

Abschlussbericht

Vector-borne Infectious Diseases in Climate Change Investigations (VICCI)
Teilprojekt 8.2: Bevölkerungsbezogene epidemiologische Risikoabschätzung und Erarbeitung
von Handlungsoptionen

Auswirkungen des Klimawandels in Bayern: Einfluss auf die Verbreitung von Lyme-Borreliose, Hantavirus-Infektionen und Leishmaniose?

Klinc C, von Wissmann B, Hautmann W, Liebl B, Wildner M

Projektleitung:

Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

Sachbereich Infektionsepidemiologie

Oberschleißheim

Februar 2012

Inhaltsverzeichnis:

1	Zusammenfassung	3
2	Hintergrund	4
3	Methoden.....	5
4	Ergebnisse	6
4.1	Allgemein	6
4.1.1	Klimawandel	6
4.1.2	Risikoanalyse im Kontext von Klimawandel und menschlicher Gesundheit	7
4.2	Vektor-übertragene Infektionskrankheiten und R_0 -Formel.....	8
4.2.1	Lyme-Borreliose.....	12
4.2.2	Hantavirus-Erkrankungen	19
4.2.3	Leishmaniose.....	25
5	Diskussion	32
5.1	Lyme-Borreliose.....	32
5.2	Hantavirus-Erkrankungen	33
5.3	Leishmaniose.....	34
5.4	Handlungsempfehlungen.....	36
6	Anhang	39
7	Abbildungs- und Tabellenverzeichnis.....	40
8	Literaturverzeichnis.....	41

1 Zusammenfassung

Langfristige Veränderungen des globalen Klimas sind wissenschaftlich unumstritten. Auch für Bayern muss mit Auswirkungen dieser Veränderungen auf Ökologie und Gesellschaft gerechnet werden. Im Bereich der Bevölkerungsgesundheit ist neben direkten gesundheitlichen Folgen, z.B. durch Temperaturschwankungen, Hitzewellen und extremen Wetterereignissen auch mit indirekten Folgen wie der Zunahme von Infektionskrankheiten zu rechnen. Im vorliegenden Teilprojekt wurden in interdisziplinärer Zusammenarbeit im VICCI-Projektverbund Möglichkeiten für eine bevölkerungsbezogene qualitative Risikoabschätzung für Vektor-übertragene Infektionskrankheiten –insbesondere für Lyme-Borreliose, Hanta-Erkrankungen und humane Leishmaniose– entwickelt sowie Handlungsoptionen zur Prävention bzw. Adaption an veränderte Bedingungen für Bayern erarbeitet. Neben der Bestätigung aktuell bereits implementierter Präventionsmaßnahmen wurden weitere konkrete Handlungsoptionen entwickelt. Der Bericht zeigt darüber hinaus Anätze für weiterführende zukünftige regionale Risikoanalysen auf.

2 Hintergrund

Die Existenz eines langfristigen globalen Klimawandels ist in der Expertendiskussion unstrittig; ein Anhalten dieses Prozesses in der absehbaren näheren Zukunft scheint unausweichlich [1]. Auch in Bayern ist mit ökologischen und gesellschaftlichen Folgen zu rechnen, wobei derzeit noch unklar ist, in welcher Form und in welchem exakten Ausmaß. Dabei ist von regional unterschiedlichen Ausprägungen innerhalb Deutschlands und auch innerhalb der Länder auszugehen. Aus diesem Grund werden neben nationalen deutschen Forschungs- und Anpassungsprogrammen (u.a. Deutsche Anpassungsstrategie (DAS) [2], [3]) in Bayern auch auf Landesebene Forschungsprojekte unterstützt, die Zusammenhänge zwischen dem Klimawandel und dessen Auswirkungen auf Umwelt und Gesellschaft als Grundlage für weitere auch politische Diskussionsprozesse untersuchen sollen.

In dem seit dem Jahr 2008 bestehenden und vom Land Bayern geförderten interdisziplinären VICCI-Projektverbund (Vector-borne Infectious Diseases in Climate Change Investigations) soll erstmals der mögliche Einfluss des Klimawandels auf die Verbreitung von Vektor-übertragenen Krankheiten (Vector-borne diseases, VBD) auf Landesebene untersucht werden. Themenschwerpunkte sind hierbei Zecken-übertragene, Nagetier-übertragene und Mücken-übertragene Infektionskrankheiten. Das hier beschriebene VICCI-Teilprojekt 8.2 hatte im Forschungsverbund die Aufgabe, aus infektionsepidemiologischer Sicht eine bevölkerungsbezogene Risikoanalyse mit Schwerpunkt Lyme-Borreliose, Hantavirus-Infektionen und humane Leishmaniose durchzuführen und Handlungsoptionen für Präventions- und Anpassungsmaßnahmen für Bayern zu erarbeiten. Zielsetzung war eine strukturierte qualitative Risikoanalyse auf Basis einer Literaturübersicht und von Expertenbeiträgen.

Das Projekt dient damit auch als Schnittstelle für den Erkenntnistransfer zwischen Forschung und politischen Entscheidungsebenen.

3 Methoden

Risikoanalysen im Kontext des Klimawandels verlangen die Berücksichtigung unterschiedlicher Forschungsfelder. Vorbereitend wurde daher eine umfassende Literaturrecherche zur Bestandsaufnahme bestehender Erkenntnisse, zur Einarbeitung in die relevanten Forschungsteilbereiche sowie zu methodischen Möglichkeiten für bevölkerungsbezogene Risikoanalysen und Handlungsoptionen durchgeführt. Daraus resultierend und basierend auf aktuellen Empfehlungen [4] wurde das infektionsepidemiologische „SIR-Modell“ als Grundlage für die Risikoanalyse gewählt, welches das Verhältnis von empfänglichen (**S**usceptible), infizierten (**I**nfectious) und genesenen (**R**ecovered) Personen einer Bevölkerung abbildet.

Die Literatursuche umfasste zunächst eine PubMed-Suche –insbesondere mit den Keywords “climate change”, verknüpft mit “vector-borne diseases”, “infectious diseases”, “hanta”, “Lyme disease”, “Lyme Borreliosis”, “Leishmaniasis”, “risk analysis”, “risk assessment”. Diese wurde durch eine Literatursuche in den Datenbanken Cochrane, DIMDI/EMBASE und PLOS ergänzt. Mit den gleichen Suchbegriffen und unter Berücksichtigung der Hinweise von Fachexperten wurde zusätzlich die sogenannte „graue Literatur“ durchsucht. Die Relevanz der Artikel wurde an Hand von epidemiologischen Kriterien sowie unter Berücksichtigung von Expertenmeinungen innerhalb des VICCI-Projektverbunds sowie auf nationalen und internationalen Kongressen bewertet. Darunter fielen die EDEN (Emerging vector-borne diseases in a changing environment)-Konferenz 2010 [5], ESCAIDE (European Scientific Conference on Applied Infectious Disease Epidemiology)-Konferenz 2010 [6], IMED (International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance)-Konferenz 2011 [7] sowie nationale Fachtagungen [8] [9] [10].

Zusätzlich zu externen Fachtagungen flossen die Expertise sowie erste Ergebnisse aus den einzelnen Projekten des VICCI-Verbunds mit in die Risikoanalyse ein.

Die Tätigkeit in der bayerischen Meldezentrale für meldepflichtige Infektionskrankungen nach dem Infektionsschutzgesetz (Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim) ermöglichte Auswertungen zu meldepflichtigen Krankheiten in Bayern (Quelle: Survnet, Datenstand: 31.12.2011). Besondere Beachtung fanden dabei die hohen Meldezahlen für Hanta-Erkrankungen in Bayern und Deutschland im Jahr 2010, auf die im Weiteren näher eingegangen wird.

4 Ergebnisse

4.1 Allgemein

4.1.1 Klimawandel

Das globale Klimasystem ist zum heutigen Zeitpunkt gut erforscht, wahrscheinliche Entwicklungen werden mithilfe von Klimamodellen abschätzbar [8]. Demnach ist die Existenz eines globalen Klimawandels wissenschaftlich unumstritten [1]. Das Ausmaß der langfristigen Klimaveränderung scheint dabei vom Grad der zukünftigen anthropogenen Treibhausgasemission abhängig zu sein. Dies stellt einen Unsicherheitsfaktor in Zukunftsmodellierungen dar. Um dieser Unsicherheit gerecht zu werden, wird mit Szenarien gearbeitet, die vom best case bis worst case reichen und vom Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) veröffentlicht wurden (S. Abbildung 1). Zu betonen ist insbesondere im Zusammenhang mit Risikovorhersagen der Unterschied zwischen natürlich vorkommender „Klimatischer Variabilität“, die ebenso temporär zu Veränderungen in Umwelt und Gesellschaft führen kann (z.B. erhöhte Hantavirus-Infektionen aufgrund erhöhter Mäusezahl nach milden Wintern) und einem langfristigen „Klimawandel“, der sich insbesondere auf die langfristige Erhöhung der globalen mittleren Durchschnittstemperatur bezieht und zu tiefer greifenden Veränderungen von Natur und Gesellschaft führt. Diese mögliche langfristige Temperaturerhöhung ist in Abbildung 1 für die unterschiedlichen zugrunde liegenden Treibhausgasemissions-Szenarien (standardized reference emission scenarios, SRES) modelliert. Als Referenztemperatur ist dabei die präindustriale globale mittlere Durchschnittstemperatur gewählt.

Scenarios for GHG emissions from 2000 to 2100 (in the absence of additional climate policies) and projections of surface temperatures

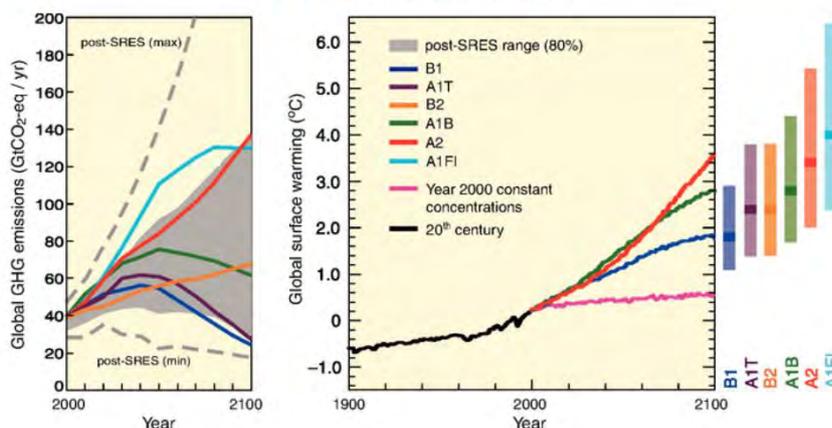


Abbildung 1 Globale IPCC-Klimaszenarien (B1 bis A1FI nach Emissionsgrad) von 2000 bis 2100,

Quelle: Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) 2007 [1]

4.1.2 Risikoanalyse im Kontext von Klimawandel und menschlicher Gesundheit

Ziel einer gesundheitsbezogenen bevölkerungsorientierten Risikoanalyse im Kontext des Klimawandels ist in erster Linie die Identifizierung von Risikogebieten und Risikopopulationen. Risikoanalysen im Kontext „Klimawandel und menschliche Gesundheit“ stellen dabei eine besondere Herausforderung dar. Zum Einen muss der Faktor der Unsicherheit in die Risikoanalyse mit einbezogen werden: Das betrifft sowohl die zuvor erwähnte Unsicherheit bzgl. der eintretenden Klimaszenarien sowie auch die Unsicherheit der Reaktion des Ökosystems auf die veränderten Bedingungen einschließlich den Interventionsmaßnahmen. Zum Anderen ist das außerordentlich komplexe Zusammenspiel der verschiedenen Einflussfaktoren, die auf dem Weg einer langfristigen globalen Erwärmung das gesundheitliche Outcome- die Erkrankung des Menschen- beeinflussen können, bei Vorhersagen zu berücksichtigen.

Die Folgen des Klimawandels für den Menschen können prinzipiell in direkte und indirekte Folgen aufgeteilt werden. Als direkte Folgen gelten die unmittelbaren Einflüsse auf die menschliche Gesundheit durch direkte Klimaeinwirkungen wie z.B. Hitzewellen, Extremwetterereignisse und der Anstieg des Meeresspiegels. Zu den indirekten Folgen werden langfristige Veränderungen in Ökosystem und Gesellschaft gezählt, wozu auch mögliche Veränderungen im Bereich des Infektionsgeschehens gehören. Bei Vektorübertragenen Infektionskrankheiten, die in dieser Risikoanalyse untersucht werden, sind Vorhersagen aufgrund der langen Infektionskette besonders herausfordernd: Auf jede einzelne Variable der Infektionskette können verschiedenen Einflussgrößen einwirken, und jede einzelne Variable dient als Stellschraube für das Auftreten von menschlichen Erkrankungen am Ende dieser Kette. Als besonders wichtige Einflussgrößen gelten neben den Klimavariablen wie Temperatur, Feuchtigkeit, Niederschlägen auch Einflüsse der Geografie (z.B. Ort, Höhe, Vegetation, urbane oder ländliche Gebiete) [5], die Landnutzung [11] und aus bevölkerungsbezogener Sicht neben demografischen Faktoren wie Alter und Geschlecht auch Beruf, sozioökonomische Bedingungen [12], Freizeitverhalten, Migration und Reisen, Handel und Aspekte der medizinischen Versorgung (wie z.B. Diagnostik, Therapie und Prävention). Als sogenannter intrinsischer Faktor ist auch der Immunitätsstatus der Bevölkerung zu integrieren [13] [14].

Prinzipiell wäre in Folge des Klimawandels eine Veränderung der Anzahl menschlicher Neuerkrankungen (Inzidenz) von Vektorübertragenen Infektionskrankheiten in beide

Richtungen möglich [15] [16] [17] [18], dh. die Inzidenz könnte je nach Krankheit und Vorbedingungen in Folge des globalen Klimawandels regional zu- aber auch abnehmen. In den letzten Jahren wurde in Europa eine Ausbreitung einzelner Vektor-übertragener Infektionskrankheiten wie z.B. Chikungunya-Erkrankungen, Denguefieber, und West Nile-Fieber von Süden nach Norden beobachtet [5], was die Vermutung nahelegen könnte, dass sie im Rahmen des Klimawandels weiter zunehmen könnten bzw. sich neue Endemiegebiete entwickeln könnten [14] [19]. Es ist wahrscheinlich, dass der Klimawandel nicht die alleinige Ursache für steigende Inzidenzen dieser Erkrankungen ist [5] [20]. Unter Anderem werden die Auswirkungen der Globalisierung, sozioökonomische Veränderungen und menschliches Verhalten als wichtige ursächliche Einflussgröße für Veränderungen im Infektionsgeschehen einzelner Infektionskrankheiten gesehen [21]. Eine große Herausforderung für Studien im Kontext von Klimawandel und Infektionserkrankungen ist daher, bei beobachteten Assoziationen zwischen bioklimatischen Variablen und Krankheitsinzidenzen der Frage nach den ursächlichen Zusammenhängen sorgfältig nachzugehen.

