

Journal of Health Monitoring · 2023 8(S3)

DOI 10.25646/11392

Robert Koch-Institut, Berlin

Sandra Beermann¹, Gerhard Dobler², Mirko Faber³, Christina Frank³, Birgit Habedank⁴, Peter Hagedorn⁵, Helge Kampen⁶, Carola Kuhn⁴, Teresa Nygren³, Jonas Schmidt-Chanasit⁷, Erik Schmolz⁴, Klaus Stark³, Rainer G. Ulrich^{8,9}, Sabrina Weiss¹⁰, Hendrik Wilking³

¹ Robert Koch-Institut, Berlin² Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München, Nationales Konsiliarlabor für Frühsommer-Meningoenzephalitis³ Robert Koch-Institut, Berlin
Abteilung für Infektionsepidemiologie⁴ Umweltbundesamt, Berlin
Fachgebiet IV 1.4 Gesundheitsschädlinge und ihre Bekämpfung⁵ Robert Koch-Institut, Berlin
Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene⁶ Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Institut für Infektionsmedizin⁷ Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg, Arbovirologie und Entomologie⁸ Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger⁹ Deutsches Zentrum für Infektionsforschung, Greifswald – Insel Riems¹⁰ Robert Koch-Institut, Berlin
Zentrum für Internationalen Gesundheitsschutz

Eingereicht: 10.10.2022

Akzeptiert: 10.01.2023

Veröffentlicht: 01.06.2023

Auswirkungen von Klimaveränderungen auf Vektor- und Nagetier-assoziierte Infektionskrankheiten

Abstract

Hintergrund: Endemische wie auch importierte Vektor- und Nagetier-übertragene Infektionserreger können mit hoher Morbidität und Mortalität assoziiert sein. Daher sind Vektor- und Nagetier-assoziierte Erkrankungen des Menschen und deren mögliche Beeinflussung durch klimatische Veränderungen ein wichtiges Thema für die öffentliche Gesundheit.

Methode: Für diese Übersichtsarbeit wurde die Literatur entsprechend der thematisierten Aspekte identifiziert, ausgewertet und durch Meldedaten für Deutschland ergänzt.

Ergebnisse: Faktoren wie höhere Temperaturen, veränderte Niederschlagsmuster und das Verhalten der Menschen können die Epidemiologie von Vektor- und Nagetier-assoziierten Infektionskrankheiten in Deutschland beeinflussen.

Schlussfolgerungen: Die Auswirkungen von klimatischen Veränderungen auf die Ausbreitung der Vektor- und Nagetier-assoziierten Infektionskrankheiten müssen im Detail weiter untersucht und bei Klimaanpassungsmaßnahmen berücksichtigt werden.

Dieser Artikel ist Teil der Beitragsreihe zum Sachstandsbericht Klimawandel und Gesundheit 2023.

RESERVOIRWIRTE · VEKTOREN · ARBOVIREN · ZOOSENE · PUUMALA-ORTHOHANTAVIRUS

1. Einleitung

Vektor- und Nagetier-assoziierte Erkrankungen des Menschen und deren mögliche Beeinflussung durch klimatische Veränderungen sind ein wichtiges Thema für die öffentliche Gesundheit – regional, national und global. Sowohl einheimische als auch importierte Vektor- und Nagetier-übertragene Infektionserreger können mit hoher Morbidität und Mortalität assoziiert sein und erhebliche Kosten für das Gesundheitssystem verursachen. Globalisierung und Klimawandel begünstigen zudem die Einschleppung und

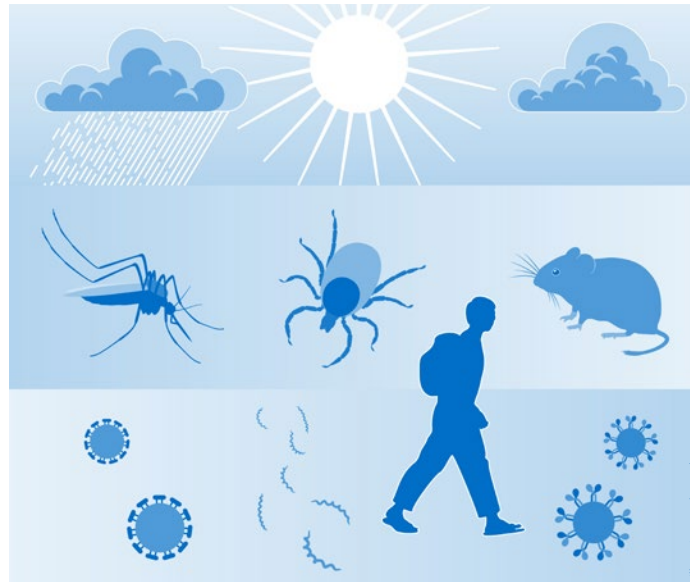
Ausbreitung neuer Vektoren sowie neuer Vektor-übertragener Infektionserreger, die auch in Deutschland mit einer Ausweitung des Infektionserregerspektrums einhergehen.

Der vorliegende Artikel gibt einen Überblick über diese Faktoren sowie eine Aussicht auf mögliche Entwicklungen in Bezug auf unterschiedliche Vektor- und Nagetier-assoziierte Krankheiten, die durch den Klimawandel beeinflusst werden könnten (*Abbildung 1*). Im ersten Teil des Artikels stehen die Stechmücken-assoziierten Viren im Fokus, die als Folge von Globalisierung und Klimaerwärmung auch in Deutschland wieder an Bedeutung gewonnen haben. Der

Abbildung 1

Das Klima (oben) beeinflusst Vektoren und Reservoirwirte sowie das Verhalten des Menschen (Mitte) und dadurch Vektor- und Nagetier-assoziierte Krankheitserreger (unten) und das Auftreten der von ihnen verursachten Infektionskrankheiten

Illustration: Guido Hegasy



nachfolgende Abschnitt betrachtet die von Schildzecken übertragenen Erreger und die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) und Lyme-Borreliose, die eine hohe Public-Health-Relevanz für Deutschland besitzen. Anschließend wird die zoonotische Hantavirus-Erkrankung beim Menschen beschrieben.

Im letzten Abschnitt werden Handlungsoptionen für den Umgang mit Vektor- und Nagetier-assoziierten Infektionen sowie deren Kontrolle und Prävention aufgeführt.

2. Methodik

Die Autorinnen und Autoren legten gemeinsam die gemäß ihrer Expertise darzustellenden Inhalte dieser Übersichtsarbeit fest. Die Literaturzitate wurden entsprechend den thematisierten Aspekten identifiziert und eingefügt. Darüber

hinaus wurden am Robert Koch-Institut (RKI) nach dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) erhobene Meldedaten zur Veranschaulichung der Situation in Deutschland eingefügt. Einzelne Gruppen von Autorinnen und Autoren bereiteten Entwürfe für die verschiedenen Abschnitte vor, die von allen Autorinnen und Autoren diskutiert und in eine finale Form gebracht wurden.

3. Mit Stechmücken assoziierte Infektionskrankheiten

3.1 Vorkommen und Verbreitung vektorkompetenter Stechmücken in Deutschland

Stechmücken können Vektoren von Viren, Protozoen und Filarien sein. In Deutschland waren sie bis vor einigen Jahrzehnten nur als Überträger von Plasmodien (parasitische Protozoen), den Erregern der Malaria, bekannt. Nach der weitgehenden Eradizierung der Malaria aus Europa in der Mitte des 20. Jahrhunderts spielten Stechmücken in Deutschland lange Zeit keine Rolle mehr als Vektoren, die es zu überwachen galt. Die erfolgreiche Bekämpfung der Malaria basierte im Wesentlichen auf der Entwicklung von synthetischen Medikamenten und der neu erkannten insektiziden Wirkung von DDT (1,1,1-Trichlor-2,2-bis-(4-chlorphenyl)ethan) [1]. Mit Stechmücken assoziierte Krankheiten, die sich durch eine relevante Morbidität oder gar Mortalität auszeichnen, waren in der Folge jahrzehntelang nicht vorhanden. Während die endemischen Plasmodien-Spezies im Zuge der Malariabekämpfung verschwanden, erholten sich die Populationen der übertragenden *Anopheles*-Arten wieder und sind heute nach wie vor Bestandteil der deutschen Stechmückenfauna. Diese setzt sich aus mindestens 52 Arten zusammen, wobei Überschwemmungsmücken

(*Aedes (Ae.) vexans*, *Ae. sticticus*) und die Arten des *Culex (Cx.) pipiens*-Komplexes (*Cx. pipiens*, *Cx. torrentium*) die häufigsten und am weitesten verbreiteten Stechmückenarten in Deutschland sind [2]. Bei fünf dieser Arten handelt es sich um Neozoen, d. h. durch menschliche Einflussnahme in einem Gebiet neu etablierte Arten, deren Auftreten seit 2007 in Folge von Globalisierung und Klimaerwärmung beobachtet wird. Für sie wurden in der jüngeren Vergangenheit in Deutschland fortlaufende Reproduktion und wiederholte Überwinterung nachgewiesen, so dass sie, zumindest regional, als etabliert angesehen werden müssen.

Seit 2011 werden in Deutschland durchgehend Monitoringaktivitäten durchgeführt, die aktuelle Daten zum Vorkommen und zur Verbreitung von Stechmückenarten liefern. Diese basieren sowohl auf der systematischen Erfassung von Adulttieren mithilfe von Fallenfängen und ungerichteten Larvalsammlungen (aktives Monitoring), als auch auf zufälligen Einsendungen von Stechmücken aus der Bevölkerung über das Citizen-Science-Projekt „Mückenatlas“ (passives Monitoring). Insbesondere der Mückenatlas hat sich als gutes Frühwarnsystem zur Entdeckung invasiver Arten erwiesen [3, 4].

Für 23 der in Deutschland auftretenden Arten existieren Belege, dass sie vektorkompetent für diverse Krankheitserreger sind, d. h. genetisch und physiologisch prinzipiell befähigt, die Krankheitserreger in ihrem Körper zu vermehren bzw. zur Weiterentwicklung zu bringen und zu übertragen. Von weiteren der einheimischen Stechmückenarten wird dies angenommen, obwohl wissenschaftlich belastbare Belege noch ausstehen [4].

Die tatsächliche Vektorrolle eines blutsaugenden Gliederfüßers spiegelt sich in der sogenannten Vektorkapazität

wider, die u. a. eine Funktion der Vektorhäufigkeit und der Verfügbarkeit von Infektionsquellen ist [5]. Unter Infektionsquellen sind alle Wirbeltiere zu verstehen, an denen sich Stechmücken infizieren können. Eine erhebliche Rolle spielt aber auch die Außentemperatur, die sowohl die Entwicklung des Vektors als auch die des Krankheitserregers im Vektor beeinflusst. Ab gewissen artspezifischen Minimaltemperaturen werden physiologische Prozesse in Gang gesetzt, die sich – bis zu bestimmten maximalen Grenztemperaturen – mit steigenden Temperaturen beschleunigen. So setzen manche Stechmückenarten nach der Winterruhe ihre Larvalentwicklung im Frühjahr schon bei wenigen Grad oberhalb der Gefriertemperatur fort (die Japanische Buschmücke, *Ae. japonicus*, etwa bei ca. 4–5 °C [6]). Bei steigenden Temperaturen kommt es zur Erhöhung der Stichfrequenz, zur Beschleunigung der Blutverdauung, der Eibildung, der Juvenilentwicklung und des Generationszyklus, was insgesamt zu höheren Populationsdichten führt. Ebenso verlängert sich die saisonale Aktivitätsperiode. Gegenläufig ist eine kürzere individuelle Lebensdauer bei hohen Temperaturen [7].

Viele Arboviren, d. h. von Arthropoden übertragene Viren, replizieren und disseminieren in ihren Vektoren erst ab Temperaturen von 11–15 °C [8]. Im Toleranzbereich von Vektoren und Viren erfolgt die Virogenese umso schneller, je höher die Temperaturen sind, so dass Intensität und Effizienz der Erregerübertragung im Einklang mit höheren Stichfrequenzen der Mücken zunehmen [9]. Dass eine Virusübertragung durch Stechmücken in Deutschland bislang eher die Ausnahme war, ist – abgesehen von der vermutlich moderaten Verfügbarkeit von Infektionsquellen – möglicherweise der Tatsache geschuldet, dass die Temperaturen

für die extrinsische Entwicklung der Viren und deren effiziente Übertragung nicht ausreichend hoch waren. Hierauf deuten etwa Laborexperimente hin, in denen infizierte, in gemäßigten Klimazonen vorkommende Mückenarten erst bei Inkubationstemperaturen von 24–27 °C infektiös wurden [10–12]. Aber auch das erstmalige Auftreten des West-Nil-Virus (WNV) im Jahr 2018, dem in Deutschland bis dato wärmsten Jahr seit Beginn der Wetteraufzeichnungen [13], weist in diese Richtung. Steigende Temperaturen könnten somit die Übertragung von Krankheitserregern nicht nur durch bekannte potenzielle Vektoren, sondern auch durch noch nicht als potenzielle Vektoren erkannte einheimische Stechmückenarten ermöglichen.

Potenzielle Überträger des WNV, diverse *Culex*- und *Aedes*-Arten, kommen in ganz Deutschland vor [14]. Das Virus zirkuliert saisonal zwischen den Stechmücken und Vögeln, die das Virus eintragen (Transportwirte), eine hohe Viruslast im Blut (Virämie) entwickeln (Amplifikationswirte) und teilweise auch versterben [15]. Basierend auf vorangegangenen Ausbrüchen in Südeuropa war daher schon lange vor 2018 mit Krankheitsfällen in Deutschland gerechnet worden [16, 17]. Offenbar ermöglichten aber erst die besonders hohen Temperaturen im Spätsommer 2018 eine effiziente Virusentwicklung in den Stechmücken und sichtbare Transmission in Form von Krankheitsfällen.

Hauptüberträger des WNV auf Säuger und damit sogenannte Brückenvektoren, die das Virus von Vögeln auf andere Wirte übertragen, sind bestimmte wirtsunspezifische Varianten der Gemeinen Hausmücke *Cx. pipiens*, insbesondere spätsommerlich auftretende Hybride der beiden Biotypen *pipiens* und *molestus* [18]. Säuger selbst stellen jedoch keine WNV-Infektionsquellen für Stechmücken dar

(Fehlwirte), da die Virämien zu gering für eine Weitergabe des Virus an Stechmücken sind. Seit 2019 wurde das WNV in Deutschland während der Stechmückensaison mehrfach in Mücken des *Cx. pipiens*-Komplexes nachgewiesen und im Winter 2020/2021 auch in überwinterten Weibchen dieses Artenkomplexes [19]. Dies belegt die Überwinterung des Virus in den Vektoren und lässt seine langfristige Persistenz in Deutschland vermuten.

Die endemischen Stechmückenarten kommen durch die evolutionäre Anpassung gut mit dem mitteleuropäischen Klima zurecht und können auch kalte Winter problemlos überstehen. Infektionsquellen und ausreichende Präzipitation bzw. Verfügbarkeit von Wasserreservoirien für die Larvalentwicklung vorausgesetzt, könnten bei anhaltender Klimaerwärmung auch bisher nicht als Vektoren in Erscheinung getretene Arten mittelfristig vektoriiell an Bedeutung gewinnen. Eine solche Verfügbarkeit von Wasserreservoirien ist gerade in Siedlungsbereichen durch die Vorhaltung von Regenwasser in künstlichen Containern für die Gartenbewässerung weiterhin anzunehmen. Langfristig muss man davon ausgehen, dass eng an die gemäßigten Bedingungen angepasste Stechmückenarten ihre Verbreitungsgebiete in kühlere Regionen verschieben und durch wärmeliebende Arten ersetzt werden.

