



Verbundprojekt "Klimawandel und Gesundheit"

Schlussbericht zum Forschungsvorhaben

Stechmückenübertragene arbovirale Krankheiten in Bayern



Schlussbericht

Version 3 vom 30.08.2021

Projektname: Stechmückenübertragene arbovirale Krankheiten in Bayern

Akronym: BayVirMos

Aktenzeichen: K3-8503-PN 18-19

Projektlaufzeit: 01.04.2018 – 28.02.2021

Projektleitung: Prof. Dr. Carl Beierkuhnlein und Dr. Stephanie Thomas

Lehrstuhl Biogeografie, Universität Bayreuth

Projektantragsteller: Prof. Dr. Carl Beierkuhnlein und Dr. Stephanie Thomas

Lehrstuhl Biogeografie, Universität Bayreuth

Inhaltsverzeichnis

1	Zusammenfassung			
2	Zielsetzu	ung und Hintergrund	1	
	2.1 Hin	tergrund	1	
	2.1.1	Arbovirale Stechmücken-übertragene Krankheiten	1	
	2.1.2	Stechmücken als Krankheitsüberträger	3	
	2.1.3	Einfluss des Klimawandels im Übertragungsprozess	4	
	2.2 Pro	ijektziele	4	
3	Durchge	führte Arbeiten / Meilensteine	4	
	3.1 Me	ilenstein 1: Habitate für kompetente Vektoren in Bayern	4	
	3.1.1	AP 1.1 Literaturarbeit zu Artverbreitungsdaten Vektoren in Europa	4	
	3.1.2	AP 1.2 Literaturarbeit zu ökologisch/biologischen Faktoren der Ausbreitung und Ansiedlung von Vektoren	7	
	3.1.3	AP 1.3 Recherche von geeigneten Umweltdaten für Bayern	7	
	3.1.4	AP 1.4 Datenaufbereitung, Variablenauswahl, Modellläufe, Optimierung	9	
	3.2 Me	ilenstein 2: Anwendung Klimamodelle	15	
	3.2.1	AP 2.1 Abstimmung geeigneter Klimamodellen und Szenarien mit dem LfU/LGL	15	
	3.2.2	AP 2.2 Datenaufbereitung	16	
	3.2.3	AP 2.3 Modellläufe zu verschiedenen Klimamodelle und Szenarien	16	
	3.2.4	AP 2.4 Aufzeigen der Gebiete mit den größten Unsicherheiten in den Projektione	n 19	
	3.2.5	AP 2.5 Aufzeigen der Gebiete mit den stärksten zu erwartenden Veränderungen Bezug auf die klimatische Eignung für die Ansiedlung der einzelnen Vektoren		
	3.3 Me	ilenstein 3: Epidemiologische Modelle	23	
	3.3.1	AP 3.1 Literaturarbeit zu ökologischen Faktoren während des Übertragungsproze der Pathogene (CHIKV, DENV, USUV, WNV)		
	3.3.2	AP 3.2 Literaturarbeit zu populationsbiologischen Faktoren von Vektoren (z.B. Mortalitätsraten), die den Übertragungsprozess beeinflussen	26	
	3.3.3	AP 3.3 Recherche von geeigneten Umweltdaten für Bayern, Datenaufbereitung	26	
	3.3.4	AP 3.4 Entwicklung der jeweiligen epidemiologischen Modelle	27	
	3.3.5	AP 3.5 Modellläufe, Optimierung	35	
	3.4 Me	ilenstein 4: Entwicklung der Internetplattform	36	
	3.4.1	AP 4.1 Abstimmung der Inhalte und Oberfläche mit den Stakeholdern	36	
	3.4.2	AP 4.2 Aufsetzen der Hardware	37	
	3.4.3	AP 4.3 Aufsetzen und Sichern des Webservers inkl. Backup	37	
	3.4.4	AP 4.4 Entwicklung Prototyp des Portals	38	

	3.4	.5	AP 4.5 Einbindung der epidemiologischen Modelle	38
	3.4	.6	AP 4.6 Konzept zum weiteren Betrieb der Plattform nach Ende des Projektes	40
	3.5	Me	ilenstein 5: Testlauf Internetplattform	40
	3.5	.1	AP 5.1 Eingeschränkter Testkreis in Abstimmung mit Projektträger	40
	3.5	.2	AP 5.2 Einarbeitung der Ergebnisse	40
	3.5	.3	AP 5.3 Erweiterter Testkreis in Abstimmung mit Projektträger	40
	3.5	.4	AP 5.4 Einarbeitung der Ergebnisse	40
	3.5	.5	AP 5.5 Anpassung des Konzeptes zum weiteren Betrieb der Plattform nach Ende of Projektes	
	3.6	Me	ilenstein 6: Abschlussbericht	41
	3.6	.1	AP 6.1 Aufbereitung von Abbildungen für den Bericht	41
	3.6	.2	AP 6.2 Ausarbeitung einer Powerpoint-Präsentation und eines Posters	41
	3.6	.3	AP 6.3 Erstellung des Schlussberichtes (max. 50 Seiten, barrierearm)	41
	3.6	.4	AP 6.4 Erstellung des Projektsteckbriefes (2 Seiten, vorgezogen)	41
	3.6	.5	AP 6.5 Kurzevaluation	41
	3.6	.6	AP 6.6 Proaktive hochaufgelöste Information Gesundheitswesen & praktizierende Ärzte	
4	Dar	stellu	ung des Nutzens im Rahmen der Bayerischen Klimaanpassungsstrategie	42
5	Aus	blick	und weiterer Forschungsbedarf	44
6	Glo	ssar.		47
7	Lite	eratur	verzeichnis	47
8	Anl	agen		53
	8.1	Zus	ätzliche Abbildungen	53
	8.2	Ent	wicklung des Epidemiologischen Modells für West-Nil-Fieber	55
	8.2	.1	Hintergrund	55
	8.2	.2	Konstruktion des Modells	56
	8.3	Pub	likationen	63
	8.4	Kor	nferenzbeiträge	64
	8.5	Öff	entlichkeitsarbeit und Einbindung von Stakeholdern	65
	8.5	.1	Informationsflyer zur Einbindung von Stakeholdern	66
	8.5	.2	Zusammenstellung Ärzte in Bayern	67
	8.6	Kor	nzept zum weiteren Betrieb der Plattform nach Ende des Projektes	68

1 Zusammenfassung

Ziel dieses Projekts ist eine differenzierte Ermittlung von potenziellen räumlichen und zeitlichen Risiken zur Übertragung der oben stechmücken-übertragenen viralen Krankheiten in Bayern. Auf der Grundlage einer umfassenden Datenrecherche wurden in diesem Projekt verschiedene Modellierungsansätze umgesetzt, sowohl für bekannte Vektoren als auch für die Übertragungswahrscheinlichkeit von Pathogenen. Um ein möglichst umfassendes Bild zu erlangen, wurden verschiedene Algorithmen genutzt. Arbovirale Krankheiten sind global von wachsender Bedeutung und führen in Zeiten des Klimawandels zu einer zunehmenden Gefährdung. Sie werden als Reisekrankheiten zunehmend nach Bayern eingetragen. Außerdem stehen nur begrenzte medizinische Therapien zur Verfügung und Impfstoffe befinden sich lediglich für einige dieser Viruserkrankungen in Vorbereitung. Ein Vorteil im Hinblick auf die Risikobewertung ist die enge Bindung dieser Krankheiten an ektotherme Insekten (hier: Stechmücken) als Vektoren. Auch wenn sich einige Vektoren derzeit in Europa invasiv ausbreiten, so können wir doch deren Temperaturansprüche gut ermitteln und so die Auftretenswahrscheinlichkeit kompetenter Vektoren, wie beispielsweise der Asiatischen Tigermücke, sehr gut modellieren. Wir zeigen mit unseren biogeographischen Modellierungen die aktuelle und unter Klimawandelbedingungen zukünftig potenzielle Verbreitung dieser Arten auf.. Darüber hinaus befassen wir uns mit den thermischen Bedingungen, welche erfüllt sein müssen, um ein vom Insekt aufgenommenes Pathogen erfolgreich auf einen anderen Menschen zu übertragen. Eine Herausforderung im Hinblick auf die Wahrnehmung solcher Entwicklungen ist generell die Tatsache, dass die hier betrachteten Krankheiten bisher in Mitteleuropa entweder gar nicht oder nur als Reisekrankheiten oder über Zugvögel eingetragene Krankheiten eine vergleichsweise untergeordnete Rolle spielten. Es ist daher nicht zu erwarten, dass mit einem infizierten Patienten konfrontiertes medizinisches Personal umgehend eine passende Diagnose stellen würde. Wir wollen die Sensibilität im Hinblick auf möglicherweise in der nahen Zukunft vorkommende autochthone Übertragungen solcher arboviraler Pathogene erhöhen. Wir stellen hierzu ein praxisorientiertes digitales Werkzeug welches unter Berücksichtigung eines aktuellen Witterungsverlaufs Wahrscheinlichkeit für das Vorliegen bestimmter, bisher lokal nicht auftretender Viruserkrankungen ermittelt. Allgemeinärzte oder Mitarbeiter in Kliniken können auf diese Weise umgehend Hinweise auf mögliche Krankheiten erhalten, welche bisher in Deutschland klinisch irrelevant waren.

2 Zielsetzung und Hintergrund

2.1 Hintergrund

2.1.1 Arbovirale Stechmücken-übertragene Krankheiten

Als Arboviren (kurz von englisch "arthropod-borne") bezeichnet man Viren, die zwischen ihren Wirten (meist Wirbeltieren) in erster Linie von Gliederfüßern (Arthropoda) übertragen werden. Gehören die Überträger ("Vektoren") zu den Stechmücken (Culicidae), spricht man bei den von ihnen ausgelösten Infektionen auch von Stechmücken-übertragenen Krankheiten. Im Projekt BayVirMos wurden solche modelliert, die bereits in Europa auftreten, in Deutschland aber bisher nicht oder nur sporadisch diagnostiziert wurden. Dazu zählen das in Deutschland

erstmals 2018 mit humanen Fällen auftretende West-Nil-Fieber und die in Europa bisher nur im Mittelmeerraum autochthon (also vor Ort) übertragenen Denguefieber und Chikungunyavirus-Erkrankung. Das ebenfalls betrachtete Usutu-Virus ist in erster Linie als Ursache von regionalem Vogelsterben (v.a. Amseln) bekannt, kann aber auch auf den Menschen übertragen werden (Gaibani 2017).

Chikungunyavirus-Erkrankung

Die Chikungunyavirus-Erkrankung verursacht fieberähnliche Symptome, vor allem aber starke und zum Teil langanhaltende Gelenkschmerzen (Schwartz 2010). Sie wird durch das Chikungunya-Virus (CHIKV, Togaviridae) verursacht, das sich innerhalb der letzten zwei Jahrzehnte weltweit stark ausgebreitet hat. Neben räumlich begrenzten lokalen Ausbrüchen treten nun große und langanhaltende Epidemien auf (CDC 2019). In Europa wurde 2007 der erste lokale Ausbrüch von Chikungunya in Italien mit etwa 330 Fällen gemeldet (Rezza 2007). Seither sind wiederholt lokale Ausbrüche in Frankreich und in Italien erfolgt (ECDC 2017).

Denguefieber

Das durch das Denguevirus (DENV, Flaviviridae) ausgelöste Denguefieber ist eine der bedeutsamsten globalen Krankheiten. Jährlich sind 100 bis 400 Millionen Menschen in mindestens 128 Ländern von Dengue betroffen, darunter in vielen Ländern, die einst als frei von Dengue galten (Brady 2020). Das Auftreten oder Wiederauftreten der Krankheit ist durch die zunehmende Ausbreitung kompetenter Vektoren wie die Asiatische Tigermücke (*Aedes albopictus*) oder der Gelbfiebermücke (*Aedes aegypti*) und zunehmende globale Reisetätigkeit zurückzuführen. Die Symptome sind grippeähnlich, charakterisiert durch plötzliches hohes Fieber, Hautausschläge, Glieder-, Gelenk- und Kopfschmerzen. Denguefieber kann in lebensbedrohliche Zustände übergehen, z.B. in das hämorrhagische Denguefieber (Simmons 2012). Mit Ausnahme des Ausbruches auf Madeira in den Jahren 2012-13 (Vektor: *Aedes aegypti*, 1080 bestätigte Fälle), traten in Europa autochthone, Dengue-Fälle in den letzten Jahren nur sporadisch in Kroatien, Frankreich, Spanien und Italien auf (ECDC 2020).

Usutu

Das von *Culex pipiens* übertragene Usutuvirus (USUV, Flaviviridae) hat einen Schwerpunkt in Vogelpopulationen. Im Verlauf der letzten Jahrzehnte kam es in Mitteleuropa (zuletzt 2016–2019 in Nordfrankreich, Belgien, den Niederlanden und Westdeutschland) immer wieder zu regionalen Ausbrüchen, welche mit einer hohen Sterblichkeit von heimischen Vögeln verbunden waren (Rijks 2016; Cadar 2017; Michel 2018). Da in größerem Umfang Vögel betroffen sind, die in Siedlungen häufig sind (z.B. Amseln) und bereits einige Fälle dokumentiert sind, in welchen eine Übertragung auf Menschen erfolgte (Clé 2019), stellt das Usutuvirus eine schwer einzuschätzende Gesundheitsgefährdung dar. Umfassende Kenntnisse zu Krankheitsverläufen fehlen. Die einzelnen nachgewiesenen Fälle lassen vermuten, dass zahlreiche Übertragungen auf Menschen bisher unerkannt geblieben sind.

West-Nil-Fieber

Das West-Nil-Fieber wird durch das West-Nil-Virus (WNV, Flaviviridae) verursacht. Das Virus zirkuliert zwischen Stechmücken und Vögeln. Bisher sind 949 verschiedene Vogelarten bekannt, die das West-Nil-Virus tragen können – das sind etwa 8,8 % aller Arten weltweit

(Tolsá 2018). Einige Stechmücken können neben Vögeln auch Säugetiere infizieren (Farajollahi 2011). Zwei Stechmückenarten hier in Deutschland von besonderer Bedeutung: *Cx. pipiens*, die Gemeine Hausmücke (Hubalek 2013), und *Ae. japonicus*, eine invasive Art. Mit über 2000 Fällen in der EU (humane Fälle und Pferde) allein im Jahr 2018 überstieg dieses Jahr die kumulierte Zahl der Fälle von 2011 bis 2017 (ECDC 2018). Untersuchungen gehen davon aus, dass die ungewöhnlich heiße Wetterperiode im Sommer 2018 die geografische Ausbreitung begünstigte (Ziegler 2019). Während eine Infektion in den meisten Fällen beim Menschen keine Symptome auslöst, kann sie in einzelnen Fällen zu Enzephalitis und bis zum Tod führen.

2.1.2 Stechmücken als Krankheitsüberträger

Aedes albopictus

Ae. albopictus, die Asiatische Tigermücke, stammt ursprünglich aus den Wäldern Südostasiens und hat sich in den letzten Jahrzehnten weltweit stark verbreitet. Die ursprünglich tropisch und subtropisch verbreitete Art überbrückt ungünstige Bedingungen im temperaten Winter durch eine Diapause der Eier (Kreß 2017). Tigermücken stechen bevorzugt Menschen, Haus- und Wildtiere, Reptilien, Vögel und Amphibien (ECDC 2016). Die Stechmücke kommt vor allem in urbanen und suburbanen Regionen vor. Dort findet sie ausreichend natürliche und künstliche Wasserbehältnisse für die Eiablage. Mit zwei Hauptaktivitätszeiten am frühen Morgen und am späten Nachmittag ist ein Schutz vor einem Biss über Bettnetze oder Fenstergitter nicht möglich. Die Art gilt als exophag (d.h., die meisten Stiche erfolgen außerhalb menschlicher Behausungen) (Delatte 2010). In Europa hat sie sich bereits an der Mittelmeerküste und auch in ganz Italien angesiedelt. Erste etablierte Population finden sich seit Kurzem auch in Baden-Württemberg und Thüringen (Jena) (Kuhlisch 2018). Die Stechmücke ist ein kompetenter Vektor für eine Vielzahl von Arboviren, darunter das Chikungunya- und Dengue-Virus.

Aedes japonicus

Ae. japonicus, die Asiatische Buschmücke, ist tag- und dämmerungsaktiv und bevorzugt Säugetiere für Blutmahlzeiten (Turell 2005). Ae. japonicus (Larven und Puppen) findet sich in städtischen Gebieten vor allem inbeschatteten Wasservorkommen (ECDC 2014). Die Stechmücke war ursprünglich in Ostasien verbreitet, heute ist sie in im Süden und Westen Deutschlands bereits häufig anzutreffen (Kampen 2020). Die überwinterungsfähigen Eier sind sehr widerstandsfähig gegen Frost und Austrocknung (Schaffner 2003). Die Stechmücke kommt als Überträger des West-Nil-Virus, Chikungunya- und Dengue-Virus in Betracht (Turell 2005, ECDC, 2014).

Culex pipiens

Die Gemeine Hausmücke *Cx. pipiens* zählt zu den in Deutschland am weitesten verbreiteten Stechmückenarten. Sie ist hervorragend an das hiesige Klima angepasst und teils sogar im Winter aktiv (Koenradt, 2019). *Cx. pipiens* ist in Deutschland der Hauptvektor für West-Nil- und Usutu-Virus.

2.1.3 Einfluss des Klimawandels im Übertragungsprozess

Die langfristigen Veränderungen der Temperaturen und der Niederschlagsverteilung, können die Ansiedlung und Ausbreitung von Stechmückenarten in Bayern fördern oder behindern. Klimatisch geeignete Regionen zur Vektoransiedlung können sich in höhere Breiten und größere Höhen verschieben. Umgekehrt kann das Überleben von Vektoren eingeschränkt sein, wo Temperaturschwellen über- oder unterschritten werden (Mordecai 2017). Die Zahl der Stechmücken, die Zahl der Generationen, und damit auch das Vektor-Wirt-Verhältnis und die Bissrate sind wichtige, temperaturabhängige Faktoren im Übertragungsprozess (Roiz 2010). Auch die Zeitspanne zwischen der Aufnahme des Virus durch einen Vektor und der Fähigkeit des Vektors, das Virus auf andere empfängliche Wirte zu übertragen, ist temperaturabhängig (Extrinsische Inkubationsperiode) (Tjaden 2013).

2.2 Projektziele

Ziel ist eine differenzierte Ermittlung von potenziellen räumlichen und zeitlichen Risiken zur Übertragung der oben genannten Krankheiten in Bayern. Für diese Krankheiten werden zeitlich und räumlich aufgelöste Risikokarten erstellt. Dies geschieht durch die Erarbeitung von zwei verschiedenen Modellansätzen: 1) Artverbreitungsmodelle für die jeweiligen Vektorarten basierend auf großräumigen, langfristigen Klimamodellen und 2) Epidemiologische Übertragungsmodelle basierend auf aktuellen Wettermodellen für Bayern. Die daraus gewonnenen Risikokarten werden in einer interaktiven Website dem interessierten Fachpublikum zur Verfügung gestellt. Dabei können kontinuierlich Anpassungen an tatsächlich erfolgende Veränderungen der Rahmenbedingungen vorgenommen werden.

3 Durchgeführte Arbeiten / Meilensteine

3.1 Meilenstein 1: Habitate für kompetente Vektoren in Bayern

Ziel dieses Meilensteins ist die Erstellung korrelativer Artverbreitungsmodelle für die drei Vektorarten Ae. albopictus, Ae. japonicus, und Cx. pipiens unter derzeitigen Klimabedingungen in Bayern ("Baseline"-Modelle).

3.1.1 AP 1.1 Literaturarbeit zu Artverbreitungsdaten Vektoren in Europa

Artverbreitungsdaten für die drei in Bayern betrachteten Krankheitsvektoren dienen als Eingangsdaten für die in AP 1.4 durchgeführten Artverbreitungsmodelle. Dazu wurden in einer intensiven Literaturrecherche Orte bekannter Vorkommen der jeweiligen Art in Form von geografischen Punktkoordinaten gesammelt. Als Quelle dafür dienten wissenschaftliche Fachpublikationen, einschlägige Online-Datenbanken, persönliche Kommunikation mit lokalen Behörden sowie lokale Tageszeitungen bzw. deren Onlineportale. Dabei wurden sämtliche Koordinatenangaben manuell mit den begleitenden Ortsangaben (sofern vorhanden) abgeglichen und etwaige Fehler korrigiert. Orte, an denen zwar Individuen gefunden, aber keine überwinternden Populationen nachgewiesen werden konnten, wurden verworfen. Der Datenbestand der Kommunalen Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Schnakenplage KABS e.V. insbesondere zu Ae. albopictus in Baden-Württemberg wurde angefragt, aber nicht zur Verfügung gestellt. Einzelne Hinweise zu Funden dort kamen aus dem Projekt ARBOKOM (LGA Stuttgart) und konnten in die Modellierung integriert werden.

Für Ae. albopictus wurden so weltweit ca. 8500 Vorkommen seit 1945 erhoben, von denen 8300 die Qualitätsprüfung bestanden (Abb. 3.1.1-1). Dabei wurde überprüft, ob 1) die angegebenen Koordinaten hinreichend präzise sind und mit anderweitig gemachten Anga

ben zum Fundort übereinstimmen, 2) es sich nicht um Duplikate bereits vorhandener Daten handelt, 3) von einer langfristigen Etablierung einer Population ausgegangen werden kann. Nach weiterer Reduktion in AP 1.4 wurden dann insgesamt 796 Vorkommen als Eingangsdaten für das finale Artverbreitungsmodell verwendet. Für *Ae. japonicus* wurden ca. 2000 Vorkommen seit 1956 recherchiert. Davon überstanden 1519 die Qualitätsprüfung; 282 wurden im finalen Artverbreitungsmodell verwendet. Für *Cx. pipiens* wurden weltweit ca. 5300 Vorkommen seit 1930 recherchiert. Davon überstanden 2916 die Qualitätsprüfung; 429 wurden im finalen Artverbreitungsmodell verwendet.

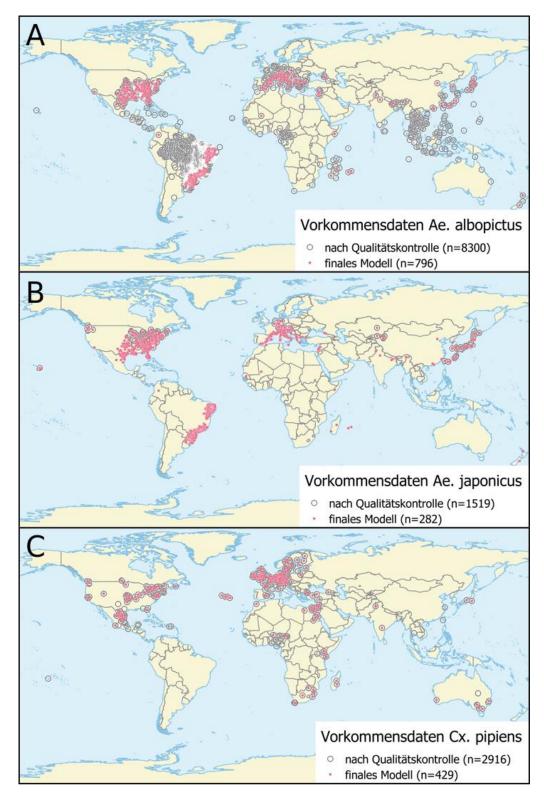


Abb. 3.1.1-1: Globales Vorkommen der betrachteten Mückenarten. A: Aedes albopictus, B: Aedes japonicus, C: Culex pipiens. Schwarze Kreise: gesäuberter Datensatz, rote Punkte: tatsächlich für die Modellierung verwendet nach Ausschluss tropischer Gebiete und Ausdünnung (vgl. AP1.4). Für eine Detailansicht Europas siehe Abb A1 im Anhang.

