

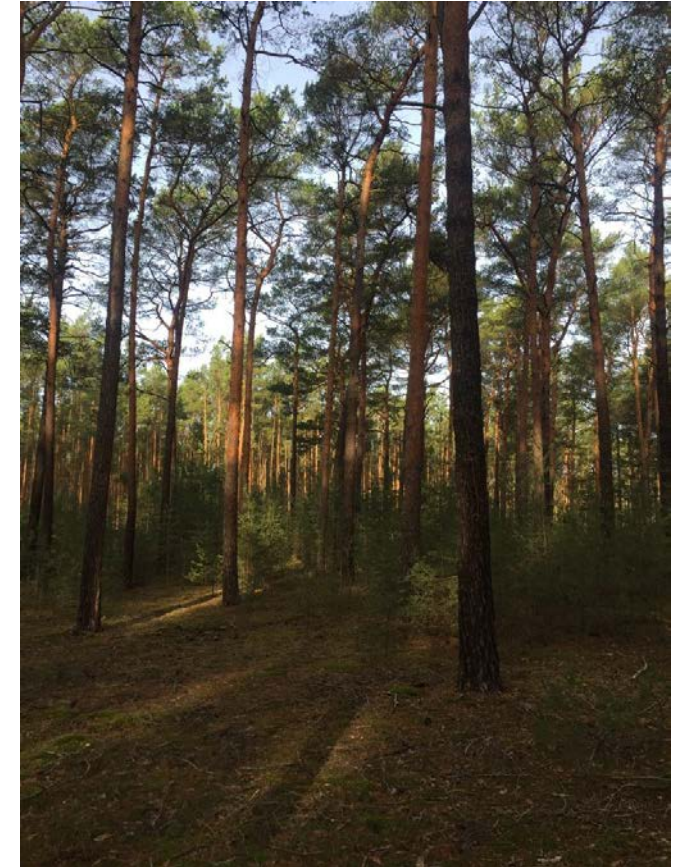
# ***Rotaviren und Hepatitis E-Viren in Wildschweinen und Wildwiederkäuern in Brandenburg, 2019-2022***

**BfR-Symposium: Wild – vorbereitet?**

**Eva Trojnar, Bundesinstitut für Risikobewertung**

# Die Studie

- Zoonose-Erreger können von Wildtieren auf den Menschen übertragen werden
  - Verbreitung von Zoonose-Erregern in Wildtieren?
- Probenbezug über das seit 2018 am BfR laufende **LaBeOH-Projekt** („Landnutzungsbezogene Bewertungsverfahren, One-Health-Konzepte“)
  - Wildstudie MOPED – Monitoring Prävalenz Epidemiologie
  - Probenahme-Planung & Organisation mit den Bundesforsten über 8SZ
  - Enge Zusammenarbeit mit Fachgruppe 45
- Kotproben von Wildschweinen und drei Wildwiederkäuer-Arten (Rehwild, Damwild, Rotwild)
- Lebern von Wildschweinen



# Wildschweine & Wildwiederkäuer



**Wildschwein** (*Sus scrofa*)  
Quelle: Wikipedia



Rehbock (Quelle: Rolfes/DJV)

Rehwild (*Capreolus capreolus*)



Rothirsch (Quelle: Rolfes/DJV)

Rotwild (*Cervus elaphus*)



Damhirsch (Quelle: Tierfotoagentur.de/Schäfer)

Damwild (*Dama dama*)

Quelle: [www.jagdverband.de](http://www.jagdverband.de)



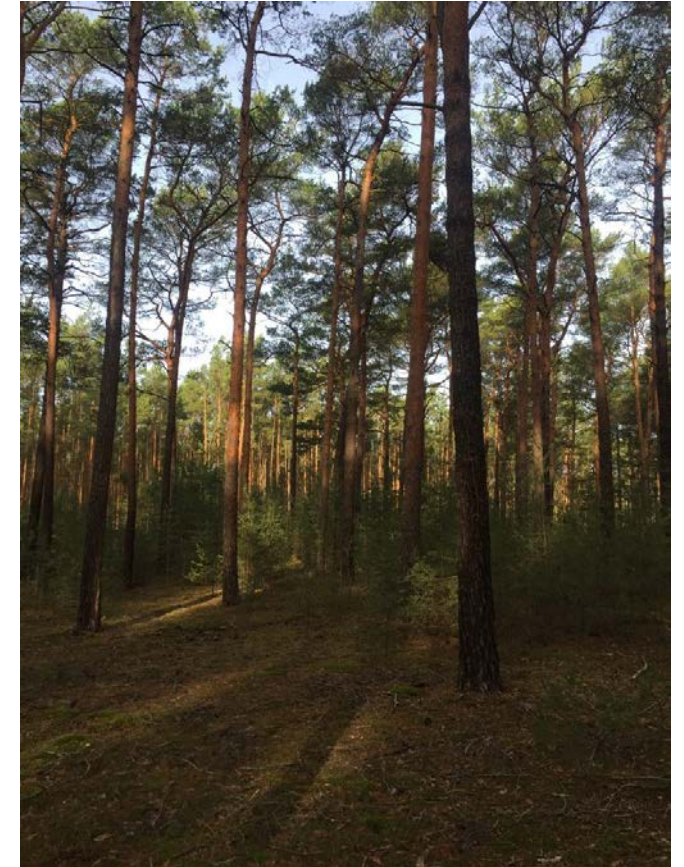
# Ziel der Untersuchung



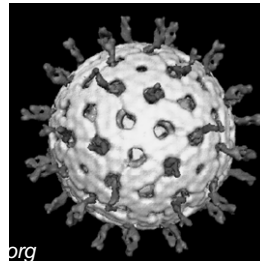
- Darminhalt direkt nach der Jagd entnommen
- RNA-Extraktion aus den Kot-Suspensionen
- Analyse mittels RVA-spezifischer real-time RT-PCR
- **Prävalenz Rotaviren**
- **Sequenzanalysen und Bestimmung der G- und P-Typen**



- Leber direkt nach der Jagd entnommen
- RNA-Extraktion aus der Leber (Methode: L 06.17.01)
- Analyse mittels RVA-spezifischer real-time RT-PCR
- **Prävalenz HEV**
- **Sequenzanalysen und Evaluierung der HEV3-Subtypendiversität in HEV-positiven Proben**

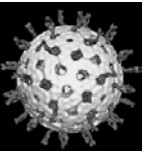


# Rotaviren in Wildschweinen und Wildwiederkäuern



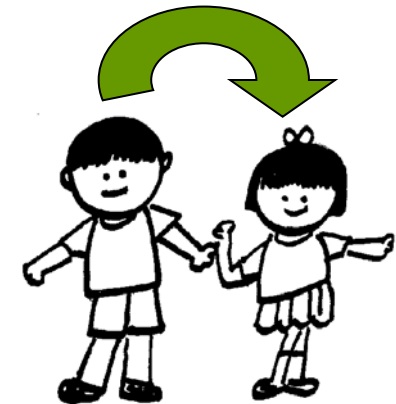
Rotavirus





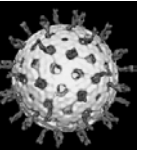
# Rotaviren

- weltweit die **häufigste Ursache für virale Gastroenteritis bei Kleinkindern**
- bis zum Alter von 3 Jahren haben 90 % aller Kinder eine Rotavirus-Infektion durchgemacht
- in den letzten 10 Jahren 23.000-48.000 gemeldete Fälle pro Jahr in Deutschland
- geschätzte 129.000 Todesfälle pro Jahr wegen Dehydrierung in Entwicklungsländern (Afrika und Asien)
- fäkal-orale Übertragung (Schmierinfektionen, Oberflächen)
- kontaminiertes Trinkwasser (Entwicklungsländer!)

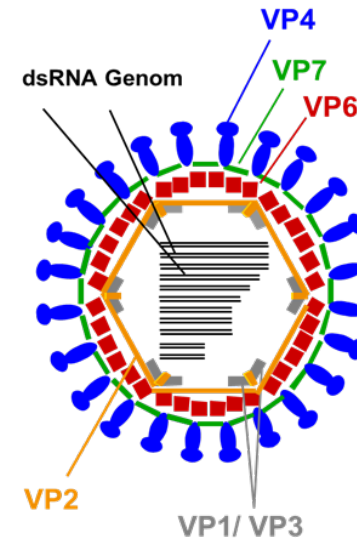


Beide seit 2009 von WHO weltweit empfohlen.

