



25.09.2024

Transkript

„Mögliche Übertragungswege von H5N1 in den USA“

Experten auf dem Podium

- ▶ **Prof. Dr. Martin Beer**
Leiter des Instituts für Virusdiagnostik (IVD), Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Greifswald-Insel Riems
- ▶ **Prof. Dr. Martin Schwemmler**
Forschungsgruppenleiter am Institut für Virologie, Universitätsklinikum Freiburg
- ▶ **Dr. Annegret Burkert**
Moderatorin des Press Briefings, Science Media Center Germany

Mitschnitt

- ▶ Einen Videomitschnitt finden Sie unter: <https://www.sciencemediacenter.de/angebote/moegliche-uebertragungswege-von-h5n1-in-den-usa-24136>
- ▶ Falls Sie eine Audiodatei oder eine Sprecheransicht des Videomitschnitts benötigen, können Sie sich an redaktion@sciencemediacenter.de wenden.



Transkript

Moderatorin [00:00:00]

Schönen guten Morgen und willkommen zu diesem etwas spontaneren Press Briefing. Wir möchten heute noch einmal über die Infektionen von Milchkühen in den USA mit dem Vogelgrippevirus H5N1 sprechen. Und bevor ich loslege, gleich der Hinweis: dieses Press Briefing und auch das Nature-Paper, über das wir hier in dem Press Briefing sprechen, stehen unter Embargo bis heute Nachmittag 17:00 Uhr. Und auch die Information an alle Teilnehmenden: Sie kriegen von uns automatisch im Anschluss an das Press Briefing die Aufzeichnung von dem Briefing noch mal zugeschickt, damit Sie die eine oder andere Stelle noch mal nachhören können. Ich komme zu dem Thema: Zu den Infektionen bei Milchkühen in den USA sind ja viele Fragen noch ungeklärt. Einige Antworten liefert jetzt eine Studie, die heute um 17:00 Uhr in Nature erscheint und einer der verantwortlichen Autoren ist heute anwesend. Das ist Martin Beer. Ich heiße Sie herzlich willkommen und vielen Dank, dass Sie da sind. Herr Beer ist Leiter des Instituts für Virusdiagnostik am Friedrich-Loeffler-Institut in Greifswald. Und er beschäftigt sich schon seit vielen Jahren mit den Vogelgrippefällen hier in Europa und seit dem Ausbruch in den USA und auch mit der Fragestellung, über welchen Weg das Virus so erfolgreich in diesen industriell gehaltenen Kuhherden die Kühe befallen kann und übertragen wird. Als zweiten Experten in der Runde begrüße ich Martin Schwemmler. Er ist Forschungsgruppenleiter am Institut für Virologie am Universitätsklinikum in Freiburg. Und einer seiner Forschungsschwerpunkte ist die Frage, wie es Influenza-A-Viren schaffen, die Speziesbarriere Mensch zu überwinden. Im Zuge des Infektionsgeschehen in den Kuhställen in den USA haben sich tatsächlich auch schon 15 Menschen infiziert. Und vergangene Woche gab es ja auch schon berichtet, dass es infizierte Menschen gibt, bei dem man nicht so genau weiß, wie es zu der Infektion gekommen ist, weil sie keinen direkten Kontakt zu den Tieren hatten. Genau darüber werden wir ganz bestimmt auch gleich noch mal sprechen. Ich möchte Sie darauf hinweisen. Sie können ab jetzt direkt auch Ihre Fragen in dem Frage-und-Antwort-Tool durchstellen. Die liest meine Kollegin und reicht mir die hier direkt rein, sodass die Experten sie für Sie beantworten können. Legen wir doch direkt mal los, Herr Beer, ich würde mich total freuen, wenn Sie uns kurz zusammenfassen könnten, was Sie in der Studie untersucht haben und was die wichtigsten Ergebnisse daraus sind.

Martin Beer [00:02:33]

Ja, das mache ich sehr gerne. Also die Studie fasst zwei tier-experimentelle Arbeiten zusammen: einmal in Kansas von der dortigen Universität – die Arbeitsgruppe von Jürgen Richt – und Arbeiten, die hier am Friedrich-Loeffler-Institut gelaufen sind. In Kansas wurden Kälber oronasal mit dem US-amerikanischen Stamm, der sich gerade dort in Milchkühen ausbreitet, infiziert. Bei uns haben wir den gleichen Stamm verwendet und bei drei Kühen das Virus in alle vier Eutervierviertel gegeben.

Moderatorin [00:03:13]

Eine kurze Zwischenfrage: oronasal bedeutet über welchen Weg?

Martin Beer [00:03:15]

Über die Nase und ins Maul gegeben. Also beides, also das, was ein natürlicher Übertragungsweg wäre. Und wir haben den unnatürlichen Weg [untersucht], der aber eben eine besondere Rolle spielt. Nämlich das Virus direkt über den Zitzenkanal ins Euter gegeben und einmal auch das US-amerikanische Virus und ein Virus der gleichen Klade. Das ist ja diese ominöse 2.3.4.4b, die eine Panzootie ausgelöst hat, das heißt sich in Wildvögeln fast global verbreitet hat. Und wir haben



