



De RISICO'S van VIRUSVERSPREIDING in KAART gebracht MET behulp VAN GIS-software

Ir. Nikée Groot

nikée.groot@gmail.com, MSc Biologie, afstudeervak bij Geo-Informatiekunde en Remote Sensing, WUR

Inleiding

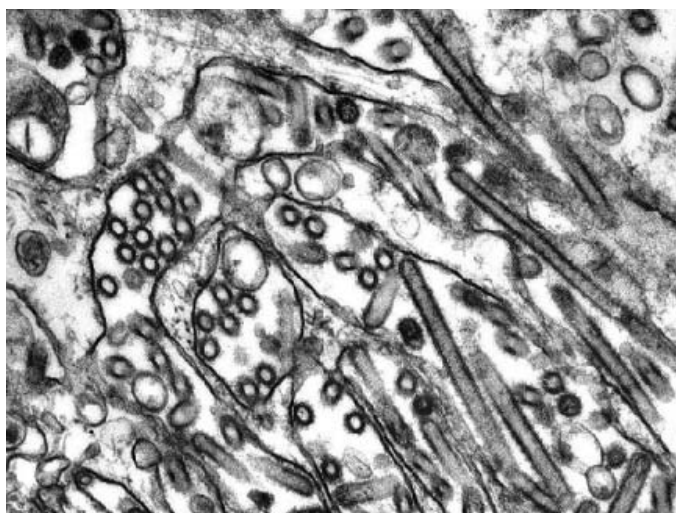
Gedurende het afgelopen decennium heeft de Nederlandse veestapel een aantal massale uitbraken te verduren gehad van BSE, varkenspest, mond- en klauwzeer, vogelgriep (H7N7) en afgelopen zomer nog blauwtong. Veranderende klimaatsomstandigheden zouden mogelijk zelfs uitbraken kunnen veroorzaken van ziekten die normaliter in niet in een gematigd klimaat voorkomen. Indien het verspreidingsmechanisme van een ziekte bekend is of vermoed wordt, kan met behulp van bijvoorbeeld GIS-software een inventarisatie gemaakt worden van de risicogebieden. Zodoende zouden maatregelen genomen kunnen worden om de verspreiding van een dergelijke ziekte te stoppen of mogelijk zelfs te voorkomen. Dit kan geïllustreerd worden aan de hand van een studie naar de mogelijkheden van de verspreiding van het hoogpathogene vogelgriepvirus H5N1 door de kolgans (*Anser albifrons albifrons*) in Europa. Ter verduidelijking zal eerst wat algemene informatie over vogelgriepvirussen gegeven worden; een korte geschiedenis van het H5N1 virus en wat algemene informatie over de kolgans. Vervolgens zullen de modellering van de verspreiding van het vogelgriepvirus in Europa met behulp van GIS-software en de uiteindelijke resultaten behandeld worden. Ter afsluiting worden de mogelijkheden van risico-analyses voor virusverspreiding met behulp van GIS-software besproken.

Er zijn drie types griepvirussen; A, B en C. De virussen die tot soort A behoren zijn aangepast aan vogels en worden onder-

scheden in subtypes aan de hand van de hemagglutinine (H) en neuraminidase (N) proteïne-uitsteeksels van het desbetreffende virus. Er zijn 16 H-varianten met elk 9 N-subtypes.

Hoewel het subtype H7N7 in 2003 in Nederland tot een ruiming van ongeveer 50 miljoen vogels en het overlijden van een vee-arts heeft geleid, circuleert het H5N1 virus al sinds 1996 en is verantwoordelijk voor de ruiming van meer dan 150 miljoen vogels (tot oktober 2005) en meer dan 150 menselijke sterftegevallen, volgens de WHO. Hoewel het H5N1 virus tot eind 2005 voornamelijk in Azië bleef circuleren, is het sindsdien ook in Europa opgedoken en wordt het sinds februari 2006 ook in Afrika gevonden. Hoewel er nog steeds meningsverschillen over zijn, wordt er wel vaak geopperd dat trekvogels, zoals de kolgans, verantwoordelijk zouden zijn voor een deel van de verspreiding van het virus, vooral richting Europa en Afrika.