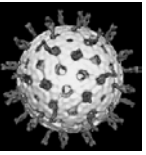
# Rotaviren: Genom



- unbehüllte Partikel, komplexer dreischichtiger Aufbau: äußeres (VP4 & VP7), mittleres (VP6) und inneres (VP2) Kapsid
- segmentiertes Doppelstrang-RNA-Genom (11 Segmente)
- Jedes Segment kodiert für ein Struktur- bzw. Nichtstrukturprotein
- VP6: gruppenspezifisches Antigen, stark konserviert
  - anhand VP6 Zuordnung zu einer Rotavirus-Gruppe möglich
- VP4 & VP7: primäre Antigene der Rotaviren
  - dienen zur Einteilung in verschiedene Genotypen

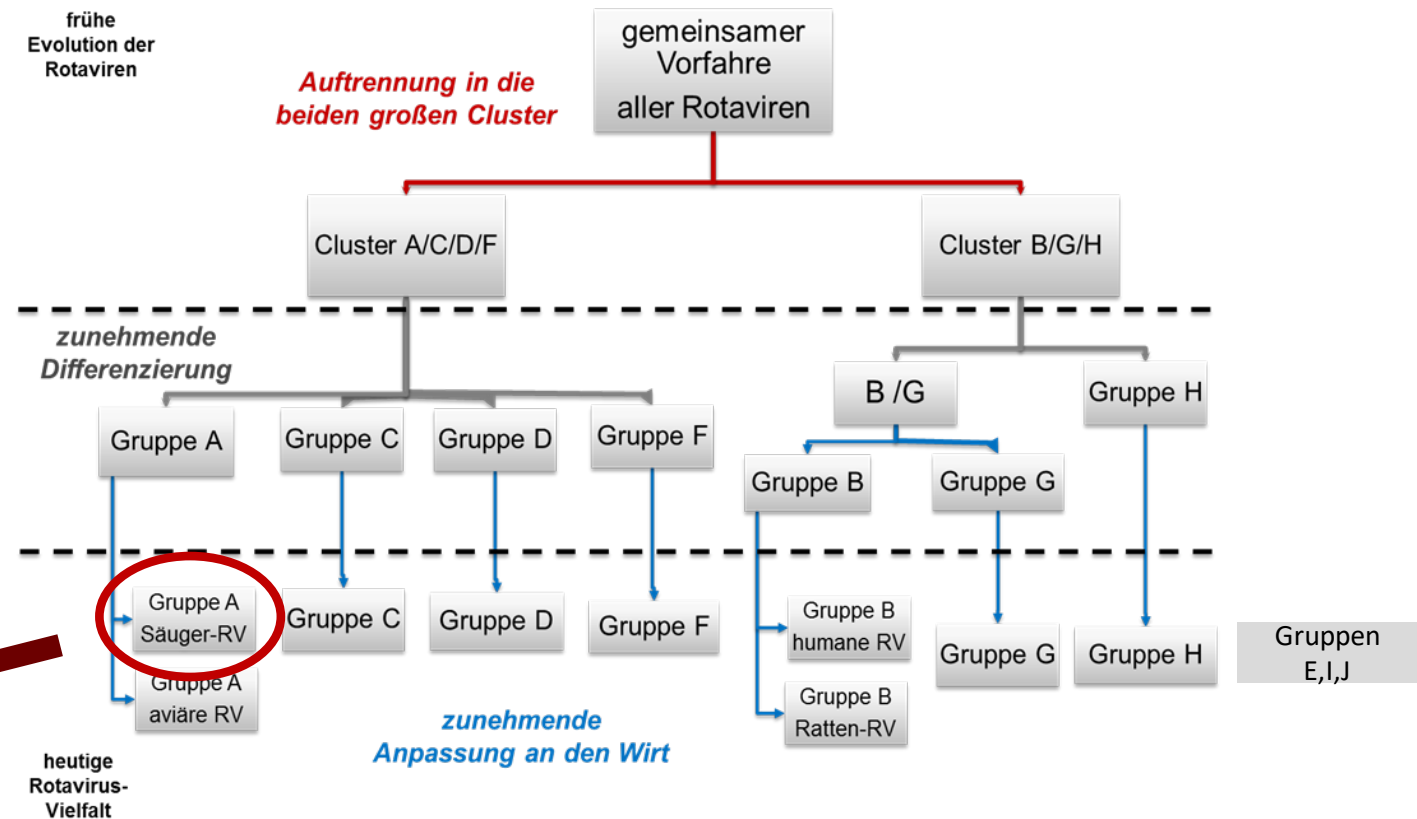


VP1:	innere Core-Struktur, 125 kD RNA-Polymerase
VP2:	innere Core-Schale, 102 kD enthält das dsRNA-Genom
VP3:	innere Core-Struktur, 88 kD Guanyltransferase/ Methylase
VP4:	äußeres Kapsid, 86 kD, Oberflächenprotein Spaltung durch Trypsin zu VP5* & VP8* primäres Antigen der Rotaviren
NSP1:	Zinkfingerprotein an RNA-Replikation beteiligt
VP6:	inneres Kapsid, 44 kD gruppenspezifisches Protein primäres Antigen der Rotaviren
NSP3:	RNA-bindend
NSP2:	an RNA-Replikation beteiligt Helicase-Aktivität
VP7:	äußeres Kapsid, 34 kD, Oberflächenprotein primäres Antigen der Rotaviren, Adsorption
NSP4:	glycosyliert, Enterotoxin
NSP5/6:	phosphoryliert, O-glycosyliert, Proteinkinase



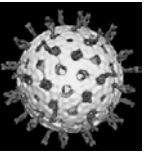
# Rotaviren: Evolution & Klassifizierung

- Gruppen A-J sowie K & L bekannt
- Gruppen A-C infizieren Menschen
- Gruppe A am wichtigsten
- segmentiertes Genom fördert „Reassortment“ (Mechanismus, der zur Evolution der Rotaviren beiträgt)

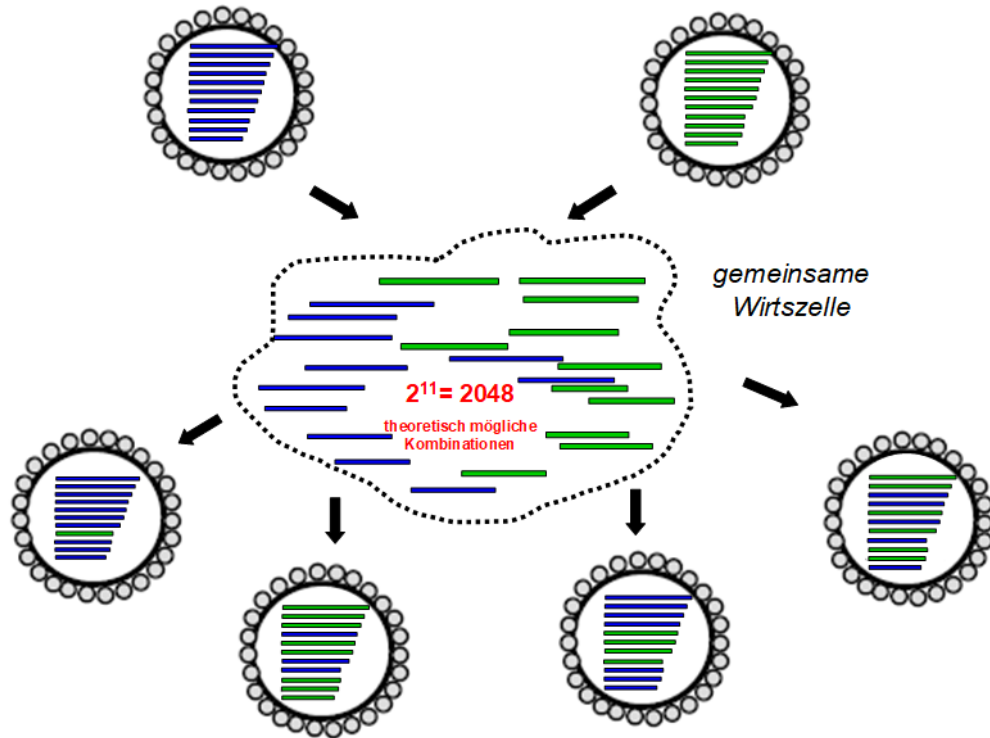


**Wichtigstes Rotavirus beim Menschen und bei einer Vielzahl von Säugetier- und Vogelarten. Zahlreiche RV-Typen vorhanden!**

