

Genetische Diversität der zirkulierenden Noroviren in Deutschland vor und während der Covid-19 Pandemie

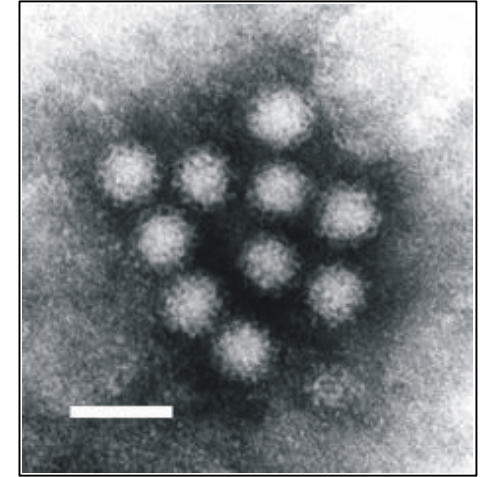
Dr. Sandra Niendorf

08.11.2022



Noroviren

- Familie der *Caliciviridae*
- Übertragung
 - Fäkal-oral
 - Kontakt mit infizierten Personen, kontaminierten Oberflächen
 - kontaminierte Lebensmittel, kontaminiertes Wasser
- Klinik
 - Inkubationszeit 12-24h
 - Erbrechen, wässrige Durchfälle, abdominale Schmerzen, Übelkeit
 - in der Regel selbstlimitierend (2-4d)
- Nachweis von Noroviren ist meldepflichtig (§6, §7 IfSG)





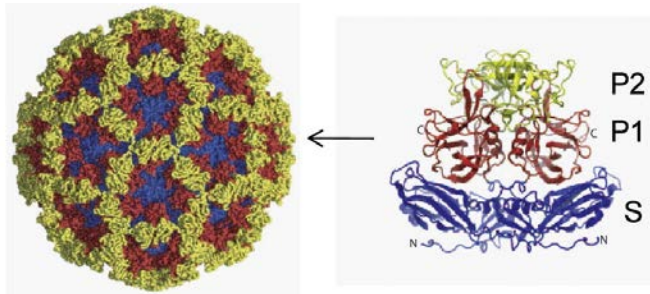
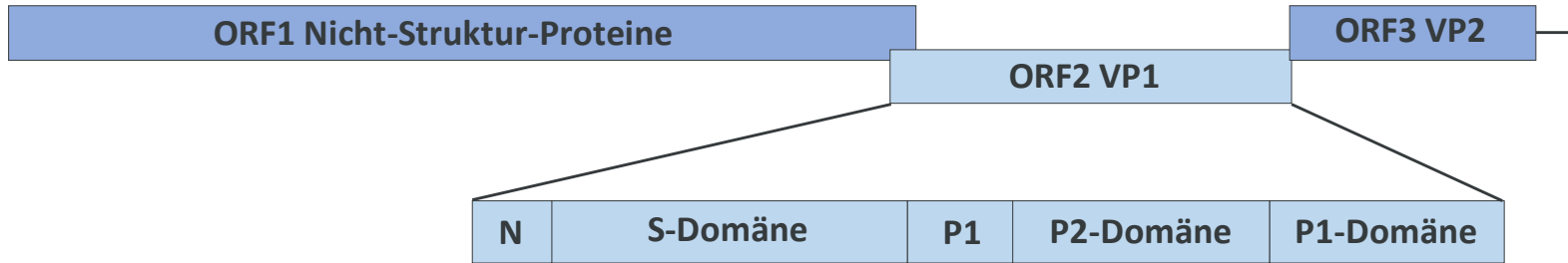
Noroviren in Lebensmitteln

- Lebensmittelassoziierte Ausbrüche
 - Erdbeeren (Deutschland; 2012; 11.000)
 - Himbeeren
 - Brombeeren
 - Salat
 - Tomaten
 - Sprossen
 - Muscheln
 - ...
- Wasser
 - Abgefülltes Trinkwasser (Spanien; 2016; 4.000 Patienten)





