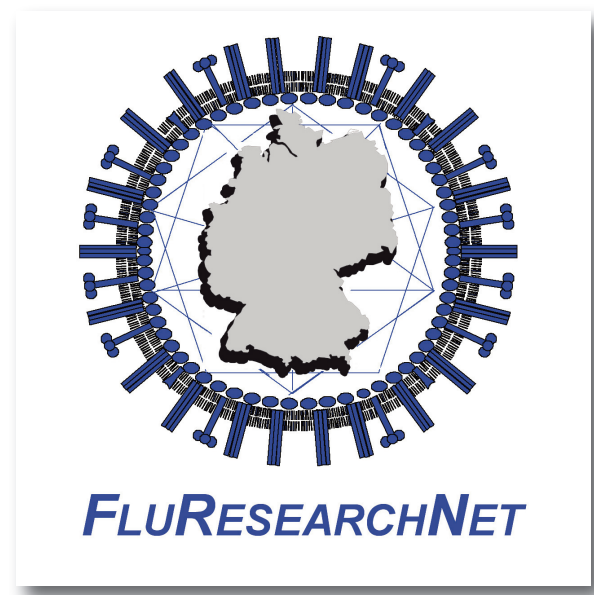


FLURESEARCHNET: Pathogenität und Speziestransmission von Influenza A-Viren

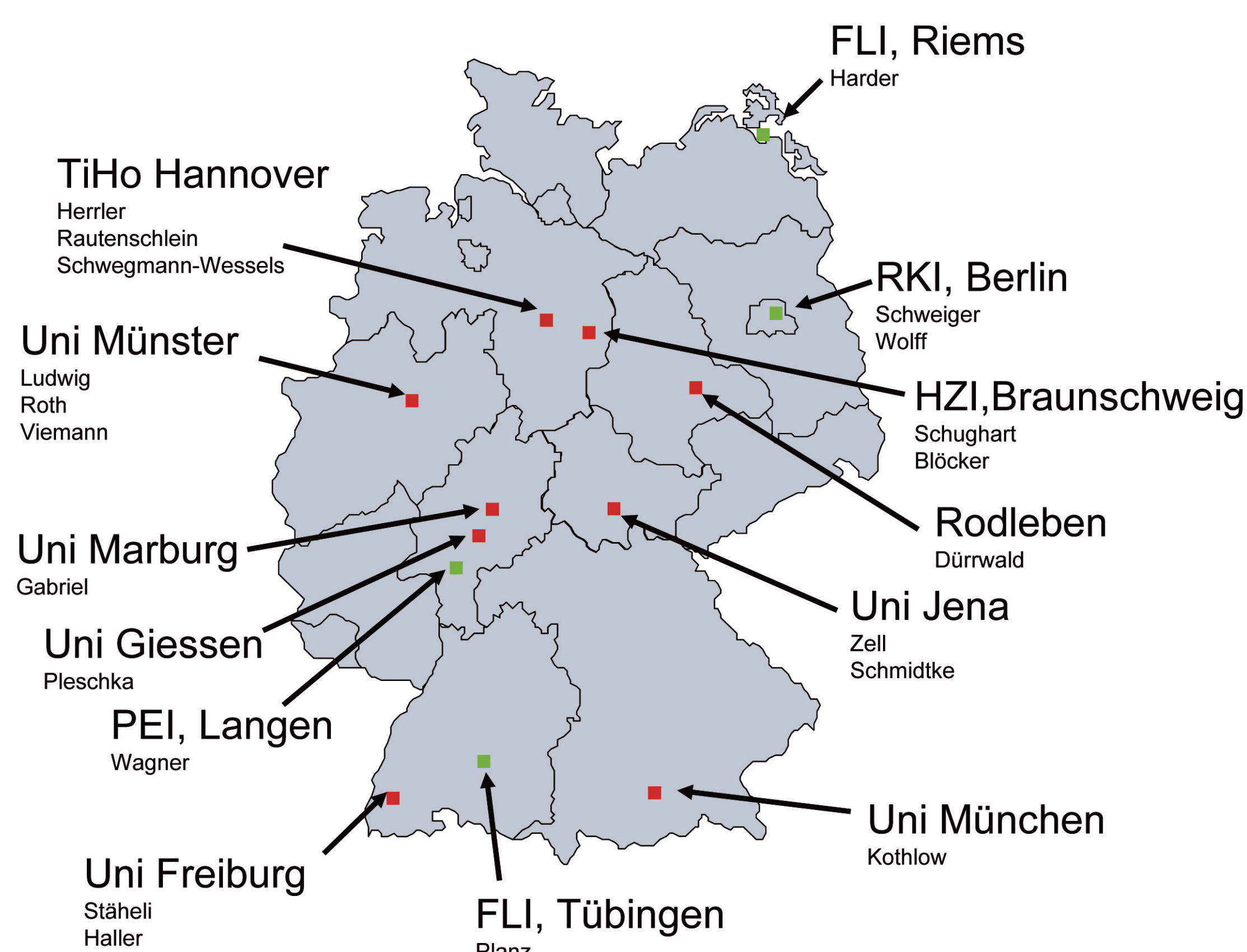


Die Influenza gehört nach wie vor zu den großen Seuchen der Menschheit. Influenza A-Viren können nicht nur den Menschen, sondern auch eine Vielzahl von Tierspezies infizieren. Für diese Pathogene findet man ein riesiges natürliches Reservoir in wildlebenden Wasservögeln. Dieses liefert immer wieder virale Gene oder ganze Genome, die das Entstehen von Virusstämmen befördern, die hochgefährlich für Mensch und Tier sind. Dies macht die Influenza zu einer nicht ausrottbaren Zoonose mit pandemischem Potential.