3.1.2 AP 1.2 Literaturarbeit zu ökologisch/biologischen Faktoren der Ausbreitung und Ansiedlung von Vektoren

Zur Ermittlung relevanter ökologisch-biologischer Faktoren für Vorkommen, Ausbreitung und Ansiedlung von Vektoren wurde eine umfassende Literaturrecherche durchgeführt. Besonderes Augenmerk wurde dabei auf den Faktor Temperatur gelegt, der weithin als primärer Treiber vektorübertragener Krankheiten gilt. Mittels der Suchbegriffe "Aedes", "Culex", "vector-borne diseases" und "temperature" oder "influence" in der Web-of-Science-Literaturdatenbank wurden 1025 potenziell relevante Studien identifiziert. Nach der Entfernung von Duplikaten und irrelevanten Treffern verblieben 54 wissenschaftliche Fachartikel für die weitere Analyse. Die als Review in "Emerging Topics in Life Science" veröffentlichte Studie (Andriamifidy 2019) zeigt, dass die Temperatur das Vorkommen von Mücken auf vielerlei Weise beeinflusst und damit zurecht als besonders bedeutsam betrachtet wird. Da alle Stechmücken für die Larvenstadien auf Oberflächengewässer angewiesen sind liegt es nahe, auch den Niederschlag als Faktor in Betracht zu ziehen. Die Mechanismen sind hier allerdings komplex: Einerseits können Niederschläge die für die hier betrachteten Arten notwendigen Kleinstgewässer in Baumhöhlen etc. schaffen. Andererseits können Starkregenereignisse aber auch bereits geschlüpfte Larven aus ihren Habitaten spülen (Koenraadt 2008; Ahmed 2017) oder ihnen nährstoffreiches Material entziehen (Dieng 2003). Ferner sind in anthropogen geprägten Gebieten zur Larvalentwicklung geeignete Mikrohabitate (z.B. Regentonnen, Blumenvasen, Pflanzenuntersetzer) oft unabhängig vom Niederschlagsregime vorhanden (Trewin 2013; Garzón 2014). Insbesondere für die stark an den Menschen gebundene Asiatische Tigermücke (Ae. albopictus) ist daher neben der Landbedeckung, der Anthropogenisierungsgrad ein potenzieller Indikator für das Vorhandensein geeigneter Habitate (vgl. Kraemer et al. 2015). Wind hat einen negativen Einfluss auf die Aktivität von Steckmücken, sodass in Gebieten mit höheren Windgeschwindigkeiten mit einer verringerten Reproduktion zu rechnen ist (Service, 1980).

3.1.3 AP 1.3 Recherche von geeigneten Umweltdaten für Bayern

Als Datengrundlage für die in AP 1.4 zu erstellenden Artverbreitungsmodelle werden Umweltdaten benötigt, die die in AP 1.3 ermittelten Faktoren darstellen und folgenden Kriterien entsprechen:

- Rasterdatenformat mit globaler Abdeckung. Mit Ausnahme von Cx. pipiens treten die betrachteten Arten in Bayern noch nicht regelmäßig auf. Informationen über die bevorzugten Klimabedingungen aus anderen Teilen der Welt sind daher unerlässlich, insbesondere auch in Hinblick auf die in Meilenstein 2 zu erstellenden Zukunftsprojektionen für verschiedene Klimawandelszenarien.
- 2. Angemessene räumliche Auflösung. Für Modelle, die auf globaler Skala erstellt werden, hat sich hier eine Rastergröße von 2,5 × 2,5' (Bogenminuten, entspricht in Bayern ca. 3 × 3 km) als guter Kompromiss aus Präzision und Rechenaufwand bewährt.
- 3. Verfügbarkeit von (bzw. Kompatibilität mit) Zukunftsprojektionen für aktuelle (hier: CMIP5) Klimawandelszenarien.

Der ehemalige Standard-Datensatz für Temperatur- und Niederschlagsdaten in der Artverbreitungsmodellierung, Worldclim 1.4 (https://www.worldclim.org), musste zur Projektlaufzeit als veraltet betrachtet werden. Der verbesserte Nachfolger Worldclim 2.0 war noch nicht vollständig verfügbar, insbesondere Zukunftsprojektionen für

Klimawandelszenarien fehlten. Als Alternative wurde daher CHELSA V1.2 (https://chelsaclimate.org; Karger et al. 2017; Karger et al. 2018) gewählt. CHELSA (räumliche Auflösung: 30×30 ", Referenzperiode: 1979–2013) ist ein Downscalingprodukt aus globalen Reanalysedaten und Globalen Klimamodellen ung beinhaltet den üblichen Satz aus bioklimatischen Variablen für die Artverbreitungsmodellierung (siehe auch Tabelle 3.1.4-1) und verspricht im Vergleich zu Worldclim verbesserte Datenqualität in Gebirgsregionen.

Da CHELSA keine Daten zur Windgeschwindigkeit beinhaltet, musste dafür dennoch auf Worldclim 2.0 (räumliche Auflösung: 2,5 x 2,5', Referenzperiode: 1970–2000) zurückgegriffen werden. Die dort verfügbaren langjährigen Monatsmittel wurden zu einem Jahresmittel aggregiert.

Der *Enhanced Vegetation Index* (EVI) wurde bereits von Kraemer et al. (2015) erfolgreich zur Artverbreitungsmodellierung von *Ae. albopictus* eingesetzt. EVI misst das Grün des Kronendaches und kann u. a. als Proxy für oberflächennahe Bodenfeuchte dienen. Für die Modellierung wurde hier der EVI des *Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer* (MODIS) an Bord des NASA-Satelliten Terra verwendet (MOD13A2 Version 6, räumliche Auflösung: 250 × 250 m). Da langjährige Mittel des EVI auf globaler Ebene nicht zur Verfügung standen, wurden diese unter Verwendung von Earth Engine (Gorelick et al. 2017) eigens aus den in 16-tägigen Intervallen für 2001–2015 vorliegenden Rohdaten berechnet und auf die für die Modellierung verwendete Rasterauflösung von 2,5 × 2,5' aggregiert.

Die Landnutzungs-Landbedeckungsdaten Verwendung von bzw. (siehe z.B. https://www.umweltbundesamt.de/themen/boden-landwirtschaft/flaechensparen-boedenlandschaften-erhalten/corine-land-cover-clc) in der Artverbreitungsmodellierung Stechmücken hat sich in der Vergangenheit aus mehreren Gründen als problematisch erwiesen: 1) Die Habitatbeschaffenheit ist insbesondere für die Larvalentwicklung von Bedeutung, allerdings können die benötigten Mikrohabitate (Baumhöhlen, Vasen und andere Kleinstgewässer) auf den für die Modellierung relevanten globalen Skalen nicht abgebildet werden. 2) Für domestizierte Stechmücken wie Ae. albopictus, die insbesondere in ländlichen und periurbanen Gebieten auftreten (vgl. Kraemer et al. 2015), ist der Urbanisierungsgrad ein besserer Indikator als die in globalen Landbedeckungsdaten übliche zusammenfassende Klassifizierung. 3) Kategorische Variablen wie die hier verwendeten Landnutzungsklassen bergen im Vergleich zu kontinuierlichen Daten ein sehr viel höheres Fehlerpotential, wenn z.B. ein nahe an der Grenze zwischen zwei Raster-Zellen gelegener Mückenfund durch Ungenauigkeit in der Ortsangabe der Landnutzungsklasse "Wald" anstelle von "Siedlung" zugeordnet wird. All dies deckt sich mit den Erfahrungen von Hertig (2019), die bei der Verbreitungsmodellierung von Anopheles-Arten in Europa wenig nützliche Information in Landbedeckungsdaten fand. Folglich wurden für die Artverbreitungsmodelle in BayVirMos keine solchen Daten verwendet.

Stattdessen wurde der *Global Human Influence Index* (HII, räumliche Auflösung: 30×30 ") (WCS & CIESIN, 2005) hinzugezogen. Der HII vereint Daten zu menschlicher Bevölkerungsdichte, Landnutzung und -bedeckung, Infrastruktur (bebaute Gebiete, nächtliche Beleuchtung) und Transportwegen (Küsten, Straßen, Eisenbahnen, schiffbare Flüsse) zu einem globalen Maß für menschlichen Einfluss auf die Umwelt.

3.1.4 AP 1.4 Datenaufbereitung, Variablenauswahl, Modellläufe, Optimierung

Um die Reproduzierbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten, wurden sämtliche Arbeitsschritte in R 3.6 (R Core Team 2019) implementiert. Die Modellierung selbst erfolgte in Maxent 3.3.3k (Phillips et al. 2006). Die folgende Darstellung der einzelnen Arbeitsschritte ist leicht vereinfacht: einige Schritte wurden nach Abschluss der folgenden Schritte mit den daraus hervorgegangenen Erkenntnissen erneut durchgeführt, um so iterativ zu einem immer präziseren Modell zu gelangen.

Variablenauswahl

Zunächst wurden Testdurchläufe mit allen der in AP 1.3 als mögliche Kandidaten identifizierten Umweltvariablen durchgeführt. Dabei wurden weitere Variablen verworfen (Tabelle 3.1.4-1: 1) Alle bioklimatischen Variablen mit Bezug auf das trockenste/feuchteste Quartal bzw. Monat sind für die globale Modellierung ungeeignet, da sie je nach Niederschlagsregime lokal unterschiedliche Bedeutung haben (z.B. Schneefall in winterfeuchten Gebieten gegenüber Regen in sommerfeuchten Gebieten). 2) Bio 2, Bio 3, Bio 4, und Bio 7 zeigten bei genauerer Betrachtung unerwartete Muster, die vermuten lassen, dass diese Variablen in CHELSA anders berechnet werden als sonst (z.B. bei Worldclim) üblich. Diese Variablen (die für die Verbreitungsmodellierung von Stechmückenarten erfahrungsgemäß ohnehin wenig geeignet sind) wurden entfernt, um Probleme bei den Zukunftsprojektionen (Meilenstein 2) zu vermeiden, da diese auf anderen, den üblichen Standards folgenden, Datenquellen beruhen sollten.

Tabelle 3.1.4-1: Übersicht über die zur Verwendung in den Artverbreitungsmodellen in Betracht gezogenen Umweltvariablen. Die in der Spalte "Verwendung" mit einem "+" markierten Variablen wurden für die finalen Modelle verwendet.

ID	Inhalt	Verwendung
Bio 1	Annual Mean Temperature	+
Bio 2	Mean Diurnal Range	-
Bio 3	Isothermality	-
Bio 4	Temperature Seasonality	-
Bio 5	Max Temperature of Warmest Month	+
Bio 6	Min Temperature of Coldest Month	+
Bio 7	Temperature Annual Range	-
Bio 8	Mean Temperature of Wettest Quarter	-
Bio 9	Mean Temperature of Driest Quarter	-
Bio 10	Mean Temperature of Warmest Quarter	+
Bio 11	Mean Temperature of Coldest Quarter	+
Bio 12	Annual Precipitation	-

Bio 13	Precipitation of Wettest Month	-
Bio 14	Precipitation of Driest Month	-
Bio 15	Precipitation Seasonality	-
Bio 16	Precipitation of Wettest Quarter	-
Bio 17	Precipitation of Driest Quarter	-
Bio 18	Precipitation of Warmest Quarter	-
Bio 19	Precipitation of Coldest Quarter	-
Wind	Annual Mean Wind Speed	+
EVI	Enhanced Vegetation Index	+
HII	Human Influence Index	-

3) Wie in Abschnitt 3.1.2 diskutiert, ist der Einfluss von Niederschlag auf die Verbreitung von Stechmücken komplex und schwierig zu fassen. So kam es nicht unerwartet, dass sich in den Testläufen herausstellte, dass der Verzicht auf Niederschlagsvariablen zu präziseren Modellvorhersagen führte. Zu einem gewissen Maß wird die Wasserverfügbarkeit stattdessen durch den EVI abgebildet. 4) Der HII stellte sich auf globaler Skala erwartungsgemäß als guter Prädiktor insbesondere für Ae. albopictus und Ae. japonicus heraus. Auf regionaler Skala (z. B. in Bayern) überlagern diese Effekte jedoch diejenigen aller anderen Variablen jedoch teilweise in unangemessener Intensität. Für diesen Bericht werden daher nur Modelle ohne HII verwendet.

Ausschluss von Gebieten mit tropischem Klima

Die Übertragbarkeit korrelativer Artverbreitungsmodelle über unterschiedliche Klimate hinweg ist naturgemäß begrenzt. So kommen beispielsweise einigen Faktoren, die im temperaten Klima Bayerns von Bedeutung sind (wie z.B. Frost), in den Tropen, wenn überhaupt, nur eine geringe Bedeutung zu. Insbesondere für die in den Tropen weit verbreitete *Ae. albopictus* bedeutet das, dass ein Modell basierend auf Vorkommensdaten aus dem gesamten Areal der Art für Bayern nur eine geringe Aussagekraft hätte. Da für alle modellierten Arten ausreichend Vorkommensdaten aus nicht-tropischen Regionen vorlagen, wurden tropische Gebiete aus der Modellierung komplett ausgeschlossen. Der dazu nötigen Filterung wurden die aktuellen Köppen-Geiger Klimate nach Beck et al. (2018) zugrunde gelegt.

Variablenreduktion mittels Hauptkomponentenanalyse

Um die Anzahl der erklärenden Variablen in den Modellen zu reduzieren und nachteilige Effekte durch Kolinearität in Klimavariablen zu vermeiden, wurde eine Variablenreduktion mittels Hauptkomponentenanalyse (principal components analysis, PCA) durchgeführt (Sillero 2021)

Ausdünnung geclusterter Vorkommensdaten

Die Vorkommensdaten für die drei modellierten Stechmückenarten wurden aus unterschiedlichesten Quellen und Datenbanken zusammengetragen. Daraus ergab sich eine räumlich sehr heterogene Dichte von Beprobungsstellen und damit auch von Vorkommensdaten. Um diesem sampling bias entgegenzuwirken wurden die Vorkommensdaten mittels des R-Paketes spThin (Aiello-Lammens 2015), Version 0.2.0 im (durch die ersten beiden Achsen, des durch die Hauptkomponentenanalyse aufgespannten) Umweltraum ausgedünnt.

Definition des Kalibrierungsgebietes

Zusätzlich zu den in AP 1.1 erarbeiteten Orten bekannter Vorkommen, verwendet Maxent auch automatisch generierte Hintergrund-Daten, die innerhalb des von den bereitgestellten Umweltdaten abgedeckten geografischen Gebietes platziert werden. Diese dienen dazu, ein Profil der im Verbreitungsgebiet der Art herrschenden Umweltbedingungen zu erstellen, um dann ermitteln zu können unter welchen Bedingungen die betrachtete Art bevorzugt vorkommt. Folglich kann die Auswahl des Gebietes, aus dem Maxent diese Positionen ziehen darf, die Modellleistung und die Ergebnisse beeinflussen und muss sorgfältig abgewogen werden. VanDerWal et al. (2009) folgend, wurde hier ein pufferbasierter Ansatz verfolgt, der bereits in anderen Studien mit ähnlich großen geografischen Ausmaßen erfolgreich eingesetzt wurde (Tjaden 2017, Cheng 2018). Dabei wurde eine Reihe von Puffern mit zunehmenden Radien (von 50 auf 5.000 km) um die Vorkommensdaten herum gezeichnet, und die Umweltdaten entsprechend beschnitten. Basierend auf diesen verschiedenen Umweltdaten-Sätzen wurde eine Reihe von Test-Maxent-Modellen durchgeführt und die Modellleistung mittels True Skill Statistics (TSS) bewertet. Der TSS-Wert wurde gegen die Puffergröße aufgetragen und der Punkt entlang der Kurve bestimmt ab dem eine Zunahme der Puffergröße keine nennenswerte Verbesserung des TSS-Wertes mehr hervorbrachte. Dies war bei einem Radius von 1.000 km (Cx. pipiens), 1.500 km (Ae. japonicus), bzw. 2.000 km (Ae. albopictus) der Fall. Diese Puffergrößen wurden dann jeweils verwendet, um das Untersuchungsgebiet für die folgenden Modellläufe zu definieren.

Feinkalibrierung der Modelle

Zur Feinkalibrierung (Wert des *regularization multipliers*, der die Glättung des Modells regelt, sowie die Auswahl der *feature types*, die den Typus der zu verwendenden Antwortkurven festlegen), wurde mittels des R-Paketes ENMEval (Muscarella 2014), Version 0.3.0 durchgeführt.

Evaluation der Modelle

Die finale Modellkonfiguration wurde jeweils mittels des im R-Paket ENMGadgets (Barve 2019), Version 0.1.0.1 implementierten pROC-Testes (Peterson 2007) unterzogen. Die basierte auf einem 10-fachen Kreuzvalidierungslauf in Maxent, mit 1000 Bootstrapping-Iterationen und einer erwarteten Fehlerrate von 5%. Dies ergab AUC-Verhältnisse statistisch signifikant >1, was auf eine gute Modellperformance schließen lässt (Peterson 2007).

Grenzwerte für Risikokarten

Die rohen Werte für die "Klimatische Eignung", die Maxent ausgibt sind für die Erstellung von Risikokarten nur bedingt geeignet. Wenngleich die Werte ähnlich einer Wahrscheinlichkeit zwischen 0 und 1 rangieren, ändert sich deren Bedeutung doch von Modell zu Modell und von Art zu Art, sodass eine direkte Vergleichbarkeit der Rohwerte nicht gegeben ist. Um diese Vergleichbarkeit zu gewährleisten, existieren Kriterien, anhand derer festgelegt werden kann, ab welchem Wert für die Klimatische Eignung ein Pixel in der Karte als für die jeweilige Art "geeignet" eingestuft wird. Um eine räumlich abgestufte Risikoabschätzung zu ermöglichen, wird hier eine Reihe unterschiedlich sensitiver Grenzwertkriterien herangezogen. Dabei werden die vom Modell für die Orte tatsächlich beobachteter Vorkommen der Art vorhergesagten Werte für die Klimatische Eignung betrachtet. Diese werden aufsteigend geordnet und der niedrigste Wert entspricht dem minimum-training-presence-Grenzwert. Das worst-case-Szenario beschreibend, werden alle Werte unterhalb dieses Grenzwertes als für die jeweilige Art klimatisch ungeeignet betrachtet. Verwirft man die untersten 5 oder 10 Prozent der betrachteten Werte und nimmt dann den jeweils verbleibenden niedrigsten Wert als Grenzwert, erhält man die sogenannten 5- bzw. 10-Perzentil-Grenzwerte, die jeweils eine konservativere Einschätzung liefern. Die Klasseneinteilung für die folgenden Risikokarten sowie für die Verwendung in der Internetplattform ergibt sich damit wie folgt in Abb. 3.1.4-1 dargestellt.

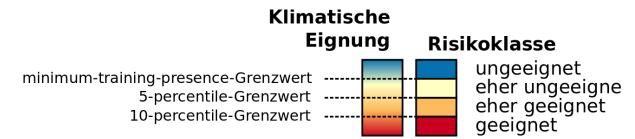


Abb. 3.1.4-1: Übersicht der Grenzwerte für die Übersetzung der kontinuierlichen Werte für die klimatische Eignung in diskrete Risikoklassen.

Ergebnisse

Bereits unter derzeitigen Klimabedingungen (Baseline) sind weite Teile Bayerns für das andauernde bzw. potenzielle zukünftige Vorkommen der drei hier betrachteten Stechmückenarten klimatisch geeignet. Die potenzielle Verbreitung von Ae. albopictus wird dabei stark von der Temperatur beeinflusst. Für Ae. albopictus sind nur die Hochlagen im Spessart, der Rhön, dem Frankenwald, dem Fichtelgebirge, Teilen von Oberpfälzer und Bayerischem Wald, sowie in den Bayerischen und Allgäuer Alpen sicher als klimatisch ungeeignet zu bezeichnen (Abb. 3.1.4-2). Klimatisch besonders geeignete Gebiete finden sich im Norden bei Aschaffenburg, entlang des Mains zwischen Würzburg und Schweinfurt und entlang der Regnitz zwischen Bamberg und Erlangen. Im Osten finden sich hoch geeignete Gebiete entlang der Donau zwischen Regensburg und Passau; im Süden am Bodensee und am Inn. Weite Gebiete im Umfeld dieser Hochrisikogebiete (z.B. entlang von Main und Regnitz, sowie südlich der Donau) sind als zumindest bedingt klimatisch geeignet zu betrachten. Eine Ausnahme bilden Großstädte wie München, Ingolstadt, Augsburg oder Nürnberg. Diese liegen zwar inmitten von Gebieten, die als "eher geeignet" klassifiziert sind, werden selbst aber durch das Modell nur als "eher ungeeignet eingestuft". Dies ist vermutlich darauf zurückzuführen,

dass das spezielle Mikroklima in Städten im globalen Klimadatensatz nicht adäquat abgebildet wird, Wärmeinseleffekte unterschätzt werden. Die hier beobachteten räumlichen Muster entsprechen im Wesentlichen denen der Jahresdurchschnittstemperatur in Bayern (vgl. z.B. Hera 2012).

Für die sehr viel besser an temperate Klimate angepasste Ae. japonicus muss in Bayern nahezu flächendeckend von einer hohen klimatischen Eignung ausgegangen werden (Abb. 3.1.4-3). Größere Gebiete mit vergleichsweise niedriger klimatischer Eignung finden sich nur im Alpenraum und den Mittelgebirgslagen von Rhön, Frankenwald, Fichtelgebirge, und Bayerischem Wald. Dies entspricht den Erwartungen, kommt die Art in temperaten Gebieten doch regelmäßig in Höhen von über 1.000 m über dem Meeresspiegel vor (vgl. Becker 2011; Bevins, 2007).

Für die in weiten Teilen Europas heimische *Cx. pipiens* muss auch in Bayern mit nahezu flächendeckender klimatischer Eignung gerechnet werden (Abb. 3.1.4-4). Selbst in den Hochlagen kann ein Vorkommen schon unter derzeitigen Klimabedingungen nicht ausgeschlossen werden. Dies steht im Einklang mit der großflächigen Verbreitung des Artenkomplexes, der durchaus auch in der Russischen Taiga (Rozhkov 2019), nahe des Polarkreises (Shah & Coulson, 2021), oder in Tibet auf 3600 m Höhe vorkommt (Liu et al. 2019).