einen anderen Stamm verwendet. Die Stämme unterscheiden sich durchaus, also [sie haben den] gleichen Name H5N1 und die gleiche Klade, es ist aber trotzdem variabel. Wir haben einen Stamm aus einem Wildvogel in diesem Jahr verwendet, der nach der EU Nomenklatur benannt wird als DG Typ. Und diese Daten sind dann vergleichend untersucht worden. Und was wir sehen, ist, dass diese Infektion der Kälber auf dem Weg über die Nase und ins Maul nur zu einer moderaten bis geringgradigen Infektion führt. Also ich finde für ein paar Tage geringe Virusmengen. Kontaktiere, die direkten Kontakt zu den Kälber hatten, haben sich nicht infiziert. Das Virus hatte offenbar nicht die Möglichkeit sich so effizient zu vermehren. Im Euter sieht das so aus, dass das Virus sich sofort – und zwar beide Virustypen, sowohl das amerikanische als auch das europäische – zu maximalen Mengen vermehrt haben. Also das Euter ist damit auch noch mal experimentell nachgewiesen ein zentraler Ort, der die Replikation, die Vermehrung ermöglicht. Die Tiere werden dann tatsächlich auch krank, weil wir haben alle vier Euterviertel infiziert. Das ist eine Belastung für die Tiere. Die bekommen Fieber und die Milchproduktion wird innerhalb von wenigen Tagen um über 90 Prozent reduziert. In dieser Restmilch ist aber sehr viel Virus und das gilt für beide Virustypen. Wenn wir uns dann ansehen, ob das Virus noch irgendwo anders ist – also finden wir H5N1 in diesen Kühen noch woanders, obwohl die so viel Virus im Euter haben – ist das nicht der Fall. Also wir haben weder in der Nase, noch in Organen, in der Lunge dieses Virus für beide Virustypen wiedergefunden. Das heißt, es beschränkt sich tatsächlich auf das Euter. Und wir haben uns die Viren dann genau angesehen und das europäische Virus muss eine minimale bekannte Mutation vollführen, um sich an die Säugetierzelle zu optimieren, dort zu wachsen. Das hat das Rindervirus schon getan. Das ist in einem der Replikationspolymerasen, also der Gene, die die Vermehrungsmaschinerie antreiben. Mehr muss das Virus gar nicht machen und es kann sich perfekt im Euter vermehren. Hauptschlussfolgerung ist erstens: Es ist offensichtlich keine Stammeigenschaft, denn es geht auch mit einem durchaus anderen Stamm. Also es ist eher eine generelle Eigenschaft. Das Euter ist das zentrale Vermehrungsorgan und die Ausbreitung scheint tatsächlich in erster Linie über die Milch möglich, weil die Kälber konnten sich nicht gegenseitig anstecken. Wir finden kein Virus im Restaurations-trakt der Kühe, so dass wir die Schlussfolgerung glaube ich sehr klar machen können. Immer mit dem Hinweis: Es handelt [sich in der Studie] um beschränkte Tierzahlen. Im Feld draußen können Tiere auch mal immunsupprimiert sein. Und wir haben [ältere] Stämme verwendet – auch der amerikanische Stamm ist ein früher Stamm. Also wir wissen nicht, wie sieht ein Stamm heute aus? Gab es da noch Veränderungen? Bisher habe ich aber keine Hinweise gesehen, dass dort schon irgendwelche weiteren Anpassungen passiert sind.

Moderatorin [00:07:22]

Ja, wunderbar. Vielen Dank, Herr Schwemmler. Sie hätten auch schon die Chance, mal in die Studie rein zu gucken. Welchen Mehrwert liefert diese auch aus Ihrer Sicht?

Martin Schwemmler [00:07:33]

Also die Studie ist sehr wichtig, um das Insgesamt-Risiko abschätzen zu können. Also man hat jetzt eigentlich gelernt, dass die Übertragung nicht so einfach ist. Das sind schon mal sehr gute Nachrichten, weil da kann man sofort viel daraus lernen. Und die zweite Information ist, dass das speziell was mit dem Euter zu tun haben zu scheinen. Also das muss hier die große Rolle zu spielen. Also für die Risikoabschätzung, wie es eigentlich weitergeht, sind das alles sehr gute Nachrichten. Und was auch sehr gut ist, dass ziemlich schnell neutralisieren der Antikörper gebildet werden. Also das sind eigentlich insgesamt sehr gute Nachrichten. Das sind Informationen, die bisher gefehlt haben.

Moderatorin [00:08:21]



Jetzt haben Sie gerade gesagt, die gute Nachricht ist, die Übertragung ist nicht so einfach. Ausbrüche wurden in 14 Staaten in den USA festgestellt. Also da hat doch ordentlich Übertragung stattgefunden. Wie ist das dann zu erklären? Sie nicken beide. Vielleicht beide kurz eine Antwort dazu? Gerne.

Martin Beer [00:08:40]

Also, wenn ich vielleicht starte. Der Hinweis ist schon, dass das der Melk-Vorgang wahrscheinlich die zentrale Rolle spielt. Also wir schließen andere Wege nicht völlig aus, aber unsere Ergebnisse belegen noch mal: am effizientesten scheint das von Euter zu Euter zu gehen. Das ist dann eher eine, ich nenn es fast schon Technopathie. Das heißt, das Virus muss mit dem Melkgeschirr weitergegeben werden. Da so viel Virus in der Milch sein kann, reichen dann schon kleine Kontaminationen. Von Bestand zu Bestand spielt wahrscheinlich der Transport positiver Tiere eine große Rolle. Da fehlen uns leider – und das ist immer noch so – viele, viele Informationen aus dem Feld in den USA. Also wie viele Tiere wurden denn transportiert? Wie viel sind getestet? Wie sieht es eigentlich in einem Betrieb aus? Die Daten fehlen leider, weil das wären jetzt die Puzzlesteine, die das Experiment dann noch mal weiter unterlegen würden.

Martin Schwemmler [00:09:38]

Die Daten fehlen. Aber die gute Nachricht ist, im Prinzip wäre dieses Infektionsgeschehen relativ einfach zu unterbinden – technisch gesehen. Praktisch ist das natürlich eine ganz andere Sache. Aber es ist nicht so, dass man eine Übertragungskette hätte, bei der man nichts mehr machen kann. Also von über Luft, über Schmierkontakt oder irgendwas. Es ist wirklich sehr wahrscheinlich, dass das über den Melkvorgang das vonstatten geht. Da hätte man jetzt gute Möglichkeit, hier gezielt einzugreifen.

Moderatorin [00:10:10]

Also quasi die Melkmaschine zwischen jedem Melkvorgang zu desinfizieren. Wäre das eine Möglichkeit oder ist das aus der Praxis völlig utopisch?

