

Das wandelbare Virus

Impfungen gelten als der Weg aus der Pandemie. Aber Mutationen des Erregers könnten ihn verstellen

VON PATRICK EICKEMEIER UND CAROLINE RING

Neue Varianten des Coronavirus Sars-CoV-2 stellen die Bekämpfung der Covid-19-Pandemie vor immer neue Herausforderungen. In Deutschland ist es derzeit vor allem die sogenannte „britische“ Variante, die hier innerhalb weniger Wochen zum vorherrschenden Erreger wurde. Sie wird mittlerweile in rund 85 von 100 Tests nachgewiesen.

Aber Sars-CoV-2 ist Kosmopolit. Wo seine Varianten herkommen, sagt wenig über deren Eigenschaften aus, und das Virus kann sich überall verbreiten, wo Menschen leben. Das Bild vom Auftreten besorgniserregender Varianten ändert sich täglich und auch bislang unbekanntere Varianten mit neuen, potenziell gefährlicheren Eigenschaften können auf den Plan treten.

Die „indische“ Variante B.1.617, die dort zahlreiche Neuinfektionen verursacht, ist ein Beispiel. Sie wurde auch bereits in Deutschland nachgewiesen und

muss weiter beobachtet werden. Eine im US-Bundesstaat Kalifornien identifizierte neue Variante ist ein weiteres. Sie hat im vergangenen Winter die Neuinfektionszahlen ansteigen lassen und wurde schnell auch in anderen Teilen der USA gefunden.

Das Virus ändert sich in einer Spezies, mit Folgen für andere

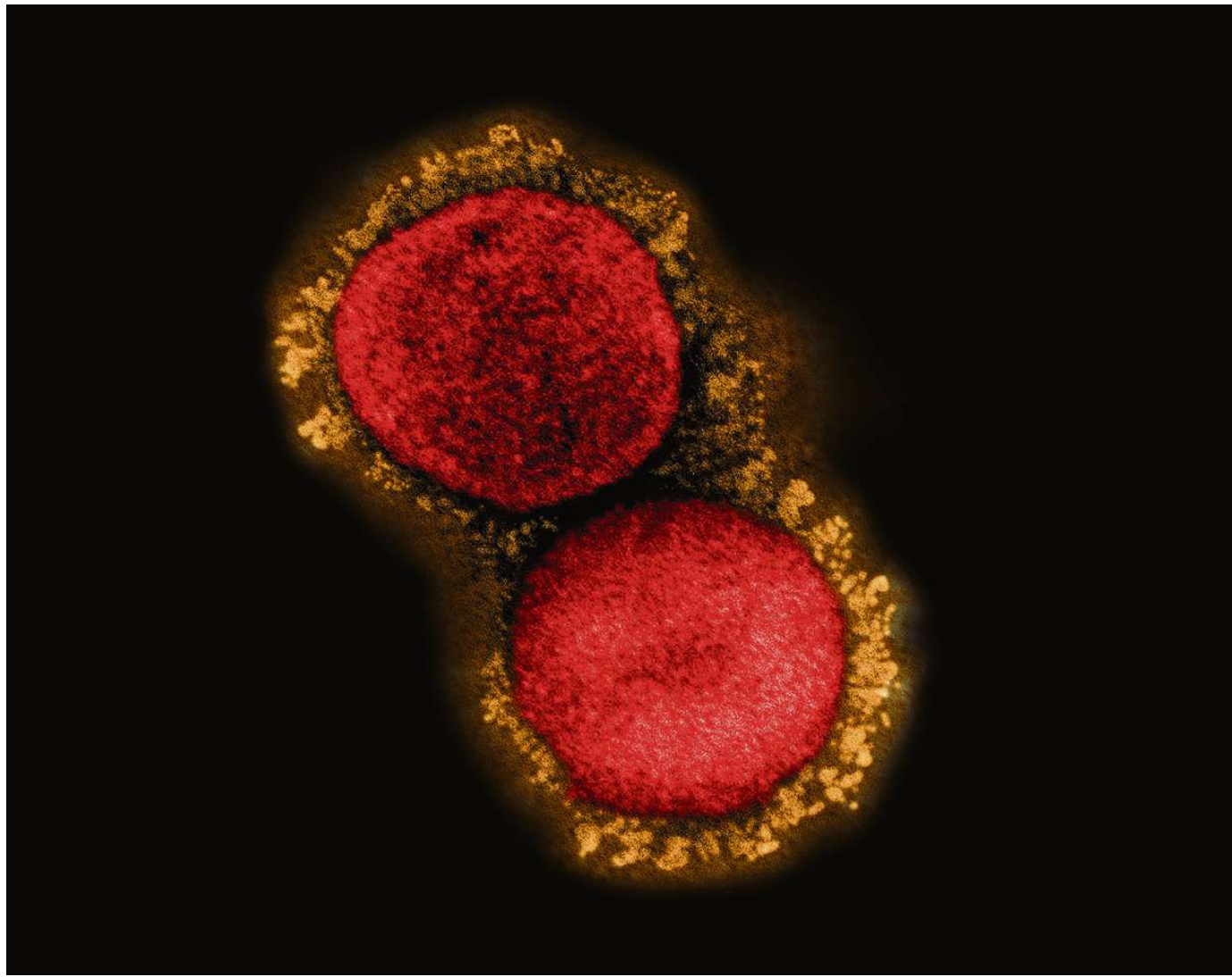
Im vergangenen Frühjahr kam es zu Ausbrüchen auf Nerzfarmen in den Niederlanden und in Dänemark. Das Virus war von Menschen dort eingeschleppt worden und neue, mutierte Varianten breiteten sich rasend schnell unter den Pelztieren in Käfighaltung aus. Sie schafften auch den Sprung zurück zum Menschen noch bevor die Tiere vorsorglich getötet wurden. Anfängliche Befürchtungen, dass neue Infektionswellen von den Ausbrüchen auf Nerzfarmen ausgehen würden haben sich im Folgenden nicht bestätigt. Es kam zu Infektionsketten in der lokalen Bevölkerung, sie konnten jedoch eingedämmt werden.

