

[Tyler Durden.zerohedge.com](https://tylerdurden.zerohedge.com)

Seit Januar, als Peking der weltweiten wissenschaftlichen Gemeinschaft endlich ein kartografiertes Genom zur Verfügung stellte (obwohl die frühe Forschung auch durch die britische Zeitschrift "The Lancet" herausgefiltert wurde), haben Wissenschaftler hart daran gearbeitet, die Geheimnisse von SARS-CoV-2 zu lüften. Zu diesem Zeitpunkt haben Wissenschaftler auf dem Globus Hunderttausende von Virusproben aus der ganzen Welt untersucht. Sie haben ihren genetischen Code verglichen und einander gegenübergestellt, und sie haben ein scheinbar wichtiges Muster identifiziert. Das heißt: Die früheste Version des Virus, die sich in Wuhan verbreitete, ist genetisch nicht identisch mit der Iteration, die später Europa und die USA eroberte.

Einem [Bericht von Bloomberg](#) zufolge, der die Ergebnisse von vier nicht von Fachleuten überprüften Studien vergleicht, scheint eine bemerkenswerte Mutation des Virus, die bereits früh während seiner weltweiten Kampagne auftrat, dazu beigetragen zu haben, COVID-19 in späteren Iterationen infektiöser zu machen als in den ersten Wochen des Ausbruchs. Das weckt Befürchtungen, dass sich das Virus in einer Weise weiterentwickeln könnte und die Wissenschaftlern, die an einem Impfstoff arbeiten entzieht oder das Virus einfach nur tödlicher macht.

Mindestens vier Laborexperimente deuten darauf hin, dass die Mutation das Virus infektiöser macht, obwohl keine dieser Arbeiten von Fachkollegen begutachtet wurde. Eine andere unveröffentlichte Studie, die von Wissenschaftlern des Los Alamos National Laboratory geleitet wird, behauptet, dass Patienten mit der G-Variante tatsächlich mehr Virus im Körper haben, was die Wahrscheinlichkeit erhöht, dass sie es auf andere übertragen.

Die Mutation scheint die Menschen nicht kränker zu machen, aber eine wachsende Zahl von Wissenschaftlern befürchtet, dass sie das Virus ansteckender gemacht hat.

"Die epidemiologische Studie und unsere Daten zusammen erklären wirklich, warum sich die [G-Variante] in Europa und den USA so schnell verbreitet hat", sagte Hyeryun Choe, Virologe bei Scripps Research und Hauptautor einer unveröffentlichten Studie über die erhöhte Infektiosität der G-Variante in Laborzellkulturen. "Dies ist nicht nur ein Zufall."

Ein anderes Forscherteam war schockiert, als es feststellte, um wie viel wirksamer diese Mutation das Virus in Bezug auf seine Fähigkeit, in menschliche Zellen einzudringen, machte.

Neville Sanjana, Genetiker am New Yorker Genomzentrum und an der New York University, versuchte herauszufinden, welche Gene es SARS-CoV-2 ermöglichen, in menschliche Zellen einzudringen. In Experimenten, die auf einer Gensequenz aus einem frühen Fall des Virus in Wuhan basierten, kämpfte er jedoch darum, diese Form des Virus dazu zu bringen, Zellen zu infizieren. Dann wechselte das Team zu einem Modellvirus, das auf der G-Variante basierte.

"Wir waren schockiert", sagte Sanjana. "Voilà! Es war einfach diese enorme Zunahme der Virusübertragung." Sie wiederholten das Experiment in vielen Zelltypen, und jedes Mal war die Variante um ein Vielfaches infektiöser.

Die fragliche Mutation ist unter der Bezeichnung D614G oder kurz "G" bekannt. Bislang wurde die "G"-Mutation in etwa 70% der etwa einer halben Million Proben gefunden, die in eine gemeinsame Datenbank für Wissenschaftler auf der ganzen Welt hochgeladen wurden. Dies hat viele Wissenschaftler von ihrer Bedeutung überzeugt, insbesondere weil die Mutation in einem Teil des Genoms vorkommt, der das berüchtigte "Spike"-Protein steuert, das dem Virus seinen Namen gibt ("corona" = Krone auf Lateinisch) und von dem man annimmt, dass es ihm ermöglicht, in menschliche Zellen einzudringen.

"Ich denke, dass wir langsam anfangen, zu einem Konsens zu kommen", sagte Judd Hultquist, Virologe an der Northwestern University.

Und obwohl es bei der Suche nach einem Heilmittel nicht weiterhilft, ist das Verständnis der Rolle dieser Mutationen entscheidend für das Verständnis der Funktionsweise des Virus. Dies wiederum würde es den Wissenschaftlern ermöglichen, Mutationen zu verfolgen und ihnen helfen, zu erkennen, welche die Fähigkeit des Virus, menschliches Leben zu zerstören oder verbessern könnten.

"Zu verstehen, wie Übertragungen stattfinden, wird keine Wunderwaffe sein, aber es wird uns helfen, besser zu reagieren", sagte Sabeti. "Dies ist ein Wettlauf gegen die Zeit."

Allerdings können die Wissenschaftler selbst bei all der bisherigen Forschung nicht viel, wenn überhaupt etwas mit Sicherheit über die Mutation sagen. Es mag andere Erklärungen für die Dominanz der "G"-Variante in der globalen Pandemie geben: Vielleicht haben Verzerrungen bei der Erhebung genetischer Daten dazu geführt, dass sie in den Proben überrepräsentiert war, oder Macken, die dazu führten, dass die "G"-Variante in besonders anfälligen Populationen dominierte.

"Unterm Strich haben wir noch nichts Definitives gefunden", sagte Jeremy Luban, Virologe an der University of Massachusetts in Amherst.

Denken Sie daran, wenn Sie das nächste Mal Trump, Dr. Fauci oder den "Impfstoffzar" des Weißen Hauses über die Möglichkeit diskutieren, bis zum Jahresende einen Impfstoff zur Verfügung zu haben, oder wenn Sie das nächste Mal einen Ländervertrag über den Kauf von Millionen von Dosen von Gileads Remmdeisvir sehen, denken Sie einfach daran.

**["This Is Not Just Accidental": How One Coronavirus Mutation Helped The Virus Conquer The Globe](#)**

Übersetzt mit Hilfe von DeepL.com