

Tropen- und Reisemedizin: Molekularbiologische Fortschritte – und sich ausbreitende Infektionen ...

Kurt Markwalder

Die Medien haben anfangs Oktober in nicht zu übersehenden Beiträgen darüber berichtet: Die Entschlüsselung der Genome von *Plasmodium falciparum* [1] und des wichtigen Malariaüberträgers *Anopheles gambiae* [2] wecken Hoffnungen hinsichtlich wirksamer Kontrollmöglichkeiten der vielerorts im Vormarsch begriffenen Malaria.

Trotz hohem Respekt vor diesen Resultaten jahrelanger molekularbiologischer Forschung dürfte es bis zur Umsetzung der neuen Erkenntnisse, der Entwicklung neuer Werkzeuge zum Erreichen des prioritären Zieles – Senkung der unvermindert hohen Malariasterblichkeit in den Endemiegebieten – noch Jahre dauern. Es besteht durchaus das Risiko, dass bis zu diesem Zeitpunkt die Malariaendemiegebiete eine weitere geographische Ausbreitung erfahren könnten – neben einer Zunahme der Inzidenz schwerer Infektionen mit steigender Mortalität in Gebieten mit vormals geringem Transmissionsrisiko.

Man ist heute gern geneigt, eine derartige epidemiologische Entwicklung pauschalisierend der generellen Klimaerwärmung zuzuschreiben. Eine Publikation in *Nature* zeigt allerdings auf, dass diese Sicht unzulässig vereinfachend ist, indem nachgewiesen wird, dass die unbestrittene Zunahme der Malaria in den höhergelegenen Gebieten Ostafrikas ohne signifikante klimatische Veränderungen von 1911–1995 eingetreten ist und demographischen Veränderungen sowie der Selektion resistenter Plasmodien-Stämme möglicherweise die grössere Bedeutung zukommt [3].

Vormarsch von Dengue – auch ins Bewusstsein der Schweizer Ärzte ...

Am Institut für klinische Mikrobiologie und Immunologie (IKMI) St. Gallen wurden 1997 145 Seren bezüglich Antikörper gegen Dengue-Viren untersucht, 45 ergaben ein positives Resultat. In den ersten 9 Monaten des Jahres 2002 wurde diese Untersuchung bereits 283mal verordnet, und 83mal fiel das Testresultat positiv

aus. Bei einem etwa unveränderten prozentualen Anteil der nachgewiesenen Infekte deutet die absolute Zunahme der positiven Resultate auf eine Zunahme der importierten Fälle, während die grössere Zahl der Verordnungen zeigt, dass diese Erkrankung vermehrt ins Bewusstsein der Ärzte gerückt sein dürfte.

Man mag einwenden, dass diese Beobachtung am Kollektiv der Tropenrückkehrer in die Schweiz dadurch erklärbar sei, dass in früheren Jahren mehr Dengue-Infektionen verpasst wurden – welche sich bei uns mehrheitlich als virale Infektionen mit zwar oft heftigen, aber doch letztlich grippeartigen Symptomen ohne Erkältungszeichen und komplikationsloser spontaner Genesung präsentieren.

Andererseits widerspiegelt sich darin aber zweifellos auch der erhebliche Anstieg der Dengue-Inzidenz in Lateinamerika und in Südost-Asien. Als das bedeutendste virale hämorrhagische Fieber im Guinness-Buch der Rekorde 2002 verzeichnet, sind dessen wachsende Auswirkungen auf die betroffene Bevölkerung auch die Basis für diesbezüglich animierte Forschungsaktivitäten [4].

Am eindrücklichsten waren im Jahr 2002 die Epidemien in Brasilien, El Salvador, Honduras und Ecuador, wobei – für den Touristen bedeutsam – nicht abgelegene und selten bereiste Provinzen, sondern Grossstadtgebiete und beliebte Reiseziele besonders beziehungsweise – im Falle der Galapagosinseln – erstmals betroffen waren. Im ersten Quartal 2002 meldeten die brasilianischen Gesundheitsbehörden fast 318 000 Fälle, wovon 95 500 allein in Rio de Janeiro.

