

Dynamisches dynamisch Wahrnehmen

Raum-Zeit Prozesse, Data Movies und Wildschweineherpes

Hans-Hermann Thulke¹, Thomas Selhorst² und Thomas Müller³

Zusammenfassung

Für die Entwicklung von Managementstrategien in verschiedenen Bereichen der Ökologie bilden oft Raum-Zeit-Daten die wesentliche Grundlage. Deshalb sind Entscheidungsträger auf eine genaue Beschreibung dieser Datensammlungen angewiesen. In der Praxis besteht eine solche Datenbeschreibung aus einer grafischen Darstellung, aus abgeleiteten Hypothesen und einer statistischen Evaluierung dieser Hypothesen. Traditionelle Methoden der grafischen Veranschaulichung von Daten verlangen vorab eine Aggregation der Information. Die Einschränkung überträgt sich dann auf die abschließende Beschreibung. Der vorliegende Artikel illustriert die zusätzliche Unsicherheit, die aus der a-priori Aggregation von Information resultiert. Als Ausweg wird eine moderne Methode der Datenexploration aufgezeigt: Data Movies.

Zur Demonstration werden Daten aus einer epidemiologischen Studie zum Vorkommen des Aujeszky Virus im Wildschwein herangezogen. Dabei werden Erkenntnisse aus der Anwendung traditioneller Methoden in der Literatur den Erkenntnissen aus der Anwendung von Data Movies gegenübergestellt. Durch die Visualisierung mittels Data Movies kann erstmals der Verbreitungsprozess des Virus unmittelbar verfolgt werden und zwar simultan in Zeit UND Raum. In der Konsequenz führen neuartige Hypothesen zu einer völlig veränderten gedanklichen Vorstellung über das untersuchte Phänomen. Es wird demonstriert, wieso Data Movies den kompletten Inhalt raum-zeitlicher Daten erfassen und so eine adäquatere Beschreibung der Daten liefern. Schließlich wird verdeutlicht, dass Data Movies mühelos in Publikationen und Präsentationen integriert werden können.

¹ UFZ-Umweltforschungszentrum Leipzig/Halle GmbH, Sektion Ökosystemanalyse, Permoserstr. 15, 04318 Leipzig. (Tel: 0341-2352038; Fax: 0341-2353500; hanst@oesa.ufz.de)

² BFAV Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere, Institut für Epidemiologie, Seestr. 55, 16868 Wusterhausen. (033979-80192, selhorst@wus.bfav.de)

³ BFAV Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere, Institut für Epidemiologische Diagnostik, Seestr. 55, 16868 Wusterhausen. (033979-80186; thomas.mueller@wus.bfav.de)

1 Einleitung

Entscheidungsträger in der Ökologie sind auf die Informationen angewiesen, die sie durch gesammelte Daten zur Verfügung gestellt bekommen. Allerdings sind Urdaten meist ungeeignet, um nützliche Hypothesen zu generieren oder den Entscheidungsprozess zu vereinfachen. Daher sind die Entscheidungsträger auf eine bestmögliche Beschreibung der vollständigen Dateninhalte durch Analysen angewiesen. Eine derartige Beschreibung von Daten besteht in der Praxis aus einem mehrstufigen Prozess: (i) Veranschaulichung (z.B. Balkendiagramme für Abundanzen, Zeitreihen, Karten), (ii) Ableitung passender Hypothesen (z.B. zunehmende Abundanzen im Untersuchungszeitraum, räumliche Cluster) und (iii) Prüfung dieser Hypothesen (z.B. statistische Tests, Modelle).

Bei der Vorstellung einer derartiger Datenbeschreibung wird der Entscheidungsträger als erstes mit der visuellen Darstellung konfrontiert. Mehr noch, die Visualisierung wird benutzt, um den Entscheidungsträger von der Plausibilität der untersuchten Hypothese zu überzeugen. Damit kommt der Datenvisualisierung eine entscheidende Rolle zu. Allerdings benutzen traditionelle Methoden der Visualisierung nur eine bis höchstens drei Dimensionen (vgl. Abb. 3). Traditionellen Methoden der Datenvisualisierung müssen folglich bei der Darstellung von Daten mit mehr als drei Messdimensionen (z.B. raum-zeitliche Daten mit Abundanz, Zeit und Ort) einen Teil der enthaltenen Information unterdrücken. Zwar erwartet der Entscheidungsträger bei einer Visualisierung mit der gesamten Information konfrontiert zu werden, doch ist dies mit traditionellen Methoden allein für raum-zeitliche Daten nicht möglich!