Unter den fünf neuen Stechmückenarten, die sich seit 2007 in Deutschland etabliert haben, befinden sich drei wärmeliebende Spezies (*Ae. albopictus*, *Anopheles petragrani*, *Culiseta longiareolata*). Drei Spezies gelten als potenzielle Überträger humanpathogener Erreger (*Ae. albopictus*, *Ae. japonicus*, *Ae. koreicus*) [20]. Den thermophilen Arten gelingt es infolge der mangelnden klimatischen Anpassung nur langsam, sich anzusiedeln und auszubreiten. Sie kommen geo-

Der internationale Tourismus und der weltweite Tier- und Warenhandel tragen zur Verbreitung von Vektoren und Krankheitserregern bei.

grafisch nur punktuell in Deutschland vor. Immerhin aber zeigt ihr Vorkommen sich bessernde Lebensbedingungen für wärmeliebende Arten an. Unter diesen hat die Asiatische Tigermücke *Ae. albopictus* eine herausragende Stellung: Sie gilt als die weltweit invasivste Stechmückenart [21] und ist ein hocheffizienter Vektor zahlreicher Krankheitserreger des Menschen [22, 23] ([Abschnitt 3.3 Durch *Ae. albopictus* übertragene Erreger](#)). In Südeuropa, wo diese Stechmücke weit verbreitet ist und teilweise in hohen Dichten vorkommt, ist sie schon verschiedentlich als Überträger des Dengue-Virus (DENV) und des Chikungunya-Virus (CHIKV) aufgefallen [24].

Die interkontinentale Verschleppung der Tigermücke nach Europa erfolgt vorwiegend über den Gebrauchtreifenhandel, der Eintrag nach Deutschland aber vermutlich im Wesentlichen über den Kraftfahrzeugfernverkehr aus Südeuropa [25, 26]. Mittlerweile konnte sie in Deutschland einige Populationen aufbauen [27]. Diese gehen auf Stämme zurück, die im Zuge der Anpassung an die klimatischen Bedingungen – und im Gegensatz zu tropischen Stämmen – diapausierende, d. h. an physiologische Ruhephasen adaptierte, Überwinterungseier produzieren. Die Populationen sind vorwiegend im wärmebegünstigten Oberrheintal und in anderen Gebieten Baden-Württembergs zu finden, aber auch Hessen, Bayern und Thüringen sind betroffen [28].

An den meisten Orten mit bekannt gewordenen Tigermücken-Populationen wurden von Kommunen und Ländern Präventions- und Bekämpfungsmaßnahmen implementiert (z.B. [29]). Oberstes Ziel der Maßnahmen ist mittlerweile nicht mehr die Eliminierung der Populationen, sondern die Reduktion ihrer Individuendichte, da diese das Übertragungsrisiko mitbestimmt. Da Stechmücken

in den letzten Jahrzehnten in Mitteleuropa keine gesundheitliche Problematik darstellten, ist die Expertise im Bereich des Vektormanagements aktuell in Deutschland sehr limitiert.

Mit steigenden Temperaturen dürfte der Asiatischen Tigermücke die Ansiedlung und Ausbreitung in Deutschland leichter fallen. Laut Fachliteratur ist der für die Ansiedlung limitierende Faktor die durchschnittliche Jahrestemperatur, die bei mindestens 11 °C liegen muss [30, 31]. Kalte Winter machen der Stechmücke ebenfalls zu schaffen. Es überleben meist jedoch genug Eier an geschützten Plätzen, die eine neue Population im Folgejahr aufbauen können [32, 33]. Den letzten Modellierungen zufolge wird ein Großteil Deutschlands bis zum Jahr 2040 für die Besiedlung durch *Ae. albopictus* geeignet sein, obwohl verschiedene Ansätze (z. B. mechanistische Modelle, korrelative Nischenmodelle) stark im Ergebnis voneinander abweichen und mangelnde Kenntnisse der klimatischen Rahmenbedingungen sowie der ökologischen Anpassungsfähigkeit der Tigermücke nur grobe Vorhersagen zulassen [34, 35]. Die am stärksten limitierenden Faktoren für die Ausbreitung von *Ae. albopictus* in Europa sind die niedrigen winterlichen Minimaltemperaturen im Osten, die niedrigen sommerlichen Durchschnittstemperaturen in der Mitte und der geringe Niederschlag im Süden [36].

Regional haben sich in Deutschland ebenfalls *Ae. japonicus* und *Ae. koreicus* angesiedelt, die in experimentellen Studien einige Viren und Fadenwürmer übertragen konnten [37–39]. Im Freiland sind sie noch nicht als Vektoren in Erscheinung getreten. In [Tabelle 1](#) sind wichtige in Deutschland vorkommende Stechmückenarten dargestellt, die als Vektoren fungieren können.

Tabelle 1
Wichtige potenzielle Stechmücken-Vektoren
in Deutschland und ihre epidemiologische
Bedeutung für die Übertragung
ausgewählter Viren
 Quelle: Eigene Darstellung

	WNV	DENV	CHIKV	ZIKV	USUV	SINV
<i>Aedes albopictus</i> (Asiatische Tigermücke)	+	+++	+++	+++	?	+
<i>Aedes japonicus</i> (Japanische Buschmücke)	+	+	+	+	+	?
<i>Aedes koreicus</i> (Koreanische Buschmücke)	?	?	+	+	?	?
<i>Aedes vexans</i>	+	?	?	+	?	?
<i>Culex pipiens</i> (Gemeine Hausmücke)	+++	–	–	–	+++	+++
<i>Culex modestus</i>	++	?	?	–	?	?
<i>Culex torrentium</i>	+	?	?	–	++	+

+++ = hohe, ++ = mittlere, + = geringe, – = keine, ? = nicht bekannte epidemiologische Bedeutung

WNV = West-Nil-Virus, DENV = Dengue-Virus, CHIKV = Chikungunya-Virus, ZIKV = Zika-Virus, USUV = Usutu-Virus, SINV = Sindbis-Virus

3.2 Durch einheimische Stechmücken übertragene Erreger

Während in Deutschland auch einige minderpathogene oder epidemiologisch vernachlässigbare Stechmücken-assoziierte Viren zirkulieren, wie z. B. das Sindbis-, das Batai- oder das Usutu-Virus, ist das neu aufgetretene WNV von relevanter Bedeutung für die öffentliche Gesundheit. Es gehört zur Familie *Flaviviridae* und wurde erstmals 1937 aus einem fieberhaften Patienten in Uganda isoliert. Seit den 1950er-Jahren wurde es in vielen europäischen Ländern in Stechmücken, Vögeln und Menschen nachgewiesen [16]. Ein Ausbruch in Rumänien im Jahr 1996 ging das erste Mal mit schweren humanen Erkrankungen und Todesfällen in Europa einher [40]. In den letzten zwanzig Jahren kam es zu vermehrten Epidemien auf fast allen Kontinenten [41].

Im Hitzesommer 2018 erlebte Europa den bisher größten registrierten WNV-Ausbruch mit mehr als 1.600 Fällen, darunter 166 Todesfälle [42]. Im Gegensatz zu früheren großen Epidemien, die durch die WNV-Linie 1 hervorgerufen wurden [16], zirkuliert seit 2010 in Europa vor allem die

WNV-Linie 2. Trotz intensiver und wiederholter Untersuchungen zum Vorkommen von WNV in deutschen Stechmücken, Vögeln und Pferden wurde das Virus erst 2018 in Deutschland nachgewiesen [13]. Im selben Jahr wurde auch erstmals eine in Deutschland erworbene (autochthone) Infektion bei einem Menschen gemeldet. Allerdings wurde diese Infektion vermutlich durch direkten Kontakt zu einem verendeten Vogel hervorgerufen. Eine humane Infektion mit WNV ist, wie alle Arbovirosen, gemäß IfSG seit 2016 meldepflichtig. Zusätzlich bestehen überlappende Meldepflichten nach Transfusionsgesetz (TFG) [43]. Bis 2017 waren alle in Deutschland gemeldeten WNV-Infektionen reiseassoziiert. In den Jahren 2019 bis 2021 wurden, nun mutmaßlich mit Stechmücken assoziiert, insgesamt 31 autochthone humane WNV-Infektionen in vier Bundesländern (Berlin, Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Sachsen) verzeichnet (Tabelle 2). Alle Erkrankten wohnten in Kreisen, in denen zuvor schon WNV-Infektionen bei Vögeln oder Pferden beschrieben worden waren. Davon waren 29 symptomatisch und erfüllen somit die Referenzdefinition des RKI. Der jeweilige Erkrankungsbeginn lag zwischen dem

Tabelle 2
Meldungen von humanen West-Nil-Virus-Infektionen seit dem autochthonen Auftreten des Virus in Deutschland, 2018–2021

Quelle: SurvNet, Datenbank der in Deutschland meldepflichtigen Infektionskrankheiten

	Art der Infektionen	2018	2019	2020	2021	Gesamt
Meldung gemäß IfSG	Reiseassoziierte Fälle ¹	10	7	1	1	19
	Autochthone Fälle ¹	1	5	20	4	30
	Autochthone asymptomatische Infektionen	0	0	2	0	2
Meldung nur gemäß TFG	Autochthone Infektionen bei Blutspenderinnen und -spendern	Nicht erhoben	Nicht erhoben	8	1	9
	Gesamt	11	12	31	6	60

¹Symptomatische Infektionen
 IfSG = Infektionsschutzgesetz, TFG = Transfusionsgesetz

27. Juli und dem 19. September, jeweils in oder kurz nach den heißesten Phasen des Sommers in der Region. Betroffen waren 10 Frauen und 21 Männer im Alter von 24 bis 85 Jahren. Zwölf Infizierte hatten neuroinvasive Infektionen, und von diesen verstarb eine Person.

Vermutlich verlaufen ca. 80 % aller WNV-Infektionen beim Menschen asymptomatisch und ca. 19 % entwickeln ein meist unkompliziertes West-Nil-Fieber. Bei etwa 1 % der Infizierten entsteht eine neuroinvasive Krankheitsform, vor allem bei älteren Menschen und chronisch Erkrankten, welche mit einer Letalität von ca. 10 % einhergeht [44]. Das Virus ist auch für die Blutsicherheit von großer Bedeutung [45], da Personen, die Transfusionen benötigen, aufgrund ihrer Grunderkrankungen anfälliger für schwere WNV-Krankheitsverläufe sind.

Aktuell ist nur ein Teil Deutschlands, vor allem Berlin, große Teile von Brandenburg, Sachsen und Sachsen-Anhalt sowie kleinere Teile Thüringens und Niedersachsens, von autochthoner WNV-Übertragung betroffen [43]. Dieses Gebiet, definiert durch Virusnachweise bei Menschen, Vögeln, Stechmücken und Pferden, hat sich seit 2018 kaum verändert, kann sich jedoch jederzeit ausdehnen. Dabei ist

die Infektion nur saisonal relevant, in Deutschland vor allem im Zeitraum Juli bis September.

Die genauen Wege, auf denen WNV nach Deutschland gelangte, sind nicht bekannt. Jedoch zirkulieren nah verwandte Virusstämme in Österreich und der Tschechischen Republik [13]. Möglicherweise hat die sehr intensive WNV-Saison 2018 in Südeuropa vermehrt Gelegenheiten für eine Ausweitung des zuvor betroffenen Endemiegebietes geboten. Gegenwärtig wird davon ausgegangen, dass WNV aufgrund des außergewöhnlich langen und heißen Sommers 2018 gute Bedingungen für eine Zirkulation zwischen Stechmücken und Vögeln in Deutschland fand, wodurch es dann auch zu einer ersten Überwinterung kommen konnte [13].

Heißere Sommer, veränderte Niederschlagsmuster und das Freizeitverhalten der Menschen können die Epidemiologie von WNV in Deutschland beeinflussen: Die beobachtete Saisonalität in Deutschland sowie Daten zu Ausbrüchen in anderen Regionen zeigen, dass in längeren und heißeren Sommern auch die saisonale Übertragung von WNV länger und intensiver ist. Auch Niederschlagsmuster, die die Populationen von WNV-übertragenden Stech-

Faktoren wie höhere Temperaturen, veränderte Niederschlagsmuster und das Verhalten der Menschen können Inzidenz und Prävalenz von Vektor- und Nagetier-assoziierten Infektionskrankheiten beeinflussen.

mücken beeinflussen, können lokal und regional zur Intensivierung der WNV-Übertragung beitragen [46]. Nicht zuletzt verbringen in besonders langen und heißen Sommern die Menschen auch mehr Zeit im Freien und kommen so ggf. mehr in Kontakt mit WNV-übertragenden Stechmücken. Möglicherweise ausgleichend wirkt, dass reiseassoziierte WNV-Infektionen und andere reiseassoziierte Arbovirosen seltener werden, wenn Urlaube im Sommerhalbjahr wegen wärmeren Wetters statt im Ausland in Deutschland verbracht werden.

Die Prävention besteht aus der professionellen Vektorkontrolle und persönlichen Schutzmaßnahmen, um das Expositionsrisiko zu verringern (vor allem für ältere und vorerkrankte Menschen) und das Screening von Blutspenden. Für Menschen steht aktuell kein Impfstoff gegen WNV zur Verfügung. Um die Menschen diesbezüglich zu sensibilisieren, bedarf es einer verbesserten zielgruppenorientierten Aufklärung, auf deren Basis persönliche Maßnahmen getroffen werden können.

3.3 Durch *Ae. albopictus* übertragene Erreger

Zusammen mit *Ae. aegypti*, der Gelbfiebermücke, ist die Asiatische Tigermücke in den Tropen und Subtropen der wichtigste Vektor für Arboviren, darunter für die in Deutschland recht häufig bei Reiserückkehrern diagnostizierten Viren DENV, CHIKV und Zika-Virus (ZIKV).

Bei einer DENV-Infektion kommt es nur bei ca. 25 % zu einer klinischen Symptomatik. Die meisten Patientinnen und Patienten entwickeln eine milde fieberhafte und selbstlimitierende Erkrankung, die man als Denguefieber bezeichnet. Bei einem kleinen Teil der Erkrankten tritt eine schwere

Verlaufsform auf, die mit Blutungen einhergehen kann. Die meisten ZIKV-Infektionen verlaufen ohne Symptome. Wenn Symptome auftreten, sind diese meistens mild und ähneln denen einer DENV-Infektion. ZIKV-Infektionen während der Schwangerschaft können zu Fehlbildungen beim Fötus führen (z. B. Mikrozephalie). Eine CHIKV-Infektion resultiert häufig in der Manifestation des Chikungunya-Fiebers. Die Hauptbeschwerden der Erkrankung sind sehr starke Muskel- und Gliederschmerzen, die zu einer schmerzhaft zusammengekrümmten Körperhaltung führen können. Bei 5–10 % der Erkrankten können Gelenkschmerzen über Monate anhalten.

Die Endemiegebiete dieser Viren liegen in den Tropen und Subtropen, so auch in beliebten Fernreiseländern wie Thailand, Indien oder Brasilien. [Tabelle 3](#) zeigt die Anzahl der in den letzten zehn Jahren jährlich in Deutschland gemäß IfSG an das RKI übermittelten Fälle von Infektionen mit diesen Erregern. Die Fallzahlen schwanken stark, beeinflusst von ebenfalls nicht-konstanten Infektionsrisiken in den Fernreiseländern. Bis auf eine im Krankenhaus erworbene (nosokomiale) DENV-Infektion und drei ZIKV-Infektionen im Rahmen von Laborunfällen waren alle Infektionen reiseassoziiert.

