

Aus dem Department für Nutztiere und öffentliches Gesundheitswesen  
der Veterinärmedizinischen Universität Wien

Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie  
(LeiterIn: Univ.-Prof. Dr. Annemarie Käsbohrer)

# Statistische Prognose humaner FSME-Fälle für die Bundesländer Deutschlands

Bachelorarbeit

Veterinärmedizinische Universität Wien

vorgelegt von

Sarah Hösch

Wien, im September 2020

BetreuerIn: Ao. Univ.-Prof. Mag. Dr.rer.nat. Franz Rubel  
Priv.-Doz. Dr.rer.nat. Katharina Brugger

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>5</b>
<b>2</b>	<b>Material und Methode</b>	<b>11</b>
2.1	Demographische Entwicklung der Bevölkerung . . . . .	12
2.2	Gemeldete humane FSME-Fälle . . . . .	13
2.3	Klima-Fernwirkung . . . . .	14
2.4	Buchenfruktifikation . . . . .	15
2.5	Durchimpfung der Bevölkerung . . . . .	15
<b>3</b>	<b>Ergebnisse</b>	<b>23</b>
3.1	Deutschland . . . . .	25
3.2	Baden-Württemberg . . . . .	25
3.3	Bayern . . . . .	26
3.4	Brandenburg & Berlin . . . . .	27
3.5	Hessen . . . . .	29
3.6	Niedersachsen & Bremen . . . . .	29
3.7	Nordrhein-Westfalen . . . . .	31
3.8	Rheinland-Pfalz & Saarland . . . . .	31
3.9	Sachsen . . . . .	33
3.10	Thüringen . . . . .	33
<b>4</b>	<b>Diskussion</b>	<b>35</b>
	<b>Zusammenfassung</b>	<b>39</b>
	<b>Abstract</b>	<b>40</b>

<b>Tabellenverzeichnis</b>	<b>41</b>
<b>Abbildungsverzeichnis</b>	<b>42</b>
<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>45</b>

# Kapitel 1

## Einleitung

Die Frühsommer-Meningoenzephalities (FSME) ist eine, unter anderem in Deutschland, weit verbreitete virale Erkrankung beim Menschen. Sie wird durch das FSME-Virus ausgelöst, welches zur Gruppe der von Zecken übertragenen Flaviviren gehört. Es repräsentiert den Europäischen Subtyp des durch Zecken übertragenen Enzephalitisvirus (Dobler and Bestehorn, 2019). Trotz zunehmender Durchimpfung der Bevölkerung nehmen die FSME-Fallzahlen für Deutschland, Österreich und die Schweiz stark zu. Für das Jahr 2020 werden neue Höchstwerte an FSME-Erkrankungen erwartet (Rubel and Brugger, 2020).

Der Hauptüberträger dieses Virus in Europa ist vor allem der Gemeine Holzbock (*Ixodes ricinus*). Das FSME-Virus zirkuliert in einem natürlichen Übertragungszyklus zwischen kleinen Säugern und Zecken. Man unterscheidet 4 Entwicklungsstadien der Zecke: Ei, Larve, Nymphe und Adulte. Während jedem dieser Stadien, ausgenommen dem embryonalen Stadium, muss *I. ricinus* eine Blutnahrung zu sich nehmen, um sich weiterentwickeln zu können. Die Zecke hat eine ungefähre Lebensdauer von 4–6 Jahren, wodurch es möglich ist, die FSME-Fälle für einen Zeitraum von 2 Jahren vorherzusagen. Der Gemeine Holzbock lebt hauptsächlich in Laub- und Mischwäldern, aber auch in Nadelwäldern und nutzt bevorzugt die schützende Laubschicht am Boden (Kahl and Petney, 2019).

Die Übertragung des FSME-Virus zwischen den Zecken kann auf verschiedene Arten stattfinden. Einerseits gibt es die Übertragung durch einen infizierten Wirt. Hierbei befällt eine infizierte Zecke einen Wirt und überträgt so das Virus. Die gesunde Zecke infiziert sich dann durch die Blutnahrung vom infizierten Wirt. Zudem gibt es auch noch die Virustransmission von Zecke zu Zecke. In diesem Fall nehmen zwei Zecken zeitgleich am selben Blutgefäß des Wirts ihre Blutnah-

zung zu sich (diesen Prozess nennt man *co-feeding*). Dadurch kann, ohne dass der Wirt infiziert wird, das Virus auf die gesunde Zecke übertragen werden. Eine weitere Übertragung des Virus von Zecke zu Zecke ist die Weitergabe an Nachkommen, bzw. die Überdauerung des Virus in den verschiedenen Entwicklungsstadien (Kahl, 2019).

Die Hauptwirte von Zecken sind abhängig vom Entwicklungsstadium. Im Larven- und Nymphenstadium befällt die Zecke hauptsächlich kleinere Säuger, wie beispielsweise Igel oder Mäuse (siehe Abb. 1.1). Adulte Zecken befallen mittelgroße und große Säuger, wie zum Beispiel Hunde oder Wildtiere (siehe Abb. 1.2). Der Mensch ist zwar ökologisch gesehen ein Fehlwirt für das FSME-Virus, allerdings kommt es durch Aktivitäten im Freien immer wieder zu einer Übertragung auf den Menschen (Kahl and Petney, 2019).



Abb. 1.1: Larve von *Ixodes ricinus* im Fell des Zwergkaninchens der Autorin.

Mittlerweile gibt es zwar Impfungen gegen das Virus, allerdings wird diese in den meisten Ländern noch nicht ausreichend genutzt. Im Jahr 1971 wurde ein Projekt zur Entwicklung eines FSME-Impfstoffes vom österreichischen Virologen Christian Kunz, in Zusammenarbeit mit Jim Keppie vom *Microbiological Research Establishment* in Porton Down, England gestartet. Der entwickelte Impfstoff erzielte sehr gute Erfolge und wurde bald durch die Immuno AG Wien produziert. Bereits im Jahr 1981 wurde eine große Impfkaktion in Österreich gestartet, welche seitdem jährlich stattfindet. Im Zuge dessen kann man den Impfstoff günstiger erwerben (Kunz,

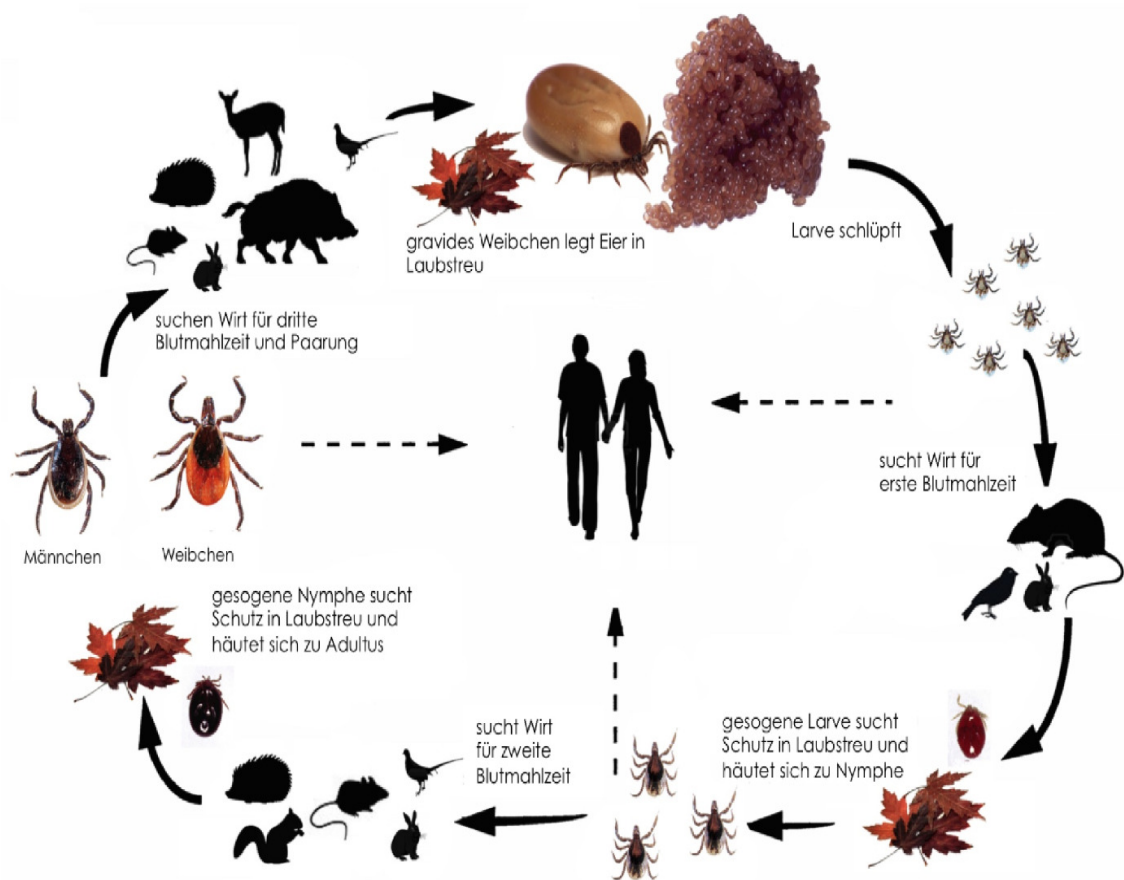


Abb. 1.2: Dreiwirtiger Lebenszyklus von *Ixodes ricinus* (Gemeiner Holzbock), des wichtigsten Vektors für das FSME-Virus in Mitteleuropa (Littwin, 2016).

2003). In Deutschland werden Impfungen für Einwohner von sogenannten Risikogebieten empfohlen. Die Risikogebiete, definiert durch das Robert Koch Institut (2020a) (abgekürzt RKI), sind in Abb. 1.3 dargestellt.

Für beruflich oder gesundheitlich gefährdete Bevölkerungsgruppen, oder Einwohner von Risikogebieten, werden die Kosten der Impfung in Deutschland durch die Krankenkasse übernommen (Krankenkassen Deutschland, 2020). Derzeit werden weltweit fünf FSME-Impfstoffe verwendet. Davon werden zwei in Europa produziert und sind auch hier zugelassen. Die anderen Impfungen basieren auf dem fernöstlichen Subtypen und sind in Europa nicht zugelassen. Unabhängig vom Impfstoff besteht die Grundimmunisierung aus 3 Impfungen in gewissen Zeitabständen, danach muss, abhängig vom Alter der Person, alle 5–10 Jahre eine Auffrischung durchgeführt werden (Schmutzhard, 2019).

## FSME-Risikogebiete in Deutschland

Basis: FSME-Erkrankungen in den Jahren 2002–2019, die dem RKI übermittelt wurden, n = 5.479;  
Stand: 16.1.2020

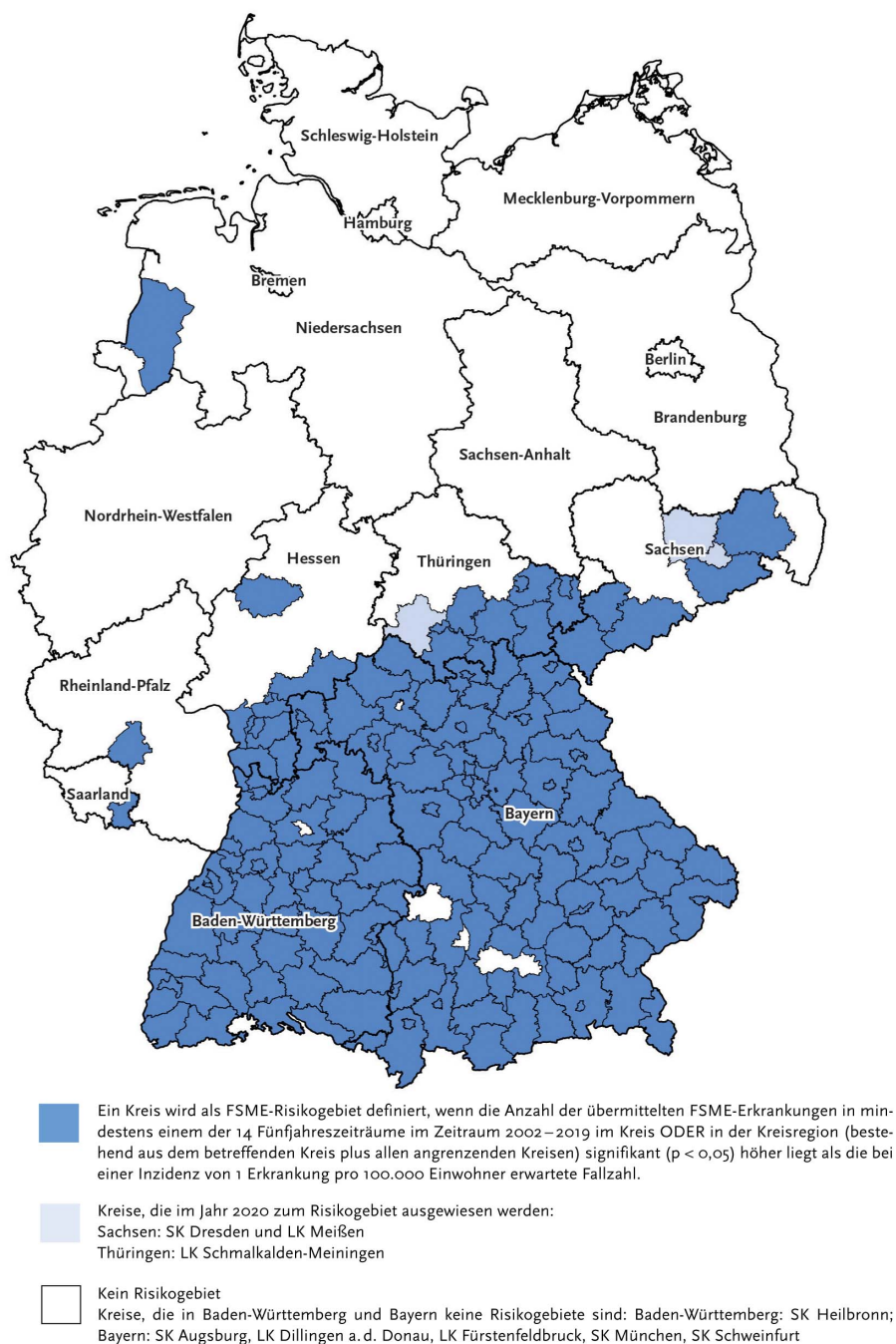


Abb. 1.3: Einteilung der Risikogebiete Deutschlands definiert durch das Robert Koch Institut (2020a).  
Stand: 14.07.2020



Ohne Impfschutz kann eine Infektion mit dem FSME-Virus zu einer schwerwiegenden Erkrankung, wie zu einer viralen Meningoenzephalitis, führen. Eine Infektion kann auch zu einer Meningitis, Enzephalitis und in seltenen Fällen zu einer Myelitis führen. Die meisten FSME-Fälle haben einen milden bis moderaten klinischen Verlauf, nur in 7–19 % der Fälle kommt es zu schwerwiegenden Krankheitsbildern. Nur etwa 1 % der Infizierten verstirbt an einer FSME-Erkrankung, wobei die Sterblichkeit häufig in Zusammenhang mit der Entwicklung einer Myelitis steht (Kaiser, 2019).