Wesentlich ist für Risikoanalysen im Kontext des Klimawandels, dass Trenduntersuchungen über lange Zeiträume (d.h. standardisierte Studien über mehrere Jahrzehnte) und in interdisziplinärer Zusammenarbeit notwendig sind, um valide Aussagen treffen zu können. In Europa existieren bereits derartig angelegte Forschungsverbände (z.B. EDEN [22] [23]).

4.2 Vektor-übertragene Infektionskrankheiten und R_0 -Formel

Im Gegensatz zu direkt übertragenen Krankheiten zwischen Menschen, z.B. über Tröpfchen- oder Schmierinfektion, bedarf es bei Vektor-übertragenen Infektionskrankheiten der Übertragung des Erregers mithilfe eines sogenannten Vektors und ggf. über einen weiteren Zwischenwirt auf den Menschen. Prinzipiell ist eine Einteilung nach Art der Vektoren möglich. Demnach werden Zecken-übertragene Krankheiten (Tick-borne diseases), Nagetier-übertragene Krankheiten (Rodent-borne diseases) und Mücken-übertragene Krankheiten (mosquito-borne diseases) unterschieden. Viele Vektoren sind als ektotherme Arthropoden direkt von klimatischen Einflüssen abhängig. Biologische Abläufe wie u.a. Geburtenrate und Sterberate von Vektor bzw. Wirt (Host), Biss- oder Stichraten, Transmissionsraten und Pathogenentwicklung könnten sich dabei unter denselben Klimaeinflüssen in gegensätzliche Richtungen entwickeln.

Eine Möglichkeit, die komplexen Infektionsketten dennoch modellieren zu können, wird in der Verwendung des sogenannten „SIR-Modells“ (S. Abbildung 2) gesehen [5]. Im Zentrum dieses mathematischen Modells steht die sog. Basisreproduktionszahl R_0 [24].

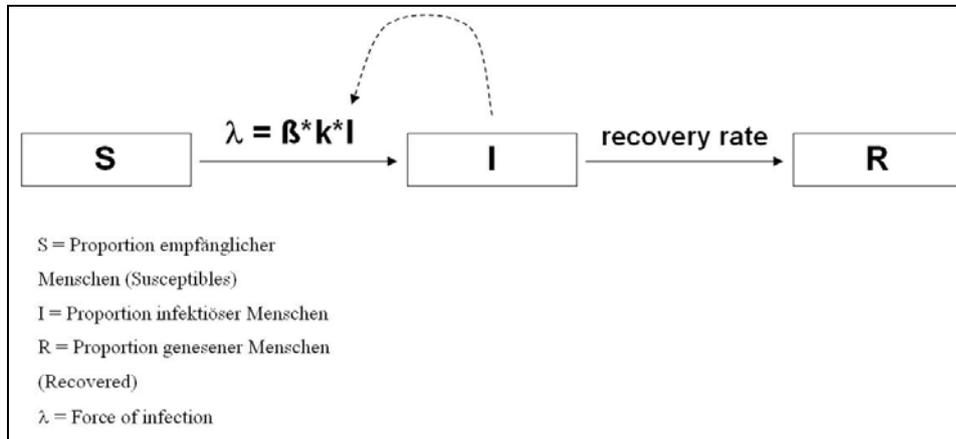


Abbildung 2 SIR-Modell bei Mensch-zu-Mensch-Übertragungen

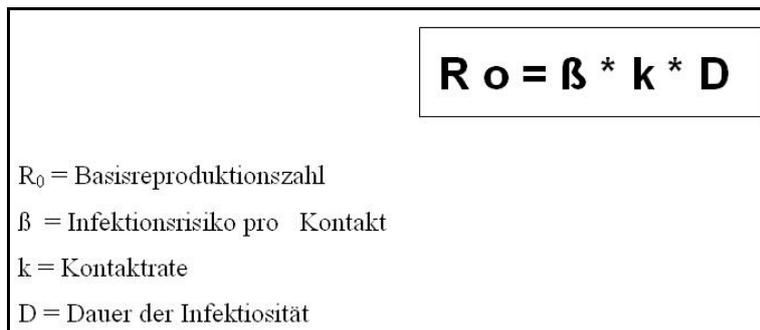


Abbildung 3 Basisreproduktionszahl R_0 bei Mensch-zu-Mensch-Übertragungen

R_0 ist ein Maß für die durchschnittliche Anzahl weiterer sekundärer Infektionen ausgehend vom ersten Erkrankungsfall (Indexfall) in der Annahme einer vollständig empfänglichen (naiven) Population. Bei einem Wert größer als 1 wird davon ausgegangen, dass sich die Krankheit langfristig ausbreitet, wobei eine Ausbreitung um so schneller zu vermuten ist, je höher R_0 ist [25]. Während bei Mensch-zu-Mensch-Übertragungen R_0 relativ einfach über die Formel $R_0 = \beta * k * D$ berechnet wird (β = Infektionsrisiko pro Kontakt, k = Kontaktrate, D = Dauer der Infektiosität, (S. Abbildung 3)), müssen aufgrund der Komplexität bei Vektorübertragenen Krankheiten erweiterte Formeln zur Berechnung von R_0 angewandt werden (s. SIR-Modelle für Lyme-Borreliose, Hanta-Infektionen bzw. Leishmaniose im jeweiligen Kapitel).

Auch hier handelt es sich naturgemäß um vereinfachte theoretische Ableitungen deren mögliche Abweichung von der realen Entwicklung bei einer Risikoanalyse und davon abzuleitenden politischen Handlungsmaßnahmen bedacht werden muss [18]. Somit sind exakte quantitative Aussagen nur mit Vorbehalt zulässig, dennoch sind relative Unterschiede der R_0 -Werte bezogen auf geografische Daten im Rahmen von sog. Risk-maps für eine Risikoanalyse wertvoll. Voraussetzung für eine Studie mit diesem Ansatz sind a priori interdisziplinär festgelegte und standardisierte Variablen, deren Werte in der Folge in die Formel eingesetzt werden können [18] [24] [26]. Zum jetzigen Zeitpunkt stehen für Bayern noch nicht lückenlos alle für eine R_0 -Formel-basierte quantitative Berechnung notwendigen Daten zur Verfügung. Eine quantitative Risikoprojektion war auch nicht Ziel des vorliegenden Teilprojekts. Dennoch ist es hilfreich, die Formeln und beteiligten Variablen für die drei in dieser Risikoanalyse gewählten Krankheiten zu untersuchen. Dies macht eine erste qualitative Abschätzung mithilfe bisheriger Forschungsergebnissen möglich. Außerdem können bestehende Wissenslücken identifiziert werden, was für die Planung weiterer Studien hilfreich ist. Die SIR-Modelle haben darüber hinaus den Vorteil, Stellschrauben der Infektionskette -sowohl für prospektive Szenarien als auch für mögliche Interventionsmaßnahmen nach dem Motto „Stop the cycle“- identifizieren zu können. Theoretisch kann die Infektionskette unterbrochen bzw. die Ausbreitung entschleunigt werden, wenn im Produkt des Zählers der R_0 -Formel eine Variable auf 0 gestellt werden kann bzw. R –optimalerweise auf kleiner als 1– reduziert werden kann [15] [27].

Ausgehend von diesen Überlegungen lassen sich für eine Risikoanalyse im Kontext des Klimawandels grundlegend die folgenden Haupt-Infektionspartner der Infektionskette bei Vektor-übertragenen Krankheiten diskutieren:

Erreger: Es ist möglich, dass klimaassoziierte Einflüsse das Überleben von Pathogenen direkt beeinflussen [28].

Vektoren: Vektorkompetenz und Vektoraktivität können v.a. bei höheren Temperaturen gesteigert sein [28]. Aus grundsätzlichen Erwägungen ist anzunehmen, dass eine Veränderung von Temperatur, Luftfeuchtigkeit und Niederschlag sich auf Entwicklung, Reproduktion, Verhalten und Populationsdynamik von (ektothermen) Vektoren auswirken wird.

Reservoir/ Wirt: Der Klimawandel kann auch auf die Verbreitung nonhumaner Reservoirtiere und Wirte Einfluss nehmen, z.B. über das Nahrungsangebot bzw. veränderte Vegetationsbedingungen.

Mensch: Die menschliche Gesellschaft selbst hat wesentlichen Einfluss auf die Krankheitsinzidenz. Sie triggert durch anthropogene Verursachung des Klimawandels nicht

nur die daraus entstehenden Folgen für Umwelt und Gesellschaft und somit ggf. auch die Verbreitung von Vektor-übertragenen Infektionskrankheiten, sondern ist durch Präventionsmaßnahmen und Verhaltensregeln in der Lage, über verhaltens- oder verhältnisbezogenen Selbstschutz Erkrankungsfälle zu vermeiden. Somit wird die Inzidenz neben reinen Klimafaktoren auch von zahlreichen nicht-klimatischen, anthropogenen Einflüssen gelenkt sein [16] [17].

Im Folgenden wird auf den möglichen Einfluss eines Klimawandels auf die Vektor-übertragenen Krankheiten Lyme-Borreliose, Hanta-Infektionen und Leishmaniose in Bayern eingegangen. Davon abgeleitet werden Handlungsoptionen für die Infektionskontrolle entwickelt.

4.2.1 Lyme-Borreliose

4.2.1.1 Klinischer Hintergrund

Die Lyme-Borreliose wurde als Zecken-übertragene Infektionskrankheit in Europa und Nordamerika in den frühen 80er-Jahren bekannt. In der Folge wurden steigende Inzidenzen in der nördlichen Hemisphäre berichtet. Mittlerweile gilt die Lyme-Borreliose in Europa als die häufigste von Zecken übertragene Infektionskrankheit und trägt mit über 85.000 gemeldeten Fällen jährlich in Europa [14, 29] wesentlich zur Krankheitslast bei. Derzeit existiert in Europa kein flächendeckendes und standardisiertes Surveillancesystem, weshalb bei den genannten Zahlen eine Unterschätzung der Fallzahlen wahrscheinlich ist. Valide Daten fehlen auch aufgrund nicht einheitlich verwendeter Fall-Definitionen.

Die Ursachen für die Zunahme der Inzidenzen an Lyme-Borreliose sind noch nicht lückenlos geklärt. Es stellt sich hierbei unter anderem die Frage, ob klimatische Veränderungen –insbesondere im Kontext eines langfristigen Klimawandels– zu einer weiteren Zunahme der Erkrankungsfälle führen könnte. Aus Public Health-Perspektive besteht vor allem Interesse an der Identifizierung derzeitiger und zukünftiger Risikogebiete und Risikopopulationen sowie von Präventions- und Anpassungsmöglichkeiten. Die Identifikation von Kausalzusammenhängen zwischen Klimawandel und Inzidenzen ist stark eingeschränkt, neben ungeklärten Zwischenvariablen auch durch die derzeit insuffiziente Datenlage bezüglich der Inzidenzzahlen. In Bayern bestand bisher keine gesetzliche Meldepflicht, eine Einführung ist derzeit in Vorbereitung. Vorhersagen im Rahmen einer Risikoanalyse für Lyme-Borreliose sind diffizil. In Anbetracht der komplexen Infektionskette, auf die später näher eingegangen werden wird, könnten mögliche die Analyse verzerrende Einflussfaktoren (sog. Confounder) in der Analyse übersehen werden [30].

Die Übertragung des bakteriellen Erregers *Borrelia burgdorferi sensu lato* auf den Menschen erfolgt durch Zecken (in Europa insbesondere *Ixodes ricinus*) über Zwischenwirte (sog. Reservoirwirte oder „reservoir-competent hosts“) [31] wie kleine Nagetiere und Vögel. Als weitere Wirte („reservoir incompetent hosts“) für Zecken dienen der Mensch und größere Wirbeltiere wie z.B. Wild. Der Mensch kann nach einer Infektion mit den Borrelien an der sogenannten Lyme-Borreliose erkranken. Dabei wird in Studien von einem Risiko von 0,3 bis 4 % [32] für eine manifeste Erkrankung nach erfolgtem Zeckenstich berichtet, wobei dabei Vorbedingungen berücksichtigt werden müssen wie u.a. das Vorliegen eines Endemiegebietes [33] und die Dauer der Saugakts. Klinisch treten drei Manifestationsformen auf, vom charakteristischen Hautexanthem (Erythema migrans) bis zu chronischen neurologischen

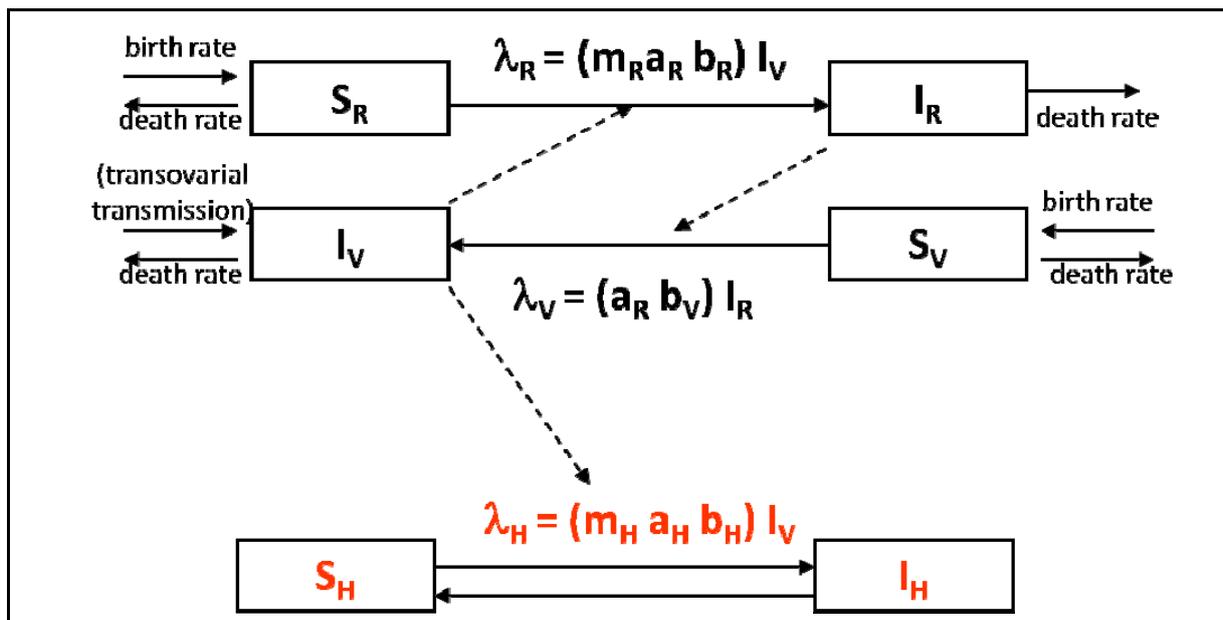
Symptomen und Arthritis im Spätstadium. Bei rechtzeitiger Diagnose ist eine Infektion meist gut behandelbar, eine Immunität nach erfolgter Infektion ist in der Regel nicht gegeben.

