nature Communications* 12: 5788.
- Wilber, M. Q., E. D. Carter, M. J. Gray & C. J. Briggs (2021): Putative resistance and tolerance mechanisms have little impact on disease progression for an emerging salamander pathogen. – *Functional Ecology*, 35: 847–859
- Woodhams, D. C., J. Bosch, C. J. Briggs, S. Cashins, L. R. Davis, A. Lauer, E. Muths, R. Puschendorf, B. R. Schmidt, B. Sheafor, et al. (2011): Mitigating amphibian disease: strategies to maintain wild populations and control chytridiomycosis. – *Frontiers in Zoology* 8: 8.
- Yuan, Z., A. Martel, J. Wu, S. van Praet, S. Canessa & F. Pasmans (2018): Widespread occurrence of an emerging fungal pathogen in heavily traded Chinese urodelan species. – *Conservation Letters* 11: e12436.