

"VIRUSEPIDEMIOLOGISCHE INFORMATION" NR. 17/20



ZENTRUM FÜR VIROLOGIE
MEDIZINISCHE UNIVERSITÄT WIEN

Für den Inhalt verantwortlich:
Prof. Dr. J. Aberle, Prof. Dr. St. Aberle, Prof. Dr. H. Holzmann,
Prof. Dr. E. Puchhammer, Dr. M. Redlberger-Fritz,
Prof. Dr. L. Weseslindtner
Redaktion:
Dr. Eva Geringer
Zentrum f. Virologie d. Med. Universität Wien
1090 Wien, Kinderspitalgasse 15
Tel. +43 1 40160-65500 Fax: +43 1 40160-965599
e-mail: virologie@meduniwien.ac.at
homepage: www.virologie.meduniwien.ac.at

Im Zeitraum von 11.08.2020 bis 24.08.2020 wurden am Zentrum für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

Cytomegalie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	6								
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	2								

Klin. Auffälligkeiten:

EBV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	6						1		
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	4						1		

Klin. Auffälligkeiten:

FSME	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>									
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	1			2	1	3		8	

Klin. Auffälligkeiten:

Hepatitis B	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

Hepatitis C	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	1	2					1		

Genotypisierung: **Typ 1:** W: 1, NÖ: 1; **Typ 1A:** W: 2; **Typ 1B:** W: 1, NÖ: 1; **Typ 2B:** W: 1; **Typ 3A:** W: 3

Klin. Auffälligkeiten:

Hepatitis D	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

HHV 6	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	3		2						
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal aus Knochenmark

HHV 7	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	2								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

HIV 1	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>									
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	4	2		1	1				1

Klin. Auffälligkeiten:

HPV - high risk	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	55	3	5			4	15		

Klin. Auffälligkeiten:

Noro	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>		1							

Klin. Auffälligkeiten:

Parvo B19	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	2								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal aus Trachealsekret bei Kind post. SZT

Puumala	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>							1		
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>							1		

Klin. Auffälligkeiten:

Rhino Virus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	7	1	13					1	2

Klin. Auffälligkeiten:

direkter Virusnachweis: PCR, Antigen-ELISA, Virusisolierung

serologischer Infektionsnachweis: Antikörper-ELISA, Hämagglutinationshemmtest, Immunfluoreszenztest, Komplementbindungsreaktion, Neutralisationstest

Weitere Informationen zur Virusdiagnostik entnehmen sie unserer Informationsbroschüre:
<https://www.virologie.meduniwien.ac.at/diagnostik/download-informationsbroschuere/>

Epidemiologische Trends: Weiterhin FSME und Rhinovirus-Infektionen.

Die aktuellen Zahlen zu den SARS-CoV-2 Nachweisen in Österreich finden Sie auf der Homepage des Gesundheitsministeriums unter <https://info.gesundheitsministerium.at>

Schweineinfluenzaviren mit Pandemie-Potenzial?

Karin Stiasny

Während die COVID-19-Pandemie nach wie vor die Welt in Atem hält, wurden in Schweine-Betrieben in China und Europa neue Influenzavirus-Stämme beschrieben, die möglicherweise den Sprung vom Tier auf den Menschen schaffen könnten (Sun et al, 2020. PNAS 117, 17204-17210; Henritzi et al, 2020. Cell Host and Microbe 28, 1-14). Schweine sind ausgezeichnete Wirte für die Vermehrung und genetische Vermischung von Influenzaviren, die aus Vögeln, Schweinen oder Menschen stammen, und können dadurch eine wichtige Rolle bei der Entstehung neuartiger Erreger spielen.

In der chinesischen Studie konzentrierten sich die Forscher auf ein neues Virus mit der Bezeichnung G4 EA H1N1, das Gene von drei verschiedenen Influenzaviren enthält: 1) Einem nahen Verwandten von Vogelinfluenzaviren, die in europäischen und asiatischen Vögeln vorkommen; 2) dem humanen H1N1-Virus, das die Pandemie 2009 verursacht hat und jetzt als saisonales Virus zirkuliert (H1N1 pdm/09); und 3) einem nordamerikanischen H1N1-Virus, mit Genen aus Influenzaviren von Vögeln, Menschen und Schweinen. Im Zeitraum 2011-2018 wurden ca. 30.000 Nasen-Abstriche von symptomlosen Schweinen in Zuchtbetrieben und 1.000 Abstriche von Schweinen mit respiratorischen Symptomen durchgeführt und virologisch analysiert. In Summe identifizierten die Wissenschaftler 179 verschiedene Schweinegrippeviren. Das G4-Virus verzeichnete seit 2016 einen starken Anstieg in den Schweinepopulationen Chinas und ist jetzt der vorherrschende Genotyp, der in mindestens 10 chinesischen Provinzen nachgewiesen wurde.