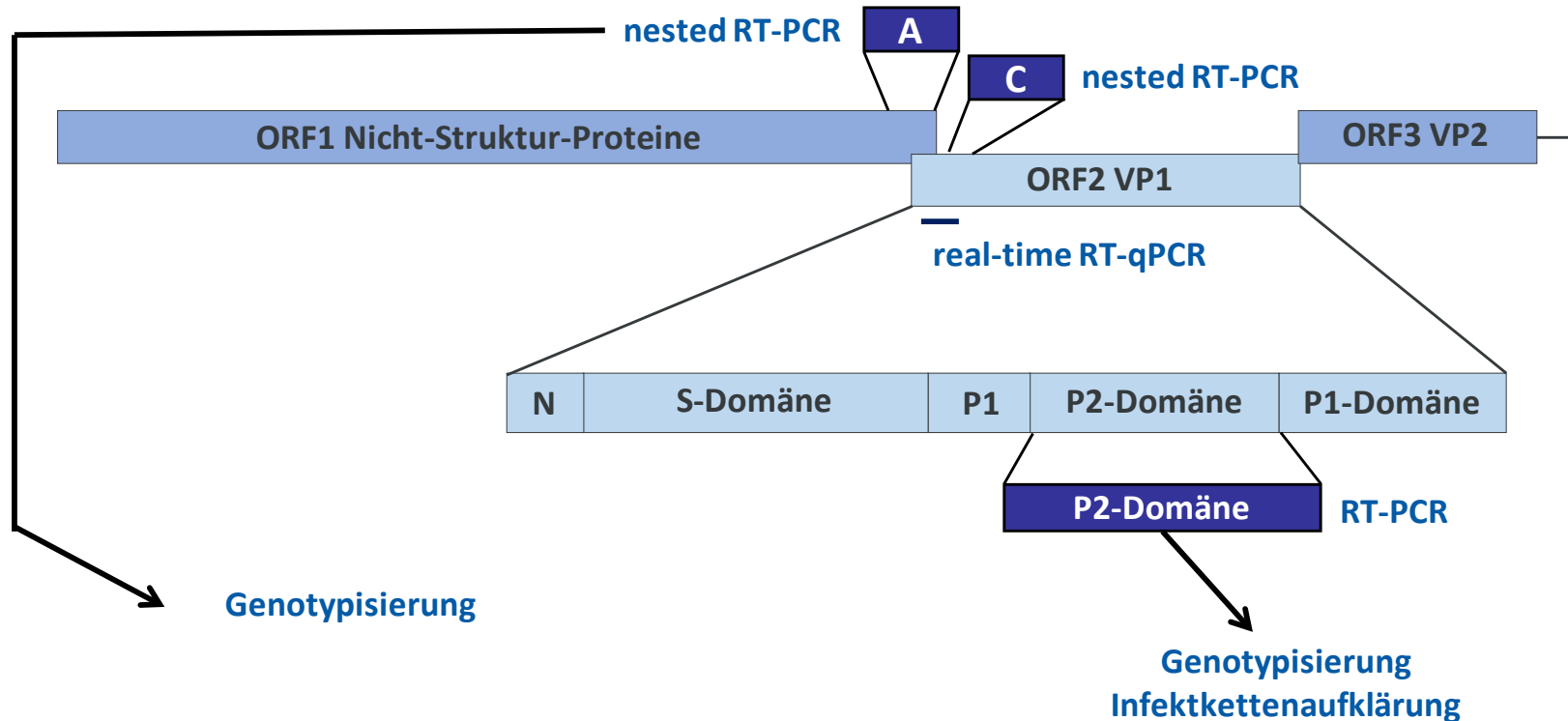
Struktur humaner Noroviren



Bereszczak et al., Structure, stability and dynamics of norovirus P domain derived protein complexes studied by native mass spectrometry. *J Struct Biol.* 2012



Typisierungssysteme im Konsiliarlabor





Definition Zeiträume

- Vor der Pandemie
 - Januar 2015 – Februar 2020

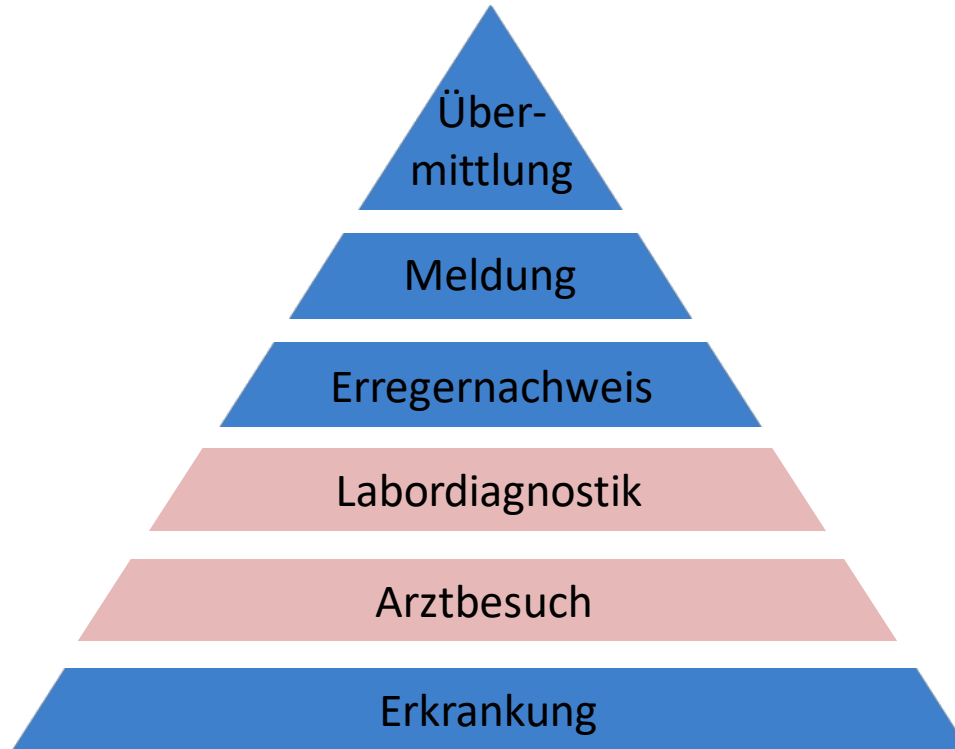
- Während der Pandemie
 - März 2020 – Dezember 2021



Von der Erkrankung zum Fall



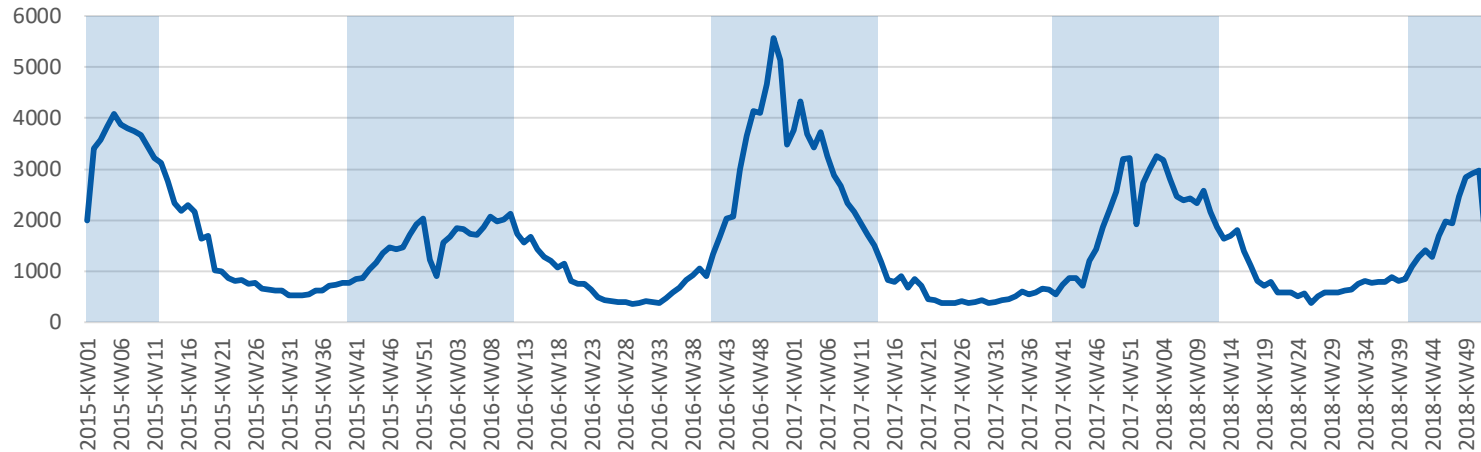
Von der Erkrankung zum Fall





Norovirus Meldezahlen vor der Pandemie

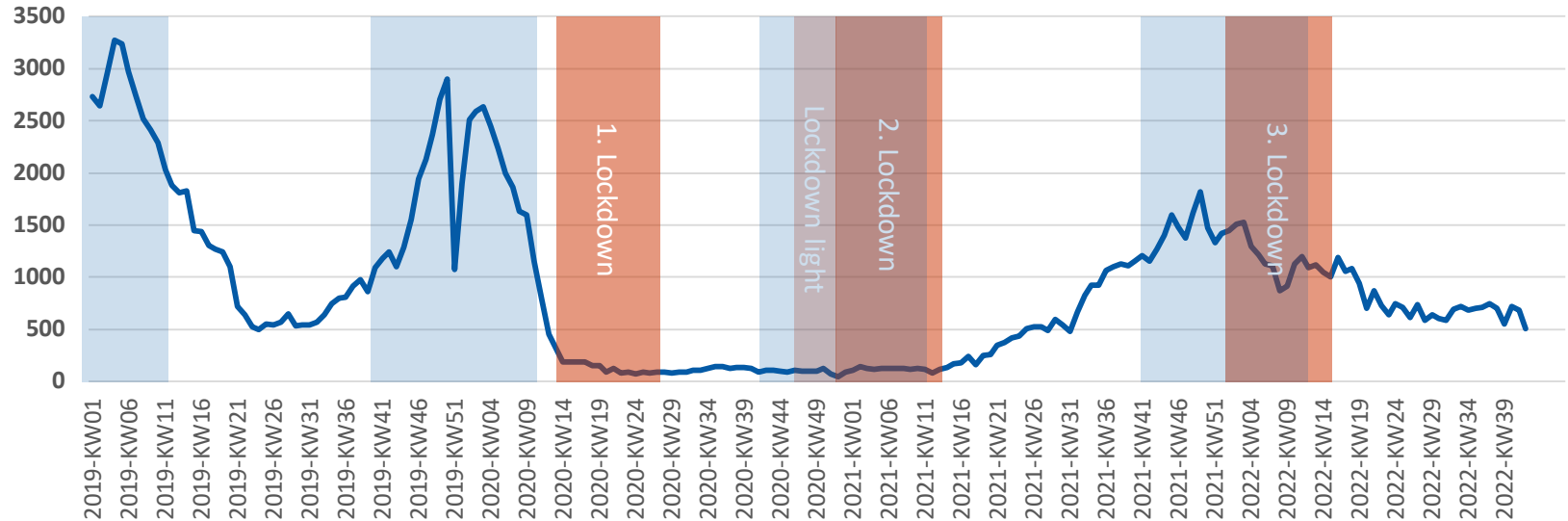
Norovirus Fallzahlen pro Woche bundesweit





Norovirus Meldezahlen während der Pandemie

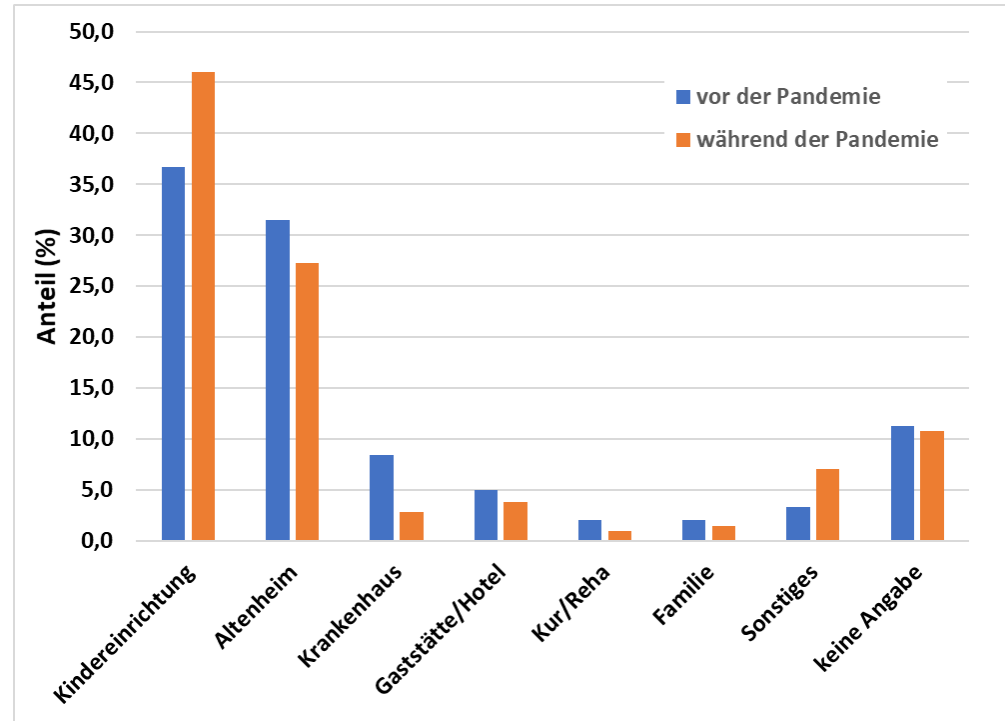
Norovirus Fallzahlen pro Woche bundesweit)





Analysierte Ausbrüche vor und während der Pandemie

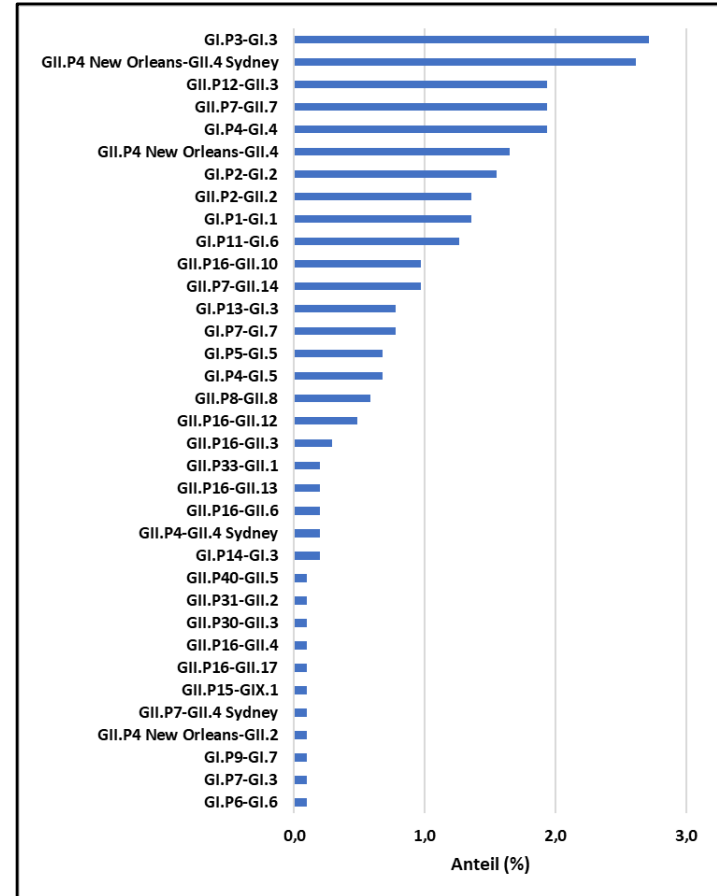
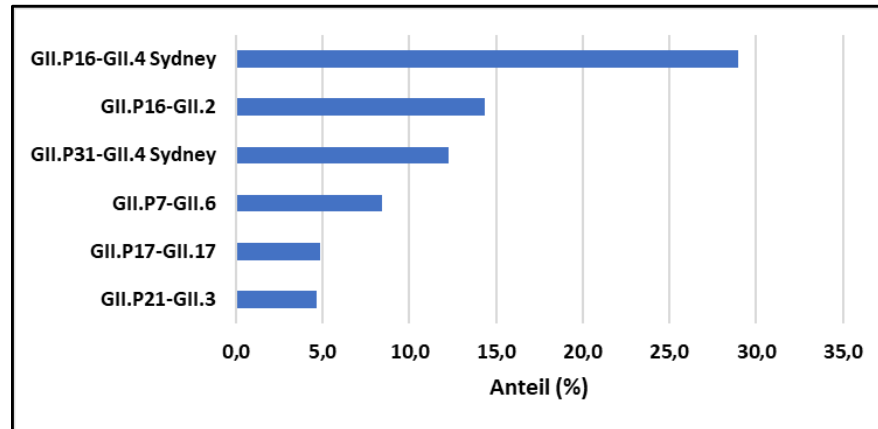
- **Vor der Pandemie**
 - 1.249 Ausbrüche
 - meist aus Kindereinrichtungen (37%) und Altenheimen (31%)
- **Während der Pandemie**
 - 213 Ausbrüche
 - meist aus Kindereinrichtungen (46%) und Altenheimen (27%)





Diversität vor der Pandemie

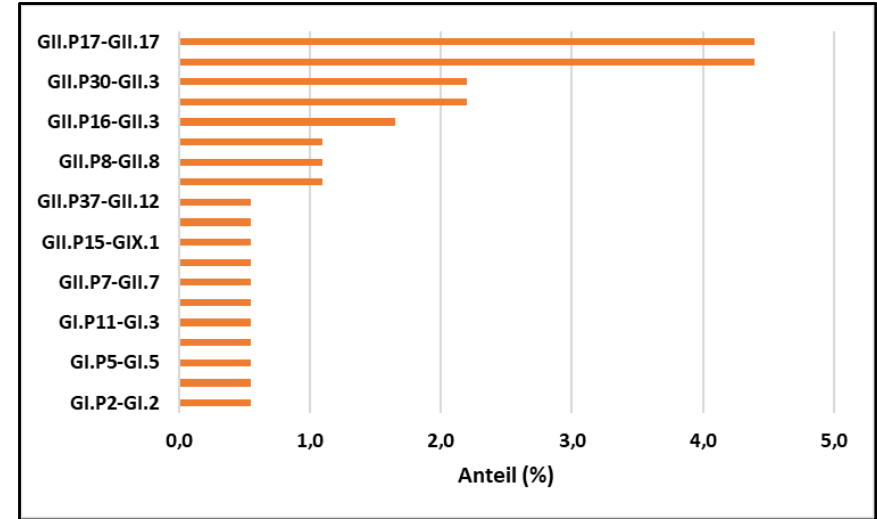
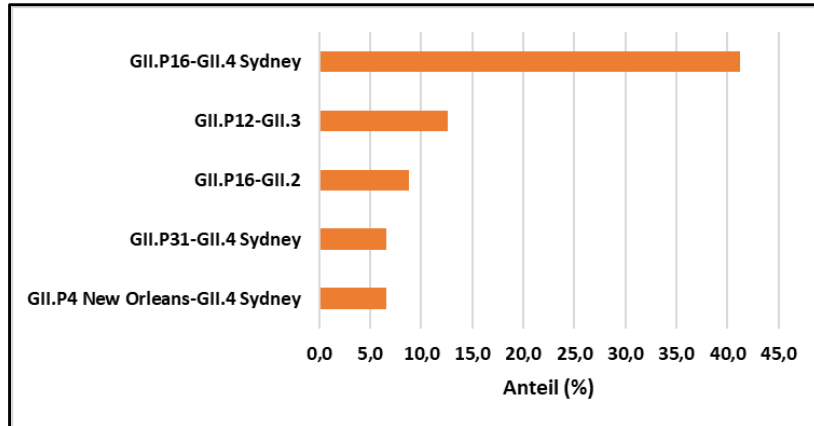
- 1033 Ausbrüche
 - GI-Viren 12%
 - GII-Viren 88%
- 41 verschiedene Genotypen
 - GII.P16-GII.4 Sydney (n=299; 28,9%)
 - GII.P16-GII.2 (n=148; 14,3%)
 - GII.P31-GII.4 Sydney (n=127; 12,3%)





Diversität während der Pandemie

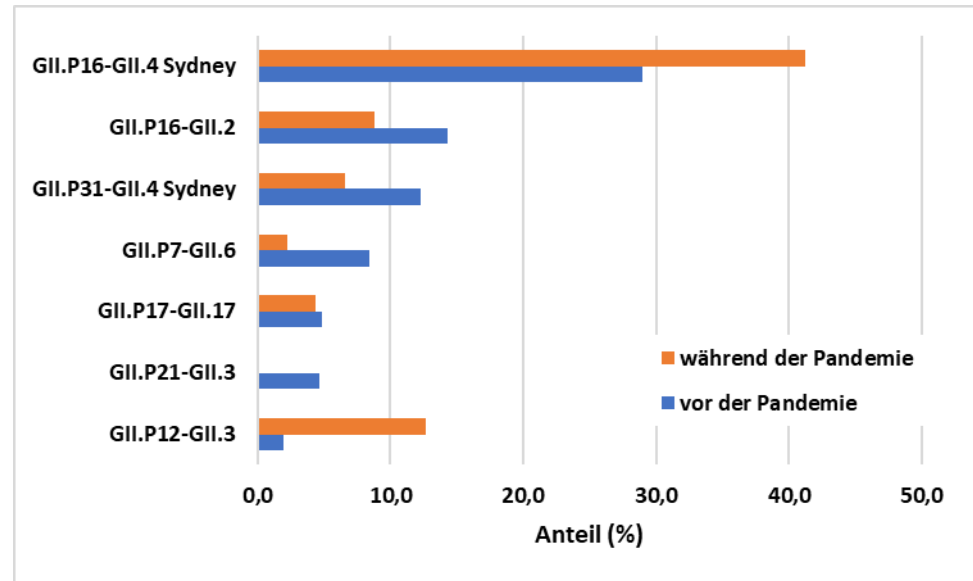
- 182 Ausbrüche
 - GI-Viren 8,8%
 - GII-Viren 91,2%
- 24 verschiedene Genotypen
 - GII.P16-GII.4 Sydney (n=75; 41,2%)
 - GII.P12-GII.3 (n=23; 12,6%)
 - GII.P16-GII.2 (n=16; 8,8%)





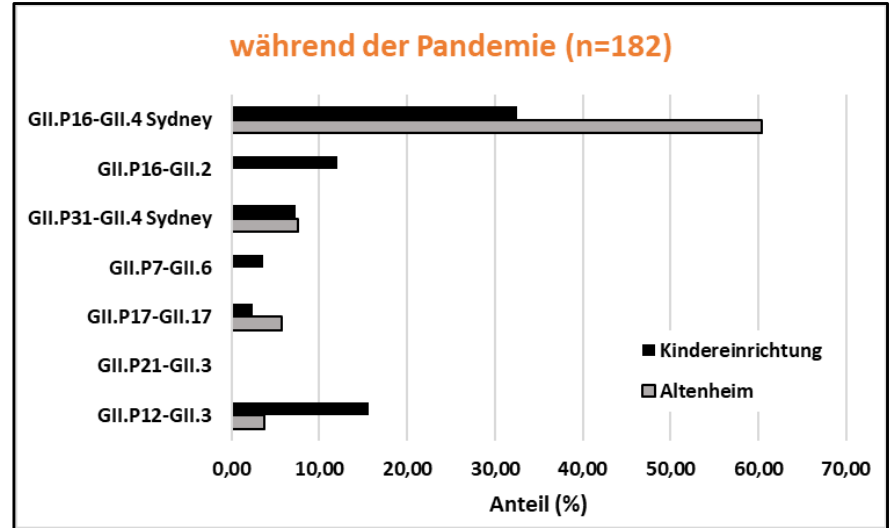
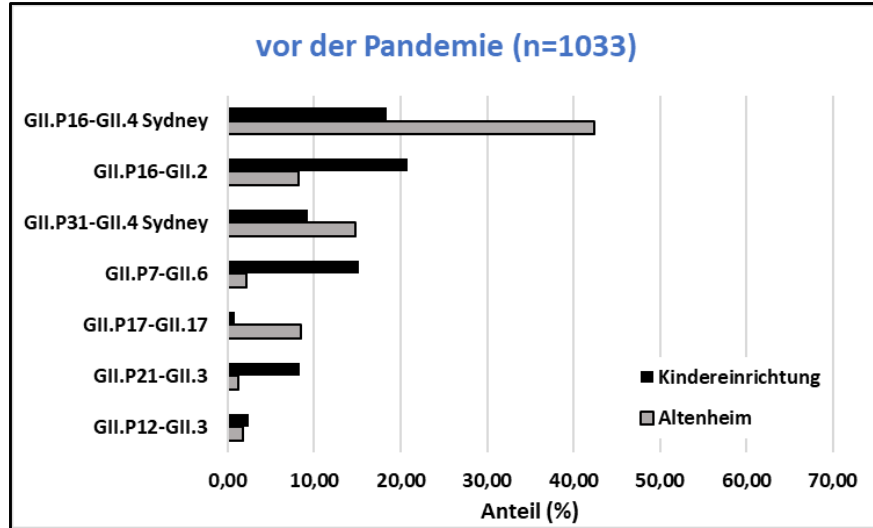
Diversität vor und während der Pandemie

- GII.P16-GII.4 Sydney dominanter Genotyp
- während der Pandemie seltene bzw. keine Detektion von
 - GII.P16-GII.2
 - GII.P31-GII.4 Sydney
 - GII.P7-GII.6
 - GII.P21-GII.3
- häufigerer Detektion während der Pandemie von
 - GII.P16-GII.4 Sydney
 - GII.P12-GII.3





Vergleich Diversität nach Setting





Zusammenfassung

- Massive Reduktion der Norovirus-Fallzahlen während der Covid-19 Pandemie
- Hohe Diversität der zirkulierenden Viren vor und während der Pandemie
 - GI-Viren 12% vs. 8%
 - GII-Viren 88% vs. 91%
 - Häufigster Genotyp GII.P16-GII.4 Sydney

- Veränderungen der Diversität



GII.P16-GII.4 Sydney
GII.P12-GII.3



GII.P16-GII.2
GII.P31-GII.4 Sydney
GII.P7-GII.6
GII.P21-GII.3

- Unterschiede in der Diversität in verschiedenen Settings
 - Altenheime häufiger GII.P16-GII.4 Sydney
 - Kindereinrichtungen häufiger GII.P16-GII.2, GII.P12-GII.3



Vielen Dank für die Aufmerksamkeit!



Fragen????