Die „Cluster 5“ benannte Mutante war nicht leichter zwischen Menschen übertragbar, berichtete ein Team um Markus Hoffmann und Stefan Pöhlmann vom Deutschen Primatenzentrum – Leibniz-Institut für Primatenforschung in Göttingen (DPZ) in der Fachzeitschrift „Cell Reports“. „Was wir aber gesehen haben, ist, dass das Anheftungsprotein der mutierten Viren aus den Nerzen schlechter von Antikörpern gehemmt wurde“, sagte Hoffmann dem Tagesspiegel.

Mit dem Stachelprotein dockt das Virus an Rezeptoren auf Körperzellen an, um sie zu infizieren. Diese Stachel sind das namensgebende Merkmal der „Corona“-Viren, da sie im Querschnittbild des Virus wie eine Krone aussehen, sie sind ihre Angriffswaffe, aber auch ihre Achillesferse. Denn sämtliche bislang verwendete Impfstoffe trainieren das Immunsystem darauf, gegen Teile des Stachelproteins vorzugehen. Die Körperabwehr bildet nach der Impfung Antikörper, die sich daran anheften und verhindern können, dass Viren Körperzellen befallen. Soweit die Theorie.

Das Team um Hoffmann und Pöhlmann hat Mutationen untersucht, die im Stachel-Protein von Sars-CoV-2 aus Nerzen nachgewiesen wurden, darunter eine punktuelle Veränderung des Erbgut-Moleküls, die einen Aminosäure-Baustein des Stachelproteins verändert. Eine kleine Änderung mit großer Wirkung: An das veränderte Stachelprotein können weder künstlich hergestellte therapeutische Antikörper noch Antikörper aus dem Blut von Covid-19 Genesenen gut binden. Die Mutante entzieht sich dem Zugriff dieser Abwehrmoleküle. Forscher nennen das eine „Escape“-Mutante. „Das Virus verändert sich in der einen Spezies, mit möglichen Konsequenzen für die andere“, sagt Pöhlmann. Die beiden Wissenschaftler sehen in Mensch-Tier-Übertragungen eine mögliche Quelle für gefährliche Varianten, für Mensch und Tier. „Das gilt besonders für Viren wie Sars-CoV-2, die ein breites Wirtsspektrum haben“, also unterschiedliche Säugetierarten befallen können, sagt Hoffmann.

