

Im Zeitraum von 22.03.2016 bis 04.04.2016 wurden am Department für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Cytomegalie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	34	1							
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	5								

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

EBV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	11								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	8						2		

Klin. Auffälligkeiten:

Entero	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>	7		1						
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	3				1				

Klin. Auffälligkeiten:

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

Genotypisierung: **Typ 1A:** W: 3; **Typ 1B:** W: 6, OÖ: 1, B: 1; **Typ 3A:** W: 5

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 <i>direkter Virusnachw</i>	6								
HSV2 <i>direkter Virusnachw</i>				1					
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:



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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Encephalitis

HPV - high risk	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	28	1	10	1		9	9		

Klin. Auffälligkeiten:

Influenza A	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	22			3	1			6	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Pneumonie, 1 mal bds. Pneumonie+ARDS

Influenza B	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	34	1		3	1	7	1	7	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	1								

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Pneumonie

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

Klin. Auffälligkeiten:

Noro	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	17	1							

Klin. Auffälligkeiten:

Parvo B19	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	2								

Klin. Auffälligkeiten:

Rino Virus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>		2						3	

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Pneumonie

VZV	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:

http://www.virologie.meduniwien.ac.at/home/virus-diagnostik/informationsbroschuere/idart_15-lang_1-content.html

Epidemiologische Trends: Rückgang der positiven Influenzavirusnachweise. Gehäuft Infektionen mit Noroviren.

Die Influenzasaison 2015/2016

Monika Redlberger-Fritz und Theresia Popow-Kraupp

Wie jedes Jahr, möchten wir auch heuer wieder mit dem Frühlingsbeginn die wichtigsten Daten und Fakten der abgelaufenen Influenzasaison kurz zusammengefasst präsentieren.

Im Vergleich zum vergangenen Jahr – in dem die Grippewelle überdurchschnittlich stark war - haben wir es heuer sowohl was ihre Dauer, ihr Ausmaß und auch die Schwere der Erkrankungen betrifft wieder mit einer durchschnittlichen Grippewelle zu tun.

Obwohl bereits im November 2015 immer wieder Fälle von Influenzavirus Infektionen auftraten, erfolgte ein signifikanter Anstieg an positiven Virusnachweisen in den eingesendeten Stichproben und der damit einhergehende sprunghafte Anstieg der Erkrankungszahlen erst in der Kalenderwoche 5/2016 (Abbildung 1), worauf das Bundesministerium für Gesundheit, der Sozialversicherungsträger und öffentliche Gesundheitseinrichtungen über den Beginn der Grippewelle in Österreich informiert wurden. Der Höhepunkt wurde Mitte Februar (KW 7 und 8) erreicht, danach ging die Virusaktivität langsam aber kontinuierlich zurück und endete mit der Kalenderwoche 14. Derzeit können nur noch vereinzelt Influenzavirus Infektionen nachgewiesen werden.

Die genauen Analysen der zirkulierenden Viren zeigten, dass bei 35% der Erkrankten Viren des Subtypes A(H1N1)pdm09 nachgewiesen wurden, wohingegen in lediglich 11% der untersuchten Proben A(H3N2) Viren gefunden wurden. Die genaue genetische und antigene Charakterisierung der Virusstämme zeigte sowohl für den A(H1N1)pdm09 Subtyp, als auch für den A(H3N2) Subtyp eine gute Übereinstimmung mit den in den Impfstoffen für diese Saison enthaltenen Influenza A Viren.

Noch während die Grippewelle auf ihren Höhepunkt zusteuerte wurde bereits eine starke Zunahme von Influenza B Virusinfektionen verzeichnet. Während diese in den letzten Jahren üblicherweise erst gegen Ende der Grippewelle zugenommen haben, setzte die Influenza B Aktivität in diesem Jahr ungewöhnlich früh und auch ungewöhnlich stark ein und dominierte letztlich die gesamte Grippewelle. In 54% der getesteten Proben konnten Influenzaviren vom Typ B nachgewiesen werden. Bei den

Influenza B Viren können prinzipiell zwei genetische Linien unterschieden werden, die Victoria- und die Yamagata-Linie, wobei in den Influenza-Dreifachimpfstoffen immer nur eine der beiden Linien enthalten ist. Die genaue Analyse der in Österreich zirkulierenden Influenza B Virusstämme zeigte, dass 99% der nachgewiesenen Influenza B Viren Vertreter der Victoria-Linie waren und diese unterscheiden sich somit signifikant von dem in den Dreifach-Impfstoffen enthaltenen Influenza B Virus Stamm, der ein Vertreter der Yamagata-Linie war. In dem vierfach-Impfstoff (Lebend-Impfstoff) sind jedoch Vertreter beider Influenza B-Linien enthalten und die zirkulierenden Influenza B/Victoria Stämme zeigten auch eine gute Übereinstimmung mit dem Influenza B/Victoria Impfvirus.

Weltweit haben die virologischen Überwachungssysteme (Flunet der Weltgesundheitsorganisation (WHO), European Influenza Surveillance Network (EISN) des European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)

(<https://flunewseurope.org/>) in dieser Saison ein sehr unterschiedliches Muster der dominierenden Influenzavirus Typen, Subtypen und Stämme festgestellt. Dabei wurden teilweise auch kleinräumig sehr unterschiedliche Zirkulationsmuster beobachtet.