De kolgans (*Anser albifrons albifrons*) broedt in de Arctische toendra's van Siberië en kan opgesplitst worden in twee populaties: een west-Palearctische en een oost-Palearctische. De oostelijke populatie overwintert in het oosten en zuid-oosten van Azië en de westelijke in Europa en het zuidwesten van Azië. Gedurende de migratie splitsen de kolangen zich op in steeds kleinere subpopulaties en tijdens de terugkeer naar de broedgebieden komen ze op centrale verzamelpunten weer bij elkaar. Vanwege deze migratie buiten de EU, de vatbaarheid voor de ziekte, het gedrag en het habitatgebruik is de kolang door de Europese Autoriteit voor



Het H5N1 virus



De kolgans (*Anser albifrons albifrons*)

april 2007

@gro-Informatica 19





Voedselveiligheid (EFSA) aangewezen als een hoge risicosoort voor verspreiding van H5N1, samen met 27 andere soorten. Van de ongeveer 600.000 kolganzen die in het Baltische Zee- en Noordzeegebied overwinteren, bevindt 80% zich in Nederland en in strenge winters zelfs 90%. Zodoende is de kolgans ook een belangrijke risicosoort voor Nederland.

H5N1 verspreiding door de kolgans

Methodiek

Met behulp van GIS-software (ArcMap en ArcToolbox van ESRI ArcGIS 9) zijn de risico's voor de verschillende landen van Europa, waar de kolgans in de herfst, winter en lente voorkomt, berekend. De beschikbare informatie bestond uit de volgende bestanden:

- Vijf vectorbestanden voor de migratieroutes en overwinteringslocaties van de west-Palearctische kolganzenpopulatie (aangegeven als aanwezigheid per Nuts2 regio van Europa en opgesplitst per landengroep zoals weergegeven in het stroomschema van de versimpelde migratieroute). Per Nuts2 regio is ook het aantal daar voorkomende andere H5N1 hoge risico wilde vogelsoorten gegeven.
- Een rasterfile (Pelcom Grid) waaruit de voorkeurshabitats (wetlands) van kolganzen te selecteren zijn.
- Een vectorbestand met de puntlocaties van recente uitbraken van H5N1 onder wilde vogels.

De rasterfile is omgezet naar een vectorfile met dezelfde projectie als de andere files. Omdat kolganzen zich buiten de wetlands begeven om te foerageren en een eerdere uitbraak van H5N1 ook door bijvoorbeeld bewegingen of uitwerpselen van de desbetreffende soort in de omgeving verspreid kan worden, is om beiden een buffer van 10 kilometer aangebracht.

Vervolgens zijn de wetlands van de Nuts2 regio's geselecteerd, waar de kolganzen voorkomen in de eerste landengroep van de herfstmigratieroute (Estland, Letland, Litouwen). Aan deze wetlands is een klein achtergrondrisico (0.01%) toegekend, dat per Nuts2 regio exponentieel vermenigvuldigd wordt met het aantal andere daar voorkomende H5N1 hoge risico wilde vogelsoorten. Verder zijn de gebieden geselecteerd waar de H5N1 buffer en de wetlands buffer elkaar overlappen, omdat de kolgans hier een infectie op zou kunnen lopen, en is aan deze gebieden een risico van 1% toegekend. Deze directe H5N1 risico's worden vervolgens opgeteld bij de eerder berekende risico's van de wetlands en andere

