



Einstufung in eine Sicherheitsklasse für das neue Orthobunyavirus in Deutschland („Schmallenberg-Virus“)

Riems, 15.12.2011

Berichterstatter: PD Dr. Martin Beer, Dr. Bernd Hoffmann

Einleitung

Im November 2011 wurde im Rahmen der differentialdiagnostischen Abklärung auf Virus der Blauzungenkrankheit (BTV) durch das Friedrich-Loeffler-Institut ein neues Orthobunyavirus nachgewiesen (siehe ProMed-Mail vom 19.11.2011). Das Virus wurde vorläufig als „Schmallenberg-Virus“ (SBV) benannt.

Das Virus wurde bei Rindern nachgewiesen, die kurzzeitig erhöhte Körpertemperatur und starken Milchrückgang zeigten. Das Krankheitsbild wurde seit August 2011 für zahlreiche Betriebe in Nordrhein-Westfalen (insbesondere Grenzregion zu Holland) beschrieben. In Milchkühen aus dieser Region wurden mittels *real-time* RT-PCR in 11 Proben aus 5 Betrieben SBV-positive Ergebnisse erzielt.

Das Virus konnte auf Insektenzellen und später auch auf einer Hamsterzelllinie angezüchtet und weiter vermehrt werden.

In einem ersten Tierversuch mit drei Rindern konnte eine Virusvermehrung mit kurzzeitiger Virämie (Tag 2 bis 5 nach Inokulation) beobachtet werden. Ein Tier zeigte an einem Tag Fieber (40.5°C), ein weiteres Tier mittelgradigen Durchfall.

Alle drei Genomsegmente (S, M und L) des SBV wurden bisher vollständig (S und L) oder teilweise (M) sequenziert. Alle drei Segmente weisen das Virus eindeutig als einen Vertreter des Genus *Orthobunyavirus* aus. Die höchsten Homologien ergeben sich für die Orthobunyaviren der Simbu-Serogruppe. Da allerdings nur für das S-Segment ausreichende Vergleichssequenzen in den Datenbanken vorhanden sind, kann eine erste weitergehende Feinklassifizierung auch nur auf dieser Basis vorgenommen werden. Hierbei ist festzustellen, dass SBV im S-Segment die höchste Homologie (96 Prozent auf Aminosäureebene) zum Shamonda-Virus zeigt.

Das Virus wird daher vorläufig als „Shamonda-like“ Virus klassifiziert.

Viren der Simbu-Serogruppe kommen besonders in Asien, Australien und Afrika vor. In der Literatur werden sie nur sehr selten mit klinischen Symptomen in Zusammenhang gebracht, eine Ausnahme ist die Induktion kongenitaler Defekte z.B. durch das Akabane-Virus. Allerdings wird auch für die anderen

Viren der Simbu-Serogruppe die Möglichkeit der Entwicklung von kongenitalen Schäden bei Wiederkäuern angenommen. Humanpathogene Vertreter sind selten (z.B. Oropouche-Virus).

Viren der Simbu-Serogruppe werden in erster Linie durch Insektenvektoren (Gnizen, Moskitos) übertragen. Die Infektion ist daher nicht kontagiös.

Viren der Simbu-Serogruppe waren bisher in Europa nicht nachgewiesen worden.

Vorschlag für die Einstufung

SBV sollte für alle Laborarbeiten in die **Risikogruppe 2** eingestuft werden.

Alle tierexperimentellen Arbeiten sollte in die **Risikogruppe 3** eingestuft werden.

Begründung

1. Alle bisherigen Daten weisen auf ein Virus der Simbu-Serogruppe hin, das sich vornehmlich in Wiederkäuern und Insektenvektoren vermehrt. Im Wiederkäuer wird durch SBV keine oder nur eine milde Klinik hervorgerufen. Kongenitale Schäden können aber nicht ausgeschlossen werden.
2. Die hohe genetische Verwandtschaft (S-Segment) zu Shamonda-Virus passt in dieses Bild und spricht dafür, dass SBV sich ähnlich verhält. Die Verwandtschaft zu Akabane-Virus und zum humanpathogenen Vertreter dieser Gruppe (Oropouche-Virus) ist deutlich geringer.
3. Als Überträger ist ein Insektenvektor sehr wahrscheinlich. Dafür sprechen der Zeitpunkt des Auftretens der Klinik und die genetische Klassifizierung.
4. Es liegen keinerlei Hinweise auf humane Infektionen vor (z.B. bei den Betriebsangehörigen oder andere Personen aus den betroffenen Regionen). Allerdings sollte diese Annahme durch weitere Untersuchungen (Epidemiologie, Serologie von Personen aus der Region, Surveillance) untermauert werden.
5. Tierversuche sind besonders abzusichern. Daher wird analog zum Virus der Blauzungenkrankheit ein Arbeiten in vektorfreier Umgebung angeraten, was erst ab Sicherheitsstufe 3 sichergestellt werden kann.