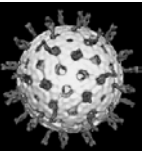




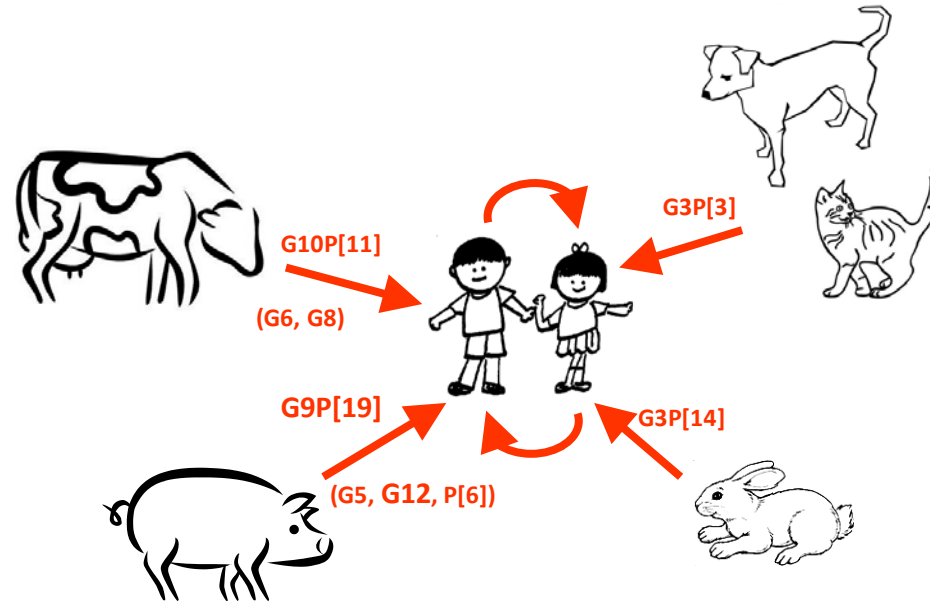
# Rotaviren A: Reassortment



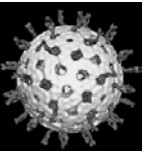
- Austausch einzelner Genomsegmente innerhalb mehrerer RV-Typen
- Entstehung neuer RV-Typen „Reassortanten“
- sehr hohe genetische Diversität
- verschiedene **G** („Glykoprotein“ - VP7)- und **P** („Protease-sensitiv“ - VP4)-Typen
- Erweiterung des Systems für RVA, wobei alle 11 RNA-Segmente verwendet werden (basierend auf Sequenzanalysen)  
(Matthijnssens et al., 2008; J. Virol. 82:3204-3219).



# Rotaviren A: Reassortment

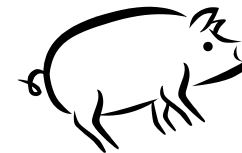


- „typische humane Stämme“: **G1**, G2, G3, G4 & P[4], **P[8]**, P[9], P[10]
- umfangreiche Sequenzierungen nehmen zu
- **Viele etablierte menschliche Stämme enthalten Genomsegmente tierischen Ursprungs**
- Austausch bereits vor längerer Zeit erfolgt

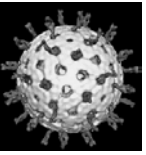


# Rotaviren A: genetische Diversität

- Aktuell 42 verschiedene G-Typen (VP7) & 58 P-Typen (VP4)
- i.d.R. bestimmte G/P-Kombinationen mit bestimmten Wirtsarten assoziiert
- Reassortment zwischen tierischen und humanen RVA-Stämmen möglich & bekannt
- neue Kombinationen mit potenziell neuen Viruseigenschaften
- in Haustieren/Nutztieren weit verbreitet (Durchfall, chronische Wachstumsstörungen & Verkümmern)
- kürzlich auch bei Wildtieren beschrieben (Fledermäuse, Nagetiere, Spitzmäuse)
- **Wenige Daten zu RVA in Wildschweinen** in Japan, Tschechien, Kroatien **oder in Rehwild** in Slowenien, in Hirschen aus Südkorea
- **Kaum Daten zu RVA in Wildschweinen/ Wildwiederkäuern in Deutschland**



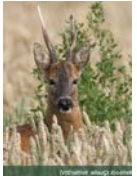
# Rotaviren: Ergebnisse (2019-2022)



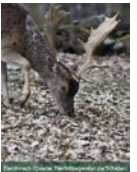
## 24 Jagdgebiete in Brandenburg



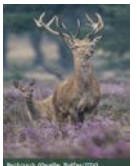
➤ 197 Wildschwein-Proben: **2 positiv (1 %)**



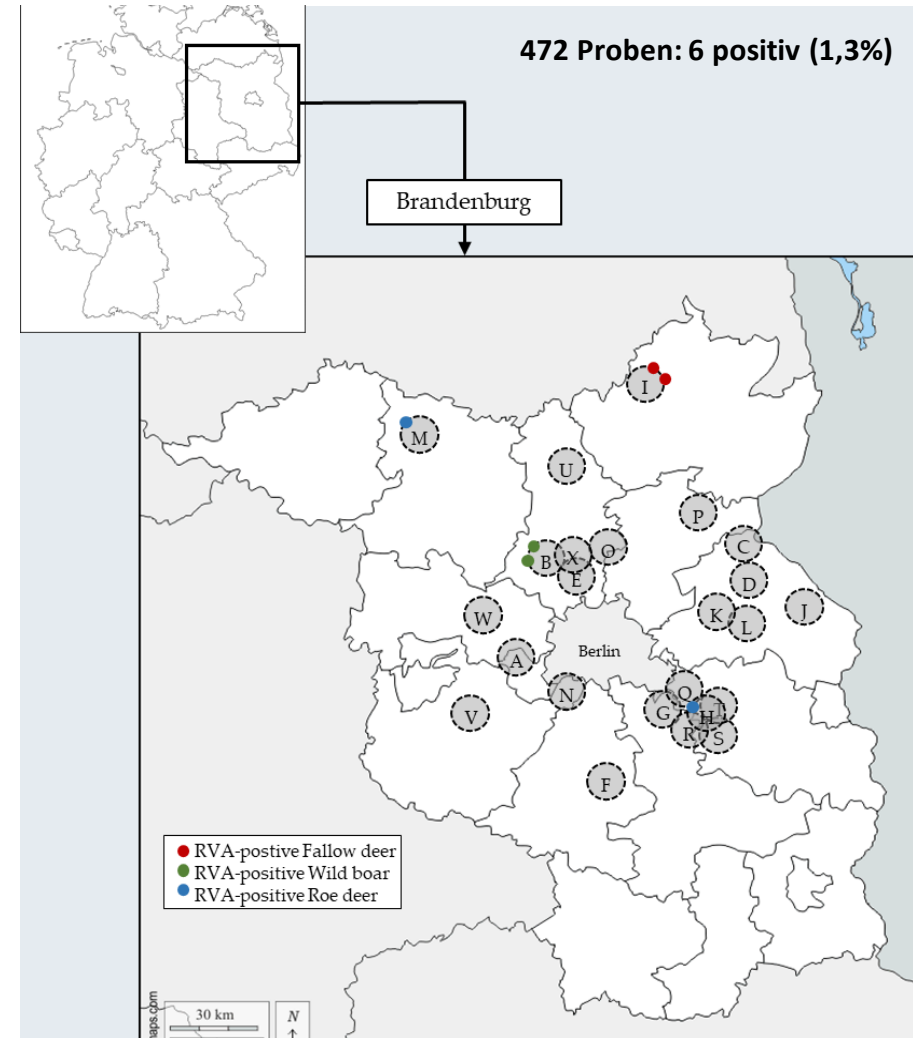
➤ 152 Rehwild-Proben: **2 positiv (1,3%)**



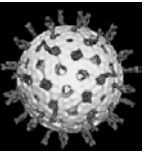
➤ 95 Damwild-Proben: **2 positiv (2,1%)**



