

PRESSEMITTEILUNG

Linz, 23. April 2021

Experimentelle Evolution: Neue JKU Methode untersucht Dynamik von Virus-Mutationen

Die Evolution – genauer: die Mutationen des Corona-Virus – halten derzeit die Welt in Atem. Die Dynamiken des Mutationsprozesses zu verstehen, ist ein Schlüssel zur Bekämpfung dieser und künftiger Pandemien. Genau dafür haben Forscher*innen an der Johannes Kepler Universität Linz eine neue Methode vorgeschlagen.

Ausgangspunkt war ausnahmsweise nicht das Corona-, sondern das HIV-Virus. „Weil es sehr viel schneller mutiert als das Coronavirus“, erklärt Prof. Andreas Futschik von der Abteilung Datenanalyse und Ökonometrie. Gemeinsam mit der italienischen Wissenschaftlerin Marta Pelizzola und Kolleg*innen aus Göttingen und Berkeley hat er an der JKU eine neue Methodik zur Rekonstruktion von sogenannten Haplotypen und deren Häufigkeiten aus sequenzierten Genomdaten entwickelt. Haplotypen sind genetische Muster, die sich auf ein und demselben Chromosom finden.

Klingt kompliziert, ist im Prinzip aber eine statistische Methode. Damit werden häufige Mutationsmuster identifiziert und deren zeitliche und räumliche Dynamik abgeschätzt. So können Entwicklungsverläufe genau nachvollzogen werden. Und wie funktioniert das? *„HIV mutiert so schnell, dass Patient*innen oft verschiedene Mutationen im Körper haben“*, so Futschik. Die Forscher*innen haben nun zu verschiedenen Zeitpunkten Proben entnommen und konnten so die Entwicklung des Virus im Körper der Betroffenen exakt nachvollziehen. *„Die Methode funktioniert aber nicht nur bei Viren, sondern bei allen Organismen, die sich rasch fortpflanzen und so einen gut nachvollziehbaren Evolutionsprozess durchlaufen.“*

Obwohl es sich um Grundlagenforschung handelt, sind bereits konkrete Anwendungen angedacht. Eine potenzielle Anwendung wäre die Untersuchung von Proben aus der Kanalisation, um neu auftretende Virenstämme zu identifizieren. Vor allem aber: *„Die rekonstruierten Haplotypen helfen, evolutionäre Dynamiken besser zu verstehen. Das können Infektionsdynamiken durch Bakterien und Viren sein, aber auch Anpassungsprozesse an die Umwelt bei höheren Lebewesen“*, so Futschik.

An Fruchtliegen, Fadenwürmern und sogar Mäusen wurde die neue Methode bereits getestet. Seit gestern ist das Paper der Forscher*innen unter dem Titel „Multiple haplotype reconstruction from allele frequency data“ auch im renommierten Magazin Nature Computational Science veröffentlicht.