



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

## Neuer Übertragungsweg der Vogelgrippe auf den Menschen

Hannes Vietzen

Influenza-A-Viren sind in der Tierwelt weit verbreitet. Anhand ihrer Oberflächenproteine Hämagglutinin (HA) und Neuraminidase (NA) werden Influenza-A-Viren in weitere Subtypen eingeteilt. Bisher sind 18 Hämagglutinin (H1 - H18) und 11 Neuroaminidase (N1 - N11) Subtypen bekannt, von denen 16 Hämagglutinin und 9 Neuroaminidase-Subtypen in der Vogelwelt aufgetreten sind.

So auch das bei Vögeln mittlerweile weltweit zirkulierende Influenza-A-(H5N1)-Virus („Vogelgrippe“). Neuesten Meldungen zufolge wurde nun erstmals eine Übertragung auf Milchkühe und anschließend eine weitere Übertragung auf einen Menschen beobachtet. Nach Angaben der US-amerikanischen Seuchenschutzbehörde „Centers for Disease Control and Prevention“ (CDC) wurde ein Mitarbeiter eines texanischen Milchviehbetriebs nach initialen Symptomen einer Konjunktivitis positiv auf A(H5N1) getestet, anschließend isoliert und erfolgreich mit dem antiviralen Medikament Oseltamivir (Tamiflu) behandelt. In der Folge gab die CDC am 01.04.2024 eine Gesundheitswarnung heraus (<https://www.cdc.gov/media/releases/2024/p0401-avian-flu.html>).

Das Vogelgrippevirus A(H5N1) wurde erstmals 1997 beim Menschen nachgewiesen und führte in der Vergangenheit auch wiederholt zu Übertragungen von Geflügel auf den Menschen. Der klinische Verlauf beim Menschen einer durch das A(H5N1) ausgelösten Infektion reicht von leichten Symptomen bis hin zu schweren und lebensbedrohlichen respiratorischen Erkrankungen. Das nun nachgewiesene „Vogelgrippevirus“ konnte nach genauer

genetischer Typisierung der A(H5N1) 2.3.4.4b Subtypvariante zugeordnet werden. Dies ist eine Variante, die seit Anfang 2021 weltweit verheerende Epidemien unter Wildvögeln und Geflügel verursacht und auch immer wieder in unterschiedlichen Säugetierarten nachgewiesen wird. Diese Variante ist mittlerweile auf allen Kontinenten der Erde zu finden, inklusive der Antarktis (Virusepidemiologische Information Nr. 21/23). Trotz der starken und weltweiten Verbreitung des A(H5N1) 2.3.4.4b Subtyps sind Übertragungen auf den Menschen extrem selten und meistens die Folge von engem Kontakt mit infiziertem Geflügel. Bisher sind 13 humane Infektionen mit A(H5N1) 2.3.4.4b bekannt, die alle auf direkten Kontakt mit infizierten Vögeln zurückzuführen waren. Drei der infizierten Patient:innen starben in Folge der Infektion.

Eine A(H5N1) 2.3.4.4b Infektion des Menschen durch Milchkühe stellt einen neuen, bisher unbeobachteten Übertragungsweg dar. Dass diese Subtypvariante das Hausrind überhaupt infiziert, ist bereits eine Überraschung. Hausrinder infizieren sich zwar sporadisch mit Grippeviren, allerdings mit Influenza D, einem entfernt verwandten Erreger. Für Infektionen mit dem hochpathogenen A(H5N1) Subtyp und der 2.3.4.4b Subvariante sind Rinder normalerweise kaum empfänglich. Auch waren die allermeisten mit A(H5N1) 2.3.4.4b infizierten Säugetiere bisher Fleischfresser, wie beispielsweise Hunde, Raubkatzen, Katzen, Füchse, Bären und Seehunde, die sich vermutlich über den Verzehr kranker Vögel ansteckten. Bemerkenswert ist, dass A(H5N1) 2.3.4.4b auch Übertragungsketten in Säugetieren verursacht. So konnte beispielsweise ein Massensterben in Delphinen und in Seehundkolonien vor den Küsten Amerikas und Großbritanniens beobachtet werden. Wie sich Rinder in Milchviehbetrieben mit A(H5N1) 2.3.4.4b infizieren, ist noch unklar. Nachdem auf den Grundstücken der betroffenen Zuchtbetriebe auch verendete Vögel gefunden wurden, könnten sich die Milchkühe beispielsweise durch das Einatmen von Staub oder das Fressen von kontaminiertem Futter angesteckt haben.

Im Rahmen der initialen Infektion des Mitarbeiters des texanischen Milchviehbetriebs wurden bereits Milch, Nasenabstriche und Blut von Hausrindern im betroffenen sowie in angeschlossenen Milchviehbetrieben

untersucht. Dabei wurde das Virus in bereits sechs US-Bundesstaaten ausschließlich in der Milch der Kühe gefunden. Wie bereits in früheren experimentellen Infektionen (Martin Beer et.al., Emerg.Infect.Dis. 2008), zeigten die infizierten Milchkühe selbst nur leichte Symptome. Normalerweise verbreitet sich A(H5N1) nur selten dauerhaft unter Säugetieren. Forscher:innen beobachten derzeit eine weltweite Verbreitung von A(H5N1) 2.3.4.4.b in der Vogelwelt sowie ein immer häufigeres Überwinden der Speziesbarrieren auf Säugetierarten. Die Infektion und Verbreitung unter Milchkühen und der Umstand, dass die Tiere überhaupt durch ein für sie normalerweise harmloses Influenza-A-Virus erkranken, könnte auf einen atypischen A(H5N1)-Verlauf hindeuten. Das auf den US-Milchfarmen gefundene Virus weist eine spezifische genetische Signatur auf, die mit diesem atypischen Verlauf assoziiert sein könnte.

Eine Übertragung von A(H5N1) 2.3.4.4b über kontaminierte Milchprodukte auf den Menschen gilt aufgrund der Pasteurisierung und der damit einhergehenden Inaktivierung der Viren als gering. Jedoch könnte bereits der Nachweis von A(H5N1) 2.3.4.4b in domestizierten Tieren auf eine erhöhte Infektionsgefahr für Menschen hindeuten. Aufgrund des engen Kontaktes von Menschen mit potenziell infizierten Kühen scheinen einzelne Übertragungen auf den Menschen wahrscheinlich. Dennoch gilt bis heute das Risiko größerer Ausbrüche oder gar einer Pandemie aufgrund der A(H5N1) 2.3.4.4b Variante als sehr gering, da bisher keine Übertragung von Mensch zu Mensch bekannt ist. Ob nun das Risiko für die Bevölkerung neu bewertet werden muss, hängt auch davon ab, über welchen Weg sich die Tiere anstecken. In den betroffenen Herden sollen spezifische Antikörpertests indessen Aufschluss darüber geben, wie weit verbreitet die A(H5N1) 2.3.4.4b bereits ist und wie lange das Virus bereits in den Hausrindern zirkuliert. Laborexperimente sollen zusätzlich klären, wie ein Virus, das normalerweise Atemwegserkrankungen verursacht, in das Euter der Kühe gelangt ist, sodass es in deren Milch nachweisbar ist.

Letztlich ist A(H5N1) 2.3.4.4b eine Subtypvariante, die eine bisher noch nicht beobachtete Dynamik in Bezug auf Ausbreitung und Variabilität bei der

Überschreitung der Speziesbarrieren zeigt. Umso wichtiger ist die engmaschige Überwachung dieses Virus, um Veränderungen hinsichtlich der Wirtsspezifitäten frühzeitig zu erfassen.