

# Die HPAIV Genotypen in Deutschland: Immer neu und immer aktuell

Anne Pohlmann

FLI, Institut für Virusdiagnostik, Labor für Datenkurierung



Anne Pohlmann  
(© W. Maginot, FLI)

In den Jahren 2020-2022 hat das hochpathogene aviäre Influenzavirus (HPAIV) Subtyp H5 in den europäischen und nord-amerikanischen Wildvogel- und Geflügelpopulationen eine Enzootie von noch nie dagewesenem Ausmaß verursacht. Der derzeit zirkulierende Genotyp entstand im Sommer 2020 und hat sich im Winter 2020/2021 zu einer bisher unbekanntem genetischen Vielfalt von Genotypen weiterentwickelt.

Diese Entwicklung setzte sich fort mit einer ungewöhnlichen Präsenz des Virus im Sommer 2021 und einer wiederum von hoher genetischer Variabilität geprägten HPAIV Saison im Winter 2021/2022. Auch im Sommer 2022 war das Virus kontinuierlich in Wildvogel- und Geflügelpopulationen nachweisbar.

Sequenzinformationen sind ein entscheidendes Mittel, um die genetische Variabilität der zirkulierenden Viren abzubilden, Eintrag und Verbreitung von Viren mit Hilfe

molekular-epidemiologischer Methoden zu verfolgen und die Entstehung und Verbreitung neuartiger Influenzaviren zu beschreiben. Am FLI werden Stichproben der positiv getesteten HPAIV Proben sequenziert und phylogenetisch analysiert. Ergebnisse dieser Analysen werden kontinuierlich in einem Gesamtüberblick zusammengefasst, aktualisiert und sind öffentlich abrufbar unter:

DOI: 10.5281/zenodo.6838094

Auf der Basis aktueller Daten repräsentieren die Grafiken wochengenaue genetische Analysen von Fällen bzw. Ausbrüchen hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) des Subtyps H5 bei Wildvögeln und Geflügel in Deutschland. Hierbei werden Sequenzinformationen ausgewertet und mit Daten aus dem Tierseuchennachrichtensystem und dem Institut für Virusdiagnostik des FLI zusammengeführt. Innerhalb des HPAI Subtyps H5 werden auf der Basis von Sequenzvergleichen verschiedene Genotypen unterschieden, die entsprechend farbig gekennzeichnet sind. Die geografische Verteilung einzelner Fälle, die jeweilige Anzahl an Sequenzen der Genotypen, ihr zeitlicher Verlauf und ihre Aufteilung auf die verschiedenen HPAIV Subtypen bezogen auf ihr Vorkommen bei Wildvögeln, Geflügel und gehaltenen Vögeln werden gemeinsam gezeigt. Mit Hilfe detaillierter phylogenetischer Analysen lassen sich weiterhin die Sequenzen und damit die jeweiligen Fälle bzw. Ausbrüche gemeinsamen Clustern zuordnen.

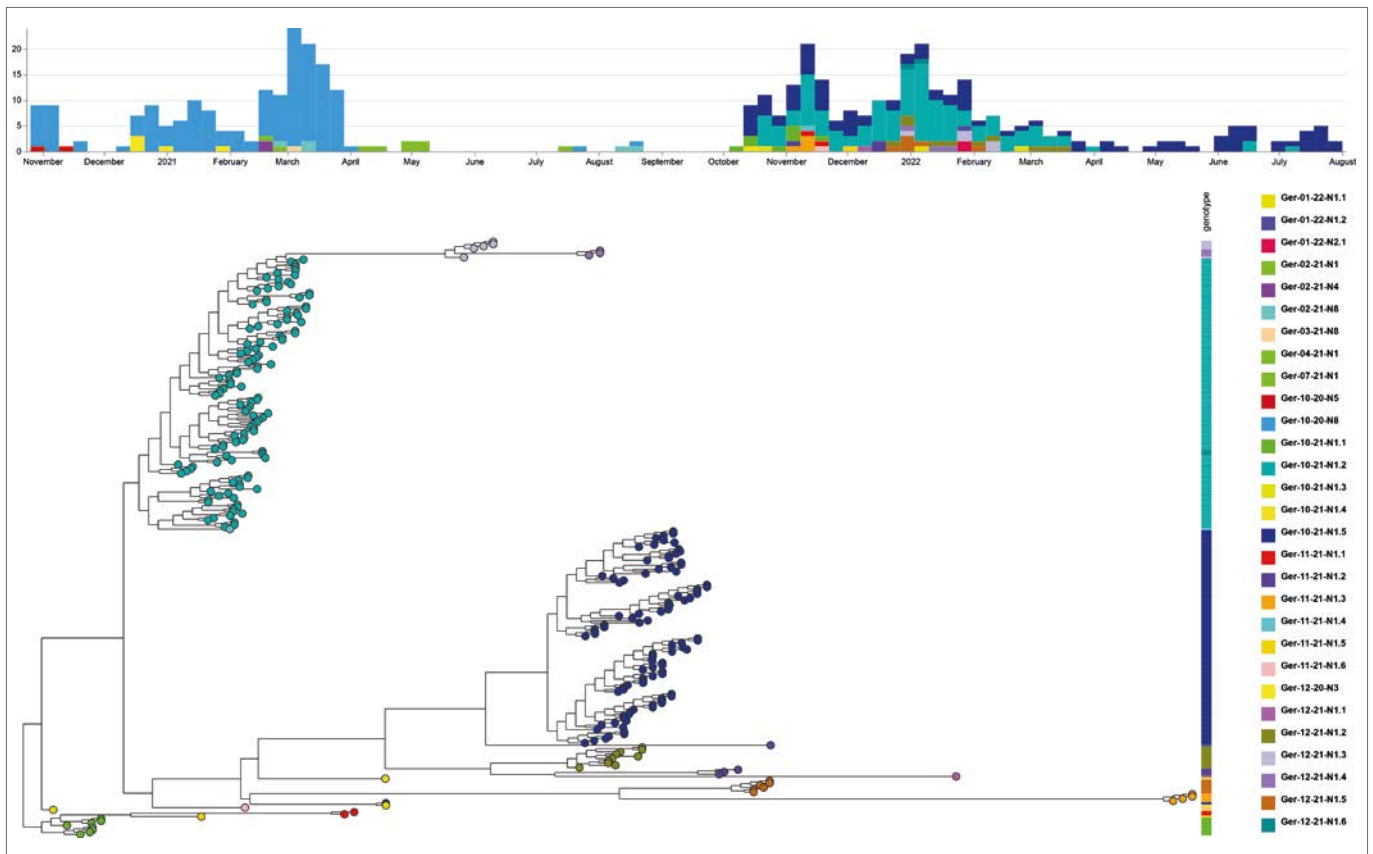


Abb.: HPAIV Genotypen von 2020 bis 2022 als wochengenaue zeitliche Anzahl der analysierten Sequenzen und eine phylogenetische Analyse von H5N1 Sequenzen aus 2021/2022.