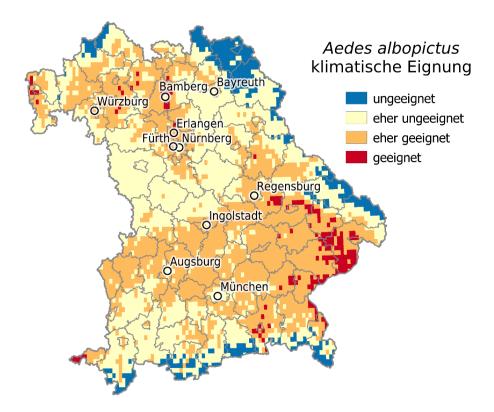


Abb. 3.1.4-2: Derzeitige klimatische Eignung Bayerns für die Ansiedlung bzw. das Vorkommen von *Aedes albopictus*. Die Darstellung basiert auf dem finalen Artverbreitungsmodell für nicht-tropische Gebiete unter derzeitigen Klimabedingungen (CHELSA V1.2, für die Referenzperiode/"Baseline" 1979–2013).

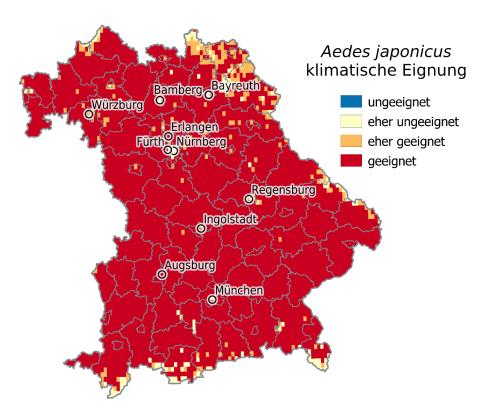


Abb. 3.1.4-3: Derzeitige klimatische Eignung Bayerns für die Ansiedlung bzw. das Vorkommen von *Aedes japonicus*. Die Darstellung basiert auf dem finalen Artverbreitungsmodell für nicht-tropische Gebiete unter derzeitigen Klimabedingungen (CHELSA V1.2, für die Referenzperiode/"Baseline" 1979–2013)

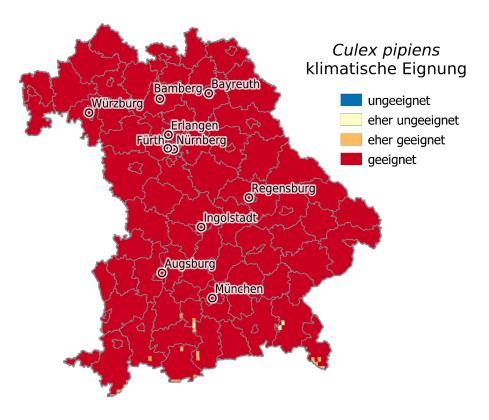


Abb. 3.1.4-4: Derzeitige klimatische Eignung Bayerns für die Ansiedlung bzw. das Vorkommen von *Culex pipiens*. Die Darstellung basiert auf dem finalen Artverbreitungsmodell für nicht-tropische Gebiete unter derzeitigen Klimabedingungen (CHELSA V1.2, für die Referenzperiode/"Baseline" 1979–2013).

3.2 Meilenstein 2: Anwendung Klimamodelle

3.2.1 AP 2.1 Abstimmung geeigneter Klimamodellen und Szenarien mit dem LfU/LGL

Geplant war 1) eine Referenzperiode (baseline) von 1971–2000, 2) die Nutzung der Klimaszenarien RCP 4.5 und RCP 8.5 und 3) Projektionen für die Zeiträume 2021–2040, 2041–2060, 2061–2080 und 2081–2100 (VKG Netzwerktreffen 2019). Dabei sind RCPs als Repräsentative Konzentrationspfade (representative concentration pathways) zu verstehen und wurden für den Fünften Sachstandsbericht des IPCC als zukünftig mögliche Szenarien definiert. Sie sind nach ihrem ungefähren totalen Strahlungsantrieb im Jahr 2100 bezogen auf den vorindustriellen Stand Mitte des 19. Jahrhunderts benannt: 2,6 W/m² für RCP2.6, 4,5 W/m² für RCP 4.5, 6,0 W/m² für RCP 6.0 und 8,5 W/m² für RCP 8.5 (IPCC 2014). Für die Projektionen in diesem Projekt wurde das RCP 8.5 mit über 1370 ppm CO2-Äquivalent im Jahr 2100 gewählt, bei dem der Strahlungsantrieb bis 2300 auf hohem Niveau bleibt und keine nennenswerten Klimawandel verminderten Maßnahmen weltweit getroffen werden. Außerdem wird eine moderate Entwicklung unter dem RCP 4.5 in BayVirMos projiziert, hier steigen die CO2-Äquivalente bis 2100 auf 650 ppm, der Strahlungsantrieb bleibt aber bei abnehmenden Emissionskonzentrationen bis 2300 auf gleichem Niveau.

Vom LfU wurden bias-korrigierte Zukunftsprojektionen von Niederschlag und Temperatur (Mittel, Minimum & Maximum) für Bayern in täglicher Auflösung auf Basis von 6 Regionalklimamodellen zur Verfügung gestellt. Dies waren im Einzelnen:

- Getrieben vom Globalmodell ICHEC-EC-EARTH:
 - o KNMI-RACMO22E (Lauf r1i1p1 und r12i1p1)
 - o CLMcom-CCLM4-8-17 (Lauf r12i1p1)
 - o SMHI-RCA4 (Lauf r12i1p1)
- Getrieben vom Globalmodell MPI-M-MPI-ESM-LR:
 - o SMHI-RCA4 (Lauf r1i1p1)
 - o CLMcom-CCLM4-8-17 (Lauf r1i1p1)

Da die entsprechenden Daten zu Beginn des Projektes seitens des LfU noch in Arbeit waren, wurden zunächst Test-Datensätze, später Vorab-Versionen der eigentlichen Daten zur Verfügung gestellt. Die Übergabe der finalen Version der Daten erfolgte am 23.04.2020.

Erfahrungen aus Vorgängerprojekten legten jedoch nahe, dass die Nutzung von Regionalklimamodellen für Zukunftsprojektionen globaler Artverbreitungsmodelle mit Problemen behaftet sein kann. Dies zeigte sich auch im Verlauf dieses Projektes. Es traten nicht erklärbare Verwerfungen der klimatischen Parameter im Übergang von Bayern zu Gebieten außerhalb Bayerns auf. Daher wurde parallel auch die Nutzung der zum CHELSA-Datensatz gehörenden Zukunftsprojektionen globaler Klimamodelle vorbereitet. Die verfügbaren Zeiträume für die Zukunftsprojektionen verringerten sich dabei auf 2041–2060 und 2061–2080. Die Auswahl der zu verwendenden Klimamodelle richtete sich, der Empfehlung auf der CHELSA-Website (https://chelsa-climate.org/future/) folgend, nach Sanderson et al. (2015). Dies waren im Einzelnen:

- CESM1-BGC
- CESM1-CAM5
- CMCC-CM

- MIROC5
- MPI-ESM-MR

In Absprache mit der fachlichen Projektbegleitung des LfU wurde für die Erstellung der Modelle ebenfalls die CHELSA V1.2 Klimadatensatz mit einer um etwa 10 Jahre verschobenen Referenzperiode (1979–2013) als sinnvolle Grundlage für die globale Modellierung identifiziert, da so Baseline Modelle und Zukunftsprojektionen der globalen Artverbreitungsmodelle nicht aus unterschiedlichen Quellen stammen (vgl. Auch AP 2.3).

Für EVI und Windgeschwindigkeit waren zum Zeitpunkt der Arbeiten keine Zukunftsprojektionen verfügbar. Unter der vereinfachenden Annahme das für diese Variablen keine Änderungen zu erwarten sind, wurden diese daher zeitlich konstant gehalten.

3.2.2 AP 2.2 Datenaufbereitung

Die vom LfU bereitgestellten, zeitlich hochaufgelösten Klimaprojektionen wurden in einem mehrstufigen Prozess zu bioklimatischen Variablen (vgl. 3.1.3 AP 1.3) aggregiert. Dazu wurden je Zeitabschnitt (2021–2040, 2041–2060, 2061–2080 und 2081–2100) und Klimawandelszenario zunächst langjährige Tages- und anschließend Monatsmittel gebildet. Mittels des R-Paketes dismo (Hijmans 2020), Version 1.3-3, wurden diese dann zu bioklimatischen Variablen weiterverarbeitet.

Die alternativen Klimaprojektionen des CHELSA-Datensatzes lagen bereits in einem geeigneten Format vor und mussten nur noch auf das Untersuchungsgebiet zugeschnitten werden.

3.2.3 AP 2.3 Modellläufe zu verschiedenen Klimamodelle und Szenarien

Zunächst wurden Zukunftsprojektionen für Klimawandelszenarien mittels der vom LfU zur Verfügung gestellten Klimadaten erstellt. Die Ergebnisse waren jedoch unbefriedigend, die räumlichen Muster nicht konsistent mit den Modellen für derzeitige Klimabedingungen (1979–2013). Nach aufwendiger Überprüfung der entsprechenden Skripte konnten Fehler in der Datenaufbereitung ausgeschlossen werden. Es muss daher von einer tieferliegenden Inkompatibilität der Daten mit dem für die Baseline-Modelle verwendeten CHELSA-Daten ausgegangen werden. Grund dafür können einerseits die unterschiedlichen räumlichen Skalen der regionalen bzw. globalen Klimamodelle sein. Andererseits kann der in 3.2.1 AP 2.1 beschriebene Unterschied in der Referenzperiode entscheidend zu solchen Problemen beitragen. Um jegliche Inkompatibilität auszuschließen, wurden daher für die finalen Projektionen einzig die mit dem CHELSA-Datensatz verfügbaren globalen Klimamodelle verwendet. Die LfU-Daten konnten mangels globaler Abdeckung nicht für die Baseline-Modelle verwendet werden (vgl. Abschnitt 3.1.3).

Bei der Interpretation der folgenden Ergebnisse gilt zu beachten, dass mögliche evolutionäre Anpassungen der betrachteten Arten an neue Klimabedingungen hier nicht berücksichtigt werden können. Es muss also für die Zukunft tendenziell von einer Unterschätzung der potentiellen Verbreitung ausgegangen werden.

Für Ae. albopictus ergibt sich daraus über alle Klimaszenarien hinweg zur Mitte des 21. Jahrhunderts (2041–2060) hin eine im Vergleich zu den in Meilenstein 1 erstellten Baseline-Modellen stark erhöhte klimatische Eignung (Abb. 3.2.3-1, siehe auch Abb. 3.2.5-1). Praktisch alle Gebiete, die zuvor als "eher geeignet" eingestuft wurden, fallen nun in die höchste

Kategorie "geeignet". Gebiete, die im Baseline-Modell noch als "eher ungeeignet" eingestuft wurden, werden nun überwiegend als "eher geeignet" eingestuft. Zum Ende des Jahrhunderts hin (2061–2080) nimmt die klimatische Eignung in beiden Klimawandelszenarien wieder leicht ab; verstärkter Klimawandel führt hier also zum Überschreiten des Optimums gefolgt von wieder ungünstigeren Bedingungen. Dies betrifft vorwiegend Gebiete im Westen des Freistaates südlich der Donau, die von "geeignet" auf "eher geeignet" zurückgestuft werden. Im Szenario RCP 8.5, das von einem weitestgehend ungebremsten Klimawandel ausgeht, ist dieser Trend deutlich stärker als im Szenario RCP 4.5, das für diesen Zeitraum bereits eine Stabilisierung des Strahlungsantriebes ("radiative forcing") annimmt. Im Vergleich zum Baseline-Szenario sind die Bedingungen im Zeitraum 2061–2080 jedoch trotz allem noch sehr viel günstiger.

Für Ae. japonicus ist ein ähnlicher Trend zu beobachten (Abb. 3.2.3-2, siehe auch Abb. 3.2.5-2): Unter dem moderaten Klimawandelszenario RCP 4.5 zur Mitte des 21. Jahrhunderts ein Optimum erreicht, bei dem in Bayern fast flächendeckend uneingeschränkte Klimatische Eignung für die Art vorliegt. Zum Ende des Jahrhunderts hin werden einige wenige Gebiete nur noch als "eher geeignet" eingestuft. Im stärkeren Klimawandelszenario RCP 8.5 bleibt die Klassifikation zunächst weitestgehend konstant. Zum Ende des Jahrhunderts hin werden auch hier einige wenige Gebiete nur noch als "eher geeignet" eingestuft. Dies entspricht den Erwartungen für Ae. japonicus als temperat verbreitete Art.

Für die heimische Art *Cx. pipiens* werden im Zuge des Klimawandels keine nennenswerten Änderungen in der klimatischen Eignung erwartet (Abb. 3.2.3-3, siehe auch Abb. 3.2.5-3). Dies ist im Einklang mit der sehr breiten Umweltnische dieser Art.

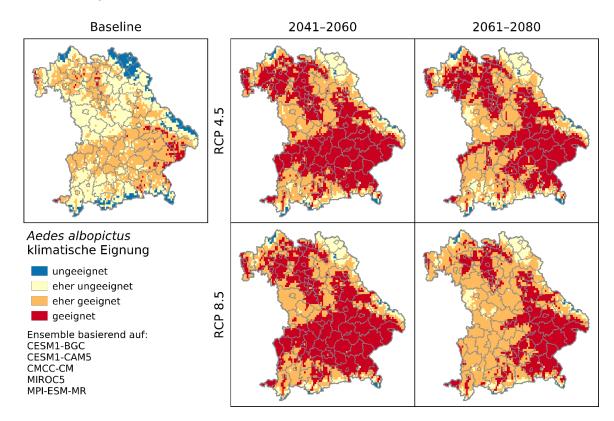


Abb. 3.2.3-1: Derzeitige (Baseline, oben links) und potentielle zukünftige (Ensemble-Mittelwert) klimatische Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Aedes albopictus* unter Klimawandelszenario RCP 4.5 (oben) und RCP 8.5 (unten) für die Zeiträume 2041–2060 (Mitte) und 2061–2080 (rechts).

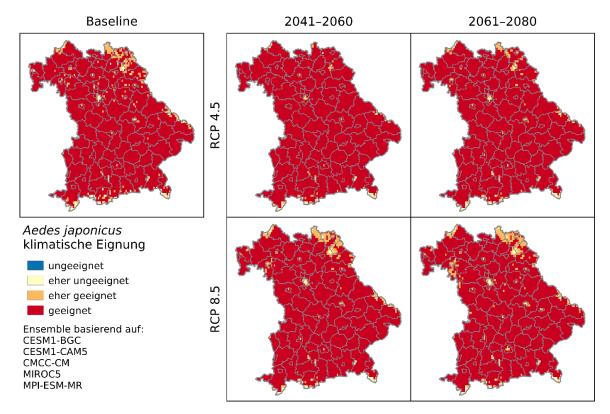


Abb. 3.2.3-2: Derzeitige (Baseline, oben links) und potentielle zukünftige(Ensemble-Mittelwert) klimatische Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Aedes japonicus* unter Klimawandelszenario RCP 4.5 (oben) und RCP 8.5 (unten) für die Zeiträume 2041–2060 (Mitte) und 2061–2080 (rechts).

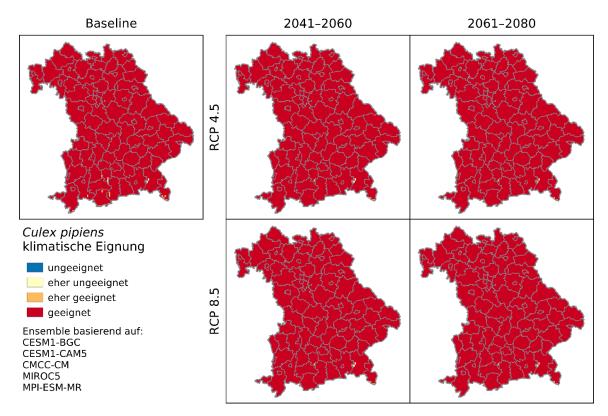


Abb. 3.2.3-3: Derzeitige (Baseline, oben links) und potentielle zukünftige (Ensemble-Mittelwert) klimatische Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Culex pipiens* unter Klimawandelszenario RCP 4.5 (oben) und RCP 8.5 (unten) für die Zeiträume 2041–2060 (Mitte) und 2061–2080 (rechts).

3.2.4 AP 2.4 Aufzeigen der Gebiete mit den größten Unsicherheiten in den Projektionen

Zur Bestimmung der Unsicherheiten der Projektionsergebnisse einzelner Modelldurchläufe aufgrund unterschiedlicher Vorhersagen der einzelnen Klimamodellen wurde die Standardabweichung aller Modellergebnisse im räumlichen Kontext ermittelt. Diese ist für Ae. albopictus insgesamt am größten (Wertebereich von 0 bis ca. 0,3) und für Cx. pipiens am geringsten (Wertebereich von 0 bis ca. 0,1). Die räumliche Verteilung dieser Abweichungen ist in Abb. 3.2.4-1 bis 3 dargestellt. Dabei lässt sich feststellen, dass im Allgemeinen das stärkere Klimawandelszenario RCP 8.5 erwartungsgemäß mit höheren Unsicherheiten behaftet ist. Unterschiede zwischen den drei betrachteten Mückenarten bezüglich der räumlichen Muster ergeben sich durch die unterschiedliche Rolle der verwendeten Umweltparameter in den jeweiligen Verbreitungsmodellen: Gebiete, in denen die Zukunftsprojektionen der Klimamodelle bezüglich der für das jeweilige Artverbreitungsmodell wichtigsten Klimavariablen divergieren sind mit höheren Unsicherheiten behaftet.

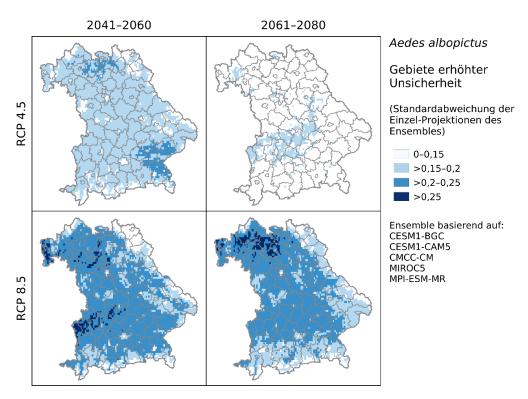


Abb. 3.2.4-1: Räumliche Darstellung der Unsicherheiten in den Zukunftsprojektionen der potentiellen zukünftige klimatische Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Aedes albopictus*. Dargestellt ist die Standardabweichung der Rohwerte für die Klimatische Eignung für die 5 Einzelmodelle des Ensembles. Oben: Klimawandelszenario RCP 4.5, unten: Klimawandelszenario RCP 8.5, jeweils für die Zeiträume 2041–2060 (inks) und 2061–2080 (rechts).

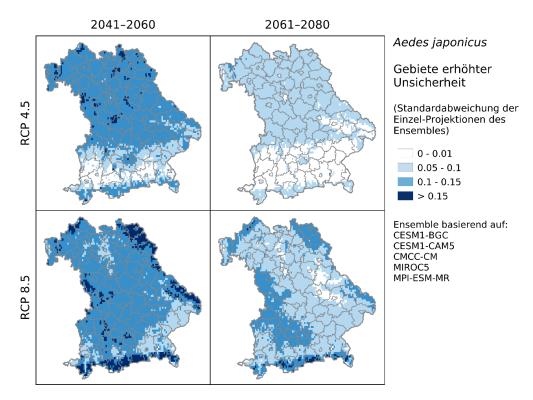


Abb. 3.2.4-2: Räumliche Darstellung der Unsicherheiten in den Zukunftsprojektionen der potentiellen zukünftige klimatische Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Aedes japonicus*. Dargestellt ist die Standardabweichung der Rohwerte für die Klimatische Eignung für die 5 Einzelmodelle des Ensembles. Oben: Klimawandelszenario RCP 4.5, unten: Klimawandelszenario RCP 8.5, jeweils für die Zeiträume 2041–2060 (inks) und 2061–2080 (rechts).

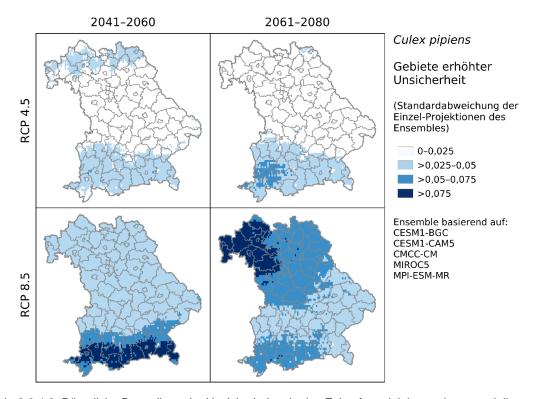


Abb. 3.2.4-3: Räumliche Darstellung der Unsicherheiten in den Zukunftsprojektionen der potentiellen zukünftige klimatische Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Culex pipiens*. Dargestellt ist die Standardabweichung der Rohwerte für die Klimatische Eignung für die 5 Einzelmodelle des Ensembles. Oben: Klimawandelszenario RCP 4.5, unten: Klimawandelszenario RCP 8.5, jeweils für die Zeiträume 2041–2060 (links) und 2061–2080 (rechts).

3.2.5 AP 2.5 Aufzeigen der Gebiete mit den stärksten zu erwartenden Veränderungen in Bezug auf die klimatische Eignung für die Ansiedlung der einzelnen Vektoren

Um die relativen Änderungen der klimatische Eignung Bayerns für die einzelnen Vektoren unabhängig von ihrer Klassifizierung als (eher) geeignet oder ungeeignet darzustellen, wurde die Differenz der rohen klimatischen Eignung zwischen Baseline-Szenario und dem Zeitabschnitt 2041–2060 sowie zwischen den Zeitabschnitten 2041–2060 und 2061–2080 errechnet. Die Ergebnisse spiegeln im Wesentlichen die in Abschnitt 3.2.3 beobachteten Muster wider, lassen aber eine detailliertere Betrachtung zu. Auch hier gilt zu beachten, dass eventuelle Anpassungen der Arten an veränderte Klimabedingungen nicht berücksichtigt werden können.