Zu Beginn jeder Zeckensaison ist es von großem öffentlichen Interesse zu erfahren, ob ein starkes Zeckenjahr mit vielen FSME-Fällen bevorsteht. Dazu wurde erstmals ein statistisches Modell entwickelt, um die humanen FSME-Fälle für die nächsten 2 Jahre vorherzusagen. Der wichtigste Parameter zur Vorhersage der FSME-Fälle ist demnach die Buchenmast (Rubel and Brugger, 2020).

Man spricht von einem Mastjahr, wenn die Bäume des Waldes viele Früchte tragen. Der Begriff stammt aus der vorindustriellen Tierhaltung, als die Schweine zur Mast in den Wald getrieben wurden. Die Buchenmast beeinflusst aber auch die Entwicklung der Wildtiere in den Wäldern. Da die Früchte der Bäume den Wildtieren und Nagern als Nahrung dienen, können sich diese in einem Jahr mit einer hohen Mast sehr gut vermehren. Aufgrund dessen gibt es mehr Wirte, die den Zecken für ihre Blutnahrung zur Verfügung stehen. Daher ist die Sterblichkeit bei Zecken wesentlich geringer und zudem können mehr Eier gelegt werden. Eine hohe Buchenmast hat somit Auswirkungen auf die Zeckenpopulationen der nächsten Jahre. Eine größere Zeckenpopulation in den nächsten Jahren führt zu einer Zunahme der humanen FSME-Fälle. Abb. 1.4 zeigt diesen Zusammenhang, der bereits für die Lyme-Borreliose in Nordamerika durch Koenig and Knops (2005) beschrieben wurde und hier für FSME adaptiert wurde.

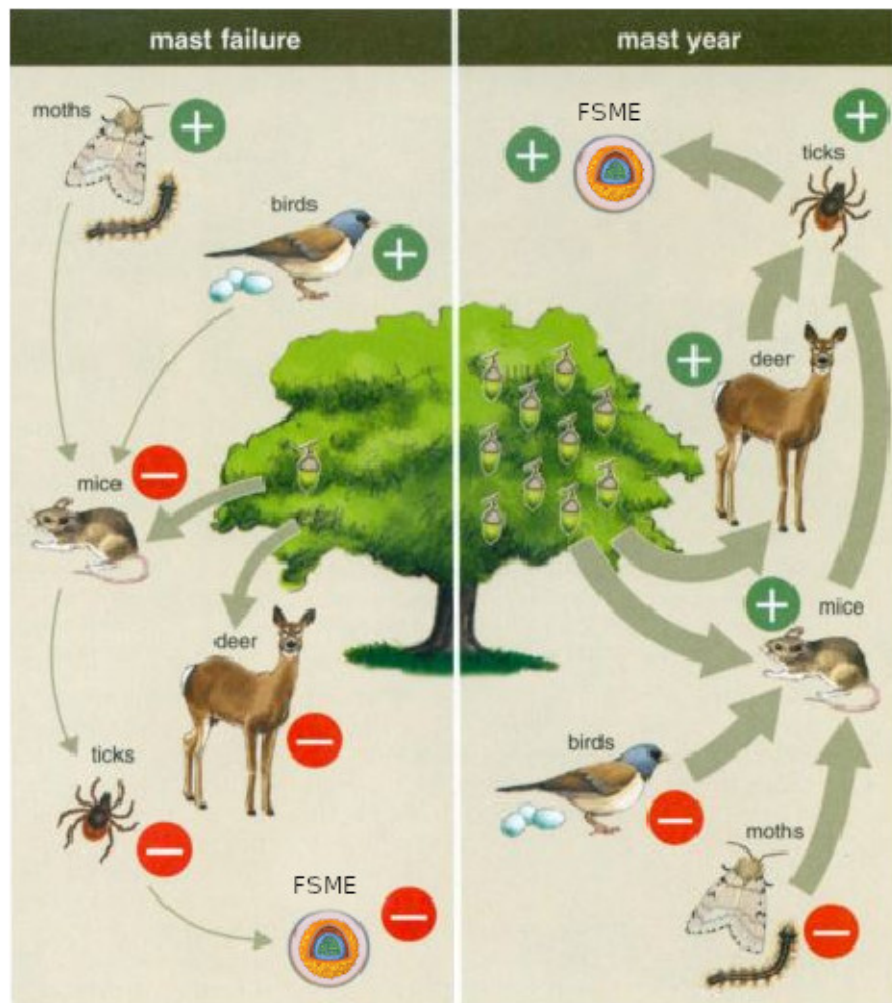


Abb. 1.4: Darstellung des Einflusses der Mastjahre auf die jeweiligen Tierarten und das Auftreten der durch Zecken übertragenen Frühsommer-Meningoenzephalitides (FSME). Adaptierung der Vorlage von Koenig and Knops (2005).

In dieser Arbeit wird das, für das gesamte Gebiet Deutschland, entwickelte FSME-Modell (Rubel and Brugger, 2020) auf die einzelnen deutschen Bundesländer angewandt. Damit soll es möglich werden, räumlich detailliertere FSME-Prognosen zu erstellen.

## Kapitel 2

# Material und Methode

Bei dem verwendeten Modell handelt es sich um ein allgemeines lineares Modell (*general linear model*). Dies ist ein verallgemeinertes Regressionsverfahren, das sowohl univariat als auch multivariat angewendet wird. Da die humanen FSME-Fälle nicht nur von einer Variablen abhängig sind, wird in dieser Arbeit ein multivariates Verfahren verwendet. Unter anderem sind die Binomial-, Gauss-, Gamma- und Poissonregression multivariate verallgemeinerte Exponentialverteilungen (Gurker, 2018).

Für dieses Modell wird die negative Binomialregression verwendet. Die Verteilungsfunktion der negativen Binomialregression wird wie folgt dargestellt. Dabei sind  $r, k \in \mathbb{N}$  und  $p$  bezeichnet die Wahrscheinlichkeit, dass ein Ereignis eintritt (Gurker, 2018).

$$F_X(x) = \sum_{k=0}^{\infty} \binom{k+r-1}{k} p^r (1-p)^k \delta(x-k), x \in \mathbb{R}$$

Dieses Modell wurde gewählt, da der Dispersionsparameter im Allgemeinen größer als 1 ist und somit eine Überdispersion vorliegt, die bei den Berechnungen berücksichtigt werden muss (Rubel et al., 2020).

$$N_{GLM} = \exp(\beta_0 + \beta_1 N_{TREND} + \beta_2 SI + \sum_{i=3}^5 \beta_i F_{year-2,i} + \beta_6 VC)$$

Zunächst müssen mithilfe dieses Modells, welches bereits bei der Berechnung und Prognose der

FSME-Fälle für Deutschland in Rubel and Brugger (2020) verwendet wurde und den vorhandenen FSME-Fallzahlen die Koeffizienten des allgemeinen linearen Modells berechnet werden, bevor damit die Prognose für die nächsten Jahre berechnet werden kann.

In dieser Arbeit werden für das Modell dieselben Parameter herangezogen, die auch schon bei der Prognose der humanen FSME-Fälle für die Länder Deutschland, Österreich und Schweiz signifikant waren. Dabei bezeichnet  $N_{TREND}$  den linearen Trend der Bevölkerung des betrachteten Bundeslandes,  $SI$  ist der transformierte *Scandinavian index* und der Parameter  $VC$  stellt die Durchimpfung der Bevölkerung dar.  $F_{year-2}$  beschreibt den Buchenmastindex 2 Jahre vor Beobachtung, welcher stellvertretend für die Laubbaumentwicklung herangezogen wurde (Rubel and Brugger, 2020). Diese Parameter beschreiben die kurz- und langfristigen Oszillationen der FSME-Fälle (Rubel et al., 2020). Dafür werden die deutschen Bundesländer betrachtet und je nach Bedarf zusammengefasst.

Das Modell wurde mithilfe der Statistiksoftware R implementiert, die kostenlos verfügbar ist. In dieser Software gibt es ein eigenes Paket *mass*, in dem alle verwendeten Funktionen inkludiert sind (R Development Core Team, 2019).

## 2.1 Demographische Entwicklung der Bevölkerung

Ein Anstieg der Bevölkerungszahlen ist direkt proportional zu einem Anstieg der humanen FSME-Fallzahlen. Aufgrund dessen muss die Veränderung der Bevölkerung in diesem Modell berücksichtigt werden. Die demographischen Parameter, die in Zusammenhang mit einer Veränderung der Bevölkerung stehen, sind die Gesamtbevölkerung, die Geburtenrate, die Sterberate und die Nettomigrationsrate (Rubel et al., 2020). In Deutschland gab es vor der Wiedervereinigung in unterschiedlichen Zeitabständen Volkszählungen, sowohl in der ehemaligen DDR, als auch im früheren Bundesgebiet. Nach der Wiedervereinigung wurde im Jahr 2011 die erste gesamtdeutsche Volkszählung durchgeführt. Seitdem sind alle zehn Jahre Volkszählungen geplant (Statistisches Bundesamt, 2020b). Bei Betrachtung der Geburten- und Sterberate fällt auf, dass diese keinen wesentlichen Einfluss auf den Bevölkerungszuwachs haben, weshalb sie im weiteren nicht für das Modell berücksichtigt werden. Wie in der Publikation von Rubel and Brugger (2020)

dargestellt, hat die Nettomigrationsrate den größten Einfluss auf die Bevölkerungsentwicklung. Da es allerdings sehr schwer ist die Nettomigrationsrate für jedes deutsche Bundesland korrekt zu rekonstruieren und diese durch den linearen Trend der Bevölkerung mitberücksichtigt wird, wird in dieser Arbeit nur die Gesamtbevölkerung im Modell als Parameter herangezogen (siehe Tab. 2.1).

Wie bereits bei der Prognose der FSME-Fallzahlen für Deutschland wird nicht die Bevölkerungszahl als Modellparameter verwendet, sondern der lineare Trend der Bevölkerungszahlen (siehe Tab. 2.2). Dies ist notwendig, da nach der Wiedervereinigung Deutschlands die Bevölkerung zeitweise abnahm, die FSME-Fallzahlen aber weiterhin zunahm. Das statistische Modell würde demnach die zunehmende Durchimpfung der Bevölkerung für den Anstieg der FSME-Fallzahlen verantwortlich machen indem es eine positive Korrelation zwischen Durchimpfung und FSME findet. Durch Verwendung des Bevölkerungstrends kann diese Scheinkorrelation vermieden werden und daher eine negative Korrelation zwischen Durchimpfung und FSME-Fallzahlen erreicht werden (Rubel and Brugger, 2020).

Die Bevölkerungszahlen der deutschen Bundesländer sind öffentlich zugänglich und können online über das Statistische Bundesamt (2020a) abgerufen werden. Da die Volkszählung in Deutschland nach der Wiedervereinigung erst 2011 durchgeführt wurde, gibt es beim Zensus 2011 eine bekannte Inhomogenität, die noch nicht durch das statistische Bundesamt korrigiert wurde (Rubel and Brugger, 2020). Dieser Sprung in den Bevölkerungszahlen ist auch bei den deutschen Bundesländern eindeutig erkennbar und stellt auch hier ein Problem für die Verwendung der Daten, zur Erstellung eines Modells dar. Durch Verwendung des linearen Trends der Bevölkerung, kann man dies vermeiden und muss die Bevölkerungszahlen nicht korrigieren. Mithilfe dieser linearen Regression kann zudem die Bevölkerung für 2020 und 2021 extrapoliert werden. Sie wird in Folge zur Prognose der FSME-Fälle verwendet.

## 2.2 Gemeldete humane FSME-Fälle

Um ein allgemeines lineares Modell erstellen zu können benötigt man die gemeldeten humanen FSME-Fälle. Seit 2001 stellt FSME eine meldepflichtige Krankheit dar und die Fallzahlen der

deutschen Bundesländer können beim Robert Koch Institut abgerufen werden (Robert Koch Institut, 2020b). Da ein längerer Zeitraum benötigt wird um ein zuverlässiges Modell erstellen zu können, sind die Fallzahlen für den Zeitraum 1991–2000 rekonstruiert worden (siehe Tab. 2.3).

Bei Betrachtung der humanen FSME-Fälle sind eindeutige Unterschiede zwischen den Bundesländern zu erkennen. Die Bundesländer, in denen die meisten Landkreise Risikogebiete sind, insbesondere Baden-Württemberg und Bayern weisen in der betrachteten Periode mit Abstand die meisten humanen FSME-Fälle auf. Zu Beginn der betrachteten Periode wurden in den Bundesländern, die derzeit auch viele Risikogebieten enthalten, Hessen, Sachsen und Thüringen nur sehr wenige FSME-Fälle verzeichnet. Erst seit einigen Jahren setzen sich diese ebenfalls deutlich von den anderen Bundesländern ab.

Die wenigsten FSME-Fälle gibt es in den nördlichen Bundesländern Deutschlands. Dies könnte auf andere klimatische Bedingungen oder andere Lebensräume zurückzuführen sein. Das wird in dieser Arbeit allerdings nicht weiter behandelt.

