



ZENTRUM FÜR VIROLOGIE
MEDIZINISCHE UNIVERSITÄT WIEN

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

Erstmaliger Nachweis von Alongshan-Virus in Österreich

David FLORIAN

Neue virologische Erkenntnisse zeigen, dass Zecken eine deutlich größere Vielfalt an Viren übertragen, als bislang angenommen wurde. Neben den bekannten Erregern FSME-Virus und Krim-Kongo-hämorrhagisches-Fieber-Virus wurden in den vergangenen Jahren zahlreiche weitere Viren identifiziert, deren Bedeutung für den Menschen noch weitgehend ungeklärt ist. Dass neu entdeckte zeckenübertragene Viren durchaus klinisch relevant sein können, zeigt das Virus des Schweren Fiebers mit Thrombozytopenie-Syndrom (SFTS). Seit seiner Erstbeschreibung im Jahr 2012 wurden in China bereits mehr als 13.000 bestätigte Erkrankungsfälle registriert. Aufgrund einer Letalität von bis zu 30 % wurde SFTS dort im Juni diesen Jahres als meldepflichtige Erkrankung eingestuft.

Zu den neu entdeckten zeckenübertragenen Viren zählen auch die sogenannten Jingmen-Viren. Sie wurden nach ihrem ersten beschriebenen Vertreter, dem Jingmen-Tick-Virus, benannt. Obwohl sie genetische Ähnlichkeiten mit den Flaviviren aufweisen, unterscheiden sie sich von diesen grundlegend, da ihr Genom aus vier verschiedenen RNA-Segmenten besteht. Zu dieser Virusgruppe gehört auch das Alongshan-Virus. Es wurde erstmals im Jahr 2017 in Alongshanzhen, einem Dorf im Norden Chinas, aus einem Patienten mit FSME-artiger Erkrankung isoliert (Wang et al., NEJM, 2019). In der Folge wurde das

Alongshan-Virus bei 85 weiteren Patienten nach einem Zeckenstich nachgewiesen. Die Betroffenen entwickelten überwiegend unspezifische Symptome, wie Fieber, Kopfschmerzen und ausgeprägte Müdigkeit. Bei einem Teil der Patienten wurde zudem von neurologischen Symptomen bis hin zum Koma berichtet.

Nach seinem Erstnachweis in China wurde das Alongshan-Virus auch in Zecken aus Russland, Finnland, Deutschland, Frankreich, der Schweiz sowie zuletzt auch in Polen, Großbritannien und Italien nachgewiesen. Trotz dieser weiten geographischen Verbreitung gibt es bisher in Europa noch keine Berichte über Infektionen des Menschen.

In einer vor Kurzem publizierten Studie untersuchte unsere Forschungsgruppe, ob das Alongshan-Virus auch in Österreich vorkommt. In Zusammenarbeit mit der AGES wurden dazu 4800 Zeckenproben sowie etwa 2000 Patientenproben getestet. Das Ergebnis war überraschend: Das Alongshan-Virus ist in Zecken in Österreich weit verbreitet und konnte von Vorarlberg über die Steiermark und Oberösterreich bis nach Wien und Niederösterreich nachgewiesen werden (siehe Abbildung 1). Bei der Untersuchung archivierter Zeckenproben konnte das Alongshan-Virus außerdem bereits in einer Probe aus dem Jahr 2005 nachgewiesen werden. Sequenzanalysen der Virusstämme aus den Jahren 2005 und 2024 zeigten nur minimale genetische Unterschiede. Dies spricht dafür, dass das Alongshan-Virus bereits seit vielen Jahren unbemerkt in Österreich zirkuliert und hier dauerhaft etabliert ist.

In den untersuchten Patientenproben fanden sich keine Hinweise auf eine akute Infektion. Allerdings wurden in zwei Personen hohe IgG-Antikörpertiter gegen das Virus nachgewiesen, was auf eine zurückliegende Infektion schließen lässt.

Die Ergebnisse liefern somit erste Hinweise auf menschliche Infektionen außerhalb Chinas. Wie häufig Menschen in Österreich tatsächlich infiziert werden und welches Krankheitsspektrum das Virus verursacht, ist bisher noch unklar. Künftige Studien sollen nun klären, welche Bedeutung das Alongshan-Virus für die öffentliche Gesundheit hat und ob es künftig in der infektiologischen Diagnostik stärker berücksichtigt werden sollte.

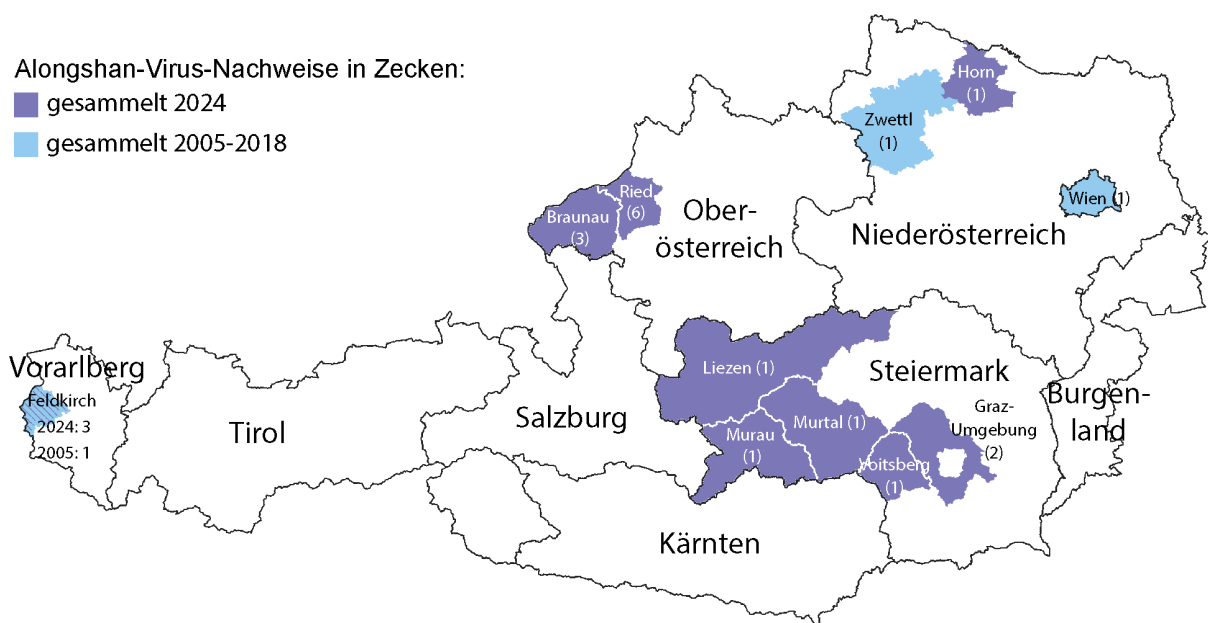


Abbildung 1: Fundorte Alongshan-Virus-positiver Zecken

Florian DM et al., Lancet Microbe, 2026; DOI: 10.1016/j.lanmic.2026.101404