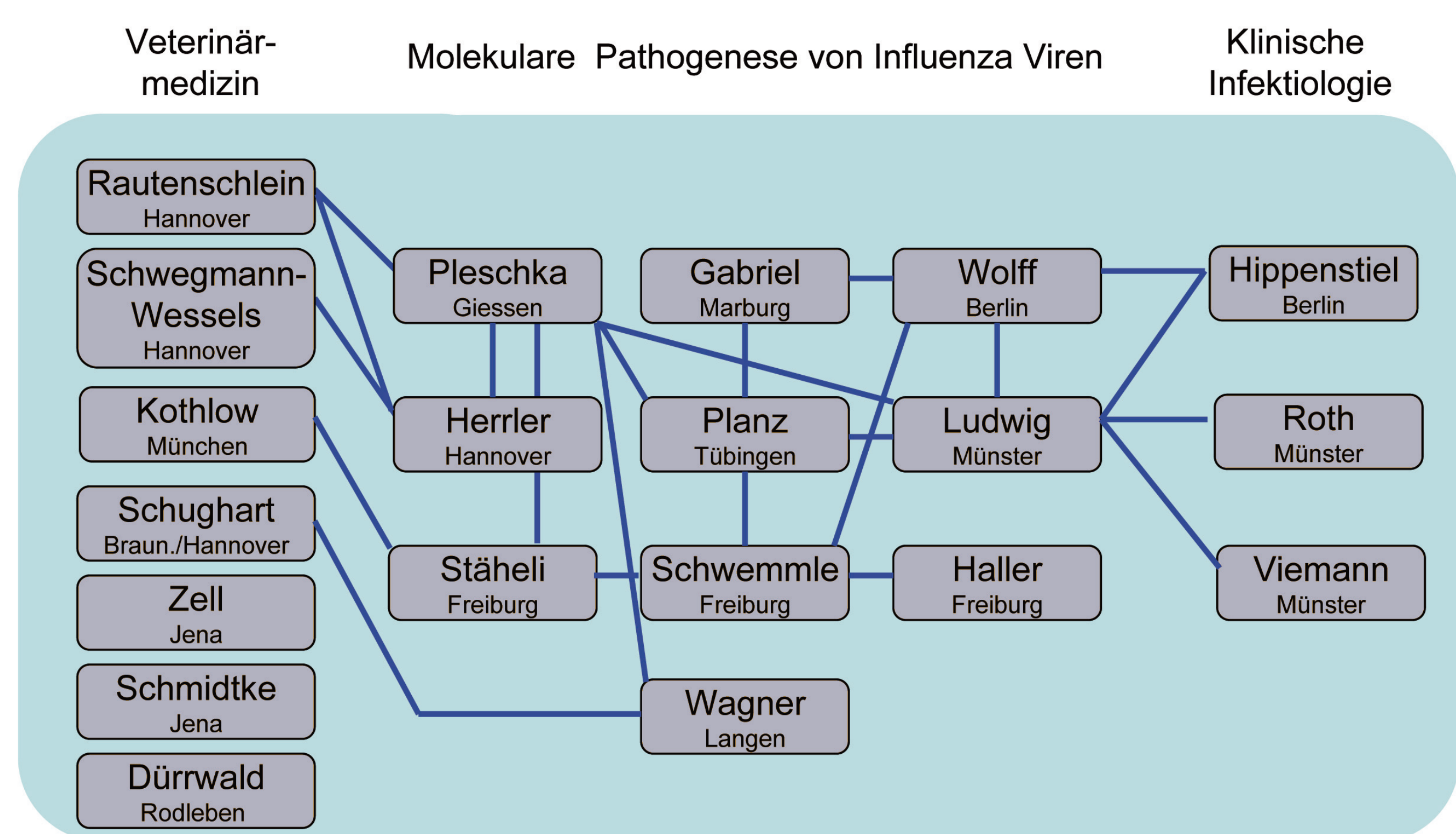
82

Bislang ist noch weitgehend unbekannt, welche Faktoren und Mechanismen auf viraler und zellulärer Ebene die Fähigkeit eines Virusstammes determinieren, den Menschen zu infizieren und sich in der menschlichen Population auszubreiten. Im Forschungsverbund FLURESEARCHNET werden erstmals alle relevanten Expertisen in Deutschland zusammengefasst, um in einem breiten und interdisziplinären Ansatz die molekularen Determinanten der Pathogenität und des Speziesübertritts von Influenza A-Viren aufzudecken. Neben der gesammelten Kernkompe-

tenz der Influenza-Virologie in Deutschland vereinigt das FLURESEARCHNET weitere Experten aus Grundlagenforschung, klinischer Virologie und Veterinärmedizin. Assoziiert an dieses Konsortium sind weitere Labors aus der Schweiz und den USA, die die Kompetenz des Netzwerks durch besondere Tiermodelle, Techniken und Fragestellungen ideal ergänzen. Darüber hinaus ist das FluResearchNet mit den Aktivitäten der Bundesinstitute und Referenzzentren am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Robert Koch-Institut (RKI) und Paul Ehrlich Institut im Rahmen des BMBF-Sofortprogramms „Influenza“ eng vernetzt.



