

**DEUTSCHES
NETZWERK**

gegen vernachlässigte
Tropenkrankheiten
(DNTDs)

2023

ZUSAMMENFASSUNG UND STUDIE

Vektorassoziierte Infektionskrankheiten im Klimawandel

Möglichkeiten und Grenzen
von Modellierungsansätzen
zur Risikobewertung



Dr. Sarah Cunze und Prof. Dr. Sven Klimpel

Das Deutsche Netzwerk gegen vernachlässigte Tropenkrankheiten (DNTDs) e. V.

bildet eine nationale Plattform in Deutschland, von der aus gemeinsam mit internationalen Partnern die Aufmerksamkeit in Deutschland für diese Gruppe von Krankheiten erhöht und das deutsche Engagement für ihre Bekämpfung gesteigert werden soll. Das deutsche Netzwerk will die Weltgesundheitsorganisation (WHO) dabei unterstützen, um viele der vernachlässigten Tropenkrankheiten in absehbarer Zeit auszurotten oder zu eliminieren. Seit November 2020 ist die WHO-NTD-Roadmap 2030 das wichtige Leitdokument für die Bekämpfung der NTDs in den nächsten zehn Jahren.



Impressum

März 2023

Herausgeber:

Deutsches Netzwerk gegen vernachlässigte
Tropenkrankheiten (DNTDs)
www.dntds.de

Autoren:

Dr. Sarah Cunze, Goethe-Universität, Integrative Parasitologie
und Tierphysiologie

Prof. Dr. Sven Klimpel, Goethe-Universität, Integrative
Parasitologie und Tierphysiologie, Senckenberg Gesellschaft für
Naturforschung (SGN, SBIK-F), Fraunhofer IME

Titelbild: frank29052515 - stock.abobe

Layout: www.zumweissenroessl.de

Mehr Informationen: <http://www.dntds.de>



Inhalt

Einführung	5
Zusammenfassung	5
STUDIE	
Vektorassoziierte Infektionskrankheiten im Klimawandel Möglichkeiten und Grenzen von Modellierungsansätzen zur Risikobewertung.....	10
1 Vektorübertragene Infektionskrankheiten	11
1.1. Übertragungszyklus: Wie kommt es zu Übertragungen?.....	13
1.2. Bedeutende vektorübertragene Krankheiten	13
1.3. Welche Voraussetzungen müssen erfüllt sein, damit eine erfolgreiche Übertragung stattfinden kann? Welche Faktoren beeinflussen die Übertragungswahrschein- lichkeit und damit das Infektionsrisiko?	15
1.4. Wovon hängt die Vektorkompetenz ab?	16
1.5. Temperatur – ein entscheidender Faktor. Wie kann der Klimawandel die räumlichen und zeitlichen Muster im Auftreten von vektorübertragenen Infektionskrankheiten beeinflussen?	17
2 Modellierungsansätze zur Erstellung von Risikokarten	18
2.1. Vektorassoziierte Infektionskrankheiten und Klimawandel.....	19
3 Exemplarische Verbreitungskarten von Vektoren und vektorübertragenen Krankheiten in Deutschland und Europa	20
3.1. Stechmückenübertragene Infektionskrankheiten	20
3.2 Sandmückenübertragene Infektionskrankheiten	22
4 Handlungsempfehlungen	24
Literaturverzeichnis	26
Glossar zur Studie	27

Einführung

Der Klimawandel begünstigt die Ausbreitung vernachlässigter Tropenkrankheiten. Extreme Wetterlagen, Starkregen, Überschwemmungen können Epidemien auslösen. Mückenlarven entwickeln sich schneller, wenn es warm ist. Forscherinnen und Forscher weisen immer wieder darauf hin, dass Mückenarten, die das Dengue-Fieber, Zika und

das Chikungunya-Fieber übertragen, sich auch in Europa ausbreiten. Das Deutsche Netzwerk gegen vernachlässigte Tropenkrankheiten (DNTDs) hat eine Forschergruppe der Universität Frankfurt gebeten, die Möglichkeiten der Ausbreitung für die kommenden Jahre über Modellierungen zu prognostizieren.

Zusammenfassung

Aufgrund des mit dem Klimawandel einhergehenden Temperaturanstiegs werden Infektionskrankheiten wie das Dengue-Fieber, Zika und Chikungunya zu einem wahrscheinlichen Risiko für mitteleuropäische Länder wie Deutschland werden. Dies ist das Ergebnis der Studie von Dr. Sarah Cunze und Prof. Dr. Sven Klimpel von der Forschungsgruppe Medizinische Biodiversität und Parasitologie von der Johann-Wolfgang-Goethe-Universität Frankfurt. Ursächlich für die sich nach Norden ausbreitenden Infektionskrankheiten aus heute tropischen und subtropischen Regionen ist, dass sowohl Vektoren als auch Erreger in den sich erwärmenden Zonen Mitteleuropas geeignete klimatische Bedingungen zur Besiedlung und Ausbreitung finden werden. Dies, so die Forscher, gilt sogar unter der Annahme, dass es gelingt, durch eine massive Senkung des Ausstoßes von CO₂ und anderen klimaschädlichen Treibhausgasen den Temperaturanstieg auf unter zwei Grad im Vergleich zum vorindustriellen Zeitalter zu senken.

Nach Daten der Weltgesundheitsorganisation (WHO; 2020) werden 17 Prozent der Infektionskrankheiten weltweit durch Vektoren übertragen; sie verursachen jährlich mehr als 700.000 Todesfälle. Zu den häufigsten dieser Krankheiten zählen Malaria und das Dengue-Fieber. Weitere relevante Infektionskrankheiten sind Zika und Chikungunya.

Ursprünglich auf tropische und subtropische Regionen beschränkt, wird seit Jahren ein vermehrtes Auftreten auch im Mittelmeerraum beobachtet. Die bisher in Deutschland am weitesten verbreiteten vektorübertragenen Krankheiten sind die durch Zecken übertragene Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) und die Lyme-Borreliose.

Charakteristisch für diese Infektionskrankheiten ist, dass sie durch Vektoren übertragen werden. Dies sind blutsaugende Gliederfüßler, wie z. B. Stechmücken, Spinnen, Wanzen und Zecken. Die Übertragung eines Erregers (Pathogens), häufig Viren, erfolgt durch Blutmahlzeiten. Möglich ist auch die Übertragung durch Schmierinfektionen, indem infektiöser Kot nach der Blutmahlzeit abgegeben wird und in die Bisswunde gelangt; auf diese Weise wird beispielsweise die Chagas-Krankheit übertragen. Bei einigen Arten können infizierte Weibchen Pathogene auf ihre Nachkommen weitergeben und damit die Übertragung aufrechterhalten.

Bei der Übertragung können Menschen und Tiere als Wirte fungieren. Voraussetzung für eine erfolgreiche Übertragung von Krankheiten ist, dass Pathogene, Vektoren und Wirte in einem Gebiet gemeinsam vorkommen. Dazu müssen Temperaturbedingungen herrschen, die für alle Komponenten im Übertragungszyklus (also Wirt, Vektor und Pathogen) geeignet sind. So ist unter anderem die notwendige Ver-

mehrung des Pathogens im Vektor erst ab einer gewissen Außentemperatur möglich. Eine weitere Voraussetzung ist, dass es zu Kontakten zwischen einem infizierten Wirt, einer Vektorart und einem nicht infizierten Wirt kommen kann. Dabei können sogenannte Reservoirwirte eine wichtige Rolle spielen. Das sind Tierarten, die das Pathogen in sich tragen, bei denen aber die Krankheit nicht ausbricht.

Damit sich das Pathogen erfolgreich im Vektororganismus, bei dem die Körpertemperatur von der Umgebung abhängig ist, entwickeln und vermehren kann, muss sich die Außentemperatur über einen bestimmten Zeitraum in einem bestimmten Bereich befinden. Solche Bedingungen sind in tropischen und subtropischen Regionen erfüllt. Aufgrund der Temperaturerhöhung verschieben sich die Grenzen stetig weiter polwärts und in höhere Lagen. So bietet inzwischen fast der gesamte Mittelmeerraum geeignete Temperaturbedingungen. Zwei Entwicklungen können die Ausbreitung von Pathogenen fördern und die Wahrscheinlichkeit von vektorübertragenen Infektionskrankheiten erhöhen:

1. Infolge des Temperaturanstiegs kann es zu einer Verkürzung des Eiablagezyklus kommen; Vektorarten können dann mehr Generationen pro Jahr hervorbringen, was zu einer höheren Populationsdichte und damit zu einer höheren Kontaktwahrscheinlichkeit mit dem Menschen führt. Bei Zecken wurde beobachtet, dass höhere Temperaturen in Verbindung mit milden Wintern die Aktivitätsperiode von Vektoren verlängern und so das Kontaktisiko mit dem Menschen erhöhen.
2. Höhere Temperaturen können die Entwicklung eines Erregers im Vektor ermöglichen, bzw. das infektiöse Stadium bei höheren Temperaturen kann früher erreicht werden.

Die Forschungsgruppe in Frankfurt nutzt die Methode der ökologischen Nischenmodellierung – einem korrelativen statistischen Verfahren – um räumliche Verbreitungsmuster der einzelnen Komponenten im Übertragungszyklus zu untersuchen. Die Modelle zeigen, wo Pathogene, Vektoren sowie gegebenenfalls Reservoirwirte geeignete Umweltbedingungen finden. Insbesondere Temperaturbedingungen aber auch Niederschlagsmengen, Windverhältnisse, Art der Landnutzung spielen dabei eine entscheidende Rolle für die Entwicklungs-, Vermehrungs- und Ausbreitungsfähigkeit. Die Ausbreitung von Pathogenen und Vektoren wird durch die Globalisierung und Mobilität von Menschen und Gütern begünstigt. Dies führt dazu, dass Pathogene und Vektoren an sich unüberwindbare physische Barrieren wie Gebirge oder Ozeane überspringen können; beobachtet wurde dies

beispielsweise bei der Ausbreitung der fernöstlichen Stechmückenart der Asiatischen Tigermücke (*Aedes albopictus*) durch den interkontinentalen Transport von Altreifen in Containerschiffen.

Die Asiatische Tigermücke gilt als die sich am schnellsten ausbreitende Art. In den letzten 40 Jahren hat sie es geschafft, sich auf allen Kontinenten mit Ausnahme der Antarktis zu etablieren; sie wurde in Europa (Albanien) erstmals 1979 gemeldet und ist inzwischen im gesamten Mittelmeerraum verbreitet. Die Asiatische Tigermücke ist in der Lage, verschiedene Krankheitserreger zu übertragen, darunter Dengue-Viren, Zika-Viren und Chikungunya-Viren. Sie steht deshalb im Fokus der Forschung.

In zwei Schritten wurden die Auswirkungen des Klimawandels und der damit einhergehenden Temperaturerhöhung modelliert. Im ersten Schritt wurde der Frage nachgegangen, wie sich die Habitat-Bedingungen für die Asiatische Tigermücke verändern werden und in welchen Regionen Europas die Asiatische Tigermücke zukünftig geeignete Lebensbedingungen findet. Im zweiten Schritt wurde untersucht, wie sich im Zeitablauf Gebiete ausweiten werden, die geeignete Temperaturbedingungen für die Übertragung von Zika-, Dengue- und Chikungunya-Viren aufweisen.

Zugrunde gelegt wurden dabei zwei verschiedene Klimaentwicklungsszenarien des Weltklimarats (Intergovernmental Panel of Climate Change, IPCC), einer Institution der Vereinten Nationen mit Sitz in Genf:

- Das Szenario RCP2.6 (moderater Temperaturanstieg), das robuste umweltpolitische Maßnahmen erfordert, mit denen es gelingt, aufgrund eines moderaten Anstiegs der Treibhausgase den Temperaturanstieg auf unter 2 Grad gegenüber dem vorindustriellen Zeitalter zu begrenzen. RCP steht für Representative Concentration Pathways.
- Das Worst-Case-Szenario RCP8.5 („weiter so wie bisher“) mit einem Temperaturanstieg von 4,8 Grad gegenüber dem vorindustriellen Zeitalter.