4.2.1.2 Infektionsepidemiologischer Hintergrund

Aus infektionsepidemiologischer Sicht gehört die Infektionskette bei Zecken-übertragenen Infektionskrankheiten zu den komplexesten unter den Vektor-übertragenen Krankheiten. Nicht nur finden sich mehrere Hauptinfektionspartner (Vektor, Reservoir, Endwirt) in der Infektionskette, auch sind die Partner und Übertragungswege in sich differenziert zu betrachten und bei Berechnung von Infektionsrisiken zu berücksichtigen. Insbesondere sind hierbei drei Besonderheiten zu beachten:

1. Der komplexe Entwicklungszyklus von Zecken (Larve, Nymphe, adulte Zecke)
2. Das Bissverhalten, Infektions- und Transmissionrisiko von Zecken in verschiedenen Entwicklungsstadien
3. Drei unterschiedliche mögliche Transmissionswege des Erregers (systemisch, nicht-systemisch (z.B. co-feeding), transovariell/vertikal) [18]

Als vereinfachtes Schema der Übertragungswege bei Zecken-übertragenen Krankheiten dient eine Ableitung des zuvor beschriebenen SIR-Modells, das Ross-Macdonald Modell, (s. Abbildung 4).



S = Proportion Susceptible
I = Proportion Infectious
 m_R = density vectors/rodent
 m_H = density vectors/human
 a_R = biting rate vector:rodent
 a_H = biting rate vector:human
 b_R = strength of infectiousness from vector to rodent
 b_V = strength of infectiousness from rodent to vector
 b_H = strength of infectiousness from vector to human

Abbildung 4 Ross-Macdonald Modell für Zecken-übertragene Infektionskrankheiten

Um eine zukünftige Etablierung bzw. Ausbreitung von Lyme-Borreliose an einem bestimmten Ort unter einem bestimmten Szenario quantitativ abschätzen zu können, bedarf es einer der Komplexität des eben beschriebenen Übertragungsmechanismus gerecht werdenden Modellierung. In der Literatur finden sich dementsprechend unterschiedliche Ansätze [18] [24] [26] [34]. So ermöglichte ein Modell [5] [35] erste Auswertungen im Sinne einer Vergleichs-Risikoanalyse zum Risiko für Lyme-Borreliose und Frühsommermeningoenzephalitis (FSME). Verwendet wurde hierbei ein „next generation

matrix“- Modell, bei dem versucht wird, alle möglichen Variationsmöglichkeiten von Infektionspartnern entlang der Infektionskette zu berücksichtigen: Über eine Matrix, die die möglichen Transmissionsrouten zwischen allen einzelnen an der Infektionskette beteiligten Individuen –auch unter Berücksichtigung der verschiedenen Entwicklungsstadien der Zecken zum Zeitpunkt der Transmission– wiedergibt, wird versucht, die jeweils durchschnittliche Transmissionsanzahl (spezifische R_0 -Zahl) zwischen allen beteiligten möglichen Transmissionspartnern zu schätzen [18] [36]. Voraussetzung für eine Auswertung dieser Art sind Daten zu zahlreichen einzelnen Variablen, die im Moment für Bayern noch nicht vorliegen und somit eine Berechnung noch nicht zulassen.

Im Vorfeld einer solchen quantitativen Abschätzung ist aber eine qualitative Risikoabschätzung mit Betrachtung der einzelnen Infektionspartner entlang der Infektionskette mithilfe des SIR-Modells (s. Abbildung 4) möglich. Zu berücksichtigen sind mögliche Auswirkungen des Klimawandels auf jede einzelne Variable. Diese schließen die empfänglichen bzw. infizierten Proportionen von Vektor, Host und Mensch, die jeweilige Dichte zwischen Vektor/Host bzw. Vektor/Mensch und die Bissraten zwischen Vektor/Host bzw. Vektor/Mensch ein. Eine weitere zu berücksichtigende Variable ist die Stärke der Infektiosität vom Vektor auf den Host, vom Host auf den Vektor und vom Vektor auf den Menschen. Es wird hierbei klar, dass eine Erhöhung der einen Variable nicht gleichzeitig mit einer Erhöhung einer weiteren anderen Variable einhergehen muss. So würde z.B. eine erhöhte Dichte zwischen Mensch und infizierten Zecken nicht zu erhöhten humanen Erkrankungen führen, wenn gleichzeitig die Bissrate sinken würde oder die Stärke der Infektiosität abnehmen würde.

Bedeutsam für eine Risikoanalyse bzgl. der Lyme-Borreliose sind Aussagen zu Veränderungen der enthaltenden Schlüsselvariablen der Infektionskette durch den Klimawandel, die nachfolgend vorgestellt werden.

4.2.1.3 Durch Klimawandel beeinflusste Variablen und mögliche Einflussnahme durch Prävention

Empfängliche und infizierte Zecken-Population

Es ist möglich, dass es im Rahmen des Klimawandels zu einer Ausbreitung von Zecken, sowohl hinsichtlich der Höhenlage [37] als auch flächenmäßig kommt [14]. Dabei spielen auch Faktoren wie Landbedeckung und Erdbeschaffenheit [38] und Landnutzung [11] eine Rolle. Auch die Waldbeschaffenheit bzw. Waldpflege sind wichtige Einflussgrößen und bieten evtl. Interventionsmöglichkeiten. So wurden in einer Studie durch „forest clearing“

verringerte Zeckenzahlen im Vergleich zum ursprünglich belassenen Wald beobachtet [39]. Auswirkungen auf das Überleben der Zecken haben aber nicht nur langfristige Temperaturschwankungen, die sich auf die Vegetation und Hosts auswirken, sondern vor allem auch das spezifische temporäre lokale Mikroklima [31].

Veränderte klimatische Bedingungen könnten auch prinzipiell Auswirkungen auf die Länge und den Zeitpunkt zeckenaktiver Saisonen haben, d.h. sie könnten zu längeren Risikozeiten führen. Als aktive Phase von *Ixodes ricinus* wird für die meisten Gebiete in Zentraleuropa der Zeitraum von etwa März bis Oktober angenommen, wobei es in milderen Wintern auch in Deutschland zu einer durchgehenden Aktivität kommen kann. Ob dadurch die Transmissionsraten in den übrigen Monaten verändert werden, ist noch unklar. Im Kontext einer langfristigen Temperaturerhöhung könnte es aufgrund der Empfindlichkeit der *Ixodes ricinus* gegenüber Trockenheit bei zunehmende heißen und trockenen Sommern saisonal gesehen zu einem Shift der Zeckenaktivität in Richtung Spätsommer, Herbst und Winter in vielen Gebieten kommen [30].

Handlungsoption: Gegen eine Verbreitung von Zecken kann prinzipiell lokal vorgegangen werden. Es wurde hierfür in anderen Ländern mit chemischen wie auch biologischen Mitteln (z.B. Nematoden, Wespen, Pilzen) gearbeitet bzw. wurden auch Zeckengebiete kontrolliert verbrannt. Diese Maßnahmen sind aus ökologischen Gründen kritisch zu hinterfragen.

Präventiv kann insbesondere in stark bevölkerten Regionen wie z.B. Stadtparks mithilfe von Landschaftspflege versucht werden, die Vegetation zeckenfeindlich zu halten. Dies beinhaltet u.a. das Gras kurz zu halten und zeckenabwehrende Pflanzen zu setzen [31].

Empfängliche und infizierte Reservoir/Host-Population

Im Rahmen eines Klimawandels könnte es über eine Veränderung der Vegetation zu besseren Überlebenschance und Ausbreitung von Wirten kommen. Wichtig für die Etablierung von Wirtstieren ist auch der menschliche Einfluss, etwa durch –evtl. auch durch den Klimawandel veränderte– Landnutzung [40], Freizeitverhalten, Umweltverschmutzung, Müllansammlungen in Stadtparks etc..

Nicht nur in Anbetracht der Lyme-Borreliose, sondern auch in Hinblick auf die Gefahr der Übertragung weiterer Infektionskrankheiten sollte insbesondere im menschlichen Umfeld auf eine Kontrolle v.a. kleiner Nagetiere (Mäuse, Ratten) geachtet werden. Als Handlungsoption kann an eine Behandlung der Reserviertiere gedacht werden sowie eine Host- und zeckenpräventive Landnutzung [41].

Bezüglich der Infektion von potentiellen Reservoirtieren bedarf es der gleichzeitigen Anwesenheit der Zecken, weshalb die Variable der Dichte zwischen Zecken und Reservoiren eine Schlüsselvariable ist.

Empfängliche Menschen

Die Lyme-Borreliose hinterlässt in der Regel keine Immunität. Auch bei einer erhöhten infizierten Proportion von Menschen kann aufgrund der Möglichkeit einer Zweitinfektion nicht von einem Rückgang der empfänglichen Population ausgegangen werden.

Impfungen könnten eine effektive Stellschraube zur Verhinderung einer Erkrankung sein. Derzeit ist in Deutschland im Gegensatz zur USA noch kein Impfstoff zugelassen.

Dichte zwischen Vektor und Reservoir bzw. Host

Es ist möglich, dass im Rahmen eines Klimawandels und unter weiteren begünstigenden nicht-klimatischen Einflüssen eine Vermehrung von Zecken und Reservoirtieren zeitgleich regional auftritt, was als wesentlicher Trigger für die weitere Verbreitung von Lyme-Borreliose angesehen werden muss. In diesem Zusammenhang ist zu beachten, dass Vögel als Reservoir sehr schnell in weite Gebiete vordringen können und dort zu einer Etablierung von infizierten Zecken führen können. Ob der Klimawandel dafür eine Rolle spielt, ist noch nicht eindeutig geklärt [42, 43].

Als Handlungsoption kann die Behandlung der Reservoirtiere angedacht werden sowie eine Host- und zeckenpräventive Landnutzung [41].

Infizierte Menschen (Outcome)

Es ist nicht anzunehmen, dass eine erhöhte Inzidenz der menschlichen Infektionen die Ausbreitung der Lyme-Borreliose beschleunigen wird, da der Mensch nicht als Reservoir dient. Ebenso wenig ist bei einer erhöhten Infektionsproportion der Population davon auszugehen, dass durch erworbene Immunität der Anteil der empfänglichen Menschen sinkt, wie das bei anderen Infektionskrankheiten der Fall ist.

Dichte zwischen Vektor und Mensch und Bissrate zwischen Vektor und Host bzw. Vektor und Mensch

Die Dichte zwischen Vektor und Mensch ist essentiell für die Infektion von Menschen, wengleich erwähnt werden muss, dass die humane Inzidenz auch bei einer hohen Dichte theoretisch durch niedrige Bissraten bzw. niedrige Infektionsraten der Zecken unverändert oder sogar gesenkt werden könnten. Der Klimawandel kann dabei auf vielfache Weise auf die Dichte zwischen Vektor und Mensch einwirken. Es wird angenommen, dass im Rahmen einer

Klimaerwärmung Menschen mehr Zeit als jetzt im Freien verbringen werden und daraus ein vermehrter Kontakt zu Zecken resultieren könnte. Gleichzeitig wird diskutiert, ob extreme Hitze nicht auch zum Gegenteil führen könnte, indem z.B. Menschen vermehrt in ihren geschützten kühlen Häusern bleiben [44].

Als sehr wichtige –vielleicht die wichtigsten Einflussgrößen für gesteigerte Inzidenzen bei Zecken-übertragenen Erkrankungen– werden in zahlreichen Studien sozioökonomische Veränderungen und verändertes menschliches Verhalten angesehen [5] [45] [46]. Zu beachten sind in diesem Zusammenhang spezifische Subpopulationen, die in Folge Ihres Berufs (z.B. Waldarbeiter, Jäger, Landwirte) oder Status (z.B. Arbeitslosigkeit, ältere Menschen, Pensionisten) vermehrt in Kontakt mit Zecken durch Aufenthalte im Freien oder Wald kommen. Auch kann es durch den Klimawandel zu Umsiedlungen aus z.B. überfluteten Küstengebieten in andere Risikogebiete kommen. Ein gesellschaftlicher Trend „zurück zur Natur“ kann ebenfalls zu mehr Kontakt zwischen Mensch und krankheitsübertragenden Zecken führen.

Diese beschriebene Variable bietet Handlungsoptionen für einen Selbstschutz der Menschen, welche das Risiko einer Infektion dramatisch senken können: Laut Studien scheint Aufklärung eine der effektivsten Methoden zu sein, die humane Lyme-Borreliose-Inzidenz zu senken [31] [47]. Besonders wichtig ist hierbei auch die Aufklärung von Menschen aus nicht-endemischen Gebieten, denen die Gefahren womöglich nicht bewusst sind [31]. In diesem Zusammenhang ist als wichtiger Zusatzeffekt zu erwähnen, dass durch eine verhinderte bzw. verminderte Kontaktrate zwischen Zecken und Mensch auch andere zeckenübertragene Krankheiten gesenkt werden können (z.B. Babesiose, Anaplasmosen, Rickettsiose).

Neben Repellents kann durch zeckenabweisende Kleidung effiziente Prävention betrieben werden. Auch die Selbstuntersuchung auf Zecken nach möglicher Exposition kann das Risiko einer manifesten Infektion senken, da davon ausgegangen wird, dass mit zunehmender Zeit des Zeckenkontakts das Infektionsrisiko steigt [31]. Ebenso labordiagnostische Kontrollen nach möglicher Exposition könnten durch Einleitung einer zeitnahen Therapie das Risiko einer manifesten Erkrankung verringern.

Ob eine Klimaveränderung zu einer veränderten Bissrate der Zecken führen könnte, ist nicht eindeutig geklärt.

