



ZENTRUM FÜR VIROLOGIE
MEDIZINISCHE UNIVERSITÄT WIEN

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 24.10.2017 bis 06.11.2017 wurden am Zentrum für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Cytomegalie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	24				1	1			
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	3								

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal in der Schwangerschaft

EBV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	13								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	9						3		

Klin. Auffälligkeiten:

Entero	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	4								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

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

Hepatitis B	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	5						1		
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	8								
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

Hepatitis C	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	8		2						
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>					1				
<i>Genotypisierung: Typ 1A: W: 7, V: 1; Typ 1B: W: 4, B: 1; Typ 3A: W: 2, B: 1; Typ 4: W: 1</i>									

Klin. Auffälligkeiten:

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

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

Herpes simplex	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
HSV1 direkter Virusnachw	2								
HSV2 direkter Virusnachw	1								
serolog. Infektionsnachweis:									

Klin. Auffälligkeiten:

HIV 1	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
direkter Virusnachweis:	1			1					
serolog. Infektionsnachweis:	3			1					

Klin. Auffälligkeiten:

HPV - high risk	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
direkter Virusnachweis:	54	7	11			6	14		

Klin. Auffälligkeiten:

Masern	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
direkter Virusnachweis:								2	
serolog. Infektionsnachweis:									

Klin. Auffälligkeiten:

Noro	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
direkter Virusnachweis:	4								

Klin. Auffälligkeiten:

Parainfluenza 1-3	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
direkter Virusnachweis:			1						
serolog. Infektionsnachweis:									

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Rhino Virus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	16	1	3					1	

Klin. Auffälligkeiten:

RSV	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>	5								
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	2								

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:

Weiterhin starke Rhinovirus Aktivität.

Ein Vogelinfluenza Virus bereitet Sorgen in China

F.X. Heinz

Geflügel und wildlebende Vögel sind das größte Reservoir von Inflenzaviren und eine reiche Quelle für die Entwicklung neuer Inflenzaviren des Menschen. Auch die Entstehung von Pandemieviren wie jene der spanischen Grippe (1918/19), der asiatischen Grippe (1957), der Hongkong Grippe (1968) und des rezenten pandemischen AH1N1v Virus (2009) wurde ganz wesentlich durch Vogel-Inflenzaviren geprägt. Entscheidend für die Entwicklung eines Inflenzavirus, das Epidemien beim Menschen auslösen kann, ist das Erlangen der Fähigkeit zur Übertragung durch Tröpfcheninfektion. Wie das Beispiel des berühmt gewordenen AH5N1 Vogelgrippevirus zeigt, tritt diese Eigenschaft aber trotz der enormen Mutationsfreudigkeit der Inflenzaviren nicht notwendigerweise spontan auf. Obwohl wir dieses Virus nun schon seit 1997 kennen und mittlerweile deutlich mehr als 800 Menschen daran verstorben sind (Letalität etwa 52%), waren praktisch alle Infektionen auf direkten Kontakt mit infiziertem Geflügel oder dessen Exkrementen zurückzuführen. Das gefürchtete Vogelgrippevirus H5N1 hat daher bis heute kein pandemisches Potential erlangt. Mehr Sorgen verursacht nun ein anderes Geflügel-Inflenzavirus (H7N9), das 2013 erstmals in China entdeckt wurde.

Auch dieses Virus kann wie H5N1 auf den Menschen übertragen werden und tödliche Infektionen verursachen. Laut Weltgesundheitsorganisation wurden bisher mehr als 1200 laborbestätigte Fälle registriert, von denen etwa 39% tödlich verliefen. Mit wenigen Ausnahmen wurden diese Infektionen in China durch direkten Kontakt mit infiziertem Geflügel erworben. Während H5N1 hochpathogen und tödlich für Geflügel ist, sodass Infektionen nicht übersehen werden können, verursacht H7N9 keine klinischen Symptome bei infiziertem Geflügel und kann sich daher unbemerkt vermehren. Präventivmaßnahmen zur Eindämmung seiner Ausbreitung und damit einer Minimierung der Übertragungsgefahr auf den Menschen sind deshalb ungleich schwieriger und erfordern aufwändige

Überwachungsprogramme, inklusive Probengewinnung von gesunden Tieren und virologische Analysen.

Eine vor kurzem veröffentlichte Studie weist nun auf genetische und biologische Veränderungen dieses Virus hin, die als deutliche Warnzeichen für die öffentlichen Gesundheitssysteme angesehen werden müssen (Imai et al., Cell Host & Microbe, Oktober 2017). Zum einen sind Mutationen aufgetreten, die zu einer nun auch für Geflügel hohen Pathogenität geführt haben. Darüber hinaus wurde in Tierversuchen aber auch festgestellt, dass das mutierte Virus durch Aerosole zwischen Säugetieren übertragen werden kann, also eine Eigenschaft besitzt, die charakteristisch für humane Influenzaviren ist. Die seit der Entdeckung von H7N9 im Jahr 2013 dokumentierten Fälle bei Menschen waren (aus vorläufig ungeklärten Gründen) auf die Wintermonate konzentriert. Beunruhigend ist, dass zwei Drittel aller Fälle in der letzten dieser fünf Saisonen (2016/2017) auftraten und daher ein Zusammenhang der beobachteten Häufung der Erkrankungen mit den genetischen Veränderungen des Virus im Raum steht.

Angesichts der Tragweite des Problems und einer kaum zu verhindernden globalen Ausbreitung eines effizient von Mensch zu Mensch übertragbaren Influenzavirus haben die chinesischen Gesundheitsbehörden straffe Überwachungssysteme etabliert. Dies betrifft nicht nur Märkte, auf denen lebendes Geflügel gehandelt wird (zweifelloos der Hauptansteckungsort der bisherigen Fälle bei Menschen), sondern auch 554 über das ganze Land verteilte Spitäler. Das sind 2,5% aller Spitäler in China, in denen nun aktiv nach H7N9-Infektionen gefahndet wird. Wachsamkeit ist jedenfalls angesagt, um eine beginnende Influenza Pandemie in ihren Anfängen erkennen und bekämpfen zu können.