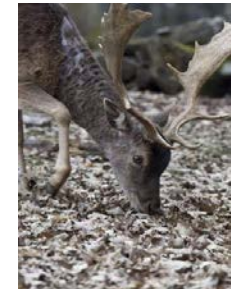
➤ 28 Rotwild-Proben: 0 positiv



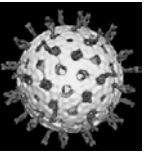
# Rotaviren: Ergebnisse



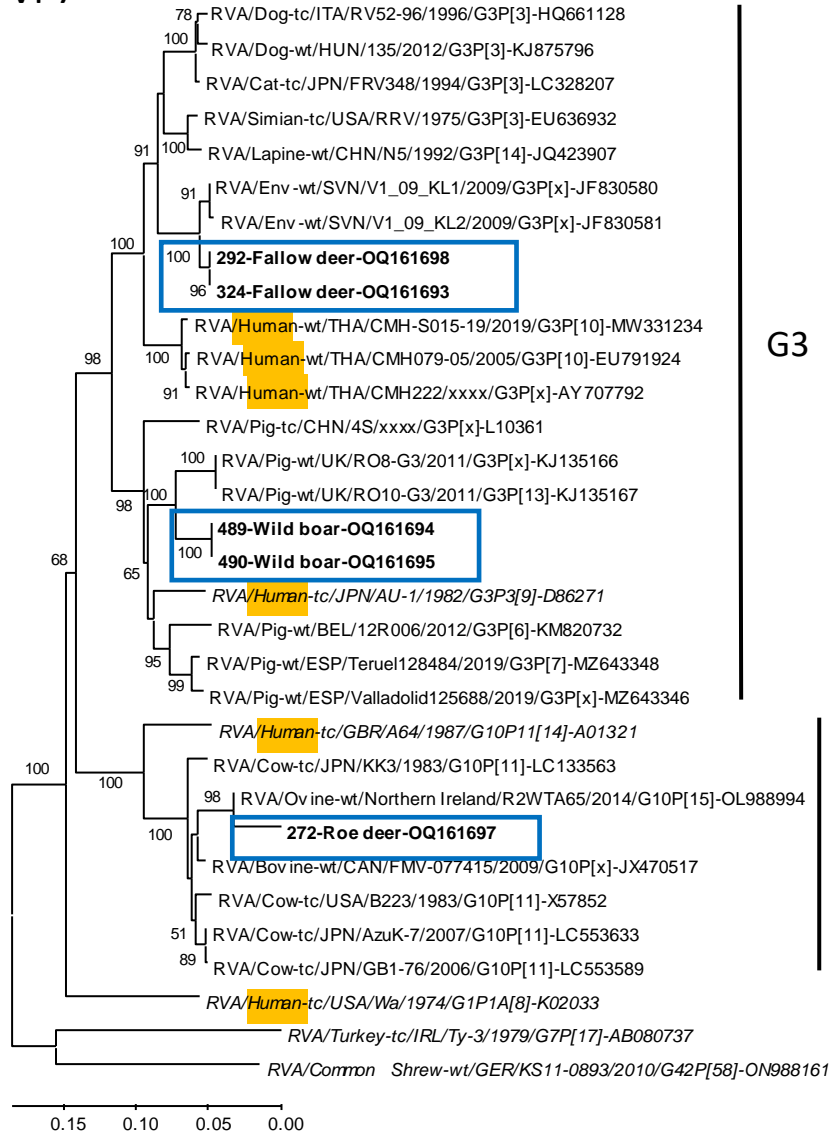
Tierart	Altersklasse	Jahr	Gebiet	Ct-Wert
Damwild	2-3 Jahre	2019	Zerwelinener Heide (Uckermark)	35,9
Wildschwein	1-2	2019	Rüthnicker Heide (Oberhavel)	35,1
Wildschwein	< 1 Jahr	2019	Rüthnicker Heide (Oberhavel)	35,5
Rehwild	< 1 Jahr	2019	Wittstock/Rossower Heide (Ostprignitz-Ruppin)	35,4
Rehwild	< 1 Jahr	2021	Markgrafpieske (Oder-Spree)	35,8
Damwild	< 1 Jahr	2021	Zerwelinener Heide (Uckermark)	37,3