4.2.2 Hantavirus-Erkrankungen

4.2.2.1 Klinischer Hintergrund

Hantavirus-Erkrankungen gehören zu den sogenannten „Rodent-borne diseases“. Die Übertragung der in Bayern überwiegend Puumala-Hantaviren auf den Menschen erfolgt in der Regel über die Ausscheidungen asymptomatischer, chronisch infizierter kleiner Nagetiere –in Deutschland insbesondere über Rötelmäuse. Die Übertragung findet vor allem über die Inhalation des kontaminierten Staubes statt oder auch direkt über Haut- oder Bissverletzungen. Als Risikopopulationen gelten u.a. Waldarbeiter, Jäger und Personengruppen mit Tätigkeiten in kontaminierten Dachböden oder Schuppen. Klinisch verläuft die Erkrankung in Deutschland zum großen Teil als milde Verlaufsform des sog. „Hämorrhagischen Fiebers mit renalem Syndrom“ (HFRS), auch als „Nephropathia epidemica“ (NE) bezeichnet. Neben asymptomatischen, grippeähnlichen und gastrointestinalen Symptomen kann es jedoch auch zur dialysepflichtigen Niereninsuffizienz kommen. Die Therapie ist in der Regel symptomatisch. Es wird von einer lebenslangen Immunität ausgegangen. Eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung ist nicht bekannt, der Mensch gilt in der Regel als sog. „dead-endhost“, d.h. er infiziert keine weiteren Wirte [48]. Bei der in Bayern derzeit vorherrschenden Virusart Puumala-Virus wird ein Letalitätsrisiko von 0,1 bis 0,4 % angenommen [48]. Ursprünglich in den 50er-Jahren in Korea entdeckt, ist die Krankheit seit 1980 in Deutschland bekannt und seit 2001 in Deutschland nach dem Infektionsschutzgesetz meldepflichtig. Seitdem wurden bis Ende des Jahres 2011 insgesamt 1017 Hanta-Fälle in Bayern gemeldet. In diesem Zeitraum haben sich insbesondere drei Risikogebiete herauskristallisiert: Die Main-Spessart-Region, die Schwäbische Alb und der Bayerische Wald. Auch wenn davon auszugehen ist, dass die Risikogebiete über die Meldepflicht richtig identifiziert sind, muss als mögliche Limitation der sogenannte „diagnostische Bias“ erwähnt werden. Über die erhöhte Aufmerksamkeit gegenüber der Krankheit in Endemiegebieten könnte es zu einer häufigeren Diagnostik und somit Diagnosestellung kommen als in Nicht-Endemiegebieten. Ebenso könnte es über ein besseres Meldeverhalten zu Verzerrungen der Surveillanceauswertungen kommen. Asymptomatische Verlaufsformen können zu einer Untererfassung im Meldewesen führen.

Ein weiteres Ergebnis der bisherigen Surveillance von Hanta-Erkrankungen in Bayern ist, dass in den letzten elf Jahren starke Schwankungen der Jahresgesamtfallzahlen zu erkennen waren (s. Abbildung 5).

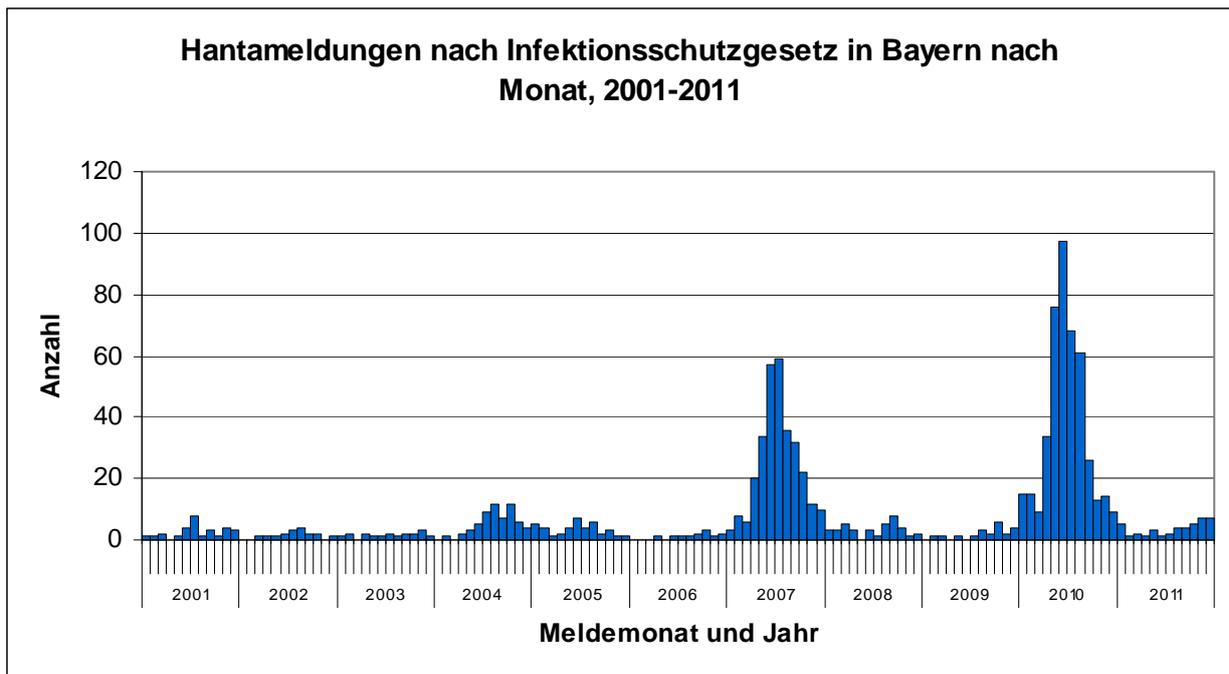


Abbildung 5 Hantameldungen nach Infektionsschutzgesetz in Bayern nach Monat, 2001 bis 2011

Es wird vermutet, dass erhöhte Fallzahlen mit temporär gewachsenen lokalen Mäusepopulationen in Verbindung stehen könnten. Dabei wird angenommen, dass insbesondere gute Nahrungsangebote in der vorherigen Saison bzw. während des vergangenen Winters durch hohe Überlebensraten zu hohen Mäuseanzahlen führen könnten [5]. Die Auswertung des mit 437 Fällen seit Einführung der Meldepflicht 2001 bisher am stärksten betroffenen Jahres 2010 bestätigt die bisher bekannten Risikogebiete: die Main-Spessart-Region, die Schwäbische Alb und den Bayerischen Wald (s. Abbildung 6).

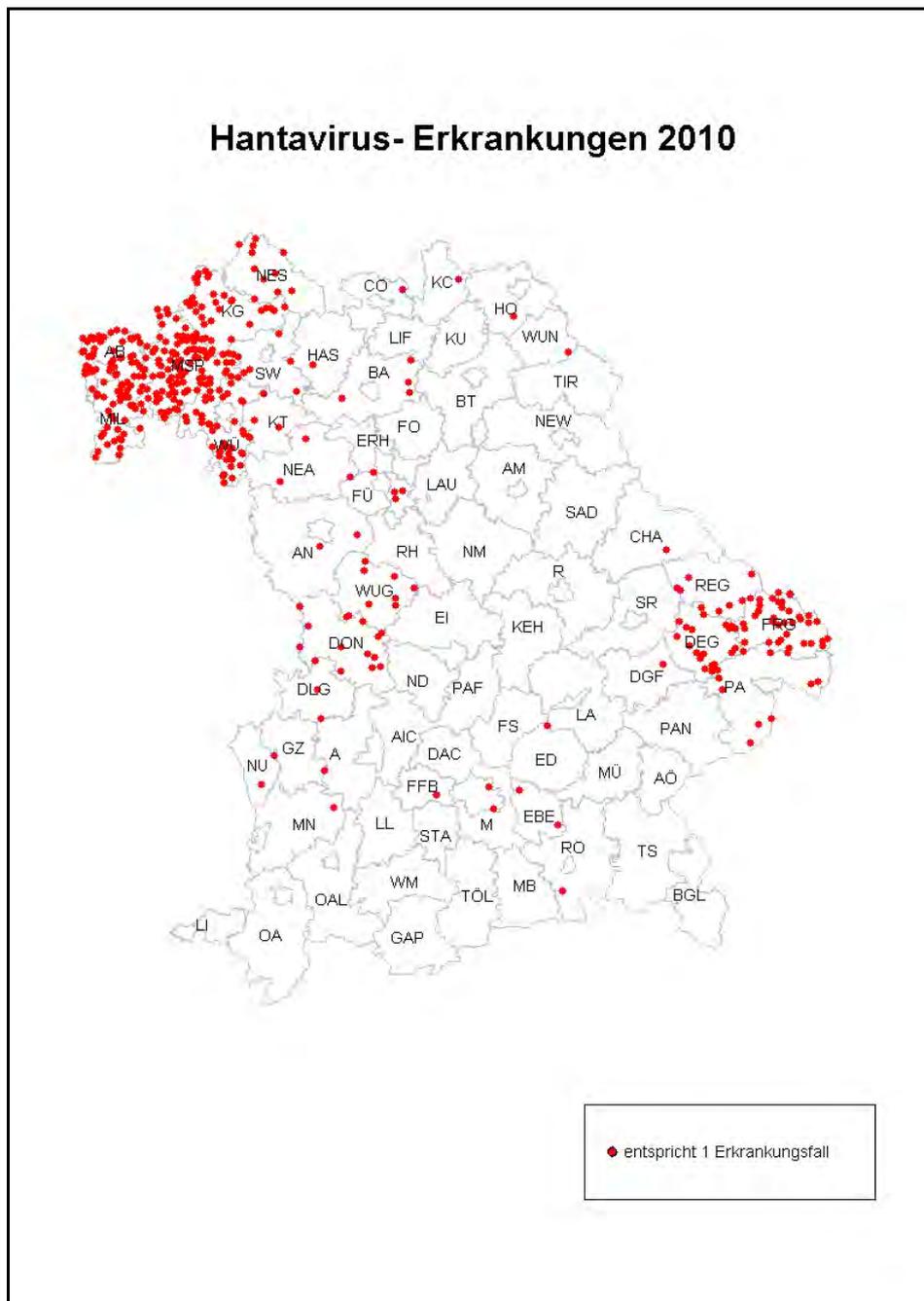


Abbildung 6 Geografische Verteilung aller Hantafälle in Bayern nach Wohnort des Erkrankten, 2010

Bei den gemeldeten Symptomen wurden als häufigste Fieber (87 %), Kopfschmerzen (76 %), Gliederschmerzen (70 %) und Nierenfunktionsstörungen (70 %) genannt.

Ein Hämorrhagisches Fieber mit renalem Syndrom fand sich nicht unter den Meldungen, ebenso kam es zu keinem Todesfall. Eine stationäre Behandlung wurde bei 79 % der Meldefälle durchgeführt.

Die Altersverteilung zeigte die höchste Inzidenz bei 40 bis 49-jährigen Männern (s. Abbildung 7). Männer waren insgesamt ca. 2,5 mal so häufig betroffen wie Frauen.

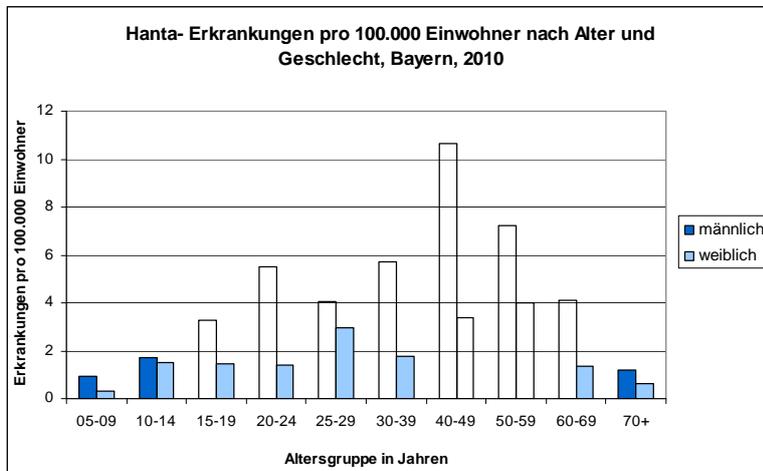
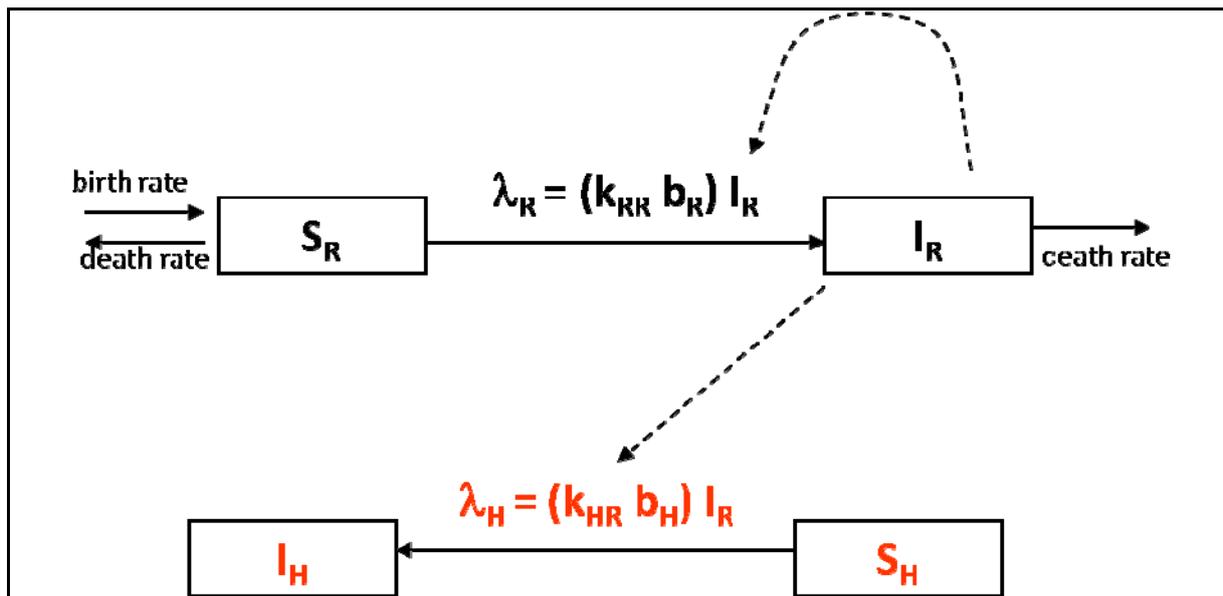


Abbildung 7 Hantainzidenz nach Alter und Geschlecht, Bayern, 2010

4.2.2.2 Infektionsepidemiologischer Hintergrund

Im Vergleich zu dem zuvor vorgestellten Modell für Zecken-übertragene Krankheiten erscheint das SIR-Modell für Rodent-borne-diseases (s. Abbildung 8) mit nur zwei beteiligten Infektionspartnern weniger komplex. Das Prinzip der Formel ist dennoch ähnlich, spielt doch die Kontaktrate zwischen den Infektionspartnern für die Entwicklung der Inzidenz –sowohl zwischen den Reservoirtieren als auch zwischen Mensch und Nagern– eine wesentliche Rolle. Im Gegensatz zur Lyme-Borreliose ist bei Infektionen mit Hantaviren bei den Modellierungen und Risikoabschätzungen zu beachten, dass nach erfolgter Infektion eine lebenslange Immunität für Menschen anzunehmen ist.