Ein besonders geeignetes Beispiel für eine solche Beschränkung sind Ausbreitungsprozesse (z.B. Invasion von Fremdarten oder die Ausbreitung einer Krankheit). Hier enthalten die Datensätze Informationen über das Vorkommen (z.B. Individuenzahl oder Anteile in Subpopulationen), zeitliche Informationen (z.B. Tag der Beprobung oder Erlegungsdatum) und eine geografische Information (z.B. x-y Koordinaten oder Flächeneinheiten). Folglich werden mehr als drei physische Dimensionen benötigt, um diese Daten vollständig darzustellen (d.h. Abundanz, Zeit, x-Koordinate und y-Koordinate). Jede Datenanalyse die von vornherein eine der gemessenen Informationen zu Gunsten der technischen Umsetzung unterdrückt, schließt den Betrachter a-priori von der vollständigen Information aus. Mehr noch, wenn später die resultierende Beschreibung der Daten präsentiert wird, ist für den

Entscheidungsträger als Zielperson die originäre Information nicht mehr zugänglich, da er einmal aggregierte Daten nicht mehr auflösen vermag.

Zur Vermeidung derartiger Nachteile werden im folgenden Data Movies eingeführt. Durch deren Verwendung wird eine vierdimensionale Darstellung von Daten möglich. Das hat sich insbesondere bei Raum-Zeit-Daten als vorteilhaft erwiesen. Diese Erfahrung lässt sich mit einem Datenbestand über das Vorkommen eines Herpesvirus im Wildschweinebestand Brandenburgs demonstrieren. Diese Daten werden zuerst mit den traditionellen Methoden der Datenexploration untersucht (Müller et al., 1998). Durch den Vergleich der Untersuchungshypothesen wird demonstriert, wie sich das Grundverständnis von der Krankheit durch die Hinzunahme des Data Movies verändert hat. Darüber hinaus wird dargestellt wie sich die Data Movie Methode in den gewohnten Publikationsprozess integrieren lässt. Sie ist somit geeignet, künftig fester Bestandteil bei der Beschreibung von Raum-Zeit-Daten zu sein.

2 Material und Methoden

2.1 Krankheitsdaten

Die Daten beziehen sich auf eine Untersuchungsfläche von 29.530 km² des Bundeslandes Brandenburg. Zwischen 1985 und 1994 wurden insgesamt 13.220 Wildschweine auf Antikörper gegen den Aujeszky Virus untersucht (SerumNeutralisationsTest). Das positive bzw. negative Testergebnis wurde zusammen mit dem Untersuchungsjahr und der administrativen Einheit des Fundortes (Kreisebene) protokolliert. Auf der Fläche Brandenburgs waren 38 Kreise bestimmbar mit einer mittleren Größe von 748 km². Die Datenerhebung und die diagnostische Methodik ist an anderer Stelle ausführlich beschrieben (Müller et al., 1998).

2.2 Krankheitskartographie

Es wurde eine geografischen Karte über die Verteilung der positiven Proben im Untersuchungsgebiet erstellt. Der errechnete Anteil dieser innerhalb der Stichprobe eines Kreises (Seroprävalenz) wurde in die Karte von Brandenburg eingetragen. Die Kreise mit zunehmender Seroprävalenz werden mit dunkleren Farben

gekennzeichnet („RegioGraph“ der Firma Macon Markt und Konzept, Waghäusel; siehe Abb. 1). Um Seroprävalenzunterschiede zwischen räumlichen Subpopulationen nachzuweisen, wurde der Chi-Quadrat Test angewandt.

2.3 Data Movie

Um das Movie zu erstellen, müssen artifizielle Sprünge an den Kreisgrenzen ausgeglichen werden. Dies wird durch mathematische Glättung der Seroprävalenzwerte realisiert. Zur besseren Verständlichkeit der visuellen Darstellung wurden zwischen den originalen Jahresdaten jeweils fünf Zwischenschritte eingefügt.

Im einzelnen bestimmen die beobachteten Seroprävalenzen für jedes Jahr und jeden Kreis einen Basiswert. Diese Rohdaten werden nun benutzt, um acht dreidimensionale Flächengrafiken zu erzeugen (1987-1994; in den Proben vor 1987 wurden keine positiven Tiere gefunden und entsprechend startet das Movie mit einer einheitlichen Nullgrafik). Um eine dieser acht Flächengrafiken zu gewinnen, wurde ein reguläres Gitter über die Karte des Bundeslandes Brandenburg gelegt (Maßstab 1:2 Millionen; Gitterpunkte entsprechen 8 km Abstand). Jeder Gitterpunkt fällt in einen administrativen Kreis, zu dem der Seroprävalenzwert des jeweiligen Jahres bereits bestimmt wurde. Der Wert des Kreises wird dem Gitterpunkt als z-Wert zugeordnet und ebenso allen anderen Gitterpunkten die im selben Kreis liegen. Die resultierende Gitterfunktion wird nun mittels Spline Interpolation (Harder & Desmarais, 1972) durch eine verfeinerte Fläche mit 1 km Punktabstand dargestellt (SAS G3Grid Procedure; SAS 6.1, SAS Institute Inc.).

