



In der Zeit vom 25.02.2014 bis 10.03.2014 wurden am Department für Virologie der Medizinischen Universität Wien folgende Infektionen diagnostiziert:

Adeno KBR: NÖ: 1; 1 mal Diarrhoe

Virusnukleinsäurenachweis (PCR): B: 1; 1 mal Bronchopneumonie
(Doppelinfektion mit Corona); 1 mal aus Rachensekret

Corona Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1, B: 1; 1 mal Bronchopneumonie
(Doppelinfektion mit Adeno); 1 mal aus Rachensekret, 1 mal aus Lavage

EBV IFT: W: 5, B: 3, K: 2; 1 mal Lymphadenitis, 3 mal Verdacht auf EBV, 2 mal
Fieber+Exanthem, 1 mal Lymphknotenschwellung, 1 mal Mononukleose; 1 mal
aus Serum

Virusnukleinsäurenachweis (PCR): B: 1, OÖ: 1, K: 1; 1 mal Hepatitis, 1 mal
Fieber, Lymphadenitis; 1 mal aus Rachensekret, 2 mal aus Serum

Entero KBR (Picorna und Coxsackie B): W: 1; 1 mal St. febrilis

Flavi HHT (Dengue): W: 5, Stm: 1; 1 mal nach Thailandaufenthalt, 1 mal Dengue-
Fieber, 1 mal Fieber nach Kubaaufenthalt, 2 mal Verdacht auf Dengueinfektion

Hepatitis B ELISA: W: 2; NÖ: 1

Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum): W: 12, Stm: 3, K: 2

Hepatitis C ELISA: W: 4, NÖ: 1, K: 3

Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum): W: 26, B: 1, NÖ: 2, K: 1

Genotypisierung: Typ 1A: W: 6, V: 1; **Typ 1B:** W: 6, OÖ: 1; **Typ 3A:** W: 7;

Typ 4A/4C/4D: W: 1

Hepatitis D Elisa: W: 2

Virusnukleinsäurenachweis (PCR aus Serum): W: 1

Herpes simplex KBR + ELISA: W: 1; 1 mal aus Serum

HSV1 Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 2; 1 mal bei HIV; 1 mal aus Abstrich
Gaumen, 1 mal aus Rachenspülflüssigkeit

HSV2 Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1; 1 mal aus Abstrichmaterial

HHV6 Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 2; 1 mal fieberhafter Infekt, 1 mal
Masern-Verdacht; 2 mal aus Serum

HIV ELISA und Western Blot: W: 8, OÖ: 1, K: 1, T: 1

HPV Virusnukleinsäurenachweis (high risk): W: 638, B: 13, NÖ: 11, Stm: 9, K: 14

Influenza A KBR+HHT: W: 4; 3 mal Pneumonie, 1 mal Pneumonie u. ARDS
Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 55, B: 3, NÖ: 6, OÖ: 5, S: 2, Stm: 7, K: 1, T: 3, V: 1; 8 mal Fieber, Husten Schnupfen, Gliederschmerzen, 1 mal bei Morbus Wilson, St.p. Lungentransplantation, 4 mal St.p. Nierentransplantation, Pneumonie, 1 St.p. Knochenmarkstransplantation, Fieber, Abgeschlagenheit, 2 mal St.p. Herztransplantation, 2 mal Fieber bis 40,4°C, Erbrechen, Durchfall, Pharyngitis, 1 mal Husten, Fieber bei Grunderkrankung SLE, 1 mal trockener Husten bei vorbekanntem Asthma bronchiale, 1 mal Fieber, St.p. Chemotherapie wegen Zugengrundkarzinoms, 30 mal Verdacht auf Influenza, 1 mal Pneumonie, 3 mal hohes Fieber, 1 mal Gliederschmerzen, Schwindel, Bauchschmerzen, 1 mal Dyspnoe, Husten, 1 mal St.febrilis, Nausea, Diarrhoe, 1 mal Fieber, Cephalea, Brennen in der Brust, Arthralgien, Husten, Rhinitis, 1 mal Fieber, St.p. Nierentransplantation; 81 mal aus Abstrichmaterial, 1 mal aus Rachensekret, 1 mal aus Lavage
Virusisolierung (Zellkultur): W: 27, NÖ: 2, B: 2, OÖ: 1, S: 2, Stm: 1; 10 mal Verdacht auf Influenza; 7 mal aus Abstrichmaterial
Antigennachweis: OÖ: 1; Ausschluss Influenza; aus Abstrichmaterial

Influenza B Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1, B: 1; 1 mal Verdacht auf Influenza; 2 mal aus Abstrichmaterial

