



In der Zeit vom 22.11. bis 5.12. wurden am Department für Virologie der Medizinischen Universität Wien folgende Infektionen diagnostiziert:

- Adeno Virusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 2; 2 mal resp. Diagnostik (+Rhino pos.); 2 mal aus Abstrichmaterial
- EBV IFT:** W: 12, B: 4, K: 3; 6 mal Verdacht auf EBV Mononukleose, 6 mal Mononukleose, 1 mal Tonsillitis, 1 mal Lymphknotenschwellung, 1 mal Angina, 1 mal Verdacht auf Infektion
- Virusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 8; 1 mal St.p. Auslandsaufenthalt, 1 mal EBV-Infektion, 1 mal Pneumonie, 1 mal FUO, 1 mal Immundefekt; 4 mal aus Serum, 3 mal aus Lavage
- Enterovirusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 4; 1 mal Diarrhoe, 1 mal Exanthem; 1 mal aus Stuhl, 1 mal aus Abstrichmaterial
- Flavi HHT (Dengue):** S: 1; 1 mal Verdacht auf Dengue Fieber
- FSME HHT + Elisa:** OÖ: 3
- Hepatitis A Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum):** W: 1; 1 mal keine Angabe; 1 mal aus Serum
- Hepatitis B ELISA:** W: 6
- Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum):** W: 12, NÖ: 1, OÖ: 3
- Hepatitis C ELISA:** W: 11, K: 7
- Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum):** W: 16
- Genotypisierung:** Typ 1A: W: 11; Typ 1B: W: 10; Typ 2A/2C: W: 1; Typ 2B: W: 1, NÖ: 1; Typ 3A: W: 3, B: 1; Typ 4B: W: 1
- Hepatitis D Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum):** W: 2, S: 1
- HSV1 Virusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 3; 1 mal CMV; 2 mal aus Serum, 2 mal aus Lavage
- HHV7 Virusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 1; 1 mal keine Angabe, 1 mal aus Serum
- HIV ELISA und Western Blot:** W: 8, B: 1, OÖ: 2, K: 1
- HPV Virusnukleinsäurenachweis (Hybridisierung, high risk):** W: 68, B: 4, NÖ: 16, OÖ: 1, Stm: 3, K: 10
- JC/BK Virusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 1, NÖ: 1; 2 mal Nierentransplantation; 1 mal aus Serum, 1 mal aus Harn
- Metapneumovirus Virusnukleinsäurenachweis (PCR):** W: 3; 1 mal resp. Studie, 1 mal resp. Diagnostik, 1 mal St.febr. bei resp. Infekt; 2 mal aus Abstrichmaterial, 1 mal aus resp. Sekret
- Mumps KBR + ELISA:** NÖ: 1; 1 mal Parotitis

Norovirus 2 Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 4; 1 mal Diarrhoe, 3 mal keine Angabe; 4 mal aus Stuhl

Parainfluenza 2 Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1; 1 mal resp. Infekt; 1 mal aus resp. Sekret

Parainfluenza 3 Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1; 1 mal resp. Studie; 1 mal aus resp. Sekret

Parvo Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 2; 1 mal Osteosarkom, 1 mal Leukopenie; 2 mal aus Serum

Rhino Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 5; 1 mal resp. Studie, 2 mal resp. Diagnostik, 1 mal Rhinitis, 1 mal Verdacht auf Infektion; 3 mal aus Abstrichmaterial, 2 mal aus resp. Sekret

RSV Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1; 1 mal Bronchiolitis; 1 mal aus resp. Sekret

Ag-ELISA: W: 1; 1 mal obstr. Bronchitis; 1 mal aus resp. Sekret

Varizellen-Zoster KBR + ELISA: B: 2; 1 mal Herpes zoster, 1 mal in Gravidität (22. SSW)

Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1, NÖ: 1; 1 mal St.p. Varicellen, 1 mal herpetiforme Läsion; 2 mal aus Abstrichmaterial