Schließlich wird die jährliche Seroprävalenzänderung in einem Gitterpunkt in sechs gleichgroße Schritte zerlegt, um zwischen je zwei Jahresplots fünf linear interpolierte Hilfsgrafiken einzufügen. Mit anderen Worten, die ursprünglichen 8 Jahresplots werden durch 48 aufeinanderfolgende Zweimonatsplots ersetzt (8 originale + 8*5 interpolierte Hilfsplots). Technisch werden dazu je zwei aufeinanderfolgende Jahresplots gitterpunktweise durch Geraden verbunden (der Plot von 1987 wurde dabei mit dem Nullgitter aus 1986 verbunden). Die Interpolationslinien bestimmen dann in gleichen Abständen die fünf neuen Zwischenwerte in den zugeordneten Gitterpunkten.

Die so erzeugten Netzflächen wurden in farbige Kontourgrafiken umgewandelt. Das dabei verwandte nichtlineare Farbschema betont besonders kleine

Seroprävalenzwerte. Die farbigen Grafiken werden digital in einem animierten Fileformat verknüpft (z.B. *.avi). Zur besseren Orientierung sind im Movie natürliche Grenzen (Flüsse und Autobahnen) schwarz überlagert.

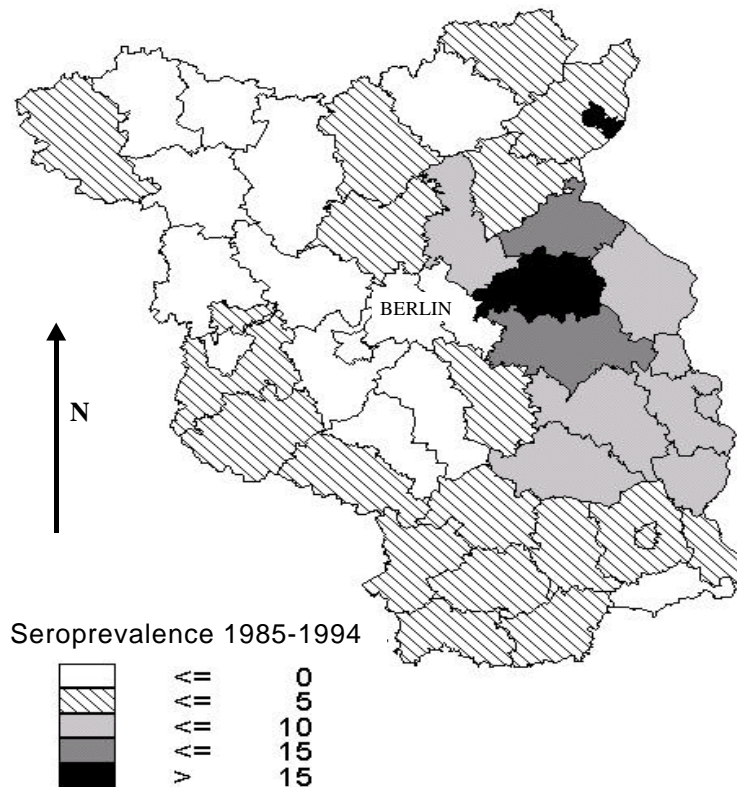


Abb. 1. Karte der beobachteten Infektionshäufigkeit (Seroprävalenz) mit Aujeszky's Virus Wildschweinen Brandenburgs von 1985-1994 (Müller et al., 1998).

3 Ergebnisse

3.1 Krankheitskartographie

Die für den Untersuchungszeitraum erzeugte Krankheitskarte legt eine Unterteilung des Untersuchungsgebiets nahe (Abb. 1; Müller et al., 1998). Im westlichen Teil sind die Tiere offenbar nur selten mit dem Virus infiziert, während die Wildschweine im östlichen Bereich wesentlich häufiger betroffen sind ($P < 0,05$). Außerdem erscheinen die Kreise östlich von Berlin als Infektionsfokus (der schwarze bildet den zentralen Fokus). Das fokale Infektionsbild lässt also auf ein ausgeprägtes Krankheitsgeschehen im Osten schließen, mit wenigen Ausläufern in die restliche

Region (Müller et al., 1998).

