

Robert Koch-Institut

Mitteilungen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit

Bei der 30. Sitzung des Arbeitskreises Blut am 16. September 1998 wurde folgendes Votum (V 20) verabschiedet.

Testung von Blutspenden auf Hepatitis-C-Virus mit Nukleinsäure-Nachweis-Techniken

Die Gefahr einer Übertragung von Hepatitis C-Viren durch Blutkomponenten und Plasma-

derivate kann durch Aussondern von Spenden gesenkt werden, in denen sich HCV-Nukleinsäure mit einem entsprechend empfindlichen Test nachweisen läßt.

Die vom Paul-Ehrlich-Institut zum 1. April 1999 angeordnete Testung auf HCV-Nukleinsäure vor der Freigabe von Erythrozyten- und Thrombozytenkonzentraten ist daher eine medizinische Notwendigkeit und liegt im öffentlichen Interesse.

Die im Zusammenhang mit patentrechtlichen Fragen aktuell bestehenden Probleme dürfen diesem Sicherheitsanspruch nicht entgegenstehen.

Für den Arbeitskreis Blut:

Prof. Dr. R. Burger, Vorsitzender
Prof. Dr. R. Kroczeck, Geschäftsführer

Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit

Der Arbeitskreis Blut des Bundesministeriums für Gesundheit gibt als nationales Beratungsgremium Stellungnahmen zu neuartigen Erregern ab, bewertet neue Erkenntnisse zu bekannten Erregern und erarbeitet entsprechende Empfehlungen für die Fachöffentlich-

keit. Diese Serie von Stellungnahmen zu einzelnen Erregern werden als Zusammenfassung des aktuellen Wissensstandes veröffentlicht, speziell unter transfusionsmedizinisch relevanten Aspekten (Bundesgesundhbl. 41, 2 (1998) 53).

Frühere Beiträge befaßten sich mit der Creutzfeldt-Jakob-Erkrankung, dem Parvovirus B19 und dem GB-Virus Typ C (Hepatitis-G-Virus). (Bundesgesundhbl. 41, 2 (1998) 78-90).

Humane T-Zell lymphotrope Viren Typ 1 und 2 (HTLV-I/-II)

1 Wissensstand über den Erreger

1.1 Erreger-eigenschaften

Die Familie der Retroviren wird in sieben Gruppen eingeteilt [1]. Die humanen T-Zell-Leukämieviren Typ 1 und Typ 2 (HTLV-I/-II) werden zusammen mit dem bovinen Leukämievirus (BLV) und den Affen-T-Zell-Leukämieviren (STLV) in der Gruppe HTLV-BLV zusammengefaßt. Das Genom der Retroviren besteht aus einer linearen Einzelstrang-RNA (vRNA) mit einer Länge von 7200 bis 10 000 Basen. Zwei identische Kopien liegen pro Viruspartikel vor. Die vRNA ist vom Nukleokapsidprotein (NC) umhüllt und vom Core (CA) umschlossen. Im Innenkörper des Retroviruspartikels findet man drei viruskodierte Enzymaktivitäten: die virale Protease (PR), die Reverse Transkriptase (RT) und die Integrase (IN). Die Retroviren erwerben ihre Lipidhülle während des Reifungsprozesses an zellulären Membranen (Budding). Das Transmembranprotein (TM) dient als Anker für das Ober-

flächenprotein (SU). Unterhalb der Lipidmembran liegt das Matrix-Protein (MA).

Das Genom vermehrfähiger Retroviren kodiert für drei Gene: *gag* für die inneren Strukturproteine (Gag, gruppenspezifische Antigene), *env* für die Hüllproteine (Env, Envelope Proteine) und *pol* für die viralen Enzyme (Pol, Polymerase). Die Gene kodieren für jeweils ein Vorläuferprotein, die posttranskriptional in die funktionellen Proteine prozessiert werden. Die Vorläufer für die Gag- und Pol-Proteine werden dabei von der viralen und der Glykoproteinvorläufer durch eine zelluläre Protease vom Typ einer Furin-Protease in die Endprodukte enzymatisch gespalten.

Die Adsorption der Virionen erfolgt über spezifische Zellmembranrezeptoren mit Hilfe des Oberflächenglykoproteins, gefolgt von der Aufnahme in die Zelle (Penetration). Die RT schreibt die virale RNA in doppelsträngige DNA um, die als sogenanntes Provirus (provi-

rale DNA) mit Hilfe der Integrase in das Wirtszellgenom kovalent integriert wird. Rechts und links der kodierenden Sequenzen begrenzen LTR-Sequenzen (*long terminal repeats*) das Genom, welche die in cis-wirkenden regulatorischen Elemente für eine effiziente Regulation der Virusvermehrung enthalten (Übers. 1).

Nach der Infektion können Proviren in den Zellen über lange Zeit integriert vorliegen, ohne daß eine Synthese von viralen Bestandteilen erfolgt. Nach Aktivierung der Zellen wird die Synthese von Virusbestandteilen und damit die Vermehrung von HTLV induziert. Das provirale DNA-Genom wird von zell-eigenen Enzymen (DNA-abhängigen RNA-Polymerasen) in mRNA und vRNA überscribed. Die mRNA dient als Matrice für die Synthese der viralen Strukturproteine und Enzyme sowie für die viralen Regulationsproteine. Für die Synthese der verschiedenen viralen Proteine werden spezifische mRNA verwendet, die durch Prozessierung (Splicing)