



# Presseinformation

## Hinweis auf neues Virus bei Rindern in Deutschland

Insel Riems, 21. November 2011. Das Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit (FLI), hat bei der Untersuchung von Rindern in Nordrhein-Westfalen Hinweise auf ein neues Virus gefunden. Seit den Sommermonaten waren dort bei Milchrindern Fälle von Fieber über 40°C, reduziertes Allgemeinbefinden sowie starker Milchrückgang beobachtet worden. Erbmaterial eines bisher unbekanntes Erregers wurde am FLI aus Proben erkrankter Tiere mit Hilfe der neuen Technik der Metagenomanalyse nachgewiesen. Erste vergleichende Untersuchungen weisen darauf hin, dass es sich um einen Erreger aus der Gattung *Orthobunyavirus* handelt, der mit der Gruppe der Akabane-ähnlichen Viren verwandt ist. Diese Erreger werden wie das Virus der Blauzungenkrankheit hauptsächlich von Gnuzen übertragen. Aufgrund der Probenherkunft wird das Virus vorläufig als „Schmallenberg-Virus“ bezeichnet. Bisher konnte der Erreger allerdings noch nicht isoliert werden. Ob es einen Zusammenhang zwischen den beschriebenen Symptomen und dem „Schmallenberg-Virus“ gibt, steht zum jetzigen Zeitpunkt noch nicht fest. Zudem ist unklar, ob es sich um einen Neueintrag dieses exotischen Virus handelt oder ob Orthobunyaviren schon seit längerer Zeit unerkannt bei Rindern in Europa vorkommen. Weitere Untersuchungen zur Charakterisierung des Virus und zur möglichen Ausbreitung laufen.

Orthobunyaviren des Rindes sind in Ozeanien, Australien und Afrika verbreitet und rufen dort in der Regel zunächst nur eine sehr milde Klinik hervor. Werden allerdings trächtige Tiere infiziert, so können zeitverzögert zum Teil erhebliche angeborene Schäden, Frühgeburten und Störungen im Fruchtbarkeitsgeschehen auftreten. Das FLI hatte die aus Nordrhein-Westfalen eingesandten Proben zunächst auf eine Reihe von bekannten Viren untersucht (z.B. Virus der Maul- und Klauenseuche oder das Virus der Blauzungenkrankheit), konnte aber keinen dieser Erreger nachweisen. Daraufhin wurde

die neue Technik der Metagenom-Analyse eingesetzt, die den ungezielten Nachweis von Erbmaterial (Genom) potentieller Infektionserreger erlaubt. Diese aufwändige Technik führte zum Nachweis von Teilen des Erbguts des neuen Erregers, worauf dann eine Polymerasekettenreaktion als empfindliche und erregerspezifische Nachweismethode entwickelt werden konnte. Das Erbgut des Erregers konnte mit dieser Methode bisher in 9 Tieren aus 4 Beständen nachgewiesen werden.