Ausbreitung des geeigneten Habitats für die Asiatische Tigermücke (*Aedes albopictus*)

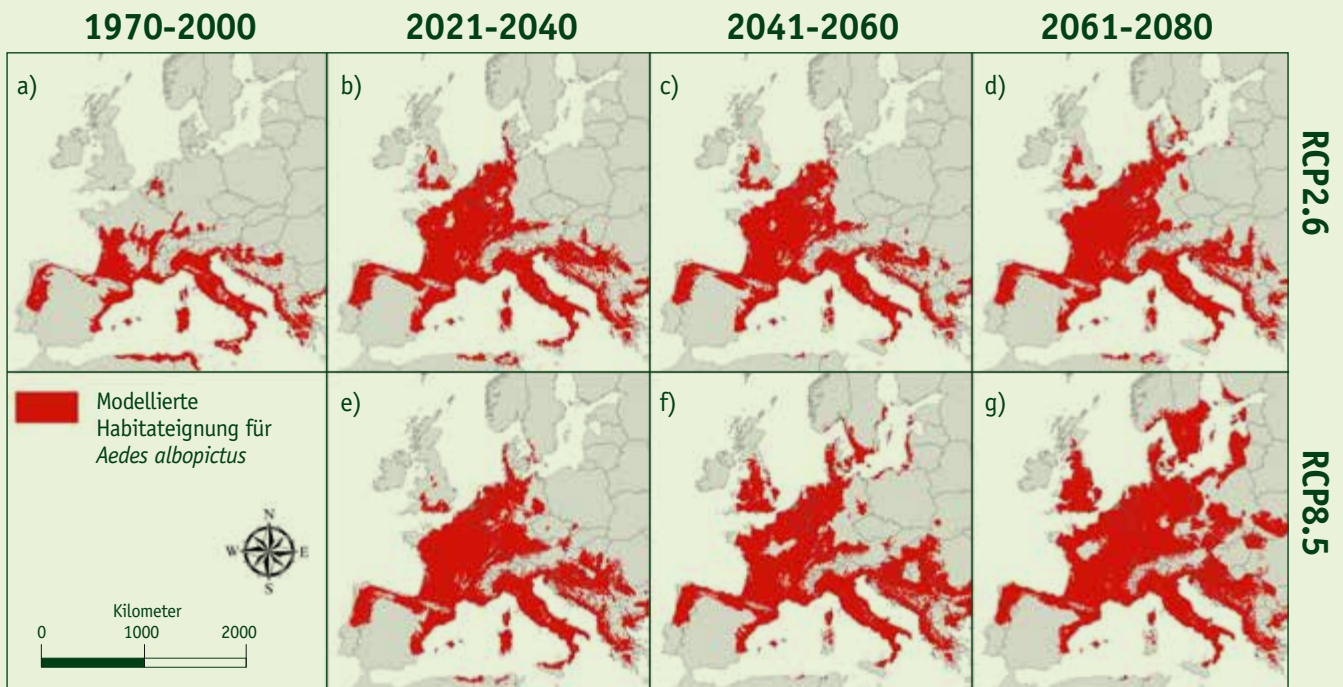
Bis zum Jahr 2000 war die Habitateignung der Asiatischen Tigermücke auf Italien, die Küstenregionen des gesamten Mittelmeerraums sowie der Biskaya und die nordatlantische Küste Spaniens begrenzt.

Im Szenario RCP2.6 (moderater Temperaturanstieg) weitet sich das geeignete Habitat für die Tigermücke zwischen 2021 und 2040 auf Frankreich, Süd- und Westdeutschland, die Benelux-Länder und Teile Südeuropas aus; für die Zeit nach 2060 wird eine moderate Ausweitung des geeigneten

Habitats nach Nordosten erwartet, wobei vor allem auch größere Teile des Baltikums erreicht werden.

Im ungünstigen Szenario RCP8.5 schreitet die Ausweitung des Habitats zwischen 2021 und 2040 nach Osten etwas schneller voran; für die Zeit nach 2060 werden Gesamt-England, nahezu der gesamte mittel-osteuropäische Kontinent einschließlich des Baltikums und große Teile Südschwedens bis zum südlichen Norwegen erfasst sein.

Abbildung | **Modellierte klimatische Habitateignung für die Asiatische Tigermücke *Aedes albopictus* in Europa unter aktuellen und projizierten zukünftigen Klimabedingungen**



In Rot dargestellt sind Gebiete, in denen die Tigermücke geeignete klimatische Bedingungen in den oben angegebenen Zeiträumen vorfindet. Die Modellierungsergebnisse unter zukünftigen Bedingungen in der ersten Zeile (b,c,d) und der zweiten Zeile (e,f,g) unterscheiden sich in den zu Grunde liegenden IPCC Szenarien. (**Modellierte Vektorverbreitung**). Eine detaillierte Beschreibung des Ansatzes findet sich in (Cunze et al. 2016). Karten erstellt in ESRI ArcGIS, Version 10.8.1.

Übertragung der Krankheitserreger

Die Entwicklungs- und Vermehrungsfähigkeit von Zika-, Dengue- und Chikungunya-Viren ist temperaturabhängig: als optimal gilt eine Wärme zwischen 26 und 29 Grad, Entwicklungs-, Vermehrungs- und Übertragungsmöglichkeiten sind prinzipiell aber auch zwischen 18 und 34 Grad gegeben.

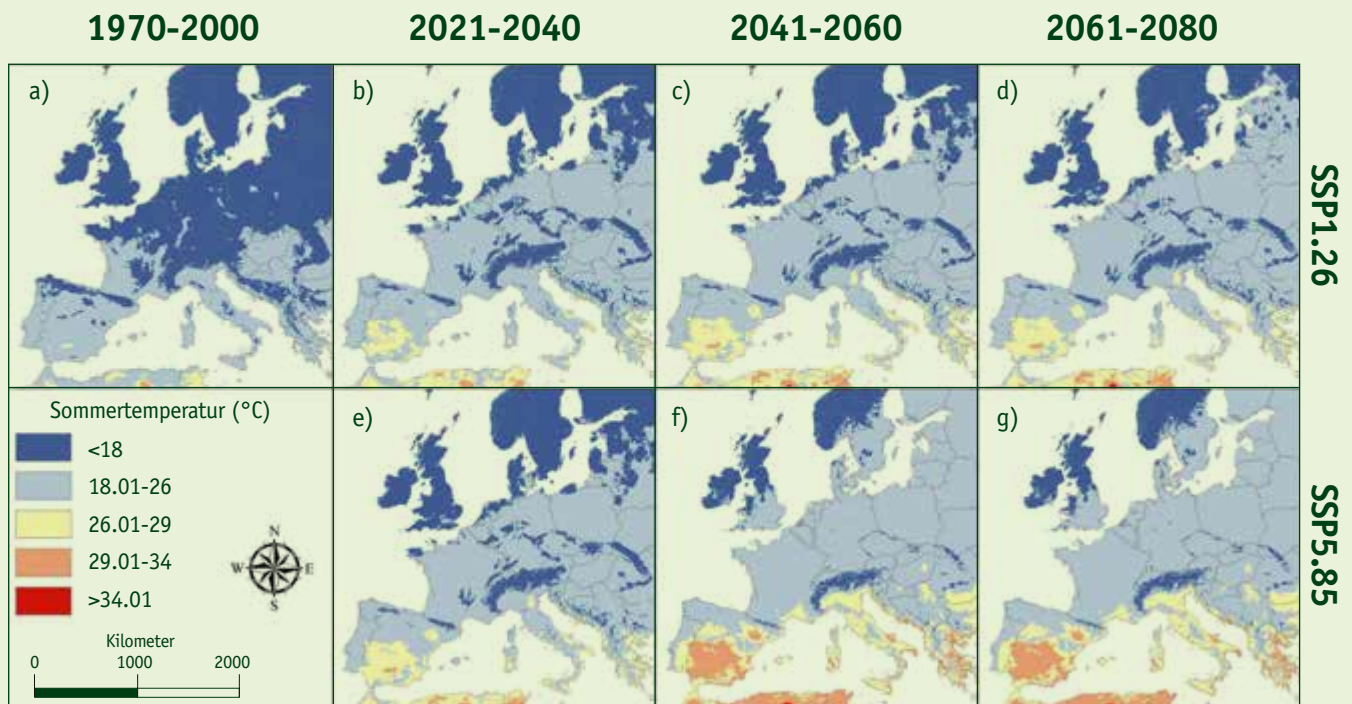
Auch hier werden bei der Modellierung der Forschergruppe wieder die beiden Entwicklungsszenarien für das zukünftige Klima betrachtet: das relativ günstige SSP1.26-Szenario mit einem moderaten Temperaturanstieg (weniger als 2 Grad im Vergleich zum vorindustriellen Zeitalter) sowie das Worst-Case-Szenario SSP5.85 mit einem Temperaturanstieg von 4,8 Grad bis zum Jahr 2100 im weltweiten Mittel. SSP steht für Shared Socioeconomic Pathways.

Bis zum Jahr 2000 herrschten in Europa nur in Teilen Spaniens, dem südwestlichen Frankreich, in Italien und an den

Mittelmeerküsten des Balkans Temperaturen innerhalb der prinzipiell für Übertragungen geeigneten Spanne: zwischen 18 und 34 Grad als Mitteltemperatur im wärmsten Quartal. Im moderaten SSP1.26-Szenario weiten sich diese Klimabedingungen sukzessive auf nahezu alle Gebiete des europäischen Kontinents aus. Mit Ausnahme Südspaniens, der Sohle des italienischen Stiefels und des südlichen Griechenlands entstehen nach diesem Szenario keine Hochrisikogebiete mit idealen Temperaturbedingungen (26 bis 29 Grad) bis 2100.

Im Worst-Case-Szenario werden Übertragungen ab 2040 auch im südlichen England und südlichen Skandinavien prinzipiell möglich. Ab 2040 entwickeln sich die gesamten Küstenregionen des Mittelmeers zu Hochrisikogebieten, in denen die Pathogene ideale Temperaturbedingungen vorfinden.

Abbildung 6 | Gebiete mit geeigneten Temperaturbedingungen für die Übertragung des Zika-Virus, des Dengue-Virus und des Chikungunya-Virus durch Stechmücken, z. B. *Aedes albopictus* unter aktuellen und projizierten zukünftigen Bedingungen (IPCC 2014)



In Orange dargestellt sind Gebiete mit optimalen Bedingungen für die Virusübertragung nach (Mordecai et al. 2017), in den gelbdargestellten Gebieten ist eine Übertragung aufgrund der Temperaturverhältnisse prinzipiell möglich, in blauen Bereichen ist eine Übertragung nicht möglich. (**Modellierte Virusübertragung in Abhängigkeit der Temperatur**) Karten erstellt in ESRI ArcGIS, Version 10.8.1.

Schlussfolgerungen und Handlungsempfehlungen

- Infolge auch eines moderaten Temperaturanstiegs wird das Infektionsrisiko der mitteleuropäischen Bevölkerung mit vektorübertragenen Krankheiten steigen. Empfohlen wird daher ein Monitoring, das alle relevanten Komponenten des Übertragungszyklus (Vektorvorkommen, Prävalenz der Pathogene, Auftreten humaner und veterinärer Krankheitsfälle) einschließt und nach europaweit standardisierten Methoden durchgeführt wird. Angestrebt werden sollte ein europäisches Meldesystem, mit dem die Datenlage verbessert werden könnte.
- Bei noch nicht einheimisch gewordenen Arten (*Neobiota*) kommt eine Vektorbekämpfung in frühen Einwanderungsstadien in Frage, beispielweise die Trockenlegung von Bruthabitaten oder die Ausbringung steriler Männchen.
- Für essenziell gehalten wird die Aus- und Fortbildung von Ärztinnen und Ärzten zur Diagnostik und Therapie von Infektionskrankheiten sowie die Möglichkeit von Impfungen.
- Ferner wird die Aufklärung der Bevölkerung empfohlen.



Dengue-Fieber

Verläufe mit Komplikationen möglich, die Intensivbehandlung erfordern; keine Therapien der Krankheitsursache. Seit 2022 hat die Europäische Arzneimittelagentur (EMA) einen Dengue-Impfstoff zugelassen. Wenn keine Impfung verfügbar ist: Prävention durch Schutz vor Stechmücken.