JC/BK Virusnukleinsäurenachweis (PCR): **JC:** W: 1, NÖ: 1; 1 mal PML-Verdacht, 1 mal St.p. Nierentransplantation; 1 mal aus Harn, 1 mal aus Liquor; **BK:** W: 3, NÖ: 1; 2 mal St.p. Nierentransplantation, 1 mal AML; 2 mal aus Harn, 1 mal aus EDTA-Plasma

Masern KBR + ELISA: W: 1; 1 mal aus Serum
Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 2, T: 2; 2 mal Verifizierung, 1 mal Lymphknotenschwellung, Exanthem, 1 mal mokolopapulöses Exanthem; 1 mal aus Serum+Harn, 3 mal aus Serum

Metapneumovirus Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1; 1 mal grippaler Infekt; 1 mal aus Abstrichmaterial

Mycoplasma pneumoniae KBR: W: 1; 1 mal Fieber

Norovirus Antigennachweis: W: 5; 2 mal Gastroenteritis, 1 mal Erbrechen; 3 mal aus Stuhl
Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 5; 1 mal Diarrhoe, 1 mal Infektion, 2 mal Zustand nach Nierentransplantation; 5 mal aus Stuhl

Parainfluenza Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 1; 1 mal Fieber bei Leulämie; 1 mal aus Rachensekret

Parvo ELISA: W: 3; 1 mal Erkrankung des Skeletts, 1 mal Virusexanthem, Verdacht auf Masern, 1 mal viraler Infekt
Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 3; 1 mal makulöses Exanthem, 1 mal Rötung und Exanthem; 3 mal aus Serum

Rhino Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 2, B: 1, s: 1; 1 mal Rinitis, 1 mal resp. Infekt, 1 mal Verdacht auf Influenza, 1 mal viraler Infekt, 1 mal Bronchitis; 4 mal aus Rachensekret, 1 mal aus Abstrichmaterial

Rota Antigennachweis: W: 1; 1 mal Diarrhoe; 1 mal aus Stuhl

RSV KBR: W: 1; 1 mal resp. Infektion

Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 3, T: 1; 1 mal resp. Infekt, 1 mal Fieber und Gliederschmerzen, 1 mal Bronchitis; 1 mal aus Abstrichmaterial, 3 mal aus Rachensekret

Virusisolierung: W: 4, K: 1; 1 mal RSV-Verdacht, 1 mal Fieber, Gliederschmerzen; 5 mal aus Rachensekret

Antigennachweis: W: 2, K: 2, T: 1; 1 mal Fieber, 1 mal Bronchitis, 2 mal RSV-Verdacht; 2 mal aus Rachensekret, 3 mal aus Abstrichmaterial

Varizellen-Zoster KBR + ELISA: NÖ. 1, B: 1; 2 mal Exanthem, 1 mal Verdacht auf Influenza, 1 mal Verdacht auf Varizelleninfektion in Gravidität (34. SSW)

Zytomegalie KBR + ELISA: W: 4, B: 1; 1 mal St. febrilis, 1 mal Verdacht auf Infektion, 1 mal Hepatosplenomegalie, LFP erhöht, Tonsillitis

Virusnukleinsäurenachweis (PCR): W: 37, OÖ: 1; 8 mal Lungentransplantation, 4 mal bei Leukämie, 3 mal bei HIV, 8 mal Nierentransplantation, 1 mal Knochenmarktransplantation, 1 mal Herztransplantation, 1 mal Plasmozytom; 31 mal aus EDTA-Plasma, 4 mal aus Lavage, 1 mal aus Abstrich Gaumen, 2 mal aus Serum, 1 mal aus Rachensekret

Virusisolierung (Zellkultur): W: 3; 2 mal Ikterus polongatus; 2 mal aus Harn, 1 mal aus Rachenspülflüssigkeit

Epidemiologische Trends:

Nur geringe weitere Zunahme der Influenzavirusaktivität in Österreich gegenüber der vorigen VEI-Ausgabe, weiterhin wird jedoch das epidemische Niveau nicht überschritten.

MERS-Coronavirus: Dromedare als Infektionsquelle und Verbreitung in Afrika?