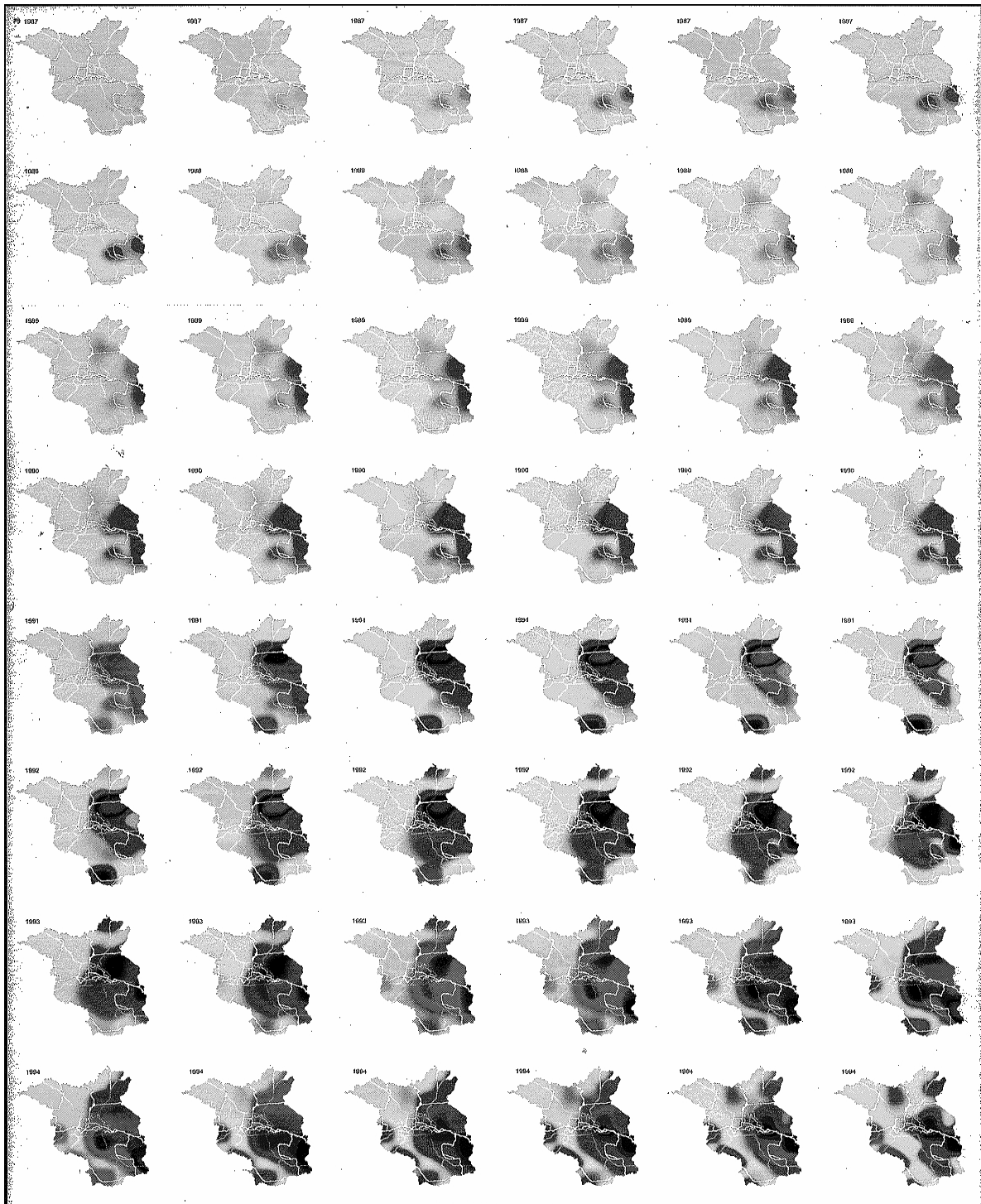


Abb. 2. Abdruck der Einzelbilder des Data Movies. Jede Zeile stellt die Infektionsentwicklung innerhalb eines Jahres dar (1987-1994). Zunehmende Seroprävalenz wird durch dunklere Farben abgebildet.

3.2 Data Movie

In Abb. 2 sind die einzelnen Bilder des Data Movies abgebildet. Das animierte Data Movie wird auf Anfrage von den Autoren zugesandt (Email: hanst@oesa.ufz.de, selhorst@wus.bfav.de, thomas.mueller@wus.bfav.de).

Durch die Betrachtung des Data Movie wird deutlich, dass der scheinbar statische epidemische Fokus eher eine Abfolge von entstehenden und wieder verschwindenden Einzelherden ist. Im einzelnen lassen sich zwei temporäre Zentren beobachten (lokal bis 7% Seroprävalenz), die im südöstlichen Teil entstehen (1987). Bereits ein Jahr später klingt das linke Zentrum wieder aus, dies wird durch die sinkende Seroprävalenz sichtbar. Zur gleichen Zeit entsteht im Nordosten ein neues, dreieckiges Zentrum, das kurze Zeit später ebenfalls wieder abklingt (1989/1990). 1991 entsteht neuerlich ein Zentrum im Süden, und ein letztes 1994, das wiederum im Norden.