VP7

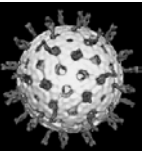


## Bestimmung des G-Typs anhand VP7

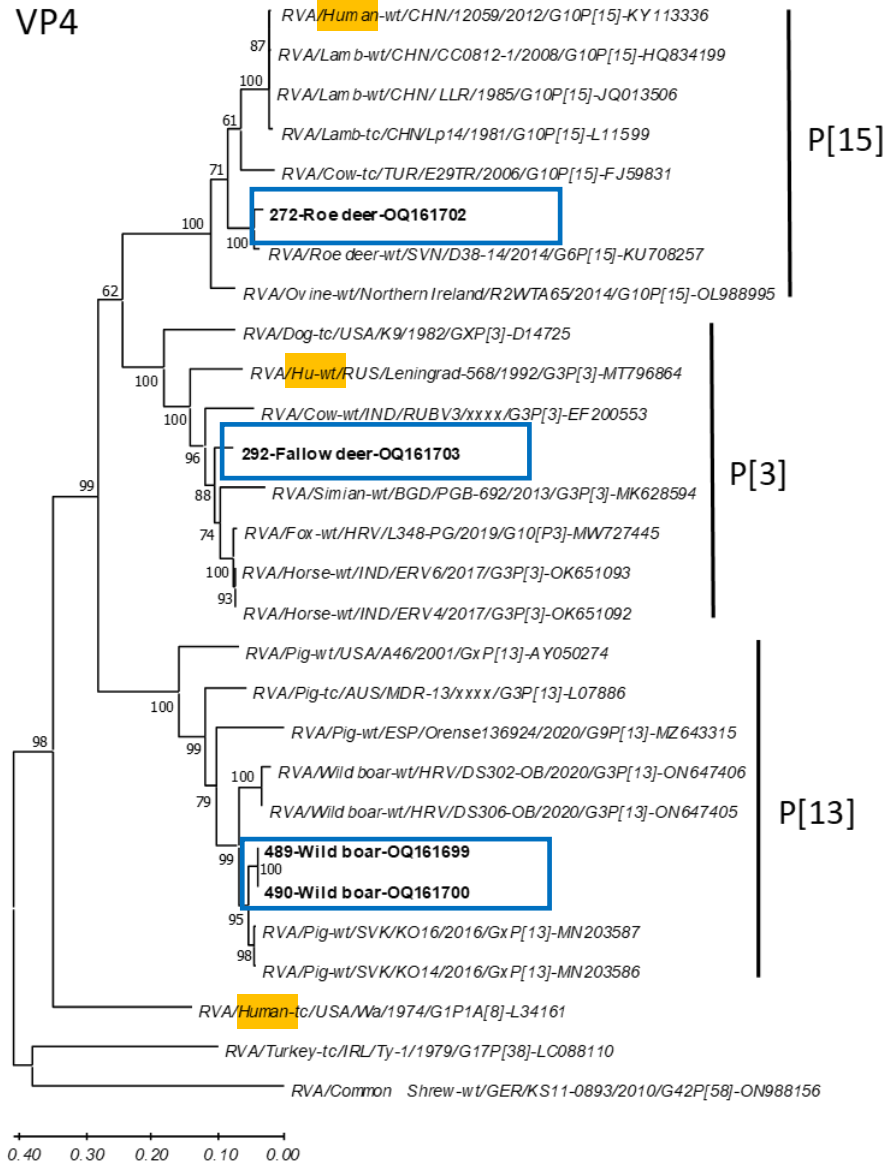
Damwild-Stämme

Wildschwein-Stämme

Rehwild-Stamm



VP4

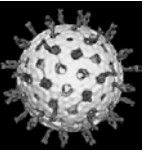


## Bestimmung des P-Typs anhand VP4

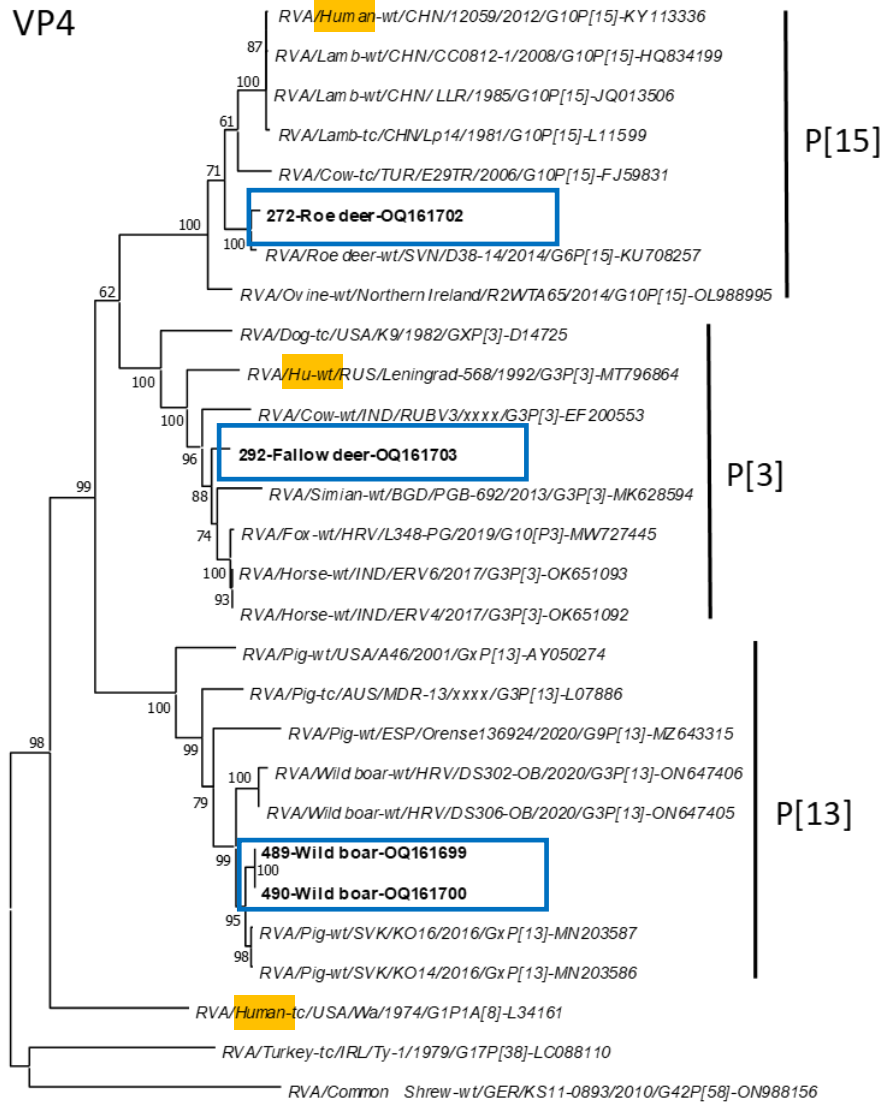
Rehwild-Stamm

Damwild-Stamm

Wildschwein-Stämme



VP4



Bestimmung des P-Typs anhand VP4

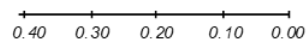
Rehwild-Stamm

Damwild-Stamm

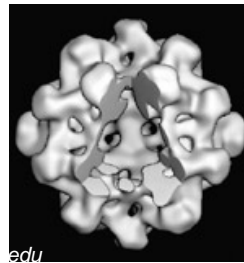
Wildschwein-Stämme

→ Die gefundenen Rotavirus-Stämme scheinen an die jeweilige Wirtstierart angepasst zu sein

→ Zoonotische Übertragbarkeit auf den Menschen ist aber nicht auszuschließen

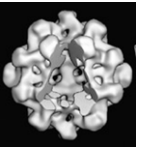


# Hepatitis E Viren in Wildschweinen



Hepatitis E Virus





# Hepatitis E Viren

- unbehüllt Ø 30-40 nm
- (+) ssRNA Genom ( ca. 7,2 kb)
- gehört zur Familie *Hepeviridae*
  - Subfamilie *Orthohepevirinae* (and *Parahepevirinae*)
  - 4 Genera: *Paslahepevirus* und *Rocahepevirus*

*Paslahepevirus alci*

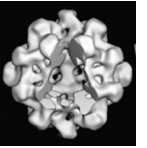
*Paslahepevirus balayani* :

- 8 Genotypen
- 1-4 Human-pathogen

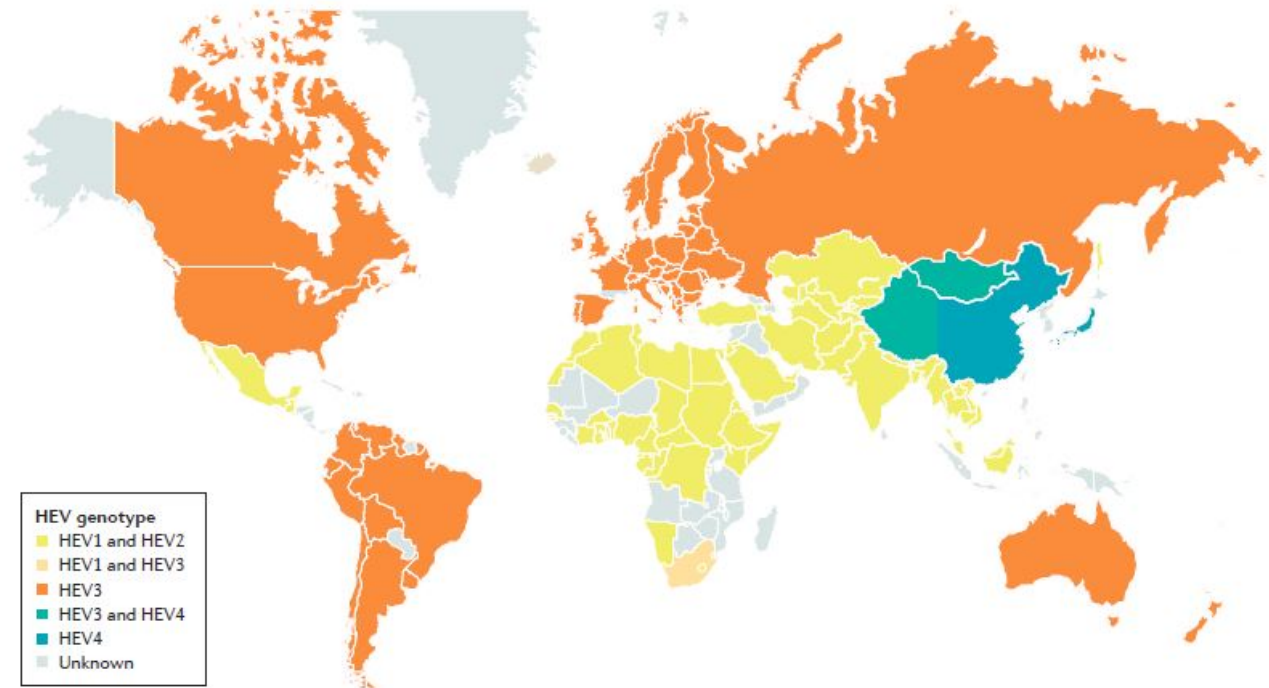
- 3+4 Zoonosen
- HEV3: 13+ Subtypen



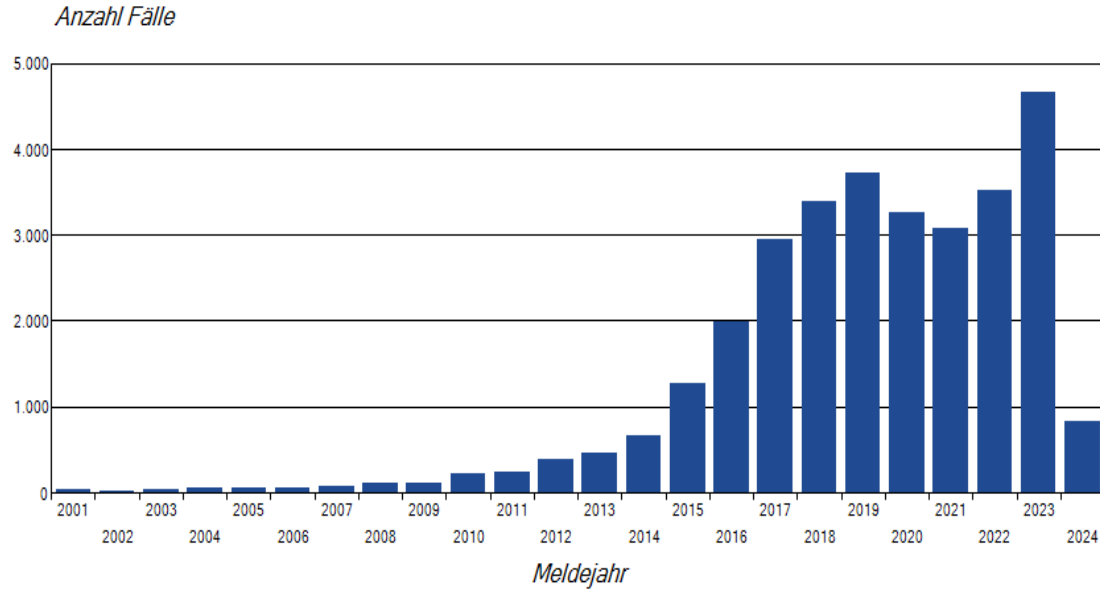
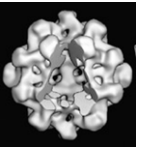
# Hepatitis E Viren