Zika-Infektion

Verläufe meist symptomlos (80 Prozent); sonst Bindehautentzündung, Gelenk-, Muskel- und Kopfschmerzen, sehr selten schwere Verläufe, nur Behandlung der Krankheitssymptome möglich. Risiko bei Schwangerschaft: Mikroenzephalie des Fötus. Möglich: sexuelle Übertragung.
Prävention: Mückenschutz, keine Impfung verfügbar.

Chikungunya-Infektion

Verlauf mit schnell steigendem hohem Fieber, schwere Gelenkschmerzen, Komplikationen wie Herzmuskelentzündung selten, tödlicher Verlauf möglich; nur Therapie der Krankheitssymptome;
Prävention: Mückenschutz; ein Impfstoff (Hersteller: Valneva) befindet sich im Zulassungsverfahren bei der FDA.

West-Nil-Fieber

Verlauf meist symptomlos (80 Prozent); sonst grippeähnliches Fieber, heilt meist ohne Komplikationen aus. Nur jeder 150ste erkrankt schwer, meist ältere und vorerkrankte Menschen; selten Herz- oder Leberentzündung oder Hirnhautentzündung;
Prävention: Mückenschutz, keine Impfung verfügbar, Isolation der Erkrankten nicht nötig

STUDIE

Vektorassoziierte Infektions- krankheiten im Klimawandel

Möglichkeiten und Grenzen von
Modellierungsansätzen zur Risikobewertung

Sarah Cunze & Sven Klimpel

Vektorübertragene Infektionskrankheiten

Laut Weltgesundheitsorganisation (WHO) werden 17 Prozent der Infektionskrankheiten weltweit durch Vektoren übertragen und es kommt jährlich zu mehr als 700.000 Todesfällen in Verbindung mit vektorübertragenen Krankheiten (WHO 2020). Diese Zahlen machen deutlich, dass Handeln erforderlich ist. Um Maßnahmen möglichst erfolgversprechend einsetzen zu können, ist es wichtig zu wissen, **wo** und **wann** sie nötig sind. Diese Informationen sind von enormer Bedeutung aber gleichzeitig auch mit einer hohen Unsicherheit behaftet (Parham et al. 2015). In Modellen können **räumliche und zeitliche Muster** im Auftreten von vektorübertragenen Krankheiten geschätzt werden. Verschiedene Modellierungsansätze dazu sollen hier vorgestellt und hinsichtlich ihrer jeweiligen Vor- und Nachteile diskutiert werden. Im Fokus stehen dabei ökologische Nischenmodellierungsansätze, die gerade in Bezug auf vektorübertragene Krankheiten gute Ergebnisse liefern können.

Malaria und Dengue zählen weltweit zu den häufigsten und bedeutendsten humanpathogenen vektorübertragenen Infektionskrankheiten (Ebert und Fleischer 2005). Fast die Hälfte (48 Prozent) aller Menschen weltweit lebt in Malariarisikogebieten (Ebert und Fleischer 2005). Malariarisikogebiete machen 27 Prozent der Landfläche aus (Ebert und Fleischer 2005). Die meisten Übertragungen finden in tropischen und subtropischen Gebieten statt. Dort sind die ärmsten Bevölkerungsschichten besonders stark betroffen.

Durch voranschreitende Klimaänderungen finden immer mehr vektorkompetente Arten mit ursprünglichen Verbreitungsschwerpunkt in subtropischen und tropischen Gebieten

auch in Europa geeignete klimatische Bedingungen. Durch internationalen Warenverkehr und Tourismus kommt es immer wieder zu einem unbeabsichtigten Einbringen von Individuen verschiedener Arten in neue Gebiete. Globaler Wandel macht natürliche Verbreitungsgrenzen durchlässig, Arten werden mobiler. Bei geeigneten Umweltbedingungen in den neuen Gebieten können sich dort Arten dauerhaft etablieren. Es kommt zu Veränderungen in Verbreitungsgebieten und Artenzusammensetzungen.

Durch veränderte klimatische Bedingungen in Kombination mit fortschreitender Globalisierung, internationalem Tourismus und Warenverkehr sowie Bevölkerungsfluktuationen können vektorübertragene Infektionskrankheiten, die bisher in Mitteleuropa oder Deutschland nicht mehr oder noch nicht aufgetreten sind, zunehmend an Bedeutung gewinnen.

Das Vorkommen vektorkompetenter Arten bedeutet aber nicht automatisch, dass ein gesundheitliches Risiko für die Bevölkerung besteht. Damit ein Infektionsrisiko besteht, muss auch das Pathogen vorkommen. Gelangen infizierte Personen und damit Pathogene in Gebiete, in denen vektorkompetente Arten in nennenswerter Zahl vorhanden sind, kann es auch in neuen Verbreitungsgebieten zu autochthoner Übertragung (also Übertragungen vor Ort durch vektorkompetente Arten wie z. B. Stechmücken) kommen. So werden zwei Zikafälle, die im Sommer 2019 in Hyères an der französischen Mittelmeerküste auftraten, auf **autochthone Übertragung** zurückgeführt, nachdem andere Übertragungswege ausgeschlossen wurden. Die Asiatische Tigermücke (*Aedes albopictus*), als eine der beiden Hauptvektorarten des Zika-

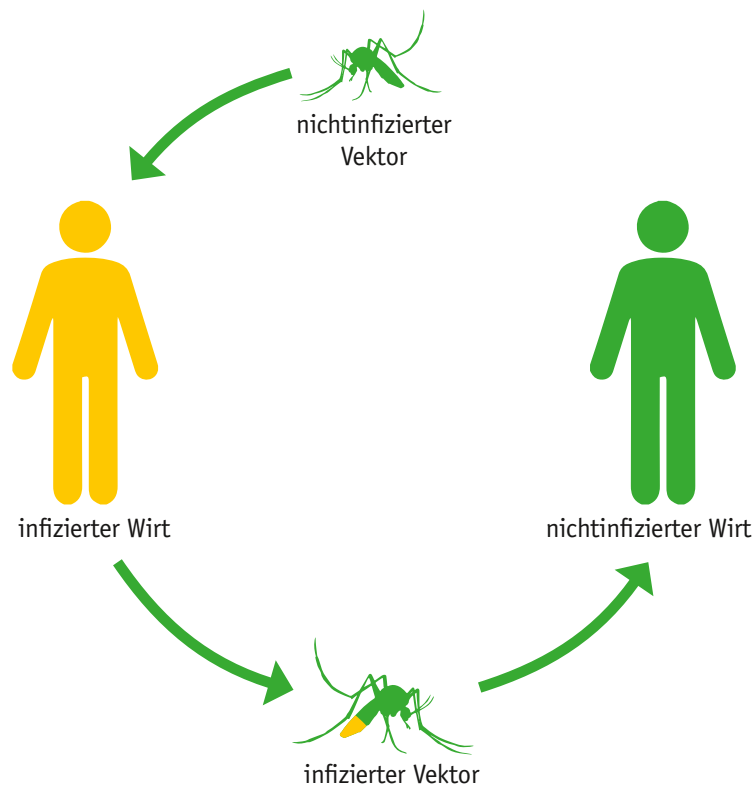
1

Virus, ist mittlerweile im Mittelmeerraum eine der häufigsten Stechmückenarten. Auch auf die Übertragung durch Asiatische Tigermücken zurückzuführen sind autochthone Dengue-Übertragungen, von denen ebenfalls aus Südfrankreich berichtet werden.

Obwohl der Klimawandel und seine möglichen Auswirkungen auf Ökosysteme, Biodiversität und den Menschen ein intensiv untersuchtes Forschungsgebiet ist, bestehen immer

noch erhebliche Wissenslücken insbesondere im Bereich der möglichen Folgen des Klimawandels auf die menschliche Gesundheit. Als ein Hauptmanko nennen Rocklöv et al. (2021) das Fehlen von standardisierten Auswertemethoden, die vergleichbare Ergebnisse liefern. Hier sollen Ansätze zur Modellierung und Bewertung des mit vektorübertragenen Infektionskrankheiten verbundenen Risikos in Zeiten des Globalen Wandels beschrieben werden, unter besonderer Berücksichtigung der korrelativen Nischenmodellierung.

Abbildung 1 | Schematischer Übertragungszyklus von einem infizierten Wirt auf einen nicht-infizierten Wirt durch die Blutmahlzeit eines hämatophagen Vektors



1.1. Übertragungszyklus: Wie kommt es zu Übertragungen?

Vektoren sind Organismen, die infektiöse Krankheitserreger (Parasiten, Viren, Bakterien) von Tier zu Mensch oder von Mensch zu Mensch übertragen können. Viele Vektorarten sind blutsaugende Gliederfüßer (Arthropoden). Durch eine Blutmahlzeit an einem infizierten Wirt (Mensch oder Tier) können Krankheitserreger vom Vektor aufgenommen werden (Abbildung 1). Nach einer erfolgreichen Vermehrung des Erregers im Vektororganismus ist der Vektor infektiös und kann bei nachfolgenden Blutmahlzeiten den Erreger an den neuen Wirt übertragen.

Neben der direkten Übertragung durch die Blutmahlzeit eines hämatophagen (blutsaugenden) Vektors sind weitere Übertragungswege bekannt: Triatomine Wanzen (engl. kissing bugs) zählen auch zu den hämatophagen, vektorkompetenten Arthropoden. Hier findet die potentielle Übertragung des Erregers der Chagas-Krankheit (*Trypanosoma cruzi*) aber nicht direkt durch die Blutmahlzeit statt, sondern durch Schmierinfektion, indem infektiöser Kot, den die Wanzen nach der Blutmahlzeit abgeben, in die Bisswunde gelangt (Eberhard et al. 2020). Eine **transovariable Übertragung**, also die Übertragung der Pathogene von einem infizierten adulten Weibchen auf die Nachkommen, ist bei einigen Arten möglich und trägt bei einigen Pathogen-Vektor-Paaren

(z. B. Dengue-Virus mit Stechmücken der Gattung *Aedes* als Hauptvektoren) entscheidend zur Aufrechterhaltung der Transmissionszyklen bei (Ebert und Fleischer 2005). Andere, **nicht-vektor-assoziierte Infektionsmöglichkeiten** (Verzehr von Rohmilch, Übertragung während der Schwangerschaft oder über die Muttermilch von Mutter auf Kind, infizierte Bluttransfusionen, Geschlechtsverkehr) sind möglich, spielen aber meist nur eine untergeordnete Rolle.

In Bezug auf bestimmte vektorassoziierte Krankheiten spielen **Reservoirwirte** eine wichtige Rolle. Als Reservoirwirte bezeichnet man dabei Invertebraten (Wirbeltierarten), deren Populationen dauerhaft mit dem Pathogen befallen sind und häufig selbst nicht erkranken. Aus der Reservoirwirt-Population heraus kann es dann zu Übertragungen durch Vektoren (meist Arthropoden) auf den Menschen kommen.

Viele hämatophage Arthropoden sind wirtsspezifisch; d.h. sie präferieren eine bestimmte Gruppe von Wirtsorganismen (Vögel, Säugetiere oder Reptilien). Andere Vektoren zeigen eine geringere Wirtsspezifität und saugen z. B. an Säugetieren und Vögeln. Als sogenannte **Brückenvektoren** können diese Vektoren mit geringer Wirtsspezifität eine entscheidende Rolle spielen.

1.2. Bedeutende vektorübertragene Krankheiten

Zu den weltweit häufigsten vektorübertragenen Krankheiten zählen neben Malaria, Dengue auch Chikungunya, Gelbfieber, Zika-Virus, lymphatische Filariose, Schistosomiasis, Onchocerkose, Chagas-Krankheit, Leishmaniose und Japanische Enzephalitis (Tabelle 1, S. 14).

Regional bedeutende Krankheiten sind Afrikanische Trypanosomiasis und West-Nil-Fieber, sowie in Europa vor allem durch Zecken übertragene Enzephalitis (Frühsommer-Meningoenzephalitis FSME; englisch tick-borne encephalitis TBE)

und Lyme-Borreliose. Die Übertragung erfolgt typischerweise durch blutsaugende Arthropoden als Vektororganismen, insbesondere durch Stechmücken, Zecken, Sandmücken, und triatomine Wanzen. Von geringerer oder lokaler Bedeutung treten auch Flöhe, Läuse, Bremsen, Bettwanzen, Gnitzen und Kriebelmücken als Vektoren auf. Bei vektorgebundenen Zoonosen spielen Populationsdynamiken der Reservoirwirte ebenfalls eine wichtige Rolle. Auch Haus- und Nutztiere können Reservoirwirte darstellen (z. B. Leishmaniose bei Hunden; Geflügelpest).