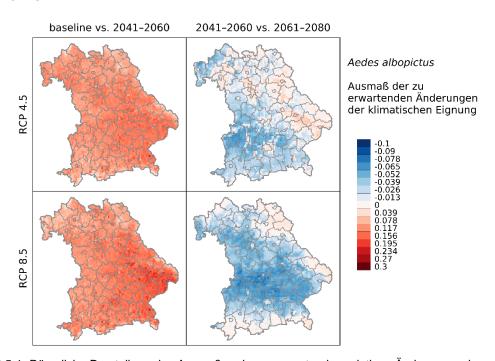


Abb. 3.2.5-1: Räumliche Darstellung des Ausmaßes der zu erwartenden relativen Änderungen der potentiellen zukünftigen klimatischen Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Aedes albopictus*. Dargestellt ist die Differenz der Rohwerte für die Klimatische Eignung für den Zeitraum 2041–2060 gegenüber dem Baseline-Szenario (links) bzw. 2061–2080 gegenüber 2041–2060. Oben: Klimawandelszenario RCP 4.5, unten: Klimawandelszenario RCP 8.5.

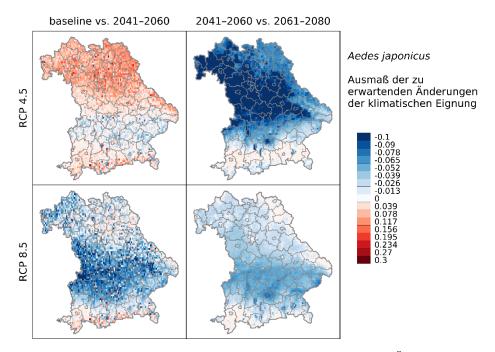


Abb. 3.2.5-2: Räumliche Darstellung des Ausmaßes der zu erwartenden relativen Änderungen der potentiellen zukünftigen klimatischen Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Aedes japonicus*. Dargestellt ist die Differenz der Rohwerte für die Klimatische Eignung für den Zeitraum 2041–2060 gegenüber dem Baseline-Szenario (links) bzw. 2061–2080 gegenüber 2041–2060. Oben: Klimawandelszenario RCP 4.5, unten: Klimawandelszenario RCP 8.5.

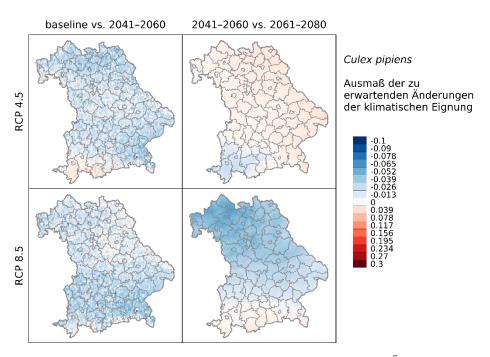


Abb. 3.2.5-3: Räumliche Darstellung des Ausmaßes der zu erwartenden relativen Änderungen der potentiellen zukünftigen klimatischen Eignung Bayerns für Ansiedlung/Vorkommen von *Culex pipiens*. Dargestellt ist die Differenz der Rohwerte für die Klimatische Eignung für den Zeitraum 2041–2060 gegenüber dem Baseline-Szenario (links) bzw. 2061–2080 gegenüber 2041–2060. Oben: Klimawandelszenario RCP 4.5, unten: Klimawandelszenario RCP 8.5.

3.3 Meilenstein 3: Epidemiologische Modelle

3.3.1 AP 3.1 Literaturarbeit zu ökologischen Faktoren während des Übertragungsprozesses der Pathogene (CHIKV, DENV, USUV, WNV)

Die Literaturrecherchen zu ökologischen und populationsbiologischen Faktoren (AP 3.1 & 3.2) sowie geeigneten Modellansätzen (für AP 3.4) wurden jeweils gemeinsam durchgeführt, um Redundanzen zu vermeiden. Dabei erwies es sich als sinnvoll, primär nach Modellierungsstudien zu suchen, da diese die für die Parametrisierung nötige Literatur bereits enthalten.

Denguefieber

Eine Literaturrecherche wurde über das Web of Science unter Verwendung von Stichwörtern wie "Dengue Basic reproduct* epidemi*" durchgeführt, auf die zuletzt am 24.02.2020 zugegriffen wurde (n=173).Diese Schlüsselwörter sollen epidemiologische Modellierungsansätze für Dengue erfassen. Dabei wurden nur wissenschaftliche Fachartikel berücksichtigt; andere Dokumenttypen sowie nicht themenbezogene Artikel, die durch Titel und Abstracts gekennzeichnet waren wurden entfernt (verbleibende Artikel n = 31). Nach dem Volltext-Screening wurden Artikel ausgeschlossen, die keine epidemiologischen Modelle enthalten (verbleibende Artikel n = 23). Diese 23 Artikel wurden weiter analysiert und nach Inhalten geordnet. 18 davon wurden als zu theoretisch identifiziert. Insgesamt wurden fünf Modellkandidaten ausgewählt. Unter diesen fünf Artikeln wurde das Modell von Cheng (2018b) als am besten geeignet für die Modellierung des Dengue-Ausbruchsrisikos ausgewählt, da hier Temperaturabhängigkeiten der relevanten Übertragungsparameter berücksichtigt werden. Der Rahmen dieses Modells lässt sich auf Dumont (2008) zurückführen, ein Modell, das ursprünglich für Chikungunya entwickelt wurde.

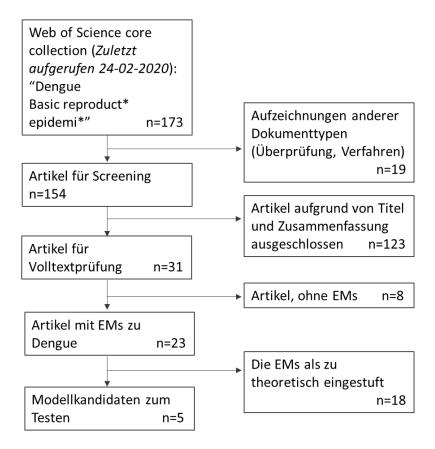


Abb. 3.3.1-1: Flowchart zum Selektionsprozess bei der Literaturrecherche für Dengue. EM: Epidemiologisches Model

Chikungunyavirus-Erkrankung

Eine Literaturrecherche zu epidemiologischen Modellen für Chikungunya wurde über das Web of Science unter Verwendung von Schlüsselwörtern wie "Chikungunya Basic reproduct *" durchgeführt, auf die zuletzt am 07.07.2020 zugegriffen wurde. Da Dengue und Chikungunya dieselben Vektoren und Wirte haben, ist es sinnvoll, dasselbe epidemiologische Modellgerüst zu verwenden, beide nutzen daher das Modell von Dumont (2008) als Grundlage. Folglich wurden die aus der Literaturrecherche zu Chikungunya resultierenden Ergebnisse hauptsächlich zur Aktualisierung der jeweiligen Übertragungsparameter und -variablen für Chikungunya verwendet.

Usutu-Viruserkrankung

Eine Literaturrecherche zur Usutu-Viruserkrankung wurde in zwei Runden über das Web of Science durchgeführt. Die erste Runde war bereits vor Beginn dieses Projektes im Jahr 2017 durchgeführt worden (letzter Zugriff am 20.07.2017). Die zweite Runde wurde 2019 als aktualisierte Literaturrecherche durchgeführt (zuletzt abgerufen am 06.12.2019). Da es nur eine sehr begrenzte Anzahl von Veröffentlichungen zur Usutu-Viruserkrankung gab, wurde nur ein Schlüsselwort für "Usutu" verwendet. Insgesamt sieben Modellkandidaten kamen in die engere Auswahl. Unter diesen sieben Artikeln wurde das epidemiologische Modell von Rubel et al. (2008) aufgrund der geographischen Nähe zu Bayern als das am besten geeignete Modell identifiziert. Es wurde ursprünglich für Wien entwickelt.

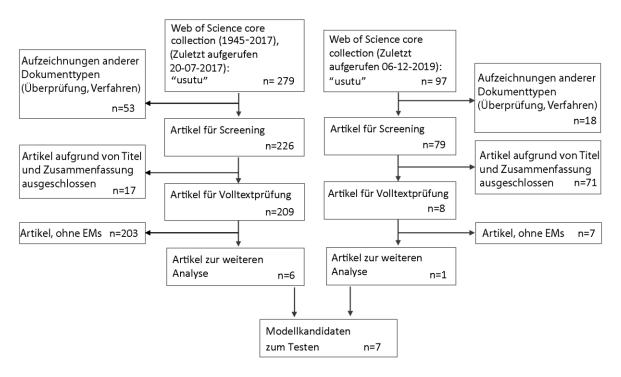


Abb. 3.3.1-2: Flowchart zum Selektionsprozess bei der Literaturrecherche für das Usutu-Fieber. EM: Epidemiologisches Model

West-Nil-Fieber

Eine Literaturrecherche zum West-Nil-Fieber wurde über das Web of Science unter Verwendung von Stichwörtern wie "West Nile" UND "Basic reproduct *" durchgeführt, auf die zuletzt am 06-12-2019 zugegriffen wurde (n = 80). Unter Verwendung des ähnlichen Verfahrens für Dengue-Fieber wurden die Artikel überflogen und gescreent, um die epidemiologischen Modelle für weitere Tests zu identifizieren. Insgesamt sieben Modellkandidaten kamen in die engere Auswahl. Schlussendlich wurde für das West-Nil-Fieber jedoch eigens ein neues Modell von Grund auf konstruiert (Details siehe Abschnitt 3.3.4).

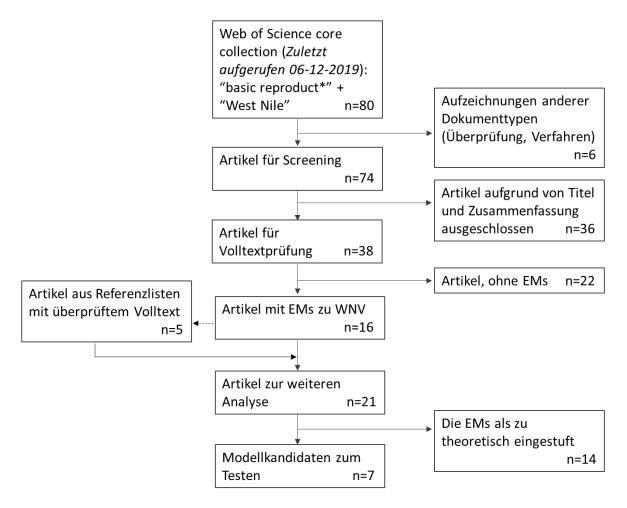


Abb. 3.3.1-3: Flowchart zum Selektionsprozess bei der Literaturrecherche für das West-Nil-Fieber. EM: Epidemiologisches Model

3.3.2 AP 3.2 Literaturarbeit zu populationsbiologischen Faktoren von Vektoren (z.B. Mortalitätsraten), die den Übertragungsprozess beeinflussen

Für AP 3.2 wurde keine gesonderte Literaturrecherche durchgeführt. Stattdessen wurde die Suche in AP 3.1 und 1.2 integriert. Für Ergebnisse siehe dort.

3.3.3 AP 3.3 Recherche von geeigneten Umweltdaten für Bayern, Datenaufbereitung

Für die epidemiologischen Modelle werden als einziger Umweltparameter flächendeckende Daten zur Tagemitteltemperatur in täglicher Auflösung benötigt.

Die Wahl fiel dabei auf das ICON-EU Wettermodell (räumliche Auflösung: 0,0625 × 0,0625°) des Deutschen Wetterdienstes. Um für Testzwecke eine vollständige Zeitreihe für ein ganzes Jahr zu Verfügung zu haben, wurden zunächst Archivdaten des Modells für 2019 über die Plattform PAMORE bezogen. Aktuelle Daten für die Online-Plattform werden mittels eines R-Skriptes zweimal täglich automatisiert direkt von der Open-Data-Plattform des DWD (https://opendata.dwd.de/weather/nwp/icon-eu/) heruntergeladen und für die Modellierung aufbereitet.

3.3.4 AP 3.4 Entwicklung der jeweiligen epidemiologischen Modelle

Die für die Berechnung der Basisreproduktionszahl Ro in Frage kommenden epidemiologischen Modelle lassen sich anhand der ihnen zugrundeliegenden Prinzipien in zwei Gruppen einteilen (Li 2011, Martcheva 2015). In die erste Gruppe fallen probabilistische Modelle, die auf einer stochastischen Überlebensfunktion (survival function) basieren und bei denen die für den Übertragungszyklus relevanten Parameter als Wahrscheinlichkeiten bzw. Wahrscheinlichkeitsverteilungen notiert werden. Die zweite Gruppe basiert auf Systemen Gewöhnlicher Differentialgleichungen (ordinary differential equations, ODE), die die Bewegung von Individuen einer Population zwischen einer Reihe von Kompartimenten (z.B. "SEIR"-Modelle: S=susceptible (empfänglich), E=exposed (ausgesetzt), I=infectious (ansteckend), R=recovered (genesen)) beschreiben. Parameter werden hier als Raten (z.B. Mückenstiche pro Zeiteinheit) notiert. In beiden Fällen werden die Werte der Modellparameter soweit möglich anhand von Feld- und Labordaten bestimmt, wobei mangels gesicherter Erkenntnisse für die betrachtete Kombination aus Pathogen, Vektor und Wirt nicht selten auf Daten für vergleichbare Fälle zurückgegriffen werden muss (Delamater 2015). Insbesondere zur Bestimmung von Wahrscheinlichkeitsverteilungen für die Verwendung in probabilistischen Modellen bietet sich hier die Verwendung Bayes'scher Statistik an.

Nach eingehender Überprüfung wurde klar, dass für das vorliegende Projekt die Verwendung probabilistischer Modelle nicht in Frage kommt. Einerseits werden diese für Infektionskrankheiten mit komplizierterem Übertragungsweg (wie eben die hier betrachteten Systeme aus Vektoren und Wirten) schnell sehr komplex (Martcheva 2015). Andererseits müssen sie durch die ihnen zugrundeliegende Zufallskomponente prinzipbedingt in tausendfacher Iteration mehrfach berechnet werden, was bei der hier angestrebten täglichen Aktualisierung aus Gründen der Rechenkapazität nicht geleistet werden kann. Alle hier verwendeten epidemiologischen Modelle fallen daher in die Kategorie der ODE-basierten Modelle.

Denguefieber

Das Modell für Dengue folgt Dumont (2008) und Cheng (2018b). Die Modellstruktur ist in Abb. 3.3.4-1 dargestellt. Die verwendeten Parameter nebst Werten und Quellenangabe sind in Tabelle 3.3.4-1 zusammengefasst. Die Formel zur Berechnung von R_0 lautet:

$$R_0 = \sqrt{\frac{S_M}{N_H} \frac{BC\beta_{mh}\beta_{hm}\nu_h\eta_m}{(\nu_h + \mu_h)(\eta_h + \mu_h)\mu_m(\mu_m + \eta_m)}}$$

Mit: $N_H = S_H + E_H + I_H + R_H = Gesamtgröße Wirtspopulation (Menschen).$

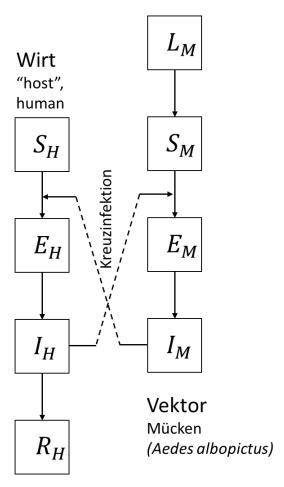


Abb. 3.3.4-1: Kompartimentmodell für Dengue-Fieber und Chikungunya. Die Wirte sind Menschen und die Vektoren sind Mücken (*Aedes albopictus*). L bezeichnet die aquatischen (larvalen) Stadien der Mücken. S = anfällig (susceptible), E = exponiert, I = infektiös, R = resistent oder immun, M = Vektor (mosquito, Stechmücke), H = Wirt (human, Mensch).

Tabelle 3.3.4-1. Parametrisierung des epidemiologischen Modells für Dengue (Zeiteinheit für Raten etc.: Tage).

Beschreibung	Parameter	Wert	Quelle
Mittlere Bissrate auf betrachtetem Wirt	В	0.5	Dumont 2008
Mittlere Bissrate der Vektoren (wirtsunabhängig)	С	1	Dumont 2008
Übertragungswahrscheinlichkeit Vektor → Wirt pro Biss	eta_{mh}	0.31	Manore 2014
Übertragungswahrscheinlichkeit Wirt → Vektor pro Biss	eta_{hm}	0.31	Manore 2014

$1/\mu_h$ = Mittlere menschliche Lebenserwartung	μ_h	0.000034	Worldometers.info 2020
$1/v_h$ = intrinsische Inkubationsperiode	$ u_h$	0.34	Dumont 2008
$1/\eta_h$ = mittlere Dauer der Virämie	η_h	0.16	Manore 2014
Anzahl der Eier in jeder Ablage pro Individuum	μ_b	0.24	Manica 2017 Manore 2014
Aufwachsrate Larve → Imago	η_L	0.1	Dumont 2008
$1/\mu_L$ = natürliche Mortalität Larven	μ_L	0.25	Dumont 2008
$1/\mu_m$ = mittlere Lebenserwartung adulter Mücken	μ_m	-0.15+0.004*T+2.03/T, T≥5 1/(T-58/9) + 1, T<5	Adaptiert von Cheng 2018b
$1/\eta_m$ = extrinsische Inkubationsperiode	η_m	0.02+0.0000439*T^3, T≥5 1/(391/9 - T)	Adaptiert von Cheng 2018b

Chikungunyavirus-Erkrankung

Das Modell für Chikungunya folgt ebenfalls Dumont (2008) und Cheng (2018b). Die Modellstruktur ist in Abb. 3.3.4-1 dargestellt. Die verwendeten Parameter nebst Werten und Quellenangabe sind in Tabelle 3.3.4-2 zusammengefasst. Die Formel zur Berechnung von R_0

lautet:
$$R_0 = \sqrt{\frac{S_M}{N_H}} \frac{BC\beta_{mh}\beta_{hm}\nu_h\eta_m}{(\nu_h + \mu_h)(\eta_h + \mu_h)\mu_m(\mu_m + \eta_m)}$$

Mit: $N_H = S_H + E_H + I_H + R_H = Gesamtgröße Wirtspopulation (Menschen).$

Tabelle 3.3.4-2. Parametrisierung des epidemiologischen Modells für Dengue (Zeiteinheit für Raten etc.: Tage).

Beschreibung	Parameter	Wert	Quelle
Mittlere Bissrate auf betrachtetem Wirt	В	0.5	Dumont 2008
Mittlere Bissrate der Vektoren (wirtsunabhängig)	С	1	Dumont 2008
Übertragungswahrscheinlichkeit Vektor → Wirt pro Biss	eta_{mh}	0.6	Dumont 2008

Beschreibung	Parameter	Wert	Quelle
Übertragungswahrscheinlichkeit Wirt → Vektor pro Biss	eta_{hm}	0.37	Dumont 2008
$1/\mu_h$ = Mittlere menschliche Lebenserwartung	μ_h	0.000034	Worldometers.info 2020
$1/v_h$ = intrinsische Inkubationsperiode	v_h	0.133	Gonzalez-Parra 2019
$1/\eta_h$ = mittlere Dauer der Virämie	η_h	0.25	Dumont 2008
Anzahl der Eier in jeder Ablage pro Individuum	μ_b	0.24	Manica 2017
			Manore 2014
Aufwachsrate Larve → Imago	η_L	0.1	Dumont 2008
$1/\mu_L$ = natürliche Mortalität Larven	μ_L	0.25	Dumont 2008
$1/\mu_m$ = mittlere Lebenserwartung adulter Mücken	μ_m	-0.15+0.004*T+2.03/T, T≥5 1/(T-58/9) + 1, T<5	Adaptiert von Cheng 2018b
$1/\eta_m$ = extrinsische Inkubationsperiode	η_m	0.02+0.0000439*T^3, T≥5 1/(391/9 - T)	Adaptiert von Cheng 2018b

Usutu

Das epidemiologische Modell für USUV wurde nach Rubel et al. (2008) und Cheng et al. (2018a) implementiert. Die Modellstruktur ist in Abb. 3.3.4-2 dargestellt. Die verwendeten Parameter nebst Werten sind in Tabelle 3.3.4-3 zusammengefasst. Die Formel zur Berechnung von R_0 lautet:

$$R_0 = \sqrt{\left[\frac{\delta_M \gamma_M \beta_M}{(\gamma_M + m_M) m_M} \frac{S_B}{K_B}\right] \left[\frac{\delta_M \gamma_B \beta_B}{(\gamma_B + m_B) (\alpha_B + m_B)} \frac{S_M}{K_B}\right]}$$

Mit $K_B = S_B + E_B + I_B + R_B = \text{Gesamtgr\"{o}}$ ße Wirtspopulation (V\"{o}gel).

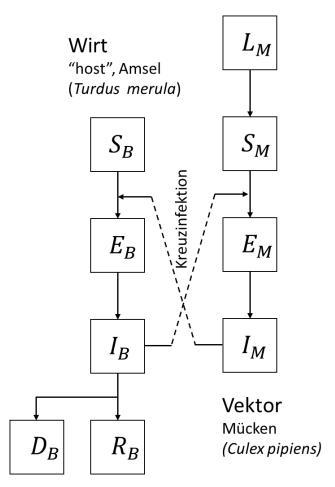


Abb. 3.3.4-2: Kompartimentmodell für Usutu. Die Wirte sind Amseln und die Vektoren sind Mücken (*Culex pipiens*). L bezeichnet die aquatischen (larvalen) Stadien der Mücken. S = anfällig (susceptible), E = exponiert, I = infektiös, R = resistent oder immun, D = verstorben (deceased), B = Wirt (*bird*, Vogel), M = Vektor (*mosquito*, Stechmücke).

Tabelle 3.3.4-3. Parametrisierung des epidemiologischen Modells für Usutu. Alle Werte nach Rubel et al. (2008) (Zeiteinheit für Raten etc.: Tage).

