

Passive Surveillance der Schweineinfluenza in Europa: Stand der Untersuchungen

Dinah Henritzi¹, Silke Wacheck², Michael Schlegel²; Martin Beer¹; Timm C. Harder¹

¹Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut, Insel Riems

²IDT Biologika GmbH, Dessau-Thornau

Influenza-A-Virus-Infektionen sind weltweit bei Schweinen verbreitet und verursachen wirtschaftliche Schäden in der industriellen Schweineproduktion. Schweine können sowohl von aviären als auch humanen Influenza-Viren infiziert werden. In den letzten zehn Jahren haben sich in Europa drei stabile Linien reassortierter aviärer und humaner Viren etabliert. Als neuer vierter Kandidat tritt seit 2009 das humane pandemische H1N1/2009-Virus hinzu und stört derzeit das Gleichgewicht der etablierten europäischen Schweineinfluenzaviruslinien (swIAV). Die Entstehung der jüngsten humanen Influenzapandemie (H1N1/2009) ausgehend von reassortanten porcinen Influenzaviren unterstreicht die Bedeutung der Schweinepopulationen als Träger von Influenzaviren mit zoonotischem und sogar pandemischem Potenzial. Eine genauere Überwachung dieser Populationen schien daher eine logische Konsequenz der jüngsten Influenzapandemie im Hinblick auf den OneHealth-Aspekt porciner Influenza zu sein. Tatsächlich begannen überraschenderweise nur wenige Länder (in Europa bislang nur Frankreich) mit nachhaltigen, staatlich geförderten und öffentlich kontrollierten Überwachungsprogrammen. Es ist daher plausibel und sinnvoll ein passives Überwachungsprogramm für swIAV in ausgewählten europäischen Ländern zu initiieren, welches durch ein veterinärmedizinisch orientiertes Impfstoffunternehmen getragen wird. Dieses Projekt beinhaltet eine nicht repräsentative passive Überwachung der europäischen Schweinepopulation. Hierfür werden in verschiedenen europäischen Ländern Nasenabstriche von Schweinen mit respiratorischen Erkrankungen gesammelt. Die Proben werden mittels Real-Time-RT-PCR (RT-qPCR) auf die Anwesenheit von Influenza-A-Viren untersucht. Weiterhin werden positive Proben einer molekularen Subtypisierung, Virusisolierung sowie einer antigenen und phylogenetischen Charakterisierung unterzogen. Eine hohe Inzidenz von Influenza-Virusinfektionen aller vier Linien und verschiedener Reassortanten dieser Linien untereinander wurden saisonunabhängig detektiert. Das Auftreten neuer Linien und/oder Reassortanten wurde für mehrere europäische Länder dokumentiert. Die Überwachung wird bis in das Jahr 2017 fortgesetzt und bis zu 5.000 Proben umfassen.

7. Riemser Diagnostiktage

26. und 27. November 2015
Alfried Krupp-Wissenschaftskolleg
in Greifswald

