

1 Einleitung

Eines der größten Probleme, dem die moderne Transplantationsmedizin gegenübersteht, ist der massive Mangel an zur Verfügung stehenden Spenderorganen. Die Schere zwischen benötigten und verfügbaren Organen klafft immer weiter auseinander, was dazu führt, dass immer mehr Patienten versterben, während sie auf ein Organ warten. Als einer der viel versprechendsten Lösungsansätze für dieses Problem gilt die Xenotransplantation, bei der dem Patienten keine Zellen, Gewebe oder Organe eines Menschen, sondern die einer anderen Spezies eingepflanzt werden (*xénos* = fremd). Aus verschiedenen Gründen wird hierfür zurzeit das Miniaturschwein favorisiert.

Bevor die Xenotransplantation aber klinische Routine werden kann, ist es eine essenzielle Forderung an die Wissenschaft, die damit einhergehenden Risiken zu evaluieren. Schon in der Allotransplantation, also der Transplantation von Mensch zu Mensch, können Pathogene, die mit dem Transplantat übertragen werden, zu erheblichen Komplikationen bis hin zum Tod des Patienten führen; im Rahmen einer Xenotransplantation sind die Folgen einer solchen Infektion bislang nicht abschätzbar. Es ist deshalb dringend erforderlich, nicht nur die bereits bekannten porcinen Pathogene auf das Genaueste zu charakterisieren und aus den Donorherden zu eliminieren, sondern auch zu versuchen, bislang unbekannte Spezies zu identifizieren, um sie den routinemäßigen Screeningverfahren zugänglich zu machen, mit denen dann nicht nur die zum Einsatz kommenden Schweine, sondern nach erfolgter Transplantation auch die Organrezipienten untersucht werden können. Dabei richtet sich die Aufmerksamkeit vor allem auf Viren, da zur Bekämpfung von Bakterien, Pilzen und Parasiten potente Arzneimittel zur Verfügung stehen und diese Erreger durch SPF-Zuchtbedingungen verhältnismäßig leicht aus einer Herde zu eliminieren sind. Eine der Virusfamilien, die in diesem Zusammenhang als besonders problematisch betrachtet wird, ist die Familie der *Herpesviridae*. Diese Viren weisen in der Regel eine hohe Prävalenz in der Population auf und könnten durch ihre Fähigkeit, nach einer Infektion im Wirt zu persistieren, übertragen werden. Einige Herpesvirus-Spezies des Menschen sind darüber hinaus in der Allotransplantation gefürchtet, da sie hierbei – begünstigt durch die starke Immunsuppression des Patienten – eine erhebliche Pathogenität aufweisen können. Ferner ist bekannt, dass viele Herpesviren sehr gut an ihre Hauptwirte adaptiert und in diesen völlig apathogen sind, bei

Infektion eines neuen Wirtes, den der Xenotransplantat-Empfänger darstellen würde, aber schwere Erkrankungen hervorrufen können. Eine genaue Kenntnis aller porcinen Herpesviren ist deshalb im Rahmen der Xenotransplantation unverzichtbar.

In der vorliegenden Arbeit sollte versucht werden, mit Hilfe einer Pan-Herpes-PCR (Consensus-PCR) bislang unbekannte Vertreter der Familie der *Herpesviridae* beim Schwein zu detektieren. Um zu verhindern, dass in den zu untersuchenden Proben die bereits bekannten Herpesviren des Schweins amplifiziert werden und somit ein eventuell vorhandenes unbekanntes Virus maskiert würde, sollte das Consensus-PCR-System so modifiziert werden, dass eine Amplifikation der bekannten und hochprävalenten porcinen Viren unterbleibt. Sollte es gelingen, auf diese Weise eine neue Virusspezies aufzuspüren, so sollte durch die Erweiterung der Sequenzinformation eine erste Charakterisierung ermöglicht werden. Des Weiteren sollte versucht werden, die erst kürzlich entdeckten Porcinen Lymphotropen Herpesviren Typ 1 und Typ 2 sowie die eventuell neu entdeckte(n) Spezies in Zellkultur anzuzüchten, um sie einer weiteren virologischen Untersuchung und damit einer genaueren Charakterisierung zugänglich zu machen.