## 2.3 Klima-Fernwirkung

Die Fernwirkung (engl. teleconnection) des Klimas wird durch verschiedene Indizes beschrieben. In dieser Arbeit wird der *Scandinavian Index*, der die klimatischen Veränderungen über Zentraleuropa beschreibt (NOAA, 2019), verwendet. Ein höherer Wert des Index beschreibt kühlere und regnerische Sommer und niedrigere Werte beschreiben trockenere und überdurchschnittlich warme Sommer (Rubel et al., 2020). Die Klima-Fernwirkung beeinflusst die Hoch- und Tiefdruckgebiete und hat damit Auswirkungen auf klimatische Veränderungen (siehe Tab. 2.4).

Im Zuge dessen spielt auch die jährliche Sonnenscheindauer eine wesentliche Rolle für die humanen FSME-Fälle, da es an wärmeren Tagen zu mehr Aktivitäten im Freien und in weiterer Folge auch zu mehr FSME-Erkrankungen kommt (Rubel et al., 2020).

## 2.4 Buchenfruktifikation

Wie in der Einleitung kurz angemerkt, leistet die Buchenmast bzw. die Buchenfruktifikation den wichtigsten Beitrag zum Auftreten humaner FSME-Fälle. Der Hauptüberträger von FSME *Ixodes ricinus*, hat seinen Hauptlebensraum in Misch- und Laubwäldern. In Deutschland ist die Buche weit verbreitet und daher stellvertretend für die Wälder heranzuziehen. Abhängig von verschiedenen Faktoren, unter anderem dem Klima, wird die Intensität beeinflusst mit der Bäume fruchten. Zur Beschreibung der Blüte und des Fruchten wird eine vierteilige Skala verwendet. (0) Fehlernte, (1) geringe Erntemöglichkeiten (2) gute Erntemöglichkeiten und (3) Vollernte. Diese Fruktifikation der Bäume ist ausschlaggebend für die Intensität der Buchenmast (Konnert et al., 2016) und damit, wie bereits in Kapitel 1 beschrieben, auch für die Zeckenpopulation. Denn durch die Entwicklung von größeren Wirtspopulationen in den nächsten Jahren und dadurch größere Zeckenpopulationen durch geringere Sterblichkeit, muss auch dieser Parameter im Modell berücksichtigt werden. Da diese Entwicklungen allerdings keine direkten Auswirkungen auf das jeweilige Jahr haben, sondern erst die Zeckenpopulation 2 Jahre später beeinflussen, muss im Modell der Fruktifikationsindex 2 Jahren zuvor betrachtet werden (siehe Tab. 2.4).

## 2.5 Durchimpfung der Bevölkerung

Die Durchimpfung der Bevölkerung spielt eine wesentliche Rolle bei der Prävention von FSME-Erkrankungen. Folglich führt eine hohe Durchimpfung zu einer Reduktion der FSME-Fallzahlen. Die ersten nennenswerten FSME-Impfungen in Deutschland wurden im Jahr 1989 durchgeführt. Allerdings gibt es in Deutschland keine offiziellen Impfdaten, wie beispielsweise in Österreich. Es gibt lediglich Aufzeichnungen über die verkauften Impfdosen (Roggendorf et al., 1995) und die geschätzte Durchimpfung für den Zeitraum 2005–2012 (Reichert et al., 2013). Damit wurde eine vollständige Zeitreihe der Durchimpfung der deutschen Bevölkerung erstellt (Rubel and Brugger, 2020). Darauf basierend wurde die Durchimpfung für die jeweiligen Bundesländer anteilmäßig berechnet (siehe Abb. 2.1 und Tab. 2.5), was allerdings nur als grobe Schätzung anzusehen ist.

Wie in Abb. 2.1 dargestellt, ist das Impfverhalten in den deutschen Bundesländern sehr unterschiedlich. Während in den Bundesländern, wo nahezu alle Landkreise Risikogebiete sind, Bayern und Baden-Württemberg, die Durchimpfung sehr hoch ist und im Jahr 2019 bereits mehr als

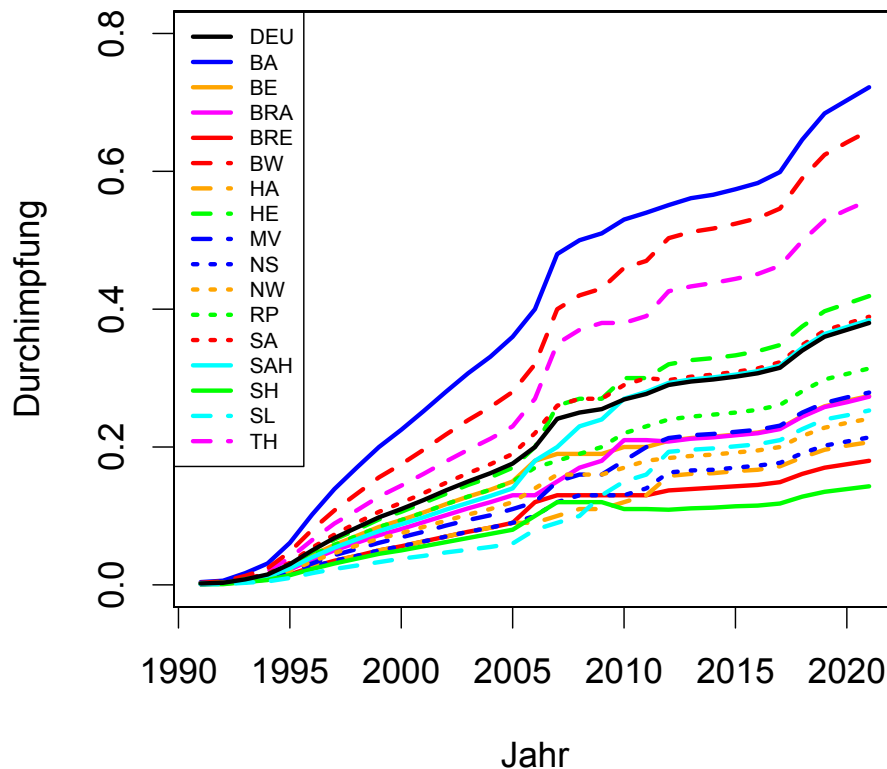


Abb. 2.1: Durchimpfung der Bevölkerung. Vergleich der Bundesländer mit Gesamtdeutschland für den Zeitraum 1991–2020. DEU..Deutschland, BW..Baden-Württemberg, BA..Bayern, BE..Berlin, BRA..Brandenburg, BRE..Bremen, HA..Hamburg, HE..Hessen, MV..Mecklenburg-Vorpommern, NS..Niedersachsen, NW..Nordrhein-Westfalen, RP..Rheinland-Pfalz, SL..Saarland, SA..Sachsen, SAH..Sachsen-Anhalt, SH..Schleswig-Holstein, TH..Thüringen

60 % der Einwohner geimpft waren, liegen Schleswig-Holstein und Bremen mit weniger als 20 % im Jahr 2019 wesentlich unter dem deutschen Durchschnitt.

Allgemein liegen nur Bayern, Baden-Württemberg, Thüringen, Sachsen dauerhaft und Hessen seit 2006 über dem deutschen Durchschnitt. Dies sind laut Abb. 1.3 jene Bundesländer, deren Landkreise durch das RKI als FSME-Risikogebiete definiert sind. Die verhältnismäßig hohen Durchimpfungen sind darauf zurückzuführen, dass in diesen Gebieten die Kosten für die FSME-Impfung durch die Krankenkassen übernommen werden (siehe Kapitel 1). Auch in Sachsen-Anhalt steigt die Durchimpfung seit einigen Jahren. Dies könnte darauf beruhen, dass Sachsen-Anhalt sowohl



an Risikogebiete in Thüringen als auch in Sachsen grenzt und somit viele Berufspendler, die in Risikogebieten arbeiten, ihren Wohnsitz in Sachsen-Anhalt haben. Auch für beruflich gefährdete Personen werden die Kosten der Impfung von der Krankenkasse übernommen. Trotz mehrheitlich niedriger Durchimpfung ist für nahezu jedes Bundesland ein positiver Trend zu erkennen. Im betrachteten Zeitraum steigt die Durchimpfung der Bevölkerung in jedem Bundesland kontinuierlich an. Besonders im Jahr 2006 gab es in vielen Bundesländern einen wesentlichen Anstieg der geimpften Personen, was auf eine Impfkampagne in diesem Jahr zurückzuführen ist.

Jahr	DEU	BW	BA	BE	BRA	BRE	HA	HE	MV	NS	NW	RP	SL	SA	SAH	SH	TH
1991	80.275	10.002	11.596	3.446	2.543	0.684	1.669	5.837	1.892	7.476	17.510	3.821	1.077	4.679	2.823	2.649	2.572
1992	80.975	10.149	11.770	3.466	2.543	0.686	1.689	5.923	1.865	7.578	17.679	3.881	1.084	4.641	2.797	2.680	2.546
1993	81.338	10.234	11.863	3.475	2.538	0.683	1.703	5.967	1.843	7.648	17.759	3.926	1.085	4.608	2.778	2.695	2.533
1994	81.539	10.272	11.922	3.472	2.537	0.680	1.706	5.981	1.832	7.715	17.816	3.952	1.084	4.584	2.759	2.708	2.518
1995	81.817	10.319	11.993	3.471	2.542	0.680	1.708	6.010	1.823	7.780	17.893	3.978	1.084	4.567	2.739	2.725	2.504
1996	82.012	10.375	12.044	3.459	2.554	0.678	1.708	6.027	1.817	7.815	17.948	4.001	1.084	4.546	2.724	2.742	2.491
1997	82.057	10.397	12.066	3.426	2.573	0.674	1.705	6.032	1.808	7.845	17.974	4.018	1.081	4.522	2.702	2.756	2.478
1998	82.037	10.426	12.087	3.399	2.590	0.668	1.700	6.035	1.799	7.866	17.976	4.025	1.074	4.489	2.674	2.766	2.463
1999	82.163	10.476	12.155	3.387	2.601	0.663	1.705	6.052	1.789	7.899	18.000	4.031	1.072	4.460	2.649	2.777	2.449
2000	82.260	10.524	12.230	3.382	2.602	0.660	1.715	6.068	1.776	7.926	18.010	4.035	1.069	4.426	2.615	2.790	2.431
2001	82.440	10.601	12.330	3.388	2.593	0.660	1.726	6.078	1.760	7.956	18.052	4.049	1.066	4.384	2.581	2.804	2.411
2002	82.537	10.661	12.387	3.392	2.582	0.662	1.729	6.092	1.745	7.980	18.076	4.058	1.065	4.349	2.549	2.817	2.392
2003	82.532	10.693	12.423	3.388	2.575	0.663	1.734	6.089	1.732	7.993	18.080	4.059	1.061	4.321	2.523	2.823	2.373
2004	82.501	10.717	12.444	3.388	2.568	0.663	1.735	6.098	1.720	8.001	18.075	4.061	1.056	4.296	2.494	2.829	2.355
2005	82.438	10.736	12.469	3.395	2.559	0.663	1.744	6.092	1.707	7.994	18.058	4.059	1.050	4.274	2.470	2.833	2.335
2006	82.315	10.739	12.493	3.404	2.548	0.664	1.754	6.075	1.694	7.983	18.029	4.053	1.043	4.250	2.442	2.834	2.311
2007	82.218	10.750	12.520	3.416	2.536	0.663	1.771	6.073	1.680	7.972	17.997	4.046	1.037	4.220	2.412	2.837	2.289
2008	82.002	10.750	12.520	3.432	2.522	0.662	1.772	6.065	1.664	7.947	17.933	4.028	1.030	4.193	2.382	2.834	2.268
2009	81.802	10.745	12.510	3.443	2.512	0.662	1.774	6.062	1.651	7.929	17.873	4.013	1.023	4.169	2.356	2.832	2.250
2010	81.752	10.754	12.539	3.461	2.503	0.661	1.786	6.067	1.642	7.918	17.845	4.004	1.018	4.149	2.335	2.834	2.235
2011	80.328	10.512	12.443	3.326	2.453	0.652	1.718	5.994	1.607	7.774	17.545	3.990	0.998	4.054	2.277	2.802	2.182
2012	80.524	10.569	12.520	3.375	2.450	0.655	1.734	6.016	1.600	7.779	17.554	3.990	0.994	4.050	2.259	2.807	2.170
2013	80.767	10.631	12.604	3.422	2.449	0.657	1.746	6.045	1.597	7.791	17.572	3.994	0.991	4.046	2.245	2.816	2.161
2014	81.198	10.717	12.692	3.470	2.458	0.662	1.763	6.094	1.599	7.827	17.638	4.012	0.989	4.055	2.236	2.831	2.157
2015	82.176	10.880	12.844	3.520	2.485	0.671	1.787	6.176	1.612	7.927	17.866	4.053	0.996	4.085	2.245	2.859	2.171
2016	82.522	10.952	12.931	3.575	2.495	0.679	1.810	6.213	1.611	7.946	17.890	4.066	0.997	4.082	2.236	2.882	2.158
2017	82.792	11.023	12.997	3.613	2.504	0.681	1.831	6.243	1.611	7.963	17.912	4.074	0.994	4.081	2.223	2.890	2.151
2018	83.019	11.070	13.077	3.645	2.512	0.683	1.841	6.266	1.610	7.982	17.933	4.085	0.991	4.078	2.208	2.897	2.143
2019	83.167	11.100	13.125	3.669	2.522	0.681	1.847	6.288	1.608	7.994	17.947	4.094	0.987	4.072	2.195	2.904	2.133

Tab. 2.1: Einwohner Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer in Millionen für den Zeitraum 1991–2019 (Statistisches Bundesamt, 2020a). DEU..Deutschland, BW..Baden-Württemberg, BA..Bayern, BE..Berlin, BRA..Brandenburg, BRE..Bremen, HA..Hamburg, HE..Hessen, MV..Mecklenburg-Vorpommern, NS..Niedersachsen, NW..Nordrhein-Westfalen, RP..Rheinland-Pfalz, SL..Saarland, SA..Sachsen, SAH..Sachsen-Anhalt, SH..Schleswig-Holstein, TH..Thüringen

