

Deutsch-britisches Forscherteam rekonstruiert Stammbaum des Covid-19 (coronavirus disease 2019)

Erschienen in Proceedings of the National Academy of Sciences, PNAS, am 08.04.2020

<https://www.pnas.org/content/early/2020/04/07/2004999117>

Der molekulare Stammbaum, „phylogenetic network“, hat bisher gute Dienste in der Archäogenetik geleistet. Die Archäogenetik befasst sich mit der Untersuchung von Erbmaterial der Menschen sowie der Tiere und Pflanzen, um Erkenntnisse über die Evolution zu gewinnen. Geprägt wurde dieser Begriff von Colin Renfrew.

Peter Forster am McDonald Institute for Archaeological Research in Cambridge hat mit dem von ihm entwickelten molekularen Stammbaum, der aus nichtrekombinierenden Genen gewonnen wird, u. a. die Out-of-Africa-Hypothese durch den modernen Menschen untermauert, seine Besiedelung in Europa vor und nach der Eiszeit rekonstruiert, sowie die Migrationen Richtung Australien, Pazifik, Asien bis nach und in Amerika nachgezeichnet, siehe Ausgabe des Spiegel 3/1997.

Was für die menschliche Mitochondrien-DNA möglich ist, so dachte er, müsste doch auch bei dem Virus SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) Genom bedeutende Einsichten ermöglichen.

Innerhalb der Zeitspanne vom ersten gemeldeten Corona-Fall am 24.12.2019 bis zum 4. März 2020 analysierte Forster mit seinem

Team die Daten von insgesamt 253 Abstrichproben und rekonstruierte aus ausgewählten 160 Proben unter Zuhilfenahme des Computerprogramms Network5011CS den Stammbaum des Covid-19. Die Daten stammen aus Laboren, die seit Dezember 2019 das Virus per genetischen Test nachweisen und bei GISAID (www.gisaid.org) global bündeln, um Ansteckungskontakte zu ermitteln und weitere Ansteckungen zu vermeiden. Dies alles dem Ziel geschuldet, die Kurve der Ansteckungszahlen abzuflachen. Obwohl diese Studie nur eine Momentaufnahme darstellt, erlaubt sie wichtige Einsichten.

Innerhalb der 160 Proben wiesen genau 100 in ihrer RNA mutative Unterschiede (Veränderungen am Erbmateriale des Virus) auf, die die Äste bildeten. Jeder Ort der Probeentnahme hat mit der getesteten Person seinen Platz auf dem Stammbaum. Der molekulare Stammbaum verdeutlicht den Ursprung von Covid-19 - die Wurzel des Stammbaums - und seine weltweiten Verbreitungswege - die Äste - die durch später erfolgte Mutationen weiter oben am Stammbaum zu finden sind. Gewurzelt wird der molekulare Stammbaum durch eine "outgroup", in diesem Fall ein kürzlich durch Zhou und Mitarbeiter (Nature) entdeckter Fledermaus-Coronavirus, der sich genetisch zu 96,2 % mit dem SARS-CoV-2 deckt. Die Coronaviren zweier Gürteltiere erwiesen sich als genetisch zu weit von dem menschlichen Coronavirus entfernt.

Der Stammbaum mit seinen sternförmigen Ästen verdeutlicht die verheerende Spur von Covid-19. Da später erfolgte Mutationen weiter weg vom Ursprung sind, liefert der molekulare Stammbaum eine Zeitskala und offenbart insgesamt vier Dimensionen: Ort, Zeit, Weg und Häufigkeit. Zeitliche Abfolgen über Räume hinweg vereinen sich zu der jeweiligen Geschichte eines jeden Trägers.

Die erste Gruppierung unten am Stammbaum erhielt die Bezeichnung A. Es fanden sich am untersten Knoten, zwei Aufspaltungen aus A, die sich aus der parallel erfolgten Mutation T29095C ergaben. Daher ist die Wurzel nicht eindeutig zu bestimmen. Sie ist auf der Grafik im rosa Oval eingegrenzt. Vier Chinesen (gelb ●) von der Südküsten-Provinz Guangdong trugen die T-Allele-Variante nah der Wurzel, während die Viren-RNA bei drei

Japanern (orange ●) und zwei Amerikanern (dunkelblau ●) neue Mutationen hervorbrachten. Diese beiden Amerikaner hatten sich in Wuhan, dem vermuteten Ursprung des Ausbruchs der Seuche aufgehalten.

Die C-Allele-Variante weist sich durch lange Äste aus und findet sich bei fünf Menschen aus Wuhan. Zwei davon sind am untersten Knoten, acht auch bei chinastämmigen Ostasiaten und Menschen aus benachbarten Ländern. Erwähnenswert ist, dass fast die Hälfte (15/33) der Varianten dieses Astes außerhalb von Ostasien, hauptsächlich in den USA und in Australien gefunden wurden.

Aus dem Knoten T29095C gehen A und nachfolgend B durch die Mutation C28144T hervor. B liegt damit zeitlich nach A und weist eine deutliche Anzahl von Menschen auf, wie die vielen Äste verdeutlichen.