Martin Beer [00:10:18]

Es gibt ja diese Maßnahmen sowieso schon. Also Melkhygiene ist ja etwas sehr Wichtiges, aber das kann man zum einen steigern. Viel wichtiger ist, überhaupt die ausscheidenden Tiere zu identifizieren. Und da diese so viel über die Milch ausscheiden und auch irgendwann Antikörper auftauchen, habe ich zwei Testsysteme, mit denen ich das quasi korrespondierend herausfinden kann. Und diese Milch wird in Tanks gemolken. Und die Sammelmilch in den Tanks ist ein hervorragendes Testmedium und man kann das auch verfolgen. Das wird zum Beispiel jetzt in Kalifornien gemacht – da steigen ja gerade die Fallzahlen an – und da findet man dann auch sofort die Betriebe, weil selbst eine hohe Verdünnung der positiven Milch ist in der PCR immer noch positiv. Das heißt, von der Bekämpfungsseite hat man eigentlich alle Mittel in der Hand. Es ist so, wie Martin Schwemmler gesagt hat, auch noch die Chance, es leichter zu stoppen, weil der Übertragungsweg ein menschengemachter ist. Wenn das Virus sich weiter adaptieren würde, was wir nicht hoffen. Aber wenn das passieren würde und es würde dann von Nase zu Nase ganz leicht gehen, dann ist das deutlich schwieriger. Und was wir auch sehen, ist, dass so viel Virus in der Milch ist, dass es auch an andere Betriebe weitergegeben wird. Und zwar nicht Rinderbetriebe, sondern Geflügelbetriebe. Da reichen ja schon bei dem intranasalen Weg kleinste Mengen. Ein Mikroliter Milch – irgendwo aus Versehen oder ins Freie gegeben – und Wildvögel haben Kontakt zu dieser Milch oder Katzen nehmen diese Milch auf, dann habe ich die Infektion. Also die Zusatzfaktoren muss man bedenken. Und



press briefing

deswegen ganz klar unser Hinweis: Es wäre sehr wichtig, das jetzt ernst zu nehmen und genau diese Maßnahmen zu ergreifen.

Moderatorin [00:12:20]

Und was wäre denn jetzt eine Maßnahme? Also ich stelle fest, da habe ich positive Kühe in meinem Betrieb, was mache ich dann? Die Milch für zwei Wochen nicht verkaufen und warten, bis die sich die Infektion durchgelaufen ist? Oder was wäre jetzt eine Maßnahme?

Martin Beer [00:12:33]

Die wichtigste Maßnahme ist erstmal das Erkennen des Betriebes. Wenn ich dann weiß, welcher Betrieb positiv ist, dann muss ich im Betrieb anfangen, die Kühe zu identifizieren, die tatsächlich gerade aktiv Virus ausscheiden. Und da muss ich dann tatsächlich über Separieren nachdenken, dass die Kühe getrennt gemolken werden und dass diese Milch vielleicht nicht verwendet wird. Und das sind aber alles Dinge, die muss ich dann auch kompensieren, die muss ich organisieren und das macht sicher die Bekämpfung schwieriger. Zumal das in den USA nicht so ist wie bei uns, wo wir das gläserne Rind haben, wo ich genau weiß, wo welche Kuh steht, mit welcher Ohrmarken Nummer und wann die transportiert wurde. Und wir haben dort noch das Problem dieser riesigen Betriebe. Also beides macht die Bekämpfung sicher schwieriger, aber ich denke, das wäre durchaus möglich. Das ist aber ein Faktor des politischen Willens und dann auch der Kostenübernahme. Ich muss die Landwirte natürlich irgendwie kompensieren, sonst ist das Interesse, diese Maßnahmen durchzuführen, natürlich nicht groß.

Moderatorin [00:13:44]

Herr Schwemmler, wollten Sie was hinzufügen?

Martin Schwemmler [00:13:46]

Ich glaube, das letztere ist ein entscheidender Punkt. Man muss sehr viel Geld in die Hand nehmen, um hier eingreifen zu können, weil sonst der finanzielle Verlust für die einzelnen Bauern beziehungsweise Farmen zu groß wäre. Und ich glaube, das ist noch nicht richtig in Gang gekommen oder es wird wahrscheinlich schwierig werden.

Moderatorin [00:14:05]

Sie haben gesagt, Herr Schwemmler, es gibt als einen take-away aus der Studie schnell neutralisierte Antikörper. Ich habe mal geguckt: insgesamt waren 14 Staaten befallen. Jetzt aktuell sind laut des Landwirtschaftsministerium in den Vereinigten Staaten nur drei Staaten wirklich mit aktuellen Infektionsgeschehen dabei. Geht das Infektionsgeschehen zurück? Ist es vielleicht schon wieder auf dem absteigenden Weg, dieses Infektionsgeschehen? Oder ist vielleicht die Testung einfach nicht so gut?

Martin Schwemmler [00:14:35]

Ich würde mir das wünschen, dass das zurück. Weil man ja nicht möchte, dass das Virus sich weiter an den Wirt, in diesem Fall an die Milchkuh, sich anpasst. Aber ich bin mir auch nicht hundertprozentig sicher, ob wir alle Zahlen kennen. Also ob alles wirklich tatsächlich berichtet wird. Welcher



Tierstall hat infizierte Kühe? Und wie groß ist eigentlich die Dunkelziffer? Ich kenne nicht die vollen Daten.

Martin Beer [00:15:09]

Ich glaube auch, dass es die Daten im Moment zumindest nicht offiziell gibt, außer in Bundesstaaten wie Colorado. Die haben aber nicht ganz so viele Milchviehherden und die hatten im Programm, alle zu testen. Und wenn man da in die Statistik guckt, dann sieht man, die sind auch ganz vorne. Also ohne nationales Testprogramm kann man keine Aussagen treffen. Was wir aus der Studie sehen, ist genau das, was Martin Schwemmler gesagt hat. Dieses zwar schnelle Ansteigen der Virusausscheidung, aber so bis zum Tag zehn. Ab Tag neun, zehn geht es dann los, dass neutralisierende Antikörper auch in der Milch ankommen. Und das heißt, auch in einem Milchtank werden diese Antikörper sich dann mit Milch anderer Tiere, die vielleicht noch keine Antikörper haben, mischen und werden die Viruslast in so einem Milchtank reduzieren. Also dieses Bilden neutralisierender Antikörper ist wirklich ein ganz wichtiger Vorgang und könnte auch etwas sein, was in solchen Betrieben dazu führt, dass die Viruslast, die von der Milch ausgeht, tatsächlich gerade in dem Sammel tank reduziert wird. Und es gibt auch eine Studie, habe ich gesehen, zu Rohmilch, die PCR-positiv war, aber nur in einem Viertel der Fälle viruspositiv war. Und das denke ich, kann man ganz gut erklären, dann durch diese Mischung von Antikörpern und Virus, wo das Virus neutralisiert wird. Also das sind Dinge, die das tatsächlich positiv beeinflussen. Trotzdem kann es eigentlich nicht die beste Strategie sein, zu sagen, man lässt das laufen. Weil man einfach die Folgen einer weiteren Adaptierung nicht gut abschätzen kann. Und wir sehen eben dieses Immer-wieder-Auftauchen dieses Stammes auch in Geflügelbetrieben. Und das heißt, das ist eben auch eine Infektionsquelle für höher empfängliche Tiere als das Rind. Und das ist problematisch. Und auch die Mehrzahl der Humanfälle, also zehn dieser 15 Fälle in den USA, sind durch Kontakt mit Geflügel gekommen und nur vier durch Kontakt mit Rindern.