Jahr	DEU	BW	BA	BE	BRA	BRE	HA	HE	MV	NS	NW	RP	SL	SA	SAH	SH	TH
1991	81.555	10.211	11.783	3.390	2.580	0.673	1.676	5.945	1.867	7.744	17.892	3.953	1.100	52.841	2.825	2.705	2.570
1992	81.580	10.240	11.827	3.395	2.577	0.673	1.681	5.954	1.856	7.753	17.891	3.957	1.095	52.841	2.800	2.712	2.553
1993	81.606	10.268	11.871	3.399	2.574	0.673	1.686	5.963	1.845	7.762	17.890	3.962	1.091	52.841	2.775	2.719	2.536
1994	81.632	10.297	11.915	3.404	2.570	0.672	1.691	5.972	1.834	7.771	17.889	3.966	1.087	52.841	2.751	2.726	2.519
1995	81.657	10.326	11.960	3.408	2.567	0.672	1.696	5.981	1.823	7.780	17.888	3.971	1.083	52.841	2.726	2.733	2.502
1996	81.683	10.354	12.004	3.412	2.563	0.672	1.700	5.990	1.812	7.789	17.887	3.976	1.078	52.841	2.701	2.740	2.485
1997	81.709	10.383	12.048	3.417	2.560	0.671	1.705	5.999	1.801	7.798	17.886	3.980	1.074	52.841	2.677	2.747	2.468
1998	81.734	10.412	12.092	3.421	2.556	0.671	1.710	6.008	1.790	7.807	17.885	3.985	1.070	52.841	2.652	2.754	2.451
1999	81.760	10.440	12.136	3.426	2.553	0.671	1.715	6.017	1.779	7.816	17.884	3.989	1.066	52.841	2.627	2.761	2.434
2000	81.786	10.469	12.180	3.430	2.550	0.670	1.720	6.026	1.768	7.825	17.883	3.994	1.061	52.841	2.603	2.768	2.417
2001	81.811	10.498	12.224	3.435	2.546	0.670	1.725	6.035	1.757	7.834	17.882	3.998	1.057	52.841	2.578	2.775	2.400
2002	81.837	10.526	12.268	3.439	2.543	0.670	1.730	6.044	1.747	7.843	17.881	4.003	1.053	52.841	2.553	2.781	2.383
2003	81.863	10.555	12.312	3.444	2.539	0.670	1.734	6.053	1.736	7.852	17.880	4.007	1.049	52.841	2.529	2.788	2.366
2004	81.888	10.584	12.356	3.448	2.536	0.669	1.739	6.062	1.725	7.861	17.879	4.012	1.045	52.841	2.504	2.795	2.349
2005	81.914	10.612	12.400	3.453	2.532	0.669	1.744	6.071	1.714	7.870	17.878	4.017	1.040	52.841	2.479	2.802	2.331
2006	81.940	10.641	12.444	3.457	2.529	0.669	1.749	6.080	1.703	7.879	17.877	4.021	1.036	52.841	2.455	2.809	2.314
2007	81.966	10.670	12.488	3.462	2.526	0.668	1.754	6.090	1.692	7.888	17.876	4.026	1.032	52.841	2.430	2.816	2.297
2008	81.991	10.698	12.532	3.466	2.522	0.668	1.759	6.099	1.681	7.897	17.875	4.030	1.028	52.841	2.406	2.823	2.280
2009	82.017	10.727	12.576	3.471	2.519	0.668	1.764	6.108	1.670	7.906	17.874	4.035	1.023	52.841	2.381	2.830	2.263
2010	82.043	10.756	12.620	3.475	2.515	0.667	1.769	6.117	1.659	7.915	17.873	4.039	1.019	52.841	2.356	2.837	2.246
2011	82.068	10.784	12.664	3.480	2.512	0.667	1.773	6.126	1.648	7.924	17.872	4.044	1.015	52.841	2.332	2.844	2.229
2012	82.094	10.813	12.708	3.484	2.508	0.667	1.778	6.135	1.637	7.933	17.871	4.048	1.011	52.841	2.307	2.851	2.212
2013	82.120	10.842	12.752	3.488	2.505	0.667	1.783	6.144	1.626	7.942	17.870	4.053	1.006	52.841	2.282	2.858	2.195
2014	82.145	10.870	12.796	3.493	2.502	0.666	1.788	6.153	1.615	7.951	17.869	4.058	1.002	52.841	2.258	2.865	2.178
2015	82.171	10.899	12.840	3.497	2.498	0.666	1.793	6.162	1.604	7.960	17.868	4.062	0.998	52.841	2.233	2.872	2.161
2016	82.197	10.928	12.884	3.502	2.495	0.666	1.798	6.171	1.593	7.969	17.867	4.067	0.994	52.841	2.208	2.879	2.144
2017	82.222	10.956	12.928	3.506	2.491	0.665	1.803	6.180	1.582	7.978	17.866	4.071	0.990	52.841	2.184	2.886	2.127
2018	82.248	10.985	12.972	3.511	2.488	0.665	1.807	6.189	1.571	7.987	17.865	4.076	0.985	52.841	2.159	2.893	2.110
2019	82.274	11.014	13.016	3.515	2.484	0.665	1.812	6.198	1.560	7.996	17.864	4.080	0.981	52.841	2.134	2.900	2.092
2020	82.300	11.042	13.060	3.520	2.481	0.664	1.817	6.207	1.549	8.005	17.863	4.085	0.977	52.841	2.110	2.907	2.075
2021	82.325	11.071	13.104	3.524	2.478	0.664	1.822	6.216	1.538	8.014	17.862	4.089	0.973	52.841	2.085	2.914	2.058

Tab. 2.2: Linearer Trend der Einwohner Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer in Millionen für den Zeitraum 1991–2019 und extrapoliert für den Zeitraum 2020–2021. Abkürzungen siehe Tab. 2.1.

Jahr	DEU	BW	BA	BE	BRA	BRE	HA	HE	MV	NS	NW	RP	SL	SA	SAH	SH	TH
1991	44	34	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1992	144	120	22	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1993	119	87	31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1994	296	239	51	0	0	0	0	3	0	0	0	0	1	0	0	0	2
1995	230	152	71	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1996	109	61	42	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	2	0	0	0
1997	172	129	35	0	0	0	0	5	0	0	0	2	0	0	0	0	1
1998	143	106	29	0	0	0	0	4	0	0	0	1	0	2	0	0	1
1999	76	54	13	0	0	0	0	4	0	0	0	3	0	1	0	0	1
2000	150	74	66	0	0	0	0	7	0	0	0	3	0	0	0	0	0
2001	255	115	111	3	0	0	0	11	0	2	5	1	1	1	2	0	3
2002	239	115	80	1	2	0	0	13	0	3	6	3	2	5	1	0	8
2003	277	117	106	2	0	0	0	24	1	3	4	7	0	3	1	1	8
2004	275	130	102	2	2	0	0	23	2	1	1	2	0	5	2	1	2
2005	432	165	212	1	2	0	1	28	2	2	1	3	2	5	0	3	5
2006	546	281	188	3	5	0	0	51	1	0	6	4	0	4	0	1	2
2007	239	96	110	1	2	0	0	13	1	2	4	3	0	2	1	0	4
2008	289	130	128	1	0	0	0	12	1	4	2	5	3	1	0	0	2
2009	313	145	131	0	1	0	1	16	0	3	2	3	1	4	0	0	6
2010	260	118	104	3	0	0	2	10	1	1	5	4	0	6	1	2	3
2011	424	201	178	4	1	0	1	16	2	6	3	4	1	5	1	0	1
2012	195	72	90	1	1	0	0	13	0	4	3	5	0	4	1	1	0
2013	420	177	176	4	4	1	2	22	0	2	7	7	2	8	1	1	6
2014	263	94	122	3	1	0	0	18	0	1	3	2	0	15	0	1	3
2015	221	62	128	0	0	0	0	12	1	2	7	3	0	5	0	0	1
2016	353	126	159	2	2	0	1	19	1	12	4	5	2	10	1	1	8
2017	486	181	234	4	3	0	1	20	1	5	3	0	0	21	3	2	8
2018	583	272	224	2	4	0	1	25	0	8	13	6	2	12	1	1	12
2019	445	157	202	0	4	0	0	20	1	11	7	1	1	27	5	1	8

Tab. 2.3: Gemeldete FSME-Fälle Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer im Zeitraum 1991–2019 (Robert Koch Institut, 2020b).

Jahr	DEU	Jahr	DEU
1991	0.728	1991	2
1992	0.759	1992	2
1993	0.815	1993	1
1994	0.859	1994	3
1995	0.848	1995	0
1996	0.899	1996	1
1997	0.767	1997	3
1998	0.704	1998	0
1999	0.732	1999	0
2000	0.695	2000	1
2001	0.783	2001	1
2002	0.871	2002	0
2003	0.873	2003	1
2004	0.840	2004	1
2005	0.862	2005	1
2006	0.872	2006	2
2007	0.827	2007	0
2008	0.837	2008	2
2009	0.835	2009	1
2010	0.837	2010	0
2011	0.889	2011	3
2012	0.885	2012	0
2013	0.880	2013	3
2014	0.892	2014	0
2015	0.828	2015	1
2016	0.807	2016	1
2017	0.772	2017	0
2018	0.747	2018	3
2019	0.789	2019	1
2020	0.788	2020	3
2021	0.783	2021	1

(a)

(b)

Tab. 2.4: (a) *Scandinavian Index* (NOAA, 2019) transformiert nach Rubel and Brugger (2020) für den Beobachtungszeitraum 1991–2019 und extrapoliert für den Zeitraum 2020–2021. (b) Buchenmastindex vor 2 Jahren nach Konnert et al. (2016) für den Beobachtungszeitraum 1991–2019. Der Buchenmastindex vor 2 Jahren für den Prognosezeitraum 2020–2021 ist bekannt.

Jahr	DEU	BW	BA	BE	BRA	BRE	HA	HE	MV	NS	NW	RP	SL	SA	SAH	SH	TH
1991	0.002	0.003	0.004	0.002	0.001	0.001	0.001	0.002	0.001	0.001	0.001	0.002	0.001	0.002	0.002	0.001	0.003
1992	0.003	0.005	0.006	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.001	0.003	0.002	0.001	0.004
1993	0.008	0.013	0.017	0.007	0.006	0.004	0.004	0.008	0.005	0.004	0.006	0.007	0.003	0.009	0.007	0.004	0.011
1994	0.015	0.024	0.031	0.013	0.011	0.008	0.008	0.014	0.009	0.008	0.010	0.013	0.005	0.016	0.012	0.007	0.020
1995	0.030	0.048	0.061	0.026	0.022	0.015	0.015	0.029	0.019	0.015	0.020	0.026	0.010	0.032	0.024	0.014	0.039
1996	0.050	0.080	0.102	0.043	0.037	0.026	0.026	0.048	0.031	0.026	0.034	0.043	0.017	0.054	0.040	0.023	0.065
1997	0.068	0.108	0.139	0.058	0.050	0.035	0.035	0.066	0.043	0.035	0.046	0.058	0.023	0.073	0.054	0.031	0.089
1998	0.083	0.132	0.170	0.071	0.061	0.042	0.042	0.080	0.052	0.042	0.057	0.071	0.028	0.090	0.066	0.038	0.108
1999	0.098	0.156	0.200	0.084	0.072	0.050	0.050	0.095	0.061	0.050	0.067	0.084	0.033	0.106	0.078	0.045	0.128
2000	0.110	0.175	0.225	0.094	0.081	0.056	0.056	0.106	0.069	0.056	0.075	0.094	0.038	0.119	0.088	0.050	0.144
2001	0.123	0.196	0.252	0.105	0.091	0.063	0.063	0.119	0.077	0.063	0.084	0.105	0.042	0.133	0.098	0.056	0.161
2002	0.137	0.218	0.280	0.117	0.101	0.070	0.070	0.132	0.086	0.070	0.093	0.117	0.047	0.148	0.109	0.062	0.179
2003	0.150	0.239	0.307	0.128	0.111	0.077	0.077	0.145	0.094	0.077	0.102	0.128	0.051	0.162	0.119	0.068	0.196
2004	0.162	0.258	0.331	0.138	0.120	0.083	0.083	0.156	0.101	0.083	0.110	0.138	0.055	0.175	0.129	0.074	0.212
2005	0.176	0.280	0.360	0.150	0.130	0.090	0.090	0.170	0.110	0.090	0.120	0.150	0.060	0.190	0.140	0.080	0.230
2006	0.200	0.320	0.400	0.180	0.130	0.120	0.090	0.200	0.120	0.100	0.140	0.170	0.080	0.220	0.180	0.100	0.270
2007	0.241	0.400	0.480	0.190	0.150	0.130	0.100	0.260	0.150	0.120	0.160	0.180	0.090	0.260	0.200	0.120	0.350
2008	0.250	0.420	0.500	0.190	0.170	0.130	0.110	0.270	0.160	0.130	0.160	0.190	0.100	0.270	0.230	0.120	0.370
2009	0.255	0.430	0.510	0.190	0.180	0.130	0.110	0.270	0.160	0.130	0.160	0.200	0.130	0.270	0.240	0.120	0.380
2010	0.269	0.460	0.530	0.200	0.210	0.130	0.120	0.300	0.180	0.130	0.170	0.220	0.150	0.290	0.270	0.110	0.380
2011	0.277	0.470	0.540	0.200	0.210	0.130	0.130	0.300	0.200	0.140	0.180	0.230	0.160	0.300	0.280	0.110	0.390
2012	0.290	0.503	0.551	0.209	0.208	0.137	0.158	0.320	0.213	0.163	0.184	0.240	0.193	0.297	0.293	0.109	0.426
2013	0.295	0.512	0.561	0.213	0.212	0.139	0.161	0.326	0.217	0.166	0.187	0.244	0.196	0.302	0.298	0.111	0.433
2014	0.298	0.517	0.566	0.215	0.214	0.141	0.162	0.329	0.219	0.167	0.189	0.247	0.198	0.305	0.301	0.112	0.438
2015	0.302	0.524	0.574	0.218	0.217	0.143	0.165	0.333	0.222	0.170	0.192	0.250	0.201	0.309	0.305	0.114	0.444
2016	0.307	0.532	0.583	0.221	0.220	0.145	0.167	0.339	0.225	0.173	0.195	0.254	0.204	0.314	0.310	0.115	0.451
2017	0.315	0.546	0.599	0.227	0.226	0.149	0.172	0.348	0.231	0.177	0.200	0.261	0.210	0.323	0.318	0.118	0.463
2018	0.340	0.590	0.646	0.245	0.244	0.161	0.185	0.375	0.250	0.191	0.216	0.281	0.226	0.348	0.344	0.128	0.499
2019	0.360	0.624	0.684	0.259	0.258	0.170	0.196	0.397	0.264	0.202	0.228	0.298	0.240	0.369	0.364	0.135	0.529
2020	0.370	0.642	0.703	0.267	0.265	0.175	0.202	0.408	0.272	0.208	0.235	0.306	0.246	0.379	0.374	0.139	0.544
2021	0.380	0.659	0.722	0.274	0.273	0.180	0.207	0.419	0.279	0.214	0.241	0.314	0.253	0.389	0.384	0.143	0.558

Tab. 2.5: Durchimpfung der Bevölkerung Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer im Zeitraum 2005–2012 publiziert von Reichert et al. (2013) und für den Zeitraum 1991–2021 rekonstruiert von Rubel et al. (2020).