Zytomegalie KBR + ELISA: W: 7; 1 mal Cervikalsyndrom, 1 mal Pneumonie, 1 mal Cephalaea, 1 mal OP-Vorbereitung, 1 mal rez. Infekt, 1 mal keine Angabe, 1 mal FUO

Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 24, NÖ: 1; 1 mal Infektion, 3 mal St.p. Nierentransplantation, 7 mal St.p. Lungentransplantation, 1 mal HCV-Infektiösität, 2 mal HIV-Infektiösität, 1 mal CMV in Gravidität (23. SSW), 1 mal Hepatospleno-Erhöpfung; 8 mal aus Plasma, 7 mal aus Serum, 8 mal aus Lavage, 2 mal aus Stuhl, 1 mal aus Harn, 3 mal aus EDTA-Plasma

Virusisolierung (Zellkultur): W: 1; 1 mal keine Angabe; 1 mal aus Lavage

Epidemiologische Trends:

Fälle von Gastroenteritis durch Noroviren. Der Jahreszeit entsprechend respiratorische Erkrankungen durch Rhinoviren und Metapneumoviren.

Kontroverse um potentiell gefährliche Influenza Viren aus dem Labor

F.X. Heinz

Am Ende des Jahres 2011 ist nicht nur die Wissenschaft sondern auch die Öffentlichkeit mit einer äußerst heftig geführten Diskussion über Experimente konfrontiert, die von niederländischen sowie amerikanisch-japanischen Forscherteams mit dem auch für den Menschen hochpathogenen Vogelinfluenza Virus H5N1 durchgeführt wurden. Dabei wurde dieses Virus so verändert, dass es effizient durch Aerosole übertragen werden kann und damit das Potential eines neuen Pandemievirus erworben hat. Eine solche Veränderung ist bisher in der Natur noch nicht beobachtet worden.

Zunächst zum Hintergrund der Experimente und der dabei untersuchten wissenschaftlichen Fragen: Das H5N1 Vogelinfluenza Virus ist seit langem als Erreger der klassischen Geflügelpest bekannt, rückte aber seit 1997 auch in den Blickpunkt der Humanmedizin, als in Hong Kong die ersten durch dieses Virus verursachten Todesfälle beim Menschen registriert wurden. Die Angst war groß, dass sich daraus ein neues Pandemievirus entwickeln könnte, was allerdings bisher nicht passierte. Zwar sind mittlerweile an die 600 H5N1-Erkrankungen des Menschen dokumentiert (die meisten in Südostasien und Ägypten, mehr als die Hälfte mit tödlichem Ausgang), aber in fast allen Fällen erfolgte die Infektion durch direkten Kontakt mit infiziertem Geflügel oder deren Exkrementen. Das Virus hat also in all den Jahren und trotz zahlreicher Gelegenheiten zu unserem großen Glück nicht die Eigenschaft erworben, direkt von Mensch zu Mensch übertragen zu werden und damit eine Pandemie auszulösen. Die potentielle Möglichkeit einer solchen Veränderung ist allerdings immanent und war die treibende Kraft für die koordinierte Entwicklung nationaler und internationaler Pandemiepläne sowie neuer Technologien zur Herstellung von Pandemieimpfstoffen.

In welcher Weise müsste sich das H5N1 Virus also verändern, damit es Pandemiepotential erlangt – oder konkreter, welche genetischen Veränderungen müssten auftreten, damit es von Mensch zu Mensch übertragbar wird? Dies war eine der wichtigsten bisher unbeantworteten Fragen der Influenza Forschung, und genau