Hiesige *Ae. albopictus* könnten Viren von symptomatischen oder auch asymptomatischen virämischen Reiserückkehrern in Deutschland auf andere Menschen übertragen. Auf diese Weise sind in Italien CHIKV-Epidemien und in anderen südeuropäischen Ländern kleine autochthone Fallcluster von DENV- und ZIKV-Infektionen verursacht worden [47–49].

Stechmücken-assoziierte autochthone Infektionen mit den vermeintlich tropischen Viren wurden zwar in Deutsch-

Tabelle 3
Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz von Infektionen mit Dengue-, Chikungunya- und Zika-Virus in Deutschland, 2012–2021

Quelle: SurvNet, Datenbank der in Deutschland meldepflichtigen Infektionskrankheiten

	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020 ²	2021 ²
DENV	616	878	625	725	957	635	612	1176	205	60
CHIKV	9	16	162	110	74	33	26	88	26	4
ZIKV	0 ¹	0 ¹	0 ¹	2 ¹	22	69	18	11	6	2

¹Noch keine IfSG-Meldepflicht, ²Pandemiebedingter Rückgang der Fernreisetätigkeit
 DENV = Dengue-Virus, CHIKV = Chikungunya-Virus, ZIKV = Zika-Virus, IfSG = Infektionsschutzgesetz

land bislang nicht dokumentiert. Vektorkompetenzstudien mit den deutschen *Ae. albopictus*- Populationen zeigen aber, dass diese unter den vorherrschenden sommerlichen Temperaturen in der Lage sind, CHIKV zu übertragen [50]. Für DENV- und ZIKV-Epidemien reichen bisherige gewöhnliche mitteleuropäische Sommertemperaturen dagegen vermutlich nicht aus [51, 52]. Wärmere Sommer und verlängerte Hitzeperioden begünstigen voraussichtlich autochthone Übertragungen der genannten Erreger, ebenso wie früh-warme Frühjahre in Kombination mit nicht zu trockenen Sommern und dadurch hoher Stechmückendichte im Hochsommer. Die Bedeutung von früh-warmen Frühjahren wurde 2022 durch die gehäuften autochthonen Denguefieber-Cluster in Frankreich deutlich [53]. Es ist zu beachten, dass z. B. bei DENV bis zu 75 % der Infektionen asymptomatisch verlaufen und diese deshalb in Deutschland kaum zur Diagnose gelangen, die infizierten Personen jedoch als Virusquelle für Stechmücken relevant sein können. Die gemeldeten Infektionen mit all diesen Erregern sind daher als Spitze des Eisberges anzusehen. Allerdings stellen diejenigen Reisenden, die bei Ankunft in Deutschland nicht mehr virämisch sind, die in der kalten Jahreszeit ankommen und sich in Gebieten ohne *Ae. albopictus* (oder andere geeignete Vektoren) aufgehalten haben, keine Virusquelle für heimische Stechmücken dar.

4. Mit Schildzecken assoziierte Infektionskrankheiten

4.1 Vektoruell bedeutende Schildzecken in Deutschland und der Einfluss von Umwelt- und klimatischen Faktoren

Schildzecken sind in Mitteleuropa die bedeutendsten Überträger von Infektionserregern auf den Menschen. Von den mindestens 19 in Deutschland einheimischen, im Freiland in natürlichen Biotopen in der Nähe geeigneter Wirtstiere lebenden Schildzeckenarten hat der deutschlandweit verbreitete Gemeine Holzbock *Ixodes (I.) ricinus* die größte gesundheitliche Bedeutung [54, 55]. Diese Zeckenart nutzt ein sehr breites Wirtsspektrum zur Blutaufnahme, findet in Eichen-Buchen- und Laub-Mischwäldern besonders geeignete Bedingungen und kommt hier oft in höheren Dichten vor. Alle Stadien können auch den Menschen befallen, wobei insbesondere die Jungstadien mit einer Größe von etwa einem Millimeter leicht übersehen werden. Regional relativ weit verbreitet sind außerdem die Auwaldzecke *Dermacentor (D.) reticulatus* sowie die Schafzecke *D. marginatus*, deren Jungstadien in der Regel an Nagetieren parasitieren, v. a. in Nagetierbauten (endophil) nachweisbar sind und deren Adulte größere Säugetierwirte bevorzugen. Einheimische Schildzecken können diverse Pathogene übertragen wie FSME-Viren ([Abschnitt 4.2 Frühsommer-Meningoenzephalitis](#)),

spiralförmige Bakterien der Gattung *Borrelia* (Abschnitt 4.3 Lyme-Borreliose), aber auch andere bisher weniger beachtete Bakterien wie *Francisella tularensis* (Erreger der Tularämie), *Coxiella burnetii* (Erreger des Q-Fiebers), *Rickettsia* spp., *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia* spp. und Parasiten wie *Babesia* spp. (z. B. Erreger der „Hundemalaria“ *Babesia canis*). Einige der genannten Pathogene verursachen schwerere Krankheitsverläufe und sind daher in Deutschland gemäß IfSG oder Verordnungen der Bundesländer überwiegend meldepflichtig. Bei anderen Pathogenen werden Fälle von Übertragungen auf den Menschen vergleichsweise selten erfasst, Infektionen verlaufen bei immunkompetenten Personen überwiegend mild oder unspezifisch, so dass sie oft unbemerkt bleiben.

Die Infektionserreger zirkulieren in der Regel in sogenannten Naturherden unter Wildtieren (Reservoirtieren) und werden unter diesen zumeist durch Schildzecken übertragen. Schildzecken gelten auch als Überträger dieser Pathogene auf weitere Tierwirte wie Nutz- und Haustiere und den Menschen. Voraussetzungen für eine Übertragung sind der Aufenthalt in Biotopen mit infizierten Zecken, eine ausreichend lange Befestigung der infizierten Zecke zum Blut-saugen am Körper und das Ausbleiben von Maßnahmen zum Infektionsschutz.

Über Wild-, Haus- und Nutztiere sowie den Menschen können aber auch weitere Schildzeckenarten und Erreger nach Deutschland eingeschleppt werden. Nachgewiesen wurde z. B. die wiederholte Einschleppung der braunen Hundezecke *Rhipicephalus sanguineus* (Vektor u. a. von *Rickettsia* (*R.*) *conorii*, *R. massiliae* und *Babesia vogeli*) seit den 1970er-Jahren mit Hunden, die zu vorübergehenden Etablierungen in Gebäuden führten [56, 57]. Insbesondere

seit den sehr warmen Jahren 2018 und 2019 wurden in mindestens 12 von 16 Bundesländern auch Adultstadien der wärmeliebenden *Hyalomma* (*H.*) *marginatum* und *H. rufipes* gefunden [58–60], die als Jungstadien vermutlich mit Zugvögeln aus Afrika oder Südeuropa nach Deutschland eingeschleppt wurden. Ähnliche Entwicklungen wurden in mehreren europäischen Ländern dokumentiert, u. a. Schweden, dem Vereinigten Königreich und den Niederlanden [61–63]. In etwa 30–40 % dieser nach Deutschland eingeschleppten Zecken des *H. marginatum*-Komplexes wurde *R. aeschlimanni* nachgewiesen, ein humanpathogenes Bakterium der Fleckfieber-Gruppe. Das Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber-Virus (CCHFV) konnte bisher in Deutschland noch nicht nachgewiesen werden [58, 59, 64]. Allerdings wurde auf der italienischen Insel Ventotene von einem Braunkehlchen und Mittelmeer-Steinschmätzer jeweils eine mit CCHFV infizierte *H. rufipes* nachgewiesen [65]. Aus Südeuropa, Spanien und Südfrankreich wird von einer zunehmenden Etablierung von *H. marginatum*-Populationen berichtet, sowie in Südeuropa und Spanien von vereinzelt CCHFV-Nachweisen bei Nutz-, Wildtieren und beim Menschen [66]. Ob sich bisher nicht-einheimische Erreger und Schildzeckenarten in Deutschland etablieren können und wie sich die in Deutschland bereits bestehenden einheimischen Wirt-Schildzecken-Pathogen-Beziehungen entwickeln, hängt von vielen Faktoren ab. Wesentlich beeinflusst wird dies vor allem auch durch den Klimawandel [67–69].

Schildzecken reagieren artspezifisch unmittelbar auf makro- und mikroklimatische Einflussfaktoren. Schlüsselfaktoren sind die Temperatur und die relative Luftfeuchtigkeit

Biotische und abiotische Faktoren beeinflussen die Aktivität, Reproduktion, Entwicklungsdauer, Überwinterung und Überlebensrate von Vektoren.

keit. Bei höheren Temperaturen und geeigneter Luftfeuchtigkeit werden z. B. Entwicklungsprozesse beschleunigt und dadurch die Dauer von Häutungen von einem Stadium zum nächsten oder die Dauer der Eiablage verkürzt [70–72]. Im Auftrag des Umweltbundesamtes wurden daher Auswirkungen des Klimawandels auf einheimische und medizinisch bedeutende, einschleppbare Schildzeckenarten genauer untersucht [73, 74]. Als Grundlage für Modellierungen wurden georeferenzierte Europa-Karten für 17 in Deutschland einheimische bzw. einschleppbare Zeckenarten erstellt und der erste Zecken-Atlas für Deutschland veröffentlicht [75, 76] (aktueller Zecken-Atlas veröffentlicht unter [77]). *I. ricinus* ist gegenwärtig bereits deutschlandweit verbreitet [74, 78]. Im Zuge des Klimawandels ist in geeigneten Biotopen, wie z. B. Eichen-Buchen-Mischwäldern mit Unterholz, ausreichend Wirten und schützender Laubstreu eine höhere Zeckendichte möglich. Kommt es etwa unter günstigen klimatischen Bedingungen in kürzeren Abständen zu einer effektiven Buchenmast und in Folge zu größeren Nagetierpopulationen [79, 80], stehen damit mehr Wirte für Zecken wie *Ixodes* spp. und *Dermacentor* spp. zur Blutaufnahme und Erregerübertragung zur Verfügung. Temperaturen und Luftfeuchtigkeit beeinflussen die Aktivität, Entwicklungsdauer, Diapause, Überwinterung und die Überlebensraten der Zecken. Einzelne aktive Zecken wurden bereits ab einer Bodentemperatur von 4 °C beobachtet [73].

Verbreitungsmodellierungen für *D. reticulatus* und *D. marginatus* mittels MAXENT- und BIOCLIM-Modell (statistische Habitatmodelle) unter Berücksichtigung biologischer und geografischer Besonderheiten und unter Verwendung von Landschafts- und Gewässerdaten wiesen darauf hin, dass bereits gegenwärtig in Deutschland eine

weitere Verbreitung dieser Zeckenarten, insbesondere von *D. reticulatus*, möglich ist [74, 81]. Aktuellere Nachweise dieser Zeckenarten in weiteren Regionen bestätigten diese Ergebnisse [82, 83]. Für *H. marginatus* wurden ebenfalls Habitategnungsmodellierungen mittels MAXENT- und BIOCLIM-Modell durchgeführt [74, 84]. Eine Projektion für 2050 weist darauf hin, dass sich die klimatischen Bedingungen für *H. marginatus* in Deutschland weiter verbessern werden [74]. Die neuen Nachweise der Zecken des *H. marginatus*-Komplexes seit 2018 in Deutschland bestätigen den Eintrag und zumindest in warmen und trockeneren Frühjahrs- und Sommerperioden für diese Zecken geeignete Bedingungen für die Entwicklung zu adulten Zecken. Modellierungen, insbesondere auch unter Berücksichtigung von Wirtspopulationen, z. B. Modellierungen zur potenziellen Verbreitung von *H. marginatus* durch Zugvögel [85], unterstützen die Risikobewertung und geben Hinweise, wo diese Zecken im Rahmen eines systematischen Monitorings zur Früherkennung zu suchen sind. Generell bestehen allerdings bei solchen Modellierungen aufgrund des multifaktoriellen Geschehens und der Abhängigkeit von den Modellannahmen noch große Unsicherheiten.

Steigende Temperaturen vor allem in den Winter- bis Sommermonaten, Hitzeperioden und Extremwetterlagen sowie Veränderungen des Wasserhaushalts mit Auswirkungen auf die relative Luftfeuchtigkeit und das Sättigungsdefizit der Luft beeinflussen die Naturherde der Infektionen mit ihren Pflanzen- und Tiergemeinschaften einschließlich der Schildzecken und der in ihnen befindlichen Pathogene. Es bedarf weiterer Forschung, um die komplexen Zusammenhänge besser zu verstehen und für Präventionsstrate-

Ein ökologisches Nischenmodell zeigte, dass die Verbreitung der Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus-Infektionsorte in Deutschland mit erhöhtem Niederschlag/erhöhter Temperatur im Sommer und mit einer Abnahme von Frosttagen im Winter in Verbindung steht.

gien zu nutzen. Im Folgenden werden die zwei bedeutendsten von Schildzecken übertragenen Krankheiten thematisiert.

4.2 Frühsommer-Meningoenzephalitis

Das FSME-Virus wird in Deutschland vorrangig von *I. ricinus*-Zecken übertragen, seltener von anderen Zeckenarten (u. a. möglich durch *D. reticulatus*) oder über infizierte Rohmilch(-produkte). Etwa 70–95% der Infektionen verlaufen asymptomatisch. Symptomatische Erkrankungen verlaufen teils mild, teils schwerer mit Manifestationen des zentralen Nervensystems (Meningitis, Enzephalitis, Myelitis), bis hin zum Tod bei 1% der Erkrankten [86]. Ältere Personen erkranken generell schwerer als Kinder. Dennoch kommen auch bei Kindern schwere Verlaufsformen vor.

Die seit 2001 nach IfSG gemeldeten FSME-Erkrankungen weisen eine ausgeprägte Saisonalität auf, mit den meisten Erkrankungen (98%) zwischen April und November. Die jährlichen Fallzahlen schwanken stark zwischen 195 (2012) und 712 Fällen (2020). Von 2001 bis 2016 wurden im Median jährlich 276 Fälle gemeldet. Von 2017 bis 2022 wurden im Median jährlich 505 Fälle registriert, also über 200 Fälle mehr. Im Zeitraum 2001 bis 2018 wurde ein statistisch signifikanter Trend von jährlich 2% höheren Fallzahlen beobachtet sowie eine saisonale Verschiebung, so dass Infektionen jedes Jahr 0,69 Tage früher auftraten [87, 88]. Während *I. ricinus* in ganz Deutschland verbreitet ist und auch weiträumig die Erreger der Lyme-Borreliose übertragen kann, tritt das FSME-Virus vor allem im Süden von Deutschland endemisch auf, hier in Form kleinräumiger Naturherde. Die Anzahl von Risiko-Land- und Stadtkreisen nach der Definition des RKI (Fünffahresinzi-

denz > 1:100.000) stieg von 129 Kreisen (2007) auf 175 Kreise (2022) [86], mit einer deutlichen Ausweitung Richtung Norden (Abbildung 2). Bemerkenswert ist die Entwicklung in Sachsen: 2014 wurde der erste Kreis zum Risikogebiet erklärt, 2022 waren bereits 10 von 13 Kreisen Risikogebiete. Etwa 3% der Meldedefälle treten zudem außerhalb der offiziellen Risikogebiete auf [86].