## Kapitel 3

# Ergebnisse

Das beschriebene Modell wurde in R (R Development Core Team, 2019) programmiert und mit den FSME-Fallzahlen der Periode 1991–2019 kalibriert. Danach wurde eine Prognose für die Jahre 2020 und 2021 erstellt. Ähnlich wie in Rubel and Brugger (2020) konnte das Modell mit den in Kapitel 2 beschriebenen Parametern auf nahezu alle Bundesländer angewendet werden.

Um mit dem Modell signifikante Ergebnisse erzielen zu können, muss allerdings eine hinreichend große Stichprobe an FSME-Fallzahlen vorliegen. Da dies nicht für alle Bundesländer gegeben ist, wurden einige Bundesländer zusammengefasst. Darüber hinaus waren die jährlichen FSME-Fälle der nördlichen Bundesländer Hamburg, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern zu gering, um aussagekräftige Ergebnisse zu erzielen. Aus denselben Gründen konnte auch für Sachsen-Anhalt kein Ergebnis erzielt werden.

Zur Verifikation der Modellkalibrierung werden die erklärte Varianz  $R^2$  und die Wurzel aus dem mittleren quadratischen Fehler RMSE (*root mean squared error*) verwendet. Diese Verifikationsmaße geben an, wie gut das Modell die FSME-Fälle der jeweiligen Bundesländer beschreiben kann. Die Varianz des Modells wird unter anderem durch die Wahl der Prädiktoren beeinflusst. Aus diesem Grund müssen die herangezogenen Variablen für jedes Modell angepasst werden. In dieser Arbeit wurde die Auswahl der Prädiktoren von Rubel et al. (2020) übernommen, da hier eine ausführliche Studie zu den passenden Variablen für ein deutschlandweites Modell durchgeführt wurde. In diesem Fall gibt es vier verschiedene Haupteinflussfaktoren auf die FSME-Ausbreitung. Einerseits die Bevölkerungsgröße und damit potentiellen Krankheitsempfänger, die natürlich auch durch Impfungen beeinflusst werden, weshalb auch dieser Parameter berücksichtigt werden muss. Andererseits die klimatischen Umstände, die einen direkten Einfluss auf den

Lebensraum und damit auch den Krankheitsüberträger *Ixodes ricinus* haben (Rubel et al., 2020). Zusätzlich werden Streudiagramme der beobachteten vs. modellierten FSME-Fallzahlen erstellt. Sie zeigen auch die Regressionsgerade und den Korrelationskoeffizienten  $R$  mit dem zugehörigen  $p$ -Wert. Das Signifikanzniveau (der  $p$ -Wert) hängt ausschließlich von der Stichprobengröße  $n$  ab. Liegt für jedes Jahr der Periode 1991–2019 ein FSME-Wert vor, dann ist  $n=29$  und alle Korrelationskoeffizienten  $R > 0,367$  sind mit  $p < 0,05$  signifikant.



### 3.1 Deutschland

Um die Aussagekräftigkeit der Ergebnisse zu verifizieren, wurde das Modell zunächst auf das gesamte Gebiet Deutschland angewendet. Da in dieser Arbeit der Parameter der Nettomigration nicht berücksichtigt wurde weichen die Ergebnisse, wie erwartet, leicht von jenen in Rubel and Brugger (2020) ab. Wie in Abb. 3.1 dargestellt, erklärt das Modell 62 % der Varianz der FSME-Fälle und der mittlere Fehler beträgt  $RMSE=86$  Fälle. Damit ist das Bestimmtheitsmaß (die erklärte Varianz) für dieses Modell etwas schlechter als 84 %, die in Rubel and Brugger (2020) erreicht wurden. Die erzielten Ergebnisse entsprechen aber immer noch den Erwartungen und liegen in einem guten Bereich. Für das Jahr 2020 konnten 618 und im Jahr 2021 weitere 499 FSME-Fälle prognostiziert werden. Damit stimmt die Prognose für das Jahr 2020 mit der bereits bekannten Prognose, unter Berücksichtigung der Standardabweichung, von Rubel and Brugger (2020) überein.

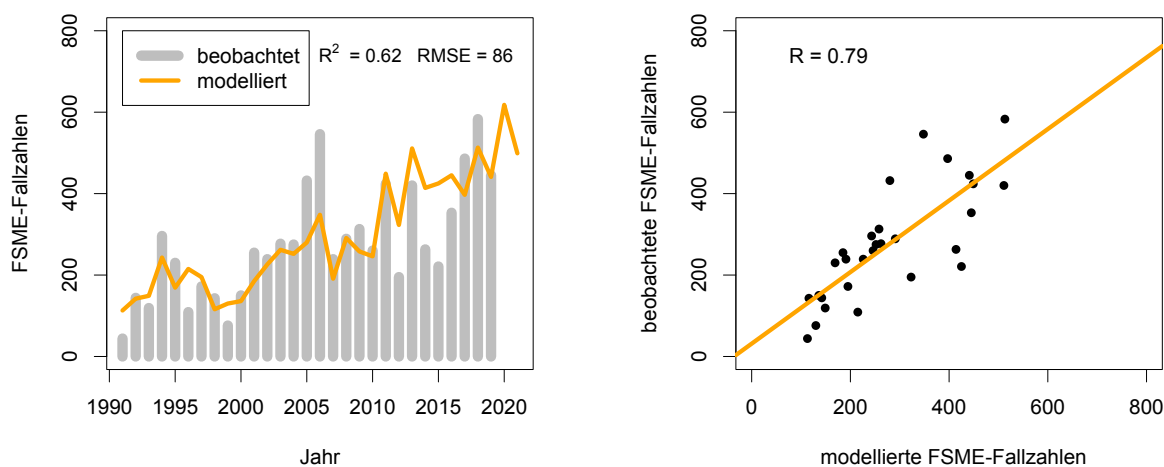


Abb. 3.1: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Deutschland des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und ein Korrelationskoeffizient von  $R=0,79$  ( $p<0,05$ ).

### 3.2 Baden-Württemberg

In Baden-Württemberg sind nahezu alle Landkreise FSME-Risikogebiete (Robert Koch Institut, 2020a). Dazu weist das Bundesland jährlich mitunter die meisten humanen FSME-Fälle

Deutschlands auf. Deshalb ist die zuverlässige Prognose des Modells hier von besonderer Bedeutung. Teilweise schwankt der Verlauf der FSME-Fallzahlen im betrachteten Zeitraum wesentlich. Im Jahr 2006 erreichten die FSME-Fälle ihr bisheriges Maximum. Dies könnte auf ein warmes Frühjahr und dementsprechend viele Freiluftaktivitäten der Bevölkerung zurückzuführen sein. Das Modell liefert, mit einem Bestimmtheitsmaß von 64 % und einem durchschnittlichen Fehler von  $RMSE=36$  FSME-Fällen, ein gutes Ergebnis. Zwischen den gemeldeten und den modellierten FSME-Fällen wurde ein Korrelationskoeffizient von  $R=0,80$  berechnet. Damit erzielt dieses Bundesland eines der besten Ergebnisse (siehe Abb. 3.2). Im Jahr 2020 werden 265 FSME-Fälle erwartet und im Jahr 2021 prognostiziert das Modell 151 FSME-Fälle. Somit würde es zunächst zu einem Anstieg der FSME-Fälle im Jahr 2020 kommen, bevor diese wieder einen verhältnismäßig durchschnittlichen Wert erreichen. Der Verlauf dieser Prognose stimmt auch mit den Erkenntnissen für das gesamte Gebiet Deutschland überein.

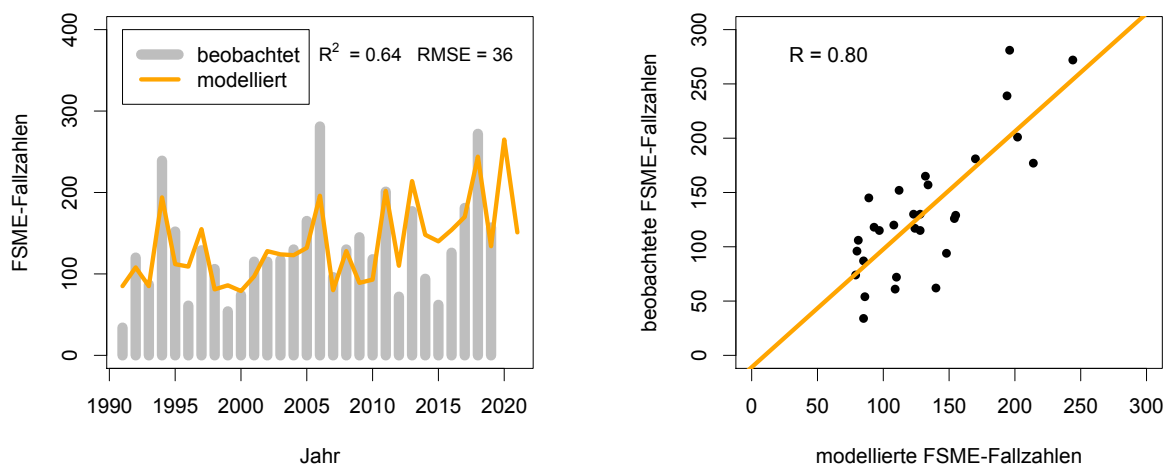


Abb. 3.2: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Baden-Württemberg des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und ein Korrelationskoeffizient von  $R=0,80$  ( $p<0,05$ ).

### 3.3 Bayern

In Bayern sind ebenfalls nahezu alle Landkreise als FSME-Risikogebiete eingestuft (Robert Koch Institut, 2020a), weshalb auch hier eine Prognose von großer Bedeutung ist. Der Verlauf der

humanen FSME-Fälle in Bayern zeigt nur geringe Schwankungen, dafür einen Anstieg im Laufe der Periode. Im Jahr 2005 und 2006 wurden auch hier sehr viele FSME-Fälle verzeichnet, das bisherige Maximum wurde allerdings im Jahr 2017 erreicht. Auch für dieses Bundesland ist das Modell gut geeignet. Die Verifikation ergab ein Bestimmtheitsmaß von 62 % und einen mittleren Fehler von  $RMSE=43$  FSME-Fällen. In diesem Fall wird ein hoher Korrelationskoeffizient von  $R=0,79$  zwischen den modellierten und beobachteten FSME-Fällen erreicht (siehe Abb. 3.3). Im Vergleich zur Prognose der FSME-Fälle für Baden-Württemberg wird für Bayern zunächst eine geringe Senkung der FSME-Fallzahlen auf 242 humane FSME-Fälle im Jahr 2020 prognostiziert, bevor diese 2021 wieder wesentlich ansteigt und hier mit 289 Fällen den maximalen Wert der Periode erreicht.

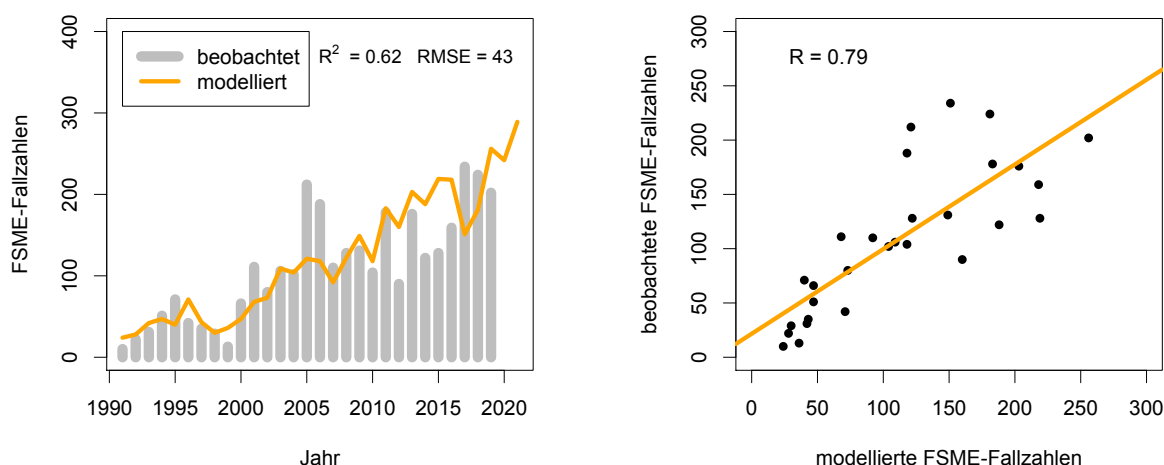


Abb. 3.3: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Bayern des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,79$  ( $p<0,05$ ).

