

"VIRUSEPIDEMIOLOGISCHE INFORMATION" NR. 17/22



ZENTRUM FÜR VIROLOGIE
MEDIZINISCHE UNIVERSITÄT WIEN

Für den Inhalt verantwortlich:
Prof. Dr. J. Aberle, Prof. Dr. St. Aberle,
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 09.08.2022 bis 22.08.2022 wurden am Zentrum für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

Adeno	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>			2					1	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	2 mal Doppelinfektion mit Enterovirus, 1 mal Doppelinfektion mit Parainfluenza 1								

Cytomegalie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	6					1			
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	2								
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	1 mal Vierfachinfektion mit HSV 1, HSV 2 und EBV, 1 mal Doppelinfektion mit EBV, 1 mal in Gravidität (SSW 31)								

Dengue	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>					1				1
<i>serolog. Virusnachweis:</i>					1				
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	1 mal nach Aufenthalt in Kuba								

EBV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	4	1							
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	5		1	1			1		
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	1 mal Vierfachinfektion mit HSV 1, HSV 2 und CMV, 1 mal Doppelinfektion mit CMV								

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

Klin. Auffälligkeiten: 2 mal Doppelinfektion mit Adenovirus, 1 mal Doppelinfektion mit HHV 7, 1 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Genotypisierung: **Typ 1A:** W: 1; NÖ: 1; **Typ 1B:** W: 4; OÖ: 1; **Typ 3A:** W: 1

Klin. Auffälligkeiten:

Herpes simplex	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
HSV1 direkter Virusnachw	3								
HSV2 direkter Virusnachw	2								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Vierfachinfektion mit HSV1, HSV2, EBV und CMV, 1 mal HSV 2 aus Liquor

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

Klin. Auffälligkeiten:

HHV 7	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	4								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Enterovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

HPV - high risk	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	14		3			4	6		

Klin. Auffälligkeiten:

Noro	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	2								

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Norovirus 2

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Parainfluenza 1 und Doppelinfektion mit Adenovirus, 1 mal Parainfluenza 2, 1 mal Parainfluenza 3

Parvo B19	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal aus Liquor

Rhino Virus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>						4	1	1	

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Enterovirus

VZV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	14								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

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

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: Der Jahreszeit entsprechend, gehäufter Nachweis von FSME- und Enterovirus Infektionen

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

Die globale Klimaerwärmung, ein Risiko für neue Viruserkrankungen im Menschen

Hannes Vietzen

Die meisten Pandemien, von denen die Menschheit bis dato heimgesucht wurde waren Zoonosen – Infektionskrankheiten, die von Wirbeltierpopulationen auf den Menschen übertragen wurden. Die globalen Auswirkungen der aktuellen SARS-CoV-2 Pandemie beschleunigten in der letzten Zeit die Anstrengungen das Auftreten neuer Zoonosen möglichst genau vorherzusagen, neue Erreger möglichst rasch zu identifizieren und Mensch-zu-Mensch Übertragungen möglichst frühzeitig zu unterbinden. Basierend auf Studiendaten geht man derzeit von mehr als 10.000 viralen Erregern aus, die bis zum heutigen Tag meist unbemerkt unter verschiedensten wild lebenden Wirbeltierpopulationen zirkulieren, Menschen jedoch infizieren könnten und durch eine anschließende Mensch-zu-Mensch Übertragung das Potential haben, eine Pandemie zu verursachen (Carlson et. al, 2019, Nature Ecology & Evolution). Ob es nun tatsächlich zu einem Spillover von den wild lebenden Tieren auf den Menschen kommt, hängt einerseits vom Kontakt zwischen den Tierpopulationen untereinander und andererseits vom Kontakt der tierischen Reservoirs mit dem Menschen ab. Als ein Hotspot solcher Spillover wurden Wildtiermärkte identifiziert, in denen sich infizierte Wildtiere und Menschen räumlich sehr nahekomen (siehe auch VEI: 06/22).

In einer kürzlich erschienenen Studie (Carlson et al., 2022, Nature) zeigen die Autor:innen, dass der globale, von Menschen verursachte Klimawandel zu einer wesentlich höheren Frequenz von solchen Spillovers beitragen könnte. Das Jahr 2020 war nicht nur mit der globalen Ausbreitung des SARS-CoV-2-Virus assoziiert, sondern wies auch die zweihöchste global gemessene Jahresdurchschnittstemperatur auf und war in der nördlichen Hemisphäre gar das wärmste Jahr seit Beginn der regelmäßigen Temperaturmessungen. Daraufhin stellten sich die Autor:innen die zentrale Frage, ob das neue Auftreten von Krankheitserregern und der vom Menschen verursachte Klimawandel, miteinander zusammenhängen. Dabei stützen sie sich auf eine

