

"VIRUSEPIDEMIOLOGISCHE INFORMATION" NR. 08/24



Für den Inhalt verantwortlich:
Prof. Dr. J. Aberle, Prof. Dr. St. Aberle,
Prof. Dr. E. Puchhammer, 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

Im Zeitraum von 16.04.2024 bis 29.04.2024 wurden am Zentrum für Virologie folgende Infektionen diagnostiziert:

Adeno	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	9		2			1			
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	1								
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	1 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus, 1 mal Doppelinfektion mit Enterovirus, 1 mal Doppelinfektion mit Coronavirus								

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

Corona	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	1					1	1	2	
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	OC43: 3, NL63: 1 1 mal Doppelinfektion mit Adenovirus, 1 mal Doppelinfektion mit Parvovirus								

Cytomegalie	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	8	1							
<i>serolog. Virusnachweis:</i>	1								
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>	1 mal Doppelinfektion mit HHV 7, 1 mal aus Muttermilch								

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

Klin. Auffälligkeiten:

EBV	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	7		3				2		
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	7						5		

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal aus Herzgewebe (Obduktionsmaterial)

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Adenovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Genotypisierung: **Typ 1A:** W: 2, Stm: 1; **Typ 1B:** W: 1, B: 1, **Typ 3A:** W: 6, Stm: 1, OÖ: 1

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Cytomegalievirus

HIV 1	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>									
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	7	2			1				1

Klin. Auffälligkeiten:

HPV - high risk	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>		3	1				7		

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten: H1N1: 1

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Masern	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	5			6	6				1
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>				1					

Klin. Auffälligkeiten:

Metapneumovirus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	5	2			1	4		1	

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Parvovirus 3, 2 mal Doppelinfektion mit Rhinovirus

Parainfluenza 1-3	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	5	3	4			3	1	1	
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									

Klin. Auffälligkeiten: Parainfluenza 2: 1, Parainfluenza 3: 13
1 mal Doppelinfektion mit Coronavirus, 1 mal Doppelinfektion mit Metapneumovirus

Parvo B19	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	25		13				4		
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>	2								

Klin. Auffälligkeiten: 4 mal in Gravidität, 1 mal aus Plazenta-Biopsie

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

Klin. Auffälligkeiten:

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

Klin. Auffälligkeiten:

Rhino Virus	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>	13	4	4	1		9	1	2	

Klin. Auffälligkeiten: 1 mal Doppelinfektion mit Adenovirus, 2 mal Doppelinfektion mit Metapneumovirus

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

Klin. Auffälligkeiten:

SARS-CoV-2	W	NÖ	B	OÖ	S	Stm	K	T	V
<i>direkter Virusnachweis:</i>						2			
<i>serolog. Infektionsnachweis:</i>									
<i>Klin. Auffälligkeiten:</i>									

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

direkter Virusnachweis: PCR, Antigen-ELISA, Virusisolierung

serologischer Infektionsnachweis: Antikörper-ELISA, Hämagglutinationshemmtest, Immunfluoreszenztest, Komplementbindungsreaktion, Neutralisationstest

Weitere Informationen zur Virusdiagnostik entnehmen sie unserer Informationsbroschüre:
<https://www.virologie.meduniwien.ac.at/diagnostik/download-informationsbroschuere/>

Epidemiologische Trends: Im Bereich der respiratorischen Viren werden v.a. Rhino-Viren nachgewiesen, daneben auch Parainfluenza 3 und Metapneumo-Viren. Weiterhin starke Zirkulation von Parvovirus B19!

Masern in Österreich: Erkenntnisse am Referenzlabor

David Springer und Lukas Weseslindtner

Im vorigen Jahr wurden in Österreich insgesamt 186 Masernfälle gemeldet, was einer Inzidenz von 20,4 pro einer Million Einwohner entspricht (das Ziel der WHO ist bekanntlich eine Inzidenz unter 1). Mit einer so hohen Inzidenz belegte Österreich bereits 2023 gemeinsam mit Rumänien den Spitzenplatz in Europa. Leider hat sich die Situation seit Anfang 2024 jetzt noch einmal verschärft. Bis dato (Stand: 30.04.2024) wurden in Österreich 409 Masernfälle bestätigt, womit wir uns bereits dem Rekordwert der letzten zwanzig Jahre annähern (2008: 443 Fälle). Obwohl das Jahr noch lange nicht vorüber ist, lägen wir schon jetzt bei einer Inzidenz von über 45 pro einer Million Einwohner! Allein dieses Jahr mussten dabei 19 % der mit Masernvirus infizierten Personen hospitalisiert werden (letztes Jahr waren es ca. 25%). Vier Personen mussten seit Jahresbeginn sogar auf einer Intensivstation aufgrund der Masernerkrankung behandelt werden. Die hohe Hospitalisierungsrate unterstreicht wieder einmal, wie schwer die Masern klinisch verlaufen können und wie hoch die Komplikationsrate ist.