Die Nerzvarianten sind nicht die einzigen, die die Fähigkeit erworben haben, Antikörper abzuschütteln. Die gleiche punktuelle Mutation wurde auch bei Viren eines infizierten Menschen nachgewiesen, der sich nicht bei Nerzen angesteckt hatte. Und es gibt weitere solcher Veränderungen, die Grundlage von Escape-Mutationen sein könnten, die das Virus dem Immunsystem vollständig entkommen lassen könnten. Neben der britischen Variante B.1.1.7 kommen die zwei



Aus eins mach zwei. Wenn Sars-CoV-2 menschliche Zellen befällt, lässt es diese neue Virenpartikel produzieren. Bei der Vervielfältigung des Erbguts schleichen sich Fehler ein, die sich später als vorteilhafte Eigenschaft einer neuen Variante erweisen können. Foto: NIAID

Die verschiedenen Corona-Mutanten und ihre Eigenschaften

Antikörper-Schutz: durch monoklonale Antikörper

	Besorgniserregende Varianten			Variante	Variante	Variante
Bezeichnung	B.1.1.7	B.1.351	P.1	B.1.429	B.1.617	Cluster 5
erster Nachweis	Großbritannien	Südafrika	Brasilien	Kalifornien	Indien	Niederlande
Übertragbarkeit	erhöht	erhöht	ungewiss	erhöht*	erhöht*	gering
Gefährlichkeit	erhöht**	ungewiss	ungewiss	erhöht**	eventuell reduziert	ungewiss

Antikörper-Schutz

durch Impfung	hoch	reduziert	reduziert	eventuell reduziert	eventuell reduziert	ungewiss
durch monoklonale Antikörper	hoch	gering/wirkungslos	gering/wirkungslos	ungewiss	eventuell reduziert	wirkungslos
durch Genesung	hoch	reduziert	reduziert	ungewiss	eventuell reduziert	ungewiss

*Hinweise, keine Studien bisher, **Widersprüchliche Studienlage

Quelle: Tsp

Tsp/Bergold

Kaum erforschte Varianten. Über neue Coronamutanten gibt es bisher kaum ausreichend Daten, die ihre Eigenschaften erklären könnten.

MUTANTEN-FAHNDUNG

Wer sucht, der findet

Bereits seit Beginn der Pandemie beobachten Forschende, ob sich das Virus Sars-CoV-2 verändert und wie sich seine neuen Varianten verhalten. Um Mutationen zu erkennen, muss das Erbgut der Viren analysiert werden, die einen Menschen infiziert haben. Dieser Aufwand wird nicht in allen Ländern gleichermaßen betrieben. Ausnahmen sind Dänemark und Großbritannien, wo bereits im November ein Großteil aller Virusproben auch analysiert wurde. Erst Mitte Januar 2021 beschloss das deutsche Bundesgesundheitsministerium einen Ausbau der Analysekapazitäten. Mittlerweile haben viele Länder weltweit ihre Labore nachgerüstet. Daher ist es nun leichter, Virusvarianten aufzuspüren und auch ihre Wege zu

verfolgen. Die Region, in der eine Variante als erstes entdeckt wurde, muss nicht das Ursprungsland sein: Möglicherweise wurde sie dort, wo sie wirklich zum ersten Mal auftrat, mangels Technik nicht gefunden. So ist beispielsweise unklar, ob die „britische Variante“ B.1.1.7 wirklich in Großbritannien entstand. In internationalen Kooperationen beobachten

Forschende die Ausbreitung der Virusvarianten. Dabei greifen sie auch auf Infrastruktur zurück, mit der ursprünglich Grippevirus-Varianten überwacht wurden. Bis März 2020 waren darin 244 Genome von Sars-CoV-2 registriert, heute sind es knapp 1,2 Millionen. Die meisten Daten stammen aus Großbritannien, den USA und Deutschland. car

weiteren von der Weltgesundheitsorganisation als „besorgniserregend“ eingestuft. Varianten ebenfalls bereits in Deutschland vor: die seit Dezember 2020 vermehrt in Südafrika auftretende Variante B.1.351 und die im brasilianischen Bundesstaat Amazonas zirkulierende Variante P.1. Wie sich Mutationen auf die Eigenschaften der Varianten auswirken, wird noch erforscht: Wie leicht sind die Mutanten übertragbar, wie schwer erkranken Infizierte, und kann das Immunsystem etwas gegen sie ausrichten, wenn es zuvor nur mit der ursprünglichen Variante oder davon abgeleiteten Impfstoffen in Berührung gekommen ist?

Bei britischen Varianten aus der B.1.1.7-Linie schlagen die nach solchen Infektionen oder Impfungen gebildeten Antikörper noch an. Impfungen gegen die ursprüngliche Variante schützen also vor Erkrankungen. Bei Varianten aus der südafrikanischen Linie B.1.351 verhält es sich anders. Sie tragen zahlreiche Mutationen, die das Stachelprotein verändern. An acht Stellen werden andere Aminosäuren in das Protein eingebaut, drei davon liegen an der Stelle, mit der sie an den Rezeptor menschlicher Zellen binden. Eine ebenfalls bei B.1.1.7 gefundene Veränderung erleichtert die Bindung an den Rezeptor. Weitere verändern Angriffspunkte für Antikörper gegen die Ursprungsvariante, sodass diese das veränderte Stachelprotein nicht so gut neutralisieren können.

Die brasilianische Variante P.1 ähnelt in ihren Ausprägungen B.1.351. Daher wird vermutet, dass auch bei ihr neutralisierende Antikörper weniger effektiv

sind und sie ebenfalls leichter übertragbar ist. Nachgewiesen ist das bislang nur für die britische.

Drei Mechanismen, die dem möglicherweise zugrunde liegen, werden diskutiert: Das veränderte Stachelprotein könnte besser an menschliche Zellen binden; die Phase, in der Infizierte das Virus ausscheiden, könnte verlängert sein; und die Viruslast, also die Menge der von Infizierten produzierten Viren könne erhöht sein. Diese erhöhte Viruslast war auch in einer Studie in der Medizinzeitschrift „Lancet Infectious Diseases“ nachgewiesen worden. Die Auswertung von Patientendaten aus verschiedenen Altersgruppen zeigte aber auch, dass die Sterblichkeit von B.1.1.7-Infizierten im Krankenhaus nicht erhöht ist.

Dass Virusvarianten, die sich in unterschiedlichen Weltregionen herausgebildet haben, teilweise die gleichen Veränderungen aufweisen, ist kein Zufall. Eine Eigenschaft wie die verbesserte Bindung an menschliche Zellen, ist für das Virus in Brasilien genauso von Vorteil wie in Großbritannien. Unempfindlicher gegen verfügbare Impfungen zu sein, begünstigt die Verbreitung in Südafrika und künftig vielleicht in Deutschland. Dass sich teilweise gleiche Mutationen durchsetzen, könnte aber auch auf eine Schwäche des Erregers hinweisen. „Es deutet sehr stark darauf hin, dass das Virus nur begrenzte Möglichkeiten hat, sich der Antikörperantwort zu entziehen“, sagt Pöhlmann. Zudem verändert sich das Coronavirus langsamer als etwa Grippeviren. „Es gibt aber Hinweise darauf, dass sich das Auftreten von Mutationen in den letz-

ten Monaten tendenziell beschleunigt hat“, sagt Andreas Berghalter, leitender Molekularmediziner an der Österreichischen Akademie der Wissenschaften. Mutationen beschränken sich auch nicht auf das Stachelprotein. „Mutationen in anderen Virusgenen könnten den Viruslebenszyklus und damit auch das Infektionsgeschehen genauso beeinflussen“, sagt Berghalter. Das könnten etwa Mutationen der Enzyme sein, mit denen das Virus sein Erbgut vermehrt. Antikörper gegen das Stachelprotein wären dann aber weiterhin wirksam.

Der Molekularmediziner rät, das Mutationsgeschehen weiterhin sehr eng zu überwachen, um neu auftretende Mutationen und Varianten einordnen und Impfstoffe rechtzeitig anpassen zu können. Der derzeit langsam, aber stetig zunehmende Impfschutz in der Bevölkerung in Deutschland und anderen Ländern verändert die Fortpflanzungsbedingungen für das Virus, an die es sich fortwährend anpasst. Solange es viele ungeimpfte Menschen gibt, in denen sich das Virus ungehindert vermehren kann, hat es ein sicheres Reservoir. Gleichzeitig trifft es auf immer mehr Menschen, die nach Impfungen Antikörper haben und in denen sich nur bestimmte Virusmutanten vermehren können. Je länger wir dem Virus Gelegenheit geben, sich zu verbreiten und dabei Personen mit einer Antikörperantwort zu infizieren, umso wahrscheinlicher entstehen neue Varianten, die sich der Antikörpererwehren können“, sagt Pöhlmann. So könnten auch die südafrikanische und die brasilianische Variante entstanden sein. „Und es kann auch in Zukunft so passieren.“