- HEV weltweit verbreitet
- HEV1&2 vorwiegend durch kontaminiertes Trinkwasser übertragen
- HEV3&4 zoonotische Übertragung durch Schweine und Wildschweine
  
- HEV (HEV3) kann **beim Menschen Leberentzündungen** hervorrufen
- Bei Risikogruppen chronische Hepatitis E möglich
- Verlauf aber oft asymptomatisch



# Hepatitis E Viren



Source: <https://survstat.rki.de> (11.03.2024)

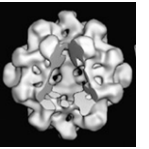
➤ HEV Erkrankungs-Fälle 2018-2022

→ ca. 3500/Jahr in Deutschland

→ ca. 300/Jahr in Berlin/Brandenburg

➤ Seroprävalenz in Menschen (Deutschland)

→ 4-25 % (Faber et al. 2018)



# Hepatitis E Viren

- HEV 3 in Hausschweinen und Wildschweinen:

HEV RNA und Seroprävalenz für die Reservoir-Tiere in Deutschland

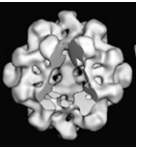
Wirt	Seroprävalenz	RNA Nachweisrate
Hausschwein	43-67 %	1-17%
Wildschwein	12-45 %	4-38%

Quelle: Johne et al. 2022



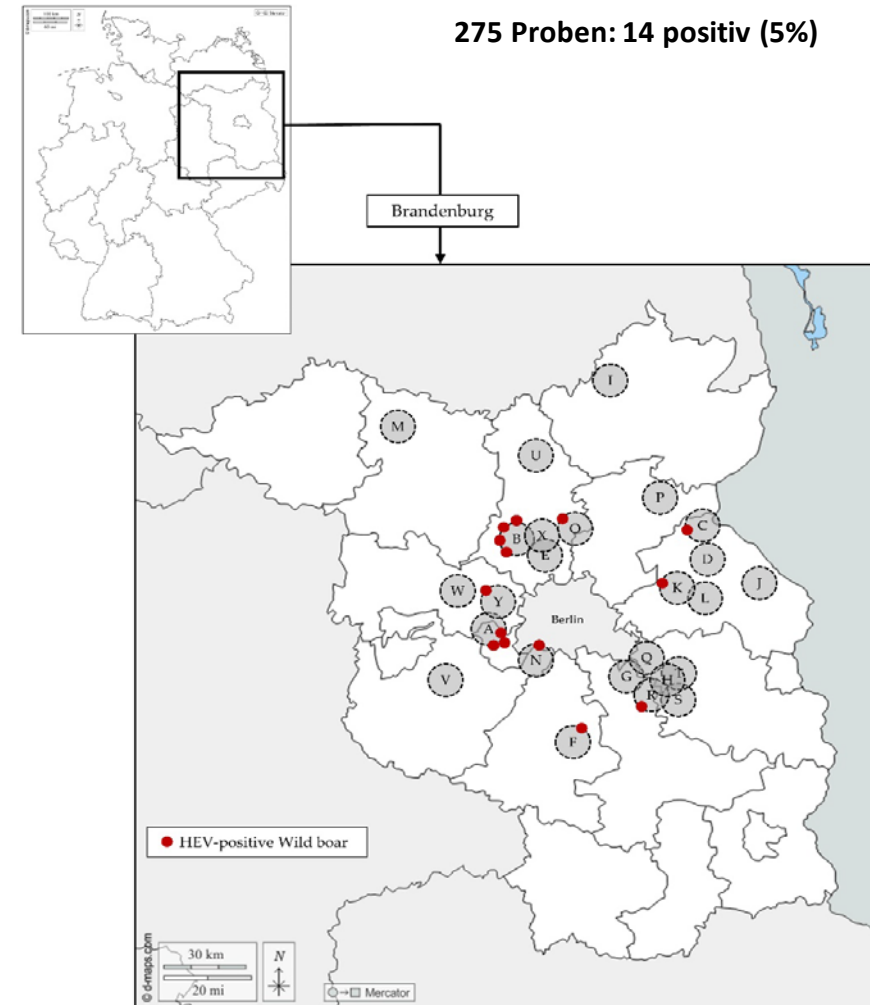
- HEV 3 Subtypen in Wildschwein: HEV 3a, 3c, 3e, 3f, 3i, 3k, HEV 3\* (\*nicht klassifiziert)
- HEV 3 Subtypen bei Menschen: 3c, 3e, 3f, HEV 3\*
- Übertragung durch Verzehr von kontaminierten, nicht ausreichend erhitztem Fleisch /Innereien/Fleischprodukten

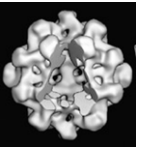
# HEV: Ergebnisse (2019-2022)



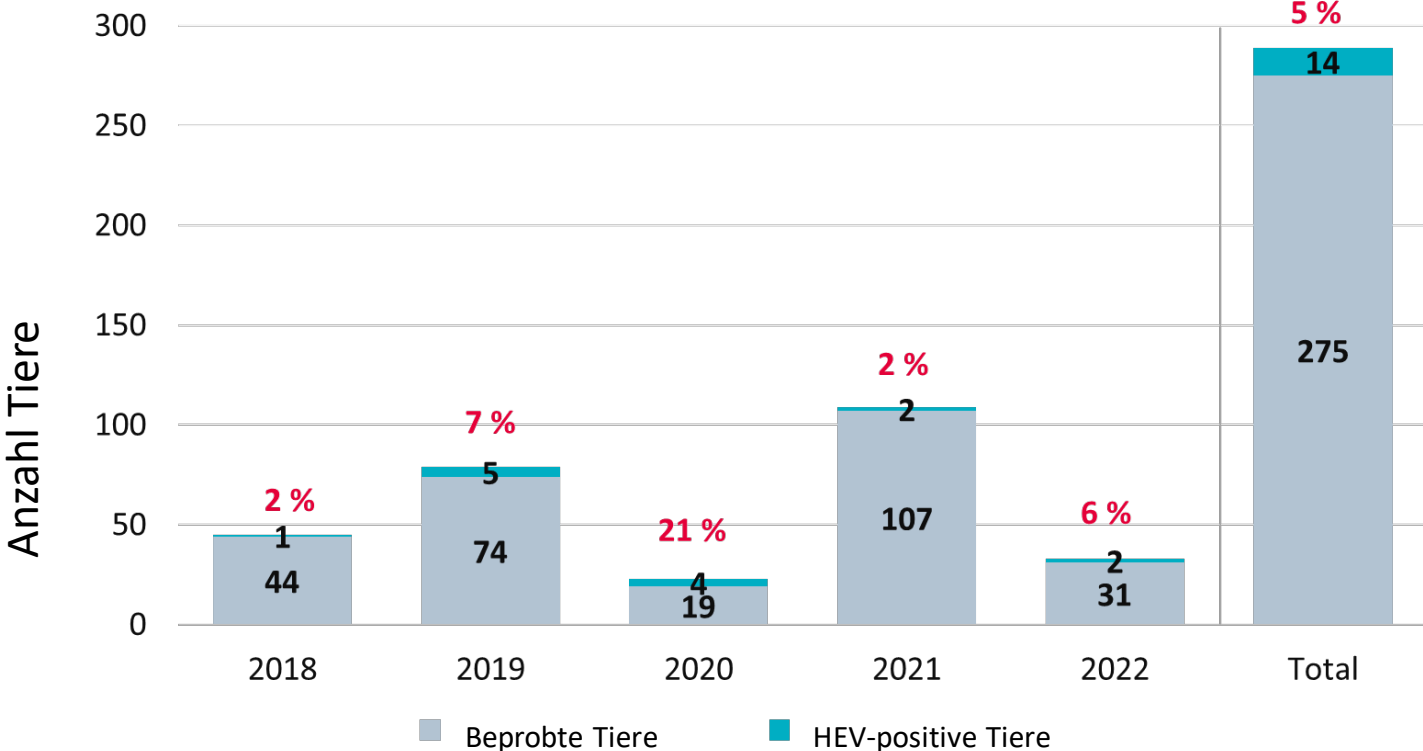
## 25 Jagdgebiete in Brandenburg

- HEV in **9/25** Jagdgebieten nachgewiesen
- **14/275** Proben **HEV-positiv**  
→ **5 %** gesamt