### 3.4 Brandenburg & Berlin

Da die jährlichen humanen FSME-Fälle in den Bundesländern Brandenburg und Berlin zu gering sind um für jedes Bundesland ein Modell erstellen zu können, wurden diese beiden Bundesländer zusammengefasst und gemeinsam betrachtet. In diesen beiden Bundesländern ist kein einziger Landkreis ein FSME-Risikogebiet. Im Vergleich zu den zunächst betrachteten Bundesländern

fällt auf, dass die humanen FSME-Fälle jährlich wesentlich geringer sind. In dem Bereich unter 10 FSME-Fällen jährlich gibt es allerdings starke Schwankungen. Die höchsten Werte wurden bisher in den Jahren 2006 und 2013 erreicht. Trotz der geringen jährlichen FSME-Fälle, konnte ein Zusammenhang zwischen den beobachteten und modellierten FSME-Fallzahlen mit einem Korrelationskoeffizienten von  $R=0,70$  beschrieben werden. Damit hat das Modell ein Bestimmtheitsmaß von 49 % und einen RMSE von 2 FSME-Fällen. Wie zu erkennen, liefert das Modell somit nicht so gute Ergebnisse wie für Baden-Württemberg und Bayern, allerdings ist auch dieses Ergebnis vielversprechend (siehe Abb. 3.4). Für das Jahr 2020 werden 8 und für 2021 prognostiziert das Modell 6 FSME-Fälle, womit auch hier 2020 ein Höchstwert erreicht wird.

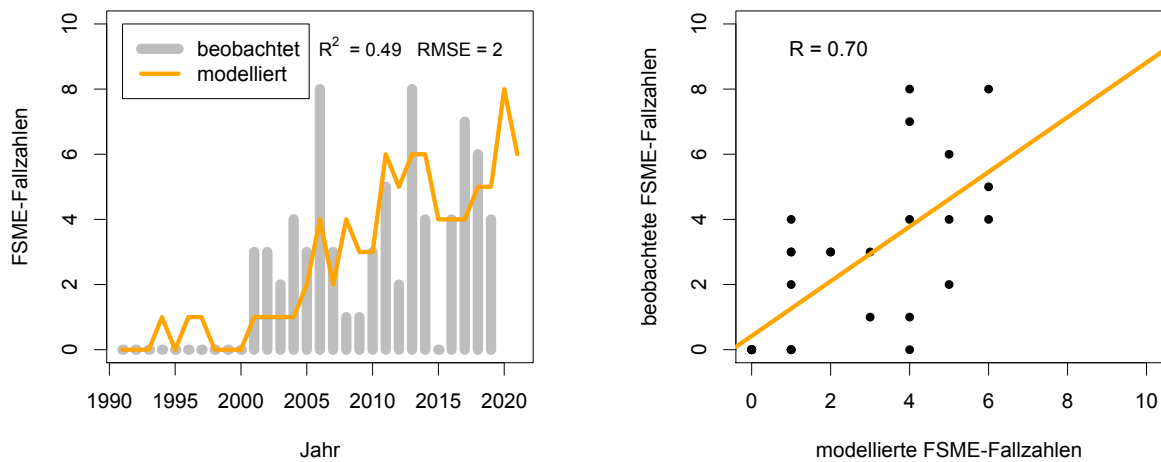


Abb. 3.4: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Brandenburg und Berlin des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,70$  ( $p<0,05$ ).

### 3.5 Hessen

In Hessen sind nur einige der Landkreise als Risikogebiete eingestuft, womit Hessen nicht so viele jährliche FSME-Fälle aufweist wie beispielsweise Bayern oder Baden-Württemberg. Trotzdem sind die Fallzahlen im Vergleich zu vielen deutschen Bundesländern sehr hoch. Die humanen FSME-Fälle in Hessen sind, bis auf geringe Schwankungen, sehr konstant. Einzig im Jahr 2006 gab es einen wesentlichen Ausreißer. Die gemeldeten und modellierten FSME-Fälle erreichen einen Korrelationskoeffizienten von  $R=0,74$ . Damit beschreibt das Modell die jährlichen FSME-Fälle auch für dieses Bundesland gut. Das Bestimmtheitsmaß des Modells sind 55 % und der RMSE liegt bei 7 FSME-Fällen (siehe Abb. 3.5). Das Modell prognostiziert für das Jahr 2020 einen leichten Anstieg auf 29 und 2021 einen weiteren Anstieg auf 36 FSME-Fälle.

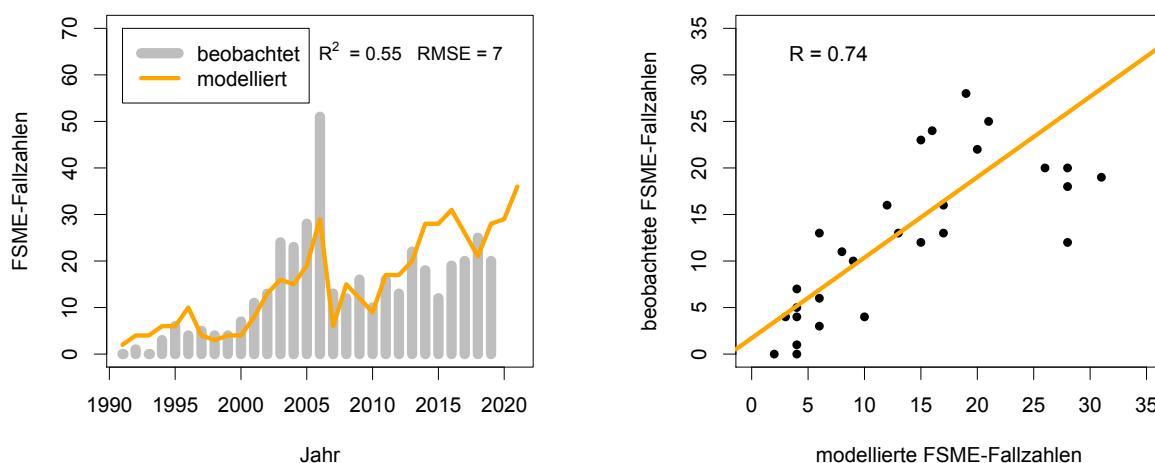


Abb. 3.5: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Hessen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,74$  ( $p<0,05$ ).

### 3.6 Niedersachsen & Bremen

Die beiden Bundesländer Niedersachsen und Bremen mussten ebenfalls aufgrund ihrer geringen jährlichen FSME-Fälle zusammengefasst werden. In Niedersachsen ist lediglich ein einziger Landkreis als Risikogebiet definiert. Beide Bundesländer hatten bis ins Jahr 2001 keinen einzigen FSME-Fall. Zudem erreichen sie, innerhalb der Periode, nie mehr als 15 jährliche

FSME-Fälle. Der Verlauf zeigt einen kontinuierlichen Anstieg im Laufe der Periode. Trotz der geringen jährlichen FSME-Fallzahlen erreicht das Modell einen sehr guten Korrelationskoeffizienten von  $R=0,83$ . Damit ist das Bestimmtheitsmaß 69 % und der RMSE 2 FSME-Fälle (siehe Abb. 3.6). Die Prognose für das Jahr 2020 ist ein geringer Rückgang auf 11 FSME-Fälle und danach ein weiterer Anstieg auf 15 FSME-Fälle im Jahr 2021. Damit würde der Verlauf sein bisheriges Maximum erreichen.

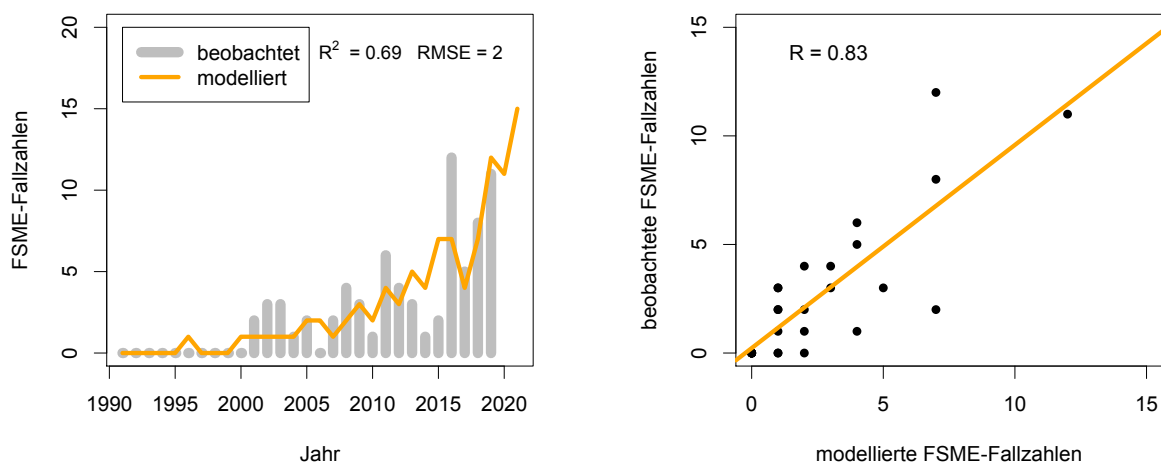


Abb. 3.6: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Niedersachsen und Bremen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,83$  ( $p<0,05$ ).

### 3.7 Nordrhein-Westfalen

In diesem Bundesland gab es bis 2001 keinen einzigen FSME-Fall. Die jährlichen Fallzahlen sind auch hier sehr gering, weshalb hier kein einziger Landkreis als Risikogebiet eingestuft wird. Der Verlauf der humanen FSME-Fälle ist hier unregelmäßig und unterliegt verhältnismäßig starken Schwankungen. Trotzdem kann man einen Anstieg der FSME-Fälle über die Periode betrachten. Im Jahr 2018 gab es einen Ausreißer und es wurde ein maximaler Wert erreicht. Trotzdem erreicht das Modell einen Korrelationskoeffizienten von  $R=0,71$ . Es hat ein Bestimmtheitsmaß von 50 % und einen RMSE von 2 FSME-Fällen pro Jahr (siehe Abb. 3.7). Für das Jahr 2020 und 2021 prognostiziert das Modell konstant 10 FSME-Fälle pro Jahr.

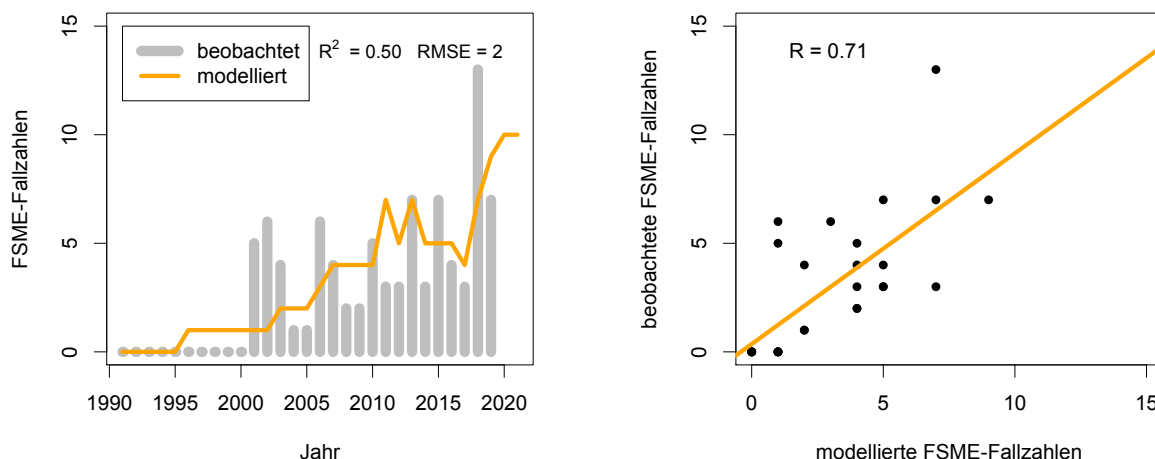


Abb. 3.7: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Nordrhein-Westfalen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,71$  ( $p<0,05$ ).

### 3.8 Rheinland-Pfalz & Saarland

Die beiden Bundesländer Rheinland-Pfalz und Saarland haben jährlich ebenfalls nur sehr wenig humane FSME-Fälle. Aufgrund dessen wurden auch diese Bundesländer zusammengefasst. Obwohl diese Bundesländer direkt an sehr viele Landkreise grenzen die als FSME-Risikogebiete definiert sind, gibt es in diesen Bundesländern nur 2 Landkreise die Risikogebiete sind. Allgemein ist der Verlauf der FSME-Fälle hier ebenfalls ansteigend. Trotzdem gibt es teils stärkere

Schwankungen und einen Ausreißer im Jahr 2017. Hier gab es keinen FSME-Fall. Die modellierten und beobachteten FSME-Fälle erzielen einen Korrelationskoeffizienten von  $R=0,66$  und ein Bestimmtheitsmaß von 44 %. Das ist eines der schlechteren Ergebnisse. Der RMSE beträgt 2 FSME-Fälle pro Jahr (siehe Abb. 3.8). Die Prognose für die beiden Bundesländer ist ein Anstieg auf 9 FSME-Fälle im Jahr 2020, was verhältnismäßig hoch ist, und im Jahr 2021 wieder eine Senkung auf 6 FSME-Fälle.

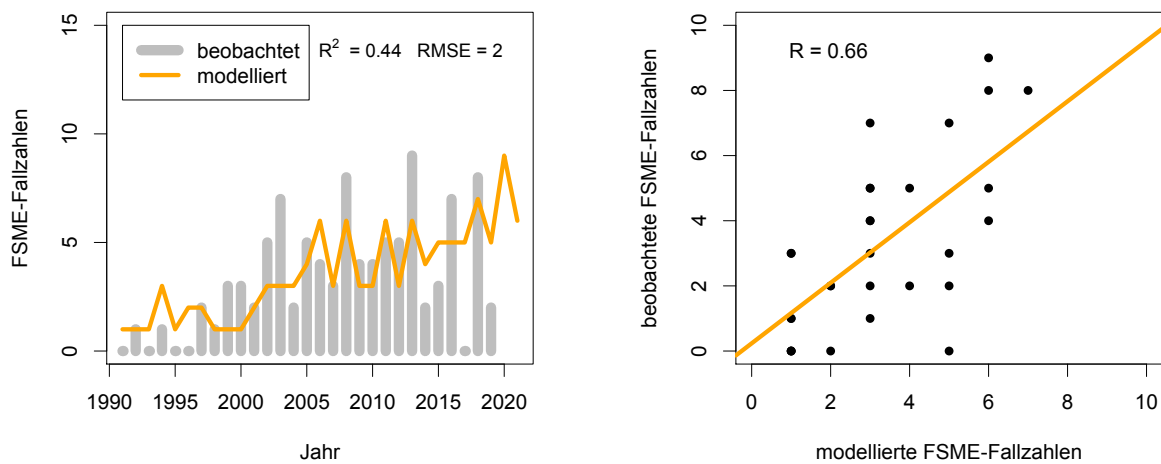


Abb. 3.8: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Rheinland-Pfalz und Saarland des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,66$  ( $p<0,05$ ).