S = Proportion Susceptible
I = Proportion Infectious
 k_{RR} = contact rate between rodents
 k_{RH} = contact rate between rodents and humans
 b_R = strength of infectiousness from rodent to rodent
 b_H = strength of infectiousness from rodent to human

Abbildung 8 SIR-Modell für Hantainfektionen

Für die Frage nach der Auswirkung eines langfristigen Klimawandels auf die Inzidenz beim Menschen kann die theoretische Infektionskette mit ihren Einzelvariablen als Hilfestellung verwendet werden; somit lassen sich erneut mögliche Effekte und Kausalitäten zwischen Klimawandel und Inzidenzveränderungen untersuchen. Aus dem theoretischen Modell können folgende Variablen als Einflüsse auf die Inzidenz abgeleitet werden und auf ihre Vulnerabilität und Veränderung durch einen Klimawandel sowie Stellschrauben für Interventionsmaßnahmen geprüft werden.

4.2.2.3 Durch Klimawandel beeinflusste Variablen und mögliche Einflussnahme durch Prävention

Empfängliche bzw. infizierte Mäuse-Population

Es gibt Hinweise, dass eine Klimaerwärmung zu einer erhöhten Mäusepopulation führen könnte [49, 50]. Zu beachten sind aber zahlreiche weitere Einflüsse, die ebenfalls die Überlebensrate von Mäusen lokal erhöhen können. Dazu zählen u.a. Variablen der Landnutzung und lokale ökologische Vorbedingungen [5]. Hohe Prävalenzen von Puumalavirus-infizierten Rötelmäusen haben sich in Ausbruchregionen als Risikofaktor für erhöhte humane Inzidenzen erwiesen [51].

Empfängliche bzw. infizierte Menschen

Theoretisch nimmt die empfängliche Population bei erhöhter Infektionszahl in der Gesamtbevölkerung wegen der nachfolgenden Immunität ab. Bei den derzeit wenigen Fällen scheint dies aber vorerst vernachlässigbar. Es gibt Hinweise, dass die Seroprävalenz von Menschen in Endemiegebieten höher ist als in Nicht-Endemiegebieten [52]. Prinzipiell kann die Empfänglichkeit über effizienten Selbstschutz wie z.B. Atemmaske indirekt gesenkt werden. Auch muss an die Möglichkeit von Impfungen insbesondere für Risikopopulationen und Risikogebiete gedacht werden. In den USA [48] und Südkorea werden derzeit Impfungen gegen das Puumala-Virus entwickelt, die sich im Stadium präklinischer und klinischer Studien befinden.

Da infizierte Menschen nicht als Reservoir gelten, ist diesbezüglich nicht von einer Beeinflussung der Infektionsausbreitung auszugehen.

Kontaktrate zwischen Mäusen

Es ist anzunehmen, dass bei einer gewachsenen Mäusepopulation die Kontaktraten zwischen den –womöglich infizierten– Mäusen steigen.

Kontaktrate zwischen Mäusen und Mensch

Vergleichbar mit der zuvor beschriebenen Thematik erhöhter Kontaktraten mit Zecken muss auch hier neben den bekannten menschlichen Risikopopulationen wie Waldarbeitern und Jägern auf mögliche sozioökonomische Veränderungen geachtet werden, die zu einem gesteigerten Kontakt von Menschen mit Nagetier kontaminierten Gebieten wie z.B. Waldgebieten führen könnten. Eine essentielle Stellschraube der Infektionskette ist die konsequente Verhinderung von Mäusebesiedelung insbesondere im häuslichen Umfeld.

4.2.3 Leishmaniose

4.2.3.1 Klinischer Hintergrund

Weltweit wird die Anzahl an Leishmaniose erkrankter Menschen von der Weltgesundheitsorganisation auf 12 Millionen geschätzt, die Anzahl jährlicher weltweiter Neuerkrankungen auf 2 Millionen. An viszeraler Leishmaniose sterben ca. 50.000 Menschen jährlich. Betroffen sind derzeit insgesamt 88 Länder, dabei zum großen Teil sog. Entwicklungsländer (s. Abbildung 9) [53] [54].

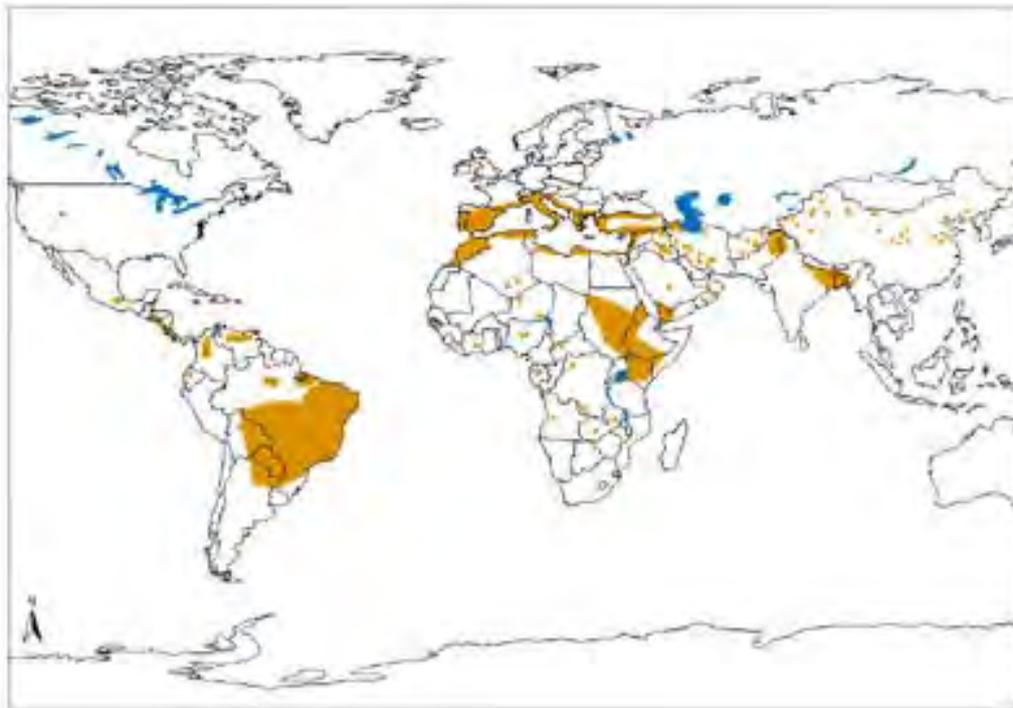


Abbildung 9 Geografische Verteilung der Viszeralen Leishmaniose weltweit (Quelle: WHO/NTD/IDM HIV/AIDS, Tuberculosis and Malaria (HTM) World Health Organization, October 2010) [54]
(http://www.who.int/leishmaniasis/leishmaniasis_maps/en/index.html)

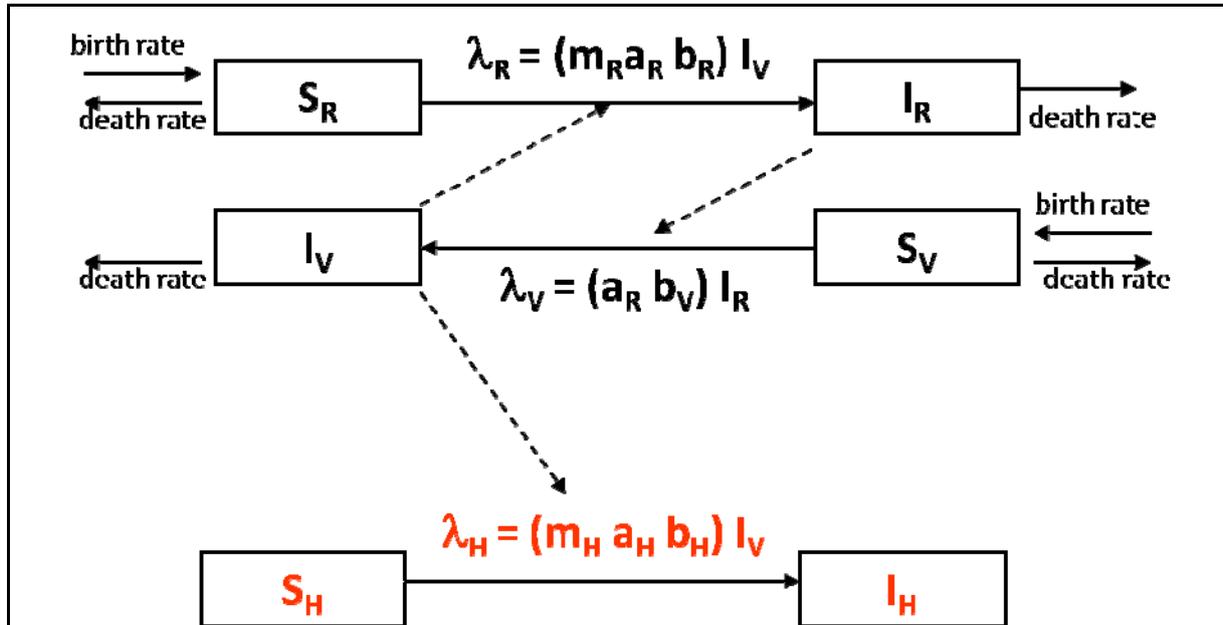
Die Leishmaniose ist als Mosquito- übertragene Infektionskrankheit in Deutschland noch nicht etabliert. Sie könnte aus infektionsepidemiologischen Überlegungen aber unter Umständen bereits „vor der Tür“ stehen und insbesondere in Folge eines Klimawandels erstmals als autochthone Erkrankung auch in Bayern auftreten. Die Infektionskette ist insofern bezüglich einer Temperaturerhöhung besonders beeinflussbar, da die beteiligten Vektoren, dämmerungs- und nachtaktive Mücken der Gattung Phlebotome, als ektotherme Arthropoden direkt von der Temperatur abhängig sind. Diese Vektoren übertragen über Reservoir-Zwischenwirte, wie v.a. Nager und andere Säugetiere, die Erreger (Leishmanien)

auf den Menschen. Klinisch verläuft die Erkrankung entweder als kutane oder als oft schwerwiegende viszerale Leishmaniose. Eine systemische Therapie ist v.a. bei der viszeralen Form dringend indiziert, da die Erkrankung unbehandelt meist letal endet. Derzeit gilt als geografische Grenze der Verbreitung in Europa nach Norden hin der Mittelmeerraum. In Deutschland ist bisher nur ein Einzelfall von humaner viszeraler Leishmaniose bekannt, bei dem keine Reiseanamnese berichtet wurde [55], sowie ein Fall kutaner Leishmaniose bei einem Pferd ohne bekanntem Aufenthalt außerhalb Deutschlands [56]. Die allermeisten Fälle sind damit importierte Fälle nach Aufhalten in Endemiegebieten. Eine Meldepflicht besteht derzeit in Deutschland nicht.

Bei einer Risikoanalyse stellt sich zunächst die Frage nach einer prinzipiell möglichen Etablierung der Leishmaniose in Deutschland, gefolgt von Fragen zum Zeitpunkt, Schnelligkeit der Ausbreitung, Risikogebieten und Risikopopulationen. Dabei muss wie in den vergangenen Kapiteln die Komplexität der Infektionskette bei Prognosen berücksichtigt werden. In weiteren VICCI-Teilprojekten wurde neben der Modellierung möglicher bioklimatischer Nischen für Vektor und Erreger in Bayern auch über Feldstudien bereits nach etablierten Erregern bzw. Vektoren gesucht. Im Rahmen einer Risikoabschätzung für humane Erkrankungsfälle sollten neben bioklimatischen Faktoren auch sozioökonomische Variablen berücksichtigt werden. So hatte z.B. die Ausrottung einer anderen Mücken-übertragenen Infektionskrankheit, der Malaria in Europa, vor allem sozioökonomische Gründe [5, 57]. Untersuchungen zu Schwankungen von Malariaerkrankungen in Ostafrika zeigten ebenso, dass diese Schwankungen nicht alleine auf klimatische Veränderungen zurückzuführen waren [58].

4.2.3.2 Infektionsepidemiologischer Hintergrund

Bezogen auf das zuvor beschriebene SIR-Modell kann der Übertragungsweg der Leishmaniose durch folgende theoretische Zusammenhänge dargestellt werden und zur Risikoabschätzung sowie Ableitung von Handlungsoptionen dienen (s. Abbildung 10):



S = Proportion Susceptible
 I = Proportion Infectious
 m_R = density vectors/reservoir host
 m_H = density vectors/human
 a_R = biting rate vector:reservoir host
 a_H = biting rate vector:human
 b_R = strength of infectiousness from vector to reservoir host
 b_V = strength of infectiousness from reservoir host to vector
 b_H = strength of infectiousness from vector to human

Abbildung 10 SIR-Modell für Leishmaniose

4.2.3.3 Durch Klimawandel beeinflusste Variablen und mögliche Einflussnahme durch Prävention

Von diesem Modell (s. Abbildung 10) ausgehend können folgende Variablen abgeleitet werden, die Einfluss auf die Anzahl menschlicher Erkrankungsfälle haben werden:

Empfängliche bzw. infizierte Mücken-Population

Auch wenn vereinzelt bereits Sandmücken in Südwestdeutschland gefunden wurden [59], ist derzeit nicht von einem großflächigen Vorhandensein von Sandmücken auszugehen. Es könnte aber möglich sein, dass insbesondere ab Mitte des 21. Jahrhunderts in bestimmten Regionen vor allem des westlichen Deutschlands theoretisch die bioklimatischen Bedingungen für das Überleben von Sandmücken gegeben wären (s. Abbildung 11) und eine Einwanderung von Sandmücken möglich wäre [60].