Beschreibung	Parameter	Wert
Populationswachstumsrate Vögel	$r_{\!\scriptscriptstyle B}$	$r_B = b_B - m_B$
Geburtsrate Vögel	b_B	$b_B(d) = 0.125 \frac{(x/\beta)^{\alpha-1} \exp{(-x/\beta)}}{\beta \Gamma(\alpha)}$ x = 0.1(d-105), d = Kalendertag $\alpha = 1.52, \beta = 1.93, \Gamma(\alpha) = 0.887$
Sterberate Vögel	m_B	0.0012
Geburtsrate Mückenlarven	b_L	$b_L(T) = 2.325\kappa(T)$
		T: Tagesmitteltemperatur

Beschreibung	Parameter	Wert
Sterberate Mückenlarven	m_L	$m_L(T) = 0.0025T^2 - 0.094T + 1.0257$
Aufwachsrate Larve → Imago	b_M	$b_M(T) = 0.1b_L$
Sterberate Mücken	$m_{\scriptscriptstyle M}$	$m_M(T) = 0.1 m_L$
Anteil Kreuzinfektion Vögel → Mücken	λ_B	$\lambda_B(T) = \beta_B(T) \frac{I_B}{K_B} = \kappa(T) P_B \frac{I_B}{K_B}$
Produkt von Bissrate (κ) und Übertragungswahrscheinlichkeit Vögel \rightarrow Mücken (P_B)	$oldsymbol{eta}_{B}$	$\beta_B(T) = \kappa(T)P_B$ $P_B = 0.125$
Bissrate	κ	$\kappa(T) = \frac{0.344}{1 + 1.231 \exp(-0.184(T - 20))}$
Anteil Kreuzinfektion Mücken → Vögel	λ_M	$\lambda_M(T) = \beta_M(T) \frac{I_M}{K_B} = \kappa(T) P_M \frac{I_M}{K_B}$
Produkt von Bissrate (κ) und Übertragungswahrscheinlichkeit Mücken \rightarrow Vögel (P_M)	$eta_{\scriptscriptstyle M}$	$\beta_M(T) = P_M \kappa(T)$
Anteil nicht in Diapause befindlicher Mücken	δ_{M}	$\begin{split} \delta_{M} &= 1 - \frac{1}{1 + 1775.7 \exp[1.559(D - 18.177)]} \\ D &= 7.639 \arcsin\left[tan(\epsilon) tan(\varphi) + \frac{0.0146}{cos(\epsilon) cos(\varphi)} \right] + 12 \\ \epsilon &= 0.409 \sin\left(\frac{2\pi(d - 80)}{365} \right) \end{split}$
Exponiert → infiziert/infektiös Rate Vögel	γ_B	0.667
infiziert/infektiös → genesen/gestorben Rate Vögel	$lpha_B$	0.182
Anteil der USUV-Infektionen in Vögeln die zum Tod führen	$ u_B$	0.3
Exponiert \rightarrow infiziert/infektiös Rate Mücken	Υм	$ \gamma_M(T) = 0.0093T - 0.1352, T \ge 15^\circ $ $ \gamma_M(T) = 0, T < 15^\circ $

West-Nil-Fieber

Für WNV wurde basierend auf Laperriere (2011), Rubel (2008), Bergsman (2016) und Kioutsioukis (2019) ein eigenes Modell entwickelt (für Details siehe Anlage 8.1). Dies ermöglicht uns, neben Stechmücken und einheimischen Vögeln separat auch Zugvögel zu betrachten. Die Modellstruktur ist in Abb. 3.3.4-3 dargestellt. Die verwendeten Parameter

nebst Werten und Quellenangabe sind in Tabelle 3.3.4-4 zusammengefasst. Die Formel zur Berechnung von R_0 lautet:

$$R_0 = \frac{1}{\kappa_{B_1} + \kappa_{B_2}} \sqrt{\frac{\gamma_M S_M \beta_B}{m_M (\gamma_M + m_M)}} \left(\frac{\gamma_{B_1} S_{B_1}}{(\gamma_{B_1} + m_{B_1}) (\alpha_{B_1} + m_{B_1})} + \right. \\ \left. \frac{\gamma_{B_2} S_{B_2}}{(\gamma_{B_2} + m_{B_2}) (\alpha_{B_2} + m_{B_2})} \right)$$

Mit $K_B = S_B + E_B + I_B + R_B = Gesamtgröße Wirtspopulation (Vögel).$

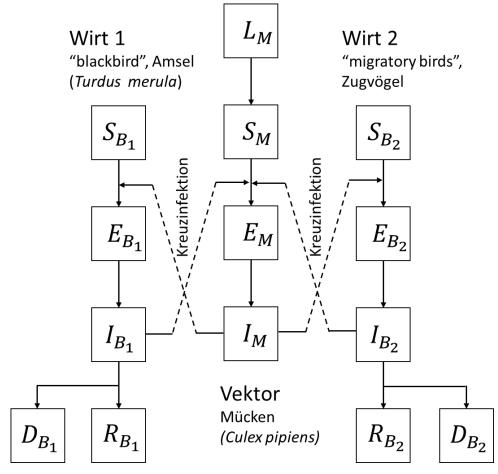


Abb. 3.3.4-3: Kompartimentmodell für West-Nil-Fieber. Die Wirte sind Amseln und Zugvögel; die Vektoren sind Mücken (*Culex pipiens*). L bezeichnet die aquatischen (larvalen) Stadien der Mücken. S = anfällig (susceptible), E = exponiert, I = infektiös, R = resistent oder immun, D = verstorben (deceased), $B_1 = Wirt 1$ (*bird*, Amsel), $B_2 = Wirt 2$ (*bird*, Zugvogel), M = Vektor (*mosquito*, Stechmücke).

Tabelle 3.3.4-4. Parametrisierung des epidemiologischen Modells für West-Nil-Fieber (Zeiteinheit für Raten etc.: Tage).

Beschreibung	Para- meter	Wert	Quelle
Populationswachstumsrate Vögel (Amseln und Zugvögeln)	r_{B}	$r_B = b_B - m_B$	Rubel 2008
Exponiert → infiziert/infektiös Rate Amsel	γ_{B_1}	1	Laperriere 2011
Exponiert → infiziert/infektiös Rate Zugvögel	γ_{B_2}	0.5	Bergsman 2016
Anteil der WNV-Infektionen in Amseln die zum Tod führen	$ u_{B_1}$	0.3	Rubel 2008
Anteil der WNV-Infektionen in Zugvögel die zum Tod führen	$ u_{B_2}$	0.26	Bergsman 2016
Geburtsrate Amseln	b_{B_1}	$b_B(d) = gamma(day, scale = 1.4, shape = 86.4)$	Laperriere 2011
Geburtsrate Zugvögel	b_{B_2}	0.0014	Bergsman 2016
Sterberate Amseln	m_{B_1}	0.0012	Rubel 2008
Geburtsrate Zugvögel	m_{B_2}	0.0014	Bergsman 2016
Geburtsrate Mückenlarven	b_L	$b_L(T) = 2.325\kappa(T)$ T: Tagesmitteltemperatur	Rubel 2008
Sterberate Mückenlarven	m_L	$m_L(T) = 0.0025T^2 - 0.094T + 1.0257$	Rubel 2008
Aufwachsrate Larve → Imago	b_{M}	$b_M(T) = 0.1b_L$	Rubel 2008
Sterberate Mücken	m_{M}	$m_M(T) = 0.1 m_L$	Rubel 2008
Produkt von Bissrate (κ) und Übertragungswahrscheinlich keit Vögel (Amseln und Zugvögel) \rightarrow Mücken (P_B)		$ \beta_{B_1}(T) = \kappa(T)P_{B_1} $ $ P_{B_1} = 0.125 $	Rubel 2008

Beschreibung	Para- meter	Wert	Quelle
Bissrate	κ	$\kappa(T) = \frac{0.344}{1 + 1.231 \exp(-0.184(T - 20))}$	Rubel 2008
Anteil Kreuzinfektion Mücken → Vögel	λ_M	$\lambda_M(T) = \beta_M(T) \frac{I_M}{K_B} = \kappa(T) P_M \frac{I_M}{K_B}$	Rubel 2008
Produkt von Bissrate (κ) und Übertragungswahrscheinlich keit Mücken \rightarrow Vögel (P_M)	$eta_{\scriptscriptstyle M}$	$\beta_M(T) = P_M \kappa(T)$	Rubel 2008
Anteil nicht in Diapause befindlicher Mücken	δ_M	$\begin{split} \delta_{M} &= 1 - \frac{1}{1 + 1775.7 \exp[1.559(D - 18.177)]} \\ D &= 7.639 \arcsin\left[\tan(\epsilon) \tan(\varphi) + \frac{0.0146}{\cos(\epsilon) \cos(\varphi)}\right] + 12 \\ \epsilon &= 0.409 \sin\left(\frac{2\pi(d - 80)}{365}\right) \end{split}$	Rubel 2008
infiziert/infektiös → genesen/gestorben Rate Amseln	$lpha_{B_1}$	0.4	Laperriere 2011
infiziert/infektiös → genesen/gestorben Rate Zugvögel	$lpha_{B_2}$	0.2222	Bergsman 2016
Anteil der WNV-Infektionen in Amseln die zum Tod führen	$ u_{B_1}$	0.3	Laperriere 2011
Anteil der WNV-Infektionen in Zuvögeln die zum Tod führen	$ u_{B_2}$	0.26	Bergsman 2016
Exponiert → infiziert/infektiös Rate Mücken	γ_M	$ \gamma_M(T) = 0.0093T - 0.1352, T \ge 15^\circ $ $ \gamma_M(T) = 0, T < 15^\circ $	Rubel 2008

3.3.5 AP 3.5 Modellläufe, Optimierung

Zur Entwicklung der Internetplattform wurde eine serverseitige Infrastruktur für die einzelnen Komponenten Entwicklung, Datenverarbeitung/Modellierung und Webdarstellung implementiert. Die tägliche Routine für Download und Aufbereitung der Wetterdaten ist getrennt vom Webserver und der Mapping-Umgebung, die für die Berechnung des Webinhalts zuständig ist. Die Modelle laufen im Testbetrieb seit Herbst 2020 zuverlässig einmal täglich. Abb. 3.3.5-1 zeigt beispielhaft die Variation der Basisreproduktionszahl R₀ von Chikungunya im Jahresverlauf 2020 für Lindau am Bodensee (günstiges Klima) und Hof in Oberfranken (ungünstigeres Klima). Ähnliche Abbildungen für Dengue, West-Nil-Fieber und Usutu finden sich im Anhang (8.1). Die räumliche Darstellung der täglichen R₀-Werte erfolgt anschließend auf dem Webserver, siehe dazu Abschnitt 3.4.5 zu AP 3.5 und Abb. 3.4.5-1.

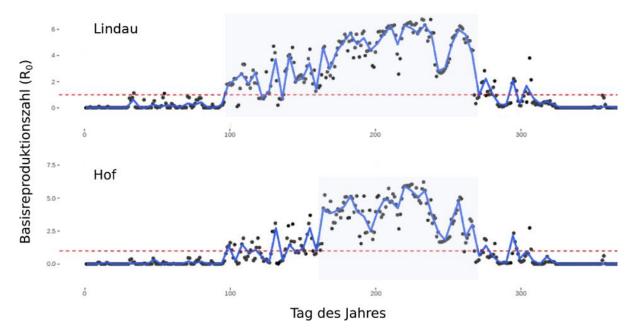


Abb. 3.3.5-1: Verlauf der Basisreproduktionszahl R_0 von Chikungunya im Jahresverlauf 2020 in Lindau (oben) und Hof (unten). Schwarze Punkte = Einzelwerte, blaue Linie = mittlerer Erwartungswert, rot gestrichelt = Grenzwert R_0 größer/kleiner 1. Das Zeitfenster einer möglichen Übertragung (R_0 größer 1) beginnt in Lindau wesentlicher früher als in Hof.

3.4 Meilenstein 4: Entwicklung der Internetplattform

3.4.1 AP 4.1 Abstimmung der Inhalte und Oberfläche mit den Stakeholdern

Das Projekt wurde im Rahmen verschiedener Veranstaltungen mit Vorträgen und Postern dem Fachpublikum und der interessierten Öffentlichkeit vorgestellt, um Feedback zu Inhalt und Oberfläche der geplanten Plattform zu erhalten. Dies waren im Einzelnen die 3. Klimaschutzkonferenz Metropolregion Nürnberg (13.02.2020), die Jahrestagung der Geoökologen: Geoökologie und Klima im Wandel (22.-24.11.2019) an der Universität Bayreuth, der 8. LGL Kongress für den Öffentlichen Gesundheitsdienst (9.-11.10. 2019) an der Universität Bayreuth, das International Symposium on Zoonoses Research (16.-18. Oktober 2019) in Berlin und 22. Jahrestagung der Deutschen Fachgesellschaft für Reisemedizin (20.-21.09.2019) in Freiburg. Dabei wurden einzelne Gespräche mit Stakeholdern aus dem Bereich Öffentliche Gesundheitsvorsorge und Ärzteschaft geführt, deren Hinweise zum Aufbau der Plattform bereits in der vorliegenden Form eingearbeitet wurden (kurze Beschreibung von Stechmücken und Krankheiten erwünscht, Anzeige des zeitlichen Verlaufs der Basisreprokuktionszahl für einen Ort in Bayern, Schieberegler für die Anzeige des gewünschten Zeitpunktes der Risikokarte im Jahr) Weitere Kontakte zu Stakeholdern wurden vom LGL zur Verfügung gestellt. Eine strukturierte Befragung konnte nicht durchgeführt werden. Die geplante Befragung in 2020 war aus Gründen des extremen zeitlichen Aufwandes der Beteiligten (Öffentliche Gesundheitsvorsorge und Ärzteschaft) in der Pandemiebekämpfung nicht möglich und wurde auf die obenbeschriebenen Einzelgespräche reduziert.

Der mit LfU und LGL abgestimmte Informationsflyer zur Einbindung von Stakeholdern (Anhang 8.5.2) wurde außerdem auf der Projektwebsite https://www.bayceer.uni-

bayreuth.de/bayvirmos/ veröffentlicht und zu den o.g. Veranstaltungen ausgeteilt. Zwei Radiointerviews machten die Öffentlichkeit auf das Projekt aufmerksam: BR2 Sendung IQ Wissenschaft und Forschung 20.5.2019 (ab min 10:50), Bayern Plus 26.06.2019 (25 min) und ermöglichten es der interessierten Öffentlichkeit, Rückmeldung zur Plattform zu geben.

3.4.2 AP 4.2 Aufsetzen der Hardware

Folgende Hardware kommt zum Einsatz:

Entwicklungsworkstation

Hier wird der Programmcode erstellt und getestet, sowie Artverbreitungsmodelle und statische Karten berechnet. Das Daten-Backup erfolgt auf einem räumlich getrennten Fileserver. Für die Code-Versionierung kommt Git zum Einsatz.

Virtuelle Maschinen: Daten, Modelle und Mapserver

Auf räumlich getrennter Hardware laufen mehrere Virtuelle Maschinen (VMs, virtuelle Linux-Betriebssysteme) auf Typ 1 (bare metal) Hypervisoren. Diese haben den Vorteil, dass man ihnen skalierbare Hardwareressourcen zuordnen kann. Die Systeme können dadurch mit ihren Anforderungen mitwachsen. Auch ein Komplettbackup ist im laufenden Betrieb möglich. Zum Einsatz kommen 2 VMs: Die Daten- und Modell-VM ist für den Download der Wetterdaten und die gecachte Erstellung der Zeitreihen zuständig. Die Mapserver-VM dient zur Erstellung des Webcontents (interaktive Karten).

Webserver: Hosting der Website

Die eigentliche Auslieferung der Webseiten erfolgt durch einen am Bayreuth Center for Ecology and Environmental Research (BayCEER) gehosteten Webserver (siehe 3.4.3).

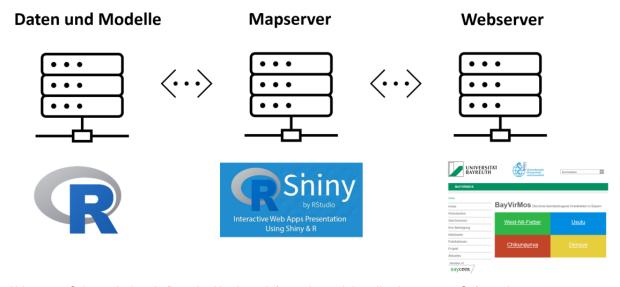


Abb. 3.4.2: Schematischer Aufbau der Hardwareinfrastruktur mit jeweils eingesetzter Softwarekomponente

3.4.3 AP 4.3 Aufsetzen und Sichern des Webservers inkl. Backup

Der Webserver wurde von BayCEER--EDV (Uni Bayreuth) erstellt und beinhaltet auch die Funktionalität des Content-Managementsystems BayCMS. Dieses CMS-Programm dient zur

effektiven Darstellung und Verwaltung von Contentobjekten des Wissenschaftsbetriebs. Es verwendet Produktivtechniken wie Apache/PHP und als Datenbank PostgreSQL.

3.4.4 AP 4.4 Entwicklung Prototyp des Portals

Das Portal ist seit Ende 2019 online unter https://www.bayceer.uni-bayreuth.de/bayvirmos/erreichbar.

3.4.5 AP 4.5 Einbindung der epidemiologischen Modelle

Die Ergebnisse der epidemiologischen Modelle werden vor der Übergabe an den Webserver mit den Ergebnissen der Artverbreitungsmodelle für die Vektoren verschnitten. Dies erlaubt eine differenzierte Darstellung, die entweder nur die Basisreproduktionszahl oder zusätzlich auch die klimatische Eignung für die jeweiligen Vektoren berücksichtigt. Als Schnittstelle für den Datenaustausch wird das weit verbreitete GeoTiff-Format verwendet, sodass eine Modifikation oder gar ein kompletter Austausch der Darstellungseinheit jederzeit problemlos möglich ist. Die interaktiven Karten sind unter www.bayceer.uni-bayreuth.de/bayvirmos/ -> Risikokarten erreichbar.

Es wird die Berechnung für das Bundesland Bayern dargestellt. Im Kartenbereich kann navigiert werden (zoomen und die Karte verschieben). Mit der Ortseingabe über das Lupensymbol kann man die Karte an einem gewünschten Ort vergrößert darstellen. Mit dem Symbol drüber gelangt man wieder zur Gesamtansicht.

Der Schieberegler unten erlaubt das Navigieren auf der Zeitachse. Die Ergebnisse werden jeweils für den gewählten Tag in der Karte dargestellt. Den zeitlichen Verlauf an einem bestimmten Ort erhält man, wenn man ihn in der Karte anklickt. Es erscheint dann unterhalb der Karte ein Graph, der die berechneten Werte für alle verfügbaren Tage des Jahres anzeigt. Die gestrichelte horizontale Linie kennzeichnet R0 = 1 und die vertikale durchgezogene Linie den gewählten Tag.

Unterhalb der Karte ist ein Auswahlfeld. Dort kann man den Grad der Berücksichtigung von Vektoren einstellen. Für die je nach Krankheit in Bayern relevanten Vektoren gibt es je 3 Auswahlmöglichkeiten "> min Train", "ohne 5 % der Extremwerte" bzw. "ohne 10 % der Extremwerte". Es werden dadurch unterschiedliche Bereiche ausgeschlossen, für die, unter den gegebenen Annahmen, ein Auftreten unwahrscheinlich ist.

Interpretation der Risikokarte:

Die Ergebnisse der epidemiologischen Modelle können mit den Ergebnissen der Artverbreitungsmodelle für die Stechmücken überlagert werden. Dies erlaubt eine differenzierte Darstellung, die entweder nur die Basisreproduktionszahl (die "erwartete" Anzahl der Sekundärfälle, die einer ersten infizierten Person folgen) oder zusätzlich auch die klimatische Eignung für die jeweiligen Vektoren berücksichtigt. Dargestellt wird jeweils der R0-Wert.

Interpretation des Jahresverlaufsgraphen:

Die einzelnen schwarzen Punkte stellen die jeweils berechneten Tageswerte von R0 dar. Die blaue Linie stellt einen vereinfachten zeitlichen Verlauf dar, um die Orientierung in der Punktverteilung zu erleichtern. Ist sie über mehrere Tage oberhalb der horizontalen

gestrichelten Linie (R0 = 1) ist von einem höheren Risiko auszugehen, dass sich eine ggf. eingetragene Krankheit ausbreiten konnte.

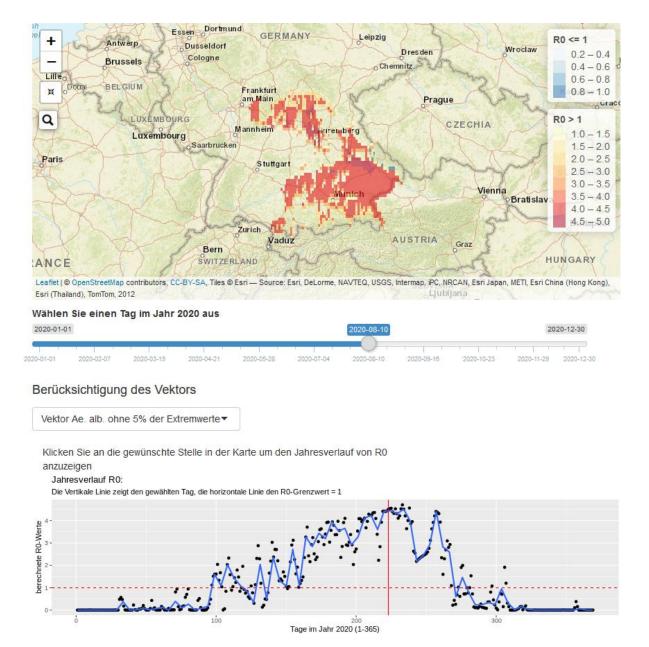


Abb. 3.4.5-1: Benutzerinterface der Interaktiven Website mit Darstellung der Modelle für das Dengue-Fieber. Oben die räumliche Darstellung der Basisreproduktionszahl für Bayern am 10. August 2020. Der jeweilige Tag lässt sich mittels des Schiebereglers unter der Karte auswählen. Die Berücksichtigung der Verbreitung des Vektors lässt sich darunter auswählen (hier das Artverbreitungsmodell für Ae. Albopictus mit dem 5-Perzentil-Grenzwert). Ein Klick in die Karte lässt unten den Jahresverlauf von R₀ am gewählten Ort erscheinen, die vertikale rote Linie zeigt den oben ausgewählten Zeitpunkt

3.4.6 AP 4.6 Konzept zum weiteren Betrieb der Plattform nach Ende des Projektes

Ein Konzept zum weitern Betrieb der Plattform, z.B. unter dem Dach des LGL, nach Projektende soll den Fortbestand und die tatsächliche Nutzung der Plattform ermöglichen. Hierzu wurde nach Gesprächen mit LGL, LfU und speziell der Webredaktion des LGL (Gespräche 6. Juli 2020) eine schriftliche Ausarbeitung eingereicht (siehe Anhang 8.6). Ein weiterer Informationsaustausch bzgl. der aktuell verwendeten Techniken wurde Ende 2020 angeboten, um detaillierte Absprachen für eine Übergabe des Systems zu treffen.

3.5 Meilenstein 5: Testlauf Internetplattform

3.5.1 AP 5.1 Eingeschränkter Testkreis in Abstimmung mit Projektträger

Die erste Version der interaktiven Risikokarten ist seit März 2020 online. Der Link zur Webseite wurde an den Projektträger weitergegeben und mögliche Verbesserungen besprochen.

3.5.2 AP 5.2 Einarbeitung der Ergebnisse

Eine Suchmaske zum schnellen Auffinden von Orten wurde auf der Karte integriert. Nach Auswahl wird auf den Ort in der Karte gezoomt. Beim Herauszoomen wird ein Kreis um den Ort dargestellt, um das Umfeld des Ortes beurteilen zu können. Die Erklärungen der Legenden wurden allgemeinverständlicher formuliert.

