

Coronavirus: Modell kann Evolution neuer Covid-Varianten voraussagen

Informationen über die Entwicklung des Virus können helfen, gezielt Impfstoffe zu entwickeln / Publikation im Fachjournal „Cell“

Ein internationales Forschungsteam der Universität zu Köln und der Icahn School of Medicine, Mount Sinai (New York) hat ein Modell entwickelt, das die wahrscheinliche Evolution von Varianten des SARS-CoV-2-Virus voraussagt. Das Modell sagt zum einen vorher, welche Varianten der menschlichen Immunität entkommen, sich in der Bevölkerung ausbreiten und schließlich zu neuen Hauptvarianten werden können. Zweitens identifiziert es wahrscheinliche Pfade der Fluchtevolution, noch bevor neue Varianten tatsächlich auftreten. Die Studie ist unter dem Titel „Population immunity predicts evolutionary trajectories of SARS-CoV-2“ im Fachjournal Cell erschienen.

Im Verlauf der SARS-CoV-2-Pandemie kam es zu Ausbreitungswellen, in denen eine neue Variante die vorausgehende abgelöst hat. Inzwischen ist die Evolution des Virus komplizierter geworden: Mehrere Varianten sind gleichzeitig im globalen Umlauf und im gegenseitigen Wettbewerb. An dieser Stelle werden Vorhersagemodelle wichtig, um diejenigen Varianten zu identifizieren, die in naher Zukunft wahrscheinlich die Oberhand gewinnen werden.

Neue Varianten weisen zum einen intrinsische Veränderungen auf, die zu einer höheren Übertragbarkeit führen können. Zum anderen ist durch frühere Infektionen oder Impfungen Immunität gegen ältere Varianten entstanden. Daraus berechnet das neue Modell Fitnessunterschiede zwischen Varianten. International gewonnene experimentelle Daten, Sequenzdaten, sowie Fallzahlen von Infektionen und Impfungen liegen der Analyse zugrunde.

Die Studie zeigt, dass die menschliche Immunität inzwischen zur hauptsächlichen Triebkraft der Evolution von SARS-CoV-2 geworden ist. „Das bedeutet, auch nach dem Ende der Pandemie wird das Virus ständig neue Varianten hervorbringen, über die wir zeitnah Daten benötigen. Unsere Ergebnisse zeigen, wie wichtig eine fortgesetzte, international koordinierte Überwachung des SARS-CoV-2-Virus ist“, sagt Professor Dr. Michael Lässig vom Kölner Institut für Biologische Physik und Leiter Studie. „Aus diesen Daten gewonnene Vorhersagen der viralen Evolution können helfen, gezielt Impfstoffe zu entwickeln und so auf neue Varianten schnell zu reagieren.“ Lässigs Arbeitsgruppe beschäftigt sich bereits seit Jahren mit vorhersagender Analyse des Grippe-Virus und berät die Weltgesundheitsorganisation bei der Auswahl von Influenza-Impfstoffen.

Die Arbeit wurde am Center for Predictive Analysis of Viral Evolution (Previr) durchgeführt, einem internationalen, interdisziplinären Forschungszentrum an der Universität zu Köln. Ein besseres Verständnis viraler Evolution zum Nutzen für die öffentliche Gesundheit ist Schwerpunkt der Forschung bei Previr.

Veröffentlichung:

[https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(23\)01076-0](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(23)01076-0)

Weitere Informationen:

