

"VIRUSEPIDEMIOLOGISCHE INFORMATION" NR. 21/23



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 10.10.2023 bis 23.10.2023 wurden am Zentrum für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

Adeno	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	8		1			6			
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	3 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus								

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

Corona	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>		1							
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	1 mal Corona OC43								

Cytomegalie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	12								
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	2								
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

Dengue	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	2				1				
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	1				1				
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

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

Klin. Auffälligkeiten:

Entero / Coxackie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	6	3	2	1		1		1	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	2	1							

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Herpes simplex	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
HSV1 direkter Virusnachw	2		1						
HSV2 direkter Virusnachw	1								
<i>serolog.</i> <i>Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

HHV 7	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	2		1						
<i>serolog.</i> <i>Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

HPV - high risk	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1	4	4			1	6		

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: H3: 1, H1: 1

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Parainfluenza 2, 3 mal Parainfluenza 4, 2 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Rhino Virus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	43	9	13	10	13	29	3	13	

Klin. Auffälligkeiten: 7 mal Doppelinfektion mit SARS-CoV-2, 3 mal Doppelinfektion mit Adenovirus, 2 mal Doppelinfektion mit Parainfluenzavirus, 1 mal Doppelinfektion mit Enterovirus, 1 mal Doppelinfektion mit Parechovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

VZV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	3								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	4						3		

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:

Weiterer Anstieg der Nachweise von Rinoviren und SARS-CoV2, daneben auch wieder von Enteroviren.

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

Aktuelle Situation zur Vogelgrippe

Monika Redlberger-Fritz

Die Influenza A Viren des Menschen machen nur einen sehr kleinen Anteil der weltweit zirkulierenden Viren dieses Typs aus, für den vor allem ein riesiges natürliches Reservoir in wilden Wasservögeln besteht. Wie alle Influenza A Viren besitzen diese Vogelgrippe Viren (Aviäre Influenza Viren, auch Erreger der Geflügelpest genannt) ein segmentiertes RNA Genom und werden anhand ihrer beiden wichtigsten Oberflächenproteine (Hämagglutinin H und Neuraminidase N) in verschiedene Subtypen unterteilt. H1 bis H16 und N1 bis N9 kommen endemisch in Vögeln vor, weitere Subtypen wurden in Fledermäusen gefunden. Durch ihre segmentierte RNA können bei zeitgleicher Infektion einer Wirtszelle mit zwei unterschiedlichen Influenzaviren genetische Reassortierungen stattfinden und somit neue Subtypen, wie z.B. H5N1, H5N6, H9N2 entstehen. Dieser Mechanismus war auch für die Entstehung der Pandemien des Menschen, der Spanischen Grippe 1918 (H1N1), der Hong Kong Grippe 1957 (H2N2), der Asiatischen Grippe 1967 (H3N2) und der Pandemie 2009 (H1N1pdm09) verantwortlich.

Vogelgrippe Viren können in niedrig-pathogene (wenig krankmachende, Low Pathogenic Avian Influenzavirus LPAI) und hoch-pathogene (stark krankmachende, Highly Pathogenic Avian Influenzavirus HPAI) Formen unterteilt werden. HPAI der Subtypen H5, H7 oder H9, haben bei Zuchtgeflügel (etwa Hühnern oder Puten) in der Vergangenheit immer wieder zu hohen Verlusten im Bestand („Geflügelpest“) und bei Wildvögeln zu einem Massensterben in deren Kolonien geführt.

Die Übertragung der Vogelgrippeviren auf den Menschen ist sehr selten und erfolgt durch engen Kontakt mit einem infizierten Tier. In manchen Fällen können diese Infektionen allerdings schwer verlaufen oder zum Tod führen. Seit 2003 wurden der WHO weltweit 880 Fälle von Influenza A(H5N1), davon 460 Todesfälle gemeldet, bei den Subtypen A(H9N2) waren es seit 1998 127 Infektionen und 2 Todesfälle und bei A(H5N6) seit 2014 88 Fälle mit 34 Todesfällen (1). Glücklicherweise haben sich diese Viren bisher nicht weiter an die Vermehrung im Menschen adaptiert und insbesondere nicht die Fähigkeit erworben, von Mensch zu Mensch übertragen zu

werden. In diesem Fall wäre die Gefahr einer neuerlichen Pandemie des Menschen sehr groß.

Die Bedrohung durch Vogelgrippeviren geht vor allem von ihrem Potential aus, sich weltweit in wildlebenden Vögeln, Zuchtgeflügel bzw. auch Säugetieren zu verbreiten. Eines der besten Beispiele hierfür ist das Influenza A(H5N1) Virus. Dieser Subtyp führte 1997 erstmals in Hong Kong zu einem großen Vogelgrippe Ausbruch. In weiterer Folge breitete sich H5N1 in den Wildvögeln durch den Vogelzug weltweit aus und verursachte immer wieder räumlich und zeitlich begrenzte Epidemien.

In der Regel kamen und gingen diese Ausbrüche in den Wildvögeln mit dem Vogelzug, d.h. man konnte v.a. in den Frühlings- und Herbst-Monaten eine verstärkte Aktivität von A(H5N1) beobachten. Während dieser epidemischen Wellen in Wildvögeln erfolgten auch immer wieder sporadische Übertragungen des Virus auf Vogelzuchtbetriebe, die nur durch Keulung aller Tiere und anschließende Desinfektion wieder nutzbar gemacht werden können.

Die Situation verschärfte sich im Jahr 2021 mit dem Auftreten eines neuen Genotyps des A(H5N1) Virus (clade 2.3.4.4b) der sich massiv in Wildvögeln ausbreitete und seither weltweit die bisher größte jemals dokumentierte Vogelgrippewelle verursacht. Die Virusaktivität kommt mittlerweile auch während der Sommer und Wintermonate nicht mehr zum Erliegen, und Wildvögel stecken immer häufiger auch Nutzgeflügel wie Enten und Gänse an. Beunruhigenderweise infiziert HPAI A(H5N1) clade 2.3.4.4b auch Säugetiere, wodurch eine weitere Adaptierung in Richtung Infektion des Menschen und Mensch-zu-Mensch Übertragung als wahrscheinlicher betrachtet werden muss. Mittlerweile wurde das Virus bei mehr als 45 Säugetierarten sowohl in Wildtieren als auch in Zuchtbetrieben nachgewiesen (Siehe Tabelle). Auch Haustiere bleiben davon nicht verschont, wie eine Häufung von infizierten Hauskatzen in Polen zeigt. Das Virus ist auch für Massensterben von Seelöwen und Seehunden vor der amerikanischen Küste verantwortlich und wurde bereits auf den Galapagosinseln nachgewiesen. Mit 23.10.2023 konnte das Virus erstmals auch in Vögeln der Antarktis nachgewiesen werden. Dies gibt nun Grund zur Sorge, dass sich das Virus weiter ausbreiten wird und zu einer massiven Reduktion der dort ansässigen Tierwelt führen könnte.

Bemerkenswert ist, dass während eine HPAI A(H5N1) Infektion bei den meisten Vögeln hauptsächlich den Gastrointestinaltrakt und bei manchen Vogelarten den Respirationstrakt befällt, viele Säugetierarten hauptsächlich neurologische Symptome (Enzephalitis) zeigen.

Da das Virus bei direktem Kontakt mit infizierten Vögeln auch auf den Menschen übertragen werden kann, wird vor allem Personen mit engen Kontakt zu (Wild-)Vögeln (Mitarbeiter in Zuchtbetrieben, Jäger etc) daher die Grippeimpfung nachdrücklich empfohlen. Wenn genannte Personen an einer Grippe-symptomatik leiden, soll eine labordiagnostische Abklärung in Bezug auf Influenza durchgeführt und bei einem positiven Testergebnis eine Subtypisierung des identifizierten Influenzavirus veranlasst werden.