Das FSME-Virus zirkuliert in der Natur zwischen seinen Vektoren (Schildzecken) und den natürlichen Wirten (Kleinsäugetern wie der Rötelmaus *Clethrionomys glareolus* oder der Gelbhalsmaus *Apodemus flavicollis*). Das Virusvorkommen wird damit durch ein komplexes Zusammenspiel von klimatisch-ökologischen Faktoren bedingt, welche sich in verschiedener Weise auf den Übertragungszyklus auswirken können. Sie können sowohl synergistisch auf beide biologische Systeme (Vektor und Wirt) wirken, jedoch auf jeweils einen Partner im Übertragungssystem oder auf beide Systeme auch antagonistisch. Dieses komplexe Zusammenwirken erschwert Vorhersagen oder Modellierungen der zukünftigen Entwicklung der FSME.

Wärmere Temperaturen, insbesondere milde Winter und warme Frühlinge, sind vorteilhaft für die Zeckenaktivität und das Überleben. Ist die Temperatur in heißen und trockenen Sommern zu hoch, ziehen die Zecken sich in geschützte Vegetationsschichten zurück [89]. Eigene Untersuchungen zeigen, dass insbesondere die Zahl der Nymphen (Jugendstadium) im Frühjahr nach milden Wintern deutlich erhöht ist, d. h. mehr Zeckenlarven und/oder Nymphen überleben. Insgesamt scheint allerdings die Zahl der adulten Zecken nicht zuzunehmen. Trockenperioden in den Folgemonaten führen möglicherweise zu erhöhter Sterblichkeit der Adulten oder sich nicht zu Adulten weiter

Abbildung 2
Entwicklung der FSME-Risikogebiete,
2007 – 2022

Quelle: Robert Koch-Institut



entwickelnden Nymphen. Zu den Auswirkungen von Klimaveränderungen auf die Nagetierpopulation, z. B. der Röteldmaus, sind Erkenntnisse weiter unten zusammengefasst ([Abschnitt 5 Hantaviren](#)). Zu direkten Auswirkungen auf mit dem FSME-Virus infizierte Kleinsäuger und damit indirekt auf den Übertragungszyklus des FSME-Virus gibt es

bisher keine Analysen. Der Einfluss klimatischer Faktoren auf die Virusreplikation ist ebenfalls nicht geklärt. Es gibt allerdings Hinweise, dass bestimmte FSME-Virus-Stämme sich an unterschiedliche Umgebungstemperaturen in der Zecke anpassen können [90]. Ein ökologisches Nischenmodell zeigt, dass die Verbreitung der FSME-Virus-Infektionsorte in Deutschland dort signifikant häufiger ist, wo Niederschlag und Temperatur im Sommer hoch sind und wenige Frosttage im Winter auftreten [91]. Angesichts der voraussehbaren klimatischen Veränderungen könnte sich das Habitat von *I. ricinus* laut einer Modellierung ausdehnen, insbesondere in Nord- und Osteuropa [92]. Auch eine Ausbreitung in größere Höhenlagen wird u. a. aus der Tschechischen Republik berichtet [93]. Regelmäßig werden erste FSME-Fälle aus Ländern berichtet, die bislang als FSME-frei galten, z. B. 2019 aus dem Vereinigten Königreich oder den Niederlanden [94].

Neben diesen abiotischen Faktoren spielt auch das menschliche Verhalten eine Rolle für das Infektionsrisiko. Das Rekordhoch von 712 FSME-Meldefällen im Jahr 2020 hing neben dem hohen Zeckenvorkommen auch damit zusammen, dass die Bevölkerung während der COVID-19-Pandemie häufiger Spaziergänge unternahm [95]. Auch in guten Pilzjahren können im Herbst vermehrt FSME-Virus-Infektionen auftreten. Warme Perioden können allgemein zu vermehrten Aufenthalten in der Natur führen, und, wenn es sich um Zeckenhabitate handelt, zu erhöhter Zeckenexposition und damit einem erhöhten Infektionsrisiko.

Da keine Therapie zur Behandlung der FSME existiert, hat die Prävention einen hohen Stellenwert. Schutzmaßnahmen vor Zeckenstichen, z. B. das Tragen langer und heller Kleidung, das Abdichten der Hosenbeine sowie das

Absuchen nach jedem Aufenthalt in der Natur, können das Erkrankungsrisiko deutlich senken. Außerdem kann die FSME-Virus-Impfung Infektionen effektiv verhindern [96]. Bei der Mehrzahl (99 %) der jährlichen Meldedefälle in Deutschland sind die Menschen nicht oder nicht ausreichend geimpft. Selbst in Risikogebieten verfügen nur etwa 20 % der Bevölkerung über einen vollständigen Impfschutz [86]. Hier besteht großes Potenzial für den Gesundheitsschutz, den Großteil der FSME-Erkrankungen durch eine Steigerung der Impfquoten zu verhindern.

4.3 Lyme-Borreliose

Lyme-Borreliose ist die mit Abstand häufigste Vektor-übertragene Infektionskrankheit in Deutschland.

Die von Zecken (in Mitteleuropa v. a. *I. ricinus*) übertragenen Bakterien *Borrelia (B.) burgdorferi sensu lato* (s. l.) sind die Erreger der Lyme-Borreliose, die mit klinischen Manifestationen der Haut (Erythema migrans, Acrodermatitis chronica atrophicans), des Nervengewebes (Neuroborreliose), der Gelenke (Lyme-Arthritis) und des Herzens (Lyme-Karditis) einhergehen kann. Neuroborreliose und Lyme-Karditis sind teilweise mit schweren Krankheitsverläufen verbunden. Lyme-Borreliose tritt in allen Altersgruppen auf. Die Lyme-Borreliose kommt, entsprechend dem Vorkommen ihrer Vektoren, überwiegend zwischen dem 40. und 60. nördlichen Breitengrad vor, ein Bereich, in dem Deutschland und große Teile Europas liegen.

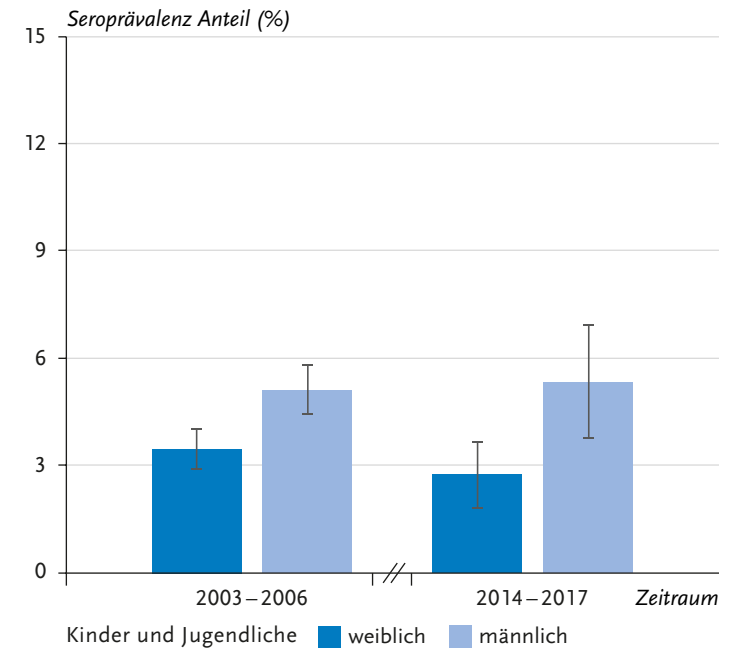
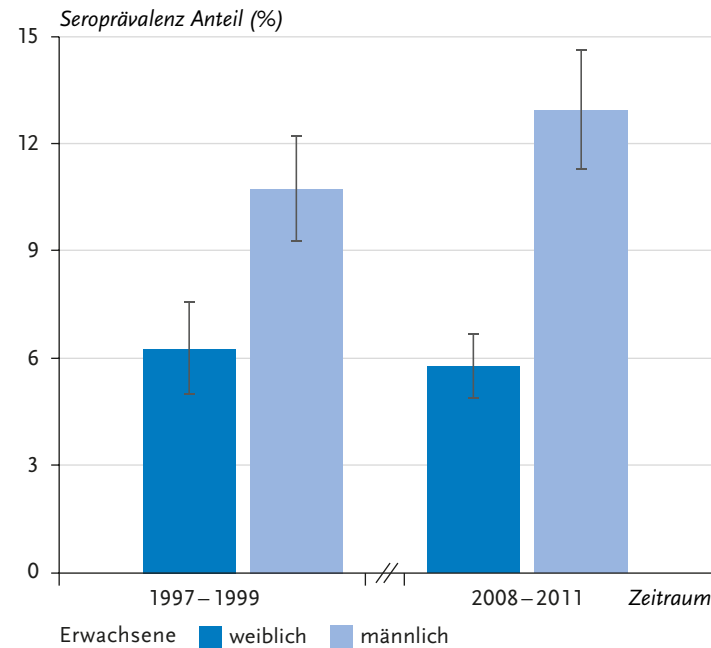
Der Klimawandel kann in einem komplexen Zusammenspiel verschiedener Faktoren Infektionen mit *B. burgdorferi* s. l. und die Inzidenz von Lyme-Borreliose innerhalb dieses Gebietes beeinflussen. Er führt in einigen Regionen zu

milden und feuchten Wintern und wärmeren Frühlingen. Dies verlängert den Zeitraum der Zeckenaktivität und -dichte und erhöht die Kontakthäufigkeit zwischen Menschen und Zecken, die sich in höheren Lyme-Borreliose-Inzidenzen manifestiert. Andererseits sind heiße, trockene Sommer für *I. ricinus* ungeeignet und können zu weniger Infektionen führen. Darüber hinaus könnte verändertes Outdoor-Verhalten der Menschen (z. B. Aufenthalte im Freien häufiger und früher in der Saison) die Kontakthäufigkeit zu Zecken in der Bevölkerung verändern und somit zu häufigeren Infektionen führen [97].

In Deutschland werden durch das RKI und das Nationale Referenzzentrum für Borrelien regelmäßig bevölkerungsrepräsentative Untersuchungen zur *B. burgdorferi*-Seroprävalenz bei Kindern und Jugendlichen sowie bei Erwachsenen durchgeführt (Abbildung 3). In den beobachteten Zeiträumen war ein leichter Anstieg bei Männern (18–79 Jahre) und ein leichter Abfall bei Mädchen (3–17 Jahre) zu beobachten [98, 99]. Ein signifikanter Anstieg der Seroprävalenz von *B. burgdorferi*-spezifischen Antikörpern in der Gesamtbevölkerung konnte jedoch nicht beobachtet werden. Eine Veränderung des Infektionsrisikos bis 2017 konnte somit in den Serosurveys bisher nicht bestätigt werden. Dies könnte daran liegen, dass sich Einflüsse mit entgegengesetzten Wirkungen (steigende Temperaturen und größere Trockenheit) ausgeglichen bzw. sich regional unterschiedlich ausgewirkt haben, so dass diese durch bundesweite Untersuchungssurveys nicht detektierbar sind. Darüber hinaus könnten die bisherigen Studienzeiträume von etwa zehn Jahren für Langzeittrends zu kurz gewesen sein.

Die Lyme-Borreliose ist in 9 von 16 Bundesländern eine meldepflichtige Infektionskrankheit [100, 101]. Das zeitliche

Abbildung 3
 Repräsentative Schätzungen der Seroprävalenz von *Borrelia burgdorferi* bei Erwachsenen (18–79 Jahre) und Kindern und Jugendlichen (3–17 Jahre) in Deutschland, 1997–2017
 Quelle: Eigene Darstellung nach Woudenberg et al. [98]



Auftreten der Meldefälle zeigt ein ausgeprägtes saisonales Muster. Bei 57% der Fälle wurde von einem Krankheitsbeginn zwischen Juni und August berichtet, wobei die Saisonalität je nach klinischer Manifestation unterschiedlich ausfällt: Fälle von Erythema migrans erreichen ihren Höhepunkt im Juli (22%), Neuroborreliose-Fälle im August (20%) und Lyme-Arthritis-Fälle sind gleichmäßiger über das Jahr verteilt. Die Inzidenz der Lyme-Borreliose ist höher in den Monaten mit höheren Temperaturen. Diese saisonale Verteilung variiert leicht von Jahr zu Jahr, sie ist aber bisher bundeslandübergreifend relativ konstant geblieben. Relevante Veränderungen im saisonalen Ablauf können bisher nicht bestätigt werden. Dies könnte daran liegen, dass der Klimawandel keinen oder wenig Einfluss auf saisonale

Unterschiede in der Lyme-Borreliose-Inzidenz hat. Alternativ könnte der Einfluss auf die Saisonalität in großräumigen Meldedaten nicht erkennbar sein und die Ausprägungen kleinräumiger stattfinden bzw. Datenartefakte bei den Meldungen den Einfluss des Klimawandels maskieren.

International gibt es aus einigen Regionen Publikationen und Berichte, dass die Ausbreitung und Inzidenz der Lyme-Borreliose in den letzten Jahren auch im Zusammenhang mit der zunehmenden Erwärmung (und dadurch gemäßigten Wintern und feucht-warmen Sommern) zugenommen hat, beispielsweise im Mittleren Westen der USA und in Kanada [102]. Die Fallzahlen der Lyme-Borreliose sind in bestimmten Regionen Kanadas seit Beginn der Surveillance 2009 deutlich angestiegen [103]. Dies ist vor allem auf eine

Die Prävention, insbesondere Vektorkontrolle und Expositionsprävention, hat einen hohen Stellenwert bei der Risikoreduzierung der Infektion mit Vektor- und Nagetier-assoziierten Krankheitserregern.

stärkere, insbesondere klimabedingte Ausbreitung des Vektors *I. scapularis* zurückzuführen. Auch in bestimmten Gegenden Nordeuropas (z. B. Schottland) hat sich die Lyme-Borreliose verstärkt ausgebreitet [104].

Modellierungen in den USA ergaben, dass in bestimmten geografischen Räumen (Nordosten) bei fortschreitendem Temperaturanstieg (laut Klimaszenarien) die Inzidenz der Lyme-Borreliose in den nächsten Jahrzehnten wahrscheinlich signifikant ansteigen wird [105]. Diese Modellierungen sind allerdings mit beträchtlichen Unsicherheiten behaftet und ein Anstieg der Inzidenz konnte nicht für alle betrachteten geografischen Regionen der USA prognostiziert werden. Eine andere Analyse in den USA fand einen signifikanten Zusammenhang zwischen der Temperatur und der Inzidenz der Lyme-Borreliose [106]. Unter der Annahme eines Temperaturanstieges von 2 °C (mittlere Jahrestemperatur) in den nächsten Dekaden wurde in dieser Studie eine Zunahme der Fälle von Lyme-Borreliose in den USA um über 20 % prognostiziert.

In einer Studie aus Österreich wurden die zeitlichen und geografischen Trends von Lyme-Borreliose und FSME für den Zeitraum 2005–2018 ausgewertet [107]. Die Inzidenzen der beiden Krankheiten und ihre jährlichen Fluktuationen waren geografisch nicht konkordant, obwohl die Erreger den gleichen Zeckenvektor und die gleichen Nagetierreservoir aufweisen. Zum Teil noch unbekannte kleinräumige Faktoren wie Vektor- und Erregerbiologie und Verhaltensmuster scheinen eine Rolle zu spielen.