Tabelle 1: Weltweit relevante vektorübertragene Krankheiten, ihre Hauptvektoren und bedeutende Reservoirwirte

Krankheit	Erreger	Hauptvektorart	Bedeutende Reservoirwirte
Malaria	<i>Plasmodium</i> ssp. (Protozoen)	Stechmücken der Gattung <i>Anopheles</i>	Tierarten spielen als Reservoirwirte keine große Rolle
Dengue	Flavivirus	Stechmücken der Gattung <i>Aedes</i> , i.B. <i>Ae. aegypti</i> und <i>Ae. albopictus</i>	Tierarten spielen als Reservoirwirte keine große Rolle
Gelbfieber	Flavivirus	Stechmücken der Gattung <i>Aedes</i> , i.B. <i>Ae. aegypti</i> und <i>Ae. albopictus</i>	Primaten
Zika	Flavivirus	Stechmücken der Gattung <i>Aedes</i> , i.B. <i>Ae. aegypti</i> und <i>Ae. albopictus</i>	Tierarten spielen als Reservoirwirte keine große Rolle
West-Nil-Fieber	Flavivirus	Stechmücken der Gattung <i>Culex</i>	Vögel
Chikungunya	Alphavirus	Stechmücken der Gattung <i>Aedes</i> , i.B. <i>Ae. aegypti</i> und <i>Ae. albopictus</i>	Tierarten spielen als Reservoirwirte keine große Rolle
Chagas-Krank- heit	<i>Trypanosoma cruzi</i>	triatomine Wanzen	Säugetiere
Leishmaniose	<i>Leishmania</i> ssp.	Sandmücken	Nagetiere, Hunde, andere Säugetiere
Lymphatische Filariose	verschiedene Nematodenarten	verschiedene Stechmückenarten	Tierarten spielen als Reservoirwirte keine große Rolle
Schistosomiasis	<i>Schistosoma</i> ssp. (Trematoden)	Schnecken	Tierarten spielen als Reservoirwirte keine große Rolle
Onchozerkose	<i>Onchocerca volvulus</i> (Nematoden)	Kriebelmücken	keine
Japanische Enzephalitis	Flavivirus	Stechmücken der Gattung <i>Culex</i>	Schweine, Vögel
Afrikanische Trypanosomiasis	<i>Trypanosoma brucei</i>	Tsetse-Fliege	Wild-, Nutz- und Haustiere

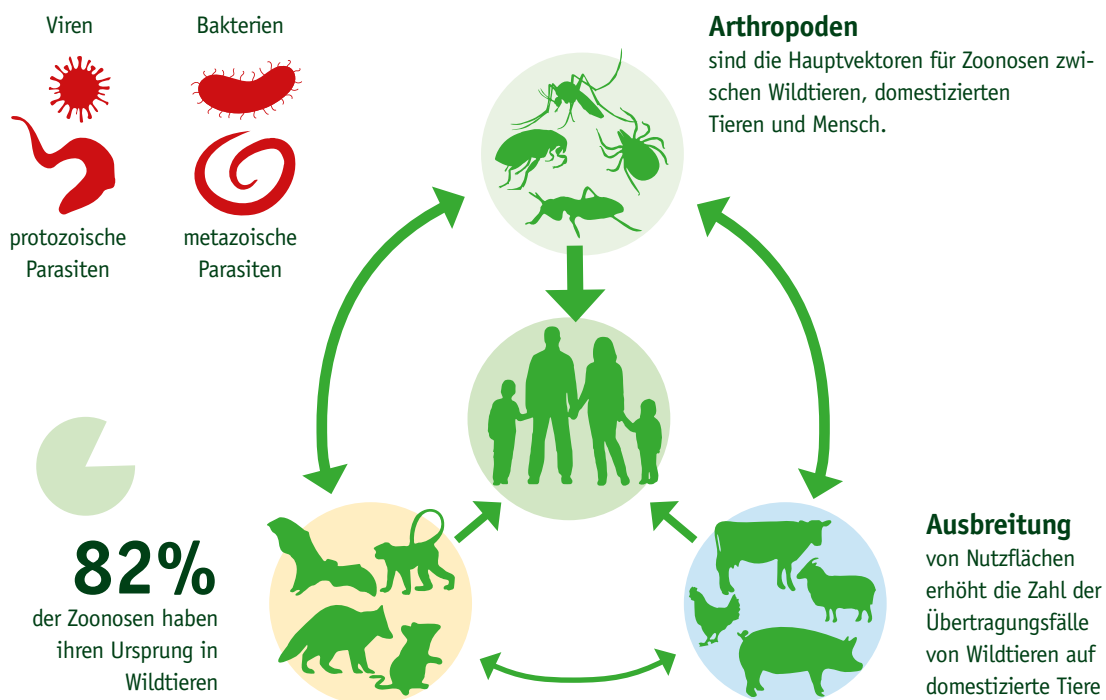
1.3 Welche Voraussetzungen müssen erfüllt sein, damit eine erfolgreiche Übertragung stattfinden kann? Welche Faktoren beeinflussen die Übertragungswahrscheinlichkeit und damit das Infektionsrisiko?

Komponenten des Transmissionszyklus

Damit es zu einer erfolgreichen Übertragung von Krankheiten kommt, müssen Pathogene, Vektoren und Wirte in einem Gebiet vorkommen (biotische Voraussetzungen, Abbildung 2). Außerdem müssen geeignete Temperaturbedingungen herrschen (abiotische Voraussetzung, Abbildung 3).

Damit sich das Pathogen erfolgreich im ektothermen Vektororganismus replizieren kann und der infektiöse Zustand erreicht wird, muss sich die Außentemperatur über einen bestimmten Zeitraum in einem bestimmten Bereich befinden. Und es muss zu Kontakten zwischen infiziertem Wirt, einer Vektorart und einem nicht-infiziertem Wirt kommen.

Abbildung 2 | Hauptkomponenten im Übertragungszyklus



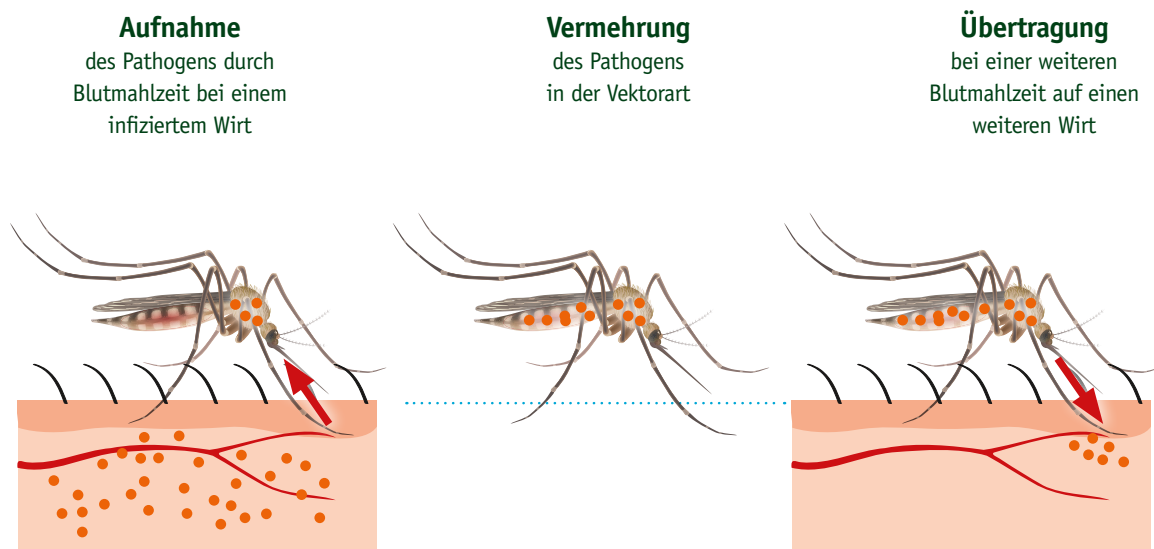
Die drei Hauptkomponenten im Übertragungszyklus von vektorübertragenen Infektionskrankheiten stellen Pathogene, Wirte (Mensch) und Vektoren dar. Bei manchen vektorübertragenen Infektionskrankheiten spielen Reservoirwirte ebenfalls eine bedeutende Rolle. Damit es zu einer erfolgreichen Übertragung kommt müssen alle relevanten Komponenten in einem Gebiet vorkommen und in Kontakt mit einander treten.

1.4. Wovon hängt die Vektorkompetenz ab?

Die Vektorkompetenz (also, ob und mit welcher Wahrscheinlichkeit Pathogene durch die Blutmahlzeit des Vektors übertragen werden können) ist vektorart- und pathogenspezifisch. Eine erfolgreiche Transmission (Übertragung) eines Pathogens setzt voraus, dass das Pathogen durch die Blutmahlzeit an einem infizierten Wirt vom Vektor aufgenommen wird, sich anschließend erfolgreich im Vektororga-

nismus vermehren kann bis ein infektiöses Stadium erreicht wird und dann bei einer weiteren Blutmahlzeit an einen zweiten Wirt wieder abgegeben wird (Abbildung 3). Die Entwicklung des Erregers im Vektor (**äußere Inkubation**) ist häufig nur innerhalb einer gewissen Temperaturspanne möglich (Ebert und Fleischer 2005).

Abbildung 3 | Erfolgreiche Übertragung eines Pathogens durch Blutmahlzeiten eines Vektors



Eine erfolgreiche Übertragung eines Pathogens durch Blutmahlzeiten eines Vektors setzt voraus, dass a) das Pathogen bei der Blutmahlzeit vom Vektor aufgenommen wird, b) sich im Organismus des Vektors vermehren (entwickeln) kann, bis ein infektiöses Stadium erreicht ist (äußere Inkubation) und c) wieder an einen Wirt abgegeben wird. Bei einer Transmission von Arboviren durch Stechmücken werden durch die Blutmahlzeit an einem infizierten Wirt die Viren aufgenommen und gelangen in den Darm der Stechmücke. Dort lösen die Viren eine Infektion der Mücken aus. Wird die immunologische Barriere des Darms überwunden, etablieren sich die Viren in den Epithelzellen der Mücke und können sich von dort über die Hämolymphe im Gewebe der Stechmücke ausbreiten. Nach einer erfolgreichen Vermehrung der Viren in den Speicheldrüsen der Mücke kann eine Übertragung auf den Wirt bei der nächsten Blutmahlzeit erfolgen. Dabei werden die Viren zusammen mit Proteinen aus dem Mückenspeichel bei der interdermalen Injektion übertragen. Im Wirtsorganismus gelangen die Viren, nach einer primären Replikation in den Zellen nahe der Einstichstelle, in den Blutkreislauf des Wirts, wo sie sich weiter systemisch ausbreiten (Wu et al. 2019).

1.5. Temperatur – ein entscheidender Faktor

Wie kann der Klimawandel die räumlichen und zeitlichen Muster im Auftreten von vektorübertragenen Infektionskrankheiten beeinflussen?

Infolge veränderter klimatischer Bedingungen können sich die Verbreitungsgebiete und lokale Abundanzen von Arten ändern (Dormann 2007; Parmesan 2006). Auf der Nordhalbkugel wird infolge der Temperaturerwärmung eine Verschiebung der Areale vieler Arten nach Norden (in höher Breiten) und in höhere Höhenlagen in Gebirgen beobachtet und für die nächsten Jahrzehnte in weiterem Ausmaß erwartet. Vektorkompetenten Arten mit einem ursprünglichen Verbreitungsschwerpunkt in tropischen und subtropischen Gebieten wird ein Temperaturanstieg zugutekommen. Eine Ausweitung oder Verschiebung der Areale von Vektoren gefolgt von Pathogenen oder auch Reservoirwirten kann die Verschiebung und Ausweitung von Risikogebieten mit sich ziehen (Crowl et al. 2008) und somit von gesundheitlicher Relevanz sein.