Laut FAO (Food and Agricultural Organization der UNO) leben in China rund 500 Millionen Schweine, die ein riesiges Reservoir für die Entstehung neuer Influenzaviren darstellen. Obwohl Schweineinfluenzaviren Menschen relativ häufig infizieren, findet eine weitere effiziente Mensch-zu-Mensch-Übertragung (was für eine pandemische Ausbreitung notwendig wäre)

üblicherweise nicht statt. Auch das G4-Virus verhält sich nach diesem Muster, mit vereinzelt humanen Infektionen ohne Weitergabe des Virus an andere Personen. Allerdings bietet jede Infektion eines Menschen dem Virus die Möglichkeit Mutationen zur besseren Adaptierung zu erwerben, und der intensive Kontakt zu Schweinen erhöht daher die Chance für die Entstehung neuer pandemischer Influenzaviren des Menschen.

Auch in Europa zirkulieren in Schweinebetrieben Influenzaviren mit ähnlichen Eigenschaften, wie die zweite oben angeführte Studie zeigte. Bei der Überwachung von rund 2.500 europäischen Schweinebetrieben und der Analyse von ca. 18.000 Einzelproben fanden die Wissenschaftler, dass in mehr als 50% der untersuchten Betriebe bis zu vier verschiedene Hauptlinien der Schweineinfluenzaviren ganzjährig zirkulierten. So wie in China waren in Europa neue Varianten durch genetische Neusortierungen mit dem saisonalen humanen H1N1 Virus pdm/09 entstanden, und bei einigen dieser Viren wurden erste Anpassungen für den Artensprung auf den Menschen entdeckt. Die immanente Gefahr der Entstehung neuer, für den Menschen bedrohlicher Influenzaviren ist daher keineswegs auf China beschränkt, und das letzte Influenza-Pandemievirus (H1N1 pdm/09) ist in Mexiko entstanden.

Prognosen, ob bei den neu beschriebenen Schweineinfluenzaviren tatsächlich jene Mutationen passieren werden, die zu einer effizienten Mensch-zu-Mensch-Übertragung und damit zu einem neuen potenziellen Pandemievirus führen, sind nicht möglich. Entscheidend ist ja nicht nur die gute Übertragbarkeit, sondern auch die fehlende Immunität in einem großen Segment der Bevölkerung, die eine starke Virusausbreitung erst ermöglicht, wie wir sie jetzt bei der COVID-19-Pandemie erleben. Glücklicherweise (und im Gegensatz zu SARS-CoV-2 und zur COVID-19-Pandemie) stehen bei Influenzaviren jedoch antivirale Medikamente (Neuraminidase- und Polymerase-Hemmer) zur Verfügung, die gegen die verschiedenen Schweineinfluenzaviren getestet werden und zumindest z.T. wirksam sein sollten. Auch die Entwicklung eines Impfstoffs könnte auf der Basis jahrzehntelang erprobter Technologien wesentlich schneller erfolgen.

Die chinesische Gesundheitsbehörde CDC hat bereits einen Prototyp-Impfstoff-Kandidaten entwickelt, der große Ähnlichkeiten zu G4 aufweist und in Studien auf Kreuz-Reaktivität bzw. Kreuz-Protektion untersucht wird.

Jedenfalls ist Vorsicht geboten, und die WHO hat gemeinsam mit anderen internationalen und nationalen Gesundheitsinstitutionen ein weltweites Überwachungssystem etabliert, an dem auch unser Zentrum beteiligt ist. Damit wird sichergestellt, dass das Auftreten neuer, auf den Menschen übertragbarer Influenzaviren im bekannten tierischen Reservoir rechtzeitig erkannt wird und eine beginnende Influenza-Pandemie schon im Ansatz bekämpft werden kann.