



## Viren-Radar für Grippeforscher

Schon morgen könnte die nächste große Grippe-Epidemie mit Millionen Toten ausbrechen. Die Medizin braucht ein Frühwarnsystem, um diese Gefahr rechtzeitig zu erkennen. Ein weltumspannendes Forschungsprojekt soll dafür die Grundlage legen. Saarbrücker Forscher sind dabei.

Von SZ-Redakteur Peter Bylda

**Saarbrücken.** Wenn vom Massensterben im Ersten Weltkrieg die Rede ist, denken die meisten Menschen an Schützengräben, Dauerbeschuss und Giftgas. 17 Millionen Soldaten und Zivilisten verloren zwischen 1914 und 1918 ihr Leben. Doch die Zahl der Menschen, die auf einem anderen Schlachtfeld binnen weniger Wochen des Jahres 1918 starben, war weit höher. Ihren Feind bekamen sie nie zu Gesicht. Es war das Grippevirus. Die Zahl der Opfer der sogenannten Spanischen Grippe wurde in den Kriegswirren nie

genau ermittelt. Das Robert-Koch-Institut beziffert sie heute mit weltweit 40 Millionen. Die US-Infanterie verlor ebenso viele Soldaten durch Grippe wie im Kampf.

Und doch hätte alles noch viel schlimmer kommen können. "Die Spanische Grippe war zwar extrem infektiös, aber für die meisten Patienten zum Glück kein lebensgefährliches Risiko", resümiert Professor Dr. Thomas Lengauer vom Saarbrücker Max-Planck-Institut für Informatik. "Nur" fünf Prozent der Infizierten starben. Da war die Vogelgrippe 2005 viel gefährlicher. Sie tötete jeden zweiten Patienten. Zum Glück ist dieser Erreger jedoch nicht sehr infektiös. Er kann sich von Mensch zu Mensch kaum verbreiten. "Doch jetzt stellen Sie sich ein Virus vor, so infektiös wie die Spanische und so tödlich wie die Vogelgrippe." Genau dies ist das Horrorszenario der Grippeforscher. Laut Statistik könnte es morgen Realität werden, denn etwa alle vier Jahrzehnte tritt diese gefährliche Kombination auf. Die letzte weltumspannende Grippewelle (Hongkong-Grippe, 1968) liegt über 40 Jahre zurück.

Das internationale Forschungsprojekt GISAID ("Global Initiative on Sharing All Influenza Data"), an dem das Max-Planck-Institut für Informatik beteiligt ist, könnte in Zukunft erstmals eine solche Risikovorhersage ermöglichen.

Bisher ist die Medizin auf ein Killer-Virus wie das der Spanischen Grippe schlecht vorbereitet. Denn noch immer bestimmt das Virus das Gesetz des Handelns; das hat zuletzt die Schweinegrippe 2009 gezeigt. Grippeviren legen eine unheimliche Wandlungsfähigkeit an den Tag. Ihr Genom besteht aus acht Segmenten, die sich stetig ändern, sie können außerdem bei Doppelinfektionen Teile ihres Erbguts austauschen. So testen sie jedes Jahr aufs Neue die Schwächen des menschlichen Immunsystems.

In der Gesamtschau kommt der Saarbrücker Bioinformatiker zu einem für die Grippeforschung ernüchternden Ergebnis: "Beim Aids-Erreger HIV ist die Forschung bereits wesentlich weiter." Daran hat das Max-Planck-Institut für Informatik großen Anteil. Seine Bioinformatiker haben ein preisgekröntes Internet-Programm entwickelt, das hilft, Medikamentencocktails auf die Mutationen des Aids-Erregers im Körper eines Patienten einzustellen. Die geno2pheno-Software arbeitet mit einer großen Datenbank, in der Gen-Profile der HI-Viren und deren Reaktionen auf die Medikamente verzeichnet sind. Nach dem Vorbild dieser Datenbank soll nun eine ähnliche Anwendung für die Grippeforschung am Max-Planck-Institut aufgebaut werden.

Im Projekt GISAID werden Grippe-Daten aus aller Welt zusammengeführt.

Das Virus-Wiki soll "langfristig zu einer Datenbank ausgebaut werden, die dieselbe Art von Forschung ermöglicht, die heute bei HIV möglich ist", so Lengauer. Dass dafür bei Grippe bisher weltweit "keine ausreichenden Daten" zur Verfügung stehen, liegt auch daran, dass Gen-Daten von Viren in der Regel von Forschern der Dritten Welt gesammelt werden, bisher aber vor allem in den frei zugänglichen Datenbanken der Industriestaaten veröffentlicht wurden. Weil die Urheber der Virus-Daten dabei an der folgenden wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Auswertung ihrer Arbeit keinen Anteil haben, kam der Austausch in der zweiten Hälfte der 1990er Jahre praktisch zum Erliegen, so

Lengauer. Die GISAID-Datenbank habe auch die Aufgabe, diese Blockade zu lösen und sicherzustellen, dass die Forscher an der Auswertung ihres Wissens beteiligt bleiben.

Im GISAID-Projekt sollen außer genetischen Informationen zu Grippe-Erregern zusätzliche Labordaten und Erkenntnisse über die biologischen Eigenschaften der Viren gesammelt werden. Sie können unter anderem für Simulationen zur Ausbreitung und möglichen genetischen Weiterentwicklung eines Virus genutzt werden, so Thomas Lengauer. Dabei wird es zum Beispiel um diese Fragen gehen: Kann sich ein Grippeerreger zu einem möglichen Killer-Virus weiterentwickeln? Wie weit ist das Erbgut des aktuellen Erregers von einer solchen Veränderung entfernt? Und wie viel Zeit würde darüber möglicherweise verstreichen?

Noch gibt es keine Antworten auf diese Fragen, "aber wir sind jetzt auf einem guten Weg", so Thomas Lengauer. Die Weltgesundheitsorganisation nutzt die GISAID-Daten bereits zur Bestimmung der Virusstämme für die weltweite Impfstoffproduktion. *"Beim Aids-Erreger ist die Forschung wesentlich weiter."*

*Prof. Thomas Lengauer*