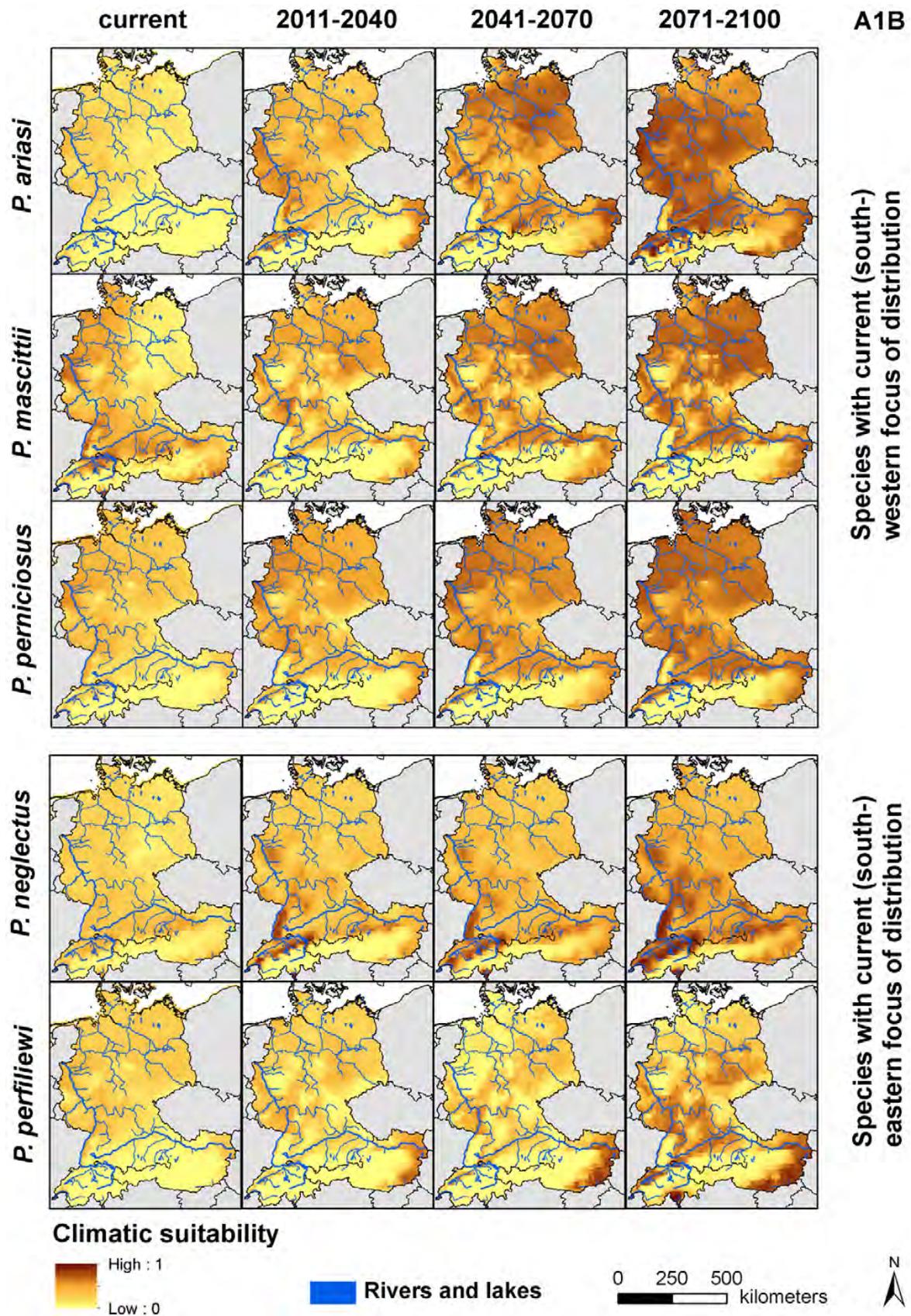


Abbildung 11 Bioklimatische Eignung für eine zukünftige Etablierung von 5 Arten von Sandmücken im Rahmen des Klimawandels für Klimaszenario A1B in Mitteleuropa, Quelle: [60]

Erwähnt werden muss auch eine anthropogene Einschleppung von Sandmücken etwa über Handel oder Reisetätigkeit [61].

Auch die Pathogenentwicklung innerhalb des Vektors könnte bis Ende des 21. Jahrhunderts aufgrund der Klimaveränderung in einigen Regionen Bayerns möglich sein [62]. Als wichtige Erreger für die Etablierung in Europa gelten *Leishmania infantum* und *L.tropica* [63]. Als möglicher anthropogener Trigger für die Vermehrung von Mücken gelten kleine Wasseransammlungen. So gelten im Freien gelagerte Autoreifen als regelrechte „mosquito-factories“. Die systematische Vermeidung solch menschlich produzierter Brutstätten wird in der Malariaphylaxe bereits erfolgreich eingesetzt [5] [16]. Prinzipiell könnte der Klimawandel die Parasitenentwicklung in weiblichen Sandmücken beschleunigen und indirekt über eine saisonal verlängerte Mückenpräsenz zu einer Mückenvermehrung führen [63]. Auch Variablen der Landnutzung sollten für die Entwicklung von Zukunftsszenarien mit einbezogen werden, da sie die Verbreitung der Leishmaniose mit beeinflussen können [11]. Als Interventionsmöglichkeit vor allem für temporäre Cluster von infizierten Mücken ist schnelles Handeln, d.h. die Vernichtung der Mücken wichtig, da Interventionen, nachdem bereits humane Fälle oder Cluster aufgetreten sind, meist zu spät kommen ([5]). Um diese ersten Mückenhäufungen insbesondere in erwarteten Risikogebieten zu entdecken, ist eine Surveillance von Mücken als Frühwarnung zu empfehlen. Im Fall des Chikungunyaausbruchs in Norditalien im Jahr 2007 konnte der Ausbruch durch rasche und effiziente Infektionskontrollmaßnahmen einschließlich der Vektorkontrolle erfolgreich gestoppt werden [64].

Empfängliche bzw. infizierte Host-Population

Auch wenn prinzipiell mehrere Säugetiere als Reservoirwirte für Leishmanien zur Verfügung stehen, scheinen in Deutschland infizierte Hunde das Hauptproblem darzustellen: Importierte Hunde aus dem Mittelmeerraum sind zu einem großen Teil mit Leishmanien infiziert und können sich als Reservoirtiere in Deutschland etablieren [65]. Vor allem bezüglich der Hundereservoirs wären strengere Einfuhrregeln eine wichtige Möglichkeit zur Prävention.

Empfängliche bzw. infizierte Menschen

Derzeit ist noch nicht eindeutig geklärt, ob klimatische Veränderungen allein zu einer Ausbreitung bzw. Zunahme von Leishmanioseerkrankungen führen können [66]. In Bayern ist derzeit insbesondere an eine Zunahme der infizierten Population durch importierte Leishmanioseinfektionen zu denken. Nach erfolgter Infektion wird von einer lang andauernden bis lebenslangen Immunität ausgegangen.

Dichte zwischen Vektor und Host bzw. Vektor und Mensch

Bei einer Zunahme von Sandmücken ist von einer Erhöhung der Dichten und Kontaktraten mit Hosts und Menschen auszugehen. Dabei spielt auch ein evtl. durch veränderte Temperaturen verändertes Verhalten der Menschen eine Rolle. Es wäre möglich, dass es zu saisonal verlängerten Freizeitperioden kommt, die die Kontaktrate vergrößern könnten. Diese sozioökonomischen Variablen sollten in eine Risikomodellierung integriert werden, um Verzerrungen zu vermeiden [16] [67]. Als Handlungsoption stehen Mosquitonetze sowie die Bekämpfung von Mücken zur Verfügung. Als Risikogebiete für Mücken und Hosts gelten im Gegensatz zu Malaria bei Leishmaniose eher ländliche Gebiete [63].

Stichrate zwischen Mücken und Host bzw. Mücken und Mensch

Ob die Stichrate an sich durch eine Klimaerwärmung gesteigert wird, ist noch unklar. Das Risiko gestochen zu werden ist jedoch bei einer gesteigerten Dichte zwischen Vektor, Reservoir und Mensch als erhöht anzunehmen. Selbstschutz ist hier eine der effektivsten Maßnahmen, z.B. durch Halsbänder für Haustiere, Repellents und Netze [63].

5 Diskussion

5.1 Lyme-Borreliose

Wie im Rahmen der zahlreichen Unsicherheiten entlang der Infektionskette zu erwarten, finden sich in der Literatur bezüglich der Frage des Einflusses des Klimawandels auf die Inzidenz humaner Lyme-Borreliose-Erkrankungen sehr unterschiedliche und kontroverse Annahmen. Neben der Annahme einer Steigerung der Inzidenz infolge des Klimawandels [68, 69] wird u.a. auch davon ausgegangen, dass zunehmende Fälle zecken-übertragener Infektionskrankheiten wie z.B. auch FSME nicht alleine durch den Klimawandel erklärt werden können [70]. Auch wird vermutet, dass es regional in Folge des Klimawandels sogar zur Verringerung des Lyme-Borreliose-Risikos bzw. vollkommenem Verschwinden der Lyme-Borreliose kommen kann, wenn etwa durch Hitzeperioden und starke Dürre ein Überleben der Zecken nicht mehr möglich ist [31].

Bezogen auf Bayern ist im Moment eine exakte quantitative Vorhersage der zukünftigen Inzidenzen von humaner Lyme-Borreliose in Folge des Klimawandels aufgrund der komplexen Zusammenhänge und nicht lückenlos vorliegenden Daten nicht möglich. Dennoch können mithilfe infektionsepidemiologischer theoretischer Überlegungen einzelne Variablen, die die Inzidenz beeinflussen, untersucht und abgeschätzt werden. Dabei stellt auf Basis dieser Überlegungen eine wesentliche Einflussgröße und damit einen wesentlichen Ansatzpunkt für Präventionsmaßnahmen gegen humane Erkrankungen die Kontaktrate zwischen Mensch und infizierter *I. ricinus* Zecke dar. Nicht nur in Anbetracht der Lyme-Borreliose, sondern auch in Hinblick auf die Gefahr der Übertragung weiterer Tick-borne diseases sollten Anstrengungen unternommen werden, die Kontaktraten zwischen Mensch und Zecken insbesondere in bekannten Risikogebieten so gering wie möglich zu halten. Dafür sollte die Bevölkerung über Möglichkeiten des Selbstschutzes und die Risiken einer Lyme-Borreliose aufgeklärt werden. Nach Studienlage ist die Aufklärung eine der effektivsten Methoden, die humane Lyme-Borreliose-Inzidenz zu senken [31] [47]. Besonders wichtig ist auch die Aufklärung von Menschen aus nicht-endemischen Gebieten z.B. während Reisezeiten, die diesbezüglich keine Erfahrung haben [31].

Ebenfalls ist zu überlegen, in stark bevölkerten bekannten Risikogebieten lokal eine aktive Zecken- bzw. Reservoirtierkontrolle durchzuführen. Letzteres ist auch in Hinblick auf weitere durch die Reservoirtiere übertragene Infektionskrankheiten (wie z.B. Hanta-Erkrankungen) von besonderer Bedeutung (s. Tabelle 1, S.35)

5.2 Hantavirus-Erkrankungen

Ob Hantavirus-Erkrankungen in Folge des Klimawandels in Bayern mittelfristig zunehmen werden, kann zum jetzigen Zeitpunkt noch nicht sicher prognostiziert werden. Es gibt Hinweise, dass eine Klimaerwärmung zu einer erhöhten Mäusepopulation und Ausdehnung der Endemiegebieten führen könnte [50]. Ausschlaggebend für menschliche Infektionen ist jedoch der Kontakt zu infizierten Tieren. Insbesondere in Risikogebieten und unter Risikopersonen mit erhöhtem Kontakt zu Mäusen (wie z.B. Jäger und Waldarbeiter) sollte deshalb forciert Aufklärung zu Möglichkeiten des Selbstschutzes betrieben werden. Auch in Nicht-Endemiegebieten sollte in der Bevölkerung einschließlich der Ärzte das Bewusstsein für Nagetier-übertragene Krankheiten gestärkt werden, um die Verhaltensprävention zu fördern. Dem gegenüber steht zur Verhältnisprävention die Möglichkeit der Mäusekontrolle insbesondere in stark bevölkerten Gebieten zur Verfügung. Auch in Hinblick auf andere Nagetier-übertragene Krankheiten erscheint dieser Ansatz als sinnvoll. Wichtig ist neben weiterer Grundlagenforschung zur Pathogenese von Hanta-Infektionen auch eine effiziente Surveillance zum frühen Erkennen neuer Fälle, der Identifikation von neu auftretenden Hantavirenarten bzw. Reservoirtieren (z.B. Maulwürfe [48]) und prinzipieller Trends. Bei zukünftigen Risikoanalysen sollten neben klimaspezifischen, geografischen und ökologischen Variablen auch sozioökonomische Variablen und Variablen zur Landnutzung [5] integriert und in der Analyse berücksichtigt werden, da sie wie bereits im vorherigen Kapitel dargelegt starke Auswirkungen auf Erkrankungsfälle haben können. Ebenso ist zu beachten, dass Ergebnisse aus Hanta-Studien anderer Länder nicht ohne Weiteres auf Bayern zu übertragen sind, da hier aufgrund unterschiedlicher Grundvoraussetzungen Verzerrungen entstehen können [5]. Als mögliche Störgrößen in der Auswertung von Inzidenzen bei gegebener Meldepflicht sind eine erhöhte Aufmerksamkeit von Seiten der diagnostizierenden und meldenden Ärzten zu beachten sowie unplausible oder inkorrekte Angaben in den Meldungen selbst. Es sollte daher vor den Analysen als Qualitätssicherung vor allem die Angabe des Infektionsortes und Infektionszeitpunkts auf Plausibilität geprüft werden. Forschungen zu Therapie und Präventionsmöglichkeiten durch Vakzine wären wünschenswert (s. Tabelle 1, S.35).

5.3 Leishmaniose

Neben aus anderen Endemiegebieten importierten Erkrankungen kann eine Etablierung von humaner Leishmaniose in Bayern im Rahmen des Klimawandels als prinzipiell möglich angesehen werden, wenngleich eine Etablierung in den nächsten Jahrzehnten nördlich von Italien als nicht wahrscheinlich eingeschätzt wird [5] [53].

