

# Wissen

## Pandemien im Keim ersticken

**Überwachung gefährlicher Viren** Weltweite Alarmsysteme sollen helfen, Virus-Übertragungen von Tieren auf Menschen zu entdecken. Bei Grippeviren klappt das recht gut. Aber es gibt unzählige weitere Krankheitserreger.

Anke Fossgreen

Auch das noch. Letzte Woche berichteten chinesische Forscher über möglicherweise hochgefährliche Influenzaviren, genauer über einen neuen Stamm, der das Potenzial haben könnte, eine Grippe-Pandemie auszulösen. Also eine Pandemie, wie wir sie derzeit mit dem Coronavirus Sars-CoV-2 erleben.

Die chinesischen Tierärzte haben seit Jahren überwacht, ob sich in Zuchtschweinen neue Influenzavirus-Stämme entwickeln. Das Team nahm 30'000 Nasenabstriche bei Schweinen aus Schlachthäusern. Dabei fiel ihnen ein Virusstamm auf, der eine besorgniserregende Mischung von genetischem Material verschiedener Influenzaviren aufwies, und zwar solchen, die zuvor Vögel, Schweine oder Menschen befallen hatten.

Dieser Stamm, den sie G4 nennen, zeige alle wichtigen Voraussetzungen, die zu einem Pandemie-Virus führen können, schreiben die Wissenschaftler in der Veröffentlichung im Fachjournal «PNAS». Das Team hat zudem in Blutproben von Arbeitern aus den Schlachthöfen Antikörper gegen die neuen Influenzaviren gefunden. Demnach müssen die Erreger bereits mehrfach vom Schwein auf den Menschen übergesprungen sein.

Nun fehlten nur noch wenige Mutationen, bis das Virus in der Lage sei, sich von Mensch zu Mensch zu verbreiten, befürchten die Forscher um Jinhua Liu von der China Agricultural University in Peking. So könnte ein gefährliches Pandemie-Virus entstehen, mit dem die Menschen zuvor noch nicht in Kontakt gekommen sind.

### Noch keine Alarmglocken

Ob das tatsächlich passieren wird, weiss derzeit niemand. Für Experten ist diese Studie indes «nicht überraschend», sagt Claudia Bachofen von der Universität Zürich. Die Veterinärmedizinerin ist in der Schweiz unter anderem für die Überwachung von Schweine-Influenzaviren zuständig. «Bei Influenzaviren rechnen wir stets damit, dass ein neues Pandemie-Virus entstehen kann», sagt Bachofen. «Die Alarmglocken läuten jetzt aber noch nicht.» Bei dem neuen Stamm G4 sei zunächst die erste Stufe erreicht, sagt Bachofen. Seit dem Auftreten des neuen Stamms 2016 seien erst zwei Krankheitsfälle bei Menschen beschrieben.

Dennoch müsse der neue Virusstamm weiter beobachtet und beispielsweise im Labor gezüchtet werden. So stünden diese Viren, sobald sie sich gefährlich weiterentwickeln, schnell für die Impfstoffproduktion zur Verfügung. Der Fall aus China zeigt, wie wichtig die Kontrollen sind. Schliesslich stammen 75 Prozent der in den letzten 90 Jahren neu aufgetretenen Infektionskrankheiten von Tieren.

In der Schweiz werden Schweine seit der Schweinegrippe-Pandemie 2009 überwacht. «Wir haben bisher zehn Fälle gemeldet, bei denen ein Schweine-Influenzavirus auch Menschen



Gefährlicher Schweinetransport in Vietnam: 75 Prozent der in den letzten 90 Jahren neu aufgetretenen Infektionskrankheiten stammen von Tieren. Foto: Chau Doan (Getty Images)

infizierte», sagt Bachofen. Hierzulande werden Tiere aber nur getestet, wenn Landwirte melden, dass ihre Schweine Symptome zeigen, etwa Husten. Routinemässig fragen die Tierärzte, ob auch Personen, die in den Ställen arbeiten, krank seien.

Generell seien die Stämme von Schweine-Influenzaviren, die in der Schweiz kursieren, für Menschen vermutlich eher harmlos, hat Bachofen mit ihrem Team beobachtet. Zudem sind etwas andere Stämme im Umlauf als im restlichen Europa. Die Schweizer Schweinehaltung bilde durch kürzere Wege und strenge Auflagen für Importe von lebenden Tieren ein fast isoliertes System. «Die Diversität der Virusstämme ist darum relativ gering», sagt Bachofen.

### Die Suche nach dem Unbekannten

Es ist einfacher, etwas zu suchen, das man kennt. Influenzaviren zum Beispiel oder auch Coronaviren, von denen das Erbgut von verschiedenen Stämmen sequenziert ist. Diese Daten sind zugänglich. So können Forscher mithilfe der PCR-Methode in Proben von Tieren nach den Viren fahnden. (Die PCR-Methode wird derzeit auch in den Corona-Tests angewendet. Dabei wird in Nasen- oder Rachenabstrichen von Menschen nach dem Erbgut von Sars-CoV-2 gesucht.)

Es ist aber auch möglich, bisher unbekannte Viren aufzuspüren. Das technische Verfahren dazu heisst «Next Generation Sequen-

cing». Dabei werden aus einer Probe, einem Rachenabschnitt oder einem Blutropfen, sämtliche Erbgutsnipsel sequenziert. Das Ergebnis, also die Abfolge der Buchstaben des Erbguts, wird dann mit Datenbanken verglichen. Wenn Virus-Sequenzen darunter sind, können diese als Vorlage benutzt werden, um mithilfe einer PCR gezielt das unbekannte Virus zu finden.