4 Diskussion

Muster, die bei der Ausbreitung einer Krankheit entstehen, sind eine reichhaltige Wissensquelle für Ökologie und Epidemiologie (Levin, 1992; Cameron et al., 1997; Durrett & Levin, 2000). Insbesondere die zunehmende Zahl epidemiologischer Studien, die Raum-Zeit-Daten verwenden, unterstreicht die Forderung nach geeigneten Analysemethoden. Exemplarisch seien aktuelle Themen wie die Ausbreitung der Schweinepest (Dijkhuizen, 1999; Elbers et al., 1999), der Maul und Klauenseuche (Sorensen et al., 2000; Durand & Mahul, 2000; Woolhouse et al., 2001; Enserink, 2001), der Tollwutepidemie in europäischen Füchsen (Serokowa, 1968; Wandeler et al., 1974; Sayers et al., 1985; Jeltsch et al., 1997) oder in amerikanischen Waschbären (Moore, 1999; Curtis, 1999), bzw. der epidemiologischen Situation beim Fuchsbandwurm (Tackmann et al., 1998) genannt. Die vorliegende Studie fügt dem ein Beispiel aus der Untersuchung der Ausbreitung des Aujeszky Herpesvirus im Wildschwein hinzu.

Allerdings verwenden die aufgeführten Beispiele ausschließlich traditionelle Verfahrensweisen bei der Datenexploration. Damit sind von vornherein Teile der gesammelten Information nicht mehr zugänglich. Wodurch wird dies verursacht? Jede Datenanalyse startet mit einer Visualisierung des Datenmaterials, um auffallende Muster zu entdecken und dadurch angeregt, passende Hypothesen abzuleiten. Die Hypothesen werden dann mit validierten, epidemiologischen

Methoden evaluiert. Für Raum-Zeit-Daten werden drei traditionelle Zugänge der Visualisierung verwandt: Darstellen der Krankheitsabundanz (Prävalenz) durch einen Balken (Abb. 3), Darstellen der zeitlichen Entwicklung durch Erkrankungszeitreihen, oder Darstellen der räumlichen Krankheitskonfiguration in Karten ('disease mapping'). Epidemiologen sind mit jedem dieser drei Zugänge vertraut. Der gewohnte Umgang mit den traditionellen Methoden ist vermutlich die Ursache dafür, dass dabei meist übersehen wird, dass keine der traditionellen Methoden die Krankheitsausbreitung tatsächlich darstellen kann. Wie schon die Komplexität von Raum-Zeit-Daten zeigt, sind Ausbreitungsprozesse raum-zeitliche Phänomene und müssen als solche simultan in Raum und Zeit visualisiert werden. Obwohl man Raum-Zeit-Daten nacheinander mit jeder der drei traditionellen Methoden analysieren kann, wird dies nie den vollen Einblick in die originalen Daten gewähren können. Mit diesem Beitrag eine Methode illustriert werden, die den gleichzeitigen Zugang zur räumlichen und zeitlichen Information in den Daten ermöglicht. Dabei wird die Datensammlung aus einer Studie zur Verbreitung des Aujeszky Virus in Wildschweinen verwandt.

Die Ausgangsarbeit zur Analyse des behandelten Datensatzes (Müller et al., 1998) hat den traditionellen Weg der Datenexploration beschritten: Seroprävalenz, zeitliche Entwicklung der Seroprävalenz, und räumliche Verteilung der Seroprävalenz. Zu jedem dieser Zugänge findet sich eine entsprechende Visualisierung und eine daraus abgeleitete Hypothese bei Müller et al. (1998). Die Darstellung in diesem Artikel beschränkt sich auf die Diskussion der räumlichen Aussagen aus Müller et al. (1998). Die entsprechende Visualisierung wurde mittels der Seroprävalenz aus jeder abtrennbaren administrativen Einheit (Kreis) vorgenommen. Dazu wurde die Karte des Untersuchungsgebiets kreisweise differenziert eingefärbt, um Unterschiede in der lokalen Seroprävalenz zu verdeutlichen (Abb. 1). Die resultierende Abbildung 1 suggeriert zweifelsohne einen ausgeprägten Krankheitsherd östlich von Berlin der seinerseits in die restliche Region abstrahlt. Diese Hypothese wurde den auch von Müller et al. (1998) untersucht. Nach der statistischen Überprüfung der Kreisunterschiede, wurde ein endemisches Gebiet vor der restlichen Untersuchungsfläche ausgezeichnet.

Nach der Betrachtung der statischen Visualisierung der Daten (Abb. 1) ist die von Müller et al. (1998) vorgenommene Analyse naheliegend und nachvollziehbar. Die Datenvisualisierung prägt die Vorstellung von der betrachteten Ausbreitungsdynamik

