


**PRESSEMITTEILUNGEN**

Suchfunktion

[Aktuelle Pressemitteilungen](#)[Archiv 2002](#)[Archiv 2001](#)[Archiv 2000](#)[Archiv 1999](#)[Archiv 1998](#)
[Willkommen](#) > [Aktuelles](#) > [Pressemitteilungen](#) > [Ausgewählte Pressemitteilung](#)

14. Mai 2003

**Entwicklung eines Medikaments gegen SARS**

- **Lübecker und Würzburger Forscher klären Strukturen eines Corona-Virus-Enzyms auf**

Seit Ende März weiß man, dass das „Schwere Akute Respiratorische Syndrom“ (SARS) durch ein neues Corona-Virus hervorgerufen wird. Prof. Dr. Rolf Hilgenfeld, Direktor des Instituts für Biochemie der Universität zu Lübeck, und Prof. Dr. John Ziebuhr vom Institut für Virologie der Universität Würzburg untersuchen schon seit einigen Jahren wichtige Bestandteile von Corona-Viren. Sie haben sich dabei auf die Vertreter dieser Virusfamilie konzentriert, die bei Schweinen zu schweren Durchfällen führen (Transmissible Gastroenteritis Virus, TGEV) bzw. beim Menschen zu harmlosen Erkältungen (Human Corona Virus, 229E). Jetzt hat die indische Wissenschaftlerin Kanchan Anand im Labor von Hilgenfeld die humane Corona-Virus-Proteinase kristallisiert und ihre dreidimensionale Struktur durch Röntgenstrukturanalyse aufgeklärt.

Dieses Enzym ist verantwortlich für die Herstellung neuer Viruspartikel in infizierten menschlichen Zellen und damit für die weitere Verbreitung der Infektion im Körper. Die Forscher haben durch Vergleich der Aminosäuresequenzen und biochemische Experimente festgestellt, dass die Struktur des entsprechenden Enzyms aus dem neuen SARS-Corona-Virus sehr ähnlich zu dem aus Schweine-Corona-Virus und dem menschlichen Corona-Virus 229E ist. Wegen seiner entscheidenden Rolle bei der Virusvermehrung bildet es einen guten Angriffspunkt für Medikamente gegen SARS.

Wie ein solches Medikament gegen SARS aussehen könnte, haben Hilgenfeld und Mitarbeiter auch bereits herausgefunden: Sie entwarfen einen Hemmstoff der Corona-Virus-Proteinase am Computer, synthetisierten ihn chemisch und ließen ihn in die Kristalle des Enzyms hineindiffundieren. Dort markierte er das so genannte aktive Zentrum der Proteinase und hemmte deren Aktivität. Leider ist dieser Hemmstoff toxisch und kann damit nicht zum Medikament weiterentwickelt werden.

Bei der Analyse der Kristallstrukturen fanden die Wissenschaftler aber, dass die



beobachtete Art der Bindung der eines Hemmstoffes für ein ganz anderes Virus, das menschliche Schnupfenvirus (Rhino-Virus), ähnelt. Dieses als AG7088 bezeichnete Medikament ist in den USA bereits in der klinischen Erprobung für die Behandlung einfacher Erkältungskrankheiten. Aus den Strukturvergleichen wird deutlich, dass AG7088 kein idealer Hemmstoff für die SARS-Corona-Virus-Proteinase ist, dass es aber durch kleine chemische Modifikationen dazu werden kann. Dieser Prozess kann in einigen Monaten zum Ziel führen, aber dennoch wird es noch mehrere Jahre dauern, bis aus einem Hemmstoff nach Toxizitätsprüfung und chemischer Erprobung ein Anti-SARS-Azneimittel werden kann.



Prof. Dr. rer. nat. Rolf Hilgenfeld, Direktor des Instituts für Biochemie der Universität zu Lübeck

SARS breitet sich weltweit weiter aus. Inzwischen sind mehr als 7000 Menschen in 22 Ländern an der schweren Pneumonie erkrankt und über 500 bereits verstorben. Besonders betroffen sind China und Taiwan, aber auch die kanadische Wirtschaftsmetropole Toronto.

Die ersten SARS-Fälle wurden im November 2002 in Süd-China registriert. Von dort suchte sich der Erreger seinen Weg über Hongkong nach Singapur, Vietnam, Taiwan und Kanada. Europa blieb bisher weitgehend verschont; allerdings wurde die Krankheit bereits im März bei Transitreisenden am Frankfurter Flughafen festgestellt. Seit dem Wochenende hat Finnland seinen ersten Fall.

— [Zurück zum Seitenanfang](#)

© 2002 [Universität zu Lübeck](#)

[Suche](#) | [Univis](#) | [Intern](#)

[Sitemap](#) | [Links](#) | [Impressum](#) | [Kon](#)