darauf scheinen die oben erwähnten Wissenschaftler-Teams nun eine Antwort gefunden zu haben. Zumindest bei den an der Erasmus Universität Rotterdam durchgeführten Experimenten wurde das Virus durch gezielte Mutationen sowie Serienpassagen in Frettchen – dem anerkannt besten Tiermodell für die Influenza beim Menschen – so verändert, dass es durch Aerosol übertragbar wurde. Damit war also in einem Labor (das allen modernen Anforderungen der Biosicherheit entspricht) ein neues Influenza Virus mit höchstem Pandemiepotential entstanden. Insgesamt wurden 5 Mutationen in 2 Genen identifiziert, die für diese neu erworbene Eigenschaft verantwortlich zeichnen, und die einzeln – nie aber in dieser Kombination - auch schon bei natürlichen H5N1-Isolaten aus infizierten Menschen gefunden worden waren. Die Grundzüge des Experiments und seine Ergebnisse wurden von Ron Fouchier, dem verantwortlichen Wissenschaftler in Rotterdam, auch bereits im September bei einer Influenza Konferenz in Malta präsentiert.

Die Einreichung dieser Daten zur Publikation in der renommierten amerikanischen Wissenschaftszeitschrift ‚Science‘ hat nun eine große Diskussion um die Frage ausgelöst, ob mit der Veröffentlichung der Studiendetails nicht auch die Gefahr der missbräuchlichen Verwendung (z.B. Bioterrorismus) besteht bzw. ob diese Versuche vielleicht überhaupt nicht hätten durchgeführt werden sollen. Die Veröffentlichung ist vorläufig ausgesetzt, und zurzeit befasst sich mit dem Fall das amerikanische Gremium für Biosicherheit (National Science Advisory Board for Biosecurity – NSABB), das aus unabhängigen Experten besteht und die US-Regierung hinsichtlich Forschungsarbeiten berät, die potentiell auch missbräuchlich verwendet werden könnten. Die Stellungnahme dieses Gremiums wird mit großem Interesse erwartet.

Für die Veröffentlichung spricht, dass die wesentlichen Ergebnisse und die technische Vorgangsweise bei den Experimenten ohnehin schon vor einer großen Runde von Influenza-Experten in Malta präsentiert wurden und dass das Wissen um jene Mutationen, die H5N1 zu einem Pandemievirus machen können, große Bedeutung für die Überwachung des Virus in der Natur, für eine Evidenz-basierte Risikoanalyse sowie für das rechtzeitige Einleiten von Vorbeugemaßnahmen hätte. Dagegen spricht, dass dieses Wissen auch missbräuchlich für die Gewinnung eines Virus verwendet werden könnte, das aufgrund der Kombination von hoher Pathogenität und leichter

Übertragbarkeit durch Tröpfcheninfektion zweifellos eine große Bedrohung für die Menschheit darstellen kann. Obwohl die Forschungsprojekte von den nationalen Behörden ordnungsgemäß genehmigt worden waren und nach den entsprechenden Auflagen zur Gewährleistung der Biosicherheit durchgeführt wurden, mehren sich doch auch Stimmen, die dafür plädieren, derartige Diskussionen nicht erst nach Abschluss sondern schon vor Beginn solcher Projekte im Rahmen internationaler Gremien zu führen. Jedenfalls werden wir Sie über den Ausgang dieses spezifischen Falles und eventuelle weitere Entwicklungen von allgemeiner Tragweite am Beginn des nächsten Jahres informieren.

Damit möchte ich mich gemeinsam mit den anderen AutorInnen unseres Departments für dieses Jahr von Ihnen verabschieden und hoffe, dass wir Ihnen einige wertvolle neue Informationen, Erkenntnisse und Einsichten durch unsere VEI übermitteln konnten. Unserer besonderer Dank gilt den Sponsoren Baxter, Novartis, Roche und Abbott, die wie auch in den vergangenen Jahren die VEI finanziell unterstützt haben, unseren wissenschaftlichen Kooperationspartnern im In- und Ausland sowie allen unseren LeserInnen, die uns durch anerkennende Worte oder auch kritische Anmerkungen dazu motivieren, Sie auch im nächsten Jahr wieder mit interessanten Aspekten aus der Welt der Virologie zu versorgen.

In diesem Sinne wünsche ich Ihnen - auch im Namen meiner KollegInnen – ein schönes Weihnachtsfest und alles Gute im Neuen Jahr

Ihr Franz Heinz