An unserem Zentrum, das als Nationales Referenzlabor für Masern fungiert, werden kontinuierlich mehr als 80% der klinischen Proben der mit Masernvirus infizierten Personen zur Bestätigung untersucht und in Folge auch genotypisiert (aktuell sogar 93%). Die Ergebnisse dieser Genomanalysen erlauben wichtige Erkenntnisse in Bezug auf das aktuelle Geschehen.

Da fast alle in unserem Land nachgewiesenen Masernviren genotypisiert werden (was nur wenige europäische Länder schaffen), wird die Abklärung epidemiologischer Zusammenhänge entscheidend unterstützt. Durch den Abgleich der nachgewiesenen Genotypen mit einer WHO-Datenbank erhält man nämlich einen Hinweis aus welchen Ländern die Masernviren eingeschleppt wurden, auch wenn zu einzelnen Fällen keine oder nur wenig epidemiologische Informationen vorliegen.

So zeigt sich zum Beispiel, dass der Genotyp D8-8350, der seit letztem Jahr in Rumänien einen riesigen Ausbruch mit weit über 4000 Fällen verursacht (Stand: Februar 2024), Anfang November 2023 nach Österreich importiert wurde. Dabei konnte dieser Genotyp zunächst bei Personen mit Bezug zu Rumänien nachgewiesen werden, und verbreitete sich dann in weiteren Teilen der Bevölkerung in mehreren Bundesländern. Außerdem konnte im Laufe des Jahres 2023 eindeutig bewiesen werden, dass der Ausbruch in der Steiermark im Frühjahr nichts mit dem darauffolgenden Ausbruch im Frühsommer in Wien zu tun hatte, da die Genotypisierung schnell zeigte, dass sie durch unterschiedliche Genotypen verursacht worden waren (D8-5963 in der Steiermark und D8-8455 in Wien).

Inzwischen ist es an unserem Zentrum durch genauere genetische Analysen sogar möglich, auch bei Nachweis von Masernviren desselben Genotyps zu bestimmen, wie nahe diese Viren miteinander verwandt sind. Somit kann mit einer hohen Wahrscheinlichkeit festgestellt werden, ob ein Virus desselben Genotyps bei uns im Land von Person zu Person weitergegeben wird (das Virus also in Österreich gegebenenfalls zirkuliert) oder Masernviren desselben Genotyps zeitgleich und mehrfach importiert werden. Als Beispiel siehe Abbildung 1: Auf den ersten Blick bestünde die Möglichkeit, dass der Genotyp D8-5963 seit dem Frühjahr 2023 in Österreich (unerkannt) zirkuliert, da er im Frühjahr 2023 in der Steiermark, im Spätherbst 2023 in Wien, Anfang 2024 in Tirol und danach in mehreren Bundesländern nachgewiesen werden konnte. Die Ergebnisse unserer genetischen Analysen zeigen aber, dass die Viren des Genotyps D8-5963 aus der Steiermark, Wien und Tirol nicht unmittelbar miteinander verwandt sind und es sich hierbei also um Reimporte handelt. In Tirol ist es Anfang dieses Jahres sogar zum zeitgleichen Import von zwei verschiedenen Viren des Genotyps D8-5963 gekommen (was sich mit den Ergebnissen der epidemiologischen Ausbruchsabklärung deckt).

Abbildung 1 zeigt, in welchen Bundesländern die an unserem Zentrum nachgewiesenen Maserngenotypen seit Anfang 2023 im zeitlichen Verlauf vorkommen. Daraus lassen sich folgende Rückschlüsse ziehen: Es werden seit dem Frühjahr 2023 kontinuierlich neue Maserngenotypen nach Österreich

importiert, wobei viele Importe erfolgreich eingedämmt werden und zu keinen oder nur zu kleinen Ausbrüchen führen. Für den Großteil der Masernfälle dieses Jahr sind vier Genotypen verantwortlich (D8-5963, D8-8350, D8-8491, B3-6418). Entscheidend ist dabei, dass in den meisten Bundesländern bereits mehrere Genotypen gleichzeitig vorkommen. Auch ohne epidemiologische Abklärung beweist dies, dass wir es im Gegensatz zum Frühjahr des Vorjahres nicht mehr mit einem regionalen, einzelnen Ausbruch zu tun haben, sondern dass es in betroffenen Bundesländern mehrere „Masernbrandherde“ gleichzeitig gibt.

Im Moment gibt allerdings ein verlangsamtes Infektionsgeschehen in den letzten Wochen einen Anlass zur vorsichtigen Hoffnung, dass die Verbreitung der Masern durch die aufwendigen Gegenmaßnahmen der Gesundheitsbehörden erfolgreich eingedämmt werden konnte. Jedenfalls bedanken wir uns ganz herzlich bei den zahlreichen Einsendern, die uns die klinischen Proben der Maserninfizierten so verlässlich und prompt zukommen lassen.

Masernausbruch 2023/2024 - Epikurve nach Bundesland



Abbildung 1: Epikurve der wöchentlichen Masernfälle, aufgeschlüsselt nach Bundesland (Panels) und Genotyp (Farben). Die x-Achse zeigt die Kalenderwochen von 2023-W05 bis 2024-W17, die gestrichelte Linie markiert den Jahresbeginn 2024. (Graphik : © Zentrum für Virologie)