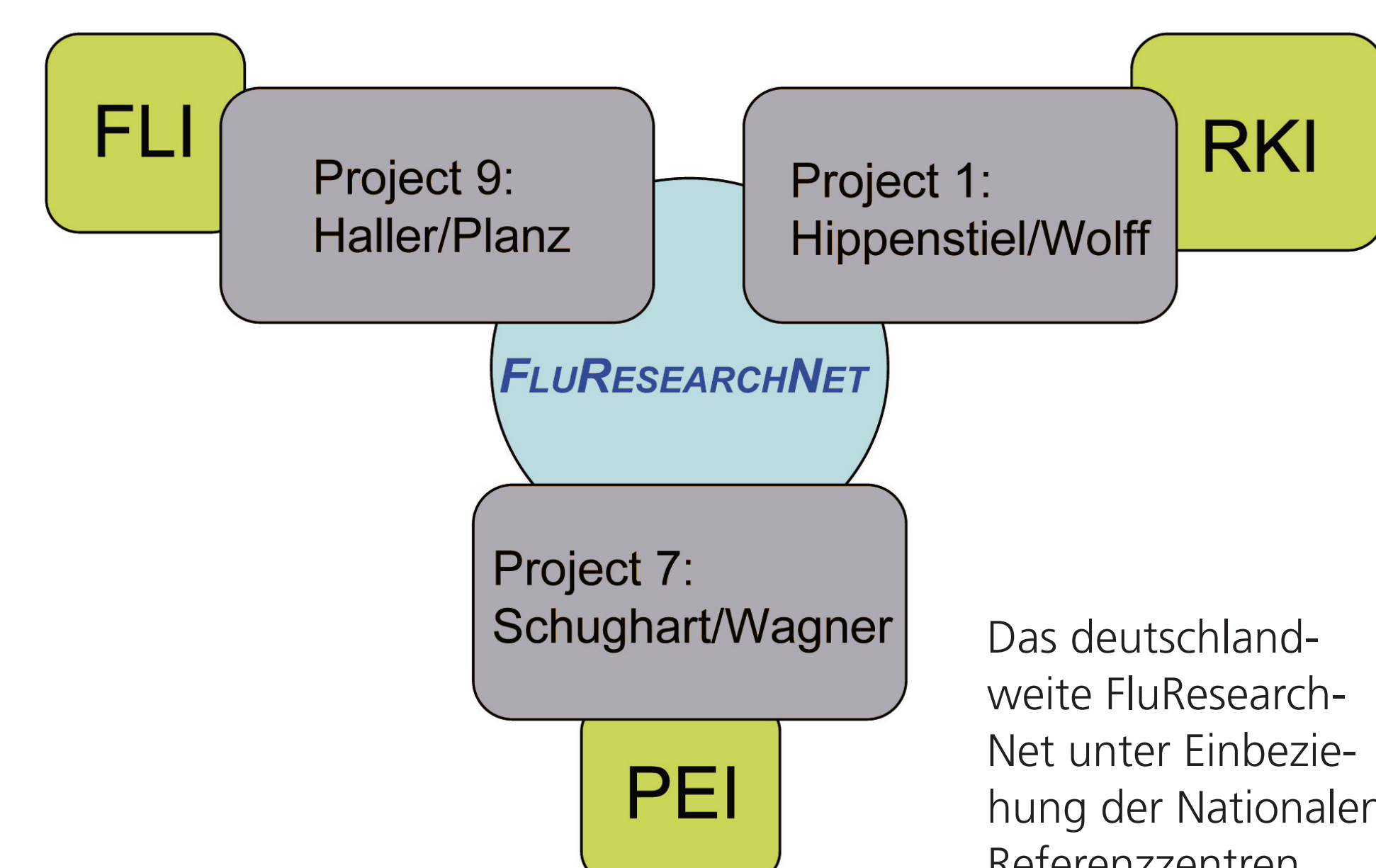
Das deutschlandweite FluResearchNet unter Einbeziehung der Nationalen Referenzzentren.



FluResearchNet-Konsortium: Bündelung der nationalen Kompetenzen und Ressourcen

Die Projekte des FLURESEARCHNET bauen auf der Hypothese auf, dass die Suszeptibilität für eine Infektion und die Schwere eines Infektionsverlaufs von einem multifaktoriellen dynamischen Wechselspiel zwischen den viralen Erregern und den komplexen zellulären Antworten in den verschiedenen Wirtsspezies abhängig ist. Inhaltlich fokussieren die Arbeiten des FLURESEARCHNET daher auf die Erkennung und Charakterisierung der molekularen viralen und zellulären Signaturen, wel-

che die Pathogenität und den Trans-Spezies Übertritt von Influenza Viren determinieren. Die verschiedenen Projekte des Verbundes lassen sich in vier überlappende Bereiche einteilen und befassen sich mit den zelltypspezifischen Antworten, den viralen Determinanten, zellulären Interaktionen und genetischen Faktoren, der Rolle der Typ I Interferon Abwehr sowie mit der besonderen Rolle der Wirtsspezies Schwein für das Entstehen neuer pandemischer Stämme.



Das deutschlandweite FluResearchNet unter Einbeziehung der Nationalen Referenzzentren.