

Wissen

Weltweite Jagd nach Mutationen

Evolution von Viren Ein Jahr nach Beginn der Pandemie werden mehr und mehr neue Covid-Varianten entdeckt, zum Teil mit besorgniserregenden Änderungen. Die Gründe.

Barbara Reye und
Kathrin Zinkant

Ob bei Jung oder Alt, in Schulen oder in Pflegeheimen – die neue Virusvariante B.1.1.7 aus Grossbritannien taucht in der Schweiz inzwischen bei Personen ganz unterschiedlichen Alters und an immer mehr Orten auf. Am vergangenen Freitag hat das Bundesamt für Gesundheit bereits 199 Mutationen gemeldet, wovon 147 eindeutig der britischen Variante zugeordnet werden konnten. Fälle mit der neuen Variante B.1.351 aus Südafrika sind dagegen bei uns bisher erst einige wenige bekannt. Doch Fälle in Hotels in St. Moritz zeigen, wie sich die Situation ganz plötzlich verändern kann.

Deshalb wird in den Labors nicht nur nach Hinweisen für Sars-CoV-2 gefahndet, sondern auch nach den neuen Mutationen des Virus. «Unser Institut hat die Diagnostik seit den ersten bekannten Fällen bei uns angepasst», sagt Alexandra Trkola von der Universität Zürich. «Unser Vorteil war, dass wir schon lange die Virussequenzierung aufgebaut hatten und deshalb sehr rasch reagieren konnten. Trotzdem gab und gibt es sehr viel zu tun, da die Analysen sehr zeitintensiv sind.»

Aminosäuren ausgetauscht

«Keiner kann derzeit genau sagen, wie viel infektiöser etwa die neue Variante B.1.1.7 aus Grossbritannien tatsächlich ist», sagt Volker Thiel von der Universität Bern. Britische Forscher hätten die Ausbreitung beobachtet und festgestellt, dass sie etwa im Vereinigten Königreich die zuvor dominierende Virusvariante verdrängt habe. Das bedeute, dass sie sich trotz gleicher Bedingungen dort besser ausbreite.

Die Virusvariante B.1.1.7 fiel Anfang Dezember erstmals in Grossbritannien auf. Mittlerweile hat Emma Hodcroft von der Universität Bern zusammen mit Adam Lauring von der University of Michigan das gesamte Erbgut von B.1.1.7 untersucht und festgestellt, dass es 17 Genveränderungen aufweist. Darunter ist unter anderem auch die sogenannte N501Y-Mutation, die zur Folge hat, dass eine Aminosäure im Spike-Protein ausgetauscht wurde: Anstatt ein Asparagin (N)



Die britische, die südafrikanische und nun die brasilianische Corona-Mutation beschäftigen Epidemiologen: Eine dänische Forscherin untersucht die Variation B.1.1.7. Foto: Keystone

sitzt jetzt dort ein Tyrosin (Y). Diese Mutation bewirkt, dass sich der Kontakt des Virus zur Zelle sehr wahrscheinlich verstärkt.

«Mithilfe einer spezifischen PCR lässt sich die Mutation N501Y inzwischen relativ schnell erkennen», sagt Trkola. Nach einem solchen ersten Screening sequenziert Trcolas Team dann das gesamte Virusgenom, um zu definieren, ob es sich etwa um die Variante aus Grossbritannien oder Südafrika handelt. Bei der britischen Variante fehlen beispielsweise auch noch zwei Aminosäuren an den Positionen 69 und 70 im Spike-Protein – eine Veränderung, die aber schon vorher in der Schweiz präsent gewesen ist.

Weltweit gehen die Forschenden nun auf die Jagd nach den genetischen Veränderungen und

finden dabei immer wieder Parallelen. «So hat auch die neue Variante aus Brasilien, P.1 genannt, die Mutation N501Y», erklärt Richard Neher von der Universität Basel. Darüber hinaus habe die Virusvariante aus Brasilien wie diejenige aus Südafrika die E484K-Mutation und eine Mutation an Position 417, aber mit einer anderen Aminosäure. Die meisten übrigen Mutationen überlappten sich dagegen nicht.

Woran aber liegt es, dass ein Jahr nach Beginn der Pandemie nun mehr und mehr neue Varianten mit bedenklichen Änderungen auftreten? Die Ursachen sind vielfältig. Unter anderem wird seit der eher zufälligen Entdeckung von B.1.1.7 in Grossbritannien weltweit nach Mutanten gesucht. So entdecken Forscher

womöglich Varianten, die man andernfalls übersehen hätte.

Hinzu kommt, dass in manchen Ländern inzwischen viele Menschen mit dem Coronavirus infiziert gewesen sind und der Erreger dadurch weniger leicht neue Wirte findet, um sich zu vermehren. Eine höhere Übertragbarkeit oder gar eine potenzielle sogenannte Escape-Mutation wie E484K könnte dieses Problem für das Virus teilweise lösen.

So hat der Virologe Christian Drosten von der Berliner Charité im Zusammenhang mit E484K auf die extrem hohe Durchseuchung in den südafrikanischen Townships hingewiesen. Demnach waren bis zu 50 Prozent der Menschen, die in solchen beengten Verhältnissen leben, bereits mit dem Coronavirus infiziert

und haben daher auch Antikörper gebildet. «Gegen diesen Immundruck würde sich ein Virus möglicherweise mit so einer Mutation verteidigen», sagte Drosten in seinem Podcast. Zumindest gehöre diese Möglichkeit zu den Entstehungshypothesen für B.1.351.