Dies wiederum reflektiert die epidemiologischen Hintergründe solcher Ausbrüche [5].

Die Verbreitung des wichtigsten Dengue-Virusübertragenden Vektors, *Aedes aegypti*, und des Virus selbst folgen einer mit Bevölkerungswachstum und Migration verbundenen unkontrollierten Urbanisation, welche in den Randgebieten der grossen Städte die Entstehung von Armenvierteln mit inadäquater Wasserversorgung und Abfallentsorgung zur Folge hat. In diesen finden die Vektoren ein für sie paradiesisches Angebot von Brutplätzen.

So wie sich bereits im 18. und 19. Jahrhundert

Korrespondenz:
Dr. med. Kurt Markwalder
Rämistrasse 3
CH-8001 Zürich

tropi.mark.zh@bluewin.ch

Abbildung 1.
Kind mit hämorrhagischem
Dengue-Fieber in Kambodscha
(Foto des Autors).



die Ausbreitung von Aedes und Dengue auf den Spuren eines wachsenden weltweiten Schiffsverkehrs verfolgen liess, profitieren auch heute Vektoren und Erreger gleichermaßen vom dichten Netz rascher Transportverbindungen. In diesem Zusammenhang sei an eine Studie aus dem Jahre 1987 erinnert, in welcher sich nachweisen liess, dass Mücken die Flugreise auf über 11 000 m ü.M. in den Fahrwerksschächten von Jumbojets zwischen Südostasien und Australien unbeschadet überstehen konnten.

Durch die Vermischung von Endemiegebieten der vier klassischen Dengue-Serotypen wird überdies das Risiko genetischer Veränderungen der Viren begünstigt – mit dem Resultat von Virusgenotypen von erhöhter Virulenz und Epidemiepotenzial. Zudem steigt die Wahrscheinlichkeit konsekutiver Infektionen mit verschiedenen Serotypen – einem anerkannten Risikofaktor für die Entwicklung der hämor-

rhagischen Form des Dengue-Fiebers (DHF). Die Komplexität der diesbezüglich pathogenetisch bedeutsamen Interaktionen von Antikörpern gegen einen Serotyp mit Antigenen genetisch unterschiedlicher Viren lässt die Schwierigkeiten auf dem Weg zur Entwicklung einer protektiven Impfung erahnen.

Die Konsequenzen des DHF beziehungsweise Dengue-Schock-Syndroms (DSS) treffen vor allem die kindliche Bevölkerung der Endemie- und Epidemiegebiete schwer. Reisende aus nicht-endemischen Gebieten werden vorderhand weitgehend unkomplizierte Dengue-Infektionsverläufe präsentieren – es ist aber durchaus vorstellbar, dass sich mit zunehmender Verbreitung auch das DHF/DSS im Kollektiv unserer Tropenrückkehrer-Patienten etablieren können.

Verdankung: Dr. Detlev Schultze, IKMI St. Gallen, danke ich herzlich für die Überlassung der erwähnten Daten.

Literatur

- Gardner MJ, Hall N, Fung E, White O, Berriman M, et al. Genome sequence of the human malaria parasite *Plasmodium falciparum*. *Nature* 2002; 419:498–511.
- Holt RA, Subramanian GM, Halpern A, Sutton GG, Charlab R, et al. The genome sequence of the malaria mosquito *Anopheles gambiae*. *Science* 2002;298:129–49.
- Hay SI, Cox J, Rogers DJ, Randolphs SE, Stern DI, Shanks GD, Myers MF, Snow RW. Climate change and resurgence of malaria in the East African highlands. *Nature* 2002;415:905–9.
- Halstead SB. Dengue. *Curr Opin Infect Dis* 2002;15:471–76.
- Gubler DJ. Epidemic dengue/dengue hemorrhagic fever as a public health, social and economic problem in the 21st century. *TRENDS in Microbiol* 2002;10:100–3.