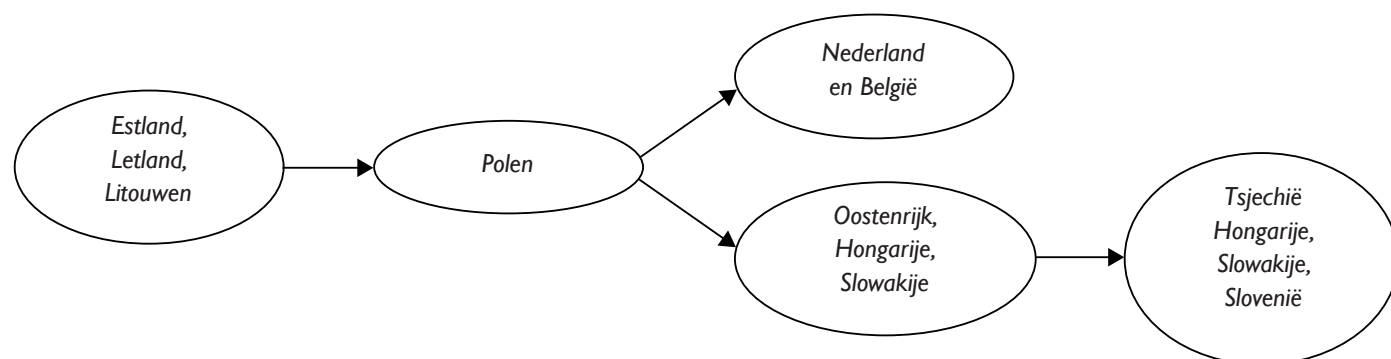
wilde vogels. Vervolgens worden alle risico's voor deze landengroep gemiddeld en als achtergrondrisico toegekend aan de volgende landengroep van de herfstmigratieroute, waarna hetzelfde berekeningsproces weer doorlopen wordt. Omdat in de herfst de kolganzenpopulatie zich splitst in Polen (de tweede landengroep) en daar in de lente weer bij elkaar komt, worden de risico's hier gecorrigeerd voor de ratio's van de kolganzenpopulaties die zich naar de verschillende volgende landengroepen begeven, respectievelijk die hier weer bij elkaar komen. Gedurende de winter wordt het risico van de kolganzen in de landen waar ze overwinteren met een constante factor vermenigvuldigd, omdat ze zich dan voor langere tijd op dezelfde plek bevinden en dus een verhoogd risico op infectie hebben. Tijdens de lentemigratie wordt dezelfde route gevolgd als gedurende de herfst, maar dan in omgekeerde volgorde. De berekeningen vinden nog steeds op dezelfde manier plaats, waardoor het cumulatieve lenterisico in een land uiteindelijk altijd hoger is dan in de herfst.

De versimpelde migratieroute van de kolgans is hier weergegeven. Wegens het ontbreken van bepaalde landen uit de Nuts2 file van heel Europa, konden de berekeningen van de risico's slechts voor de overwinterende subpopulaties van Nederland & België en Tsjechië, Hongarije, Slowakije & Slovenië gemaakt worden.