Höhere Temperaturen können auch direkten Einfluss auf vektorübertragene Infektionskrankheiten zeigen: Die Entwicklung des Erregers im Vektor (äußere Inkubation) ist temperaturabhängig; bei höheren Temperaturen verkürzt sich die äußere Inkubationszeit, das infektiöse Stadium wird früher erreicht (Ebert und Fleischer 2005; Mellor und Leake 2000). Gegebenenfalls wird durch einen Temperaturanstieg in einigen Gebieten der kritische Temperaturschwellenwert

erreicht, bei dem sich das Pathogen erst erfolgreich vermehren und ein infektiöses Stadium überhaupt erreicht werden kann. Höhere Temperaturen können Prävalenzen und die „Pathogenloads“ beeinflussen (Mills et al. 2010). Des Weiteren kann es infolge eines Temperaturanstiegs zu einer Verkürzung des gonotrophischen Zyklus (Eiablagezyklus), also des Zeitraums zwischen zwei Eiablagen bei Stechmücken (z.B. der Tigermücke, *Aedes albopictus*) führen (Ebert und Fleischer 2005). Dies kann zur Folge haben, dass Stechmücken mehr Generationen im Jahr hervorbringen können, was zu (lokal) höheren Abundanzen und damit zu höheren Kontaktwahrscheinlichkeiten mit dem Menschen führt. Höhere Stechfrequenzen und eine insgesamt höhere vektorielle Kapazität der Vektorpopulation könnten die Folge sein (Ebert und Fleischer 2005). Ein genereller Anstieg der Temperaturen und insbesondere mildere Winter können dazu führen, dass sich die Aktivitätsperiode von Vektoren verlängert (Gray et al. 2009). Dies wurde vor allem bei Zecken beobachtet (Zajac et al. 2021).

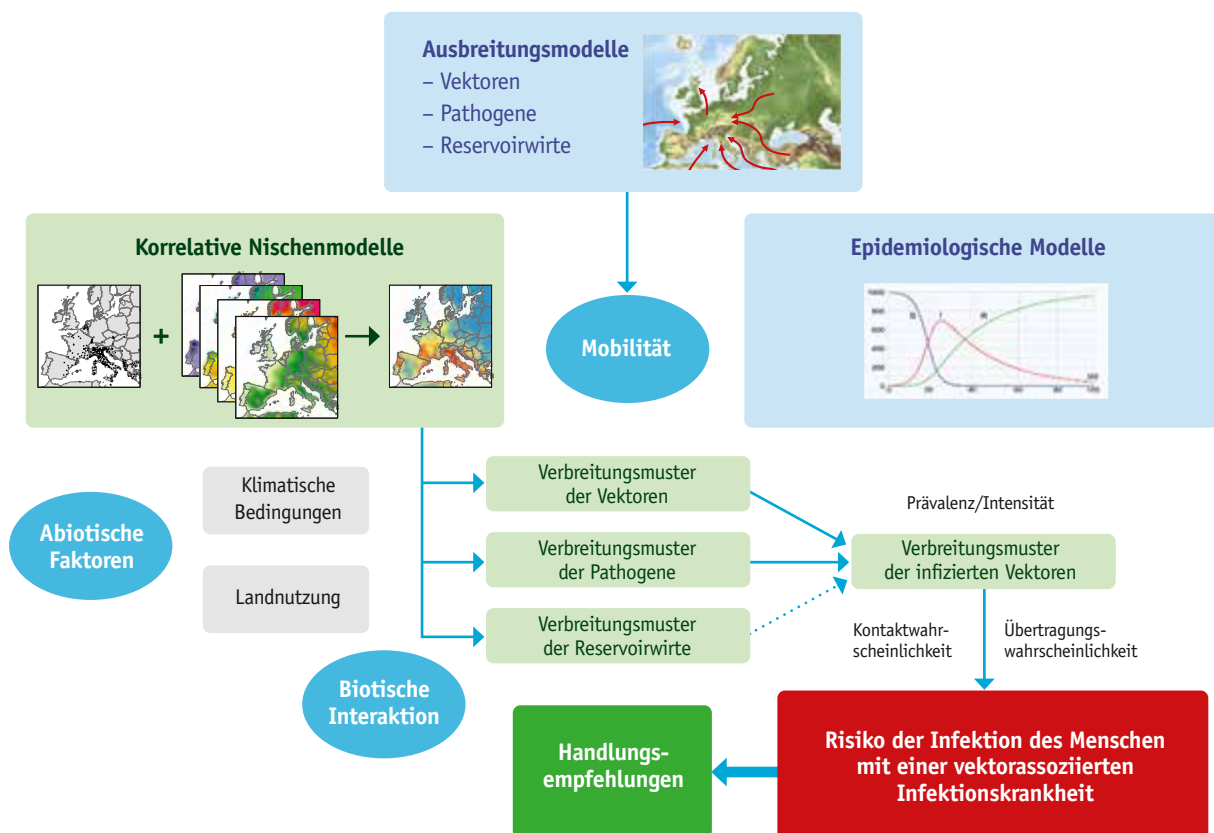
Temperatur ist also in vielerlei Hinsicht ein wesentlicher und entscheidender Faktor, der zur Erklärung der räumlichen und zeitlichen Muster im Auftreten von vektorübertragenen Krankheiten herangezogen werden kann. Dies ist sicherlich auch ein Grund, warum die ökologische Nischenmodellierung als ein erfolgversprechender Ansatz zur Risikoabschätzung von vektorübertragenen Infektionskrankheiten gesehen wird (Escobar 2020).

Modellierungsansätze zur Erstellung von Risikokarten

Um geeignete Präventionsmaßnahmen sinnvoll und effizient einsetzen zu können, muss man wissen, **wo** und **wann** diese nötig sind. Dazu sind modellbasierte Schätzungen der räumlichen und zeitlichen Muster im Infektionsgeschehen hilfreich. Bei den Modellierungsansätzen unterscheidet man in zwei Hauptgruppen: prozessbasierte **epidemiologische Modelle** und **korrelative ökologische Nischenmodelle**. In jedem Fall ist ein möglichst gutes Verständnis der zugrundeliegenden Teilprozesse im Übertragungszyklus, deren globalen Einflussfaktoren sowie der Verbreitungs- und Akti-

vitätsmuster von Vektoren und Pathogenen essentielle Voraussetzung für ein verlässliches Modell. Die Komplexität der Übertragungsprozesse von Pathogenen und das Zusammenspiel der einzelnen Komponenten im Übertragungszyklus rechtfertigen durchaus die parallele Anwendung von verschiedenen Modellierungsansätzen, sowie die Betrachtung verschiedener räumlicher und zeitlicher Skalen, um dann in einem integrativen Gesamtansatz eine möglichst gute Abschätzung des Übertragungsrisikos vektorübertragenen Infektionskrankheiten zu erhalten.

Abbildung 4 | Wichtige Faktoren und Modellierungsaspekte zur Risikoabschätzung in Bezug auf vektorübertragene Infektionskrankheiten.



2.1. Vektorassoziierte Infektionskrankheiten und Klimawandel

Vektorassoziierte Krankheiten sind Teil eines ökologischen Systems, in dem Krankheitserreger, Vektoren, verschiedene Wirte und abiotische Umweltfaktoren in einer Vielzahl von komplexen Interaktionen zueinanderstehen. Prozessbasierte epidemiologische Modelle setzen eine möglichst gute Kenntnis der zugrundeliegenden Teilprozesse voraus. Dabei ist eine Vielzahl von Parametern notwendig, welche empirisch ermittelt oder geschätzt werden müssen. Die Berücksichtigung aller unterliegender Interaktionen im komplexen System ist oftmals nicht möglich oder in der Parametrisierung mit sehr vielen Unsicherheiten verbunden, was als eine klare Limitierung der prozessbasierten Ansätze im Bereich der vektorassoziierten Infektionskrankheiten zu werten ist (Escobar 2020). Die ökologische Nischenmodellierung geht als korrelatives, statistisches Verfahren hier einen anderen Weg. Das Auftreten von vektorübertragenen Infektionskrankheiten setzt das Aufeinandertreffen der einzelnen Komponenten im Übertragungszyklus voraus. **Die räumlichen Verbreitungsmuster dieser Komponenten** (Pathogene, Vektoren und ggf. Reservoirwirte) hängen von **abiotischen Faktoren** ab und lassen sich in korrelativen Modellen sehr gut schätzen. Pathogene haben oft eine recht enge Temperaturnische, da die Replikation des Pathogens im Vektororganismus, die notwendige Voraussetzung der Übertragung ist, meist nur in einem engen Temperaturfenster stattfinden kann. Da Vektoren in der Regel wechselwarme (ektotherme) Organismen sind, ist dies direkt von den herrschenden Temperaturverhältnissen abhängig. Neben der Temperatur spielen in Bezug auf die Verbreitungsmuster von Vektorarten und Reservoirwirten auch andere klimatische Faktoren (Niederschlagsverhältnisse, Windverhältnisse) und auch Landnutzung und Landbedeckung eine wichtige Rolle. Aus den modellierten Verbreitungsmustern der einzelnen Komponenten lässt sich auf das Übertragungsrisiko der betrachteten vektorübertragenen Infektionskrankheit schließen. Unter Verwendung von Modellen über zukünftige klimatische Bedingungen, die der Weltklimarat bereitstellt, können auch die potentiellen zukünftigen Verbreitungsmuster der Komponenten modelliert werden. Neben den komponentenbasierten Ansätzen (Johnson et al. 2019) können Nischenmodellierungsansätze aber auch direkt auf Krankheiten angewendet werden. Dabei werden dann Infektionsereignisse mit Umweltfaktoren korreliert, die Einfluss

auf das Vorkommen von Pathogenen, Vektoren und ggf. Reservoirwirte und damit indirekt auch auf das Infektionsrisiko haben.

Neben diesen Umweltfaktoren spielen **sozioökonomische Faktoren** wie medizinische Versorgung, Impfquote, Verfügbarkeit von Medikamenten, Immunisierung, Bevölkerungsdichte eine sehr wichtige Rolle. Diese Daten können ebenfalls in einem korrelativen Modell berücksichtigt werden. Trotz ihres entscheidenden Stellenwertes werden sie in der Modellierung meist nicht berücksichtigt (Ebert und Fleischer 2005); da sie oft schwierig zu parametrisieren und zu erfassen sind, stehen sozioökonomische Faktoren daher oft für die Modellierung als erklärende Variablen nicht zur Verfügung.

Mobilität spielt auch eine entscheidende Rolle in Bezug auf Änderungen in den Verbreitungsmustern von Arten. Im Zuge des Klimawandels kommt es zu Verschiebungen der Verbreitungsgebiete vieler Arten. Unterstützt durch globalen Handel und Tourismus gelingt es einzelnen Individuen weite Strecken zurückzulegen. Dadurch werden immer wieder Individuen in Gebiete neu eingebracht, die für die Art bisher aufgrund physischer Barrieren wie Gebirge oder Ozeane nicht erreichbar waren. Dabei können Individuen Distanzen selbst zurücklegen (aktive Ausbreitung) oder aber durch Wind oder anthropogen beeinflusst passiv ausgebreitet werden (z. B. können Eier der Tigermücke *Aedes albopictus* durch den Handel mit Altfreifen in Containerschiffen interkontinental transportiert werden). Die Einbindung von prozessbasierten Ausbreitungsmodellen unter Berücksichtigung von internationalem Handel und Reiseverkehr kann helfen, Modelle zu verbessern und verlässlichere Aussagen abzuleiten.

Neben der Berücksichtigung von Ausbreitungsraten kann die Berücksichtigung von biotischen Interaktionen (z. B. Prädation, Konkurrenz, Vorhandensein von Wirtstieren – **biotische Faktoren**) sowie das Einbinden von Informationen aus epidemiologischen Modellen in einem integrativen Modellierungsansatz eine evidenzbasierte Risikobewertung unter sich ändernden klimatischen Bedingungen ermöglichen. Wichtige Voraussetzung für eine verlässliche Modellierung stellt die Verfügbarkeit einer guten Datengrundlage dar.