Auch wenn die Einflussfaktoren auf die Inzidenz der Lyme-Borreliose komplex sind, ist grundsätzlich davon auszugehen, dass klimatische Faktoren wie mildere Winter und wärmere, feuchtere Frühjahr- bis Herbstperioden zu einem

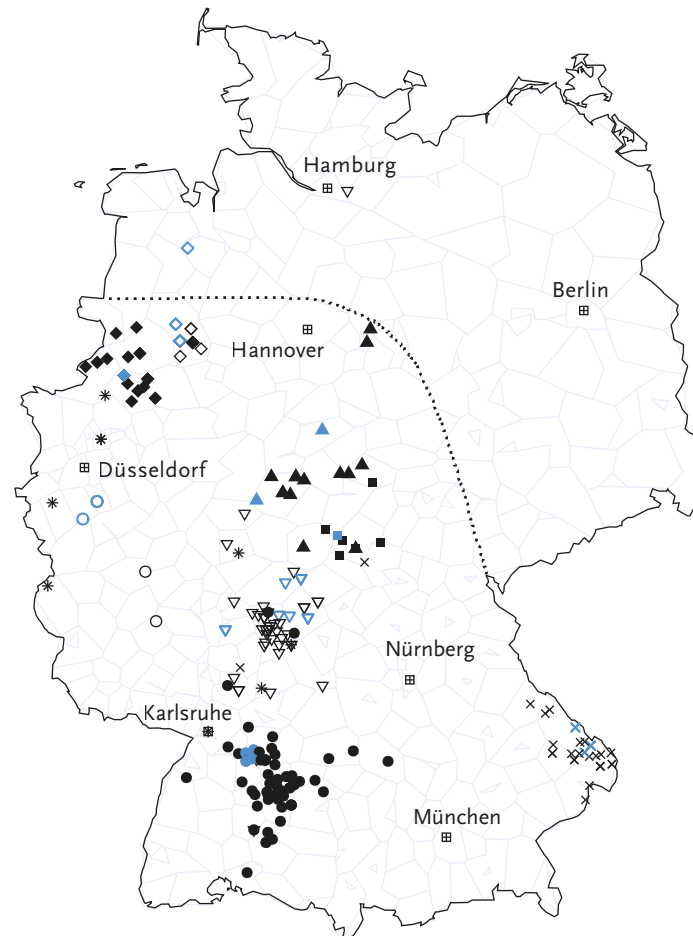
Anstieg der Infektions- und Erkrankungsinzidenz in bestimmten kleinräumigen Regionen führen können.

5. Hantaviren

Nagetiere fungieren als bedeutsame Reservoirwirte und Überträger von verschiedenen Zoonoseerregern aus der Gruppe der Bakterien, Viren und Protozoen, d. h. eukaryotische Einzeller. Zudem sind in Nagetieren auch eine Vielzahl von Viren beschrieben worden, die vermutlich nicht auf den Menschen übertragen und als Nagetier-spezifisch angesehen werden. Im Weiteren soll als epidemiologisch bedeutendste Nagetier-assoziierte Erregergruppe auf Hantaviren eingegangen werden, da hierzu in den vergangenen Jahren ein deutlicher Wissenszuwachs zu den ökologischen Hintergründen der Erkrankungen verzeichnet worden ist. In Deutschland kommen mindestens neun verschiedene Hantaviren vor; die meisten humanen Erkrankungen werden in Deutschland durch das Puumala-Orthohantavirus (PUUV) verursacht. Obwohl der Reservoirwirt des PUUV, die Rötelmaus (*Clethrionomys glareolus*) deutschlandweit vorkommt, sind PUUV-Infektionen nur bei Rötelmäusen im südlichen, westlichen und nordwestlichen Teil Deutschlands nachgewiesen worden. Umfangreiche Untersuchungen haben zur Postulierung einer nördlichen und östlichen Verbreitungsgrenze des PUUV in der Rötelmaus geführt (Abbildung 4) [108]. Das Dobrava-Belgrad-Orthohantavirus (DOBV), Genotyp Kurkino, kommt dagegen ausschließlich im östlichen Teil Deutschlands vor. Diese Verbreitung wird durch das auf den Osten Deutschlands begrenzte Vorkommen des Reservoirs, der Brandmaus (*Apodemus agrarius*) verursacht. Infektionen der deutschlandweit verbreiteten

Abbildung 4
Verteilung von Puumala-Orthohantavirus-Sequenzen in Deutschland. Die Symbole entsprechen den Sequenzen aus **Abbildung 6** und zeigen Infektionen aus bekannten Endemiegebieten in Deutschland. Mehrere Sequenzen vom gleichen Ort wurden einmal dargestellt.

Vom Menschen stammende Sequenzen wurden in schwarz gekennzeichnet, solche von Rötelmäusen in blau. Die gepunktete Linie stellt die hypothetische Verbreitungsgrenze von PUUV-positiven Rötelmäusen dar.
Quelle: Eigene Darstellung nach Drewes et al. [108] and Weiss et al. [114 (CC BY 4.0)]



PUUV = Puumala-Orthohantavirus

Gelbhalsmaus (*A. flavicollis*) wurden nur im Verbreitungsbereich der Brandmaus gefunden. Obgleich auch in der Gelbhalsmaus DOBV molekular nachgewiesen und ein DOBV-Stamm isoliert werden konnte, ist unklar, inwieweit die Gelbhalsmaus das Virus auch auf den Menschen übertragen kann [109, 110]. Das Tula-Orthohantavirus (TULV)

kommt deutschlandweit in der Feldmaus (*Microtus arvalis*) vor, ist bislang aber nur selten mit humanen Infektionen und Erkrankungen in Zusammenhang gebracht worden [111, 112]. Das Seoul-Orthohantavirus (SEOV) ist in Rattenpopulationen in Teilen Asiens endemisch und wurde wiederholt auch in Zuchtratten in Europa und den Vereinigten Staaten nachgewiesen; in Deutschland kamen bisher vereinzelte Infektionen im Zusammenhang mit Auslandsreisen oder nach Kontakt zu Heimratten vor [113]. Daneben wurden fünf weitere Hantaviren in Deutschland beschrieben, deren Humanpathogenität bisher ungeklärt ist.

Bei der Hantavirus-Erkrankung beim Menschen handelt es sich um eine klassische Zoonose. Zur Infektion kommt es durch Einatmen von Staub, der mit Speichel, Kot oder Urin infizierter Tiere kontaminiert ist, durch den Kontakt von verletzter Haut mit kontaminierten Materialien oder selten durch Bisse. Auch eine Infektion durch Aufnahme kontaminierter Lebensmittel ist möglich. Ein großer Teil der Hantavirus-Infektionen verläuft asymptomatisch bzw. mit unspezifischen Symptomen, so dass häufig keine diagnostische Abklärung veranlasst wird und eine hohe Dunkelziffer anzunehmen ist. Symptomatische Infektionen mit den in Deutschland für den Menschen relevanten Virusarten (PUUV, DOBV-Kurkino) präsentieren sich in der Regel als eine grippeähnliche Erkrankung mit Fieber, kolikartigen, oft einseitigen Flankenschmerzen, Übelkeit und Durchfall, Kopfschmerzen und Nackensteifigkeit, Sehstörungen (Myopie, Fotophobie) und konjunktivalen Einblutungen [115]. In Deutschland sind hauptsächlich Erwachsene zwischen 20 und 60 Jahren und Kinder nur äußerst selten betroffen. Männer sind in allen Altersgruppen deutlich überrepräsentiert [116]. Es ist wahrscheinlich, dass

Alter und Geschlecht einen signifikanten Einfluss auf die Empfänglichkeit für die Infektion sowie auf die Schwere der Erkrankung haben. Expositions-faktoren scheinen allenfalls eine untergeordnete Rolle zu spielen. Symptomatische Hantavirus-Infektionen mit Labornachweis sind nach IfSG seit 2001 meldepflichtig. Von den Gesundheitsämtern werden Daten der gemeldeten Fälle anonymisiert elektronisch an das jeweilige Landesgesundheitsamt und von dort an das RKI übermittelt.

Die Epidemiologie der Hantavirus-Erkrankung beim Menschen ist geprägt von zyklisch auftretenden Ausbrüchen des PUUV, die sich etwa alle zwei bis drei Jahre vor allem im Süden, Westen und Nordwesten Deutschlands bemerkbar machen [116]. Das im Norden und Osten Deutschlands vorkommende DOBV-Kurkino führt lediglich zu einer geringen Anzahl sporadischer Erkrankungsfälle und soll im Rahmen dieser auf den Klimawandel fokussierten Darstellung nicht näher behandelt werden.

Mit einer mittleren jährlichen Inzidenz von 2,3 je 100.000 Einwohner in Deutschland trugen die sechs größten Ausbruchsjahre 2007, 2010, 2012, 2017, 2019 und 2021 einen Großteil der Gesamtfälle bei, die zwischen 2001 und 2021 in Deutschland gemeldet wurden ($n=11.464$ von 15.823; 72,4%). In den verbleibenden 15 Jahren war die mittlere jährliche Inzidenz mit 0,35 je 100.000 Einwohner deutlich geringer (Abbildung 5). Die Mehrzahl der Fälle ($n=10.988$ von 15.823; 69,4%) wurde aus Bayern und Baden-Württemberg übermittelt, wo sich bekannte PUUV-Endemiegebiete befinden (z. B. Schwäbische Alb, Region Unterfranken, Bayerischer Wald). Die restlichen Bundesländer tragen verhältnismäßig wenige Fälle bei, wobei dortige Endemiegebiete (z. B. die Region Osnabrück oder der Westen Thüringens) in Ausbruchsjahren ebenfalls lokal hohe Inzidenzen verzeichnen. Eine detaillierte molekulare Analyse der PUUV-Ausbrüche bis 2018 sowie gegenwärtige Untersuchungen von Rötelmäusen an der postulierten Verbreitungsgrenze

Abbildung 5
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Melderegion, Erkrankungsjahr und -monat in Deutschland, 2001–2021 ($n=14.786$ Fälle mit bekanntem Erkrankungsdatum). Pfeile kennzeichnen Jahre mit starker Buchenmast (>40% mittel und stark fruktifizierender Buchen) in Baden-Württemberg [117].
Quelle: Eigene Darstellung

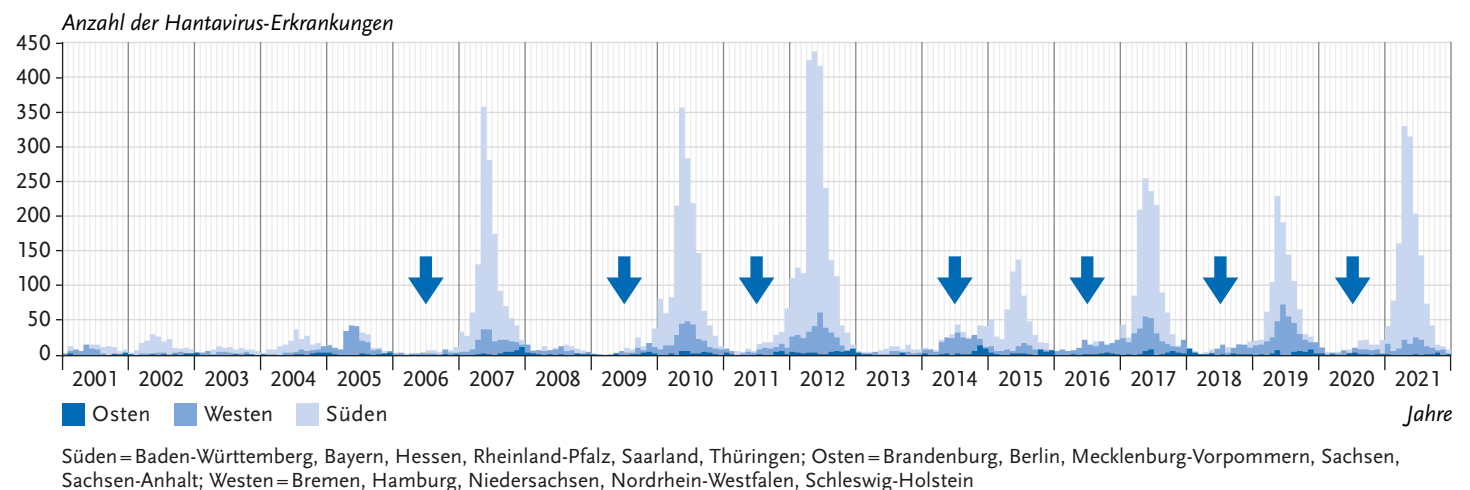
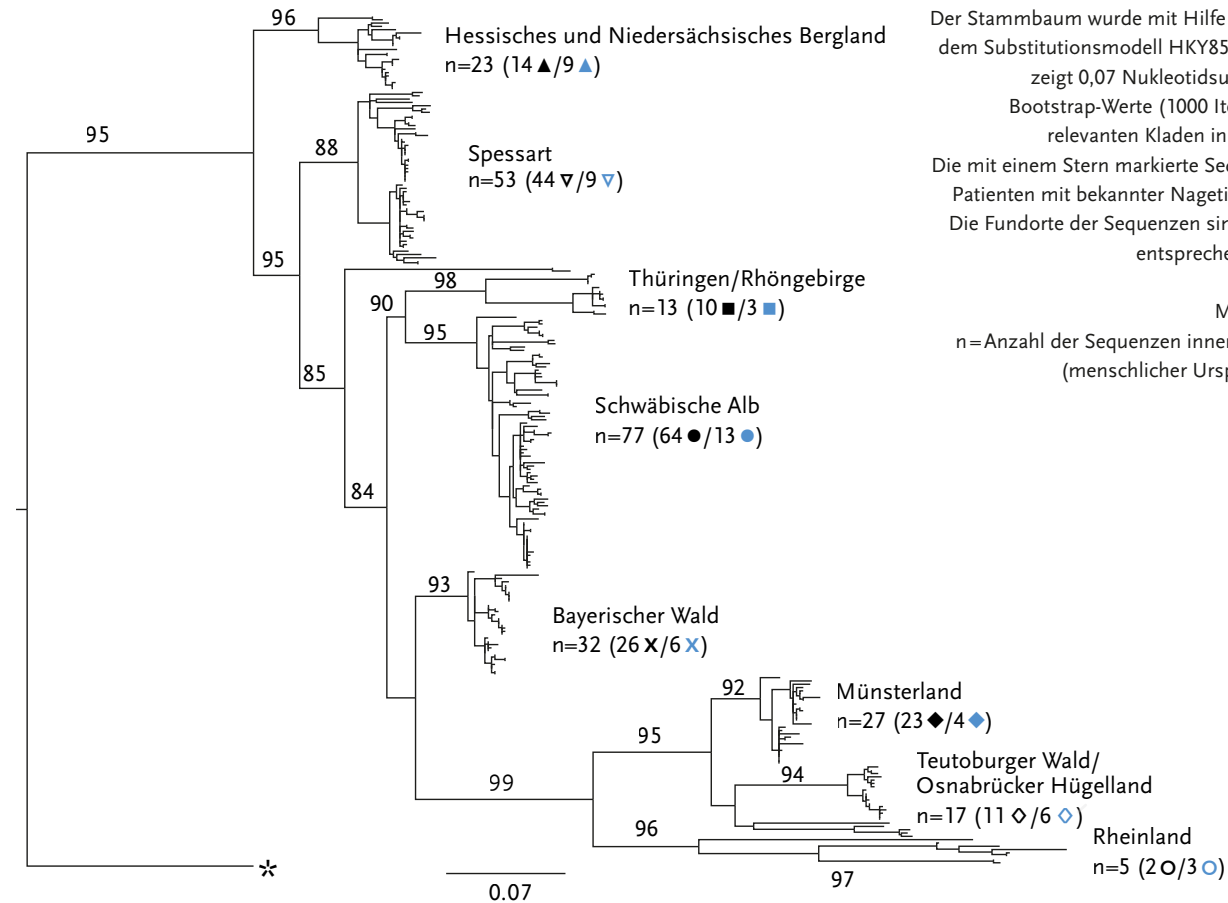


Abbildung 6
Phylogenetische Analyse der S-Segment-
Sequenz des Puumala-Orthohantavirus,
basierend auf einem 504 Nukleotide langen
Alignment von 258 bei GenBank
veröffentlichten Sequenzen

Quelle: Eigene Darstellung nach
 Drewes et al. [108] and
 Weiss et al. [114] (CC BY 4.0)



des PUUV zeigen eine über lange Zeiträume getrennte evolutionäre Entwicklung der für das jeweilige Endemiegebiet spezifischen Viren ([Abbildung 6](#)). Dies deutet darauf hin, dass die räumliche Ausdehnung der verschiedenen Endemiegebiete stabil ist.