### 3.9 Sachsen

Viele Landkreise Sachsens sind Risikogebiete. Hier gibt es ebenfalls mehr FSME-Fälle als in den meisten deutschen Bundesländern. Daher ist auch hier eine Prognose von großer Relevanz. Die FSME-Fälle steigen im Laufe der Zeit sehr gleichmäßig an. Es gibt keine großen Schwankungen und Ausreißer. Im Jahr 2019 wurde der maximale Wert der humanen FSME-Fälle erreicht. Daher liefert das Modell den besten Korrelationskoeffizienten mit  $R=0,90$ . Damit ist das Bestimmtheitsmaß 81 % und der RMSE sind 3 FSME-Fälle (siehe Abb. 3.9). Das Modell prognostiziert für das Jahr 2020 einen Rückgang der FSME-Fälle auf 16 und im Jahr 2021 wird ein Anstieg auf 25 FSME-Fälle erreicht. Dies ist zwar sehr hoch, wäre allerdings unter dem maximalen Wert.

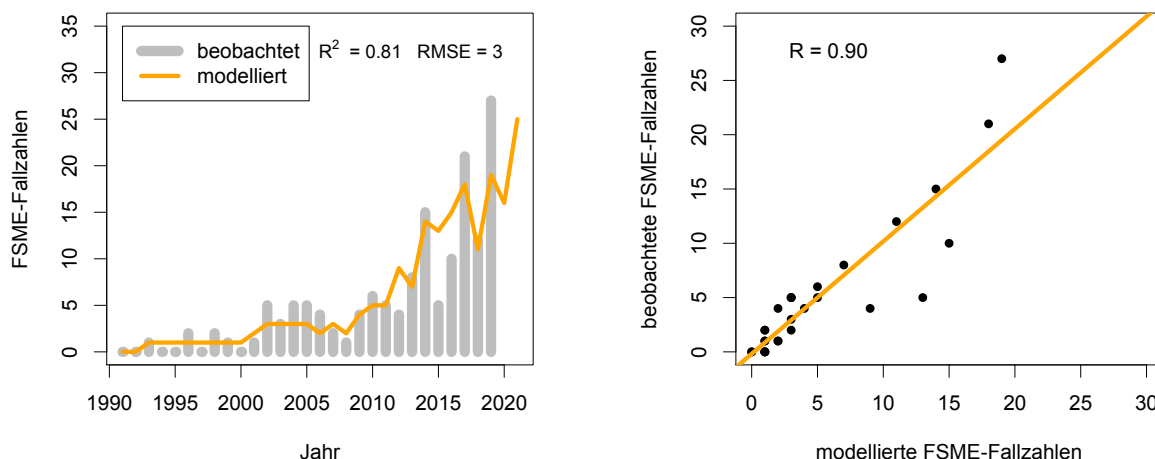


Abb. 3.9: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Sachsen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,90$  ( $p<0,05$ ).

### 3.10 Thüringen

Viele Landkreise Thüringens sind ebenfalls FSME-Risikogebiete. Trotzdem sind die jährlichen humanen FSME-Fälle im Vergleich zu den anderen Bundesländern die Risikogebiete enthalten, sehr gering. Der Verlauf der FSME-Fälle unterliegt stärkeren Schwankungen. Immer wieder gibt es Ausreißer, in diesen Jahren wurden keine FSME-Fälle verzeichnet. Im Jahr 2018 wurde ein maximaler Wert erreicht. Das Modell hat für das Bundesland Thüringen nur einen Korrelati-

onskoeffizienten von  $R=0,65$  und erreicht damit die geringste Korrelation. Dies könnte auf den unregelmäßigen Schwankungen beruhen. Es hat ein Bestimmtheitsmaß von 42 % und der RMSE sind 3 FSME-Fälle (siehe Abb. 3.10). Das Modell prognostiziert für Thüringen einen konstanten Anstieg der humanen FSME-Zahlen in den nächsten 2 Jahren, im Jahr 2020 auf 9 und im Jahr 2021 auf 10 FSME-Fälle.

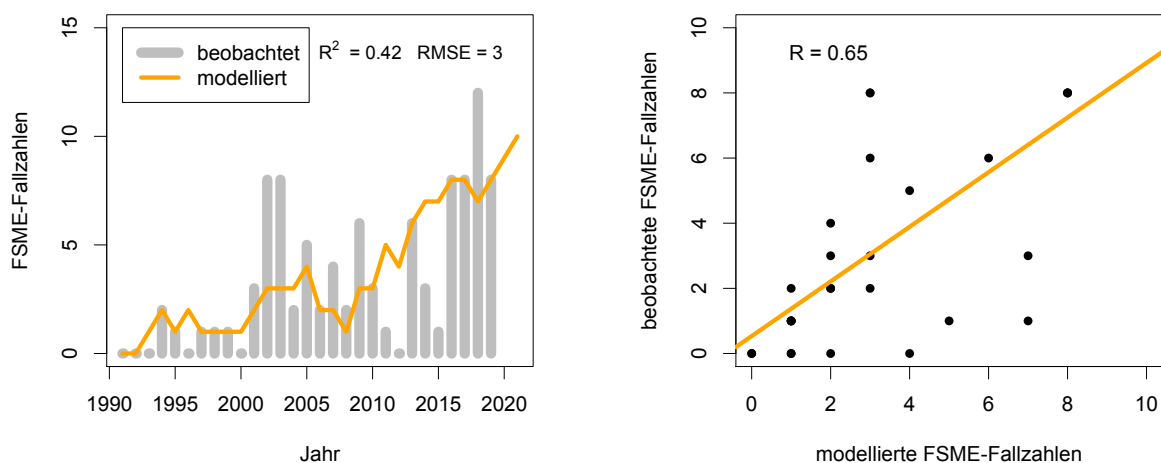


Abb. 3.10: Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Thüringen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,65$  ( $p<0,05$ ).

## Kapitel 4

# Diskussion

Da die Zahlen der FSME-Fälle, wie auch der Durchimpfung der Bevölkerung in den südlicheren Bundesländern generell höher sind als jene in den nördlichen Bundesländern, funktioniert die Anwendung des Modells auf Bundesländerebene unterschiedlich gut. Die humanen FSME-Fälle sind in einigen Bundesländern sehr gering, deshalb wurden diese Bundesländer bestmöglich zusammengefasst. Die Bundesländer, in denen viele Landkreise als Risikogebiete eingestuft sind, haben jährlich die meisten humanen FSME-Fälle, weshalb das Modell hier sehr gut anwendbar ist. Die besten Ergebnisse wurden für das Bundesland Sachsen erzielt, wo eine sehr gute Korrelation von  $R=0,90$  zwischen den modellierten und den beobachteten FSME-Fallzahlen erreicht wurde. Dies ist auf den gleichmäßigen Verlauf der FSME-Fälle in der betrachteten Periode zurückzuführen. Danach folgen Niedersachsen und Bremen, diese erzielen gemeinsam eine Korrelation von  $R=0,83$ . Obwohl in Niedersachsen und Bremen nur ein Landkreis als Risikogebiet eingestuft ist, erreichen sie trotzdem eine Stichprobengröße, bei der das Modell gut anwendbar ist. Außerdem weist der Verlauf der jährlichen FSME-Fälle in diesen beiden Bundesländern weder einen wesentlichen Ausreißer, noch Schwankungen auf und kann dadurch sehr gut durch das Modell beschrieben werden. Die modellierten FSME-Fallzahlen korrelieren für Baden-Württemberg und Bayern ebenfalls sehr gut mit den beobachteten FSME-Fallzahlen. Dies wird durch die hohen Korrelationskoeffizienten von  $R=0,80$  und  $R=0,79$  dargestellt. Das sind ebenfalls jene Bundesländer, mit den meisten humanen FSME-Fällen pro Jahr.

Im Vergleich dazu gibt es Bundesländer, auf die das Modell dieser Arbeit nicht angewendet werden kann. Vor allem die nördlichen Bundesländer haben nur sehr wenige FSME-Fälle pro Jahr. Viele dieser Bundesländer hatten in den ersten Jahren der betrachteten Periode keinen einzigen FSME-Fall. Danach stiegen die Zahlen nicht wesentlich an und es gibt jährlich weniger als 10

FSME-Fälle. Daher kann das hier verwendete Modell nicht angewendet werden.

Davon betroffen sind Hamburg, Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt. Dabei wurden bereits Hamburg, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern zusammengefasst und das Modell auf diese 3 Bundesländer angewendet. Trotzdem ist die Stichprobengröße zu gering um Ergebnisse erzielen zu können. Weiters wurde die Periode gekürzt und somit die Jahre in denen keine FSME-Fälle vorhanden waren nicht berücksichtigt. Doch auch hier konnten keine Ergebnisse erzielt werden.

Bundesland	FSME-Fälle	R	R <sup>2</sup>	p-Wert
Sachsen	8	0.90	0.81	1.9*10 <sup>-11</sup>
Niedersachsen & Bremen	4	0.83	0.69	2.5*10 <sup>-8</sup>
Baden-Württemberg	145	0.80	0.64	2.0*10 <sup>-7</sup>
Bayern	147	0.79	0.62	2.8*10 <sup>-7</sup>
DEU	343	0.79	0.62	4.4*10 <sup>-7</sup>
Hessen	19	0.74	0.55	3.6*10 <sup>-6</sup>
Nordrhein-Westfalen	5	0.71	0.50	1.6*10 <sup>-5</sup>
Brandenburg & Berlin	4	0.70	0.49	2.5*10 <sup>-5</sup>
Rheinland-Pfalz & Saarland	4	0.66	0.44	1.0*10 <sup>-4</sup>
Thüringen	5	0.65	0.42	1.0*10 <sup>-4</sup>
Hamburg	1	NA	NA	NA
Schleswig Holstein	1	NA	NA	NA
Mecklenburg-Vorpommern	1	NA	NA	NA
Sachsen-Anhalt	1	NA	NA	NA

Tab. 4.1: Mittlere FSME-Fälle der Periode 1991–2019, Korrelationen R und erklärte Varianzen R<sup>2</sup> der deutschen Bundesländer, sowie der zugehörige p-Wert, absteigend sortiert.

Wie in Tab. 4.1 zu erkennen, gibt es einen Zusammenhang zwischen der Stichprobengröße und der Anwendbarkeit des Modells. Deshalb erzielt das Modell die besten Ergebnisse für jene Bundesländer Deutschlands, die viele Risikogebiete enthalten, da hier die Stichprobengröße am größten ist. Eine Ausnahme stellen Sachsen und Niedersachsen und Bremen dar. Wie bereits beschrieben, werden hier diese guten Ergebnisse erzielt, da sie einen nahezu exponentiellen Verlauf haben. Alle 4 Bundesländer, auf die das Modell nicht angewendet werden konnte, weisen nur einen Mittelwert von 1 FSME-Fall auf.

Das schlechteste Ergebnis erzielte trotzdem ein Bundesland, wo nahezu alle Landkreise FSME-

Risikogebiete sind. Thüringen erreicht nur einen  $R^2$  von 42 %. In diesem Fall liegt es allerdings nicht an der geringen Stichprobengröße. Der Verlauf der FSME-Fallzahlen schwankt über die betrachtete Periode sehr stark und zudem ist die Anzahl der jährlichen humanen FSME-Fälle geringer als in anderen Bundesländern. Thüringen hat eine der höchsten Durchimpfungen aller deutschen Bundesländer, was mitunter ein Grund für die geringen humanen FSME-Fälle sein könnte.

Dadurch fällt schon auf, dass nicht nur die Stichprobengröße allein ausschlaggebend für die Ergebnisse des Modells ist. Zusätzlich zur Stichprobengröße spielen auch die Schwankungen über die betrachtete Periode eine große Rolle auf die Anwendbarkeit des Modells. Alle Bundesländer die nahezu keine Schwankungen aufweisen, erzielen gute Ergebnisse.

Eine Möglichkeit die Ergebnisse des Modells zu verbessern wäre eine Veränderung der Parameter. In dieser Arbeit wurde die Nettomigrationsrate, die in Rubel and Brugger (2020) als Parameter verwendet wurde vernachlässigt, da die Beschaffung der Daten für jedes Bundesland sehr aufwendig ist. Möglicherweise könnte dies die Ergebnisse verbessern. Das größte Problem stellt allerdings die geringe Stichprobengröße in einigen Bundesländern dar. Hier könnten jeweils mehr als 2 Bundesländer zu einer Kategorie zusammengefasst und untersucht werden.

Trotz der wesentlichen Unterschiede sind die Ergebnisse im Großen und Ganzen sehr vielversprechend. Der Ansatz von Rubel and Brugger (2020) kann, ohne die Nettomigrationsrate zu berücksichtigen, auch auf nahezu alle Bundesländer Deutschlands angewendet werden. Besonders für die Bundesländer, deren Landkreise als Risikogebiete gelten, erzielt das Modell bereits sehr gute Ergebnisse. Für Baden-Württemberg, Bayern und Sachsen kann das Modell die FSME-Fälle sehr gut konstruieren und eine Prognose für die nächsten 2 Jahre erstellen. Doch auch für Niedersachsen und Bremen, in denen lediglich ein Landkreis ein Risikogebiet darstellt, kann das Modell die FSME-Fälle sehr gut rekonstruieren. Für die meisten deutschen Bundesländer liefert das Modell ein schlechteres Ergebnis, als für das gesamte Gebiet Deutschland. Das ist darauf zurückzuführen, dass die Risikogebiete den größten Anteil an den humanen FSME-Fällen haben und die meisten Bundesländer jährlich weniger als 10 humane FSME-Fälle aufweisen. Aufgrund dessen ist die Stichprobengröße nicht ausreichend um ein besseres Ergebnis erzielen zu können. Allerdings ist es nur auf 4 Bundesländer nicht anwendbar. Falls man die nördlichen

Bundesländer Deutschlands zu größeren Kategorien zusammenfassen würde, wäre auch hier eine Anwendung des Modells und eine Prognose möglich. Ein Problem, das in weiterführenden Studien berücksichtigt werden sollte, ist die teils auftretende positive Korrelation der Durchimpfung der Bevölkerung mit den FSME-Fallzahlen einiger Bundesländer. Dies ist biologisch nicht möglich und sollte daher in folgenden Studien vermieden werden.