Exemplarische Verbreitungskarten von Vektoren und vektorübertragenen Krankheiten in Deutschland und Europa

3.1. Stechmückenübertragene Infektionskrankheiten

Stechmücken gelten als die relevanteste Gruppe von Vektorarten weltweit (Romi et al. 2018). Insbesondere Stechmücken der Gattungen *Aedes*, *Anopheles* und *Culex* spielen eine wichtige Rolle bei der Übertragung von Krankheiten. In Deutschland kommen derzeit 51 Stechmückenarten aus sieben Gattungen vor, darunter *Aedes*, *Culex*, und *Anopheles* (KABS 2022). Von medizinischer Relevanz könnten insbesondere die drei nichtheimischen Stechmückenarten *Aedes albopictus* (asiatische Tigermücke), *Aedes japonicus* (japanische Buschmücke) und *Aedes koreicus* (ohne geläufigen deutschen Namen) sein, weshalb diese Arten im Fokus der Forschung stehen. Die Asiatische Tigermücke ist vektorkompetent für eine Reihe von Pathogenen (siehe z.B. Koch et al. (2016), darunter Dengue Viren, Zika Viren und Chikungunya Viren). Die Asiatische Tigermücke hält den Rekord der sich am schnellsten ausbreitenden invasiven Art (Benedict et al. 2007). Innerhalb von 40 Jahren hat die Art es geschafft, sich ausgehend von ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet in Asien über die ganze Welt auszubreiten und kommt mittlerweile mit Ausnahme der Antarktis auf allen Kontinenten vor (Benedict et al. 2007). 1979 wurde die Art in Europa zum ersten Mal gemeldet – in Albanien. Seitdem konnte sie ihr europäisches Verbreitungsgebiet kontinuierlich ausweiten und kommt mittlerweile in hoher Abundanz im gesamten Mittelmeergebiet vor. In wärmebegünstigten Gebieten kann die Tigermücke mittlerweile auch in Deutschland gefunden werden.

Modellierungsstudien gehen davon aus, dass die Art vom Klimawandel profitieren wird und in Zukunft unter veränderten klimatischen Bedingungen ihr europäisches Verbreitungsgebiet noch weiter nach Norden ausweiten können wird (Koch et al. 2016; Cunze et al. 2016; Kraemer et al. 2019). Abbildung 5 zeigt die modellierte zukünftige Arealausweitung für die Asiatische Tigermücke (*Aedes albopictus*) nach den Ergebnissen von Cunze et al. (2016). Rot dargestellt sind Gebiete in denen die Tigermücke geeignete klimatische Bedingungen in den oben angegebenen Zeiträumen vorfindet. Bei der Modellierung der zukünftigen Habitatauswahl wurden verschiedene IPCC Szenarien (IPCC 2007) über zukünftige Klimabedingungen berücksichtigt. Dargestellt sind die Ergebnisse unter Berücksichtigung des RCP2.6-Szenarios, welches einen moderaten Anstieg der Treibhausgase annimmt und folglich auch vergleichsweise geringe Temperaturanstiege projiziert. Das RCP8.5-Szenario geht von den vergleichsweise stärksten Veränderungen aus. Als thermophile Art wird für *Aedes albopictus* eine klimawandelbedingte Arealausweitung Richtung Mittel-, Nord- und Osteuropa projiziert (Abbildung 5).

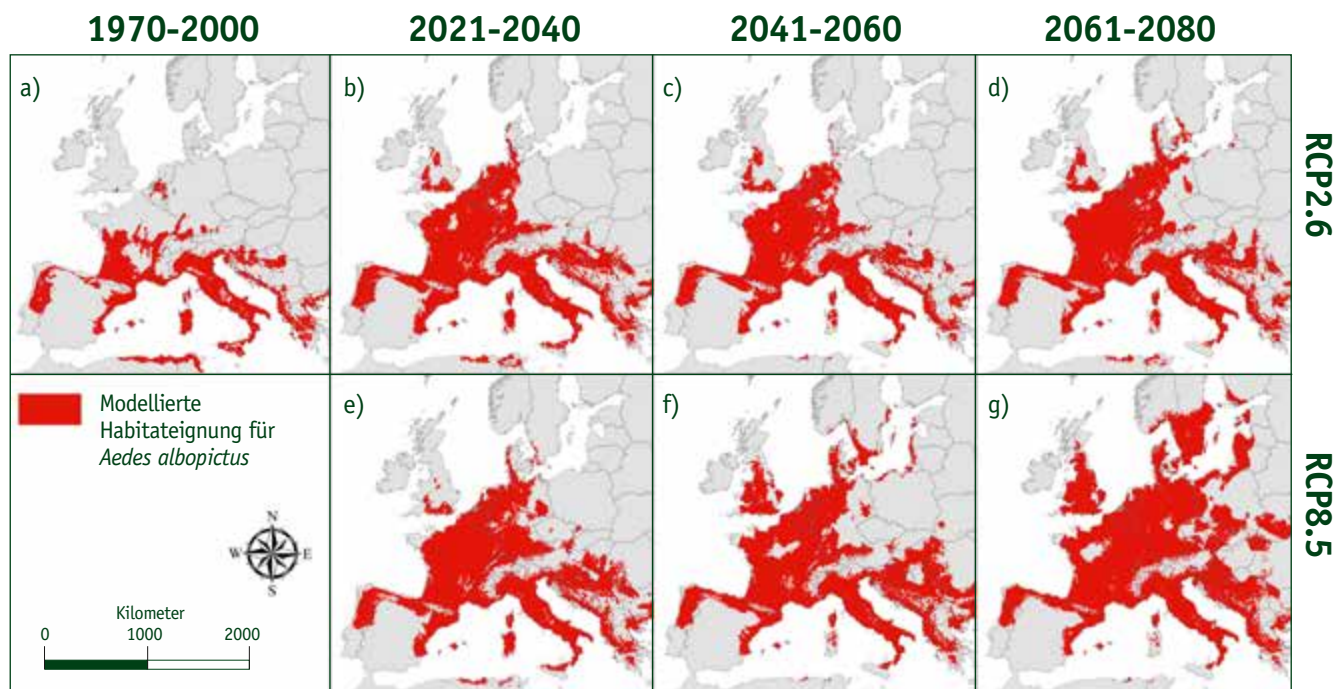
Stechmücken sind wechselwarme Organismen. Pathogene sind im Vektororganismus also ungeschützt der Außentemperatur ausgesetzt. Gerade für Erreger mit Verbreitungsschwerpunkt in subtropischen und tropischen Gebieten wie das Dengue-Virus, das Zika-Virus und das Chikungunya-Virus, zu deren Hauptvektoren die Asiatische Tigermücke zählt (Wu et al. 2019) ist eine starke Temperaturabhängigkeit der äußeren Inkubationszeit bekannt. Diese Erreger besetzen

sozusagen eine enge Temperaturnische, was man sich in der Modellierung zu Nutze machen kann. Unterschreitet die Temperatur einen gewissen Schwellenwert ist keine Übertragung möglich.

Mordecai et al. (2017) geben für das Zika-Virus, das Dengue-Virus und das Chikungunya-Virus folgende Temperaturnischen an: Zwischen 26°C und 29°C herrschen optimale Temperaturbedingungen, zwischen 18°C und 34°C ist eine Übertragung prinzipiell möglich. Bei Temperaturen unter 18°C bzw. über 34°C gilt eine Übertragung als nicht möglich. Gebiete die diesen Temperaturkriterien entsprechen, wo also eine Virusübertragung durch Stechmücken prinzipi-

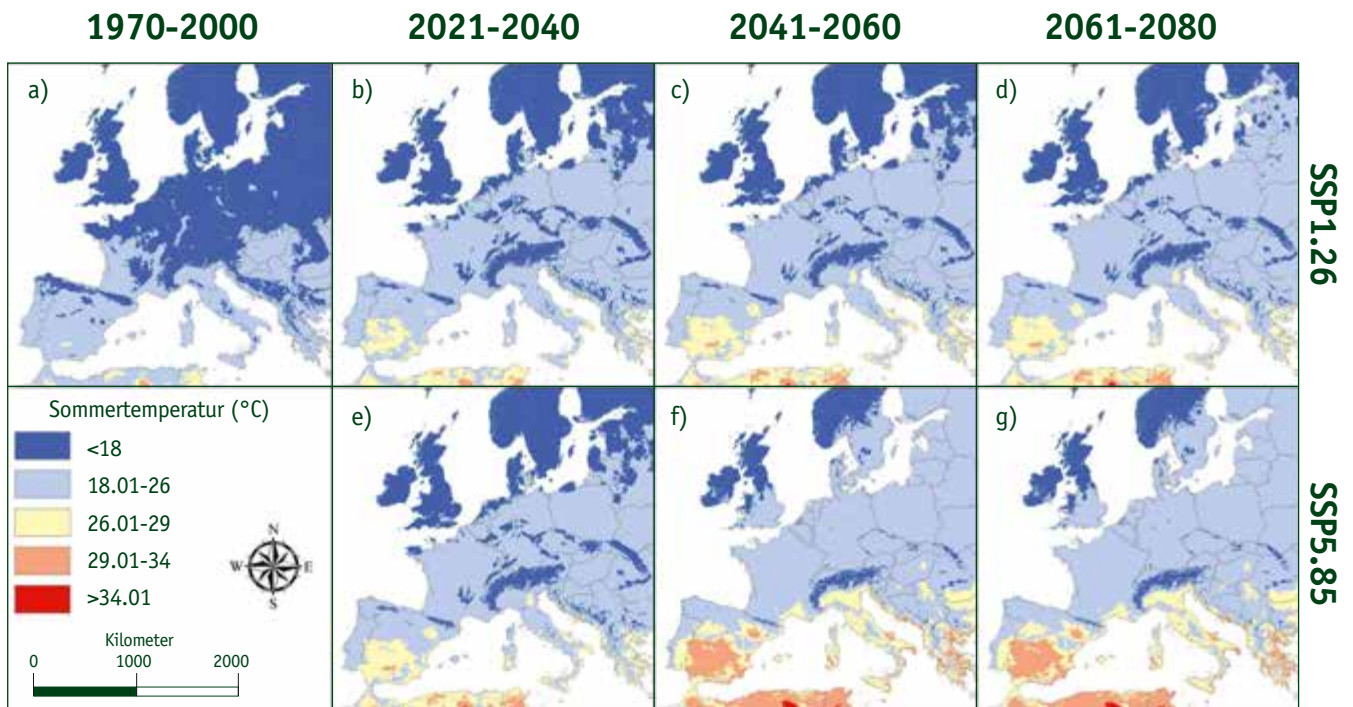
ell möglich ist, wurde in Abbildung 6 dargestellt. Dabei wurde die mittlere Temperatur des wärmsten Quartals (Fick und Hijmans 2017) zu Grunde gelegt und deren Zukunftsprojektionen (IPCC 2014) nach dem CNRM-ESM2-1 Model (Séférian et al. 2019). Nach diesen Modellen werden Gebiete in denen eine Übertragung des Zika-Virus, des Dengue-Virus und des Chikungunya-Virus durch Stechmücken prinzipiell möglich ist, sich ebenfalls nach Norden und Osten in Europa ausweiten können (Abbildung 6). Eine tatsächliche Übertragung ist allerdings nur dann möglich, wenn neben einer vektor-kompetenten Stechmückenart (z. B. *Aedes albopictus*) auch das Virus mit einer entsprechend hohen Wahrscheinlichkeit (Prävalenz) vorkommt.

Abbildung 5 | **Modellierte klimatische Habitataignung für die Asiatische Tigermücke *Aedes albopictus* in Europa unter aktuellen und projizierten zukünftigen Klimabedingungen**



In Rot dargestellt sind Gebiete in denen die Tigermücke geeignete klimatische Bedingungen in den oben angegebenen Zeiträumen vorfindet. Die Modellierungsergebnisse unter zukünftigen Bedingungen in der ersten Zeile (b,c,d) und der zweiten Zeile (e,f,g) unterscheiden sich in den zu Grunde liegenden IPCC Szenarien. (**Modellierte Vektorverbreitung**). Eine detaillierte Beschreibung des Ansatzes findet sich in (Cunze et al. 2016). Karten erstellt in ESRI ArcGIS, Version 10.8.1.

Abbildung 6 | Gebiete mit geeigneten Temperaturbedingungen für die Übertragung des Zika-Virus, des Dengue-Virus und des Chikungunya-Virus durch Stechmücken, z.B. *Aedes albopictus* unter aktuellen und projizierten zukünftigen Bedingungen (IPCC 2014)



In Orange dargestellt sind Gebiete mit optimalen Bedingungen für die Virusübertragung nach (Mordecai et al. 2017), in den gelbdargestellten Gebieten ist eine Übertragung aufgrund der Temperaturverhältnisse prinzipiell möglich, in blauen Bereichen ist eine Übertragung nicht möglich. (**Modellierte Virusübertragung in Abhängigkeit der Temperatur**) Karten erstellt in ESRI ArcGIS, Version 10.8.1.