Moderatorin [00:17:23]

Eine Frage einer Journalistin ist: Wenn Sie Ihre Studie vor Augen haben, braucht es weitere Vorsichtsmaßnahmen? Zum Beispiel keine Rohmilch im Supermarkt zu kaufen oder andere? Erst Herr Schwemmler, dann Herr Beer bitte.

Martin Schwemmler [00:17:38]

Auf jeden Fall darf man keine Rohmilch verzehren. Das würde ich sowieso nicht machen, aus verschiedensten Gründen. Und das ist auch gezeigt worden, dass [bei der Pasteurisierung] eigentlich alles inaktiviert wird. Man hat noch Virusbestandteile in der Milch, aber da ist nichts mehr infektiös. Insofern ist es eigentlich ganz einfach. Man braucht da keine Bedenken haben. Der Pasteurisierungsvorgang inaktiviert alles. Aber es gibt natürlich Leute, die möchten das nicht. Die möchten nicht die Milch pasteurisieren, sondern die möchten Rohmilch trinken. Und da würde ich stark von abraten.

Martin Beer [00:18:14]

Wobei man differenzieren muss. Das ist jetzt alles für USA. Was H5 angeht, haben wir in Deutschland keine Hinweise. Also ich kann das auch noch mal sagen: Wir haben 1500 Tankmilche untersucht, um selbst eine geringe Anzahl positiver Betriebe zu finden: alles negativ. [Bei] Serologie-[Untersuchungen] in Milchkühen an der Küste, wo sehr viel H5-Virus in Wildvögeln in Deutschland war, ist alles negativ. Ich weiß von Kollegen in Großbritannien [und] Italien, die haben sehr, sehr viel getestet: alles negativ. In Europa haben wir diese Situation nicht. Wir haben keine Hinweise.



press briefing

Deswegen ist H5 kein Thema bei uns für die Milch. [Bei] Rohmilch – genau wie Martin vorhin gesagt [hat] – ist generell immer ein Risiko, dass auch bakterielle Zoonose-Erreger drin sind. Deswegen ist Rohmilch immer etwas, das man eigentlich nicht genießen sollte, sondern pasteurisierte Milch. In den USA findet man zusätzlich zu den anderen Zoonose-Erregern in Rohmilch auch noch H5-Viren. Das heißt, da habe ich nochmal ein Zusatzrisiko.

Moderatorin [00:19:24]

Eine Nachfrage: In Europa [ist es] gar kein Thema, in Amerika schon. Wie kommt? Warum hat es da das Virus in die Milchviehbetriebe geschafft und hier trotz der vielen Jahre gar nicht?

Martin Schwemmler [00:19:34]

Man weiß aus verschiedensten Studien: [Es gibt] solche Analysen, molekulare Analysen, die gezeigt haben, dass es sehr wahrscheinlich nur eine einzige Übertragung aus der Vogelwelt in die Milchkuh gab. Das heißt, es ist ein sehr seltenes Ereignis, das in den USA stattgefunden hat und dieses Ereignis macht jetzt die Runde von Farm zu Farm. Mehr gibt es da eigentlich gar nicht zu sagen. Das ist ein seltenes Ereignis, das derzeit stattgefunden hat. Jeder fragt: Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass es in Europa stattfindet? [Das] kann keiner sagen, weil es so selten stattfindet, denke ich mal. Ich nehme jetzt nicht an, dass nächstes Jahr ein Stall in Europa plötzlich positiv wird, weil genau dieses Ereignis nochmal stattfindet.

Martin Beer [00:20:26]

Es ist eine Verkettung unglücklicher Zustände. Einmal, dass das Euter so hervorragende Bedingungen bietet und dass in den USA in den Jahren nach 2021 es zu einer sehr starken Verbreitung im Wildvogel und im Geflügel kam. Wenn man sich dort die Daten ansieht, das war die stärkste Verbreitung eines hochpathogenen Influenzavirus, die es dort jemals gab. Und das erhöht selbst die niedrige Wahrscheinlichkeit. Und dann ist es wahrscheinlich in ein Euter einer Kuh [gekommen] und dann geht es menschengemacht weiter. Und da in den USA aus Texas Kühe sehr weit in andere Bundesstaaten gebracht werden und man das natürlich am Anfang nicht gleich erkannt hat, habe ich dann die Verbreitung – also eine Verkettung dieser Ereignisse. Da es alles sehr unwahrscheinlich Ereignisse sind, ist es nicht so, dass das jedes Jahr wieder irgendwo anders auftreten kann. Sondern genauso wie Martin Schwemmler sagt, das sind sehr seltene Ereignisse, die man auch sehr schwer abschätzen kann, wie oft das vorkommt. Bisher einmal.

Moderatorin [00:21:34]

Genau und das Virus verändert sich trotzdem immer wieder. Ich komme gleich auch noch mal zu diesen Übertragungen auf Menschen, die es ja in Einzelfällen gab. Aber bevor ich dahin kommen möchte, möchte noch eine Frage stellen Was ist denn, wenn das Virus sich jetzt aber an das Rind noch besser anpasst, also vielleicht dort dann auch über den respiratorischen Trakt übertragen werden kann? Was würde das bedeuten?

Martin Schwemmler [00:21:58]

Das wäre schlecht. Genau davor hat man ja auch wirklich große Angst. Wenn das Virus sich an das Rind anpassen würde, dann ist es ja schon in dem Säugetiersystem drin und kann sich da ausbreiten. Dann wäre vielleicht unter Umständen der Sprung auf den Menschen nicht mehr so weit. Im Moment ist er noch nicht so weit, das Virus sich noch nicht so angepasst, dass hier es zu großen



schwerwiegenden Infektionen oder Übertragungen in den Menschen kommen würde. Aber wenn das Virus eine Chance hätte, sich im Rind festzusetzen, dann weiß keiner so genau, was die Auswirkungen sind. Aber ich befürchte, das Risiko für den Menschen würde dann steigen.