Reihe von Simulationsmodellen, mit denen sie unter den Bedingungen des Klimawandels mögliche Hotspots künftiger viraler Ausbreitungen bis zum Jahr 2070 errechneten. Um ihre Vorhersagen möglichst realitätsnah zu treffen, kombinierten die Wissenschaftler:innen Modelle der Virusübertragung und der Artenverteilung unter verschiedenen Klimaszenarien. Sie erstellten Modelle zur Verteilung von über dreitausend wild lebender Säugetierarten, um vorherzusagen, in welche für sie geeignetere Lebensräume Säugetiere bei der Erwärmung der Erde migrieren werden. Ein Modell zur Virusübertragung errechnete anschließend die Wahrscheinlichkeit, dass ein Virus zum ersten Mal zwischen Arten überspringt.

Die Simulationen zeigen eindeutig, dass steigende Temperaturen Säugetiere dazu veranlassen werden in neue Gebiete vorzudringen. Dort werden sie mit Arten zusammentreffen, denen sie bisher noch nicht begegnet sind und das führt sehr wahrscheinlich zum neuartigen Austausch von potentiellen Krankheitserregern. Vor allem in höheren, kühleren Lagen, aber auch in Regionen mit hoher biologischer Vielfalt oder hoher menschlicher Bevölkerungsdichte in Südostasien, Afrika und Europa werden, den Prognosen zufolge, bis 2070 bis zu 4.000 artenübergreifende Übertragungsevents stattfinden. In den Modellen der Studie spielten vor allem Fledertiere eine Schlüsselrolle bei der verstärkten Verbreitung von Viren. Fledertiere stehen schon lange im Fokus der Forschung, weil sie nicht nur eine Vielzahl von Viruserregern beherbergen, sondern weil die geflügelten Säugetiere auch in der Lage sind, schnell auf veränderte Umweltbedingungen zu reagieren und in neue geographische Regionen zu migrieren.

Diese Studie ist wohl die erste, die einen steigenden Austausch von Krankheitserregern auf Grund der globalen Erwärmung und der Verschiebung der Lebensräume von Wildtieren vorhersagt. Aus dieser Studie geht allerdings nicht hervor, zu wie vielen zoonotischen Spillovers auf den Menschen es schlussendlich kommen wird, denn für Übertragungen auf den Menschen spielt, neben ökologischen Aspekten, auch das komplexe humane sozioökonomische Umfeld eine Rolle. In Anbetracht der vielen

Unwägbarkeiten, verzichteten die Autor:innen darauf, die Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Krankheitserregern in menschlichen Populationen zu quantifizieren. Auf Grund der stark steigenden Kontakte unterschiedlicher Wildtiere scheint es jedoch plausibel, dass verstärkt neue Erreger in menschliche Populationen eingetragen werden.

Unglücklicherweise ist diese gewaltige ökologische Transition laut den Autor:innen der Studie bereits im vollen Gange und unter den gegenwärtigen Bedingungen findet ein Großteil der Übertragungen zwischen den Jahren 2011 und 2040 statt. Auch würde laut den Modellen der Studienautor:innen selbst eine mäßige globale Erwärmung von weniger als 2 °C gegenüber den vorindustriellen Temperaturen in ähnlich vielen Übertragungsevents resultieren. Die Ergebnisse dieser Studie unterstreichen die globale Notwendigkeit für die öffentliche Gesundheit Frühwarnsysteme zur Entdeckung und Überwachung von Viren in Wildtieren zu etablieren und auszubauen.

Dass klimatische Veränderungen zu einem erhöhten Spillover von Zoonosen auf den Menschen führen könnten, zeigt schlussendlich ein Blick in die Vergangenheit. Die zweite Pestepidemie, ausgelöst durch das Bakterium *Yersinia pestis*, suchte Europa seit 1347 für vier Jahrhunderte in Wellen heim. *Yersinia pestis* war zunächst in asiatischen Nagetierreservoirs endemisch, sprang jedoch mehrmals auf menschliche Populationen über. In einer 2015 publizierten Studie (Schmid et. al, 2015, PNAS) konnte erstmals gezeigt werden, dass die Klimaschwankungen der „Kleinen Eiszeit“ (frühes 15-19 Jhd.) eben jene infizierten Nagetiere zu einer verstärkten Migrationsbewegung trieb und dadurch Kontakte mit der lokalen Bevölkerung drastisch erhöht wurden. Durch die dadurch auftretenden Spillover wurde der „Schwarze Tod“ kontinuierlich nach Europa reimportiert und forderte hier Millionen von Menschenleben.