Resultaten

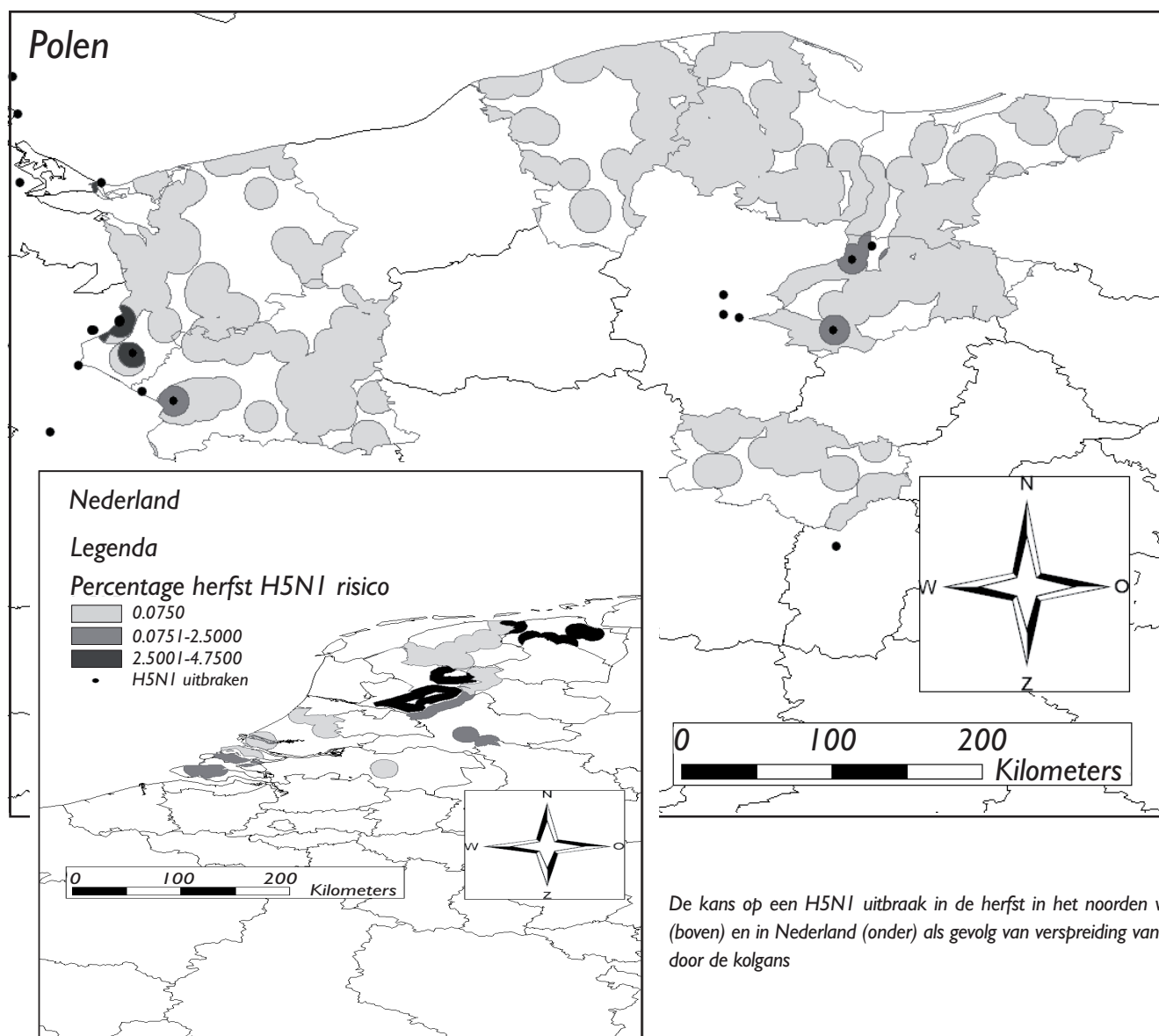
In de uiteindelijke resultaten was een toename te zien van het gemiddelde risico langs de migratieroute, zowel in de herfst als in de lente, met lichtelijk hogere waarden in gebieden waar een groter aantal H5N1 hoge risico wilde vogelsoorten voorkomt en extra hoge risicowaarden in de gebieden binnen 10 kilometer van een eerdere H5N1 uitbraak. Ter illustratie zullen hier de herfst en lente H5N1 risico's van Nederland en Polen gegeven en besproken worden.

In de H5N1 risico figuren van de herfst valt te zien dat de risico's in Polen aanzienlijk hoger zijn binnen 10 kilometer van een voorgaande H5N1 uitbraak. Omdat er in Nederland geen eerdere H5N1 uitbraken zijn geweest onder wilde vogels, zijn de onderlinge verschillen veel kleiner met slechts lichtelijk hogere waarden in bepaalde provincies. Deze lichtelijk hogere risico's worden veroorzaakt doordat de kolgans in deze provincies met een groter aantal andere H5N1 hoge risico wilde vogelsoorten voorkomt. Verder is het hoogste herfstri-



Versimpelde migratieroute van de kolgans gedurende de herfst (naar data van migratie- en overwinteringssites van BirdLife International), gedurende de lente vindt migratie plaats in omgekeerde volgorde.