und damit die untersuchten Hypothesen. Durch die Abbildung der Daten in einer Karte wird der Betrachter veranlasst in Konzepten zu denken, die statische Krankheitsmuster beschreiben (Focus, Cluster, regulär verteilte Infektionen u.a.). Um diese Erfahrung zusätzlich zu illustrieren: Die Analyse von Müller et al. (1998) wurde mit der Schätzung des Infektionsrisikos bei zunehmendem Abstand vom Infektionsfokus erweitert (Müller et al., unveröffentlicht). Diese Technik wurde in der Literatur im Zusammenhang mit ausstrahlenden Punktquellen entwickelt (z.B. Krebsrisiko um Kernkraftwerke; Bithell & Stone, 1989; Bithell, 1992). Im Falle der Verbreitung des Aujeszky'schen Virus in Wildschweinepopulationen ist aber die notwendige Voraussetzung einer statisch strahlenden Quelle nicht gegeben. Vielmehr musste nach Betrachtung des Data Movies sogar die Hypothese eines fokalen epidemischen Geschehens verworfen werden. Um es aber mit aller Deutlichkeit zu sagen: Die Ursache für die irrtümliche Verwendung der Methode war ausschließlich die unvollständige Visualisierung der Daten. Die statische Abbildung des dynamischen Prozesses ist hier irreführend.

Bei der Visualisierung des identischen Datenbestandes mit der Data Movie Methode werden die Unterschiede schnell sichtbar. Es lässt sich keine kontinuierliche Ausbreitung der Infektion von den initialen Infektionsherden im weiteren Teil des Untersuchungsgebietes beobachten. Vielmehr variieren die Regionen mit der höchsten Seroprävalenz im Verlaufe der Zeit. Die sich bewegenden 'Hot Spots' lassen so den Gedanken an einen festen Fokus gar nicht erst aufkommen. Stattdessen zeigt das Data Movie ein Wechselspiel von lokaler Zunahme der Seroprävalenz und lokalen Abnahmen bei gleichzeitigem Auslaufen in Nachbarregionen. Als Folge veränderte sich die Arbeitshypothese weg von einer statischen 'endemischen Region' (Müller et al., 1998) hin zu einem dynamischen 'Entstehen und Vergehen von einzelnen Infektionsherden'. Verbergen sich also hinter den lokalen Infektionsmaxima unabhängige Ereignisse? Eine solche Betrachtung würde besser zu den beobachteten kurzen Wanderdistanzen von Wildschweinen passen (25 km; Stubbe et al., 1989).

Die ausführlich Prüfung der neuen, durch das Data Movie induzierten Hypothesen ist in der Entwicklung. Im jetzigen Kontext galt es zwei Arbeitshypothesen gegenüberzustellen, um die grundlegende Bedeutung der initialen Visualisierung bei der Beschreibung von Raum-Zeit-Daten zu demonstrieren. Zum Abschluss sei an den eingangs erwähnten Umstand erinnert, dass bei der Präsentation einer

Datenbeschreibung immer zuerst die Visualisierung gezeigt wird. Wie bei der Verbreitung des Aujeszky Virus, wird die Grundvorstellung der Entscheidungsträger durch die vorgestellte Visualisierung bestimmt. Obgleich die statische Abbildung der Prävalenzverteilung in einer Karte nicht grundsätzlich falsch ist, vermag sie nicht, die vollständige Information aus den Rohdaten zugänglich zu machen. Folglich kann die Visualisierung der Daten in einer Karte noch vor der Demonstration des Data Movies irritieren, da dem Entscheidungsträger nur ein Teil der vorhandenen Information über die Krankheitsverbreitung zugänglich gemacht wird.

Eine andere Methode die Daten zu visualisieren wäre die Darstellung der acht originalen Jahreskarten (Grimm, pers. comm.). Tatsächlich war dies die ursprüngliche Verfahrensweise. Allerdings war das Ergebnis völlig unbefriedigend. Die Ausbreitung der Infektion konnte trotz Nebeneinanderstellung der acht Karten nicht beobachtet werden. Die Ausbreitung einer Krankheit ist ein raum-zeitlicher Prozess. Daher muss eine adäquate Darstellung die Daten gleichzeitig im Raum UND in der Zeit sichtbar machen. Dies wird erst durch ein Data Movie möglich.

Wieso vermögen Data Movies eine Visualisierung echter raum-zeitlicher Dynamik und alle anderen Methoden nicht? Die Situation ist in Abb. 3 dargestellt. Die traditionellen Visualisierungstechniken können höchstens drei physische Dimensionen der Daten darstellen. So kann z.B. eine Krankheitskarte (Abb. 1) leicht zweidimensional gedruckt werden, obwohl sie eigentlich drei physische Dimensionen darstellt. Damit ist der Abdruck, die Präsentation und der Austausch der visualisierten Daten ohne Probleme möglich. Weiter oben haben wir aber bereits festgestellt, dass Raum-Zeit-Daten in Wirklichkeit vier physische Dimensionen enthalten (hier: Krankheit, Zeit, x-Ausdehnung und y-Ausdehnung). Vier Dimensionen lassen sich aber nicht mehr in einer konventionellen zweidimensionalen Abbildung zusammenfassen. Um diese Restriktion zu überwinden, bedient man sich solch mangelhafter Lösungen wie in Abbildung 2. Erst das Data Movie vermag hier wirkliche Abhilfe zu schaffen. Denn jetzt bildet die Wahrnehmung des Betrachters die vierte Dimension im Ablauf der Bilder ab. Die Ausbreitung wird simultan in Raum UND Zeit sichtbar und es besteht keine Notwendigkeit mehr Teile der Dateninhalte zu aggregieren.