Die Hantavirus-Erkrankung weist eine deutliche Saisonalität auf, wobei die höchsten Erkrankungszahlen im Frühjahr und Sommer zu verzeichnen sind ([Abbildung 5](#)). Ein

Wiederanstieg der Fallzahlen im Herbst und Winter scheint auf ein bevorstehendes Ausbruchsjahr hinzuweisen. Trotzdem muss auch bei Erkrankungsfällen außerhalb dieser Hauptsaison an Hantavirus-Erkrankungen gedacht werden; so wurde über eine Häufung von Erkrankungsfällen in einem Betrieb in Niedersachsen im Dezember 2017 berichtet [118].

Das Vorkommen von Erkrankungen mit dem PUUV in der Bevölkerung ist eng verknüpft mit dem Vorkommen

und der Abundanz von Rötelmäusen [119]. Eine hohe Populationsdichte von Rötelmäusen steigert die Transmissionsrate innerhalb der Rötelmauspopulation, was dort zu höheren PUUV-Prävalenzen führt [120, 121]. Ein Anstieg der Population infizierter Reserviertiere erhöht die Menge virushaltiger Exkrememente in der Umwelt und die Wahrscheinlichkeit, dass Menschen mit diesen in Kontakt kommen. Dies wiederum kann zu einer erhöhten Ansteckungsrate beim Menschen führen. Für die Betrachtung des Einflusses des Klimawandels auf das künftige Vorkommen von PUUV-Erkrankungen ist es daher von entscheidender Bedeutung, die zukünftige Entwicklung von Rötelmauspopulationen zu prognostizieren. Diese hängt wiederum stark von der Entwicklung der Wälder, insbesondere derjenigen mit Buchenbestand, ab.

Die Abundanz von Rötelmäusen unterliegt zyklischen Schwankungen. Massenvermehrungen werden ausgelöst durch Mastjahre, d. h. Jahre, in denen es zu einer deutlich überdurchschnittlichen Fruchtbildung bei den Nahrungspflanzen der Rötelmaus kommt, in diesem Fall hauptsächlich Buchen (*Fagus sylvatica*). Massenvermehrungen von Rötelmäusen treten regelmäßig in auf Mastjahren folgenden Jahren auf [119, 121].

Die Frequenz, mit der Mastjahre auftreten, ist klimabhängig. Es gibt Anzeichen dafür, dass der Klimawandel die Frequenz von Mastjahren in den letzten hundert Jahren gesteigert hat [122, 123]. Demzufolge hat auch die Häufigkeit von Jahren mit Massenvermehrungen von Rötelmäusen zugenommen, so dass sich mittlerweile alle zwei bis drei Jahre Mastjahre mit darauffolgenden Massenvermehrungen von Rötelmäusen ereignen (Abbildung 5). Die Frequenzsteigerung von Mastjahren ist allerdings dadurch

limitiert, dass ein Baum nicht in zwei aufeinander folgenden Jahren eine Mast hervorbringen kann. Die Mast stellt eine hohe physiologische Belastung dar, was sich auch in einem verringerten Dickenwachstum der Bäume in Mastjahren zeigt [124]. Es ist allerdings möglich, dass der Klimawandel die räumliche Synchronität von Mastereignissen auflöst. Dies hätte zur Folge, dass die massenhafte Fruchtbildung bei Buchen räumlich heterogen auftritt [125, 126]. Beobachtungen zu derartigen asynchronen Mastereignissen und ihr Effekt auf Rötelmauspopulationen liegen bereits vor und lassen den Schluss zu, dass möglicherweise zukünftig Ausbrüche eher auf lokaler Ebene und nicht mehr überregional oder bundesweit stattfinden werden [127]. Es gibt weiterhin Hinweise darauf, dass die Übertragung von PUUV innerhalb von Rötelmauspopulationen unabhängig von deren Größe und Dichte, zumindest in Nordeuropa, durch warme, feuchte Winter begünstigt wird. Das Klima kann also auch einen direkten Einfluss auf die Überlebensfähigkeit des PUUV in der Umwelt haben [128]. In Deutschland wird der Klimawandel allerdings die Waldbestände voraussichtlich eher durch zunehmende Trockenheit beeinflussen. Ausgehend von Beobachtungen der Dürrejahre 2018 bis 2020 lässt sich prognostizieren, dass mehr als 30 % der Waldstandorte mit der führenden Baumart Buche als wichtiger Nahrungsquelle für Rötelmäuse gefährdet sind [129]. In Dürrejahren werfen Buchen ihre verkümmerten Bucheckern trotz zuvor erfolgter guter Fruchtanlage vorzeitig ab, so dass sie kaum als Nahrung für Rötelmäuse zur Verfügung stehen [130]. Weiterhin kann als wahrscheinlich betrachtet werden, dass Extremwetterereignisse wie Stürme oder Starkregen neben Waldbränden als Dürrefolge Auswirkungen auf das Vorkommen von Rötelmäusen

Der mögliche Einfluss des Klimawandels auf humane Erkrankungen durch das Puumala-Orthohantavirus ist nicht abschließend geklärt.

und PUUV haben werden. Welche Folgen all diese Phänomene auf die Rötelmauspopulationen und damit schlussendlich auf die weitere Entwicklung der Zahl der PUUV-Erkrankungen haben werden, ist zurzeit noch nicht ausreichend geklärt und muss Gegenstand weiterer Untersuchungen sein. Aufgrund der oben dargestellten natürlichen Begrenzung der Frequenz der Mastjahre als auch der zu erwartenden negativen Klimawirkungen auf Wachstum und Verbreitung der Buche ist jedoch, bei jetzigem Kenntnisstand, mit einer starken Zunahme der Inzidenz der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland im Zusammenhang mit den Wirkungen des Klimawandels nicht zu rechnen.

6. Handlungsempfehlungen

6.1 Allgemeine Handlungsempfehlungen

Zum Schutz der Bevölkerung vor Vektor- und Nagetier-assoziierten Krankheiten in Deutschland können folgende allgemein gültige Handlungsempfehlungen gegeben werden:

- (1) Stärkung der Wissenschafts- und Forschungskapazitäten zu Klimawandel und Gesundheit, um eine genauere Einschätzung der Auswirkungen klimatischer Veränderungen auf Vektor- und Nagetier-assoziierte Infektionskrankheiten geben zu können
- (2) Erhalt oder Stärkung der ressortübergreifenden One-Health-basierten Zusammenarbeit in den Sektoren Gesundheit, Umwelt und Tiergesundheit, um eine effektivere interdisziplinäre Zusammenarbeit für Infektionsprävention zu gewährleisten
- (3) Ausbau des Monitorings von Vektor- und Nagetier-übertragbaren Infektionserregern in Mensch und Tier

- (4) Gezielte Informationskampagnen zum Infektionsrisiko und zu Schutzmaßnahmen für die Bevölkerung

- (5) Erarbeitung von Kommunikationsstrategien für die Ärzteschaft

- (6) Weiterbildung (a) von Fachpersonal mit Bezug zur Verhaltensprävention und Gesundheitsförderung in human- und veterinärmedizinischen Praxen oder Einrichtungen des öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD); (b) von Angestellten in Schädlingsbekämpfungsunternehmen; (c) von in der Natur arbeitenden Fachkräften, z. B. in forstlichen Einrichtungen, mit erhöhtem Infektionsrisiko und (d) von Fachkräften für Arbeitsschutz für diese Berufsgruppen

6.2 Gezielte Handlungsempfehlungen

Ergänzt werden die allgemeingültigen Handlungsempfehlungen durch folgende gezielte Empfehlungen für Deutschland:

Mit Stechmücken assoziierte Infektionskrankheiten

- (1) Förderung der Entwicklung lokaler Response-Pläne für WNV sowie das Auftreten neuer vektorkompetenter Stechmückenarten (z. B. *Ae. albopictus*)
- (2) Informationskampagnen für die Öffentlichkeit zur Vermeidung von Reproduktionsstätten für Stechmücken und der Ausbreitung neuer Stechmückenarten
- (3) Berücksichtigung von Präventionsmaßnahmen, wie Brutstätten-Sanierung und Brutstätten-Vermeidung, bei der Planung von klimaresilienten Städten
- (4) Sensibilisierung des ÖGD bei gemeldeten Fällen (Infobox 1)

Es bedarf weiterer Forschung, um den Einfluss des Klimawandels auf zoonotische Krankheitserreger sowie deren Reservoir und Vektoren besser zu verstehen. Daraus können Präventionsstrategien entwickelt werden.

Mit Schildzecken assoziierte Infektionskrankheiten

- (1) Absicherung korrekter Zeckenbestimmung als Basis für richtiges Erkennen von Zusammenhängen
- (2) Vernetzung von Untersuchungen zu Zecken- und Nagetier-assoziierten Erregern

Infobox 1: Empfehlungen für den Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) mit Bezug auf DENV-, CHIKV- und ZIKV-Infektionen

Lokale Gesundheitsämter sollten bei gemeldeten Fällen von mutmaßlich virämischen DENV-, CHIKV- und ZIKV-Infektionen in Gebieten mit *Ae. albopictus* saisonal auf die Gefahr von Weiterübertragungen hinweisen und für nicht-reiseassoziierte Folgefälle wachsam sein [131]. Ärztinnen und Ärzte in entsprechenden Gebieten sollten saisonal bei Häufungen von Erkrankungen mit Fieber und/oder Hautausschlag auch an diese in Deutschland nicht-endemischen Erreger denken und ggf. eine entsprechende Diagnostik veranlassen.

Infobox 2: Empfehlungen für den ÖGD mit Bezug auf Zecken-assoziierte Krankheiten

Die Gesundheitsbehörden sollten weiterhin präventive Aufklärung zur Vermeidung von Zeckenstichen und der sofortigen Entfernung von Zecken betreiben. Darüber hinaus sollte die Bevölkerung auch über klinische Manifestationen, z. B. Erythema migrans, informiert werden, um frühzeitig eine ärztliche Praxis aufsuchen zu können und eine frühzeitige Diagnose und Behandlung sicherzustellen, die schwereren Krankheitsverläufen vorbeugen kann. Ein Schwerpunkt dieser Kommunikationsanstrengungen könnte bei bestimmten Gruppen mit erhöhtem Zeckenstich-Risiko liegen, z. B. bei Personen, die im Wald oder in öffentlichen Einrichtungen am Waldrand oder im Wald arbeiten (z. B. Waldkindergärten, Kinder- und Jugendfreizeiten), Mitgliedern bei den Pfadfindern, der GeoCaching-Szene, Personen, die Pilze sammeln, oder Imkerinnen und Imkern.

(3) Erarbeitung von wirksamen und nachhaltigen Mitteln, Verfahren und Strategien zum Schutz vor Schildzeckenbefall und Erregerübertragung (u. a. Impfstoffentwicklung gegen Zecken, biologische Zeckenbekämpfung, Zeckenfallen, wirksame Repellents)

(4) Förderung und Durchführung von weiteren bevölkerungsrepräsentativen Surveys zur Prävalenz von *B. burgdorferi*-spezifischen Antikörpern, um einen möglichen Anstieg (evtl. auch bedingt durch klimatische Faktoren) erkennen zu können

(5) Förderung und Durchführung von Studien zur Häufigkeit und Trends von Erythema migrans in ausgewählten geografischen Regionen

(6) Präventionsmaßnahmen und Information durch den ÖGD (Infobox 2)

(7) Aufklären der Bevölkerung und der Ärzteschaft zu Lyme-Borreliose (Infobox 3)

Hantaviren

(1) Verstärkte Verbreitung von Information zu Hantavirus-Infektionen für die Bevölkerung in betroffenen Gebieten, z. B. anhand des Merkblatts „Wie vermeide ich Hantavirus-Infektionen?“ [132]

(2) Saisonale und gezielte Kommunikation zum Risiko durch Hantavirus-Infektionen (Infobox 4)

(3) Kontinuierliche Surveillance von Hantavirus-Infektionen beim Menschen und Monitoring von Trends im Tierreservoir

(4) Vernetzung von Untersuchungen zu verschiedenen Nagetier- und Vektor-assoziierten Zoonoseerregern

(5) Weiterentwicklung von Hantavirus-Prognosemodellen und feinauflösenden Risikokarten

Infobox 3: Benötigte Kommunikationsstrategien für Lyme-Borreliose

Zu Symptomen und Diagnosehäufigkeit von Lyme-Borreliose existieren in Teilen der Bevölkerung fehlerhafte Vorstellungen, die seit längerer Zeit über soziale Netzwerke und Blogging-Dienste verbreitet werden. Hinzu kommt, dass Personen fälschlicherweise mit Lyme-Borreliose diagnostiziert werden und längerem Leidensdruck ausgesetzt sind bis sie eine korrekte Diagnose und Therapie erhalten. Zu den Folgen gehören neben der Einleitung unwirksamer Therapien wie Antibiotikabehandlungen unnötige Belastungen des Gesundheitswesens und verunsicherte und unzufriedene Patientinnen und Patienten. Kommunikationsstrategien sollten die Bevölkerung über die Krankheit, korrekte Diagnosemöglichkeiten und mögliche Differentialdiagnosen der Lyme-Borreliose aufklären.

Infobox 4: Kommunikation zur Gefährdung der Bevölkerung durch Hantavirus-Infektionen

Die Aufklärung der Bevölkerung zur Gefährdung durch Hantavirus-Infektionen und entsprechende Präventionsmaßnahmen sollte saisonal und unter Verwendung ausgewählter Kommunikationsstrategien erfolgen. Neben einer direkten Information der Allgemeinbevölkerung sollten auch Multiplikatoren eingebunden werden, die gezielt besonders gefährdete Personengruppen informieren, z. B. Waldarbeiterinnen und Waldarbeiter, Personen in der Schädlingsbekämpfung. Während für PUUV in dessen Verbreitungsgebiet entsprechende Vorhersagen möglich sind, ist das für DOBV wegen des sporadischen Auftretens bisher nicht der Fall. Hier sollte deshalb eine allgemeine Information im Verbreitungsgebiet dieses Virus (östlicher Teil Deutschlands) erfolgen. Der erstmalige Nachweis von durch Heimratten verursachten Hantavirus-Infektionen (Seoul-Orthohantavirus) hat verdeutlicht, dass einerseits Halterinnen und Halter, andererseits Verkäuferinnen und Verkäufer von Heimratten über dieses Risiko informiert werden müssen; wünschenswert wäre eine verpflichtende Untersuchung von Heimratten auf diesen und andere Erreger.

(6) Förderung und Durchführung von Studien zur Synchronität bzw. zunehmenden Asynchronität von Massenvermehrungen der Rötelmaus

7. Fazit

Höhere Temperaturen, veränderte Niederschlagsmuster und das Verhalten der Menschen können die Epidemiologie von Vektor- und Nagetier-assoziierten Infektionskrankheiten in Deutschland beeinflussen. Die Auswirkungen von klimatischen Veränderungen auf die Ausbreitung der Vektor- und Nagetier-assoziierten Infektionskrankheiten müssen im Detail weiter untersucht und bei Klimaanpassungsmaßnahmen berücksichtigt werden.