De kans op een H5N1 uitbraak in de herfst in het noorden van Polen (boven) en in Nederland (onder) als gevolg van verspreiding van het virus door de kolgans

sico in Polen veel hoger dan alle herfsttrisico's in Nederland. Zoals te zien is, zijn er verschillende risico's voor Polen. Deze risico's worden gemiddeld om te bepalen wat het risico is dat de ganzen meenemen naar het volgende land, omdat niet bekend is welke ganzen precies van waar naar waar gaan.

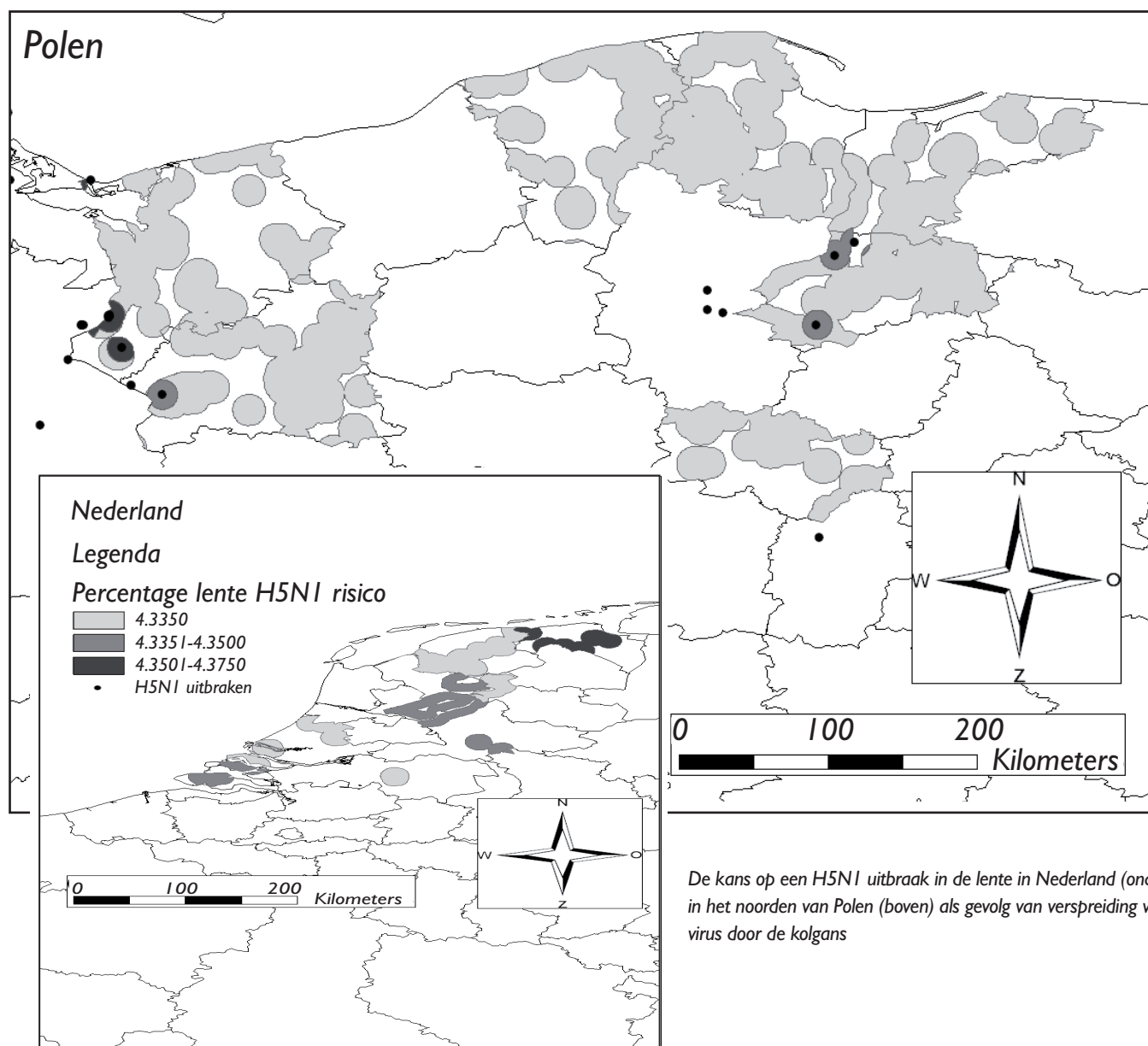
De H5N1 risico figuren van de lente geven qua onderlinge verhoudingen een vergelijkbaar beeld als die van de herfst. Het risico in Nederland is met een gespecificeerde factor toegenomen gedurende de winter, omdat Nederland als overwinteringslocatie een soort 'eindlocatie' is en het dus niet door de kolgansen meegenomen is uit een ander land van de migratieroute. Het minimum risico in Polen is echter hoger dan het maximale risico in Nederland. Dit komt doordat 91% van de ganzen uit Polen in Nederland overwintert en 9% in de zuidelijker gelegen landen overwintert. In de lente voegen deze subpopulaties zich in Polen weer samen en zodoende zijn de risico's uit de voorgaande landen gecorrigeerd voor deze ratio's en bij elkaar opgeteld. Aangezien er in de zuidelijkere landen wel H5N1 uitbraken hadden plaatsgevonden, is het risico daar gedurende de verdere