Durch den derzeit stattfindenden Vogelzug wird auch die Anzahl der Einschleppungen nach Europa durch Wildvögel weiter zunehmen. Daher werden Vogelgrippefälle bei Vögeln und Tieren weltweit überwacht (2,3). Das European Centers for Disease Control and Prevention (ECDC), führt, basierend auf aktuellen Daten, regelmäßig Risikobewertungen durch. Das Risiko für die Öffentlichkeit in Europa ist derzeit gering; für Arbeitnehmer und andere Personen, die mit potenziell infizierten kranken und toten Vögeln und Säugetieren in Kontakt kommen, besteht ein geringes bis mäßiges Risiko (4).

Es ist bedauerlich, dass wir trotz jahrzehntelanger Erfahrung mit Influenza Pandemien und damit einhergehender extensiver Forschungstätigkeit nach wie vor nicht in der Lage sind, die kritischen Parameter der im Tierreich zirkulierenden Influenza Viren kombiniert mit der existierenden menschlichen Immunität in einer solchen Weise beurteilen zu können, dass eine Vorhersage von Pandemien des Menschen möglich wäre. Verantwortlich dafür ist die überaus komplexe Ökobiologie des Influenza A Virus, deren Regeln wir in Bezug auf Adaptierung an den Menschen nach wie vor nicht ausreichend verstehen. Umso bedeutender ist die intensive Überwachung der globalen Zirkulation von Influenza A Viren und die weitere Erforschung der Mechanismen des Überspringens von Spezies-Barrieren und der Adaptierung an den Menschen.

**Tabelle: Vogelgrippefälle A(H5) Clade 2.3.4.4b in Säugetieren 2016-2023
(auszugsweise aus: EFSA Journal 2023;21(10):8328)**

Tierart	Land
Schwein	Italien
Polarfuchs	Finnland
Buschhund	UK
Maderhund	Finnland, Japan
Koyote	USA
Hund	Kanada, Italien
Japanischer Maderhund	Japan
Rotfuchs	Belgien, Kanada, Dänemark, Estland, Finnland, Frankreich, Deutschland, Irland, Italien, Japan, Lettland, Niederlande, Norwegen, UK, USA, Schweden
Leopard	USA
Tiger	USA
Rotluchs	USA
Karkal	Polen
Katze	Kanada, Frankreich, Italien, Korea, Polen, USA
Löwe	Peru
Luchs	Finnland
Puma	USA
Stinktief	Kanada, USA
Steinmarder	Niederlande
Otter	Niederlande, Finnland
Dachs	Niederlande
Baumarder	Deutschland
Iltis	Belgien, Niederlande
Frettchen	Belgien, Slowenien
Fischkatze	USA
Meeresotter	Chile
Fluss Otter	USA, Chile
Ohrenrobben	Russland, Peru, Uruguay, Argentinien, Chile
Seehunde/Seelöwen	Russland, Kanada, Deutschland, Niederlande, Polen, UK, USA, Argentinien
Waschbär	Kanada, USA
Nasenbär	Deutschland, Uruguay
Schwarzbär	Kanada, USA, Frankreich
Braunbär	USA
Grizzlybär	USA
Delphin	Peru, USA, Chile, UK, Kanada
Schweinswal	Chile, Schweden, UK
Opossum	USA

Referenzen:

- (1) EFSA Journal Vol 21, Issue 10, Avian influenza overview June – September 2023,
<https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2023.8328>).
- (2) https://www.verbrauchergesundheit.gv.at/tiere/faq/faq_ai.html
Was soll ich tun, wenn ich einen toten Vogel finde? Jeder Fund von toten Wasservögeln oder toten Greifvögeln ist unverzüglich der Bezirksverwaltungsbehörde zu melden. Die amtliche Tierärztin bzw. der amtliche Tierarzt wird dann gegebenenfalls die Bergung verendeter Wasser- oder Greifvögel veranlassen und diese an das nationale Referenzlabor, die Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES) einsenden.
- (3) <https://www.ages.at/mensch/krankheit/krankheitserreger-von-a-bis-z/vogelgrippe#c6138>
- (4) <https://www.ecdc.europa.eu/en/infectious-disease-topics/z-disease-list/avian-influenza/threats-and-outbreaks/risk-assessment-h5>