3.5.3 AP 5.3 Erweiterter Testkreis in Abstimmung mit Projektträger

Nachdem die Plattform bereits im März 2020 online ging, sollten anschließend die fachlich relevanten Ärztinnen und Ärzte, die bei der Bayerischen Landesärztekammer BLÄK gemeldet sind (über 2600 bayerischen Ärzten, siehe auch AP 6.6) per E-mail und Flyer um Feedback zur Internet Plattform gebeten werden. Aufgrund der unvorhersehbaren und extremen Auslastung im Gesundheitswesen in diesen und den folgenden Monaten wurde beschlossen, diesen letzten Schritt der Optimierung durch die Umfrage in einem erweiterten Testkreis nicht durchzuführen.

3.5.4 AP 5.4 Einarbeitung der Ergebnisse

Die Einbeziehung eines erweiterten Testkreises erfolgte aufgrund des Ausbruches der Coronapandemie nicht mehr. Die dargestellten Inhalte der Webseite wurden dennoch mehrfach durch unsere Arbeitsgruppe überarbeitet.

3.5.5 AP 5.5 Anpassung des Konzeptes zum weiteren Betrieb der Plattform nach Ende des Projektes

Eine Anpassung des Konzeptes zum weiteren Betrieb der Plattform aufgrund von Änderungswünschen durch den Projektträger wurde nicht angefragt.

3.6 Meilenstein 6: Abschlussbericht

3.6.1 AP 6.1 Aufbereitung von Abbildungen für den Bericht

Siehe insbesondere Meilenstein 1-3.

3.6.2 AP 6.2 Ausarbeitung einer Powerpoint-Präsentation und eines Posters Siehe gesonderte Anlage.

3.6.3 AP 6.3 Erstellung des Schlussberichtes (max. 50 Seiten, barrierearm) Hier vorliegend.

3.6.4 AP 6.4 Erstellung des Projektsteckbriefes (2 Seiten, vorgezogen)

Der zweitseitige Projektsteckbrief wurde am 20.07.2019 an die Projektkoordination übermittelt, siehe Anhang 8.5.1.

3.6.5 AP 6.5 Kurzevaluation

Wurden die Ergebnisse des Vorhabens genutzt, verwertet und in die Praxis umgesetzt? Erste Gespräche für die Nutzung der online Informationsplattform durch das LGL wurden bereits geführt, ein ausführliches Konzept zum Weiterbetreiben der Plattform über das Projektende hinaus erstellt (siehe AP 4.6)

Welche weiteren FuE-Tätigkeiten resultierten aus dem Vorhaben?

Ein europäisches BiodivERsA Projekt mit Partnern aus Frankreich, Belgien und Deutschland beschäftigt sich mit den Diversitätskomponenten stechmücken-übertragender Krankheiten unter Klimawandelbedingungen (DiMoC). Die Leitung liegt am Lehrstuhl Biogeografie der Universität Bayreuth.

Wie wurden die Ergebnisse öffentlichkeitswirksam präsentiert und publiziert? Nähere Erläuterungen finden sich in Kapitel 4.1.4 und Anhang 8.3 bis 8.5.

Wie ist die Resonanz auf die Forschungsergebnisse?

Hohes Interesse an den erarbeiteten Modellen hatte das Landesamt für Gesundheit (LGA) in Baden-Württemberg, da hier die Ansiedlung der Asiatischen Tigermücke bereits festgestellt werden kann. In Absprache mit dem LGL wurden die Ergebnisse des der Artverbreitungsmodellierung für die Landkreise gemittelt dem LGA zur Verfügung gestellt und werden auf dem Geoportal (https://www.geoportal-bw.de) öffentlich zur Verfügung gestellt. Die Einladung zu verschiedenen Radiobeiträgen im Jahr 2019 zeigen, dass das Interesse and stechmücken-übertragenen Krankheiten in der Öffentlichkeit deutlich zugenommen haben. Aufgrund des überraschenden Pandemiegeschehens wurde die Aufmerksamkeit bzgl. gesundheitsrelevanter Themen im Jahr 2020 jedoch fast durchgängig durch SARS-CoV-2 bestimmt.

3.6.6 AP 6.6 Proaktive hochaufgelöste Information Gesundheitswesen & praktizierende Ärzte

Aus den Veröffentlichungen der Bayerischen Landesärztekammer (BLÄK) (Internetauftritt 2019) wurden die E-Mail-Adressen von **2627 in Bayern tätigen Ärzten** zusammengestellt, die eine Zusatzqualifikation Infektiologie, Tropenmedizin oder Umweltmedizin führen und daher voraussichtlich ein besonderes Interesse an der Nutzung der hier entwickelten webbasierten Informationsplattform haben. Diese Liste kann bei Übernahme der Plattform, z.B. durch das LGL, als Grundlage für die Information der Ärzteschaft in Bayern dienen (Anhang 8.5.3).

Ein **bundeslandübergreifender Stakeholder-Workshop** im Rahmen des Fachaustausches zum Management von *Ae. albopictus* und importierten Arbovirosen (23.10.2019 in Stuttgart), organisiert durch die Projektverantwortlichen von ARBOKOM am LGA, ermöglichte die Vorstellung und Diskussion des Projektes BayVirMos mit knapp 30 Vertretern des Gesundheitswesens aus Bayern, Baden-Württemberg, Hessen, Rheinland-Pfalz, und Thüringen.

Mehrere deutschsprachige Publikationen wurden veröffentlicht, die die Ziele und Methoden des Projektes vorstellen: (1) Zeitschrift *Flugmedizin Tropenmedizin Reisemedizin*: Beierkuhnlein C, Thomas SM Stechmückenübertragene Krankheiten in Zeiten des globalen Wandels, 2020; 27: 14–19 und (2) Tagungsband *Simulation*: Thomas, SM, Beierkuhnlein, C: Kombination von Artverbreitungsmodellen und epidemiologischen Modellen zur Vorhersage stechmücken-übertragener arboviraler Krankheiten in Wittmann, J. and Maretis, DK: Simulation in den Umwelt- und Geowissenschaften, Shaker, Aachen (2020) und (3) Zeitschrift der Universität Bayreuth – *Spektrum*: Thomas, SM, Beierkuhnlein, C: Klimawandel und Biodiversität beeinflussen die Virenübertragung, Spektrum: Gesundheit und Medizin, Ausgabe 2 (2020), S.45-47. Weitere englischsprachige Publikation sind in Anhang 8.3 gelistet.

Eine abschließende Publikation zur Darstellung der Methoden und Ergebnisse wird derzeit für die Zeitschrift *Deutsches Ärzteblatt* vorbereitet.

Eine Funktions-E-mail (bayvirmos@uni-bayreuth.de) wurde eingerichtet, um die Kommunikation mit Stakeholdern zu vereinfachen.

4 Darstellung des Nutzens im Rahmen der Bayerischen Klimaanpassungsstrategie

Die Bayerische Klima-Anpassungsstrategie umfasst insgesamt 15 Handlungsfelder (StMUV 2017). Das Projekt BayVirMos unterstützt Bayern im Handlungsfeld "Menschliche Gesundheit". Als Handlungsziel ist der Erhalt der Leistungsfähigkeit und Gesundheit des Menschen genannt, dabei spielt die "Entwicklung von Warnsystemen, der Prophylaxe und der Vorhersage" eine wichtige Rolle.

Der Maßnahmenkatalog (Tabelle 31, StMUV 2017) zur Klimaanpassung in Bezug auf "Infektiöse Krankheiten" schlägt unter anderem vor:

 Weitere Anpassung der STIKO-Empfehlungen, so dass geeignete Impfungen zur Prävention von durch Vektoren übertragbare Infektionskrankheiten durchgeführt werden können (z. B. FSME) (IK 01)

- Monitoring zur Ausbreitung von Infektionskrankheiten sowie von etablierten und potenziellen Vektoren z. B. von Mücken und Zecken (IK_02)
- Warnsysteme und Ausweisung von Risikogebieten mit erh\u00f6hter Infektionsgefahr (IK_03)

Mit der Entwicklung einer online Informationsplattform setzt BayVirMos die Maßnahme (IK_03) der Entwicklung eines Warnsystems für die stechmücken-übertragene Krankheiten Dengue, Chikungunya, West-Nil-Fieber und Usutu um. Die Plattform kann außerdem um weitere (vektor-übertragene) infektiöse Krankheiten ergänzt werden, deren Übertragungsrisiko sich zeitlich und räumlich aufgrund der Wetterbedingungen (z.B. Temperatur) ändert und über ein epidemiologisches Model abgebildet werden kann. Dies unterstützt gleichzeitig ein effektives Monitoring von Infektionskrankheiten (IK_02), da besondere risikoreiche Gebiete für eine mögliche Übertragung räumlich und zeitlich eingegrenzt werden können. Die Modellierung und kartographische Darstellung der potentiell klimatisch günstigen Habitate für das Auftreten von Stechmücken unterstützt zudem das Monitoring und die Kontrolle dieser krankheitsübertragenden Arten durch (IK_02). Sollten vermehrt Reiseerkrankungen bzw. Vireneinträge über Vögel oder andere Tiere festgestellt werden, gleichzeitig günstige Temperaturen ein Übertragungsrisiko für Pathogene erhöhen, könnten diese Informationen zukünftig als Grundlage für regional angepasste Impfempfehlungen dienen (IK 01). Aktuell stehen jedoch noch keine Impfungen (bzw. nur eingeschränkt für Dengue) zur Verfügung..

Der Maßnahmenkatalog (Tabelle 32, StMUV 2017) zur Klimaanpassung in Bezug auf "Allgemeine Maßnahmen" sieht unter anderem vor:

Erweiterung der Schulungsinhalte des medizinischen Pflege- und Fachpersonals im Zusammenhang mit zunehmenden gesundheitlichen Belastungen durch neue Krankheitsüberträger/ -symptome (AG_01)

Aufklärung der Bevölkerung zu möglichen neuartigen gesundheitlichen Gefahren (anlassbezogen) (AG_02)

Die Entwicklung einer online Informationsplattform für stechmücken-übertragene Krankheiten unterstützt diese beiden Allgemeinen Maßnahmen (AG_01 und AG_02), indem zum einen zur Aufklärung der Öffentlichkeit allgemein verständliche Informationen zu Stechmücken und von diesen übertragene Viren zur Verfügung gestellt werden und zum anderen, aktuelle Risikogebiete anhand der tagesaktuellen Temperaturdaten aufgezeigt werden. Diese Informationen können auch direkt als Grundlage für die Schulung medizinischen Fachpersonals genutzt werden.

Ebenfalls denkbar ist es, ein Nutzen des Projektes BayVirMos im Handlungsfeld "Tourismus" der Bayerischen Klima-Anpassungsstrategie zu sehen. Selbst wenn kein Risiko für eine Virenübertragung besteht (z.B. zu kühle Temperaturen, keine Einträge durch Reisende), können neuauftretende Stechmücken vermehrt als Lästlinge auftreten. Gerade die Asiatische Tigermücke Ae. albopictus ist für ihr aggressives und tagaktives Beißverhalten bekannt. Kommt es in touristischen Gebieten zur dauerhaften Ansiedlung der Mücke, nimmt die Attraktivität des Gebietes für Aktivitäten im Freien stark ab, bzw. die Kosten zur Bekämpfung der Mücken zu (Canali et al. 2017). Mückenkontrolle erfolgt meist im Larvalstadium mit Hilfe von Larviziden (z.B. Sporen des Bakteriums Bacillus thuringiensis israelensis, Larven von räuberischen Nützlingen werden so nicht getötet) oder mit Fallen für adulte Mücken (z,B. Biogent Fallen). Bisher ist die Eindämmung von neuauftretenden Lästlingen aufgrund neu entstehender klimatisch geeigneter Gebiete nicht im Handlungsfeld Tourismus genannt, hier

geht es bisher vielmehr um die Verschiebung der räumlichen Präferenz und Reisezeit von Touristenströmen und die Anpassung der touristischen Infrastruktur. Eine Ergänzung der oben genannten Thematik vor dem Hinblick der bereits gemachten Erfahrungen z.B. in der Toskana/Italien sollte für zukünftige Strategien in Betracht gezogen werden.

5 Ausblick und weiterer Forschungsbedarf

Aus den bisherigen Arbeiten am Projekt BayVirMos ergibt sich weiterer Forschungsbedarf.

Während die zeitliche Auflösung der epidemiologischen Modelle (täglich) sehr hoch ist, kann die räumliche Auflösung weiter verbessert werden. Insbesondere in Städten, die aufgrund ihrer dichten Besiedlung und des Urbanen Wärmeinsel-Effekts von einer möglichen Krankheitsübertragung besonders betroffen sein könnten, wird eine Erhöhung der räumlichen Auflösung als überaus sinnvoll erachtet. Denkbar wäre eine Kopplung der epidemiologischen Modelle an die Stadtklimasimulationen (prozessgestützte Modellierung von Windströmung und Wärmeeffekten), die im VKG Projekt MISKOR "Minderung Städtischer Klima- und Ozon Risiken" entwickelt wurden. Die Validierung und Bestimmung der Sensitivität der epidemiologischen Modelle ist ein weiterer wichtiger Schritt für die langfristig Anwendung der Modelle.

Die hier entwickelten Artverbreitungsmodelle nutzen abiotische Umweltfaktoren, die die Abschätzung für die potenzielle dauerhafte Ansiedlung der Stechmücke in einem Gebiet ermöglichen (klimatische Faktoren, Grün des Kronendaches als Proxy für oberflächennahe Bodenfeuchte, Index für menschlichen Einfluss). Eine Weiterentwicklung der hier genutzten Artverbreitungsmodelle stellen die sog. Joint species distribution models (JSDMs) dar, die mehrere Arten gleichzeitig betrachten können. Damit kann zusätzlich der gegenseitige Einfluss der Arten untereinander als Informationsgehalt im Model genutzt werden (indirekt: biotische Interaktionen, z.B. Konkurrenz) um die Projektionen geeigneter Habitate weiter zu verbessern. Zudem erlauben es diese JSDMs Abundanzen, also die Anzahl von Stechmücken, abzubilden - ein entscheidender Vorteil, da die Krankheitsübertragung nicht nur vom Vorkommen-Nichtvorkommen einer Art abhängt, sondern vor allem auch von deren Häufigkeit an einem bestimmten Ort. Dieses Vorgehen kann vor allem für die invasive, in Bayern noch nicht flächig eingewanderte Asiatische Tigermücke von Bedeutung, die eine hohe Vektorkompetenz für verschiedenste Viren und Dirofilarien besitzt. Der Einfluss der Biodiversität von Vektoren und Wirten auf die Krankheitsübertragung rückt auf internationaler Ebene (Biodiversa, IPBES) immer weiter in den Focus der Wissenschaft. Diese Wissenslücke kann durch mithilfe abgestimmter Labor-, Feld- und Modellierungsarbeiten geschlossen werden. Wind als Einflussfaktor auf das Flugverhalten und die Etablierungsmöglichkeit der Asiatischen Tigermücke, ist bisher nur selten und unsystematisch untersucht worden. Eine vorläufige Studie im Rahmen einer Masterarbeit am Lehrstuhl Biogeografie legt nahe, dass das Nicht-Vorkommen der Art in Europa in grundsätzlich klimatisch geeigneten Gebieten von den tatsächlichen Windgeschwindigkeiten abhängt. Detaillierte und systematische Erhebungen im Rahmen von Labor- und Feldexperimenten sind für das Management dieses Vektors auch international von hohem Interesse. Weitere methodische Untersuchungen werden als sinnvoll erachtet. Es blieb unklar, warum Artverbreitungsmodelle, die auf globalen Klimadaten (Worldclim, CHELSA) gefittet wurden, nicht optimal mit Regionalen Klimamodellen in die Zukunft projiziert werden konnten. Außerdem wird die Modellentwicklung durch die Verbesserung der Datengrundlage für die Parametrisierung der epidemiologischen Modelle, v.a. unter Berücksichtigung temperater Gegebenheiten, weiter unterstützt.

Alle in BayVirMos entwickelten Modelle können von Bayern auf Deutschland übertragen werden und um weitere (vektor-übertragene) infektiöse Krankheiten ergänzt werden, deren Übertragungsrisiko sich zeitlich und räumlich aufgrund der Wetterbedingungen (z.B. Temperatur) ändert.

Handlungsbedarf ergibt sich insbesondere in Bezug auf die mögliche weitere Ansiedlung und Ausbreitung der Asiatischen Tigermücke. Auch wenn die modellierte klimatische Eignung zum Ende des Jahrhunderts hin nach einem zwischenzeitlichen Optimum wieder leicht abnimmt, so liegt sie doch konstant deutlich über den Werten für die Baseline/Referenzperiode. Dabei gilt es zu beachten, dass eine mögliche Anpassung der Art an die lokal vorherrschenden Klimabedingungen in den Modellen nicht berücksichtigt werden kann. Weiterhin gehen wir davon aus, dass aufgrund der eingeschränkt zugängigen Datenlage der Vorkommenspunkte in Deutschland, die klimatisch geeigneten Gebiete in Bayern eher unterschätzt wurden. Ein durch Modelle unterstütztes, gezieltes Monitoring und die Kontrolle der Stechmücken, auch durch Aufklärung der Bevölkerung, wird als überaus sinnvoll für den vorsorgenden Gesundheitsschutz in Bayern eingestuft. Die Asiatische Tigermücke wird häufig als invasiv beschrieben (z.B, WHO, ECDC). Zu den Merkmalen gebietsfremder invasiver Arten gehören schnelle Vermehrung und schnelles Wachstum, hohe Ausbreitungsfähigkeit, phänotypische Plastizität (Fähigkeit zur physiologischen Anpassung an neue Bedingungen) und die Fähigkeit. auf verschiedenen Nahrungstypen und in einem breiten Spektrum von Umweltbedingungen zu überleben. Es gibt verschiedene Definitionen für die Invasivität einer Art. Die "Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services (IPBES)" ist ein zwischenstaatliches Gremium, das auf Anfrage von Entscheidungsträgern den Zustand der Biodiversität und der von ihr erbrachten Ökosystemleistungen für die Gesellschaft bewertet. In der "Thematische Bewertung von invasiven gebietsfremden Arten" durch IPBES wurde 2018 festgelegt: invasive gebietsfremde Arten sind Tiere, Pflanzen oder andere Organismen, die direkt oder indirekt vom Menschen an Orte außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets eingeführt wurden, wo sie sich etabliert und ausgebreitet haben und Auswirkungen auf lokale Ökosysteme und Arten haben. Die Convention on "Biological CBD" hat eine Zusammenstellung weitere Definitionen (https://www.cbd.int/invasive/terms.shtml) Die "Invasive Species Specialist Group (ISSG)" verwaltet die "Global Invasive Species Database" und verwendet die ISSG folgende zwei Definitionen: 1. Aus der "World Conservation Union - IUCN (2000) IUCN Guidelines for the Prevention of Biodiversity Loss caused by Alien Invasive Species ": "Gebietsfremde invasive Art" bedeutet eine gebietsfremde Art, die sich in natürlichen oder naturnahen Ökosystemen oder Lebensräumen etabliert, Veränderungen bewirkt und die einheimische biologische Vielfalt bedroht. 2. Aus dem Beschluss VI/23 der Sechsten Konferenz der Vertragsparteien (COP6) des Übereinkommens über die biologische Vielfalt (CBD) im Jahr 2002 "Invasive gebietsfremde Art" bedeutet eine gebietsfremde Art, deren Einführung und/oder Verbreitung die biologische Vielfalt bedroht. Die ISSG stuft die Asiatische Tigermücke als eine der 100 "World's Worst Invaders" ein (https://ipbes.net/sites/default/files/ipbes-6-inf-10_en.pdf). Dennoch wurde diese Stechmücke bisher nicht als "invasive" Art im Sinne der EU-Verordnung (11.34) aufgenommen, was zur Folge hätte, dass europäische Umweltverwaltungen bei der Kontrolle der Art (finanziell und organisatorisch) in die Pflicht genommen werden könnten. Auf Anfrage beim Team der Europäischen Kommission zu gebietsfremden invasiven Arten, warum die Asiatische Tigermücke nicht als "invasive" Art im Sinne der EU-Verordnung (11.34) gilt, wurde mitgeteilt: "Damit eine Art in die Liste der invasiven gebietsfremden Arten, die für die Union von Belang sind, aufgenommen werden kann, muss sie alle Kriterien gemäß Artikel 4 Absatz 3 der Verordnung (EU) 1143/2014 erfüllen. Insbesondere muss gemäß Artikel 4 Absatz 3 Buchstabe c nachgewiesen werden, dass eine Art wahrscheinlich Auswirkungen auf die biologische Vielfalt oder damit verbundene Ökosystemleistungen hat. Die Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit oder die Wirtschaft werden nur als erschwerender Faktor erwähnt. Daher ist es nicht möglich, Aedes albopictus in die Liste der invasiven gebietsfremden Arten, die für die Union von Belang sind, aufzunehmen, solange kein Nachweis über die negativen Auswirkungen der Art auf die biologische Vielfalt oder damit zusammenhängende Ökosystemdienstleistungen vorliegt." (persönliche Mitteilung, email 5.12.2019). Daher ist es sinnvoll, detaillierte Untersuchungen der Interaktionen der Asiatischen Tigermücke mit heimischen Stechmücken durchzuführen, die neue Erkenntnisse liefern könnten, die die Neuaufnahme der Art als "invasive" Art im Sinne der EU-Verordnung (11.34) zu begründen.

6 Glossar

CHIKV Chikungunya-Virus

DENV Dengue-Virus

EVI Enhanced Vegetation Index

HII Human Influence Index

LGL Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit

LfU Bayerisches Landesamt für Umwelt

MODIS Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer

StMUV Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz

StMGP Bayerisches Staatsministerium für Gesundheit und Pflege

R₀ Basisreproduktionszahl

USUV Usutu-Virus

WNV West-Nil-Virus

7 Literaturverzeichnis

- Ahmed, Q. A. and Z. A. Memish (2017). The public health planners' perfect storm: hurricane Matthew and Zika virus. *Travel Medicine and Infectious Disease* **15**: 63–66.
- Aiello-Lammens, M. E., R. A. Boria, A. Radosavljevic, B. Vilela and R. P. Anderson (2015). spThin: an R package for spatial thinning of species occurrence records for use in ecological niche models. *Ecography* **38(5)**: 541–545.
- Andriamifidy, R. F., N. B. Tjaden, C. Beierkuhnlein and S. M. Thomas (2019). Do we know how mosquito disease vectors will respond to climate change? *Emerging Topics in Life Sciences* **3(2)**: 115–132.
- Barve, N.; Barve, V. (2019), ENMGadgets: Pre and Post Processing in ENM Workflow. R package version 0.1.0.1. Online: https://rdrr.io/github/vijaybarve/ENMGadgets/ letzter Abruf: 24.02.2021.
- Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz (2017) Bayerische Klima-Anpassungsstrategie. Ausgabe 2016, Konzept und Redaktion Bayerisches Landesamt für Umwelt (LfU), Referat 81, Susann Schwarzak, Dr. Michael Joneck, 222 Seiten.
- Beck, H. E., N. E. Zimmermann, T. R. McVicar, N. Vergopolan, A. Berg and E. F. Wood (2018). Present and future Köppen-Geiger climate classification maps at 1-km resolution. *Scientific Data* **5**: 180214.
- Becker, N., K. Huber, B. Pluskota and A. Kaiser (2011). *Ochlerotatus japonicus japonicus -* a newly established neozoan in Germany and a revised list of the German mosquito fauna. *European Mosquito Bulletin* **29:** 88–102.
- Bergsman, L. D., J. H. Hyman and C. A. Manore (2016). A mathematical model for the spread of West Nile virus in migratory and resident birds. *Mathematical Biosciences and Engineering* **13(2)**: 401–424.