Zentrales Ziel ist das rechtzeitige Erkennen von in Deutschland neu auftretenden Vektoren, infizierten Reservoirtieren und humanen Fällen, um ggf. unmittelbar Kontrollinterventionen einleiten zu können. Hierzu ist ein Surveillance- und Frühwarnsystem insbesondere in den modellierten Risikogebieten sowie entlang der Handels- und Reiserouten zu empfehlen. Die Surveillance sollte dabei langfristig und interdisziplinär geplant und optimaler Weise an weitere Variablen gekoppelt werden. Neben klima- und biogeografischen Daten zu Vektor, Erreger, Host und humanen Erkrankungsfällen sind mögliche Confounder wie landwirtschaftliche Nutzung und soziodemografische Variablen in die Analyse zu integrieren. Damit könnten langfristige Trends und Zusammenhänge erkannt und somit weitere Grundlagenforschung durchgeführt werden.

Unter Ärzten sollte eine Sensibilisierung für mögliche neu auftretende Krankheitsbilder zur Verbesserung der Diagnosestellung und für eine frühzeitige Therapie gefördert werden. Insbesondere sollten auch dermatologische Abteilungen über die Gefahr von neu auftretenden Leishmaniose-Erkrankungen aufgeklärt werden.

Als zentrale Präventionmaßnahme zur Verhinderung weiterer Reservoirs und somit weiterem Einschleppen von Leishmanien in den süddeutschen Raum sollte der unkontrollierte Import von potentiell infizierten Hunden verhindert werden [65]. Die Aufklärung von Hundebesitzern sollte hierbei parallel durchgeführt werden. Möglicherweise könnte auch eine präventive Impfung mit bereits existierenden Impfstoffen für Hunde effektiver als die retrospektive Therapie von infizierten Hunden sein [71] [72].

Im Falle einer stattfindenden Etablierung von Mücken und Erregern in Bayern wäre durch gezielte Aufklärung der Selbstschutz der Bevölkerung zu fördern (s. Tabelle 1)

Tabelle 1 Handlungsoptionen und Inzidenzen für Lyme-Borreliose, Hantavirusinfektionen und Leishmaniose

Handlungsoptionen	Lyme-Borreliose	Hanta	Leishmaniose
Surveillance	v.a. von Zecken, Reservoirtieren, Wirten und Menschen bzgl. Borreliose-Infektion	v.a. von Reservoirtieren und Menschen bzgl. Hantavirus-Infektion sowie Erregertypen, v.a. in bekannten Risikogebieten	v.a. von Sandmücken, Reservoirtieren und Menschen bzgl. Leishmanien-Infektion
Frühwarnsysteme	v.a. in bekannten Risikogebieten	v.a. in bekannten Risikogebieten	v.a. in den modellierten Risikogebieten sowie Reise- und Handelsrouten
Vektorkontrolle	evtl. in stark bevölkerten Risikogebieten	-	v.a. im Rahmen von akuten Clustern
Reservoirkontrolle	evtl. in stark bevölkerten Risikogebieten, Städten, Stadtparks	V.a. im häuslichen Umfeld in bekannten Risikogebieten	v.a. Verhinderung des Imports von Leishmaniose-infizierten Hunden nach Deutschland, ggf. Therapie infizierter Reservoirtiere
Weitere Forschung zur Infektionskette, zum Einfluss des Klimawandels, zu Impfungen und Therapie	Langfristig und interdisziplinär		
Aufklärung zum Selbstschutz	v.a. in bekannten stark bevölkerten Risikogebieten	v.a. in bekannten Risikogebieten und bei Risikopopulationen	ggf. bei Etablierung von Sandmücken und Leishmaniose in Bayern
Derzeitige Inzidenz (=Neuerkrankungen pro 100.000 Einwohner und Jahr) in Deutschland	26 (Neue Bundesländer, Jahr 2010) [77]	0,64 (Jahre 2001 bis 2011 nach Meldepflicht) [78]	0 (keine Meldepflicht)
Derzeitige Inzidenz in europäischen Hochrisikogebieten	243 (Slowenien im Jahr 2010) [77]	31 (Finnland, Jahre 1995-2008) [79] [80]	0,02 bis 0,49 (Südeuropa) [81]

Hinweis: Es ist zu beachten, dass ein direkter Vergleich der Inzidenzen zwischen den Ländern aufgrund unterschiedlicher Grundvoraussetzungen (z.B. Art der Meldepflicht, Art der Surveillance (z.B. unterschiedliche Falldefinitionen), Unterschiede in der medizinischen Versorgung, soziale Kriterien) nur eingeschränkt möglich ist.

5.4 Handlungsempfehlungen

Mit Blick auf die Ausbreitung oder mögliche Etablierung neuer Vektor-übertragener Infektionskrankheiten muss grundlegendes Ziel und wichtigster Ansatz aller Maßnahmen die Unterbrechung der Infektionskette bzw. Verlangsamung des Infektionsgeschehens sein, sowie eine Vorbereitung auf mögliche Szenarien. Es wird unter Experten auch von der Herausforderung zur „Preparedness in the face of scientific uncertainty“ [73] gesprochen. Zur Priorisierung der verschiedenen Handlungsoptionen sollten u.a. die Kriterien der Verhältnismäßigkeit (Ökonomie, Wirksamkeit, Ethik), Nachhaltigkeit (Wirkung, Finanzierung, Akzeptanz) und Umsetzbarkeit (Kompetenzen, Kapazitäten, kulturelle Passung) beachtet werden.

Klimaschutz

Als Primärprävention gegen klimawandelassoziierte Folgen muss nach wie vor die Minderung der Treibhausgasemission in Bayern zur Vermeidung eines anthropogen getriggerten Klimawandels gesehen werden. Die diesbezüglichen Handlungsoptionen sind nicht Gegenstand dieses Berichts.

Surveillance und Frühwarnsysteme

Um Bedrohungen und Risiken rechtzeitig erkennen zu können, ist eine valide und ausreichend sensitive Surveillance unumgänglich. Optimal wäre eine an europäische Standards gekoppelte langfristige Surveillance, die mehrere Variablen gleichzeitig überwacht, um so neben akuten Bedrohungen und Krankheitshäufungen auch Langzeittrends und Assoziationen zwischen einzelnen Variablen erkennen zu können [74]. Frühwarnsysteme sollten insbesondere in Risikogebieten sowie stark bevölkerten Regionen angesiedelt sein, d.h. für Lyme-Borreliose und Hantavirus in bekannten Endemiegebieten, für Leishmaniose auch in der Umgebung von Flughäfen und Seehäfen [16].

Falls neue Cluster entdeckt werden, sollte umgehend überprüft werden, ob sich die jeweiligen Erreger, Vektoren und Hosts langfristig in dieser Region etablieren könnten und ggf. eine weitere Ausbreitung sofort bekämpft werden [16].

Im Fall der Einführung von Meldepflichten oder Sentinels sollte bereits im Vorfeld auf eine europäische Vergleichbarkeit der Falldefinitionen geachtet werden.

Für die Surveillance ist es weiter von großer Wichtigkeit, dass erste Fälle schnell erkannt werden, d.h. dass bereits auf Ebene der behandelnden Ärzte Diagnosen schnell und sicher gestellt werden und an die zuständigen Behörden weiter gemeldet werden. Vor allem bei

seltenen Erkrankungen wie z.B. Leishmaniose bedarf es hierbei der Aufklärung und Schulung der diagnostizierenden Mediziner.

Wichtig in Bezug auf das frühzeitige Erkennen neuer Erreger oder Krankheiten sind darüberhinaus Labore als wertvolle Partner im Rahmen der Forschung.

Um im Krisenfall schnell reagieren zu können, bedarf es ausreichender personeller Kapazitäten auf Ebene der Infektionskontrolle. Hierfür ist auf eine hohe Qualifikation, auf ausreichende personelle Ressourcen und auf moderne Informationstechnologien im Öffentlichen Gesundheitsdienst zu achten.

Forschung

Um exaktere Prognosen zu zukünftigen Risiken von Vektor-übertragenen Krankheiten modellieren zu können, bedarf es dem Verständnis der detaillierten Zusammenhänge der Infektionswege sowie Interaktionen mit Klimavariablen. Derzeit sind diese Daten für Bayern nur lückenhaft vorhanden und reichen im Moment für eine valide quantitative Risikomodellierung in Bayern nur bedingt aus. Auch im Bereich der Diagnostik, Therapie, Impfungen sowie Überprüfung wirksamer Vektor- bzw. Hostkontrollmaßnahmen sind Forschungsanstrengungen nötig.

Für die Grundlagenforschung ist es wichtig, standardisierte und a priori interdisziplinär abgestimmte Datenbanken zu erstellen, um langfristige Trends effektiv und valide abschätzen zu können [5, 75]. Trendanalysen im Kontext eines Klimawandels sollten über einen sehr langen Zeitraum angelegt sein, d.h. über mehrere Jahrzehnte. Bei Berechnungen von Risikogebieten und Risikopopulationen sollten neben ökologischen und Klimadaten auch sozioökonomische Variablen und Daten zu Reisetätigkeiten und Handel integriert werden. Auch die Faktoren Landnutzung, Vegetation und Landbeschaffenheit sollten mit in die Analyse einfließen. Nach statistischer und klimageografischer Identifikation von Risikogebieten sollten die Erwartungen durch Feldstudien validiert werden. Weiter sollten Ergebnisse bereits durchgeführter Interventionen und Präventionsmaßnahmen durch Studien evaluiert werden [76].

Vektor- und Host-Kontrollen

Um die Infektionskette durchbrechen zu können, müssen die Kontaktraten zwischen den beteiligten Infektionspartnern effektiv vermindert werden. Dies ist sowohl im Sinne der Verhältnisprävention möglich (aktive Vektor- /Hostkontrolle) als auch durch Verhaltensprävention über Aufklärung der Menschen zum Selbstschutz.

Prinzipiell stehen zur Bekämpfung von Vektoren und Hosts chemische und natürliche Möglichkeiten zur Verfügung. Es muss betont werden, dass Nebenwirkungen derartiger Eingriffe in die Umwelt nicht genau abgeschätzt werden können und somit die Verhältnismäßigkeit in jedem Fall geprüft werden muss. Bei akuten endemischen Clustern oder Neuauftreten von Krankheiten kann auf lokaler Ebene eine solche Intervention aber langfristig zum Schutz der Bevölkerung sinnvoll sein.

Kommunikation und Aufklärung

Kommunikation und Aufklärung stellen einen wesentlichen Anteil des Risikomanagements dar. Neben einer bilateralen Kommunikation zwischen Forschung und Politik ist auch eine transparente Information über bestehende Risiken im Kontext des Klimawandels gegenüber der Bevölkerung zu leisten. Insbesondere deshalb, weil Aufklärung zum Selbstschutz durch Verhaltensprävention im Sinne der Eigenverantwortung als eine der wichtigsten und effektivsten Möglichkeiten zur Verhinderung humaner Erkrankungen gilt.

6 Anhang

Conflict of interests

Die Autorinnen und Autoren erklären, dass kein Interessenskonflikt bezüglich des vorliegenden Berichts besteht.

Acknowledgements/ Danksagung

Die Autorinnen und Autoren danken den Kolleginnen und Kollegen aus den anderen VICCI-Einzelprojekten für die hilfreichen Inputs zu speziellen Fachfragen.

7 Abbildungs- und Tabellenverzeichnis

Abbildungen

Abbildung 1	Globale IPCC-Klimaszenarien von 2000 bis 2100	6
Abbildung 2	SIR-Modell bei Mensch-zu-Mensch-Übertragungen	9
Abbildung 3	Basisreproduktionszahl R_0 bei Mensch-zu-Mensch-Übertragungen	9
Abbildung 4	Ross-Macdonald Modell für Zecken-übertragene Infektionskrankheiten ...	14
Abbildung 5	Hantameldungen nach Infektionsschutzgesetz in Bayern nach Monat, 2001 bis 2011	20
Abbildung 6	Geografische Verteilung aller Hantafälle in Bayern nach Wohnort des Erkrankten, 2010.....	21
Abbildung 7	Hantainzidenz nach Alter und Geschlecht, Bayern, 2010	22
Abbildung 8	SIR-Modell für Hantainfektionen	23
Abbildung 9	Geografische Verteilung der Viszeralen Leishmaniose weltweit.....	25
Abbildung 10	SIR-Modell für Leishmaniose.....	27
Abbildung 11	Bioklimatische Eignung für eine zukünftige Etablierung von 5 Arten von Sandmücken im Rahmen des Klimawandels für Klimaszenario A1B in Mitteleuropa	29

Tabellen

Tabelle 1	Handlungsoptionen für Lyme-Borreliose, Hantavirusinfektionen und Leishmaniose	35
-----------	--	----

8 Literaturverzeichnis

- [1] IPCC. IPCC Fourth Assessment Report: Climate Change 2007, Synthesis report. 2007. http://www.ipcc.ch/publications_and_data/ar4/syr/en/spms3.html#table-spm-1; 17.10.2011.
- [2] Deutsche Bundesregierung. Kabinettsbericht: Deutsche Anpassungsstrategie an den Klimawandel. 2008.
- [3] Deutsche Bundesregierung, Aktionsplan Anpassung der Deutschen Anpassungsstrategie an den Klimawandel. 2011.
- [4] ECDC. Climate change and communicable diseases in the EU Member States, Handbook for national vulnerability, impact and adaptation assessments. 2010.
- [5] EDEN-Konferenz: Emerging vector-borne diseases in a changing environment. 2010. Montpellier, Frankreich.
- [6] ESCAIDE-Konferenz: European Scientific Conference on Applied Infectious Disease Epidemiology. 2010. Lissabon, Portugal.
- [7] IMED-Konferenz: International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance. 2010. Wien, Österreich.
- [8] Universität Bielefeld. Fakultätskolloquium Klimawandel und Gesundheit: Ursachen und Folgen, regionale, nationale und internationale Anpassungsstrategien. 2011. Bielefeld, Deutschland.
- [9] APUG-Tagung: Aktionsprogramm Umwelt und Gesundheit. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit. 2010. Bonn, Deutschland.
- [10] Nationale Forschungsplattform für Zoonosen. Fachtagung. 2010. <http://www.zoonosen.net/SymposienundWorkshops/Veranstaltungsr%C3%BCckblick2010/ElektronischesMeldewesen/Pr%C3%A4sentationenzumMeldewesenworkshop.aspx>; 17.10.2010. Berlin, Deutschland.
- [11] Lambin EF, Tran A, Vanwambeke SO, Linard C, Soti V. Pathogenic landscapes: interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts. *International journal of health geographics*. 2010;9:54.
- [12] Weiss RA, McMichael AJ. Social and environmental risk factors in the emergence of infectious diseases. *Nature medicine*. 2004 Dec;10(12 Suppl):S70-6.
- [13] McMichael AJ, Woodruff RE, Hales S. Climate change and human health: present and future risks. *Lancet*. 2006 Mar 11;367(9513):859-69.
- [14] Semenza JC, Menne B. Climate change and infectious diseases in Europe. *The Lancet infectious diseases*. 2009 Jun;9(6):365-75.
- [15] Lafferty KD. The ecology of climate change and infectious diseases. *Ecology*. 2009 Apr;90(4):888-900.
- [16] Gage KL, Burkot TR, Eisen RJ, Hayes EB. Climate and vectorborne diseases. *American journal of preventive medicine*. 2008 Nov;35(5):436-50.
- [17] Gubler DJ, Reiter P, Ebi KL, Yap W, Nasci R, Patz JA. Climate variability and change in the United States: potential impacts on vector- and rodent-borne diseases. *Environmental health perspectives*. 2001 May;109 Suppl 2:223-33.
- [18] Hartemink N. Vector-borne diseases: the basic reproduction number R0 and risk maps. Utrecht 2009.
- [19] Umweltbundesamt. Klimawandel kann zur Verbreitung von Krankheitsüberträgern führen. Presseinformation Nr.67/2007. 2007; <http://www.umweltbundesamt.de/uba-info-presse/2007/pdf/pd07-067.pdf>; 08.08.2011.

