



Für den Inhalt verantwortlich:
Prof. Dr. J. Aberle, Prof. Dr. St. Aberle,
Prof. Dr. E. Puchhammer, Doz. Dr. M. Redlberger-Fritz,
Prof. Dr. L. Weseslindtner
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

Die Identifizierung des neuartigen Langya-Virus in China, August 2022

Marianne Graninger

Anfang August erschien im New England Journal of Medicine ein Bericht über ein neuartiges Virus, das in Personen mit febriler Erkrankung in China festgestellt wurde (Zhang et al. A Zoonotic Henipavirus in Febrile Patients in China. N Engl J Med. 2022). Das sogenannte Langya-Virus (LayV) wurde dabei über Metagenomanalyse und Virusisolierung identifiziert. Es ist Teil der Familie der Paramyxoviren, Gattung Henipavirus, zu der auch die bereits bekannten humanpathogenen Hendra- und Nipahviren gehören, die beim Menschen schwere Enzephalitiden, teilweise begleitet von respiratorischen Symptomen, hervorrufen können. Im Rahmen einer seit 2018 laufenden Surveillance Studie wurden in drei Krankenhäusern in den chinesischen Provinzen Shandong und Henan Patient*innen, die nach rezentem Tierkontakt Fieber entwickelt hatten, auf bisher unbekanntem Zoonosen untersucht. Nachdem dieses neuartige Henipavirus erstmals in einer Patientin identifiziert und charakterisiert werden konnte, ergab das folgende gezielte Screening der anderen Studienteilnehmer*innen, dass seit 2018 insgesamt 35 Personen an LayV erkrankt waren. Beim Hauptteil der Erkrankten handelte es sich um Bäuer*innen.

Wie bei anderen Henipaviren besteht auch bei LayV ein tierisches Reservoir, von dem aus das Virus sporadisch auf den Menschen übertragen wird. Das Screening diverser tierischer Spezies in der Umgebung der Infizierten mittels serologischer und molekularbiologischer Methoden ergab, dass nur in einer geringen Anzahl

von Ziegen und Hunden (2% bzw. 4%) Antikörper gegen LayV nachweisbar waren, wohingegen LayV RNA in 27% der untersuchten Spitzmäuse nachgewiesen werden konnte (71 von 262 Tieren). Somit gilt die Spitzmaus als wahrscheinliches Reservoir des LayV. Ob die Übertragung in den diagnostizierten Fällen direkt oder indirekt über Zwischenwirte stattfand, kann zu diesem Zeitpunkt noch nicht bestimmt werden. Mensch-zu-Mensch Übertragungen wurden bei regelmäßigen Ausbrüchen des Nipahvirus in Indien und Bangladesch beschrieben. Im Falle von LayV zeigen sich hierauf bisher keine Hinweise; alle beschriebenen 35 Fälle traten komplett unabhängig voneinander auf. Allerdings ist aufgrund der kleinen Fallzahl der Studie derzeit eine definitive Aussage über eine Mensch-zu-Mensch Übertragung von LayV nicht möglich.

Die am häufigsten beschriebenen Symptome, die in Zusammenhang mit einer LayV Infektion auftraten, waren typische generalisierte Symptome eines Virusinfektes (Fieber, Müdigkeit, Husten, Appetitlosigkeit, Muskel- und Gliederschmerzen, ...) bis hin zu Pneumonien in wenigen Fällen.

Die Daten zeigen wieder deutlich, dass ein effizientes globales Überwachungssystem zur Beobachtung neu auftretender Viruserkrankungen und Identifizierung ihres Ursprungs essentiell ist, um neuartige Viren und ihre Verbreitung früh zu erkennen und eine weitere Ausbreitung zu verhindern.