3.2. Sandmückenübertragene Infektionskrankheiten

Leishmaniose

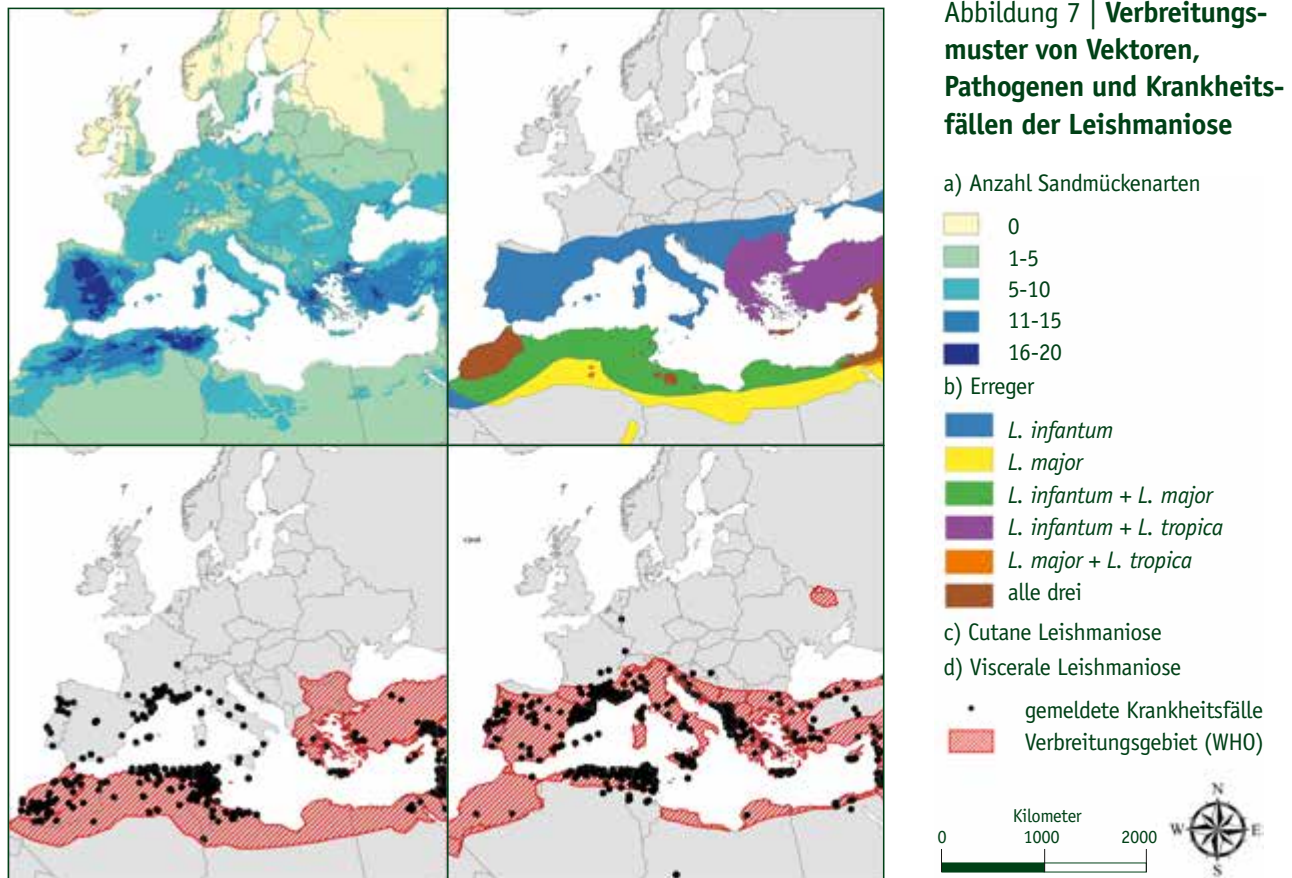
Neben Stechmücken stellen Sandmücken eine wichtige Gruppe von vektorkompetenten Arthropoden dar. In Europa kommt es durch *phlebotomine* Sandmücken insbesondere zu Übertragungen von Leishmaniose-Erregern (Semenza und Suk 2018). Leishmaniose wird durch protozoische Parasiten der Gattung *Leishmania* ausgelöst. In Europa kommen

insbesondere *Leishmania infantum*, Erreger der viszeralen Leishmaniose (die Eingeweide betreffend) und *Leishmania tropica*, Erreger der cutanen Leishmaniose (die Haut betreffend) vor (Abbildung 7b). Übertragen wird die Krankheit in Eurasien durch Sandmücken der Gattung *Phlebotomus*. Es sind viele vektorkompetente *Phlebotomus* Arten bekannt; diese unterscheiden sich in ihren ökologischen Bedürfnissen und folglich auch in ihren Verbreitungsmustern (Cunze et al. 2019). Da die einzelnen *Phlebotomus* Arten weitgehend pathogenspezifisch sind, kann hier ökologische Nischenmodellierung sinnvoll ergänzend zur Risikobewertung eingesetzt werden.

Ein Infektionsrisiko besteht, wenn Vektoren (Abbildung 7a) und Pathogene (Abbildung 7b) zusammen vorkommen. Kommt das Pathogen in einer Region nicht vor, besteht auch bei einer hohen Abundanz geeigneter Vektoren kein erhöhtes Infektionsrisiko für die Bevölkerung.

Von einigen der in Europa vorkommende, vektorkompetente Sandmückenarten wird angenommen, dass sie von der voranschreitenden Klimaerwärmung profitieren (Koch et al. 2017). Es könnte in Zukunft also zu einer klimawandelbedingten Arealausweitung einiger *Phlebotomus* Arten nach Norden kommen, und in Folge zu einer höheren Anzahl vektorkompe-

tenter Arten in Mitteleuropa (Koch et al. 2017). Dabei gilt es allerdings zu beachten, dass Sandmücken sehr schlechte Flieger sind, was eine aktive Migration um den klimawandelbedingten Arealverschiebungen zu folgen stark einschränkt. Hier könnten anthropogen unterstützte Wanderungen eine Rolle spielen. Auch in Bezug auf die Pathogenausbreitung könnten die Aufnahme Leishmaniose-infizierter Hunde aus Südeuropa eine Rolle spielen (Menn et al. 2010).



a) Anzahl prinzipiell vektorkompetenter Sandmückenarten (*Phlebotomus* spp.), die im jeweiligen Gebiet geeignete klimatische Bedingungen vorfinden. Detaillierte Beschreibung der Methode findet sich in Cunze et al. 2019). b) Verbreitungsmuster der Erreger (WHO 2010, 1989); c) Verbreitungsgebiet der cutanen Leishmaniose und d) der viszeralen Leishmaniose nach (WHO 1989, 2010), sowie einzelne Krankheitsfälle nach (Pigott et al. 2014). (**Modellierte Vektorverbreitung, empirische Verbreitung von Pathogenen und Krankheitsfällen**) Karten erstellt in ESRI ArcGIS, Version 10.8.1.

Handlungsempfehlungen

Es deutet vieles darauf hin, dass es in Europa infolge eines Temperaturanstieg im Zuge des globalen Klimawandels zu einer Zunahme im Vorkommen von vektor-kompetenten Arten sowie assoziierten Pathogenen kommen kann und somit auch zu einem höheren Infektionsrisiko der Bevölkerung mit vektorübertragenen Krankheiten (Cramer 2014). Dies legt einen Handlungsbedarf nahe. In Bezug auf vektorübertragene Infektionskrankheiten sollte ein intensives **evidenzbasiertes, modellgestütztes Monitoring** stattfinden.

Dieses Monitoring sollte alle relevanten Komponenten des Übertragungszyklus einschließen (Vektorvorkommen, Prävalenzen der Pathogene, Auftreten humaner und veterinärer Krankheitsfälle) und sollte mit **europaweit standardisierten Methoden** durchgeführt werden. Denn nur so ist eine valide Beurteilung von Änderungen in räumlichen und in zeitlichen Mustern möglich, was eine Voraussetzung zur Ableitung von Maßnahmen darstellen sollte.

Ökologische Nischenmodelle können zur Modellierung der Habitat Eignung und Vorkommens Wahrscheinlichkeit von Vektorarten eingesetzt werden. Gerade bei nichtheimischen Arten (Neobiota) können durch eine Modellierung der Nische basierend auf den Daten aus dem ursprünglichen Verbreitungsgebiet und eine anschließende Projektion auf Europa verlässliche Aussagen über das zukünftige Ausbreitungspotential der Arten abgeleitet werden. Dies spielt insbesondere dann eine Rolle, wenn über Vektorbekämpfung nachgedacht wird, da eine Bekämpfung der weiteren Ausbreitung in frühen Einwanderungsstadien am erfolgversprechendsten ist. Auch können die Ergebnisse der Nischenmodellierung erfolgreich eingesetzt werden, ein bestehendes Monitoring Programm effizienter zu gestalten, da das Monitoring stratifiziert werden kann, indem Gebiete, mit einer geringeren Vorkommens Wahrscheinlichkeit oder Habitat Eignung mit geringerem Aufwand untersucht werden können.

Zur Risikobewertung ist eine möglichst gute Kenntnis der räumlichen und zeitlichen Muster essentiell. Gute Modelle zur Schätzung der räumlichen und zeitlichen Muster für das Auftreten von vektorübertragenen Infektionskrankheiten können dabei sehr hilfreich sein. Abgeleitete Risikokarten sind essentielle Grundlage für die Planung von Präventions- und Gegenmaßnahmen. In Gebieten mit erhöhtem Risiko der Infektion mit einer vektorübertragenen Krankheit können frühzeitig Maßnahmen getroffen werden. Auch hier besteht wieder die Notwendigkeit der Betrachtung der einzelnen Komponenten des Übertragungszyklus (Vektoren, Pathogene, Krankheitsfälle und gegebenenfalls Reservoirwirte).

Modellierungsergebnisse können wie oben erwähnt, dazu genutzt werden, die Datenerhebung effizienter zu gestalten, andererseits ist die Modellierung in hohem Maße auf die Verfügbarkeit verlässlicher unverzerrter Daten angewiesen. Einheitlich erhobene Daten könnten in hohem Maße dazu beitragen Modelle zu verbessern und somit verlässlichere Risikobewertungen abzuleiten. (Verzerrung bedeutet in dem Fall, dass in einzelnen Ländern, Daten nach verschiedenen Standards erhoben wurden, was dazu führt, dass die Daten nicht vergleichbar sind und in korrelativen Modellen zu erheblichen Schwierigkeiten führen kann). Daher sollten erhobene und gemeldete Daten der Wissenschaft frei zugänglich gemacht werden. Gute Daten sind essentiell für verlässliche Modelle. Gerade in Bezug auf Pathogenverbreitungen (Prävalenzen in Vektoren und Reservoirwirten) sowie in Bezug auf Krankheitsfälle (optimaler Weise Ort, wo die Übertragung stattgefunden hat) ist die Datenlage bisher recht dünn.

Eine **Aufklärung der Bevölkerung** zu bestehenden Risiken ist wichtig. Basierend auf einer verlässlichen Risikobewertung können Reisewarnungen und Impfeempfehlungen optimiert und angepasst werden. Ärztinnen und Ärzte sollten

sich über die Möglichkeit neu auftretender Infektionskrankheiten weiterbilden, inklusive möglicher Symptome. Umfassende Information von Medizinerinnen und Mediziner über vektorübertragene Krankheiten zusammen mit einem europäischen Meldesystem könnte helfen, die Datenlage enorm zu verbessern und damit auch verlässlichere modellbasierte Risikobewertungen zu erreichen.

Aufklärung und Sensibilisierung der Bevölkerung (Reisewarnungen, Impfpfehlungen) sowie Human- und Veterinärmediziner für neu auftretende Krankheiten (Symptome, Diagnosemöglichkeiten), evidenzbasiertes, modellgestütztes und somit effizientes Monitoring von Vektoren und Prävalenzen, Planung und Durchführung von Gegenmaßnahmen: z. B. Impfungen (wenn möglich) oder Maßnahmen zur Vektorkontrolle (Trockenlegen von Bruthabitaten, Ausbringen steriler Männchen). Grundsätzliche Voraussetzung ist, dass man möglichst gut abschätzen kann, wo und wann ein erhöhtes Risiko besteht, also möglichst verlässliche Modelle hat, sowie sich über deren Grenzen und Unsicherheiten bewusst ist. Modelle sind einerseits auf gute Daten angewiesen, andererseits können sie helfen, die Datenerhebung effizienter zu gestalten, Hier wäre ein interdisziplinärer Austausch, mehr Transparenz und Zusammenarbeit wünschenswert.

