

Diagnostik der Influenza: Wechselnde Gegner - angepasste Maßnahmen

Timm Harder, Christian Grund und Martin Beer

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

Die Epidemiologie der hochpathogenen aviären Influenza (HPAIV) in Deutschland und Europa war zuletzt vor allem von erratischen Viruseinträgen aus Asien geprägt. Daneben gab es jedoch auch autochthone HPAI Ausbrüche, die sich aus lokalen AIV Infektionen mit niedrigpathogenen Viren (LPAIV) der Subtypen H5 und H7 herleiteten. Da prognostische Aussagen zu zukünftigen Entwicklungen nicht möglich sind, müssen Monitoringuntersuchungen Einblicke in das jeweils aktuelle AIV Infektionsgeschehen in hiesigen Wildvogel- und Geflügelpopulationen erzwingen. Hierzu sind möglichst breit reagierende und dennoch sensitive diagnostische Verfahren einzusetzen, die eine Virusdetektion auch über das regional bekannte Erregerspektrum hinaus garantieren. Dies stellt die Molekulardiagnostik vor immer neue Herausforderungen.

Die gegenwärtig eingesetzten real time RT-PCR Methoden sind auf die in Europa endemischen AIV abgestellt, erfassen allerdings auch einen großen Teil der in Asien zirkulierenden HPAIV. Fortlaufende Validierungen und Anpassungen der Methodik sind erforderlich, um die diagnostische Sensitivität und Spezifität gegenüber aktuellen oder neu eingetragenen Viren zu optimieren.

Dies wurde mit den Einträgen von HPAI H5N8 Viren der Kladen 2.3.4.4a (2014/2015) und 2.3.4.4b (seit 2016) aus dem asiatischen Raum deutlich. In den Ursprungsgebieten dieser Viren in Südostasien haben sich mittlerweile neue Viruscluster des Subtyps H5N6 (Kladen 2.3.4.4c und d) formiert, die dort bereits eine hohe geographische Mobilität bei Geflügel und Wildvögeln aufweisen und darüber hinaus über zoonotisches

