

Räumlich statistische Analyse des Risikos für Hantavirus-Erkrankungen und Leptospirose in Niedersachsen

Johannes Dreesman, Niedersächsisches Landesgesundheitsamt, Hannover

Hantaviren und Leptospiren sind zoonotische Erreger, deren Reservoir Kleinsäuger, vor allem Nagetiere sind, und deren Labornachweis nach dem Infektionsschutzgesetz meldepflichtig ist. Ihr Auftreten hängt u.a. von der Verbreitung ihrer Wirtstiere ab, die von Klimabedingungen und Lebensraumstrukturen bestimmt wird. Wir untersuchen regionale epidemiologische Maßzahlen, um Muster zu identifizieren. Ziel ist es, das Erkrankungsrisiko lokal zu prognostizieren, um Präventionsmaßnahmen ergreifen zu können.

Wir nutzten die Meldeinzidenzen von 2001 bis 2017 auf Ebene der Landkreise in Niedersachsen sowie die Seroprävalenzen von anti-Hantaviren- und anti-Leptospiren-IgG aus Blutproben von niedersächsischen Forstbediensteten, genommen im Jahr 2016. Wir führten eine empirische Bayes-Glättung der regionalen Seroprävalenzen durch und untersuchten die räumliche Korrelation der Seroprävalenzen sowie der Meldeinzidenzen mittels Moran's I. Mittels regionaler Regressionsanalyse untersuchten wir Assoziationen von Meldeinzidenzen und geglätteten Seroprävalenzen sowie mit der Flächennutzung.

Die Meldeinzidenzen für Erkrankungen an Hantaviren (H) bzw. Leptospiren (L) betragen 1,09 bzw. 0,26 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner, wobei über 70% der gemeldeten Hantavirus-Fälle in weniger als 20% der Landkreise auftraten. Bei 877 Forstbediensteten ergaben sich Seroprävalenzen von 7,3% für anti-H-IgG (bzw. 4,8 % für anti-L-IgG. Moran's I zeigte eine signifikante räumliche Korrelation der Meldeinzidenzen ($p < 0,001$ (H) bzw. $p = 0,08$ (L)), aber nicht für die Seroprävalenzen ($p = 0,1$ (H) bzw. $p = 0,7$ (L)). Es zeigte sich eine signifikante Assoziation zwischen Meldeinzidenzen der Bevölkerung und Seroprävalenzen der Forstbediensteten bei H ($p = 0,01$), aber nicht bei L ($p = 0,27$). Es fand sich keine signifikante Assoziation beider Infektionen zur Art der Flächennutzung wie beispielsweise der anteiligen Waldfläche.

Für Hantaviren identifizierten wir räumliche Strukturen, die für Prognosen genutzt werden können. Bei Leptospiren zeigten sich solche Muster bisher nicht. Für die Modellentwicklung sollen weitere räumliche sowie zeitliche Prädiktoren berücksichtigt werden.