herfstmigratie, overwintering en daarop volgende lentemigratie aanzienlijk toegenomen, resulterend in een hoger minimum risico voor Polen dan aan de hand van de risico's in Nederland verwacht zou worden.

Voor een compleet overzicht van de resultaten van heel Europa wordt verwezen naar het rapport GIRS-2006-39 in de bibliotheek van de Wageningen Universiteit.

Conclusie

Hoewel dit slechts een korte verkennende studie was naar de risico's van de verspreiding van H5N1 door de kolgansen in Europa, waarbij er helaas geen beschikking was over spatiotemporeel gedetailleerde data en de waarden van de gebruikte parameters nog niet onderzocht (en dus geschat) zijn, geeft het toch een indicatie van de mogelijkheden voor het aanduiden van risicogebieden met behulp van bijvoorbeeld GIS-software. Tabulaire data kunnen makkelijk gerelateerd worden aan ruimtelijke data en gepresenteerd in inzichtelijke kaarten. Een voordeel is ook dat nieuwe (uitbraak)locaties gemakkelijk toegevoegd kunnen worden en dat deze vervolgens automatisch vertaald worden naar



een mogelijk verhoogd risico voor de directe omgeving en de verder beïnvloede omgeving. Ook kunnen de waarden van parameters gemakkelijk aangepast worden en wederom automatisch vertaald worden naar vernieuwde risico's. Mochten deze parameterwaarden namelijk onbekend of onzeker zijn, dan kan dit tot een indicatie van verschillende risico's onder verschillende scenario's leiden. Als de potentiële risicogebieden eenmaal exact bepaald zijn, kan ingegrepen worden en getracht worden ziekte-uitbraken tijdig

te stoppen of mogelijk zelfs te voorkomen. Het ontwikkelde model voor de verspreiding van H5N1 door de kolgans is echter nog te beperkt om dergelijke uitspraken te kunnen doen. Hiervoor is een grotere spatiotemporele resolutie nodig, die bereikt zou kunnen worden door het gebruik van gedetailleerde input bestanden en een experimentele bepaling van de tot nu toe nog onbekende parameters met betrekking tot de overdrachts- en besmettingskansen.