Korrespondenzadresse

Dr. Hendrik Wilking
Robert Koch-Institut
Abteilung für Infektionsepidemiologie
Seestraße 10
13353 Berlin
E-Mail: WilkingH@rki.de

Zitierweise

Beermann S, Dobler G, Faber M, Frank C, Habedank B et al. (2023) Auswirkungen von Klimaveränderungen auf Vektor- und Nagetier-assoziierte Infektionskrankheiten. J Health Monit 8(S3):36–66. DOI 10.25646/11392

Die englische Version des Artikels ist verfügbar unter:
www.rki.de/jhealthmonit-en

Förderungshinweis

Die Koordination der Publikation erfolgte im Rahmen des Projekts KlimGesundAkt, das durch das Bundesministerium für Gesundheit gefördert wird (Kapitel 1504; Titel 54401 HJ2021; Laufzeit 07/2021–06/2024).

Interessenkonflikt

Sandra Beermann gibt an, seit Juni 2022 an das Bundesministerium für Gesundheit abgeordnet zu sein. Die anderen Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Beiträge der Autorinnen und Autoren

Alle Autorinnen und Autoren haben vergleichbare Beiträge geleistet und sind nach alphabetischer Reihenfolge aufgelistet.

Koordinierung und Redaktion des Gesamtmanuskripts, Ausarbeitung der Einleitung und des Abstracts:

Beermann S, Wilking H

Ausarbeitung Abschnitt 3 – Mit Stechmücken assoziierte Infektionskrankheiten: Frank C, Kampen H, Kuhn C, Schmidt-Chanasit J

Ausarbeitung Abschnitt 4 – Mit Schildzecken assoziierte Infektionskrankheiten: Dobler G, Habedank B, Hagedorn P, Nygren TM, Stark K, Wilking H

Ausarbeitung Abschnitt 5 – Hantaviren: Faber M, Schmolz E, Ulrich RG, Weiss S

Danksagung

Die Autorin und Autoren des Abschnitts 5 danken Herrn Stephan Drewes für die Hilfe bei der Erstellung der Abbildungen 4 und 6.

Das RKI-Koordinationssteam des Projekts KlimGesundAkt dankt Sophie Gepp, Elke Hertig, Claudia Hornberg, Tanja-Maria Kessel, Andreas Matzarakis, Odile Mekel, Susanne Moebus, Jonas Schmidt-Chanasit, Alexandra Schneider, Klaus Stark, Wolfgang Straff und Maike Voss für die beratende Tätigkeit in der projektbegleitenden Fachgruppe.

Literatur

1. Bruce-Chwatt L, de Zulueta J (1980) The rise and fall of malaria in Europe: A historico-epidemiological study. Oxford University Press, Oxford
2. Kuhlisch C (2022) Discovery of *Aedes (Ochlerotatus) pionips* Dyar, 1919 (Diptera, Culicidae) in Germany. Check List 18:897–906
3. Pernat N, Kampen H, Jeschke JM et al. (2021) Citizen science versus professional data collection: Comparison of approaches to mosquito monitoring in Germany. J Appl Ecol 58:214–223
4. Walther D, Kampen H (2017) The citizen science project 'Mueckenatlas' helps monitor the distribution and spread of invasive mosquito species in Germany. J Med Entomol 54(6):1790–1794
5. Reisen WK (1989) Estimation of vectorial capacity: Introduction/relationship to disease transmission by malaria and arbovirus vectors. Bull Soc Vector Ecol 14(2):39–40, 67–70
6. Kampen H, Kuhlisch C, Frohlich A et al. (2016) Occurrence and spread of the invasive Asian bush mosquito *Aedes japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) in West and North Germany since detection in 2012 and 2013, respectively. PLoS One 11(12):e0167948
7. Ratte HT (1984) Temperature and insect development. In: Hoffmann KH (Hrsg) Environmental physiology and biochemistry of insects. Springer, Berlin; Heidelberg, S. 33–66
8. Mellor PS, Leake CJ (2000) Climatic and geographic influences on arboviral infections and vectors. Rev Sci Tech 19(1):41–54

9. Kamiya T, Greischar MA, Wadhawan K et al. (2019) Temperature-dependent variation in the extrinsic incubation period elevates the risk of vector-borne disease emergence. *Epidemics* 30:100382
10. Jansen S, Cadar D, Lühken R et al. (2021) Vector competence of the invasive mosquito species *Aedes koreicus* for arboviruses and interference with a novel insect specific virus. *Viruses* 13(12):2507
11. Jansen S, Heitmann A, Lühken R et al. (2018) Experimental transmission of Zika virus by *Aedes japonicus japonicus* from southwestern Germany. *Emerg Microbes Infect* 7(1):192
12. Jansen S, Heitmann A, Lühken R et al. (2019) *Culex torrentium*: A potent vector for the transmission of West Nile virus in Central Europe. *Viruses* 11(6):492
13. Ziegler U, Lühken R, Keller M et al. (2019) West Nile virus epizootic in Germany, 2018. *Antiviral Res* 162:39–43
14. Kampen H, Holicki CM, Ziegler U et al. (2020) West Nile virus mosquito vectors (Diptera: Culicidae) in Germany. *Viruses* 12(5):493
15. Komar N, Langevin S, Hinten S et al. (2003) Experimental infection of North American birds with the New York 1999 strain of West Nile virus. *Emerg Infect Dis* 9(3):311–322
16. Hubálek Z, Halouzka J (1999) West Nile fever – A reemerging mosquito-borne viral disease in Europe. *Emerg Infect Dis* 5(5):643–650
17. Young JJ, Haussig JM, Aberle SW et al. (2021) Epidemiology of human West Nile virus infections in the European Union and European Union enlargement countries, 2010 to 2018. *Euro Surveill* 26(19):2001095
18. Brugman VA, Hernandez-Triana LM, Medlock JM et al. (2018) The role of *Culex pipiens* L. (Diptera: Culicidae) in virus transmission in Europe. *Int J Env Res Public Health* 15(2):389
19. Kampen H, Tews BA, Werner D (2021) First evidence of West Nile virus overwintering in mosquitoes in Germany. *Viruses* 13(12):2463
20. Werner D, Kowalczyk S, Kampen H (2020) Nine years of mosquito monitoring in Germany, 2011–2019, with an updated inventory of German culicid species. *Parasitol Res* 119(9):2765–2774
21. Lowe S, Browne M, Boudjelas S et al. (2000) 100 of the world's worst invasive alien species: A selection from the Global Invasive Species Database. The Invasive Species Specialist Group, a specialist group of the Species Survival Commission of the World Conservation Union, New Zealand. <https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/2000-126.pdf> (Stand: 20.12.2022)
22. Cancrini G, Di Frangipane Regalbono A, Ricci I et al. (2003) *Aedes albopictus* is a natural vector of *Dirofilaria immitis* in Italy. *Vet Parasitol* 118(3–4):195–202
23. Paupy C, Delatte H, Bagny L et al. (2009) *Aedes albopictus*, an arbovirus vector: From the darkness to the light. *Microbes Infect* 11(14–15):1177–1185
24. Rezza G (2014) Dengue and chikungunya: Long-distance spread and outbreaks in naive areas. *Pathog Glob Health* 108(8):349–355
25. Becker N, Geier M, Balczun C et al. (2013) Repeated introduction of *Aedes albopictus* into Germany, July to October 2012. *Parasitol Res* 112(4):1787–1790
26. Reiter P (1998) *Aedes albopictus* and the world trade in used tires, 1988–1995: The shape of things to come? *J Am Mosq Control Assoc* 14(1):83–94
27. Walther D, Scheuch DE, Kampen H (2017) The invasive Asian tiger mosquito *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Germany: Local reproduction and overwintering. *Acta Trop* 166:186–192
28. Nationale Expertenkommission "Stechmücken als Überträger von Krankheitserregern" am Friedrich-Loeffler-Institut (2022) Vorkommen der Asiatischen Tigermücke *Aedes albopictus* in Deutschland. <https://www.fli.de/de/kommissionen/nationale-expertenkommission-stechmuecken-als-uebertraeger-von-krankheitserregern> (Stand: 15.12.2022)
29. Becker N, Schön S, Klein AM et al. (2017) First mass development of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) – Its surveillance and control in Germany. *Parasitol Res* 116(3):847–858
30. Kobayashi M, Nihei N, Kurihara T (2002) Analysis of northern distribution of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Japan by geographical information system. *Journal of Med Entomol* 39(1):4–11

31. Waldock J, Chandra NL, Lelieveld J et al. (2013) The role of environmental variables on *Aedes albopictus* biology and chikungunya epidemiology. *Pathog Glob Health* 107(5):224–241
32. Tippelt L, Werner D, Kampen H (2019) Tolerance of three *Aedes albopictus* strains (Diptera: Culicidae) from different geographical origins towards winter temperatures under field conditions in northern Germany. *PLoS One* 14(7):e0219553
33. Tippelt L, Werner D, Kampen H (2020) Low temperature tolerance of three *Aedes albopictus* strains (Diptera: Culicidae) under constant and fluctuating temperature scenarios. *Parasit Vectors* 13(1):587
34. Fischer D, Thomas SM, Neteler M et al. (2014) Climatic suitability of *Aedes albopictus* in Europe referring to climate change projections: Comparison of mechanistic and correlative niche modelling approaches. *Euro Surveill* 19(6):20696
35. Thomas SM, Tjaden NB, Frank C et al. (2018) Areas with high hazard potential for autochthonous transmission of *Aedes albopictus*-associated arboviruses in Germany. *Int J Env Res Public Health* 15(6):1270
36. Cunze S, Kochmann J, Koch LK et al. (2016) *Aedes albopictus* and its environmental limits in Europe. *PLoS One* 11(9):e0162116
37. Kampen H, Walther D (2018) Vector potential of mosquito species occurring in central Europe: Mosquito-borne diseases. In: Benelli G, Mehlhorn H (Hrsg) *Parasitology Research Monographs*, Vol 10, Springer, Cham, S. 41–68
38. Koban MB, Kampen H, Scheuch DE et al. (2019) The Asian bush mosquito *Aedes japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) in Europe, 17 years after its first detection, with a focus on monitoring methods. *Parasit Vectors* 12(1):109
39. Pfitzner WP, Lehner A, Hoffmann D et al. (2018) First record and morphological characterization of an established population of *Aedes (Hulecoeteomyia) koreicus* (Diptera: Culicidae) in Germany. *Parasit Vectors* 11(1):662
40. Tsai TF, Popovici F, Cernescu C et al. (1998) West Nile encephalitis epidemic in southeastern Romania. *Lancet* 352(9130):767–771
41. May FJ, Davis CT, Tesh RB et al. (2011) Phylogeography of West Nile virus: From the cradle of evolution in Africa to Eurasia, Australia, and the Americas. *J Virol* 85(6):2964–2974
42. European Centre for Disease Prevention and Control (2019) West Nile virus infection. In: ECDC (Hrsg) *Annual epidemiological report for 2018*. ECDC, Stockholm. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/west-nile-virus-infection-annual-epidemiological-report-2018> (Stand: 20.12.2022)
43. Frank C, Schmidt-Chanasit J, Ziegler U (2022) West Nile virus in Germany: An emerging infection and its relevance for transfusion safety. *Transfus Med Hemother* 49:192–203
44. Petersen LR, Brault AC, Nasci RS (2013) West Nile virus: Review of the literature. *JAMA* 310(3):308–315
45. Offergeld R, Schmidt-Chanasit J, Frank C (2022) West Nil-Virus in Deutschland – Relevanz für die Transfusionsicherheit. *Hämotherapie* 38:23–33
46. Lorenz C, Azevedo TSd, Chiaravalloti-Neto F (2022) Impact of climate change on West Nile virus distribution in South America. *Tran R Soc Trop Med Hyg* 116(11):1043–1053
47. Caputo B, Russo G, Manica M et al. (2020) A comparative analysis of the 2007 and 2017 Italian chikungunya outbreaks and implication for public health response. *PLoS Negl Trop Dis* 14(6):e0008159
48. Giron S, Franke F, Decoppet A et al. (2019) Vector-borne transmission of Zika virus in Europe, southern France, August 2019. *Euro Surveill* 24(45):1900655
49. Schmidt-Chanasit J, Haditsch M, Schoneberg I et al. (2010) Dengue virus infection in a traveller returning from Croatia to Germany. *Euro Surveill* 15(40):19677
50. Heitmann A, Jansen S, Lühken R et al. (2018) Experimental risk assessment for chikungunya virus transmission based on vector competence, distribution and temperature suitability in Europe, 2018. *Euro Surveill* 23(29):1800033
51. Heitmann A, Jansen S, Lühken R et al. (2017) Experimental transmission of Zika virus by mosquitoes from central Europe. *Euro Surveill* 22(2):30437
52. Mercier A, Obadia T, Carraretto D et al. (2022) Impact of temperature on dengue and chikungunya transmission by the mosquito *Aedes albopictus*. *Sci Rep* 12(1):6973
53. Cochet A, Calba C, Jourdain F et al. (2022) Autochthonous dengue in mainland France, 2022: Geographical extension and incidence increase. *Euro Surveill* 27(44):2200818

54. Petney T, Moser E, Littwin N et al. (2015) Additions to the 'Annotated Checklist of the Ticks of Germany': *Ixodes acuminatus* and *Ixodes inopinatus*. *Exp Appl Acarol* 20:221–224
55. Petney T, Pfäffle M, Skuballa J (2012) An annotated checklist of the ticks (Acari: Ixodida) of Germany. *Syst Appl Acarol* 17:115–170
56. Facht K, Lindau A, Mackenstedt U (2022) Ungebetenes Souvenir – der Hund als Transportmittel für *Rhipicephalus sanguineus* s.l. In: 6. Süddeutscher Zeckenkongress 28. – 30. März 2022, Hohenheim, S. 39. <https://zeckenkongress.de/wp-content/uploads/2022/03/tagungsband2.pdf> (Stand: 20.12.2022)
57. Hoffmann G (1981) Die Braune Hundezecke (*Rhipicephalus sanguineus* L.) in Berlin (West). Epizootiologische Untersuchungen unter Einschaltung von Massenmedien. *Bundesgesundheitsbl* 24(3):41–50
58. Chitimia-Dobler L, Schaper S, Rieß R et al. (2019) Imported *Hyalomma* ticks in Germany in 2018. *Parasit Vectors* 12(1):134
59. Hagedorn D (2019) Fund von Zecken der Gattung *Hyalomma* in Deutschland. *Epid Bull* 7:70–71
60. Lindau A, Drehmann M, Springer A et al. (2022) *Hyalomma* in Deutschland - 3 Jahre Citizen Science. In: 6 Süddeutscher Zeckenkongress 28. – 30. März 2022, Hohenheim, S. 36. <https://zeckenkongress.de/wp-content/uploads/2022/03/tagungsband2.pdf> (Stand: 20.12.2022)
61. Grandi G, Chitimia-Dobler L, Choklikitumnuey P et al. (2020) First records of adult *Hyalomma marginatum* and *H. rufipes* ticks (Acari: Ixodidae) in Sweden. *Ticks Tick Borne Dis* 11(3):101403
62. Hansford KM, Carter D, Gillingham EL et al. (2019) *Hyalomma rufipes* on an untraveled horse: Is this the first evidence of *Hyalomma* nymphs successfully moulting in the United Kingdom? *Ticks Tick Borne Dis* 10(3):704–708
63. Uiterwijk M, Ibáñez-Justicia A, van de Vossenbergh B et al. (2021) Imported *Hyalomma* ticks in the Netherlands 2018–2020. *Parasit Vectors* 14(1):244
64. Chitimia-Dobler L, Nava S, Bestehorn M et al. (2016) First detection of *Hyalomma rufipes* in Germany. *Ticks Tick Borne Dis* 7(6):1135–1138
65. Mancuso E, Toma L, Pascucci I et al. (2022) Direct and indirect role of migratory birds in spreading CCHFV and WNV: A multidisciplinary study on three stop-over islands in Italy. *Pathogens* 11(9):1056
66. Portillo A, Palomar AM, Santibáñez P et al. (2021) Epidemiological aspects of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Western Europe: What about the future? *Microorganisms* 9(3):649
67. Gray JS, Dautel H, Estrada-Peña A et al. (2009) Effects of climate change on ticks and tick-borne diseases in Europe. *Interdiscip Perspect Infect Dis* 2009:593232
68. Medlock JM, Hansford KM, Bormane A et al. (2013) Driving forces for changes in geographical distribution of *Ixodes ricinus* ticks in Europe. *Parasit Vectors* 6(1):1
69. Kahlenborn W, Porst L, Voß M et al. (2021) Klimawirkungs- und Risikoanalyse für Deutschland 2021 (Kurzfassung). Umweltbundesamt (Hrsg) *Climate Change* 26/2021. https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/479/publikationen/kwra2021_teilbericht_zusammenfassung_bf_211027_o.pdf (Stand: 18.01.2023)
70. Gothe R, Hamel HD (1973) Zur Ökologie eines deutschen Stammes von *Rhipicephalus sanguineus* (Latreille, 1806). *Z Parasitenkd* 41(2):157–172
71. Zahler M, Gothe R (1995) Effect of temperature and humidity on longevity of unfed adults and on oviposition of engorged females of *Dermacentor reticulatus* (Ixodidae). *Appl Parasitol* 36(3):200–211
72. Zahler M, Gothe R (1995) Effect of temperature and humidity on egg hatch, moulting and longevity of larvae and nymphs of *Dermacentor reticulatus* (Ixodidae). *Appl Parasitol* 36(1):53–65
73. Gethmann J, Hoffmann B, Kasbohm E et al. (2020) Research paper on abiotic factors and their influence on *Ixodes ricinus* activity – Observations over a two-year period at several tick collection sites in Germany. *Parasitol Res* 119(5):1455–1466
74. Kahl O, Dautel H, Mackenstedt U et al. (2016) Auswirkungen des Klimawandels auf das Vorkommen, die Aktivität und Verbreitung von als Überträger von Krankheitserregern bedeutenden Schildzecken. Fortführung von Vorhaben FKZ 3711 48 402. Forschungsbericht FB 002708 im Auftrag des Umweltbundesamtes, Umweltbundesamt