# Zusammenfassung

## Statistische Prognose humaner FSME-Fälle für die Bundesländer Deutschlands

Der Großteil der FSME-Fälle wird in den Risikogebieten erreicht. In den meisten Bundesländern gibt es jährlich unter 10 FSME-Fälle. Während die Durchimpfung in einigen Bundesländern sehr hoch ist, erreichen die nördlichen Bundesländer Durchimpfungen unter 20 %. Die mit dem Modell erzielten Ergebnisse sind deshalb sehr unterschiedlich, aber trotzdem vielversprechend. Da die jährlichen FSME-Fälle in vielen deutschen Bundesländern sehr gering sind, wurden Niedersachsen und Bremen, Brandenburg und Berlin und Rheinland-Pfalz und Saarland jeweils gemeinsam betrachtet. Für Bundesländer in denen die meisten Landkreise Risikogebiete sind, wurden, bis auf Thüringen, nur gute Ergebnisse erzielt. Trotz sehr guter Ergebnisse für Sachsen, Niedersachsen und Bremen, Baden-Württemberg und Bayern, liegt  $R^2$  für die meisten Bundesländer allerdings unter dem Ergebnis für das gesamte Gebiet Deutschland. Das liegt an der geringen Stichprobengröße und den großteils vielen Schwankungen im Verlauf der FSME-Fallzahlen. Die Prognosen für 2020 und 2021 sind ebenfalls sehr unterschiedlich. Lediglich für 4 deutsche Bundesländer war kein Ergebnis erzielbar. Die nördlichsten Bundesländer Deutschlands Hamburg, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern, aber auch Sachsen-Anhalt konnten trotz Zusammenfassungen zu Kategorien und Kürzungen der betrachteten Periode keine Stichprobengrößen erreichen, um das Modell anwenden zu können. Das liegt daran, dass hier im Mittel nur 1 FSME-Fall pro Jahr erzielt wird. Da allerdings für den Großteil der Bundesländer das Modell angewendet und eine Prognose erstellt werden konnte, weist dies darauf hin, dass dieses Modell mit den beschriebenen Parametern auch auf Bundeslandebene geeignet ist um die jährlichen humanen FSME-Fälle zu beschreiben und für 2 Jahre zu prognostizieren. Bessere Ergebnisse könnten erzielt werden, wenn einige Bundesländer separat und die restlichen, geeigneten zu größeren Kategorien zusammengefasst werden, um die Stichprobengröße zu erhöhen.

# Abstract

## Statistical forecast of human TBE-cases for the German federal states

The annual human TBE-cases of the German federal states are very different. Most of the German TBE-cases are in regions at risk, whereas the most federal states only reach under 10 TBE-cases per year. There are also big differences between the vaccination coverage of the federal states. Whereas the vaccinations in federal states, where most of the counties are regions at risk, are very high, the northern federal states only reach vaccinations under 20%. Due to these differences, the results are also very different. Nevertheless the results are very promising. Based on the low human TBE-cases in most of the German federal states, Niedersachsen and Bremen, Brandenburg and Berlin and Rheinland-Pfalz and Saarland are combined together. Except Thüringen all federal states, where most of the counties are regions at risk, reach very good results. Although Sachsen, Niedersachsen and Bremen, Baden-Württemberg and Bayern achieve very good results, the statistical parameter  $R^2$  for most of the German federal states don't reach the German average. This is caused by the sample size and the variability of the annual TBE-cases in the observed period. Like the results of the model, the forecast for the year 2020 and 2021 is very different. Only 4 federal states couldn't get any result. These are the northern federal states Hamburg, Schleswig-Holstein and Mecklenburg-Vorpommern. But also Sachsen-Anhalt couldn't reach a result. It was also tried to put the federal states together to categories and to take a look on a shorter period. Anyway the sample size was too small, to use the model because in average these federal states only had 1 TBE-case per year. Summarizing, the model could be used for most of the German federal states and also achieve good results. So it is also convenient to calculate the annual TBE-cases and make a forecast for 2 years for the German federal states. Probably there could be achieved better results, if more federal states are combined to categories to reach a bigger sample size.



# Tabellenverzeichnis

2.1	Einwohner Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer in Millionen für den Zeitraum 1991–2019 (Statistisches Bundesamt, 2020a). DEU..Deutschland, BW..Baden-Württemberg, BA..Bayern, BE..Berlin, BRA..Brandenburg, BRE..Bremen, HA..Hamburg, HE..Hessen, MV..Mecklenburg-Vorpommern, NS..Niedersachsen, NW..Nordrhein-Westfalen, RP..Rheinland-Pfalz, SL..Saarland, SA..Sachsen, SAH..Sachsen-Anhalt, SH..Schleswig-Holstein, TH..Thüringen . . . . .	18
2.2	Linearer Trend der Einwohner Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer in Millionen für den Zeitraum 1991–2019 und extrapoliert für den Zeitraum 2020–2021. Abkürzungen siehe Tab. 2.1. . . . . .	19
2.3	Gemeldete FSME-Fälle Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer im Zeitraum 1991–2019 (Robert Koch Institut, 2020b). . . . .	20
2.4	(a) <i>Scandinavian Index</i> (NOAA, 2019) transformiert nach Rubel and Brugger (2020) für den Beobachtungszeitraum 1991–2019 und extrapoliert für den Zeitraum 2020–2021. (b) Buchenmastindex vor 2 Jahren nach Konnert et al. (2016) für den Beobachtungszeitraum 1991–2019. Der Buchenmastindex vor 2 Jahren für den Prognosezeitraum 2020–2021 ist bekannt. . . . .	21
2.5	Durchimpfung der Bevölkerung Gesamtdeutschlands und der deutschen Bundesländer im Zeitraum 2005–2012 publiziert von Reichert et al. (2013) und für den Zeitraum 1991–2021 rekonstruiert von Rubel et al. (2020). . . . .	22
4.1	Mittlere FSME-Fälle der Periode 1991–2019, Korrelationen $R$ und erklärte Varianzen $R^2$ der deutschen Bundesländer, sowie der zugehörige p-Wert, absteigend sortiert. . . . .	36

# Abbildungsverzeichnis

1.1	Larve von <i>Ixodes ricinus</i> im Fell des Zwergkaninchens der Autorin. . . . .	6
1.2	Dreiwirtiger Lebenszyklus von <i>Ixodes ricinus</i> (Gemeiner Holzbock), des wichtigsten Vektors für das FSME-Virus in Mitteleuropa (Littwin, 2016). . . . .	7
1.3	Einteilung der Risikogebiete Deutschlands definiert durch das Robert Koch Institut (2020a). Stand: 14.07.2020 . . . . .	8
1.4	Darstellung des Einflusses der Mastjahre auf die jeweiligen Tierarten und das Auftreten der durch Zecken übertragenen Frühsommer-Meningoenzephalitiden (FSME). Adaptierung der Vorlage von Koenig and Knops (2005). . . . .	10
2.1	Durchimpfung der Bevölkerung. Vergleich der Bundesländer mit Gesamtdeutschland für den Zeitraum 1991–2020. DEU..Deutschland, BW..Baden-Württemberg, BA..Bayern, BE..Berlin, BRA..Brandenburg, BRE..Bremen, HA..Hamburg, HE..Hessen, MV..Mecklenburg-Vorpommern, NS..Niedersachsen, NW..Nordrhein-Westfalen, RP..Rheinland-Pfalz, SL..Saarland, SA..Sachsen, SAH..Sachsen-Anhalt, SH..Schleswig-Holstein, TH..Thüringen . . . . .	16
3.1	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Deutschland des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und ein Korrelationskoeffizient von $R=0,79$ ( $p<0,05$ ). . . . .	25
3.2	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Baden-Württemberg des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und ein Korrelationskoeffizient von $R=0,80$ ( $p<0,05$ ). . . . .	26

3.3	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Bayern des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,79$ ( $p<0,05$ ).	27
3.4	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Brandenburg und Berlin des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,70$ ( $p<0,05$ ).	28
3.5	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Hessen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,74$ ( $p<0,05$ ).	29
3.6	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Niedersachsen und Bremen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,83$ ( $p<0,05$ ).	30
3.7	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Nordrhein-Westfalen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,71$ ( $p<0,05$ ).	31
3.8	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Rheinland-Pfalz und Saarland des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,66$ ( $p<0,05$ ).	32
3.9	Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Sachsen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von $R=0,90$ ( $p<0,05$ ).	33

3.10 Links: Gemeldete (graue Balken) und modellierte (orange Linie) FSME-Fälle für Thüringen des Beobachtungszeitraumes 1991–2019, und des Prognosezeitraumes 2020–2021. Rechts: Korrelation gemeldeter vs. modellierter FSME-Fälle. Angegeben sind die Regressionsgerade und der Korrelationskoeffizient von  $R=0,65$  ( $p<0,05$ ). 34

# Literaturverzeichnis

- Dobler, G., Bestehorn, M., 2019. Das FSME-Virus. In: Rubel, F., Schiffner-Rohe, J. (Eds.), FSME in Deutschland: Stand der Wissenschaft. Deutscher Wissenschaftsverlag, Baden-Baden, Ch. 1, pp. 11–22.
- Gurker, W., 2018. Introduction to Mathematical statistics using R. TU Verlag.
- Kahl, O., 2019. Zirkulation des FSME-Virus im Freiland. In: Rubel, F., Schiffner-Rohe, J. (Eds.), FSME in Deutschland: Stand der Wissenschaft. Deutscher Wissenschaftsverlag, Baden-Baden, Ch. 4, pp. 53–66.
- Kahl, O., Petney, T. N., 2019. Biologie und Ökologie des wichtigsten FSME–Virus–Überträgers in Mitteleuropa, der Zecke *Ixodes ricinus* (in German). In: Rubel, F., Schiffner-Rohe, J. (Eds.), FSME in Deutschland: Stand der Wissenschaft. Deutscher Wissenschaftsverlag, Baden-Baden, Ch. 2, pp. 23–38.
- Kaiser, R., 2019. Klinik und Verlauf der FSME. In: Rubel, F., Schiffner-Rohe, J. (Eds.), FSME in Deutschland: Stand der Wissenschaft. Deutscher Wissenschaftsverlag, Baden-Baden, Ch. 13, pp. 165–184.
- Koenig, W. D., Knops, J. M. H., 2005. The mystery of masting in trees: Some trees reproduce synchronously over large areas, with widespread ecological effects, but how and why? *Am. Sci.* 93, 340–347.
- Konnert, M., Schneck, D., Zollner, A., 2016. Blühen und Fruktifizieren unserer Waldbäume in den letzten 60 Jahren. *LWF Wissen* 74, 37–45.
- Krankenkassen Deutschland, 2020. Zecken Impfung, <https://www.krankenkassen.de/gesetzliche-krankenkassen/leistungen-gesetzliche-krankenkassen/reisemedizin/zeckenimpfung/> (Zugriff am 03.08.2020).

- Kunz, C., 2003. The vaccination and the austrian experience. *Vaccine* 21, 50–55.
- Littwin, N. V., 2016. Of ticks, mice and men - shaping the ecology of tick-borne pathogens in Baden Württemberg, Doctoral thesis, Karlsruher Institute of Technology, 247 pp.
- NOAA, 2019. Northern Hemisphere Teleconnection Patterns, Scandinavia (SCAND). Climate Prediction Center of the National Oceanic and Atmospheric Administration (NOAA), Maryland, USA, <http://www.cpc.ncep.noaa.gov/data/teledoc/telecontents.shtml>.
- R Development Core Team, 2019. R: A Language and Environment for Statistical Computing, Version 3.5.3. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org>.
- Reichert, A., Terlohr-Wagner, J., Gerold, P., 2013. Impfraten und Motivation zur FSME-Impfung 2005-2012 (in German). Poster, 3rd Nat. Conf. on Vaccination, Academy of Science and Residence Munich, 15 to 16 May 2013.
- Robert Koch Institut, 2020a. FSME Risikogebiete in Deutschland, <https://www.rki.de/DE> (Zugriff am 14.07.2020).
- Robert Koch Institut, 2020b. SurvStat RKI, <https://survstat.rki.de/> (Zugriff am 02.08.2020).
- Roggendorf, M., Lenz, P., Kaiser, R., Jäger, G., 1995. Epidemiologische Situation der FSME in Bayern und Baden-Württemberg. In: Süss, J. (Ed.), *FSME und Lyme-Borreliose. Durch Zecken übertragene Krankheiten*. Weller-Verlag, Schriesheim, pp. 7–19.
- Rubel, F., Brugger, K., 2020. Tick-borne encephalitis incidence forecasts for Austria, Germany and Switzerland. *Ticks Tick Borne Dis.* 11, 101437.
- Rubel, F., Walter, M., Vogelgesang, J. R., Brugger, K., 2020. Incidence of tick-borne encephalitis is not random: Explaining trend, low and high frequency oscillations based on the Austrian TBE time series. *BMC Inf. Dis.* 20, 448.
- Schmutzhard, E., 2019. Prävention und Behandlung der FSME. In: Rubel, F., Schiffner-Rohe, J. (Eds.), *FSME in Deutschland: Stand der Wissenschaft*. Deutscher Wissenschaftsverlag, Baden-Baden, Ch. 14, pp. 185–196.
- Statistisches Bundesamt, 2020a. GENESIS-Online database. Wiesbaden, Germany, <https://www-genesis.destatis.de/genesis/online> (Zugriff am 03.08.2020).

Statistisches Bundesamt, 2020b. Volkszählung, <https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Bevoelkerungsstand/Glossar/volkszaehlung.html> (Zugriff am 03.08.2020).