



Für den Inhalt verantwortlich:  
Prof. Dr. J. Aberle, Prof. Dr. St. Aberle, Prof. Dr. H. Holzmann,  
Prof. Dr. Th. Popow-Kraupp, Prof. Dr. E. Puchhammer  
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 20.06.2017 bis 03.07.2017 wurden am Zentrum für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>Cytomegalie</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	31								
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	4						2		

*Klin. Auffälligkeiten:* 1 mal aus Muttermilch, 1 mal bei Verdacht auf Meningitis bei Neugeborenen

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>EBV</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	9			1					
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	6						1		

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>Entero</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	10		10						
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

*Klin. Auffälligkeiten:* 6 mal bei Verdacht auf Meningitis, 1 mal Stomatitis

<b>FSME</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1			4	1		1	3	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>Hepatitis B</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	12								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	8								

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

*Genotypisierung:*

**Typ 1A:** W: 3, NÖ: 1, V: 1; **Typ 1B:** W: 4; **Typ 2A/2C:** W: 1;  
**Typ 2B:** NÖ: 1; **Typ 3A:** W: 2, NÖ: 1; **Typ 4A:** V: 1

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

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

<b>Herpes simplex</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<b>HSV1 direkter Virusnachw</b>	9								
<b>HSV2 direkter Virusnachw</b>	2								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i> 1 mal Meningitis aus Liquor									

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

<b>HIV 1</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	3							1	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	7	1			1				1
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

<b>HPV - high risk</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	79	5	7			8	9		
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>Noro</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	3								

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>Parainfluenza 1-3</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

*Klin. Auffälligkeiten:*

<b>Parvo B19</b>	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	3						1		
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	4								

*Klin. Auffälligkeiten:* 1 mal in Gravidität

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

*Klin. Auffälligkeiten:*

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

[http://www.virologie.meduniwien.ac.at/home/virus-diagnostik/informationsbroschuere/idart\\_15-lang\\_1-content.html](http://www.virologie.meduniwien.ac.at/home/virus-diagnostik/informationsbroschuere/idart_15-lang_1-content.html)

### **Epidemiologische Trends:**

Gehäuftes Auftreten von Enterovirus-Infektionen passend zur Jahreszeit.

## **Kann man mit dem derzeitigen Wissen voraussagen, in welchen Säugetieren virale Zoonosen schlummern?**

**Irene Görzer**

Virale Zoonosen sind Infektionskrankheiten des Menschen, die durch Viren verursacht werden, die ihren Ursprung in Tieren haben. Eine Übertragung von Tierviren auf den Menschen kann zu schweren Erkrankungen führen, wobei sich eine besondere Problematik entwickelt, wenn es in der Folge zu „Mensch-zu-Mensch-Übertragungen“ kommt. Dies birgt die Gefahr einer Epidemie oder Pandemie. Dramatische Beispiele hierfür sind HIV, Ebola, SARS, MERS oder Influenza.

Gegenwärtig stellen bisher unbekannt oder „neu-entstehende“ virale Zoonosen eine unberechenbare Gefahr für die menschliche Gesundheit dar, da entsprechende diagnostische und therapeutische Möglichkeiten zur

Eindämmung erst entwickelt werden können, wenn die „neue“ Virusübertragung sichtbar wird.

Kürzlich ist in der Fachzeitschrift „Nature online“ eine Arbeit erschienen („Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals“; Olival et al., 21. Juni 2017), in der die Autoren eine sehr ambitionierte Frage gestellt haben: „Kann man auf Basis des heutigen Wissensstandes voraussagen, in welchen Säugetieren Viren schlummern, die das Potenzial haben, eine virale Zoonose auszulösen?“

Eine Auflistung aller derzeit bekannten Säugetierviren und deren Wirt(e) zeigte, dass in insgesamt 754 Säugetierarten 586 unterschiedliche Viren vorkommen. Davon finden sich 75 ausschließlich im Menschen, und 188 Viren, dies sind die derzeit bekannten zoonotischen Viren, teilt sich der Mensch mit einem oder mehreren anderen Säugetieren. Die Gesamtzahl der Viren, die ein Säugetier in sich trägt, hängt von der Größe seines Lebensraums und der Überlappung seines Lebensraums mit denen anderer Säugetiere ab. Interessanterweise besitzen Fledermäuse die meisten zoonotischen Viren, und dies könnte, wie schon frühere Arbeiten gezeigt haben, mit der besonders breiten Überlappung ihres Lebensraums mit dem vieler anderer Säugetiere zusammenhängen.

In der Folge haben die Autoren mit ihren Modellberechnungen festgestellt, dass Viren, die viele unterschiedliche Säugetiere infizieren und die sich im Zytoplasma der Wirtszelle und nicht im Zellkern vermehren, leichter auf den Menschen übertragen werden können. Diese Virus-Generalisten besitzen häufig ein RNA Genom und werden meist über sogenannte Vektoren, wie Zecken oder Stechmücken, übertragen.

Mithilfe dieser statistischen Modelle versuchten die Autoren schließlich vorauszusagen, in welchen Säugetieren am ehesten noch nicht entdeckte zoonotische Viren schlummern. Ihre Berechnungen ergaben folgende geografischen Hotspots „noch nicht gefundener Zoonosen“: Ost- und Südafrika für Fleischfresser und Paarhufer, Süd- und Zentralamerika und Teile Asiens für Fledermäuse, die tropischen Regionen Zentralamerikas, Afrikas,

und Südostasiens für Primaten, und kleinere Regionen Nord- und Südamerikas und Zentralafrikas für Nagetiere. Diese Voraussagen können auch für das „Global Virome Project“ genutzt werden. Die Idee zu diesem Projekt entstand vor ungefähr einem Jahr mit dem Ziel, das gesamte Säugetier Virom (alle Virussequenzen, die in den Säugetieren vorkommen) in den nächsten 10 Jahren zu entschlüsseln. Dieses Wissen soll ebenso dazu dienen, potenziell gefährliche Tierviren zu entdecken, bevor sie auf den Menschen übertragen werden.

Zusammenfassend könnte der Steckbrief eines potenziell zoonotischen Virus folgendermaßen lauten: Es besitzt ein RNA Genom, wird im Zytoplasma vermehrt, kommt in Fledermäusen, Nagetieren oder Primaten vor und kann auch noch andere Tiere infizieren.

Letztendlich trägt auch das Verhalten der Menschen und sein Kontakt mit der Umwelt dazu bei, ob es zu einer „Tier-zu-Mensch-Übertragung“ kommt. Insbesondere die vermehrte Urbanisierung und der Anstieg der Bevölkerungsdichte steigert das Risiko einer Übertragung.

Ob man das ambitionierte Ziel erreicht, einer „neu-entstehenden“ viralen Zoonose einen Schritt voraus zu sein, hängt klarerweise davon ab, dass entsprechende Maßnahmen entwickelt oder verbessert werden, damit einer „neuen“ viralen Infektionserkrankung so schnell als möglich entgegengewirkt werden kann. Deshalb ist es unerlässlich, die rezenten und potenziell zoonotischen viralen Erreger, sowie die Mechanismen der „Tier-zu-Mensch“ und „Mensch-zu-Mensch-Übertragung“ umfassend zu untersuchen.