Allerdings ist der beschriebene Vorteil der Data Movies - dynamisches dynamisch Wahrzunehmen -, nicht gleichbedeutend damit, dass die traditionellen Methoden von geringerem Wert sind. Allein die initiale Betrachtung der untersuchten Daten in einer

vierdimensionalen Darstellung formt die dynamische Vorstellung von dem Prozess. Danach kann die Information in den Daten beliebig aggregiert werden, um spezielle Hypothesen zu prüfen, die aber alle von einem dynamischen Grundkonzept ausgehen. Data Movies erweisen sich somit als sehr hilfreich bei der Suche nach einer adäquaten Beschreibung eines Datensatzes. Eines können allerdings auch Data Movies nicht leisten: Methodische Fehler, statistische Unsicherheiten und Zufallseffekte in den Messungen werden nicht eliminiert. Jedoch entsteht diese Beschränkung durch das Datenmaterial selbst und betrifft jede Explorationsmethode, nicht nur Data Movies.

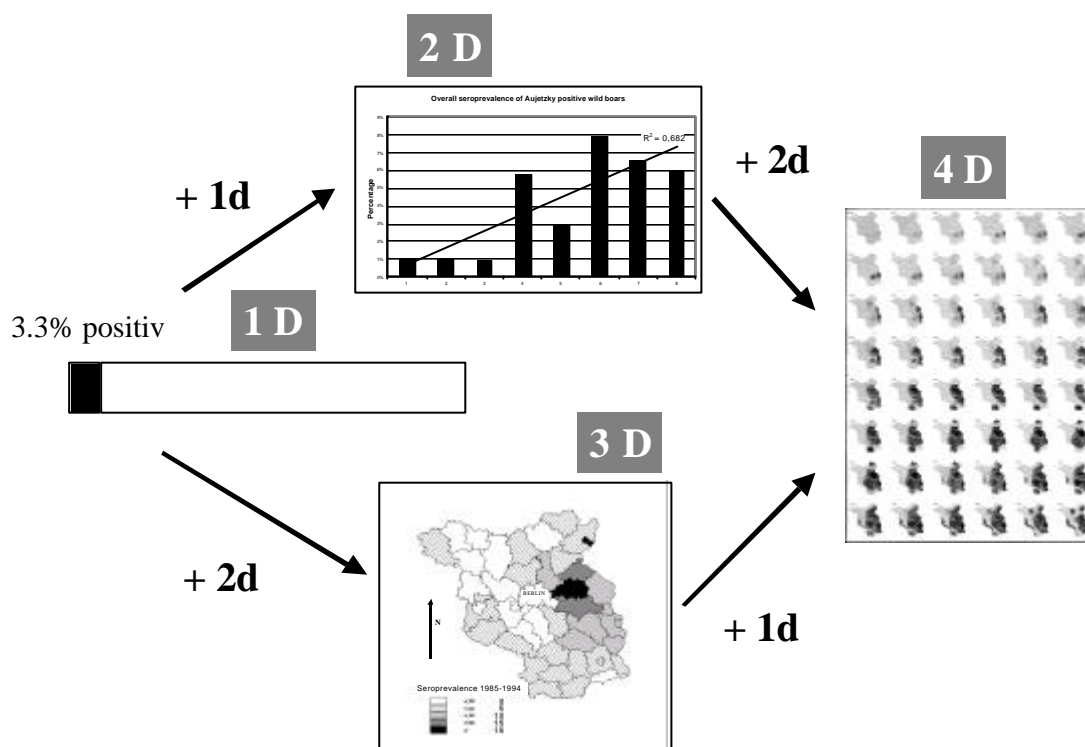


Abb. 3. Schematische Darstellung der Visualisierungsmethoden für Raum-Zeit-Daten (Links: Abundanz Balkendiagramm; Oben: Zeitreihe der Periodenprävalenz; Unten: Karte der Kreisprävalenz; Rechts: Bildweiser Abdruck des Data Movies). Graue Boxen geben die Anzahl der dargestellten physischen Dimensionen an. Pfeile und Zahlen protokollieren die Zunahme in der Dimensionalität zwischen den Methoden.

Die Ausbreitung einer Krankheit ist ein raum-zeitliches Phänomen. Folglich kann man durch die gleichzeitige Darstellung der Daten in Raum UND Zeit wertvolle Einblicke in den Übertragungsprozess gewinnen. Diese Erkenntnisse ebnen ihrerseits den Weg zu einem verbesserten Management der Krankheiten, denn Managementmassnahmen müssen explizit im Raum UND in der Zeit geplant werden.