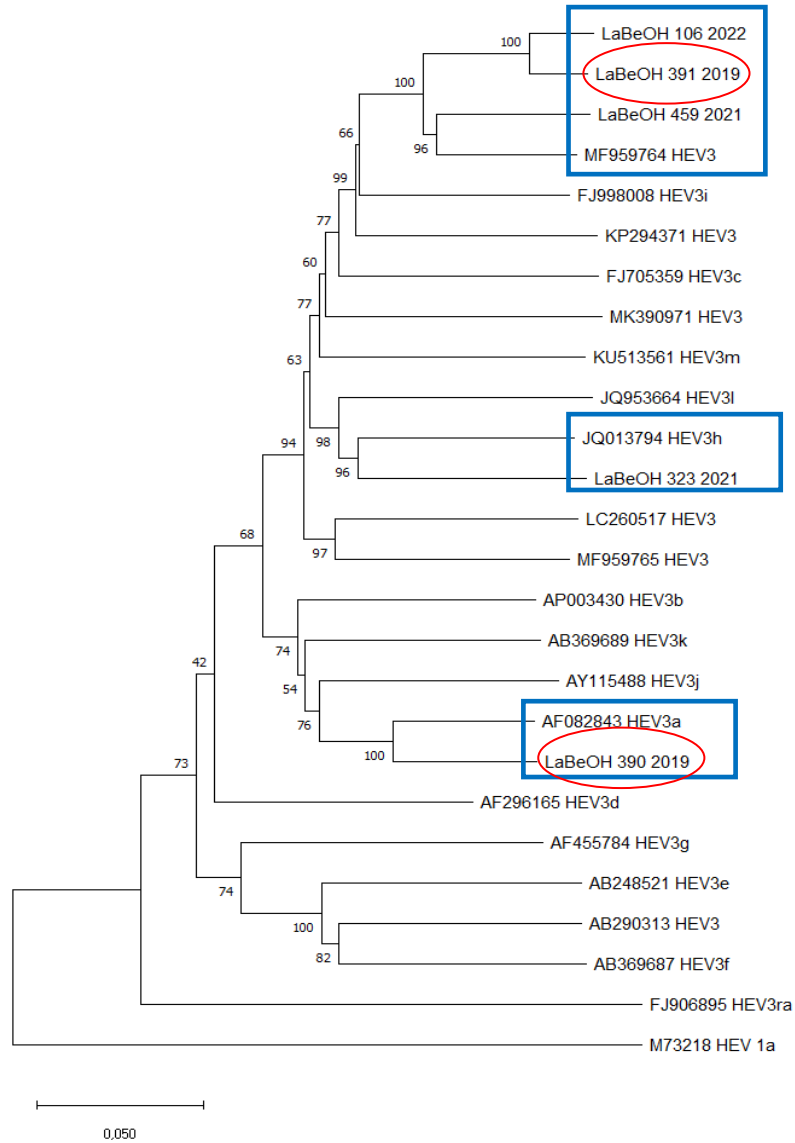
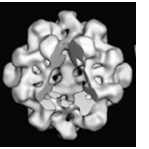


# HEV: Ergebnisse (2019-2022)





HEV3 Subtypen in Wildschweinen anhand von HEV-Vollgenomen, Berlin/Brandenburg 2019-2022



HEV 3\* (MF959764)

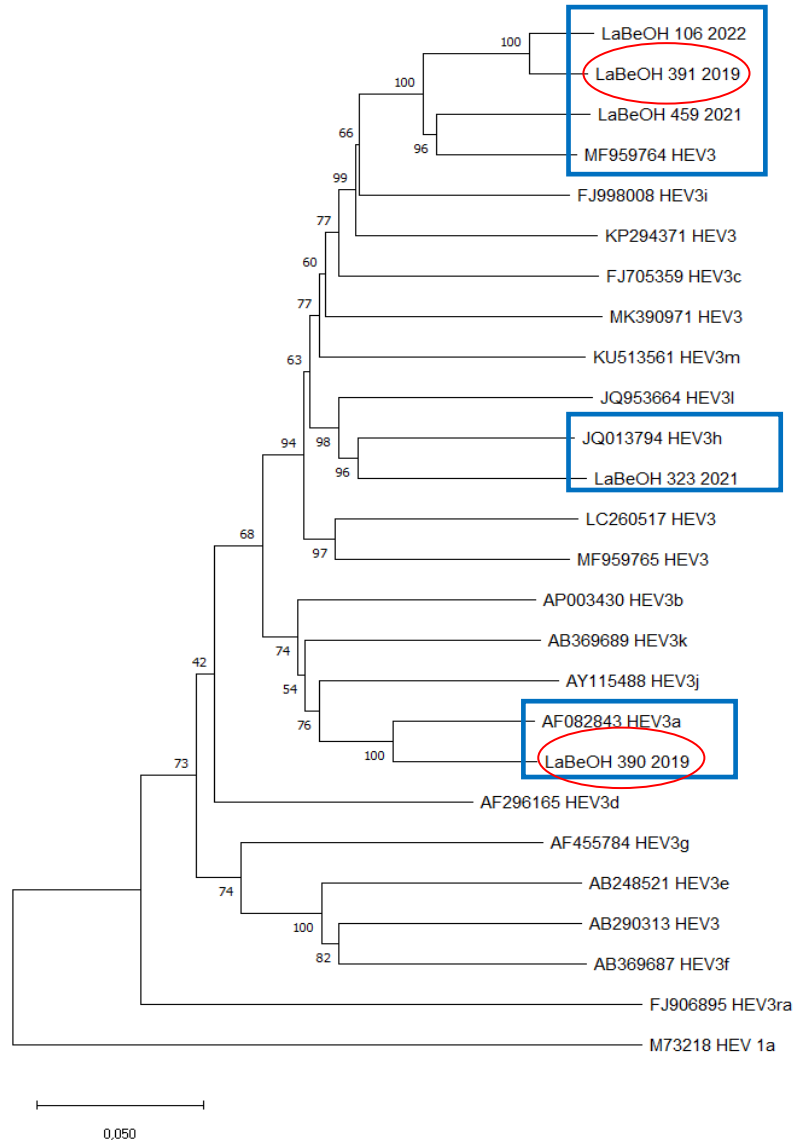
HEV 3h

HEV 3a

Verschiedene Subtypen am selben Standort innerhalb der gleichen Jagdsaison

Eine weitere Sequenz (kein Vollgenom) zu HEV 3e zugeordnet

HEV3 Subtypen in Wildschweinen anhand von HEV-Gesamtgenomen, Berlin/Brandenburg 2019-2022



HEV 3\* (MF959764)

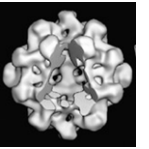
HEV 3h

HEV 3a

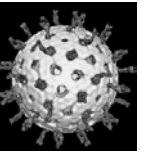
Verschiedene Subtypen am selben Standort innerhalb der gleichen Jagdsaison