Mit Leben gefüllt

Interaktiv und respektvoll: Wie das Humboldt-Labor im Berliner Stadtschloss funktionieren kann

Über eine 25 Meter lange und sechs Meter hohe Wand rollt die Katastrophe des 11. Septembers 2001. Die Twin Towers, die Flugzeuge, die hineinfliegen, die Explosionen, das Einstürzen der Türme. Verschiedene Perspektiven auf 24 Leinwandrollen, die ab- und wieder aufgerollt werden. Dann eine kurze Zeit der Stille. Jetzt erscheint der Berliner Politikwissenschaftler Michael Zürn und erklärt: „Das Jahr 2001 kann als Wendepunkt angesehen werden, von dem Moment an sind die Anfechtungen des liberalen Skripts stärker geworden.“

Eine Minute spricht der Co-Direktor des Exzellenzclusters „Herausforderungen für die liberale Demokratie“ (Constellations of the Liberal Script) im Video, alle Sätze werden zum Mitlesen verschriftlicht. Und doch ist es kaum möglich, in dieser kurzen Zeit zu erfassen, worum es geht. Auch wenn die brillante Optik der Bilder und der klare Ton, der lauter wird, je näher man an die Wand herantritt, technisch perfekt gemacht sind.

Die eigens für das Humboldt-Labor erfundene interaktive Wand ist für Chefkurator Gorch Pieken das Herzstück dieser universitären Ausstellung im Humboldt-Forum. Doch das Integrative Forschungsinstitut Thesys zu Transformationen von Mensch-Umwelt-Systemen und der an der Freien Universität angesiedelte Exzellenzcluster Liberal Script, die als herausgehobene Beispiele für die Wand dominieren, bleiben eine schwere Materie für die Wissenschaftsschau, gibt Pieken zu.

Umso gespannter ist er auf die ersten Besucher:innen. Doch wann sie, abgesehen von jetzt beginnenden Presseführungen und Probelaufen, das rekonstruierte Stadtschloss in der Mitte Berlins und damit auch das Humboldt-Labor betreten, ist pandemiebedingt derzeit nicht absehbar. Noch wird auf der Homepage eine Eröffnung „im Frühjahr“ in Aussicht gestellt. Fest steht nur eines: Bis auf wenige letzte Handgriffe ist die Ausstellung fertig. Aber wird sie dann auch „funktionieren“ für die Menschen, die ethnologische Sammlungen, Berlin-Geschichte und eben auch einen Einblick in die Berliner Universitätsgeschichte erwarten?

Sicher ist sich der Chefkurator, dass das Entrée in die Ausstellung gelingt – die Begegnung mit einem interaktiven Fischschwarm, der im Foyer des Labors als Pixelwolke auf einer Art monumentalem Duschvorhang „lebt“ und auf die Bewegung des Publikums mit Gegenbewegungen reagiert. „Die Besucher erfahren intuitiv, dass ihr Tun und Unterlassen Auswirkungen auf ihre Umwelt hat“, sagt Pieken. Diese Simulation stehe außerdem dafür, dass Wissenschaft die Wirklichkeit mithilfe von Modellen erklärt.

Sich dann in nur ein Statement von einer Wissenschaftlerin oder einem Wissenschaftler zu vertiefen, funktionieren schon für sich, denn jedes bilde eine Sinnheit, versichert der Ausstellungsmacher. Die Wand sei auch ein „pädagogischer Köder, sich auf die Begegnung mit den Wissenschaftler:innen einzulassen“. Und vor der interaktiven und multimediale Bild-Text-Projektion, die die ganze Länge des Hauptsala einnimmt, finden sich in von der Decke hängenden Vitrinen jede Menge weiterer „Köder“, die wiederum mit den auf den Rollos präsentierten Themen interagieren.

Die meisten Objekte stammen aus den historischen Sammlungen der ersten Berliner Universität, die in der DDR-Zeit nach ihrem Gründer Wilhelm von Humboldt und seinem Bruder Alexander, dem großen Naturforscher, benannt wurde.

Spricht auf einem Rollo ein junger Klimaforscher über fatale Umweltfolgen von Staudammprojekten etwa in Brasi-

lien, lassen sich in der dritten Vitrinenreihe die Karten eines heute betroffenen Flusslaufs entdecken, der im 19. Jahrhundert von Emilie Snethlage erforscht wurde. Blickfang in der Vitrine sind Glasperlencolliers, die Snethlage bei ihren Reisen von Ureinwohnern erwarb. Auch sie überdauerten – und halfen aus ihrer Heimat vertriebenen Nachfahren der damaligen Schmuckkünstlerinnen, ihre regionale Herkunft zu beweisen, erzählt Pieken.

Das ist eines von unzähligen Beispielen aus der Ausstellung, die Forschungsgeschichte und ihre Vernetzung bis in die heutige Zeit anschaulich erzählen. Und das auch quer zur bekannten, von männlichen Protagonisten dominierten Wissenschaftsgeschichte, indem etwa klassische Gelehrtenporträts von einer jungen Künstlerin mit einem ironischen Bildkommentar versehen werden: Das Rafael-Fresco der „Schule von Athen“ wird mit gut zwei Dutzend berühmten Frauen nachgestellt – von Hannah Arendt bis Greta Thunberg.

Solche künstlerischen Brücken, auch über Leerstellen hinweg, haben Pieken und sein Team mehrfach in die Ausstellung eingebaut. Als widerständige Identifikationsfigur steht der Tank Man des spanischen Künstlers Fernando Sánchez Castillo in einer Vitrine: Das Plastilin-Abbild eines nie identifizierten jungen Mannes,



Gegen erste Bedenken ist das Lautarchiv doch zugänglich. Foto: HU Berlin/Philipp Plum

der sich 1989 auf dem Tiananmen-Platz den Panzern entgegenstellte. 5000 Miniaturen der Figur warten auf die Besucher:innen. Wer einen schriftlichen Kommentar zur Demokratie – und für die Forschenden zu den bedrohten „Liberal Scripts“ – hinterlässt, darf einen Tank Man mit nach Hause nehmen. Eine andere Intervention sind „afrikanische“ Masken, die der Künstler Romuald Hazoumé aus Kanistern schnitzte, in denen Benzin von Nigeria nach Benin geschmuggelt wird. Sie sollen dem Publikum sein Verlangen nach Exotik entgegenhalten, persiflieren die Begeisterung des Westens für „afrikanische Kunst“.

Zum problematischen Erbe der Humboldt-Uni gehören Teile ihres Lautarchivs, die nun entgegen erster Bedenken doch ausgestellt werden. Wer aber heute im Humboldt-Labor die Worte eines sudanesischen Gefangenen hören möchte, muss zuvor seine Biografie lesen und seinen Namen Mohammed ben Sala in ein Mikrofon sprechen – als Geste des Respekts, wie Gorch Pieken sagt.

Respekt gebührt auch ihm und seinem Team dafür, die abstrakte Idee des Humboldt-Labors mit Leben gefüllt zu haben. Jetzt müssen sich der Fisch-Vorhang und die vielen Rollos nur noch für das echte Publikum öffnen. AMORY BURCHARD



In Bewegung. Die Objektivtrinen hängen flexibel von der Decke, die Medienwand im Hintergrund ist interaktiv. Vorne rechts eine Maske von Romuald Hazoumé. Foto: HU Berlin/Plum

NACHRICHTEN

Invasive aquatische Arten verursachen Milliarden Schäden

Aus anderen Erdregionen eingeschleppte wasserlebende Tiere und Pflanzen haben allein im vergangenen Jahr Kosten von mehr als 20 Milliarden US-Dollar verursacht. Das berichtet ein internationales Forscherteam unter Leitung des Kieler Geomar Helmholtz-Zentrums im Fachblatt „Science of the Total Environment“. Seit den 1970er Jahren seien Kosten von mindestens 345 Milliarden US-Dollar entstanden, sagt Ross Cuthbert, Ökologe und Erstautor der nach eigenen Angaben ersten globalen Datenanalyse – etwa durch in-

vasive Muscheln, die Einlassrohre von Fabriken, Kraftwerken oder Wasseraufbereitungsanlagen verstopfen, oder gebietsfremde Parasiten, die „katastrophale Einbrüche in der kommerziellen Fischerei verursachen“. Womöglich seien die Kosten noch sehr viel höher. „Für viele Länder und bekannte schädliche invasive Arten, vor allem in Afrika und Asien, wurden die Kosten nie gemeldet“, sagt Cuthbert und fordert, mehr Mittel in das Management und die Prävention von Invasionen zu investieren. „Das wäre gut angelegtes Geld, um aktuelle und zukünftige Schäden zu verhindern und zu begrenzen.“ dpa