75. Rubel F, Brugger K, Monazahian M et al. (2014) The first German map of georeferenced ixodid tick locations. *Parasit Vectors* 7(1):477
76. Rubel F, Brugger K, Pfeffer M et al. (2016) Geographical distribution of *Dermacentor marginatus* and *Dermacentor reticulatus* in Europe. *Ticks Tick Borne Dis* 7(1):224–233
77. Rubel F, Brugger K, Chitimia-Dobler L et al. (2021) Atlas of ticks (Acari: Argasidae, Ixodidae) in Germany. *Exp Appl Acarol* 84(1):183–214
78. Brugger K, Boehnke D, Petney T et al. (2016) A density map of the tick-borne encephalitis and Lyme borreliosis vector *Ixodes ricinus* (Acari: Ixodidae) for Germany. *J Med Entomol* 53(6):1292–1302
79. Imholt C, Reil D, Eccard JA et al. (2015) Quantifying the past and future impact of climate on outbreak patterns of bank voles (*Myodes glareolus*). *Pest Manag Sci* 71(2):166–172
80. Reil D, Imholt C, Eccard JA et al. (2015) Beech fructification and bank vole population dynamics – Combined analyses of promoters of human Puumala virus infections in Germany. *PLoS One* 10(7):e0134124
81. Walter M, Brugger K, Rubel F (2016) The ecological niche of *Dermacentor marginatus* in Germany. *Parasitol Res* 115(6):2165–2174
82. Drehmann M, Springer A, Lindau A et al. (2020) The spatial distribution of *Dermacentor* ticks (Ixodidae) in Germany – Evidence of a continuing spread of *Dermacentor reticulatus*. *Front Vet Sci* 7:578220
83. Răileanu C, Tauchmann O, Silaghi C (2022) Sympatric occurrence of *Ixodes ricinus* with *Dermacentor reticulatus* and *Haemaphysalis concinna* and the associated tick-borne pathogens near the German Baltic coast. *Parasit Vectors* 15(1):65
84. Fernández-Ruiz N, Estrada-Peña A (2021) Towards new horizons: Climate trends in Europe increase the environmental suitability for permanent populations of *Hyalomma marginatum* (Ixodidae). *Pathogens* 10(2):95
85. Estrada-Peña A, D'Amico G, Fernández-Ruiz N (2021) Modelling the potential spread of *Hyalomma marginatum* ticks in Europe by migratory birds. *Int J Parasitol* 51(1):1–11
86. Robert Koch-Institut (2022) FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2022). *Epid Bull* 9:3–21
87. Borde JP, Kaier K, Hehn P et al. (2019) Tick-borne encephalitis virus infections in Germany. Seasonality and in-year patterns. A retrospective analysis from 2001–2018. *PLoS One* 14(10):e0224044
88. Hellenbrand W, Kreuzsch T, Bohmer MM et al. (2019) Epidemiology of tick-borne encephalitis (TBE) in Germany, 2001–2018. *Pathogens* 8(2):42
89. Daniel M, Danielova V, Fialova A et al. (2018) Increased relative risk of tick-borne encephalitis in warmer weather. *Front Cell Infect Microbiol* 8:90
90. Elvang A, Melik W, Bertrand Y et al. (2011) Sequencing of a tick-borne encephalitis virus from *Ixodes ricinus* reveals a thermosensitive RNA switch significant for virus propagation in ectothermic arthropods. *Vector Borne Zoonotic Dis* 11(6):649–658
91. Friedsam AM, Brady OJ, Pilic A et al. (2022) Geo-spatial characteristics of 567 places of tick-borne encephalitis infection in southern Germany, 2018–2020. *Microorganisms* 10(3):643
92. Alkische AA, Peterson AT, Samy AM (2017) Climate change influences on the potential geographic distribution of the disease vector tick *Ixodes ricinus*. *PLoS One* 12(12):e0189092
93. Daniel M, Danielová V, Kríz B et al. (2003) Shift of the tick *Ixodes ricinus* and tick-borne encephalitis to higher altitudes in central Europe. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 22(5):327–328
94. Kreuzsch TM, Holding M, Hewson R et al. (2019) A probable case of tick-borne encephalitis (TBE) acquired in England, July 2019. *Euro Surveill* 24(47):1900679
95. Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM et al. (2022) Tick-borne encephalitis risk increases with dog ownership, frequent walks, and gardening: A case-control study in Germany 2018–2020. *Microorganisms* 10(4):690
96. Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM et al. (2022) Tick-borne encephalitis vaccine effectiveness and barriers to vaccination in Germany. *Sci Rep* 12(1):11706
97. Medlock JM, Leach SA (2015) Effect of climate change on vector-borne disease risk in the UK. *Lancet Infect Dis* 15(6):721–730

98. Woudenberg T, Böhm S, Böhmer M et al. (2020) Dynamics of *Borrelia burgdorferi*-specific antibodies: Seroconversion and seroreversion between two population-based, cross-sectional surveys among adults in Germany. *Microorganisms* 8(12):1859
99. Böhm S, Woudenberg T, Böhmer M et al. (eingereicht) Seroprevalence, seroconversion and seroreversion of *Borrelia burgdorferi* specific antibodies using two population-based studies in children and adolescents in Germany (KiGGS), 2003–2006 and 2014–2017
100. Enkelmann J, Böhmer M, Fingerle V et al. (2018) Incidence of notified Lyme borreliosis in Germany, 2013–2017. *Sci Rep* 8(1):14976
101. Wilking H, Stark K (2014) Trends in surveillance data of human Lyme borreliosis from six federal states in eastern Germany, 2009–2012. *Ticks Tick Borne Dis* 5(3):219–224
102. Semenza JC, Rocklöv J, Ebi KL (2022) Climate change and cascading risks from infectious disease. *Infect Dis Ther* 11(4):1371–1390
103. Ogden NH, Bouchard C, Badcock J et al. (2019) What is the real number of Lyme disease cases in Canada? *BMC Public Health* 19(1):849
104. Millins C, Leo W, MacInnes I et al. (2021) Emergence of Lyme disease on treeless islands, Scotland, United Kingdom. *Emerg Infect Dis* 27(2):538–546
105. Couper LI, MacDonald AJ, Mordecai EA (2021) Impact of prior and projected climate change on US Lyme disease incidence. *Glob Chang Biol* 27(4):738–754
106. Dumić I, Severnini E (2018) ‘Ticking Bomb’: The impact of climate change on the incidence of Lyme disease. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2018:5719081
107. Stiasny K, Santonja I, Holzmann H et al. (2021) The regional decline and rise of tick-borne encephalitis incidence do not correlate with Lyme borreliosis, Austria, 2005 to 2018. *Euro Surveill* 26(35):2002108
108. Drewes S, Sheikh Ali H, Sachsenhofer M et al. (2017) Host-associated absence of human Puumala virus infections in Northern and Eastern Germany. *Emerg Infect Dis* 23(1):83–86
109. Schlegel M, Klempa B, Auste B et al. (2009) Dobrava-Belgrade virus spillover infections, Germany. *Emerg Infect Dis* 15(12):2017–2020
110. Hofmann J, Meier M, Enders M et al. (2014) Hantavirus disease in Germany due to infection with Dobrava-Belgrade virus genotype Kurkino. *Clin Microbiol Infect* 20(19):O648–55
111. Hofmann J, Kramer S, Herrlinger KR et al. (2021) Tula virus as causative agent of hantavirus disease in immunocompetent person, Germany. *Emerg Infect Dis* 27(4):1234–1237
112. Schmidt S, Reil D, Jeske K et al. (2021) Spatial and temporal dynamics and molecular evolution of Tula orthohantavirus in German vole populations. *Viruses* 13(6):1132
113. Hofmann J, Heuser E, Weiss S et al. (2020) Autochthonous ratborne Seoul virus infection in woman with acute kidney injury. *Emerg Infect Dis* 26(12):3096–3099
114. Weiss S, Klempa B, Tenner B et al. (2019) Prediction of the spatial origin of Puumala virus infections using L segment sequences derived from a generic screening PCR. *Viruses* 11(8):694
115. Hofmann J, Loyer M, Faber M et al. (2022) Hantavirus-Erkrankungen: Ein Update. *Dtsch Med Wochenschr* 147(6):312–318
116. Faber M, Krüger DH, Auste B et al. (2019) Molecular and epidemiological characteristics of human Puumala and Dobrava-Belgrade hantavirus infections, Germany, 2001 to 2017. *Euro Surveill* 24(32):1800675
117. Meining S, Puhlmann H, Hartmann P et al. (2020) Waldzustandsbericht 2020. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg. https://mlr.baden-wuerttemberg.de/fileadmin/redaktion/m-mlr/intern/dateien/publikationen/Wald/Waldzustandsbericht_2020.pdf (Stand: 16.12.2022)
118. Princk C, Drewes S, Meyer-Schlinkmann KM et al. (2022) Cluster of human Puumala orthohantavirus infections due to indoor exposure? – An interdisciplinary outbreak investigation. *Zoonoses Public Health* 69(5):579–586
119. Tersago K, Verhagen R, Servais A et al. (2009) Hantavirus disease (Nephropathia epidemica) in Belgium: Effects of tree seed production and climate. *Epidemiol Infect* 137(2):250–256
120. Reil D, Rosenfeld UM, Imholt C et al. (2016) Puumala hantavirus infections in bank vole populations: Host and virus dynamics in Central Europe. *BMC Ecol* 17(1):9

121. Reil D, Imholt C, Drewes S et al. (2016) Environmental conditions in favour of a hantavirus outbreak in 2015 in Germany? *Zoonoses Public Health* 63(2):83–88
122. Övergaard R, Gemmel P, Karlsson M (2007) Effects of weather conditions on mast year frequency in beech (*Fagus sylvatica* L.) in Sweden. *Forestry* 80(5):555–565
123. Paar U, Guckland A, Dammann I et al. (2011) Häufigkeit und Intensität der Fruktifikation der Buche. *AFZ-DerWald* 6/2011:26–29
124. La Bastide JGA, van Vredenburch CLH (1970) Factoren die de zaadproductie van bomen beïnvloeden: Analyse, prognose en consequenties voor de praktijk. Bericht Stichting Bosbouw proefstation, Wageningen.
<https://edepot.wur.nl/269079> (Stand: 20.12.2022)
125. Bogdziewicz M (2022) How will global change affect plant reproduction? A framework for mast seeding trends. *New Phytol* 234(1):14–20
126. Hacket-Pain A, Bogdziewicz M (2021) Climate change and plant reproduction: Trends and drivers of mast seeding change. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 376(1839):20200379
127. Binder F, Drewes S, Imholt C et al. (2020) Heterogeneous Puumala orthohantavirus situation in endemic regions in Germany in summer 2019. *Transbound Emerg Dis* 67(2):502–509
128. Sipari S, Khalil H, Magnusson M et al. (2022) Climate change accelerates winter transmission of a zoonotic pathogen. *Ambio* 51(3):508–517
129. Bolte A, Höhl M, Hennig P et al. (2021) Zukunftsaufgabe Waldanpassung. *AFZ-DerWald* 4/2021:12–16
130. Nussbaumer A, Meusburger K, Schmitt M et al. (2020) Extreme summer heat and drought lead to early fruit abortion in European beech. *Sci Rep* 10(1):5334
131. Nationale Expertenkommission "Stechmücken als Überträger von Krankheitserregern" am Friedrich-Loeffler-Institut (2022) Integriertes Management von vektorkompetenten Stechmücken in Deutschland unter Berücksichtigung der Anwendung von Adultiziden.
https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00049699/Handlungsempfehlung_Management_inkl_Anwendung_Adultizide_o8-11-2022_bf.pdf (Stand: 16.12.2022)
132. Robert Koch-Institut (2019) Information zur Vermeidung von Hantavirus-Infektionen. Robert Koch-Institut.
https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/H/Hantavirus/Merkblatt_PDF.pdf?__blob=publicationFile (Stand: 08.12.2022)

Impressum

Journal of Health Monitoring

www.rki.de/jhealthmonit

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20
13353 Berlin

Redaktion

Abteilung für Epidemiologie und Gesundheitsmonitoring
Fachgebiet Gesundheitsberichterstattung
General-Pape-Str. 62–66
12101 Berlin
Tel.: 030-18 754-3400
E-Mail: healthmonitoring@rki.de

Verantwortlicher Redakteur

Dr. Thomas Ziese
Stellvertretung: Dr. Anke-Christine Saß

Redakteurinnen und Redakteure

Dr. Martina Groth, Johanna Gutsche, Dr. Birte Hintzpeter,
Dr. Kirsten Kelleher, Dr. Franziska Prütz, Dr. Alexander Rommel,
Dr. Livia Ryl, Dr. Anke-Christine Saß, Stefanie Seeling, Simone Stimm

Satz

WEBERSUPIRAN.berlin

Bildnachweis

Illustration auf Titel und Marginalspalte:
© elenabsl – stock.adobe.com

ISSN 2511-2708

Hinweis

Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die
Meinung des Robert Koch-Instituts wider.



Dieses Werk ist lizenziert unter einer
Creative Commons Namensnennung 4.0
International Lizenz.



**Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut im
Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit**