

„Das Virus mutiert fröhlich vor sich hin“

Bioinformatiker am Universitätsklinikum Jena verglichen in Kooperation mit Partnern in Berlin, Jena, Leipzig und Bad Langensalza das SARS-CoV-2-Genom in Thüringer Stichproben mit in Deutschland, Europa und weltweit verbreiteten Viruslinien. Die Proben aus dem Freistaat zeigen die statistisch zu erwartende Mutationsrate, die in Großbritannien, Brasilien oder Südafrika verbreiteten Mutationslinien wurden noch nicht nachgewiesen. Wichtig ist eine enge Überwachung der genetischen Veränderungen des [Virus](#), auch angesichts der jetzt anlaufenden Impfkampagne.

Jena (vdG/UKJ). Als rote Punkte im Virusstammbaum sind die 40 aus Thüringen stammenden Proben bezeichnet, die die Arbeitsgruppe von Dr. Christian Brandt mit Bezug zu knapp 10.000 vollständig sequenzierten Genomen des SARS-CoV-2 untersuchten. Das Bioinformatikteam im Institut für Infektionsmedizin und Krankenhaushygiene am Universitätsklinikum Jena nutzte dafür eine repräsentative Auswahl deutscher, europäischer und nichteuropäischer Genomsequenzen, die aus den etwa 300.000 weltweit bekannten und von Wissenschaftler online zur Verfügung gestellten Daten entstammen.

Das Genom von SARS-CoV-2 umfasst etwa 30.000 Basen und ist damit das größte bekannte Genom aller RNA-Viren. Seine molekulare Uhr tickt mit einer Geschwindigkeit von etwa 23 Mutationen pro Jahr – das sind die zufälligen Fehler beim ständigen Kopieren der [Virus](#)-Erbinformation, die nicht von vornherein aussortiert werden, weil sie die [Zelle](#) absterben lassen. „Das Virus verändert sich, wie es statistisch zu erwarten ist: Es mutiert fröhlich vor sich hin“, fasst Christian Brandt das Bild zusammen, dass sich anhand der untersuchten Stichproben ergibt. Die Proben aus Deutschland lassen sich acht Hauptlinien zuordnen, von denen vier auch in Thüringen nachgewiesen wurden. Die in Großbritannien, Brasilien oder Südafrika verbreiteten Mutationslinien, für die ein höheres Ansteckungspotential bzw. schwächere Immunantworten vermutet werden, sind bislang nicht darunter – noch.

Die Wissenschaftler gehen jedoch davon aus, dass sich in Europa hochfrequente Abstammungslinien auch in Deutschland und Thüringen verbreiten werden. Die begonnene Impfkampagne erhöht den Selektionsdruck auf das Virus: Es werden solche Mutationsformen bevorzugt, die die Immunisierung unterlaufen können. „Umso wichtiger ist bei den derzeitigen Inzidenzen eine engmaschige molekulargenetische Überwachung des Infektionsgeschehens“, betont Prof. Dr. Mathias Pletz, der Direktor des Instituts für Infektionsmedizin und Krankenhaushygiene am Universitätsklinikum Jena. Im Rahmen dieser Kontrolle sollen am UKJ künftig mindestens 24 zufällig ausgewählte Proben aus ganz Thüringen wöchentlich sequenziert und zum internationalen Datenpool hinzugefügt werden.

Originalliteratur:

Brandt C, et al. Molecular epidemiology of SARS-CoV-2 – a regional to global perspective <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.01.25.21250447v1> (preprint, Fachbegutachtung steht noch aus)

Weitere Informationen:

<http://case-group.github.io/>

[Meldung des Forschungscampus Infectogenetics](#) zum Biotech-Start-Up nanozoo, an dem Christian Brand beteiligt ist: Corona-Genomsequenzierung: Mitteldeutsche Firma „nanozoo“ startet Portal <https://nanozoo.cloud> zur kostenlosen Datenanalyse.