



Für den Inhalt verantwortlich:
Prof. Dr. J. Aberle, Prof. Dr. St. Aberle,
Prof. Dr. E. Puchhammer, Doz. 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

Wildtiermärkte: Ein El Dorado für Viren

Iris Medits

Der Ursprung des neuen SARS-Coronavirus-2 (SARS-CoV-2) beschäftigt nach zwei Jahren Pandemie immer noch die Forschungswelt. Es wird angenommen, dass das Virus von Tieren über zumindest einen Zwischenwirt auf den Menschen übertragen wurde. Aktuelle Studien, die noch nicht begutachtet sind, weisen auf eine zentrale Rolle des Huanan-Wildtiermarktes in der chinesischen Stadt Wuhan als Epizentrum des Ausbruchs hin. Die Genomanalysen in Verbindung mit epidemiologischen Daten beweisen zwar nicht, dass dieser Markt auch der Ursprungsort von SARS-CoV-2 ist, unterstreichen aber die Hypothese der zoonotischen Ausbreitung und verdeutlichen das Potential von artenübergreifenden Übertragungen im Zusammenhang mit dem Handel und dem Verzehr von lebenden Tieren (Worobey et al.: The Huanan market was the epicenter of SARS-CoV-2 emergence. 2022.; Pekar et al.: SARS-CoV-2 emergence very likely resulted from at least two zoonotic events. 2022.; Gao et al.: Surveillance of SARS-CoV-2 in the environment and animal samples of the Huanan Seafood Market. 2022.).

Wie groß diese Gefahr ist, die von Wildtiermärkten ausgeht, zeigt eine weitere aktuelle Studie aus China, die kürzlich in der Fachzeitschrift Cell erschienen ist (He et al.: Virome characterization of game animals in China

reveals a spectrum of emerging pathogens. Cell. 2022). Die Daten zeigen eine bisher unbekannte virale Vielfalt unter Wildtieren auf, die in China auf Wildtiermärkten zu finden ist und das Potential für weitere Pandemien birgt. Die Forscher untersuchten mehr als 1900 Tiere, die 18 verschiedenen Säugetierarten angehören. Viele dieser Arten wurden auf dem Huanan-Markt in Wuhan zum Verkauf angeboten, darunter auch Zibetkatzen, die mit dem Auftreten von SARS-CoV im Jahr 2002/2003 in Verbindung gebracht wurden. Die meisten Proben stammten von Tieren in Zuchtanlagen, die Tiermärkte und Zoos beliefern, aber einige wurden auch aus den natürlichen Lebensräumen gewonnen. Mithilfe spezieller Genomanalysen wurden 102 Virusarten aus 13 verschiedenen Virusfamilien identifiziert, wobei 65 davon zuvor noch nie beschrieben wurden. 21 wurden als potenziell hochgefährlich für Menschen und Haustiere eingestuft.

Diese Analysen brachten zwar keine Hinweise zum tierischen Ursprung von SARS-CoV-2, aber die Arbeit identifizierte andere Coronaviren. Im Igel wurden MERS (Middle East Respiratory Syndrome) -ähnliche Viren detektiert, in Übereinstimmung mit früheren Studien. Vier in Waschbären entdeckte Coronaviren sind zu 94% mit jenen Coronaviren ident, die kürzlich in Malaysia und Haiti zu Infektionen beim Menschen geführt hatten. Weitere Ergebnisse deuten auch auf artenübergreifende Übertragung zwischen den Tieren hin. So wurde zum Beispiel das Coronavirus HKU17, das normalerweise mit Vögeln assoziiert ist, bei Stachelschweinen identifiziert oder das Coronavirus HKU8, das ursprünglich von Fledermäusen bekannt ist, bei Zibetkatzen nachgewiesen. Diese Daten zeigen nicht nur wie groß das Wirtsspektrum von Coronaviren ist, sondern auch wie schnell es sich in relativ kurzer Zeit verbreitern kann, wodurch die Gefahr von Zoonosen durch Wildtiere wächst.

Zusätzlich entdeckten die Forscher auch verschiedene Influenzaviren, eine weitere Virusfamilie mit Pandemiepotential. Die Autoren schreiben,

dass Zibetkatzen und asiatische Dachse Träger des H9N2-Virus sind, ein Influenza-A-Virus, das bei Hühnern und Enten immer häufiger auftritt. Einem Bericht vom Februar 2020 zufolge gab es bisher wenige Fälle von H9N2-Infektionen beim Menschen; die Prävalenz bei Mitarbeitern von Lebendgeflügelmärkten in China ist aber steigend. Das Virus kann derzeit nicht effizient von Mensch zu Mensch übertragen werden, die Vermehrung in anderen Säugetieren und jede Infektion des Menschen erhöht allerdings das Risiko von Mutationen, die dem Virus die Möglichkeiten geben, sich anzupassen.

Weitere in der Arbeit detektierte Viren, wie z.B. Influenza B Virus, Norovirus oder Humanes Parainfluenzavirus 2, von denen man bisher annahm, dass sie für den Menschen spezifisch sind, wurden in einer Reihe von Wildtieren zum ersten Mal nachgewiesen.

Die Daten dieser Studie zeigen einmal mehr die virale Vielfalt im Tierreich inklusive der potentiellen Übertragung auf andere Tierarten und den Menschen. Der enge Kontakt zwischen Menschen und Tieren erhöhen das Infektionsrisiko. Um die Gefahr von neuen Zoonose-Erkrankungen zu minimieren, sind strenge Standards im Wildtierhandel und eine kontinuierliche Überwachung das präventive Mittel.