Mithilfe der Next-Generation-Sequencing-Methode fanden Forscher des deutschen Friedrich-Loeffler-Instituts 2011 einen zuvor unbekanntem Erreger einer Rinderkrankheit, das Schmallenbergvirus. (af)

### Influenzaviren im Geflügel

Ein Nachteil sei, dass die Überwachung von Schweine-Influenzaviren ausser in Frankreich nicht staatlich geregelt sei, sagt Harder. Ohne private Geldgeber sei die Durchführung von Studien nicht möglich. «Das ist bei der Kontrolle der Vogel-Influen-

zaviren anders», sagt Harder. Das Monitoring der aviären Influenza sei in der EU besser geregelt. So ist beispielsweise bekannt, dass derzeit in Ungarn und Bulgarien hochpathogene Influenzaviren im Geflügel zirkulieren.

Generell würden aber die technischen Möglichkeiten eines globalen Monitorings immer besser, fügt Harder an. Beispielsweise stellen Forscher die Sequenzdaten des Erbguts von neu entdeckten Influenzaviren global zur Verfügung. Doch die Daten müssen auch richtig gedeutet werden. «Wir können noch nicht sicher aus den Sequenzen herauslesen, wie gefährlich ein Virus werden kann», sagt Harder. Beispielsweise bevorzugen Vogel-Influenzaviren Körpertemperaturen von etwa 40 Grad Celsius. Wenn diese Viren Menschen infizieren, müssen sie hingegen mit einer Umgebung von etwa 30 Grad zurechtkommen, wie sie im Nasensekret vorherrschen.

«Wir kennen zwar im Erbgut einen Schalter, der diese Anpassung an die Temperatur ermöglicht», sagt Harder. Aber die Viren haben weitere Wege gefunden, die Barrieren zum Menschen zu überwinden. Um diese Fähigkeiten im Erbgut zu entdecken, braucht es eine immense Rechenleistung, um grosse Datensätze mit Informationen über die Influenzaviren zu analysieren.

Harder würde es begrüßen, wenn generell das Monitoring von Viren weltweit besser koordiniert würde. Der Virologe kann sich jedoch nicht vorstellen, dass

es jemals möglich sein wird, rechtzeitig ganz verschiedene neue Viren zu erkennen, die vom Tier auf den Menschen überspringen könnten.

### Es gibt nur eine Gesundheit

Dennoch gibt es ambitionierte Wissenschaftler, die genau das vorhaben. William Karesh von der gemeinnützigen Organisation Eco Health Alliance in New York ist ein Vorreiter auf dem Gebiet, weltweit die Bedingungen für übertragbare Krankheiten zu erkennen, um Pandemien vorzubeugen. Er prägte den Begriff «One Health». Damit betonte der Veterinärmediziner, dass es nur eine Gesundheit gebe von Mensch und Tier. Denn alles hängt zusammen: der Zustand der Ökosysteme, der Tierschutz, die Lebensbedingungen der Menschen und damit letztlich auch die Krankheiten, die von Tieren auf Menschen übergehen können.

«Wir stehen vor einer immensen Aufgabe», sagt Karesh. Die Eco Health Alliance hat ein weltumspannendes Netzwerk in zahlreichen Ländern geschaffen, wo Freiwillige Informationen sammeln, etwa, welche Viren in Wildtieren vorkommen. In einem Projekt haben die Partner vor einigen Jahren beispielsweise nach Coronaviren gefahndet.

«Wir bitten Wissenschaftler, die sowieso Fledermäuse erforschen, zusätzlich Blutproben zu entnehmen», sagt Karesh. So sammelt seine Organisation seit 15 Jahren Daten über diese Viren. «Wir kennen 500 Coronaviren

in Fledermäusen», sagt er. Aber 500 Impfstoffe gegen jedes einzelne Virus zu entwickeln, ist nicht das Ziel. «Wir wollen lernen, wie sich Menschen infizieren und wo.»

Die Eco Health Alliance hat mit mathematischen Modellen errechnet, wo die Wahrscheinlichkeit am höchsten ist, dass künftig Viren – und zwar nicht nur Corona- oder Influenzaviren – von Tieren auf Menschen überspringen. Diese sogenannten Hotspots finden sich in Süd- und Südostasien, in Teilen von West- und Zentralafrika sowie in Lateinamerika.

«Diese Regionen machen uns Sorgen», sagt Karesh. Dort wächst die Bevölkerung und benötigt mehr Platz, und sie lebt eng mit Wild- und Haustieren zusammen. Das sind die Orte, wo Präventionsstrategien am effektivsten sind. Zentral ist dabei die Aufklärung der Bevölkerung, woher die Viren kommen und wie sie sich durch Hygiene schützen kann: «Händewaschen, Maskentragen», sagt Karesh. Es seien aber auch Innovationen gefragt. Karesh denkt zum Beispiel an einfache und günstige Kühlsysteme, sodass die Menschen nicht mehr lebende Tiere auf den Märkten verkaufen müssten, von denen Viren übertragen werden können.

«Wie die Klimaerwärmung ist auch die Bedrohung durch neue Pandemien ein globales Problem, das wir gemeinsam angehen müssen – mit kreativen Ideen und neuen Technologien», sagt Karesh.