Viren führen zu mehr Viren

Auch als Arznei eingesetzte Antikörper und eventuell Impfungen, die zur Bildung von körpereigenen Antikörpern führen, könnten langfristig zur Bildung neuer Varianten mit höherem Übertragungspotenzial beitragen. Zumal die Impfstoffe vermutlich nur vor einer Erkrankung, aber nicht vor einer allfälligen Infektion schützen und daher keine sterilisierende Immunität erzeugen. Geimpfte können daher das

Virus weitertragen, allerdings hat es dieses dabei nicht mehr so leicht wie bei Menschen, die noch keine Infektion und auch keine Impfung hatten. Der Druck würde dann unter den vielen Varianten, die im Zuge der Vermehrung entstehen, jene herausfiltern, die sich besonders gut weiterverbreiten oder die Immunantwort unterwandern. Es gibt jedoch Beispiele von Erregern, die schneller als Sars-CoV-2 mutieren, dazu gehört etwa das Poliovirus.

Absolut entscheidend für die Bildung von Mutanten ist jedoch, wie stark das Virus insgesamt in der Bevölkerung zirkuliert. Deshalb geht es laut Experten in der aktuellen Lage jetzt darum, die Anzahl der neu auftretenden Erkrankungen zu senken – und zwar «substanzial und schnell».

Yoga mit Lemuren

Identische Verhaltensweisen Wo Menschen in Nachbarschaft mit Tieren leben, gleichen sie ihr Gebaren an.

Warum dürfen Männer in manchen Gesellschaften mehrere Frauen haben, während das anderswo verpönt ist? Und wieso ernähren sich Menschen in bestimmten Regionen überwiegend vegetarisch, während anderswo fast jeden Tag Fleisch auf den Teller kommt?

Die Frage, wie solche Verhaltensunterschiede entstehen, ist unter Wissenschaftlern höchst umstritten. Viele sind überzeugt, dass sie ausschliesslich aus unterschiedlichen kulturellen Wertvorstellungen und Religionen resultieren. Eine Untersuchung im Wissenschaftsjournal

«Science» widerspricht jetzt dieser weitverbreiteten Vorstellung.

Das Team um Toman Barsbai, der an der University of Bristol und am Institut für Weltwirtschaft in Kiel forscht, hat herausgefunden, dass Menschen und Tiere, die in derselben Umgebung leben, oft identische Verhaltensweisen entwickelten. Die Forscher verglichen menschliches Verhalten in mehr als 300 traditionellen Jäger-Sammler-Gesellschaften mit dem von Vögeln und Säugetieren, die sich mit den Menschen denselben Lebensraum teilten. Alle untersuchten Verhaltensmuster hatten entweder mit der

Ernährung oder der Nahrungsbeschaffung, der Fortpflanzung oder dem sozialen Umgang mit anderen zu tun. In allen drei Bereichen gab es erstaunliche Übereinstimmungen.

Beeindruckende Parallelen

Wo die Menschen auf die Jagd gehen, fressen auch viele Vögel und Säuger Wirbeltiere, die an Land leben. Essen die Menschen dagegen viel Fisch, tun das auch viele Tiere in ihrer Umgebung. In Regionen, in denen Menschen ihre Nahrungsmittel lagern, gibt es auch viele Tiere, die Futter für später sammeln. Und wo die

Menschen weite Strecken zurücklegten, um überhaupt an Nahrung zu gelangen, war das auch bei den in ihrer Nähe lebenden Tieren so.

Beim Paarungsverhalten fanden die Forscher ebenfalls deutliche Korrelationen: In Gegenden, in denen Frauen schon sehr früh ihr erstes Kind bekommen, ist das bei den Tieren in der Umgebung ähnlich. Wo Männer mehrere Frauen heiraten dürfen, leben auch viele Säugetiere, bei denen einzelne Männchen einen Monopolanspruch darauf haben, sich fortzupflanzen. Bei den Vögeln war auffällig, dass die Männchen besonders viel Energie investier-

ten, um mehrere Weibchen anzulocken. Sogar bei der Scheidungsrate gibt es den Wissenschaftlern zufolge beeindruckende Parallelen: Wo menschliche Gesellschaften leben, in denen Scheidung erlaubt ist, gibt es auch besonders viele Vögel, die sich jedes Jahr einen neuen Partner suchen.

Nicht durch den Zufall erklärbar Zusammenhänge fanden die Wissenschaftler auch bei sozialen Verhaltensweisen. In der Nähe menschlicher Gesellschaften, in denen sich vor allem die Väter um die Ernährung ihrer Familien kümmern, engagieren sich auch überdurchschnittlich viele Tier-

männchen bei der Versorgung des Nachwuchses. Wo Menschen in grossen Gruppen leben, tun das auch viele andere Tiere. Und in der Umgebung menschlicher Gesellschaften, in denen es verschiedene soziale Klassen gibt, sind viele Tiergruppen zu beobachten, in denen sich nur bestimmte Individuen fortpflanzen dürfen.

«Die Ähnlichkeiten im Verhalten von Menschen, Säugetieren und Vögeln scheinen aus einem Selektionsdruck zu resultieren, den die lokale Umgebung ausübt», schreiben die Forscher.

Tina Baier