- Bevins, S. (2007). Establishment and abundance of a recently introduced mosquito species Ochlerotatus japonicus (Diptera: Culicidae) in the southern Appalachians, USA. Journal of Medical Entomology **44(6)**: 945–952.
- Brady, O.J.; Hay, S.I. (2020), The Global Expansion of Dengue: How *Aedes aegypti* Mosquitoes Enabled the First Pandemic Arbovirus. *Annual Review of Entomology* **65**: 191–208.
- Cadar, D.; Lühken, R.; van der Jeugd, H.; Garigliany, M.; Ziegler, U.; Keller, M.; Lahoreau, J.; Lachmann, L.; et al. (2017). Widespread activity of multiple lineages of Usutu virus, western Europe, 2016. *Eurosurveillance*, **22(4)**: pii=30452.
- Canali, M.; Rivas-Morales, S.; Beutels, P.; Venturelli, C. (2017), The cost of arbovirus disease prevention in Europe: Area-wide integrated control of tiger mosquito, *Aedes albopictus*, in Emilia-Romagna, Northern Italy. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, **4:** 444.
- Cheng, Y. C., N. B. Tjaden, A. Jaeschke, R. Lühken, U. Ziegler, S. M. Thomas and C. Beierkuhnlein (2018a). Evaluating the risk for Usutu virus circulation in Europe: comparison of environmental niche models and epidemiological models. *International Journal of Health Geographics* **17:** 35.
- Cheng, Y. H., Y. J. Lin, S. C. Chen, S. H. You, W. Y. Chen, N. H. Hsieh, Y. F. Yang and C. M. Liao (2018b). Assessing health burden risk and control effect on dengue fever infection in the southern region of Taiwan. *Infection and Drug Resistance* **11**: 1423–1435.
- Clé, M.; Beck, C.; Salinas, S.; Lecollinet, S.; Gutierrez, S.; Van de Perre, P.; Baldet, T.; Foulongne, V.; et al. (2019). Usutu virus: a new threat? *Epidemiology and Infection*, **147**, e232.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Countries and territories where chikungunya cases have been reported. Online: https://www.cdc.gov/chikungunya/geo/index.html, letzter Abruf: 23.02.2021.
- D.N., K., O. Conrad, J. Böhner, T. Kawohl, H. Kreft, R. W. Soria-Auza, N. E. Zimmermann, H. P. Linder, et al. (2018). Data from: Climatologies at high resolution for the earth's land surface areas. *Dryad Digital Repository*.
- Delamater, P. L., Street, E. J., Leslie, T. F., Yang, Y. T., Jacobsen, K. H. (2019). Complexity of the basic reproducion number (R₀). *Emerging Infectious Diseases* **25(1)**.
- Delatte, H.; Desvars, A.; Bouétard, A.; Bord, S.; Gimonneau, G.; Vourc'h, G.; Fontenille, D. (2010) Blood-feeding behavior of Aedes albopictus, a vector of Chikungunya on La Réunion. Vector-Borne Zoonotic 10:249–258.
- Diekmann, O., J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts (2010). The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface* **7(47):** 873–885.
- Dieng, H., M. Boots, Y. Tsuda and M. Takagi (2003). A laboratory oviposition study in *Aedes albopictus* (Diptera: Culcidae) with reference to habitat size, leaf litter and their interactions. *Medical Entomology and Zoology* **54(1)**: 43–50.
- Dumont, Y., F. Chiroleu and C. Domerg (2008). On a temporal model for the chikungunya disease: Modeling, theory and numerics. *Mathematical Biosciences* **213(1):** 80–91.
- European Center for Disease Prevention and Control ECDC (2014), *Aedes japonicus* Factsheet for experts. Online: https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/facts/mosquito-factsheets/aedes-japonicus, letzter Abruf: 23.02.2021.

- European Center for Disease Prevention and Control ECDC (2016), *Aedes albopictus* Factsheet for experts. Online: https://ecdc.europa.eu/en/disease-ectors/facts/mosquito-factsheets/aedes-albopictus, letzter Abruf: 23.02.2021.
- European Centre for Disease Prevention and Control ECDC (2017), Epidemiological update: Chikungunya Europe 2017. Online: https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/epidemiological-update-chikungunya-europe-2017, letzter Abruf: 23.02.2021.
- European Centre for Disease Prevention and Control ECDC (2018), Epidemiological update: West Nile virus transmission season in Europe, 2018. Online: https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/epidemiological-update-west-nile-virus-transmission-season-europe-2018, letzter Abruf: 23.02.2021.
- European Centre for Disease Prevention and Control ECDC (2020), Autochthonous transmission of dengue in EU/EEA, 2010-2020. Online: https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/dengue/surveillance-and-disease-data/autochthonous-transmission-dengue-virus-eueea, letzter Abruf: 23.02.2021.
- Farajollahi, A.; Fonseca, D.M.; Kramer, L.D.; Kilpatrick, A.M. (2011), Bird biting mosquitoes and human disease: a review of the role of *Culex pipiens* complex mosquitoes in epidemiology. *Infection, genetics and evolution* **11(7):** 1577–1585.
- Gaibani, P., Rossini, G. (2017). An overview of Usutu virus. *Microbes and Infection* **19:** 382-387.
- Garzón, M. J., O. Jensen and N. Schweigmann (2014). Environmental factors related to the abundance and activity of *Ochlerotatus albifasciatus* (Diptera: Culicidae) in an agricultural landscape of steppe arid climate. *Journal of Medical Entomology* **51(4)**: 733–741.
- Gonzalez-Parra, G. C., D. F. Aranda, B. Chen-Charpentier, M. Diaz-Rodriguez and J. E. Castellanos (2019). Mathematical modeling and characterization of the spread of chikungunya in Colombia. *Mathematical and Computational Applications* **24(1)**.
- Gorelick, N., M. Hancher, M. Dixon, S. Ilyushchenko, D. Thau and R. Moore (2017). Google Earth Engine: Planetary-scale geospatial analysis for everyone. *Remote Sensing of Environment* **202**: 18–27.
- Hera, U., T. Rötzer, L. Zimmermann, C. Schulz, H. Maier, H. Weber and C. Kölling (2012). Klima en détail Neue, hochaufgelöste Klimakarten bilden wichtige Basis zur klimatischen Regionalisierung Bayerns. *LWF aktuell* **86:** 34–37.
- Hertig, E. (2019). Distribution of *Anopheles* vectors and potential malaria transmission stability in Europe and the Mediterranean area under future climate change. *Parasites Vectors* **12**.
- Hijmans, R. J., S. Phillips, J. Leathwick and J. Elith (2020). dismo: Species distribution modeling. Online: https://CRAN.R-project.org/package=dismo, letzter Abruf: 24.02.2021.
- Hubálek, Z.Z.; Halouzka, J.; Chancey, C.; Grinev, A.; Volkova, E.; Rios, M.; Gale, M. (2013), A Review of the Invasive Mosquitoes in Europe: Ecology, Public Health Risks, and Control Options. *Journal of Medical Entomology* **7(1):** 1–10.
- IPCC, 2013/2014: Klimaänderung 2013/2014: Zusammenfassungen für politische Entscheidungsträger. Beiträge der drei Arbeitsgruppen zum Fünften Sachstandsbericht des Zwischenstaatlichen Ausschusses für Klimaänderungen (IPCC). Deutsche Übersetzungen durch Deutsche IPCC-Koordinierungsstelle, Österreichisches Umweltbundesamt, ProClim, Bonn/Wien/Bern, 2016.

- Karger, D. N., O. Conrad, J. Böhner, T. Kawohl, H. Kreft, R. W. Soria-Auza, N. E. Zimmermann, P. Linder, et al. (2017). Climatologies at high resolution for the Earth land surface areas. *Scientific Data* **4**.
- Kampen, H.; Holicki, C.M.; Ziegler, U.; Groschup, M.; Tews, B.A.; Werner, D. (2020), West Nile Virus Mosquito Vectors (Diptera: Culicidae) in Germany. *Virus*es **12(5)**: 493.
- Kioutsioukis, I. and N. I. Stilianakis (2019). Assessment of West Nile virus transmission risk from a weather-dependent epidemiological model and a global sensitivity analysis framework. *Acta Tropica* **193**: 129–141.
- Koenraadt, C. J. M. and L. C. Harrington (2008). Flushing effect of rain on container-inhabiting mosquitoes *Aedes aegypti* and *Culex pipiens* (Diptera: Culicidae). *Journal of Medical Entomology* **45(1)**: 28–35.
- Koenraadt, C.J.M.; Möhlmann, T.W.R.; Verhulst, N.O.; Spitzen, J.; Vogels, C.B.F. (2019), Effect of overwintering on survival and vector competence of the West Nile virus vector *Culex pipiens*. *Parasites & Vectors* **12**: 147.
- Kraemer, M. U. G., M. E. Sinka, K. A. Duda, A. Q. N. Mylne, F. M. Shearer, C. M. Barker, C. G. Moore, R. G. Carvalho, et al. (2015). The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus. eLife* **4**.
- Kreß, A.; Oppold, A.-M.; Kuch, U.; Oehlmann, J.; Müller, R. (2017), Cold tolerance of the Asian tiger mosquito *Aedes albopictus* and its response to epigenetic alterations. *Journal of Insect Physiology* **99**, 113–121
- Kuhlisch, C.; Kampen, H.; Walther, D. (2018), The Asian tiger mosquito *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Central Germany: Surveillance in its northernmost distribution area. *Acta Tropica*. **188**, 78–85.
- Laperriere, V., K. Brugger and F. Rubel (2011). Simulation of the seasonal cycles of bird, equine and human West Nile virus cases. *Preventive Veterinary Medicine* **98(2–3)**B 99–110.
- Li, J., Blakeley, D., Smith, R.J. (2011). The failure of R₀. Computational and Mathematical Methods in Medicine **2011**: 527610.
- Liu, X., Baimaciwang;, Y. Yue, H. Wu, Pengcuociren, Y. Guo, Cirenwangla, D. Ren, et al. (2019). Breeding site characteristics and associated factors of *Culex pipiens* complex in Lhasa, Tibet, P. R. China. *International journal of environmental research and public health* **16(8)**.
- Manica, M., R. Rosa, A. della Torre and B. Caputo (2017). From eggs to bites: do ovitrap data provide reliable estimates of *Aedes albopictus* biting females? *Peerj* **5**.
- Manore, C. A., K. S. Hickmann, S. Xu, H. J. Wearing and J. M. Hyman (2014). Comparing dengue and chikungunya emergence and endemic transmission in *A. aegypti* and *A. albopictus. Journal of Theoretical* Biology **356**: 174–191.
- Martcheva, M. (2015). An introduction to mathematical epidemiology. New York, Heidelberg, Dordrecht, London: Springer.
- McMillan, J. R., P. M. Armstrong and T. G. Andreadis (2020). Patterns of mosquito and arbovirus community composition and ecological indexes of arboviral risk in the northeast United States. *Plos Neglected* Tropical *Diseases* **14(2)**.
- Michel, F.; Fischer, D.; Eiden, M.; Fast, C.; Reuschel, M.; Muller, K.; Rinder, M.; Urbaniak, S.; et al. 2018. West Nile virus and Usutu virus monitoring of wild birds in Germany. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, **15(1)**.
- Mordecai E.A.; Cohen, J.M.; Evans, M.V.; Gudapati, P.; Johnson, L.R.; Lippi, C.A. et al. (2017), Detecting the impact of temperature on transmission of Zika, dengue, and

- chikungunya using mechanistic models. *PLoS Neglected Tropical Diseases* **11**, e0005568.
- Muscarella, R., P. J. Galante, M. Soley-Guardia, R. A. Boria, J. M. Kass, M. Uriarte and R. P. Anderson (2014). ENMeval: An R package for conducting spatially independent evaluations and estimating optimal model complexity for Maxent ecological niche models *Methods in Ecology and Evolution* **5(11)**: 1198–1205.
- Peterson, A. T.; Papes, M.; Soberón, J. (2008), Rethinking receiver operating characteristic analysis applications in ecological niche modeling. *Ecological Modelling* **213(1)**: 63–72.
- Phillips, S. J., R. P. Anderson and R. E. Schapire (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* **190(3–4)**: 231–259.
- R Core Team (2017). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. https://www.R-project.org/.
- Rezza, G.; Nicoletti, L.; Angelini, R.; Romi, R.; Finarelli, A. C.; Panning, M.; Cordioli, P.; Fortuna, C.; et al. (2007), Infection with chikungunya virus in Italy: an outbreak in a temperate region. *The Lancet* **370**: 9602.
- Rijks, J. M.; Kik, M. L.; Slaterus, R.; Foppen, R.; Stroo, A.; IJzer, I.; Stahl, J.; Grone, A.; et al. 2016. Widespread Usutu virus outbreak in birds in the Netherlands, 2016. *Eurosurveillance*, **21(45)**: pii=30391.
- Roiz, D.; Rosà, R.; Arnoldi, D.; Rizzoli, A. (2010), Effects of temperature and rainfall on the activity and dynamics of host-seeking Aedes albopictus females in northern Italy. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* **10:** 811–816.
- Rozhkov, Y., O. Rozhkova and D. Tirski (2019). Chronicle of nature phenology of insects of State Nature Reserve Olekminsky. State Nature Reserve Olekminsky.
- Rubel, F., K. Brugger, M. Hantel, S. Chvala-Mannsberger, T. Bakonyi, H. Weissenböck and N. Nowotny (2008). Explaining Usutu virus dynamics in Austria: Model development and calibration. *Preventive Veterinary Medicine* **85(3–4):** 166–186.
- Schwartz, O.; Albert, M. (2010), Biology and pathogenesis of chikungunya virus. *Nature Reviews Microbiology* 8, 491–500.
- Schaffner, F.; Chouin, S.; Guilloteau, J. (2003), First record of Ochlerotatus (Finlaya) japonicus japonicus (Theobald, 1901) in metropolitan France. *Journal of the American Mosquito Control Association* **19:** 1–5.
- Service, M. W. (1980). Effects of wind on the behaviour and distribution of mosquitoes and blackflies. *International* Journal of *Biometeorology* **24**: 347–353.
- Shah, M. and S. Coulson (2021). Artportalen (Swedish Species Observation System) *SLU Artdatabanken*.
- Sillero, N., Barbosa, A. M. (2021). Commons mistakes in ecological niche models. *International Journal of Geographical Information Science* **35(2)**: 231-226
- Simmons, C.P.; Farrar, J.J.; Nguyen, V.V.V.; Wills, B. (2012), Dengue. *New England Journal of Medicine* **366**: 1423–1432.
- Tjaden, N.B.; Thomas, S.M.; Fischer. D.; Beierkuhnlein, C. (2013), Extrinsic incubation period of dengue: knowledge, backlog, and applications of temperature dependence. *PLoS Neglected Tropical Diseases* **7**: e2207.
- Tjaden, N. B., J. E. Suk, D. Fischer, S. M. Thomas, C. Beierkuhnlein and J. C. Semenza (2017). Modelling the effects of global climate change on Chikungunya transmission in the 21st century. *Scientific Reports* **7(1)**.

- Tolsá, M.J.; García-Peña, G.E.; Rico-Chávez, O.; Roche, B.; Suzán, G. (2018), Macroecology of birds potentially susceptible to West Nile virus. *Proceedings of the Royal Society B Biological Sciences* **285(1893):** 20182178.
- Trewin, B. J., B. H. Kay, J. M. Darbro and T. P. Hurst (2013). Increased container-breeding mosquito risk owing to drought-induced changes in water harvesting and storage in Brisbane, Australia. *International Health* **5(4)**: 251–258.
- Turell, M.J.; Dohm, D.J.; Sardelis, M.R.; Oguinn, M.L.; Andreadis, T.G.; Blow, J.A. (2005), An update on the potential of north American mosquitoes (Diptera: Culicidae) to transmit West Nile Virus. *Journal of Medical Entomology* **42:** 57–62.
- VanDerWal, J., L. P. Shoo, C. Graham and S. E. William (2009). Selecting pseudo-absence data for presence-only distribution modeling: How far should you stray from what you know? *Ecological Modelling* **220(4)**: 589–594.
- Verbundprojekt Klimawandel und Gesundheit VKG (2019), Protokoll des Netzwerktreffen am 30.04.2019 in München.
- WCS and CIESIN (2005). Last of the Wild Project, version 2, 2005 (LWP-2): Global Human Influence Index (HII) dataset (geographic). *NASA Socioeconomic Data and Applications Center (SEDAC)*. Palisades, NY.
- Worldometers.info (2020). Life Expectancy in Germany. Online: https://www.worldometers.info/demographics/germany-demographics, letzter Abruf: 17.12.2020.
- Ziegler, U., Lühken, R., Keller, M., Cadar, D., van der Grinten, E., Michel, F., Albrecht, K., Eiden, M., Rinder, M., Lachmann, L., Höper, D., Vina-Rodriguez, A., Gaede, W., Pohl, A., Schmidt-Chanasit, J., Groschup, M.H. (2019). West Nile virus epizootic in Germany, 2018, *Antiviral Research* 162: 39-43.

8 Anlagen

8.1 Zusätzliche Abbildungen

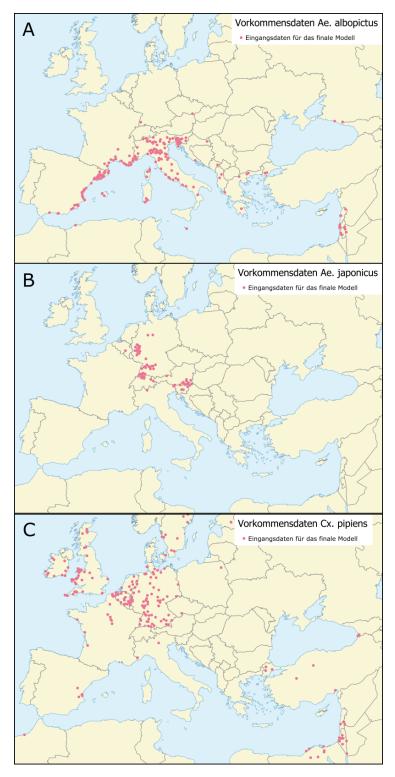


Abb. A1: Zur Erstellung der finalen Modelle verwendete (überprüfte, ausgedünnte) Artverbreitungsdaten (vgl. AP1.4 & Abb. 3.1.1-1) – Ausschnitt Europa. A: *Aedes albopictus*, B: *Aedes japonicus*, C: *Culex pipiens*.

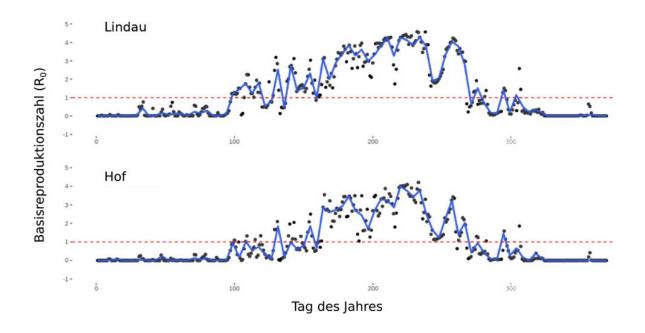


Abb. A2: Verlauf der Basisreproduktionszahl R_0 von Dengue im Jahresverlauf 2020 in Lindau (oben) und Hof (unten). Schwarze Punkte = Einzelwerte, blaue Linie = mittlerer Erwartungswert, rot gestrichelt = Grenzwert R_0 größer/kleiner 1.

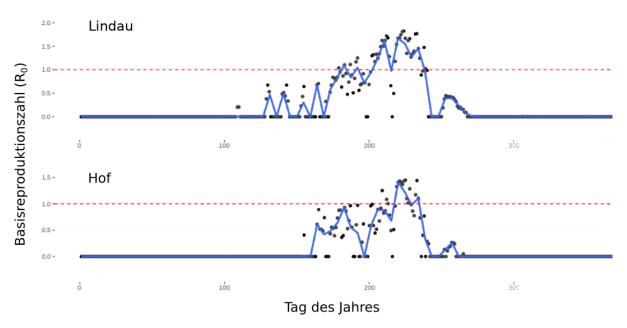


Abb. A3: Verlauf der Basisreproduktionszahl R_0 von Usutu im Jahresverlauf 2020 in Lindau (oben) und Hof (unten). Schwarze Punkte = Einzelwerte, blaue Linie = mittlerer Erwartungswert, rot gestrichelt = Grenzwert R_0 größer/kleiner 1.

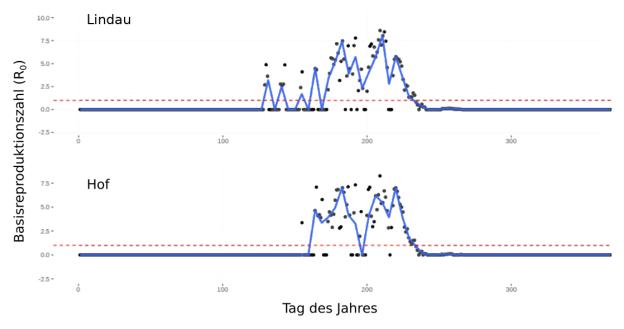


Abb. A4: Verlauf der Basisreproduktionszahl R_0 von West-Nil-Fieber im Jahresverlauf 2020 in Lindau (oben) und Hof (unten). Schwarze Punkte = Einzelwerte, blaue Linie = mittlerer Erwartungswert, rot gestrichelt = Grenzwert R_0 größer/kleiner 1.

8.2 Entwicklung des Epidemiologischen Modells für West-Nil-Fieber

8.2.1 Hintergrund

Zum Zeitpunkt des Projektes standen aus der Literatur insgesamt 21 epidemiologische Modelle für WNV zur Verfügung (Abb. A5). Diese wurden nahezu vollständig anhand der folgenden Ausschlusskriterien als für die Ziele des Projektes unzureichend verworfen:

- Berücksichtigung der Temperatur: Nur wenige Modelle berücksichtigen den Einfluss, den die Temperatur auf die wechselwarmen Vektoren (Stechmücken) und damit das Übertragungsgeschehen hat. Ausnahmen davon sind z.B. Kioutsioukis 2019, Laperriere 2011, McMillan 2020, Rubel 2008.
- 2) Möglichkeit der separaten Berücksichtigung von Zugvögeln und lokalen Populationen. Zugvögel können lokal großen Einfluss auf das Infektiosgeschehen haben. Sie können etwa saisonale Änderungen der Vogelpopulation bewirken oder Pathogene in zuvor unbetroffene Populationen einbringen. Um den Einfluss von Zugvögeln auf das Infektionsgeschehen berücksichtigen (und in der Zukunft ggf. eingehender untersuchen) zu können, ist es daher sinnvoll, diesen im Modell ein separates Kompartiment zuzuordnen.