Martin Beer [00:22:44]

Wir können es nicht vorhersagen, wie solche Viren aussehen würden. Offenbar müssen sie Hürden überwinden, die nicht leicht überwindbar sind. Die Anpassung an das Rind ist ein großer Schritt für das Virus, nicht die Anpassung ans Euter. Das Euter ist etwas Besonderes. Der Rest des Rindes ist aber eine große Hürde. Wir wissen nicht, wie solche Viren aussehen, die das überwinden können. Wenn sie es überwinden, hätten wir eine neue Rinderkrankheit. Wir hätten quasi eine neue Rinder-grippe. Es gibt ein Influenza-Virus bei Tieren. Das ist aber nicht sehr verwandt mit unseren. Das ist Influenza-D. Das hat [die Anpassung an den Wirt] schon gelernt. Rinder haben keine Influenza-Viren wie der Mensch oder das Schwein. Man würde [mit einem angepassten H5-Virus] dann plötzlich so [eine Rinder-Grippe] haben und [die] wäre dann auch sehr, sehr schwer zu stoppen. Wir haben weltweit 1,5 Milliarden Rinder. Das ist etwas, warum wir auch sagen, [dass] man es stoppen muss. Die Entstehung einer neuen Erkrankung sollte man auf jeden Fall verhindern.

Martin Schwemmler [00:23:50]

Zusätzlich gäbe es das weitere Problem: Hat sich Influenza auf einen Wirt schon mal angepasst, können auch andere Säugetiere vielleicht einfacher infiziert werden, wie zum Beispiel das Schwein. Wir wissen ja von der Schweinegrippe 2009, dass es zu Übertragungen auf den Menschen kommen kann, von Viren, die sehr gut angepasst sind. Das wäre noch ein weiteres Szenario: Wenn man dieses H5N1 jetzt plötzlich in Schweinen finden würde, weil es sich über die Milchkuh doch besser angepasst hätte. Das wäre ein Szenario, das nicht sehr gut wäre. Aber da gibt es keine Hinweise für.

Martin Beer [00:24:30]

Man muss auch sagen, genau diese Klade, die so gut an Wildvögel und Geflügel angepasst ist, ist zum Glück immer noch sehr wenig an den Menschen angepasst. Die Humanfälle sind sehr mild und das Virus hat dort offenbar die Hürden nicht überwunden. Wir sehen immer nur diese Mutation in der Vermehrungsmaschinerie, aber keine weiteren. Da ist nach wie vor eine hohe Barriere und keiner weiß, ob das Virus diese Barriere überhaupt überwinden kann und wie. Am meisten hat man Angst vor Vermischungen mit anderen Influenzaviren, was im Rind glücklicherweise nicht passieren kann. Denn Rinder haben ja keine anderen Influenzaviren – Influenza-A-Viren, so muss man es genau sagen. Das heißt, im Moment kann das Rind kein Mischgefäß sein, anders als das Schwein. Auch das ist wieder ein glücklicher Umstand. Trotzdem, wie gesagt: Jede Anpassung an eine Spezies, die es vorher nicht hatte, muss unterbunden werden.

Moderatorin [00:25:37]

Herr Schwemmler, wie sehen Sie die Gefahr, wenn jetzt die Wintersaison kommt? Es gab Einzelfälle, dass sich Arbeiter auf den Kuhfarmen infiziert haben. Jetzt kommt da einer, der vielleicht selber mit der humanpathogenen Grippe infiziert ist. Birgt das eine Gefahr?

Martin Schwemmler [00:25:53]



Wenn der Mensch selber mit einem Grippevirus infiziert ist und dann noch dieses H5N1-Virus der Milchkuh bekommen könnte, dann könnten solche Ereignisse auch im Menschen theoretisch stattfinden. Das hat man auch schon gezeigt, dass es im Prinzip möglich ist. Nur wie wahrscheinlich wäre das? Das ist eine theoretische Möglichkeit, aber ich gehe mal davon aus, dass das nicht so wahrscheinlich wäre. Aber man kann es nie ausschließen. Das ist das Tragische bei Influenzaviren: In dem Moment, in dem es einen Ausbruch gibt und es von Mensch zu Mensch geht, da weiß man Bescheid: Jetzt fängt es an. Aber vorher irgendwelche Prognosen abzugeben, welches Virus unter welcher Konstellation jetzt wirklich tatsächlich das Gefährlichste ist, das ist sehr schwierig.

Moderatorin [00:26:51]

Hier kommt eine Frage: Es gibt equine Influenza – anscheinend von Hauspferden –, kann man da Analogien feststellen oder vermuten, was ein Rinder-Influenzavirus angehen würde?

Martin Beer [00:27:04]

Das ist ein Pferdegrippe-Virus und da hat man sehr viel Erfahrung. Das sind Viren, die sich auf das Pferd spezialisiert haben, die zum Teil auch auf andere Spezies überggesprungen sind. Da gibt es auch in den USA Berichte über [Sprünge] auf den Hund, auf bestimmte Hunderassen. Man kann da schon lernen, was passiert, wenn sich Viren anpassen. Das ist das, was man auch verhindern will, dass [man] eben nicht plötzlich Influenza-Viren in einer neuen Spezies hat und damit auch immer eine Quelle für zoonotische Übertragungen. Wir schauen uns das schon auch beim Pferd ganz genau an und nehmen das auch als Beispiel. [Es] ist [aber auch von] der Rezeptorausstattung anders als das Rind.

Moderatorin [00:27:54] Weil so viele Fragen kamen und ich jetzt endlich doch mal dazu kommen möchte: In Missouri gab es einen bestätigten Fall, der tatsächlich eigentlich über die Influenza-Surveillance im Krankenhaus gefunden wurde, der dann aber mit H5N1 infiziert war. Er hatte keinen Kontakt zur Tierhaltung und im Umfeld gab es dann noch weitere erkrankte Personen. Man weiß aber nicht genau, woran die erkrankt sind. Die Frage ist: Ist das ein Anfang eines Clusters? Könnte das ein Cluster sein von Mensch-zu-Mensch-Übertragung? Gibt es da erste Einschätzungen oder überhaupt schon wissenschaftliche Untersuchungen zu?