Ein zusätzliches Argument für die Verwendung von Data Movies ist die leichte Austauschbarkeit als Datenfiles über das Internet. Damit wird die Gesamtinformation in einem Bestand von Raum-Zeit-Daten beliebig oft verfügbar und der Prozess der Hypothesengeneration ideal reproduzierbar. Als Schlussfolgerung empfiehlt sich der routinemässige Einsatz von Data Movies in allen Ökologischen Bereichen.

5 Literatur

- Bithell, J. F. (1992). Statistical methods for analysing point-source exposures. 221-230
- Bithell, J. F. and Stone, R. A. (1989). On statistical methods for analysing the geographical distribution of cancer cases near nuclear installations. *Journal of Epidemiology & Community Health* 43, 79-85
- Cameron, A. R., Sharma, P. and Chamnanpood, P. (1997). Letting maps tell us the full story: Tempero-spatial visualisation of disease outbreak dynamic using a GIS. *Epidémiol. santé anim.* 31-32, 02.A.09
- Curtis, A. (1999). Using a spatial filter and a geographic information system to improve rabies surveillance data. *Emerging Infectious Diseases* 5, 603-606
- Dijkhuizen, A. A. (1999). The 1997-1998 outbreak of classical swine fever in The Netherlands - Preface. *Prev. Vet. Med.* 42, 135-137
- Durand, B. and Mahul, O. (2000). An extended state-transition model for foot-and-mouth disease epidemics in France. *Prev. Vet. Med.* 47, 121-139
- Durrett, R. and Levin, S. (2000). Lessons on pattern formation from planet WATOR. *J. Theor. Biol.* 205, 201-214
- Elbers, A. R. W., Stegeman, A., Moser, H., Ekker, H. M., Smak, J. A. and Pluimers, F. H. (1999). The classical swine fever epidemic 1997-1998 in the Netherlands: descriptive epidemiology. *Prev. Vet. Med.* 42, 157-184
- Enserink, M. (2001). Epidemiology - Intensified battle against foot and mouth appears to pay off. *Science* 292, 410-410
- Harder, R. and Desmarais, R. (1972). Interpolating using surface splines. *Journal of Aircraft* 9, 189-191
- Jeltsch, F., Müller, M. S., Grimm, V., Wissel, C. and Brandl, R. (1997). Pattern formation triggered by rare events: lessons from the spread of rabies. *Proc. R. Soc. Lond. B.* 264, 495-503
- Levin, S. A. (1992). The problem of pattern and scale in ecology. *Ecology* 73, 1943-1967
- Moore, D. A. (1999). Spatial diffusion of racoon rabies in Pennsylvania, USA. *Prev. Vet. Med.* 40, 19-32
- Müller, T., Teuffert, J., Ziedler, K., Possardt, C., Kramer, M., Staubach, C. and Conraths, F. J. (1998). Pseudorabies in the European wild boar from Eastern Germany. *Journal of Wildlife Diseases* 34, 251-258

- Sayers, B. M., Ross, J. A., Saengcharoenrat, P. and Mansourian, B. G. (1985). Pattern analysis of the case occurrences of fox rabies in Europe. 235-254
- Serokowa, D. (1968). The distribution of stationary foci of rabies in wild animals in Poland. *Epidemiol. Rev.* 22, 66-75
- Sorensen, J. H., Mackay, D. K. J., Jensen, C. O. and Donaldson, A. I. (2000). An integrated model to predict the atmospheric spread of foot-and- mouth disease virus. *Epidemiol. Infect.* 124, 577-590
- Stubbe, C., Mehlitz, S., Peukert, R., Goretzki, J., Stubbe, W. and Meynhardt, H. (1989). Lebensraumnutzung und Populationsumsatz des Schwarzwildes in der DDR - Ergebnisse der Wildmarkierung. *Beitr. Jagd- u. Wildforsch.* 16, 212-231
- Tackmann, K., Löschner, U., Mix, H., Staubach, C., Thulke, H.-H. and Conraths, F. J. (1998). Spatial distribution patterns of *Echinococcus multilocularis* (Leuckart 1863) (Cestoda: Cyclophyllidea: Taniidae) among red foxes in an endemic focus in Brandenburg (Germany). *Epidemiol. Infect.* 120, 101-109
- Wandeler, A., Wachendörfer, G., Förster, U., Krekel, H., Schale, W., Müller, J. and Steck, F. (1974). Rabies in wild carnivores in central Europe: I. Epidemiological studies. *Zentralbl. Veterinärmed.* 21, 735-756
- Woolhouse, M., Chase-Topping, M., Haydon, D., Friar, J., Matthews, L., Hughes, G., Shaw, D., Wilesmith, J., Donaldson, A., Cornell, S., Keeling, M. and Grenfell, B. (2001). Epidemiology - Foot-and-mouth disease under control in the UK. *Nature* 411, 258-259