Diese Kriterien erfüllen die Modelle von Bergsmann (2016) und McMillan (2020). Das Modell von Bergsmann (2016) ist jedoch ein vereinfachtes *SIR*-Modell, dass (anders als die für alle anderen Krankheiten im Projekt verwendeten *SEIR*-Modelle) kein separates Kompartiment für jene Individuen beinhaltet, die dem Pathogen ausgesetzt waren (E = *exposed*), aber noch nicht selbst infektiös sind. Das Modell von McMillan (2020) hingegen beinhaltet zusätzliche Wirtsstadien, die für das Projekt irrelevant sind und damit das Modell unnötig verkomplizieren.

Da in der Literatur kein Modell existiert, das den Anforderungen des Projektes entspricht, wurde stattdessen ein neues Modell konstruiert. Das Modell orientiert sich strukturell stark an

den bestehenden Konstruktionen von Kioutsioukis (2019), Laperriere (2011) und Rubel (2008), wurde aber um ein separates Kompartiment für Zugvögel erweitert.

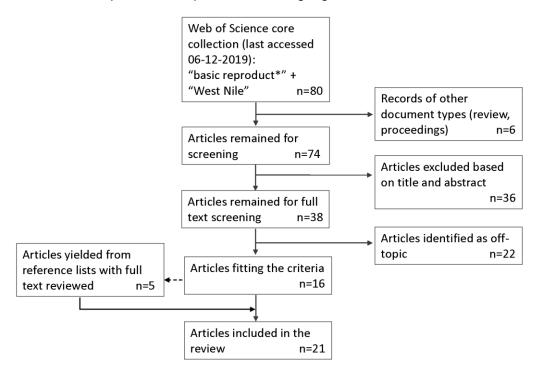


Abb. A5: Flussdiagramm zur Literaturrecherche bezüglich geeigneter epidemiologischer Modelle für West-Nil-Fieber.

8.2.2 Konstruktion des Modells

Jedes Kompartiment (Gesundheitszustand) der Wirte (B = birds, Vögel) und Vektoren (M = mosquitoes, Stechmücken) kann durch eine Gewöhnliche Differentialgleichung (GDGL) dargestellt werden.

Vogelpopulation

Populationswachstum lokaler Vögel (B₁; Zugvögel analog dazu B₂):

$$\frac{dN_{B_1}}{dt} = r_{B_1}N_{B_1} = b_{B_1}N_{B_1} - m_{B_1}N_{B_1}$$

Mit:

 N_{B_1} = Gesamtzahl (lokaler) Vögel

 r_{B_1} = Wachstumsrate der (lokalen) Vogelpopulation

 b_{B_1} = Geburtsrate (lokaler) Vögel

 m_{B_4} natürliche Mortalitätsrate (lokaler) Vögel

Unter Annahme logistischen Populationswachstums:

$$\frac{dN_{B_1}}{dt} = r_{B_1} \left(1 - \frac{N_{B_1}}{K_{B_1}} \right) N_{B_1}$$

Mit:

 $K_{B_1}=$ Umweltkapazität – maximale Anzahl an Individuen, die die Umwelt unter idealen Bedingungen beherbergen kann.

Aus $r_{B_1} = b_{B_1} - m_{B_1}$ folgt:

$$\frac{dN_{B_1}}{dt} = \left(b_{B_1} - \left(b_{B_1} - m_{B_1}\right) \frac{N_{B_1}}{K_{B_1}}\right) N_{B_1} - m_{B_1} N_{B_1}$$

Stechmückenpopulation

Hier werden nur weibliche Individuen berücksichtigt, da Männchen keine Blutmahlzeiten nehmen und somit nicht am Übertragungszyklusbeteiligt sind. Die Population larvaler Stechmücken (hier zusammenfassend alle aquatischen Larven- und Puppenstadien) folgt unter Idealbedingungen ebenfalls einer logistischen Wachstumskurve:

$$\frac{dL_M}{dt} = (b_L N_M - m_L L_M) \left(1 - \frac{L_M}{K_M} \right) - b_M L_M$$

Mit:

 $L_M = Gesamtanzahl Larven$

 $b_L = Geburtsrate Larven (Schlupfrate)$

 $m_L =$ natürliche Mortalitätsrate Larven

 $b_M = \text{Geburtsrate Stechmücken (Transformations rate Larve} \rightarrow \text{Imago)}.$

Die Gesamtanzahl adulter Stechmücken berechnet sich damit als (N_M) :

$$\frac{dN_M}{dt} = b_M L_M - m_M N_M$$

Übertragung zwischen Stechmücken und Vögeln

$$\lambda_{B_1 M} S_M = C_1 \frac{I_{B_1}}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_M$$

$$\lambda_{MB_1} S_{B_1} = \beta_1 \frac{I_M}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_{B_1}$$

 λ_{MB_1} und λ_{B_1M} stehen dabei für den Anteil erfolgreicher Übertragungen pro Stich in der Richtung Stechmücke \rightarrow Vogel bzw. Vogel \rightarrow Stechmücke. \mathcal{C}_1 ist das Produkt aus Bissrate und Übertragungswahrscheinlichkeit Stechmücke \rightarrow Vogel; β_1 analog in Gegenrichtung.

Für die Übertragung zwischen Stechmücken und Zugvögeln gilt analog:

$$\lambda_{B_2 M} S_M = C_2 \frac{I_{B_2}}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_M$$

$$\lambda_{MB_2} S_{B_2} = \beta_2 \frac{I_M}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_{B_2}$$

Kompartimente Vögel

Die unterschiedlichen Kompartimente der Vogelpopulation können dann durch die folgenden GDGL dargestellt werden (hier für die lokale Population B_1 , für Zugvögel B_2 analog):

1. Susceptible (S_B , empfänglich):

$$\frac{dS_{B_1}}{dt} = \left(b_{B_1} - \left(b_{B_1} - m_{B_1}\right) \frac{N_{B_1}}{K_{B_1}}\right) N_{B_1} - m_{B_1} N_{B_1} - \frac{\beta_1 I_M}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_{B_1}$$

2. Exposed (E_B , ausgesetzt):

$$\frac{dE_{B_1}}{dt} = \frac{\beta_1 I_M}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_{B_1} - m_{B_1} E_{B_1} - \gamma_{B_1} E_{B_1}$$

 δ_{M} : Anteil der Stechmücken, die sich nicht in Winterruhe befinden

 γ_B : Rate, mit der ausgesetzte Vögel infiziert/infectiös werden

3. Infectious (I_B , infektiös):

$$\frac{dI_{B_1}}{dt} = \gamma_{B_1} E_{B_1} - m_{B_1} I_{B_1} - \alpha_{B_1} I_{B_1}$$

 α_B : Rate, mit der infektiöse Vögel entweder sterben oder genesen und damit immun werden, also nicht mehr am Infektionszyklus teilnemhen

4. Death (D_B , Tod) durch WNF-Infektion:

$$\frac{dD_{B_1}}{dt} = \nu_{B_1} \alpha_{B_1} I_{B_1}$$

 v_B : Anteil der infizierten Vögel, die an WNV sterben

5. Recovered (R_B , genesen)

$$\frac{dR_{B_1}}{dt} = (1 - \nu_{B_1})\alpha_{B_1}I_{B_1} - m_{B_1}R_{B_1}$$

Die Gesamtpopulation an Vögeln errechnet sich damit als $N_B = S_B + E_B + I_B + R_B$. Dabei wird angenommen, dass sowohl horizontale als auch vertikale Übertragung unter Vöglen nicht vorkommt bzw. zu vernachlässigen ist.

Kompartimente Stechmücken

In Ähnlicher Weise können die unterschiedlichen Kompartimente der Stechmückenpopulation durch die folgenden GDGL dargestellt:

6. Larvae (L_m , Larvalstadium):

$$\frac{dL_M}{dt} = (b_L N_M - m_L L_M) \left(1 - \frac{L_M}{K_M} \right) - b_M L_M$$

7. Susceptible (S_M , empfänglich):

$$\frac{dS_M}{dt} = b_M L_M - m_M S_M - \frac{C_1 I_{B_1} + C_2 I_{B_2}}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_M$$

8. Exposed (E_M , ausgesetzt):

$$\frac{dE_M}{dt} = \frac{C_1 I_{B_1} + C_2 I_{B_2}}{K_{B_1} + K_{B_2}} S_M - m_M E_M - \gamma_M E_M$$

 γ_M : Rate, mit der ausgesetzte Stechmücken infiziert/infectiös werden

9. Infectious (I_M , infektiös):

$$\frac{dI_M}{dt} = \gamma_M E_M - m_M I_M$$

Die Gesamtpopulation an Stechmücken errechnet sich damit als $N_M = S_M + E_M + I_M$. Infektiöse Stechmücken bleiben infektiös bis sie sterben, können also nicht genesen.

GDGL-Matrix

Dem in Diekmann 2010 beschriebenen Standardverfahren folgend, werden die folgenden Rechenschritte durchgeführt:

Gleichungssystem mit Stechmücken, Lokaler Vogelpopulation und Zugvögeln:

$$\mathbf{d} \begin{pmatrix} E_{B_1} \\ I_{B_1} \\ E_{B_2} \\ I_{B_2} \\ E_{M} \\ I_{M} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_1 \, I_M}{K_{B_1} + K_{B_2}} \, S_{B_1} \\ 0 \\ \frac{\beta_2 \, I_M}{K_{B_1} + K_{B_2}} \, S_{B_2} \\ 0 \\ \frac{C_1 I_{B_1} + C_2 I_{B_2}}{K_{B_1} + K_{B_2}} \, S_{M} \\ 0 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \gamma_{B_1} E_{B_1} + m_{B_1} E_{B_1} \\ -\gamma_{B_1} E_{B_1} + \alpha_{B_1} I_{B_1} + m_{B_1} I_{B_1} \\ \gamma_{B_2} E_{B_2} + m_{B_2} E_{B_2} \\ -\gamma_{B_2} E_{B_2} + \alpha_{B_2} I_{B_2} + m_{B_2} I_{B_2} \\ \gamma_M E_M + m_M E_M \\ -\gamma_M E_M + m_M E_M \end{pmatrix}$$

Jacobi-Matrix:

$$\varSigma = \begin{pmatrix} \gamma_{B_1} + m_{B_1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\gamma_{B_1} & \alpha_{B_1} + m_{B_1} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_{B_2} + m_{B_2} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\gamma_{B_2} & \alpha_{B_2} + m_{B_2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma_{M} + m_{M} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\gamma_{M} & m_{M} \end{pmatrix}$$

Inverse der Matrix Σ , Σ^{-1} . Vereinfachte Symbolschreibweise anstelle der vollständigen GDGL.

$$E_1|\Sigma^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{a_{11}} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\left(\frac{a_{21}}{a_{11}} \cdot \frac{1}{a_{22}}\right) & \frac{1}{a_{22}} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{a_{33}} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\left(\frac{a_{43}}{a_{33}} \cdot \frac{1}{a_{44}}\right) & \frac{1}{a_{44}} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{a_{55}} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\left(\frac{a_{65}}{a_{55}} \cdot \frac{1}{a_{66}}\right) & \frac{1}{a_{66}} \end{pmatrix}$$

$$\Sigma^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{a_{11}} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\left(\frac{a_{21}}{a_{11}} \cdot \frac{1}{a_{22}}\right) & \frac{1}{a_{22}} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{a_{33}} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\left(\frac{a_{43}}{a_{33}} \cdot \frac{1}{a_{44}}\right) & \frac{1}{a_{44}} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{a_{55}} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\left(\frac{a_{65}}{a_{55}} \cdot \frac{1}{a_{66}}\right) & \frac{1}{a_{66}} \end{pmatrix}$$

Vollständige GDGL wieder einfügen:

 $K_L = -T \times \Sigma^{-1}$; nur 3 Zeilen in T haben andere Werte als 0 \rightarrow Diekmann (2010) folgend:

$$K = -E_2^{'} T \Sigma^{-1} E_2$$

$$E_{2} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}; E_{2} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

$$E_{2} T = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{\beta_{1}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{B_{1}} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{\beta_{2}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{B_{2}} \\ 0 & \frac{C_{1}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{M} & 0 & \frac{C_{2}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{M} & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$\Sigma^{-1}E_{2} = \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma_{B_{1}} + m_{B_{1}}} & 0 & 0 \\ -\left(\frac{-\gamma_{B_{1}}}{\gamma_{B_{1}} + m_{B_{1}}} \cdot \frac{1}{\alpha_{B_{1}} + m_{B_{1}}}\right) & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{\gamma_{B_{2}} + m_{B_{2}}} & 0 \\ 0 & -\left(\frac{-\gamma_{B_{2}}}{\gamma_{B_{2}} + m_{B_{2}}} \cdot \frac{1}{\alpha_{B_{2}} + m_{B_{2}}}\right) & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\gamma_{M} + m_{M}} \\ 0 & 0 & -\left(\frac{-\gamma_{M}}{\gamma_{M} + m_{M}} \cdot \frac{1}{m_{M}}\right) \end{pmatrix}$$

$$\begin{split} K &= -E_2{'}T\Sigma^{-1}E_2 = \\ &- \begin{pmatrix} & 0 & & & & & & & & \\ & & & & & & & & \\ & & & & & & & \\ & & & & & & & \\ & & & & & & \\ & & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & & \\ & & \\ & & & \\ & \\ & & \\ & & \\ & & \\ & \\ & &$$

$$E_3 = \begin{vmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{vmatrix}$$

$$\lambda E_{3} - K = \begin{pmatrix} \lambda & 0 & \frac{\beta_{1}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{B_{1}} \left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M} + m_{M}} \cdot \frac{1}{m_{M}} \right) \\ 0 & \lambda & \frac{\beta_{2}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{B_{2}} \left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M} + m_{M}} \cdot \frac{1}{m_{M}} \right) \\ \frac{c_{1}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{M} \left(\frac{\gamma_{B_{1}}}{\gamma_{B_{1}} + m_{B_{1}}} \cdot \frac{1}{\alpha_{B_{1}} + m_{B_{1}}} \right) & \frac{c_{2}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{M} \left(\frac{\gamma_{B_{2}}}{\gamma_{B_{2}} + m_{B_{2}}} \cdot \frac{1}{\alpha_{B_{2}} + m_{B_{2}}} \right) & \lambda \end{pmatrix}$$

$$\begin{split} &=\lambda^{3}-\frac{\beta_{1}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{B_{1}}\left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M}+m_{M}}.\frac{1}{m_{M}}\right)(\lambda)\frac{C_{1}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{M}\left(\frac{\gamma_{B_{1}}}{\gamma_{B_{1}}+m_{B_{1}}}.\frac{1}{\alpha_{B_{1}}+m_{B_{1}}}\right)-\\ &(\lambda)\frac{\beta_{2}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{B_{2}}\left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M}+m_{M}}.\frac{1}{m_{M}}\right)\frac{C_{2}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{M}\left(\frac{\gamma_{B_{2}}}{\gamma_{B_{2}}+m_{B_{2}}}.\frac{1}{\alpha_{B_{2}}+m_{B_{2}}}\right)\\ &=\lambda(\lambda^{2}-\frac{\beta_{1}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{B_{1}}\left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M}+m_{M}}.\frac{1}{m_{M}}\right)\frac{C_{1}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{M}\left(\frac{\gamma_{B_{1}}}{\gamma_{B_{1}}+m_{B_{1}}}.\frac{1}{\alpha_{B_{1}}+m_{B_{1}}}\right)-\\ &\frac{\beta_{2}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{B_{2}}\left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M}+m_{M}}.\frac{1}{m_{M}}\right)\frac{C_{2}}{K_{B_{1}}+K_{B_{2}}}S_{M}\left(\frac{\gamma_{B_{2}}}{\gamma_{B_{2}}+m_{B_{2}}}.\frac{1}{\alpha_{B_{2}}+m_{B_{2}}}\right) \end{split}$$

Die Eigenwerte dieser Matrix sind:

$$\lambda_1 = 0$$

$$\begin{split} &\lambda_{2} = \\ &\sqrt{\frac{\beta_{1}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{B_{1}} \left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M} + m_{M}} \cdot \frac{1}{m_{M}}\right) \frac{C_{1}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{M} \left(\frac{\gamma_{B_{1}}}{\gamma_{B_{1}} + m_{B_{1}}} \cdot \frac{1}{\alpha_{B_{1}} + m_{B_{1}}}\right) + \frac{\beta_{2}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{B_{2}} \left(\frac{\gamma_{M}}{\gamma_{M} + m_{M}} \cdot \frac{1}{m_{M}}\right) \frac{C_{2}}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} S_{M} \left(\frac{\gamma_{B_{2}}}{\gamma_{B_{2}} + m_{B_{2}}} \cdot \frac{1}{\alpha_{B_{2}} + m_{B_{2}}}\right)}{\frac{1}{K_{B_{1}} + K_{B_{2}}} \sqrt{\frac{\gamma_{M} S_{M}}{m_{M} (\gamma_{M} + m_{M})} \left(\frac{\gamma_{B_{1}} \beta_{1} C_{1} S_{B_{1}}}{(\gamma_{B_{1}} + m_{B_{1}}) (\alpha_{B_{1}} + m_{B_{1}})} + \frac{\gamma_{B_{2}} \beta_{2} C_{2} S_{B_{2}}}{(\gamma_{B_{2}} + m_{B_{2}}) (\alpha_{B_{2}} + m_{B_{2}})}\right)}} \end{split}$$

$$\lambda_3 = -\lambda_2$$

Damit ist der größte Eigenwert der Matrix λ_2 und somit:

$$R_0 = \lambda_2$$

8.3 Publikationen

Veröffentlicht

Cheng, Y; Tjaden, N; Jaeschke, A; Thomas, S M; Beierkuhnlein, C: Deriving risk maps from epidemiological models of vector borne diseases: State-of-the-art and suggestions for best practice, Epidemics, 33, 100411 (2020)

Cheng, Y; Tjaden, N; Jaeschke, A; Thomas, S M; Beierkuhnlein, C: Using centroids of spatial units in ecological niche modelling: Effects on model performance in the context of environmental data grain size, Global Ecology and Biogeography, 30 (3) 611 - 621 (2021)

Beierkuhnlein, C; Thomas, S M: Stechmückenübertragene Krankheiten in Zeiten des globalen Wandels: Mosquito-borne diseases in the face of global change, Flugmedizin, Tropenmedizin, Reisemedizin, 27(1), 14-19 (2020)

Thomas, SM; Beierkuhnlein, C: Kombination von Artverbreitungsmodellen und epidemiologischen Modellen zur Vorhersage stechmücken-übertragener arboviraler Krankheiten in Wittmann, J. and Maretis, D.K.: Simulation in den Umwelt- und Geowissenschaften, Shaker, Aachen (2020)

Andriamifidy, RF; Tjaden, N; Beierkuhnlein, C; Thomas, S M: Do we know how 1 mosquito disease vectors will respond to climate change?, Emerging Topics in Life Sciences, 3(2), 115-132 (2019)

In Vorbereitung

Thomas, SM; Beierkuhnlein, C: Stechmückenübertragene arbovirale Krankheiten: Ein Frühwarnsystem für Bayern, Deutsches Ärzteblatt. In Vorbereitung.

8.4 Konferenzbeiträge

Poster

3. Klimaschutzkonferenz Metropolregion Nürnberg (13.02.2020), Bayreuth
Jahrestagung der Geoökologen: Geoökologie und Klima im Wandel (22.-24.11.2019) Bayreuth
International Symposium on Zoonoses Research (16.-18. Oktober 2019), Berlin

Vorträge

Ringvorlesung an der LMU München: Klimawandelbedingtes Ausbreitungspotential von Krankheitsvektoren (17.06.2020), München

Deutsche Gesellschaft für Krankenhaushygiene (30.03.2020), Berlin

- 8. LGL Kongress für den Öffentlichen Gesundheitsdienst (9.-11.10. 2019), Bayreuth
- 22. Jahrestagung der Deutschen Fachgesellschaft für Reisemedizin (20.-21.09.2019), Freiburg.

Kurzbeitrag

International Symposium on Zoonoses Research (16.-18. Oktober 2019), Berlin

8.5 Öffentlichkeitsarbeit und Einbindung von Stakeholdern

8.5.1 Informationsflyer zur Einbindung von Stakeholdern

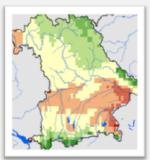
Stechmückenübertragene arbovirale Krankheiten in Bayern BayVirMos



In Mitteleuropa und damit auch in Bayern ist aufgrund des Klimawandels sowie dem zunehmenden Warentransport und Reiseverkehr mit der dauerhaften Etablierung invasiver Insektenarten (z.B. der Asiatischen Tigermücke) zu rechnen, die Arboviren auf Mensch und Tier übertragen können. Ziel des Projektes ist eine differenzierte Ermittlung von potenziellen räumlichen und zeitlichen Risiken zur Übertragung von bisher zwar bereits in Europa, bisher aber noch nicht (Chikungunya, Dengue) oder nur selten (West-Nil-Fieber und Usutu) in Bayern autochthon übertragenen arboviralen Zoonosen.

Ein besonderes Problem bei vielen arboviralen Krankheiten ist die weitgehend **fehlende** Verfügbarkeit von **Impfstoffen**. Neben der Erkrankung selbst und den sich daraus ergebenden Arbeitsausfällen, ist die mögliche Auswirkung auf die Verfügbarkeit von **Blutspenden** zu bedenken.

Die Risikoabschätzung erfolgt unter Nutzung aktuellster **Artverbreitungsmodelle, epidemiologischer Modelle und Klimamodelle.** Dabei werden die klimatischen Anforderungen der Stechmücken, als auch die temperaturabhängige Dauer zwischen der Aufnahme von Viren durch Stechmücken und der möglichen lokalen Übertragung auf Mensch oder Tier berücksichtigt.



Aufgrund der Neuartigkeit und teils nicht eindeutiger Symptomatik ist die Diagnose entsprechender Krankheitsbilder erschwert, sodass insbesondere milde verlaufende Erkrankungen unbemerkt bleiben könnten. Die erhöhte Aufmerksamkeit betreuender Ärzte kann zur Eindämmung einer möglichen Ausbreitung beitragen. Risikogebiete können durch rasche und räumlich definierte Hinweise besser eingegrenzt werden.

Der Aufbau einer webbasierten **Informationsplattform** mit wöchentlich aktualisierten Karten zur Risikoabschätzung von stechmückenübertragenen Krankheiten in Bayern wird zukünftig Ärzte und Gesundheitsämter proaktiv unterstützen.

Bitte helfen Sie uns diese Plattform nach Ihren Anforderungen zu gestalten.

Wir freuen uns ihre Vorschläge aufzunehmen: bayvirmos@uni-bayreuth.de