Martin Schwemmler [00:28:33]

Ich glaube nicht, dass man hier von einem Cluster und einem Ausbruch sprechen kann. Ich glaube, wenn es wirklich zu einer Übertragung von Mensch auf Mensch kommt, dann würde man das eigentlich sehr, sehr schnell wissen. Aber in dem Fall denke ich nicht, dass es so ein Ausbruch ist.

Martin Beer [00:28:53]

Wir haben tatsächlich dort nur eingeschränkte Informationen. Es gibt aber jetzt erste Sequenzinformationen. Es gibt Informationen zur klinischen Erkrankung. Wenn man das alles zusammennimmt, würde ich im Moment sagen, das deutet nicht auf ein Cluster hin. Das deutet auf eine Infektion hin, die offenbar nicht direkt vom Tier stammt, sondern indirekt, unter Umständen über Lebensmittel. Ob das dann Rohmilch oder ein Rohmilch-Produkt ist oder irgendeine andere Quelle, [zum Beispiel] rohes Geflügelfleisch. Das müssen die Kolleginnen und Kollegen vor Ort eruieren. Bisher hört sich das für mich nicht wie ein Cluster an, sondern wie eine Einzelübertragung durch eine bisher noch nicht bekannte Quelle.



Moderatorin [00:29:45]

Haben Sie denn das Gefühl, dass grundsätzlich bei den Kollegen in den USA genug Surveillance und contact tracing gemacht wird, um solche Lagen schnell zu klären?

Martin Schwemmler [00:29:56]

Ich glaube, wenn es um den Menschen geht, sind die ziemlich fix und ziemlich schnell. Da ist das CDC sehr gut ausgestattet. Da hab ich keine Bedenken, dass die das dann richtig in Echtzeit – mehr oder weniger – untersuchen. Wenn ein Mensch durch ein aviäres Influenzavirus infiziert wird, heißt es nicht, dass alle Menschen gleich sind. Da kommt es [zum Beispiel] darauf an, ob der Mensch nicht schon irgendwelche Komorbidität hat, also irgendwie schon krank war und darum noch empfindlicher ist. Es ist nicht so, dass das jetzt einfach losgeht, sondern da spielen sehr viele Faktoren eine große Rolle. Das hat man auch aus der Vergangenheit gelernt. Diese H5N1-Übertragungen der Vergangenheit, die haben fürchterliche Erkrankungen beim Menschen und zum Teil zum Tod geführt. Aber es war nicht so, dass es von Mensch zu Mensch übertragen wurde.

Martin Beer [00:30:54]

Bisher ist der Mensch dort immer noch ein Sackgassen-Wirt. Diese Klade 2.3.4.4b führt sehr selten zu Erkrankungen und wenn, dann in der Regel zu sehr milden. Bei diesem Virus von den Milchkuhen waren es jetzt in erster Linie Konjunktivitis [beziehungsweise] Bindehautentzündung oder sehr leichte respiratorische Symptome. Man sieht schon: Das Virus ist nicht angepasst. Es gibt keinen Hinweis – wie gesagt – auf jetzt Cluster oder selbst enge Kontaktpersonen. Was die Surveillance angeht: Ich glaube auch – und das sieht man auch an diesem Fall –, dieser wurde genau entdeckt, weil Symptome da waren und dann nach klassischer Influenza gesucht wurde. Wenn die nicht gefunden wird, dann schaut man sich verwandte Viren an und immer jetzt auch H5. Wenn man im Tier sich das ansieht, dann ist das natürlich verbesserungswürdig. Ob das jetzt das Schwein ist oder – wir haben es angesprochen – die Rinderbetriebe identifiziert werden müssen, aus meiner Sicht müsste die Surveillance deutlich erhöht werden. Und seit vielen Jahren schon vor diesem Ereignis weisen wir darauf hin, dass gerade die Überwachung im Schwein durchaus eine wichtige Komponente oder eine Vorhersage [...] ist, die man ausbauen müsste.

Moderatorin [00:32:16]

Da kam auch eine Frage eines Kollegen, der genau danach gefragt hat. Da sind Sie also der Meinung, [dass das auf jeden Fall ausbaufähig ist]?

Martin Beer [00:32:22]

Auf jeden Fall, auch in Europa ausbaufähig. Ich würde neben den Schweinen die Pelztiere mit einbeziehen. Ich halte die Pelztiere für ein Reservat, was sehr wichtig ist, was hoch empfänglich für H5 ist und hoch empfänglich für alle humanen Influenzaviren ist. Das heißt, als Mischgefäß würde ich die Pelztiere, die es weltweit millionenfach gibt, auf jeden Fall als sehr wichtig erachten. Dort gibt es noch weniger Surveillance als in anderen Spezies.

Martin Schwemmler [00:32:54]



Ja, das ist ein wirkliches Problem, [auch] für den, der die zur Zucht macht. Der Züchter infiziert auch die Tiere. Das geht in beide Richtungen. Weil da so viel möglich ist, ist das Reservoir von allen Möglichkeiten, was Influenza bilden kann, vielleicht so hoch, dass eines doch so fit ist, auf den [Menschen] übertragen zu werden und dass es dann weitergeht. Das ist schon eine große Gefahr. Von daher, sollte man das eigentlich eher nicht machen.

Moderatorin [00:33:25]

Es ist sehr erstaunlich, dass Sie sagen, dass die Überwachung da so schlecht ist nach den Pandemieerfahrungen, die wir in den vergangenen Jahren hatten.

Martin Beer [00:33:32]

Es gibt Länder, die machen da sehr viel. Und einige Länder haben die Haltung verboten, auch aufgrund der Anthroozoonosen. Das heißt, der Mensch infiziert den Nerz, der Nerz wieder den Menschen. Deswegen haben Dänemark und Holland die Haltung gestoppt. Finnland schaut jetzt sehr genau hin, weil sie hatten hunderttausende Tiere am Ende töten müssen. Die impfen die Halter oder bieten die Impfung gegen H5 sogar an – und auch gegen die saisonale Influenza. Aber wir haben auch Länder, wo wir es gar nicht wissen. Und dazu gehört auch China mit vielen Millionen Pelztieren, bei denen wir nicht wissen, wie die Überwachungsmaßnahmen laufen. Und auch andere Länder, von denen wir das nicht kennen. In Deutschland haben wir glücklicherweise keine Pelztierhaltung. [Die] ist aus Tierschutzgründen kommerziell nicht nutzbar, und das ist auch gut so.

Moderatorin [00:34:28]

Eine Rückfrage eines Kollegen: Wie können neutralisierende Antikörper im Milchtank die Viruslast mindern? Er hätte gedacht, dass die Neutralisierung eher in der Wirtszelle stattfindet. Können Sie das noch mal ein bisschen genauer erklären, bitte?

Martin Beer [00:34:44]

Diese Antikörper sind ja dort dann frei in der Milch oder im Serum. Und wenn dort Viruspartikel sind, dann binden diese Antikörper tatsächlich an das HA (Hämagglutinin; Anm. d. Red.). Und wenn das Virus dann später in die Zelle will, dann klappt das nicht mehr. Das geht auch schon, wenn man die zwei Dinge vorher zusammenbringt, [dass es] dann nachher nicht mehr in die Zelle kommt. Das ist ein ganz einfacher klassischer Vorgang, den wir auch im Neutralisationstest nachvollziehen können. Wir mischen Virus mit Antikörpern, und dann kann ich die Zelle nicht mehr infizieren.

Moderatorin [00:35:16]

Herr Schwemmle, ich habe noch eine Frage an Sie: Und zwar gab es auch schon einmal Experimente mit Influenzaviren, Übertragungsexperimente mit Frettchen, um genau zu gucken, welche Schritte gegangen werden müssen, um auch andere Säuger oder vielleicht auch menschliche Zellen infizieren zu können. Wissen Sie, ob solche Experimente aktuell noch durchgeführt werden?

Martin Schwemmle [00:35:40]

Sie meinen diese historischen Experimente von Ron Fouchier und Yoshihiro Kawaoka, die dann gezeigt haben, dass das Hüllprotein der Influenzaviren sich stark anpassen muss. Aber auch andere virale Proteine tragen dazu bei, die Übertragung zu erhöhen. Und dieser Typ von Versuchen [wird]



im Labor nicht gemacht. Aber die werden natürlich in der Tierwelt immer gemacht, die wurden schon immer gemacht. Und da kann man auch tatsächlich sehen, ob es Veränderungen gibt, die vielleicht gefährlich werden könnten. Da hat man sogenannte Surveillance-Studien, da sequenziert man diese Viren, guckt, wie sich die verändern und ob die jetzt besser humane Zellen infizieren können oder nicht? Oder werden sie dann schlussendlich auch besser in Frettchen übertragen, was so ein Kleintiermodell ist für die Übertragung von Tier zu Tier.

Martin Beer [00:36:36]

Im Moment sind alle Studien darauf beschränkt, Viren, die in der Natur entstanden sind, sich anzusehen: Wie vermehren sie sich im Frettchen und werden sie von Frettchen zu Frettchen übertragen? Einmal durch den direkten Kontakt oder eben als Aerosol. Und da ist es bisher so, dass die H5N1-Viren eben entweder gar nicht übertragen werden oder nur über den direkten Kontakt. Und sehr, sehr selten und nur in Einzelfällen ist es dann mal eines von fünf Frettchen über Aerosol, so dass [die Viren] nach wie vor diese Barriere der Übertragbarkeit glücklicherweise nicht überwunden [haben], und das haben sie auch in 27 Jahren, also seit 1997, glücklicherweise nicht geschafft.

Moderatorin [00:37:24]

Eine Frage an Herrn Beer: Das Friedrich-Loeffler-Institut hatte über den Sommer seine Risikoeinschätzung zu H5N1 nicht aktualisiert, und die Journalistin fragt, für wann eine aktualisierte Risikoeinschätzung geplant ist – oder ist überhaupt eine geplant?

Martin Beer [00:37:43]

Ja, wir machen das in regelmäßigen Abständen. Es war so, deswegen ist es ein guter Punkt, dass wir einen starken Abfall der Fälle in Europa gesehen haben. Wenn Sie auf unserer Homepage [nachschauen], das ist immer aktuell, jede Woche wird die Zahl der Fälle, die in Europa aufgetreten sind, und in Deutschland beim Wildvogel und beim Geflügel, dort auf einer Karte gezeigt. Wenn Sie sich die Karte ansehen, sehen Sie, das ist die letzten Monate drastisch zurückgegangen und steigt jetzt langsam wieder an. Wir haben die ersten Geflügelausbrüche, wir haben die ersten positiven Wildvögel an der Küste. Das heißt, in Europa ist tatsächlich etwas eingetreten die letzten Monate, was wir auf eine Herdenimmunität in den Wildvögeln zurückführen. Es gab so viele infizierte Vögel, viele haben das überlebt glücklicherweise, haben aber auch eine Immunität ausgebildet. Und jetzt kommen antikörperfreie naive junge Zugvögel zurück. Und das Virus ist aber nicht weg, und deswegen steigt es jetzt wahrscheinlich an. Und das schauen wir uns genau an, und da wird es für den Herbst eine neue Risikobewertung wieder geben.

Martin Schwemmler [00:38:53]

Aber eigentlich ist es so: Die Abschätzung des zoonotischen Risikos, also wie groß ist das Risiko, dass H5N1 dann auf einen Menschen und dann von Mensch zu Mensch [übertragen wird], das macht kein einziges Land außer in den USA [die] CDC. Diese Risikoabschätzung, die gibt es in Deutschland noch nicht. Und es wäre schön, wenn auch in Deutschland solch eine eigene Risikoabschätzung irgendwann einmal stattfinden würde. Die ist aber komplex, da braucht man ein Zusammenspiel von mehreren Arbeitsgruppen. Aber das wäre eigentlich nicht schlecht, wenn man so etwas hätte.

Moderatorin [00:39:33]



Käme die dann vom Friedrich-Loeffler-Institut oder einer anderen [Institution]?

Martin Schwemmler [00:39:38]

Das Friedrich-Loeffler-Institut schätzt ab, wie das Virus verteilt wird, welche Tiere infiziert werden. Das Robert Koch-Institut sammelt Daten von Menschen. Alles gut. Aber irgendjemand muss doch einmal sagen: Wie groß ist jetzt eigentlich das Risiko von H5N1? Wir haben das zum Teil schon gemacht, in Kollaboration auch mit Martin Beer und anderen und auch Kollegen aus dem Robert Koch-Institut. Und unsere Quintessenz ist [– ähnlich wie die der CDC–], dass [es für das] H5N1 kein erhöhtes Risiko [gibt], obwohl jetzt die Milchkühe infiziert wurden. Aber irgendjemand muss einmal sagen, wie gefährlich speziell dieses H5N1- Virus [ist] oder andere Influenzaviren [sind]. Und da gibt es in Deutschland keine eigene Einschätzung.