Literaturverzeichnis

- Benedict, Mark Q.; Levine, Rebecca S.; Hawley, William A.; Lounibos, L. Philip (2007): Spread of the tiger: global risk of invasion by the mosquito *Aedes albopictus*. In: *Vector borne and zoonotic diseases* (Larchmont, N.Y.) 7 (1), S. 76–85. DOI: 10.1089/vbz.2006.0562.
- Cramer, J. P. (2014): Globale Zunahme von Tropenkrankheiten. Tiere und Menschen. In: Lozán, J. L., Grassl, H., Karbe, L. & G. Jendritzky (Hrsg.). In: *Warnsignal Klima: Gefahren für Pflanzen*, Kap. 3.2.1. Online verfügbar unter www.klima-warnsignale.uni-hamburg.de.
- Crowl, Todd A.; Crist, Thomas O.; Parmenter, Robert R.; Belovsky, Gary; Lugo, Ariel E. (2008): The spread of invasive species and infectious disease as drivers of ecosystem change. In: *Frontiers in Ecology and the Environment* 6 (5), S. 238–246. DOI: 10.1890/070151.
- Cunze, Sarah; Koch, Lisa K.; Kochmann, Judith; Klimpel, Sven (2016): *Aedes albopictus* and *Aedes japonicus* - two invasive mosquito species with different temperature niches in Europe. In: *Parasites & vectors* 9 (1), S. 573. DOI: 10.1186/s13071-016-1853-2.
- Cunze, Sarah; Kochmann, Judith; Koch, Lisa K.; Hasselmann, Korbinian J. Q.; Klimpel, Sven (2019): Leishmaniasis in Eurasia and Africa: geographical distribution of vector species and pathogens. In: *R. Soc. open sci.* 6 (5), S. 190334. DOI: 10.1098/rsos.190334.
- Dormann, Carsten F. (2007): Promising the future? Global change projections of species distributions. In: *Basic and Applied Ecology* 8 (5), S. 387–397. DOI: 10.1016/j.baae.2006.11.001.
- Eberhard, Fanny E.; Cunze, Sarah; Kochmann, Judith; Klimpel, Sven (2020): Modelling the climatic suitability of Chagas disease vectors on a global scale. In: *eLife* 9. DOI: 10.7554/eLife.52072.
- Ebert, B.; Fleischer, B. (2005): Globale Erwärmung und Ausbreitung von Infektionskrankheiten. In: *Bundesgesundheitsblatt, Gesundheitsforschung, Gesundheitsschutz* 48 (1), S. 55–62. DOI: 10.1007/s00103-004-0968-3.
- Escobar, Luis E. (2020): Ecological Niche Modeling: An Introduction for Veterinarians and Epidemiologists. In: *Frontiers in veterinary science* 7, S. 519059. DOI: 10.3389/fvets.2020.519059.
- Fick, Stephen E.; Hijmans, Robert J. (2017): WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. In: *Int. J. Climatol* 37 (12), S. 4302–4315. DOI: 10.1002/joc.5086.
- Gray, J. S.; Dautel, H.; Estrada-Peña, A.; Kahl, O.; Lindgren, E. (2009): Effects of climate change on ticks and tick-borne diseases in Europe. In: *Interdisciplinary perspectives on infectious diseases* 2009, S. 593232. DOI: 10.1155/2009/593232.
- IPCC (Hg.) (2007): *Climate Change 2007: Synthesis Report*. Contribution of Working Groups I, II and III to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Core Writing Team, R.K. Pachauri and L.A. Meyer (eds.). Unter Mitarbeit von Core Writing Team, R.K. Pachauri and L.A. Meyer (eds.). Intergovernmental Panel on Climate Change. Geneva, Switzerland: IPCC.
- IPCC (Hg.) (2014): *Climate Change 2014: Synthesis Report*. Contribution of Working Groups I, II and III to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Core Writing Team, R.K. Pachauri and L.A. Meyer (eds.). Unter Mitarbeit von Core Writing Team, R.K. Pachauri and L.A. Meyer (eds.). Intergovernmental Panel on Climate Change. Geneva, Switzerland: IPCC.
- Johnson, Erica E.; Escobar, Luis E.; Zambrana-Torrel, Carlos (2019): An Ecological Framework for Modeling the Geography of Disease Transmission. In: *Trends in ecology & evolution* 34 (7), S. 655–668. DOI: 10.1016/j.tree.2019.03.004.
- KABS (2022): Stechmückenarten. Online verfügbar unter https://www.kab-sev.de/1/1_4/1_4_2/, zuletzt geprüft am 25.03.2022.
- Koch, Lisa K.; Cunze, Sarah; Werblow, Antje; Kochmann, Judith; Dörge, Dorian D.; Mehlhorn, Heinz; Klimpel, Sven (2016): Modeling the habitat suitability for the arbovirus vector *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Germany. In: *Parasitology research* 115 (3), S. 957–964. DOI: 10.1007/s00436-015-4822-3.
- Koch, Lisa K.; Kochmann, Judith; Klimpel, Sven; Cunze, Sarah (2017): Modeling the climatic suitability of leishmaniasis vector species in Europe. In: *Scientific reports* 7 (1), S. 13325. DOI: 10.1038/s41598-017-13822-1.
- Kraemer, Moritz U. G.; Reiner, Robert C.; Brady, Oliver J.; Messina, Jane P.; Gilbert, Marius; Pigott, David M. et al. (2019): Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. In: *Nature microbiology* 4 (5), S. 854–863. DOI: 10.1038/s41564-019-0376-y.
- Menn, Brigitte; Lorentz, Susanne; Naucke, Torsten J. (2010): Imported and travelling dogs as carriers of canine vector-borne pathogens in Germany. In: *Parasites & vectors* 3, S. 34. DOI: 10.1186/1756-3305-3-34.
- Mills, James N.; Gage, Kenneth L.; Khan, Ali S. (2010): Potential influence of climate change on vector-borne and zoonotic diseases: a review and proposed research plan. In: *Environmental health perspectives* 118 (11), S. 1507–1514. DOI: 10.1289/ehp.0901389.
- Mordecai, Erin A.; Cohen, Jeremy M.; Evans, Michelle V.; Gudapati, Prithvi; Johnson, Leah R.; Lippi, Catherine A. et al. (2017): Detecting the impact of temperature on transmission of Zika, dengue, and chikungunya using mechanistic models. In: *PLoS neglected tropical diseases* 11 (4), e0005568. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005568.
- Parham, Paul E.; Waldock, Joanna; Christophides, George K.; Hemming, Deborah; Augusto, Folashade; Evans, Katherine J. et al. (2015): Climate, environmental and socio-economic change: weighing up the balance in vector-borne disease transmission. In: *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences* 370 (1665). DOI: 10.1098/rstb.2013.0551.
- Parmesan, Camille (2006): Ecological and Evolutionary Responses to Recent Climate Change. In: *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 37 (1), S. 637–669. DOI: 10.1146/annurev.ecolsys.37.091305.110100.
- Pigott, David M.; Bhatt, Samir; Golding, Nick; Duda, Kirsten A.; Battle, Katherine E.; Brady, Oliver J. et al. (2014): Global distribution maps of the leishmaniasis. In: *eLife* 3. DOI: 10.7554/eLife.02851.
- Rocklöv, Joacim; Huber, Veronika; Bowen, Kathryn; Paul, Richard (2021): Taking globally consistent health impact projections to the next level. In: *The Lancet Planetary Health* 5 (7), e487–e493. DOI: 10.1016/S2542-5196(21)00171-6.
- Romi, R.; Boccolini, D.; Di Luca, M.; Medlock, J. M.; Schaffner, F.; Severini, F.; Toma, L. (2018): The invasive mosquitoes of medical importance. In: G. Mazza und E. Tricarico (Hg.): *Invasive species and human health*. Wallingford: CABI, S. 76–90.
- Séférián, Roland; Nabat, Pierre; Michou, Martine; Saint-Martin, David; Voltaire, Aurore; Colin, Jeanne et al. (2019): Evaluation of CNRM Earth System Model, CNRM-ESM2-1: Role of Earth System Processes in Present-Day and Future Climate. In: *J. Adv. Model. Earth Syst.* 11 (12), S. 4182–4227. DOI: 10.1029/2019MS001791.
- Semenza, Jan C.; Suk, Jonathan E. (2018): Vector-borne diseases and climate change: a European perspective. In: *FEMS microbiology letters* 365 (2). DOI: 10.1093/femsle/fnx244.

WHO (1989): Geographical distribution of arthropod-borne diseases and their principal vectors. Online verfügbar unter https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/60575/who_vbc_89.967.pdf.

WHO (2010): Control of the leishmaniasis: report of a meeting of the WHO Expert Committee on the Control of Leishmaniasis, Geneva, 22-26 March 2010. Online verfügbar unter <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/44412/w?sequence=1>.

WHO (2020): Factsheet: Vector-borne diseases. Online verfügbar unter <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>, zuletzt geprüft am 02.03.2022.

Wu, Pa; Yu, Xi; Wang, Penghua; Cheng, Gong (2019): Arbovirus lifecycle in mosquito: acquisition, propagation and transmission. In: Expert reviews in molecular medicine 21, e1. DOI: 10.1017/erm.2018.6.

Zajac, Zbigniew; Kulisz, Joanna; Wozniak, Aneta; Bartosik, Katarzyna; Khan, Adil (2021): Seasonal activity of Dermacentor reticulatus ticks in the era of progressive climate change in eastern Poland. In: Scientific reports 11 (1), S. 20382. DOI: 10.1038/s41598-021-99929-y.

Glossar zur Studie

Abundanz	Populationsdichte; die Abundanz von Vektoren beeinflusst das Risiko von Erregerübertragungen.
Arthropoden	Gliederfüßler (Insekten, Krebse), die sich blutsaugend (hämatophag) ernähren. Die Art der Ernährung ist ursächlich für die Übertragung von Erregern.
Vektoren	Überträger von Erregern (Viren, Parasiten, Bakterien), meist Stechmücken verschiedener Gattungen (<i>Anopheles</i> , <i>Aedes aegypti</i> , <i>Aedes albopictus</i> , <i>Culex</i>), aber auch Wanzen, Sandmücken, Kriebelmücken und Tsetse-Fliege. Vorkommen in tropischen und subtropischen Regionen.
Ektothermer Vektororganismus	Die Körpertemperatur des Vektors wird nicht durch den eigenen Stoffwechsel reguliert, sondern ist von der Umgebungstemperatur bestimmt.
IPCC	International Panel for Climate Change oder auch Weltklimarat; Organisation der Vereinten Nationen mit Sitz in Genf, die auf Basis wissenschaftlicher Daten Szenarien für die Entwicklung des Weltklimas prognostiziert, darunter die IPCC-Szenarien Shared Socioeconomic Pathways (SSPs) und Representative Concentration Pathways (RCPs).
RCP2.6-Szenario	Unterstellt weitreichende Maßnahmen zur Beschränkung von Treibhausgasemission, auf deren Basis es gelingt, den durchschnittlichen Temperaturanstieg auf unter 2 Grad im Vergleich zum vorindustriellen Zeitalter zu begrenzen.
RCP8.5-Szenario	Unterstellt eine Umweltpolitik des „Weiter so“; das führt längerfristig zu einem Temperaturanstieg von bis zu 4,8 Grad.
SSP1.26-Szenario	Prognostiziert unter günstigen Annahmen einer effektiven Umweltpolitik einen Temperaturanstieg von 1,7 Grad bis 2060, danach bis 1,8 Grad.
SSP5.85-Szenario	Ist der Worst Case mit einem Temperaturanstieg von 2,4 Grad bis 2060 und 4,8 Grad ab 2080.
Vektorkompetenz	ist die Eignung und Wahrscheinlichkeit der Erregerübertragung durch die Blutmahlzeit des Vektors (Insekts).