In den skandinavischen Ländern sowie in Großbritannien wurden fast ausschließlich A(H1N1)pdm09 Stämme detektiert und erst gegen Ende der Saison konnten auch Influenza B Viren nachgewiesen werden. Eine ähnliche Situation zeigte sich auch in den Niederlanden und in Spanien, wobei dort Influenza B Viren bereits ab Mitte der Saison nachgewiesen werden konnten. In Polen, Deutschland und Belgien wurde eine Ko-Zirkulation von A(H1N1)pdm09 und Influenza B Viren beobachtet. In der Schweiz und Ungarn wurden, wie in Österreich, zum Großteil Influenza B Viren nachgewiesen. Wohingegen interessanterweise in Italien Influenza B und A(H3N2) Viren dominierten. Die Grippewelle in Slowenien wurde ausschließlich von A(H3N2) Viren verursacht, in Rumänien von A(H1N1)pdm09 Viren und in der Türkei konnte eine Ko-Zirkulation von Influenza A(H1N1)pdm09 und A(H3N2) Viren beobachtet werden.

In den USA und Kanada hingegen wurde die gesamte Saison von Stämmen des Influenza A(H1N1)pdm09 Virus dominiert. Eine ähnliche Situation wurde auch aus Asien gemeldet, wobei vor allem aus dem asiatischen Raum ebenso wie aus manchen Ländern Osteuropas (Ukraine, Armenien) Fälle von klinisch sehr schwer verlaufenden A(H1N1)pdm09 Infektionen berichtet wurden, des Weiteren konnte dort

auch eine erhöhte Übersterblichkeit in den Altersgruppe der 15 bis 64 jährigen beobachtet werden. Die genaue Charakterisierung dieser mit schweren Krankheitsverläufen und Todesfällen assoziierten A(H1N1)pdm09 Virusstämme ist derzeit noch nicht abgeschlossen.

Entsprechend der in der heurigen Saison zirkulierenden Influenza Viren hat die WHO, wie jedes Jahr, eine Adaptierung ihrer Empfehlung für die Impfstoffzusammensetzung der nächsten Saison vorgenommen. (WHO-link: http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/recommendations/2016_17_north/en/)

Was die Empfindlichkeit der in Österreich zirkulierenden Influenzaviren gegenüber den Neuraminidasehemmern betrifft, so gab es keinen Hinweis auf die Zirkulation von Influenza Viren mit einer Resistenz gegen Neuraminidasehemmer.

Am Ende dieser Influenza Saison ist es uns ein besonderes Bedürfnis allen Kolleginnen und Kollegen des Sentinella-Netzwerkes zu danken, die seit vielen Jahren durch Ihre Arbeit die Überwachung der Influenzaviren in Österreich ermöglichen.

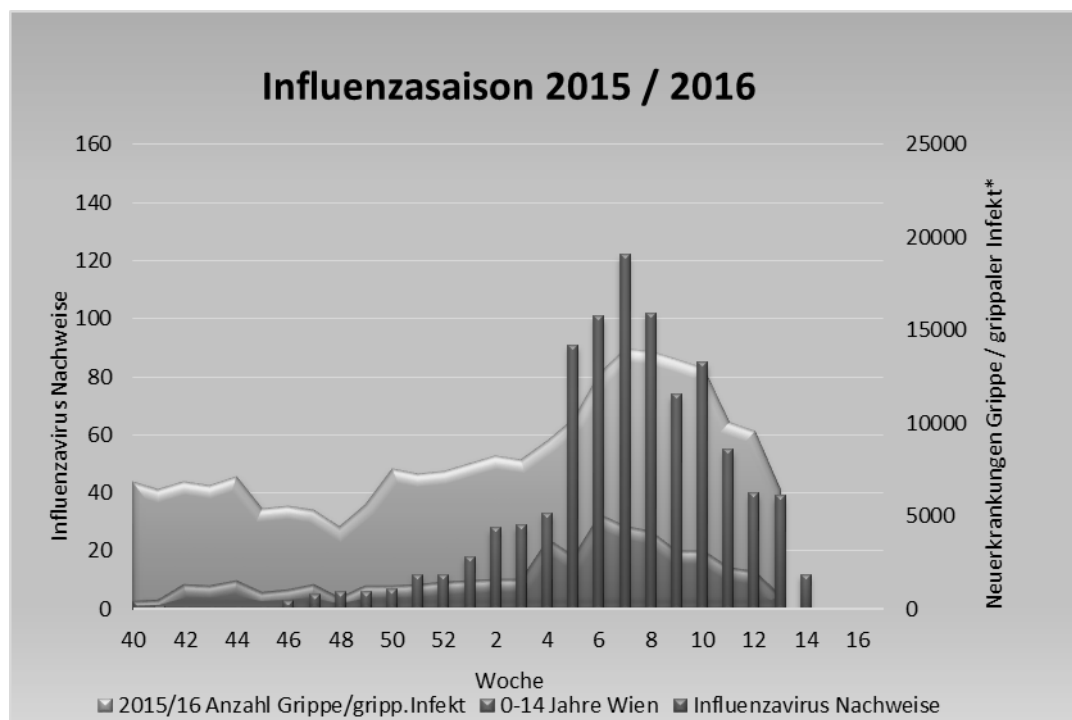


Abbildung 1: Anzahl der Influenzavirusnachweise (Daten Department für Virologie) und Anzahl der Neuerkrankungen an Grippe/grippalem Infekt in Wien (Daten: MA15, Wiener Influenza Überwachungssystem) während der Saison 2015/16