

Studie zu SARS-CoV-2: Handy- und Genomdaten erlauben gezielte Nachverfolgung von Infektionswegen

Um die Ausbreitung von Krankheitserregern wie SARS-CoV-2 gezielter zu verfolgen, können anonymisierte Mobilfunkdaten und andere Metadaten (wie Postleitzahlen) mit Genomdaten kombiniert werden. Eine systematische Auswertung solcher kombinierten Datenpools wurde nun von Wissenschaftlern des Jenaer Startups nanozoo GmbH und des Universitätsklinikums Jena (UKJ) - beide Partner im InfectoGnostics Forschungscampus Jena - vorgestellt. Die Ergebnisse der Studie hat das Team unter dem Titel „Leveraging mobility data to analyze persistent SARS-CoV-2 mutations and inform targeted genomic surveillance“ im Open-Access-Journal eLife publiziert (DOI: 10.7554/eLife.94045.3).

Die SARS-CoV-2-Pandemie hat gezeigt, wie wichtig eine frühzeitige Verfolgung von Ausbrüchen und Infektionswegen ist. Eine effektive Überwachung des Infektionsgeschehens setzt allerdings eine exakte und ressourcensparende Auswertung von Daten voraus, die auch tatsächlich zu tragfähigen Vorhersagen führen. Der UKJ-Doktorand Riccardo Spott konnte nun gemeinsam mit anderen InfectoGnostics-Forschern des UKJ und von nanozoo zeigen, dass Servicedaten von Handys in Kombination mit hoch aufgelösten Metadaten (wie Postleitzahlen und Genomdaten) tatsächlich die Beobachtung des Infektionsgeschehens im Bundesland Thüringen verbessern können. Bei Krankheitsausbrüchen könnte mittels einer solcher Datenauswertung künftig eine gezieltere Testung und Quarantäne erfolgen.

Die Forscher legten bei ihrer Auswertung Wert darauf, dass die Daten anonym verarbeitet werden, wie Dr. Christian Brandt, UKJ-Forscher und Mitbegründer von nanozoo, erläutert: „Die Mobilfunkdaten haben wir als aggregierte Datenpools erhalten, mit Sequenzdaten kombiniert und hinsichtlich auffälliger Verbreitungsmuster analysiert. Das ist so als ob man von oben auf eine Ameisenstraße schaut: Man sieht die Gesamtheit der Bewegungen, aber man kann keine einzelne Ameise herauspicken.“

In der Studie wurden über einen Zeitraum von neun Monaten mehr als 6.500 SARS-CoV-2 Alpha-Genome (B.1.1.7) in Thüringen sequenziert. Die Daten wurden um Isolationsdaten der Patienten und deren Postleitzahlen ergänzt. Zusätzlich wurden über 136.000 öffentlich zugängliche deutsche Alpha-Genome sowie Handy-Servicedaten für Thüringen in die Analyse einbezogen. Dabei identifizierte das Team neun relevante Mutationsvarianten des Virus in Thüringen, die in sieben separate Verwandtschaftsgruppen (phylogenetische Cluster) mit unterschiedlichen Ausbreitungsmustern in Thüringen eingeteilt wurden.

— Einsatz von Handydaten zur besseren Probennahme —

Durch diese Verknüpfung von Genom- und Mobilfunkdaten konnten die Wissenschaftler die Ausbreitung der Alpha-Linie des Corona-Virus in Thüringen genau nachzeichnen. Auch das Risiko der Verzerrung von epidemiologischen Daten wurde anhand einer speziellen Mutation nachgewiesen – ein Faktor, der zur Optimierung künftiger Auswertungen genutzt werden kann. Darüber hinaus ermöglicht dieser Ansatz auch eine gezieltere Testung: Mit zusätzlichen Daten einer Omikron-Unterlinie (BQ.1.1) konnten die InfectoGnostics-Partner zeigen, dass solche Analysen auch zur aktiven Steuerung der Probennahme während regionaler Ausbrüche einer Infektionskrankheit

genutzt werden können. Ein Bundesland wie Thüringen könnte künftige Epidemien damit effizienter überwachen.

Prof. Dr. Mathias Pletz, Direktor des Instituts für Infektionsmedizin und Krankenhaushygiene am Universitätsklinikum Jena und Mitglied im erweiterten InfectoGnostics-Vorstand, erklärt: „Die Ausbreitung von Viren folgt oft den Wegen menschlicher Mobilität. Mit anonymisierten Mobilfunkdaten und fortschrittlichen molekularen Techniken gelingt es uns, diese Wege zu kartieren und vorherzusehen.“ Dies trage laut Pletz wesentlich dazu bei, die räumliche Ausbreitung eines Erregers – die stark zwischen Regionen variieren kann – genauer vorherzusagen und die Maßnahmen zur Testung und Infektionskontrolle zielgenauer einzusetzen.

— Über den InfectoGnostics Forschungscampus Jena —

Der InfectoGnostics Forschungscampus Jena beschreitet als öffentlich-private Partnerschaft neue Wege in der Vor-Ort-Diagnostik von Infektionen und Erregern, wie z.B. Viren, Bakterien und Pilzen. InfectoGnostics wird durch das BMBF im Rahmen der Förderinitiative „Forschungscampus – öffentlich-private Partnerschaft für Innovationen“ sowie als Innovationscluster durch den Freistaat Thüringen gefördert. Etwa die Hälfte des benötigten Etats finanzieren die beteiligten Partner.

Originalpublikation:

Riccardo Spott, Mathias W Pletz, Carolin Fleischmann-Struzek, Aurelia Kimmig, Christiane Hadlich, Matthias Hauert, Mara Lohde, Mateusz Jundzill, Mike Marquet, Petra Dickmann, Ruben Schüchner, Martin Hölzer, Denise Kühnert, Christian Brandt (2025) Leveraging mobility data to analyze persistent SARS-CoV-2 mutations and inform targeted genomic surveillance eLife 13:RP94045.

DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.94045.3>