Martin Beer [00:40:26]

Das Haupttool ist das [von den] CDC, das Influenza Risk Assessment Tool, und da liegt H5N1 nach wie vor im Mittelfeld. Andere Viren, Schweineinfluenzaviren oder H7N9, die es zum Glück nicht mehr so weit verbreitet gibt, aber immer noch in China gibt, sind tatsächlich mit einem höheren zoonotischen Risiko verbunden – nach wie vor. Aber diese Tools sind wichtig, weil wenn dann plötzlich neue Ereignisse auftreten und auch neue Sequenzen und neue Stammeigenschaften, dann müssen sie bewertet werden. Und das ist ein ganz wichtiger Schritt, wo alle versuchen, in der Zukunft auch noch bessere Systeme zusammenzustellen. Das geht nur gemeinsam. Da [muss] ich von der Universität über die Ressortforschung Humantier alle zusammennehmen, weil das ein sehr komplexer Vorgang [ist].

Moderatorin [00:41:23]

Jetzt habe ich hier noch eine Frage, die ist ein bisschen off-topic, aber da wir gut in der Zeit liegen, nehme ich mir jetzt einmal die Freiheit und stelle sie. Und zwar fragt ein Kollege: Was ist der Stand bei H5N1 bei Wildvögeln in der Antarktis – auch mit Blick auf die Pinguine. Gibt es da neue Daten, wie sich das Virus dort ausbreitet?

Martin Beer [00:41:49]

Es gibt – ich glaube, gestern ist der Bericht raus[gegangen] – wieder Pinguin-Fälle in der Nähe der Falklandinseln. Das ist eine Situation, die offensichtlich weiterläuft, und eine Mitarbeiterin in meiner Arbeitsgruppe war vor einiger Zeit für drei Wochen in der Antarktis und hat dort Proben mit anderen gesammelt. Und auch dort wurden positive Vögel gefunden, und man plant, im Januar noch einmal hinzufahren. Das ist eine besondere Gegend, [es gibt] sehr viele Wildvögel, die Pinguine, aber auch marine Säugetiere. Und deswegen schaut man sich das genau an. Das Virus ist dort. Wir wissen aber nicht genau, welche Spezies wie stark betroffen [ist]. Im Moment ist da noch Winter. Das heißt, da kann man nicht sehr viel machen. Und wenn der Winter herum ist, der antarktische Winter, dann werden wieder Arbeitsgruppen sich das genauer ansehen und dann wird es weitere Daten geben. Aber, wie gesagt, erst gestern oder vorgestern [gab es] Meldungen, dass wieder Nachweise erfolgt sind.

Moderatorin [00:43:05]

Dann gucke ich auf mein Blatt. Da sind keine Fragen mehr übriggeblieben. Wunderbar. Wir konnten sie dann alle stellen und alle beantworten. Das ist ja wirklich wunderbar. Ich danke Ihnen, dass Sie



press briefing

so spontan die Zeit gefunden haben, hier heute zusammenzukommen und die Fragen der Journalist:innen zu beantworten. Jetzt kommt doch noch eine hereingesprungen: Sind weitere Studien oder Forschungen zu H5N1 am Friedrich-Loeffler-Institut geplant?

Martin Beer [00:43:32]

Ja, das ist etwas, was uns seit 2006 als Schwerpunkt bewegt. Und ich kann sagen, wir schauen uns die Stämme genetisch genau an. Wir planen auch weitere Experimente, um noch mehr zu verstehen, was an Änderungen wirklich notwendig [ist]? Das geht weiter, und es wird auch, denke ich, weitere Ergebnisse dazu geben. Und im Moment ist es so, dass wir, da sich die Viren ja durchaus verändern, auch im Wildvogel, immer dort genau hinsehen müssen. Und wenn jetzt wieder die Ausbrüche ansteigen, schauen wir uns eben diese Viren an, und wenn dort spannende Veränderungen sind, dann schauen wir uns die näher an, und auch in Zusammenarbeit mit Martin Schwemmler zum Beispiel schauen wir uns auch zoonotische Risiken an.

Moderatorin [00:44:21]

Ja, vielen Dank. Dann schließe ich jetzt. Vielen, vielen Dank für Ihre Zeit. Vielen Dank auch an Sie da draußen für die Fragen. Ich möchte noch einmal darauf hinweisen: Bitte beachten Sie das Embargo: Heute um 17 Uhr geht die Studie online. Aber dann können Sie auch über dieses Press Briefing und die Studie berichten. Ich danke für Ihr Interesse und wünsche Ihnen noch einen schönen Tag. Auf Wiedersehen!

Martin Beer [00:44:46]

Danke. Auf Wiedersehen.



press briefing

Ansprechpartnerin in der Redaktion

Annegret Burkert

Redakteurin für Medizin und Lebenswissenschaften

Telefon +49 221 8888 25-0

E-Mail redaktion@sciencemediacenter.de

Impressum

Die Science Media Center Germany gGmbH (SMC) liefert Journalisten schnellen Zugang zu Stellungnahmen und Bewertungen von Experten aus der Wissenschaft – vor allem dann, wenn neuartige, ambivalente oder umstrittene Erkenntnisse aus der Wissenschaft Schlagzeilen machen oder wissenschaftliches Wissen helfen kann, aktuelle Ereignisse einzuordnen. Die Gründung geht auf eine Initiative der Wissenschafts-Pressekonferenz e.V. zurück und wurde möglich durch eine Förderzusage der Klaus Tschira Stiftung gGmbH.

Nähere Informationen: www.sciencemediacenter.de

Diensteanbieter im Sinne MStV/TMG

Science Media Center Germany gGmbH
Schloss-Wolfsbrunnenweg 33
69118 Heidelberg
Amtsgericht Mannheim
HRB 335493

Redaktionssitz

Science Media Center Germany gGmbH
Rosenstr. 42-44
50678 Köln

Vertretungsberechtigter Geschäftsführer

Volker Stollorz

Verantwortlich für das redaktionelle Angebot (Webmaster) im Sinne des § 18 Abs.2 MStV

Volker Stollorz