Der B-Ast

Was B betrifft, so waren 22 davon in Wuhan (gelb ●), 31 verstreut in Ostchina und 21 vereinzelt in Nachbarländern Chinas (orange ●) zu verzeichnen. Erstaunlicherweise liegt der erste bestätigte Fall in China vom 24.12.2019 weit von der Wurzel entfernt. Außerhalb dieser Zonen wurden 10 Proben der B-Mutationen in den USA (dunkelblau ●) und in Kanada (hellblau ●), einer in Mexiko (dunkelgrün ●), acht in Europa (türkis ●) - davon vier in Frankreich, zwei in Deutschland und jeweils einer in Italien und Österreich - ausgemacht. Ein weiterer Patient in Ontario (hellblau ●) wurde am 27.01.2020 positiv getestet, nachdem er von Wuhan nach Guangdong gereist und dann nach Kanada zurückgekehrt war. Seine Virusvariante teilt er mit einem Kanadier und zwei Kaliforniern, die den ähnlichen Weg genommen hatten.

Die Mexikanische Probe (dunkelgrün ●) vom 28.02.2020 stammt vom Virus aus Italien (türkis ●) ab, der am 27.01.2020 aus Deutschland hereingebracht wurde. Damals war der erste Corona-Fall in Deutschland bei der Firma Webasto bekannt geworden. Die Chinesin aus Shanghai hatte zuvor von ihren Eltern aus Wuhan einen

Besuch erhalten. In der Spanne von Wuhan bis nach Mexiko, die einen Monat dauerte, fanden insgesamt 10 Mutationen statt.

Der C-Ast

Die C genannte Gruppe geht aus B durch die Mutation G26144T hervor, ist damit später erfolgt. Man sieht hier ebenfalls viele Äste, darunter besonders lange. Diese Variante zeigt sich bei fünf Menschen außerhalb Chinas: in Singapur, Hong Kong, Taiwan und Südkorea (orange ●). Mit 2/3 ist sie außerhalb von China und zwar bei 11 Proben in Europa (türkis ●): Frankreich, Italien, Schweden und England vertreten. Hinzu kommen Kalifornien (dunkelblau ●) und Brasilien (grün ●).

Auch hier offenbart sich ein genauer Verbreitungsweg: In Brasilien trat am 25.02.2020 der erste Corona-Fall auf, nachdem der Träger vorher in Italien zu Besuch gewesen war.

Auf https://www.fluxus-engineering.com/cov2020_england.htm findet der interessierte Leser weitere Details zu diesem Stammbaum.

Zurückrechnen zum ersten Corona-Fall und Vorausberechnung der Fallzahlen

Nachdem mehr Daten und zwar aus weiteren 1001 Covid-19 Genomen, die bis zum 24. März 2020 reichen, vor Redaktionsschluss nachgeliefert wurden (bei https://www.fluxus-engineering.com/cov2020_england.htm abrufbar), sind noch weit wichtigere Parameter bekannt geworden. So ist festzustellen, dass die Mutationsrate außerhalb Chinas etwas höher liegt als innerhalb. Zweimal im Monat mutiert das Virus im Durchschnitt, nicht aber 4,5 mal, wie von Xingguang Li und Mitarbeiter (Journal of Medical Virology) errechnet. Die falsche Vermutung rührt daher, dass die Wurzel im ersten bestätigten Corona-Fall in China für den 24.12.2019 vermutet wurde.

Nur mit einer „outgroup“ war die Wurzel korrekt zu ermitteln, wie auf

der Grafik zu sehen. Und nur diese Erkenntnis erlaubt die korrekte Berechnung der Mutationsrate und damit ein Zurückrechnen auf die erste Infektion schon zwischen dem 11.9.2019 und dem 16.12. 2019. Dies deckt sich mit Daten zu Patient 0 aus Hubei vom 1.11.2019 (SZ vom 03.04.2020 Chronik einer Vertuschung). Daraus ergeben sich weit wichtigere Möglichkeiten als ein Zurückverfolgen von Ansteckungswegen. „Erst nachdem wir sozusagen wissen, wie sich das Virus benimmt“, so der Genetiker Forster, „können wir auch für die Zukunft hochrechnen, wann wieviele Krankenhaus- und Beatmungsplätze notwendig werden und mit wieviel Toten zu rechnen ist.“

Ein Phänomen beschäftigt den Genetiker Peter Forster: Warum trugen bei der B Gruppe, die zu 2/3 aus Asiaten besteht, die Chinesen (gelb ●) vor allem Typen älterer Mutationen, jedoch die Erkrankten außerhalb Chinas, in den USA (dunkelblau ●) und in Europa (türkis ●) andere Typen und eher jüngere Mutanten. Es gibt also geographische Unterschiede, die mit den Bewegungen ihrer Träger zusammenhängen, mit der Zahl der genommenen Proben etwas zu tun haben, einem Gründereffekt unterliegen oder immunologischer Natur sein könnten. Dies sei zur Diskussion gestellt und bei der Entwicklung von Medikamenten sowie der Herstellung von Impfstoffen möglicherweise von Interesse.