F.X.Heinz

Seit seinem ersten Auftreten im September 2012 sind mit Stand vom 28.02.2014 laut Weltgesundheitsorganisation 184 Personen an Infektionen mit dem ‚Middle Eastern Respiratory Syndrome Coronavirus‘ (MERS-CoV) erkrankt, und 80 (43%) sind daran verstorben (vergleiche auch VEI 08/13). Die bisher dokumentierten Fälle wurden auf der Arabischen Halbinsel akquiriert (Königreich Saudi Arabien, Jordanien, Katar, Vereinigte Arabische Emirate), und einige davon wurden von dort auch in andere Länder (Frankreich, Deutschland, Italien, Tunesien und Großbritannien) exportiert. Obwohl der Großteil der Fälle vermutlich eine tierische Infektionsquelle hat, wurden auch limitierte Mensch-zu-Mensch Übertragungen in Saudi Arabien, Jordanien, Katar und Großbritannien beobachtet. Eine Reihe von neuen Studien lassen es immer wahrscheinlicher erscheinen, dass Dromedare als großes tierisches Reservoir für dieses Virus dienen, das möglicherweise nicht nur wie bisher angenommen auf der arabischen Halbinsel sondern auch in Afrika weit verbreitet ist.

Ende 2013 hat ein amerikanisch-saudiarabisches Forscherteam Dromedare in verschiedenen Regionen Saudi Arabiens auf Infektionen mit dem MERS Co-V untersucht, wobei eine landesweite Verbreitung und Seropositivität bei mehr als 80% der Tiere gefunden wurde (Alegaili et al., mBio 3-2014). Vor allem in jungen Tieren (2 Jahre oder jünger) konnte das Virus mittels PCR auch im Nasensekret nachgewiesen werden (35% der Fälle), während Stuhlproben in den meisten Fällen negativ waren und daher eine Ausbreitung über respiratorische Infektionen angenommen werden kann. Besonders interessant sind auch die Ergebnisse von retrospektiven serologischen Analysen archivierter Proben, die zeigten, dass das MERS-CoV oder ein nahe verwandtes Virus bereits seit mindestens 20 Jahren in Dromedaren in Saudi Arabien zirkuliert, während in Ziegen und Schafen keine Hinweise für solche Infektionen gefunden wurden.

Eine neue Dimension erlangt dieses ‚emerging virus‘ durch eine andere rezente Studie, in der bei Untersuchungen in ägyptischen Schlachthöfen das MERS-CoV auch

in aus dem Sudan und Äthiopien importierten Dromedaren gefunden wurde. Angesichts der Tatsache, dass es zwar 260.000 Dromedare in Saudiarabien gibt aber fast eine Million in Äthiopien und 4,8 Millionen im Sudan, könnte das natürliche Reservoir für dieses Virus wesentlich größer sein als bisher angenommen. Entsprechende epidemiologische Untersuchungen sind bereits im Gange um herauszufinden, ob Infektionen des Menschen auch in Afrika vorkommen aber bisher der Aufmerksamkeit entgangen sind. Interessanterweise wurde bei Untersuchungen von 179 in den Schlachthöfen tätigen Personen in keinem Fall ein Hinweis auf Infektion mit dem MERS-CoV gefunden, was darauf hinweist, dass die Übertragung auf Menschen nur selten erfolgreich ist. Genetische Analysen haben zwar gezeigt, dass die Viren aus Dromedaren nahezu identisch mit den humanen Isolaten sind, dennoch aber geringfügige Unterschiede aufweisen. Diese werden Gegenstand intensiver weiterer Untersuchungen sein, weil es sich dabei um Mutationen handeln könnte, die mit einer Adaptierung an die Vermehrung im Menschen assoziiert sind und eventuell auch zu einer besseren Mensch-zu-Mensch Übertragung führen. Sowohl das Beispiel des SARS-Virus als auch jenes anderer tierischer Coronaviren weisen eindrücklich darauf hin, dass diese Viren ein sehr hohes Adaptationspotential haben und nur wenige Mutationen zu einer erhöhten Virulenz sowie zur Veränderung des Wirtsbereichs führen können. Wie auch bei der Influenza birgt das Entstehen eines durch Tröpfcheninfektion von Mensch zu Mensch übertragbaren Virus die große Gefahr einer Pandemie, und dementsprechend intensiv werden weitere Untersuchungen über die Verbreitung des MERS-CoV in Tier und Mensch sowie seine genetischen Veränderungen vorangetrieben. Das größte tierische Reservoir für Coronaviren sind Fledermäuse, die mehr als 20% aller Säugetierarten auf unserer Erde ausmachen und in denen in den letzten Jahren eine Vielzahl neuer Coronaviren gefunden wurde. Angesichts der zunehmenden Nähe und Verschränkungen tierischer und menschlicher Lebensbereiche wäre es nicht verwunderlich, wenn wir nach SARS und MERS auch noch weitere Bedrohungen dieser Art zu erwarten hätten.