Eine weitere Sequenz (kein Vollgenom) zu **HEV 3e** zugeordnet

→ Zoonotische Übertragbarkeit auf den Menschen ist anzunehmen

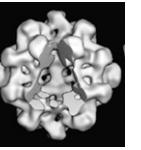


# Fazit Rotaviren



- Zirkulation von **Rotaviren** in deutschen **Wildschweinen und Wildwiederkäuern** mit geringer Prävalenz
- v. a. **Jungtiere** betroffen
- Vorkommen in **Wildschweinen & Rehwild** bestätigt (**ähnliche Prävalenzen wie andere EU-Länder**)
- **Erstmaliger** Nachweis von Rotaviren in **Damwild**
- Zusammenhang zwischen positiven Tieren & Jagdgebiet unklar (zu wenig Daten!)
- Assoziation spezifischer **Genotyp-Kombinationen** mit bestimmten **Wirtstierarten** (?) (z.B. G3P[13]: Wildschwein)
- **Zoonotisches Potential** möglich (Clustering mit humanen Stämmen)



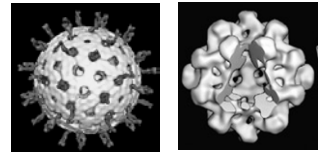


# Fazit Hepatitis E Viren

- 14/275 positive Proben, d.h. **5% Detektionsrate** insgesamt
- Starke Variation der Detektionsrate innerhalb der versch. Jahre, **2-21 %**
- 5 von 14 Proben weiterführend sequenziert (Gesamtgenome)
- Hohe genetische Variabilität der Subtypen in Brandenburg
- Erstmaliger **Nachweis des Subtyps 3h in Wildschweinen**
- **Weitere Sequenzen eines potentiell neuen Subtyps** (HEV 3\*, MF959764) gefunden
- Zusammenhang zwischen positiven Tieren & Jagdgebiet unklar (zu wenig Daten!)
- **Übertragbarkeit der Stämme auf den Menschen ist anzunehmen**



# BfR-Empfehlungen Wild und Fleisch



- Für Jäger: beim Ausweiden Handschuhe tragen!
- Für Verbraucher: Schweinefleisch und Leber immer gut durcherhitzen!
- Für Risikogruppen: Verzicht auf den Verzehr von Rohwürsten!



**BfR**  
Bundesinstitut für Risikobewertung

**VERBRAUCHERTIPPS**

**Fragen und Antworten zur Übertragung des Hepatitis E-Virus durch Wild- und Hausschweine und daraus gewonnene Lebensmittel**

www.bfr.bund.de

FAQ des BfR vom 9. Februar 2016

**BfR**  
Bundesinstitut für Risikobewertung

**Schutz vor viralen Lebensmittelinfektionen**

Menschen infizieren sich mit Viren vor allem durch direkten Kontakt zu erkrankten Menschen oder Tieren. Insbesondere Noroviren, aber auch durch Lebensmittel übertragen werden. Ein Lebensmittel kann mit Viren verunreinigt werden, wenn es mit Wasser, unzureichendem Hygienekonzept in Kontakt kommt oder wenn Fleisch und Innereien von erkrankten Tieren kontaminiert werden. Im Gegensatz zu anderen Viren können Mikroorganismen vermehren sich Viren im Lebensmittel. Da Viren in Lebensmitteln nicht zu sehen sind, ist es wichtig, sie durch Erhitzen oder durch Kochen abzutöten.

**BfR**  
Bundesinstitut für Risikobewertung

**Neuere Untersuchungen des Bundesinstituts für Risikobewertung (BfR) und anderer wissenschaftlicher Einrichtungen zeigen, dass zwischen 40 % und 50 % der Hausschweine und zwischen 2 % und 68 % der erlegten deutschen Wildschweine dem Hepatitis E-Virus (HEV) entweder infiziert waren oder noch Träger des Virus sind. Besondere ist, dass Schweine und Wildschweine bei einer Infektion mit dem Hepatitis E-Virus keine klinischen Symptome zeigen. Sie erkranken also nicht an einer Hepatitis E. Das BfR hat Fragen und Antworten zu Möglichkeiten einer Infektion von Menschen über den Kontakt mit Wild- und Hausschweinen und den Verzehr daraus gewonnener Lebensmittel erarbeitet.**

**Was ist Hepatitis E?**  
Hepatitis E ist eine akute Leberentzündung, die durch Infektion mit dem Hepatitis E-Virus (HEV) verursacht wird. Die Infektion wird durch den Verzehr von kontaminiertem Wasser oder Nahrungsmitteln übertragen.

**BfR**  
Bundesinstitut für Risikobewertung

**Infektionen durch Noroviren**

Norovirus-Infektionen sind die häufigste Ursache von Magen-Darm-Erkrankungen des Menschen in Deutschland. Auf Kreuzfahrtschiffen und in Gemeinschaftseinrichtungen, wie Kindergärten, sind Norovirus-Infektionen besonders häufig. Die Übertragung von Lebensmittel, die roh verzehrt werden, wie Obst, Gemüse und Fleisch, ist eine mögliche Übertragungsroute.

**BfR**  
Bundesinstitut für Risikobewertung

**Tragen von Handschuhen beim Ausweiden schützt Jäger vor Hepatitis E**

Information Nr. 047/2015 des BfR vom 14. Dezember 2015

Wildschweine können Träger des Hepatitis E Virus (HEV) sein. Für Jäger besteht deshalb durch direkten Kontakt zu Wildschweinen bei der jagdlichen Gewinnung von Wildschweinefleisch ein erhöhtes Infektionsrisiko. In einer Studie, die das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) koordinierte und in enger Zusammenarbeit mit der zuständigen Behörde eines Landkreises, dem Friedrich-Loeffler-Institut und dem Robert Koch-Institut durchgeführte, wurde die Verbreitung von HEV und HEV-spezifischen Antikörpern bei Jägern dieses Landkreises sowie bei den Wildschweinen und dem Robert Koch-Institut durchgeführte, wurde die Verbreitung von HEV und HEV-spezifischen Antikörpern bei Jägern dieses Landkreises und Schutzfaktoren der HEV-Übertragung ermittelt. Darüber hinaus konnten Risikofaktoren der HEV-Übertragung auf die Jäger identifiziert werden. Die Auswertung der erhobenen Daten zeigt, dass Jäger, die beim Ausweiden der Tiere häufig Handschuhe tragen, eine um 88 % niedrigere Nachweisrate HEV-spezifischer Antikörper hatten als Jäger, die ihr erlegtes Stück Wild ohne Handschuhe aufbrachen. Das Tragen von Handschuhen beim Ausweiden und Zerlegen von Wildschweinen ist daher als eine wirksame Schutzmaßnahme vor einer Übertragung des HEV anzusehen.

**BfR**  
Bundesinstitut für Risikobewertung

**Sicher verpflegt**  
Besonders empfindliche Personengruppen in Gemeinschaftseinrichtungen

Jeden Tag werden in Krankenhäusern und Kurkliniken, Seniorenstiften und Altenheimen, Kindertagesstätten, Schulen und Schullandheimen sowie in der Betriebskantinenversorgung Speisen angeboten. Die Verantwortung für die Sicherheit der Speisen liegt bei den Betreibern der Einrichtungen. Im rechtlichen Sinn haben die Verantwortlichen in diesen Einrichtungen, wie andere Lebensmittelunternehmer, die gleiche Verantwortung zu tragen.



# DANKE

## FÜR IHRE AUFMERKSAMKEIT

*Thank you!*

**ALLE, die bei der Organisation, Jagd, Probenvorbereitung und -  
verteilung beteiligt waren!**

(8 SZ, 45, Jäger, Kollegen & Kolleginnen aus Abt.4)

**Fachgruppe 46:**

**Nadine Althof, Stefanie Prosetzky, Anja Schlosser, Silke Apelt,  
Katja Schilling-Loeffler und Reimar Johne**

Eva Trojnar  
T +49 30 18412-24601  
Eva.trojnar@bfr.bund.de

Bundesinstitut für Risikobewertung  
bfr.bund.de

**BfR** | Risiken erkennen –  
Gesundheit schützen

Verbraucherschutz zum Mitnehmen

**BfR2GO – das Wissenschaftsmagazin des BfR**

[bfr.bund.de/de/wissenschaftsmagazin\\_bfr2go.html](https://bfr.bund.de/de/wissenschaftsmagazin_bfr2go.html)


Folgen Sie uns

 @bfrde | @bfren | @Bf3R\_centre

 @bfrde

 youtube.com/@bfr\_bund

 social.bund.de/@bfr

 linkedin.com/company/bundesinstitut-f-r-risikobewertung