- [20] Department of Health United Kingdom. Health Effects of Climate Change in the UK. 2008.
- [21] Reiter P. West Nile virus in Europe: understanding the present to gauge the future. *Euro Surveill.* 2010 Mar 11;15(10):19508.
- [22] EDEN-Projekt. Emerging Diseases in a changing European Environment. 2004. <http://www.eden-fp6project.net/>; 22.12.2011.
- [23] EDENnext. EDENnext-Projekt. <http://www.edenext.eu/>; 10.01.2012
- [24] Hartemink N, Vanwambeke SO, Heesterbeek H, Rogers D, Morley D, Pesson B, et al. Integrated mapping of establishment risk for emerging vector-borne infections: a case study of canine leishmaniasis in southwest france. *PloS one.* 2011;6(8):e20817.
- [25] Schlipkötter U, Wildner M. *Lehrbuch Infektionsepidemiologie*: Huber Verlag 2006.
- [26] Holy M, Schmidt G, Schroder W. Potential malaria outbreak in Germany due to climate warming: risk modelling based on temperature measurements and regional climate models. *Environmental science and pollution research international.* Mar;18(3):428-35.
- [27] Rogers DJ, Randolph SE. Climate change and vector-borne diseases. *Advances in parasitology.* 2006;62:345-81.
- [28] Gale P, Drew T, Phipps LP, David G, Wooldridge M. The effect of climate change on the occurrence and prevalence of livestock diseases in Great Britain: a review. *Journal of applied microbiology.* 2009 May;106(5):1409-23.
- [29] ECDC. Expert consultation on tick-borne diseases with emphasis on Lyme borreliosis and tick-borne encephalitis. Meeting report 2011.
- [30] Gray J.S., Dautel H, Estrada-Peña A, Kahl O, Lindgren E. Effects of Climate Change on Ticks and Tick-Borne Diseases in Europe. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases.* 2009; Article ID 593232.
- [31] Lindgren E, Jaensen T. Lyme Borreliosis in Europe: Influences of climate and climate change, epidemiology, ecology and adaptation measures. WHO, Europe. 2006. http://www.euro.who.int/__data/assets/pdf_file/0006/96819/E89522.pdf; 05.07.2011
- [32] Hellenbrand W, Poggensee G. Borreliose und FSME im Gepäck. *Berliner Ärzte.* 2007;5/2007.
- [33] Huegli D, Moret J, Rais O, Moosmann Y, Erard P, Malinverni R, et al. Prospective study on the incidence of infection by *Borrelia burgdorferi sensu lato* after a tick bite in a highly endemic area of Switzerland. *Ticks and tick-borne diseases.* 2011 Sep;2(3):129-36.
- [34] Schroder W, Schmidt G. Spatial modelling of the potential temperature-dependent transmission of vector-associated diseases in the face of climate change: main results and recommendations from a pilot study in Lower Saxony (Germany). *Parasitology research.* 2008 Dec;103 Suppl 1:S55-63.
- [35] Hartemink NA, Randolph SE, Davis SA, Heesterbeek JA. The basic reproduction number for complex disease systems: defining $R(0)$ for tick-borne infections. *The American naturalist.* 2008 Jun;171(6):743-54.
- [36] Diekmann O, Heesterbeek JA, Metz JA. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of mathematical biology.* 1990;28(4):365-82.
- [37] Gilbert L. Altitudinal patterns of tick and host abundance: a potential role for climate change in regulating tick-borne diseases? *Oecologia.* Jan;162(1):217-25.
- [38] Guerra M, Walker E, Jones C, Paskewitz S, Cortinas MR, Stancil A, et al. Predicting the risk of Lyme disease: habitat suitability for *Ixodes scapularis* in the north central United States. *Emerging infectious diseases.* 2002 Mar;8(3):289-97.

- [39] Hubalek Z, Halouzka J, Juricova Z, Sikutova S, Rudolf I. Effect of forest clearing on the abundance of *Ixodes ricinus* ticks and the prevalence of *Borrelia burgdorferi* s.l. *Medical and veterinary entomology*. 2006 Jun;20(2):166-72.
- [40] Randolph SE. The shifting landscape of tick-borne zoonoses: tick-borne encephalitis and Lyme borreliosis in Europe. *Philosophical transactions of the Royal Society of London*. 2001 Jul 29;356(1411):1045-56.
- [41] Randolph SE. Dynamics of tick-borne disease systems: minor role of recent climate change. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*. 2008 Aug;27(2):367-81.
- [42] Ogden NH, St-Onge L, Barker IK, Brazeau S, Bigras-Poulin M, Charron DF, et al. Risk maps for range expansion of the Lyme disease vector, *Ixodes scapularis*, in Canada now and with climate change. *International journal of health geographics*. 2008;7:24.
- [43] Kipp S, Goedecke A, Dorn W, Wilske B, Fingerle V. Role of birds in Thuringia, Germany, in the natural cycle of *Borrelia burgdorferi sensu lato*, the Lyme disease spirochaete. *Int J Med Microbiol*. 2006 May;296 Suppl 40:125-8.
- [44] Ebi KL, Mills DM, Smith JB, Grambsch A. Climate change and human health impacts in the United States: an update on the results of the U.S. national assessment. *Environmental health perspectives*. 2006 Sep;114(9):1318-24.
- [45] Godfrey ER, Randolph SE. Economic downturn results in tick-borne disease upsurge. *Parasites & vectors*. 2011;4:35.
- [46] Sumilo D, Bormane A, Asokliene L, Vasilenko V, Golovljova I, Avsic-Zupanc T, et al. Socio-economic factors in the differential upsurge of tick-borne encephalitis in Central and Eastern Europe. *Reviews in medical virology*. 2008 Mar-Apr;18(2):81-95.
- [47] Gray JS, Granstrom M, Cimmino M, Daniel M, Gettinby G, Kahl O, et al. Lyme borreliosis awareness. *Zentralbl Bakteriologie*. 1998 Mar;287(3):253-65.
- [48] Kruger DH, Schonrich G, Klempa B. Human pathogenic hantaviruses and prevention of infection. *Human vaccines*. 2011 Jun;7(6):685-93.
- [49] Heyman P, Ceianu CS, Christova I, Tordo N, Beersma M, Joao Alves M, et al. A five-year perspective on the situation of haemorrhagic fever with renal syndrome and status of the hantavirus reservoirs in Europe, 2005-2010. *Euro Surveill*. 2011;16(36).
- [50] Tersago K, Schreurs A, Linard C, Verhagen R, Van Dongen S, Leirs H. Population, environmental, and community effects on local bank vole (*Myodes glareolus*) Puumala virus infection in an area with low human incidence. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, NY)*. 2008 Apr;8(2):235-44.
- [51] Ulrich RG, Schmidt-Chanasit J, Schlegel M, Jacob J, Pelz HJ, Mertens M, et al. Network "Rodent-borne pathogens" in Germany: longitudinal studies on the geographical distribution and prevalence of hantavirus infections. *Parasitology research*. 2008 Dec;103 Suppl 1:S121-9.
- [52] Mertens M, Wolfel R, Ullrich K, Yoshimatsu K, Blumhardt J, Romer I, et al. Seroepidemiological study in a Puumala virus outbreak area in South-East Germany. *Medical microbiology and immunology*. 2009 May;198(2):83-91.
- [53] WHO. Control of the leishmaniasis; 2010. http://whqlibdoc.who.int/trs/WHO_TRS_949_eng.pdf. 30.09.2011.
- [54] WHO. Leishmaniasis. 2012. <http://www.who.int/leishmaniasis/en/>; 14.02.2012.
- [55] Bogdan C, Schonian G, Banuls AL, Hide M, Pratlong F, Lorenz E, et al. Visceral leishmaniasis in a German child who had never entered a known endemic area: case report and review of the literature. *Clin Infect Dis*. 2001 Jan 15;32(2):302-6.

- [56] Koehler K, Stechele M, Hetzel U, Domingo M, Schonian G, Zahner H, et al. Cutaneous leishmaniasis in a horse in southern Germany caused by *Leishmania infantum*. *Veterinary parasitology*. 2002 Oct 16;109(1-2):9-17.
- [57] Hulden L, Hulden L. The decline of malaria in Finland--the impact of the vector and social variables. *Malaria journal*. 2009;8:94.
- [58] Hay SI, Rogers DJ, Randolph SE, Stern DI, Cox J, Shanks GD, et al. Hot topic or hot air? Climate change and malaria resurgence in East African highlands. *Trends in parasitology*. 2002 Dec;18(12):530-4.
- [59] Naucke TJ, Menn B, Massberg D, Lorentz S. Sandflies and leishmaniasis in Germany. *Parasitology research*. 2008 Dec;103 Suppl 1:S65-8.
- [60] Fischer D, Moeller P, Thomas SM, Naucke TJ, Beierkuhnlein C. Combining climatic projections and dispersal ability: a method for estimating the responses of sandfly vector species to climate change. *PLoS neglected tropical diseases*. 2011 Nov;5(11):e1407.
- [61] Umweltmedizinischer Informationsdienst (Bundesamt für Strahlenschutz, BfR, Robert-Koch-Institut, Umweltbundesamt). Klimawandel und Gesundheit; UMID-Themenheft. 2009; p.21-23.
- [62] Fischer D TS. Temperature-derived potential for the establishment of phlebotomine sandflies and visceral leishmaniasis in Germany. *Geospatial Health* 5(1), 2010, pp 59-69. 2010.
- [63] Ready PD. Leishmaniasis emergence in Europe. *Euro Surveill*. 2010;15(10):19505.
- [64] Poletti P, Messeri G, Ajelli M, Vallorani R, Rizzo C, Merler S. Transmission potential of chikungunya virus and control measures: the case of Italy. *PloS one*. 2011;6(5):e18860.
- [65] Menn B, Lorentz S, Naucke TJ. Imported and travelling dogs as carriers of canine vector-borne pathogens in Germany. *Parasites & vectors*. 2010;3:34.
- [66] Chamaille L, Tran A, Meunier A, Bourdoiseau G, Ready P, Dedet JP. Environmental risk mapping of canine leishmaniasis in France. *Parasites & vectors*. 2010;3:31.
- [67] Chretien JP, Anyamba A, Bedno SA, Breiman RF, Sang R, Sergon K, et al. Drought-associated chikungunya emergence along coastal East Africa. *The American journal of tropical medicine and hygiene*. 2007 Mar;76(3):405-7.
- [68] Lindgren E, Talleklint L, Polfeldt T. Impact of climatic change on the northern latitude limit and population density of the disease-transmitting European tick *Ixodes ricinus*. *Environmental health perspectives*. 2000 Feb;108(2):119-23.
- [69] Jaenson TG, Lindgren E. The range of *Ixodes ricinus* and the risk of contracting Lyme borreliosis will increase northwards when the vegetation period becomes longer. *Ticks and tick-borne diseases*. Mar;2(1):44-9.
- [70] Randolph SE. Evidence that climate change has caused 'emergence' of tick-borne diseases in Europe? *Int J Med Microbiol*. 2004 Apr;293 Suppl 37:5-15.
- [71] Ready PD. Leishmaniasis emergence and climate change. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*. 2008 Aug;27(2):399-412.
- [72] Dye C. The logic of visceral leishmaniasis control. *The American journal of tropical medicine and hygiene*. 1996 Aug;55(2):125-30.
- [73] Frumkin H, Hess J, Luber G, Malilay J, McGeehin M. Climate change: the public health response. *American journal of public health*. 2008 Mar;98(3):435-45.
- [74] Angelini P, Tamba M, Finarelli AC, Bellini R, Albiéri A, Bonilauri P, et al. West Nile virus circulation in Emilia-Romagna, Italy: the integrated surveillance system 2009. *Euro Surveill*. 2010 Apr 22;15(16).

- [75] EDEN. Eden Projekt (Projekt Plan Annex 1: description of work months 37-54) 2004. http://www.eden-fp6project.net/media/pdf/eden_documents; 10.05.2011
- [76] Zhang Y, Bi P, Hiller JE. Climate change and the transmission of vector-borne diseases: a review. *Asia-Pacific journal of public health / Asia-Pacific Academic Consortium for Public Health*. 2008;20(1):64-76.
- [77] Klier C, Fingerle V, Sing A, O'Connell S, Liebl B, Wildner M, Smith R. Incidence of Lyme Borreliosis in Europe: Current Data. submitted, in revision. 2012.
- [78] Robert Koch Institut. *Survstat*. www3.rki.de/SurvStat/; 20.02.2012
- [79] European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). *Annual Epidemiological Report 2011*. 2011.
- [80] Makary P, Kanerva M, Ollgren J, Virtanen MJ, Vapalahti O, Lyytikainen O. Disease burden of Puumala virus infections, 1995-2008. *Epidemiology and infection*. Oct;138(10):1484-92.
- [81] Dujardin JC, Campino L, Canavate C, Dedet JP, Gradoni L, Soteriadou K, et al. Spread of vector-borne diseases and neglect of Leishmaniasis, Europe. *Emerging infectious diseases*. 2008 Jul;14(7):1013-8.