

- Institut für Parasitologie, Tierärztliche Hochschule Hannover, Bünteweg 17, 30559 Hannover
- Institut für Parasitologie und Tropenveterinärmedizin, Fachbereich Veterinärmedizin der FU Berlin, Königsbergweg 65, 14163 Berlin

Schlüsselliteratur

1. Eckert I, Friedhoff KT, Zahner H, Deplazes P (2005) Lehrbuch der Parasitologie für die Tiermedizin. Enke, Stuttgart
2. Mehlhorn H, Eichenlaub D, Löscher T, Peters W (1995) Diagnose und Therapie der Parasitosen des Menschen, 2. Aufl. G. Fischer, Stuttgart

Sarcoma idiopathicum multiplex hemorrhagicum

- ▶ Humanes Herpesvirus 8 (HHV-8)

Sarcophaga spp.

- ▶ Myiasis-Erreger

Sarcoptes scabiei

- ▶ Ektoparasiten, sonstige (Stechmücken, Trombiculiden, Flöhe, Wanzen, Zecken)
- ▶ Krätzmilben (Sarcoptes scabiei und ähnliche)

Sarkosporidiose

- ▶ Sarcocystis

SARS (Schweres Akutes Respiratorisches Syndrom)

- ▶ SARS-Coronavirus (SARS-CoV)

SARS-Coronavirus (SARS-CoV)

ROLAND KEHM

Erreger

Humanes SARS-Coronavirus

Synonym(e)

Erreger des schweren akuten respiratorischen Syndroms, SARS-Erreger, SARS-assoziiertes Coronavirus, SARS-CoV

Erregerspezies

SARS-Coronavirus

Taxonomie

Genus *Coronavirus* in der Familie *Coronaviridae*; als Mitglied der Ordnung *Nidovirales* klassifiziert. SARS-CoV ist mit dem „severe acute respiratory syndrome“ assoziiert und wird innerhalb des Genus *Coronavirus* eigenständig eingruppiert.

Historie

Erstbeschreibung animaler Coronaviren (IBV) durch Schalk und Hawn (1931), Erstisolation durch Beaudette und Hudson. Erstbeschreibung humanpathogener Coronaviren (B814) durch Tyrrell und Bynoe (1965), Erstisolation und Kultivierung durch Hamre und Procknow (1967). Klassifikation als *Coronaviridae* aufgrund der Morphologie und der charakteristischen Anordnung von Oligomeren des S-Glykoproteins (ähnlich der solaren „Korona“). SARS-CoV wurde erstmals 2003 isoliert und sequenziert. Das Virus konnte charakterisiert werden, nachdem Tausende von Patienten am SAR-Syndrom im Rahmen einer ersten Epidemiewelle 2003, zunächst von der chinesischen Provinz Guangdong ausgehend, erkrankten. Im weiteren Verlauf verbreitete sich die SARS-Epidemie weltweit über Hongkong und Vietnam, wobei 8.096 WHO-registrierte SARS-Fälle auftraten. Die Letalität lag bei knapp 10 %, wobei mehr als 40 % der älteren Patienten post infectionem verstarben.

Das Tierreservoir ist noch nicht eindeutig identifiziert. Coronavirus-Isolate aus Schleichkatzen und Fledermäusen erwiesen sich mit dem SARS-Virus genetisch eng verwandt, zumal Erstere in den zuerst betroffenen chinesischen Provinzen als Delikatesse verzehrt werden. Für die Aufrechterhaltung der Epidemie ist die Infektion durch das Tier aber nicht erforderlich, da SARS-CoV effizient von Mensch zu Mensch übertragen wird.

Morphologie

Das SARS-Virus ist, wie das der Virionen anderer Coronaviren, umhüllt von pleomorpher, in der Regel sphärischer Struktur (12.060 nm). Das virale Genom (ss-RNA, Plus-Strang, ca. 29.700) bildet mit dem viralen Nukleokapsidprotein (N) ein helikales Nukleokapsid. Mit der Virushülle sind 2–4 Proteine assoziiert, das S-Protein, das sich zu trommelschlegelförmigen Oligomeren assoziiert, das M-Protein und bei verschiedenen Spezies und Serotypen (z. B. HCoV-OC43) das Hämagglutinin-Esterase-Protein (HE).

Genom

Die Virionen verfügen über ein nicht segmentiertes, einzelsträngiges RNA-Genom mit Plusstrangpolarität von ca. 29.700 kb, das monocistronisch transkribiert wird. Translatiert werden i. d. R. drei Glykoproteingene, das Gen des HE-Proteins und das des Nukleokapsidproteins. Das virale Genom besitzt am 5'-Ende eine Cap-Struktur und ist am 3'-Ende polyadenyliert. Es liegen Dutzende Sequenzen aus Patientenisolaten