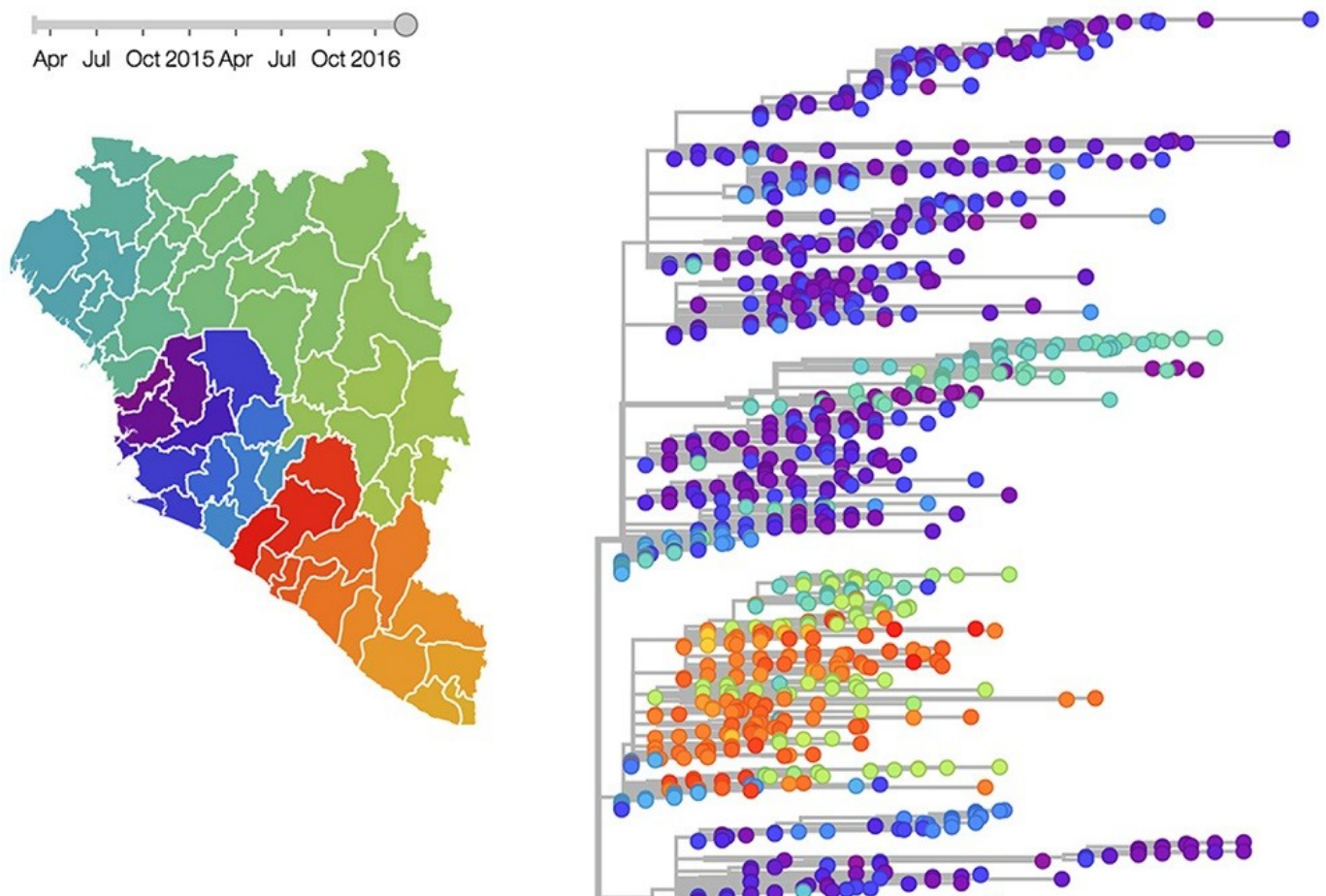


„Open Science“ – Erfolgsrezept zur Viren-Bekämpfung

Feind erkannt, Feind gebannt: Je besser die dynamische Veränderung des viralen Erbguts verstanden wird, umso besser kann die Verbreitung der Erreger vorhergesagt und umso effizienter können Gegenmaßnahmen getroffen werden. Wissenschaftler aus Tübingen und Seattle entwickeln eine frei zugängliche Online-Plattform, die das Evolutionsgeschehen der Viren abbildet und gefährliche Entwicklungen aufzeigen kann.



Rekonstruierter Stammbaum von Ebola-Viren mit dazugehöriger geografischer Ausbreitung der Infektion.
© R. Neher / T. Bedford

Wenn eine Viren-Epidemie ausbricht, sind die Reaktionen immer auch ein Wettlauf mit der Zeit. Je früher infizierte Personen identifiziert und behandelt sowie je nach Virus auch isoliert werden, umso eher lässt sich die Ausbreitung des Erregers eindämmen. Die Gesundheitsbehörden können jedoch

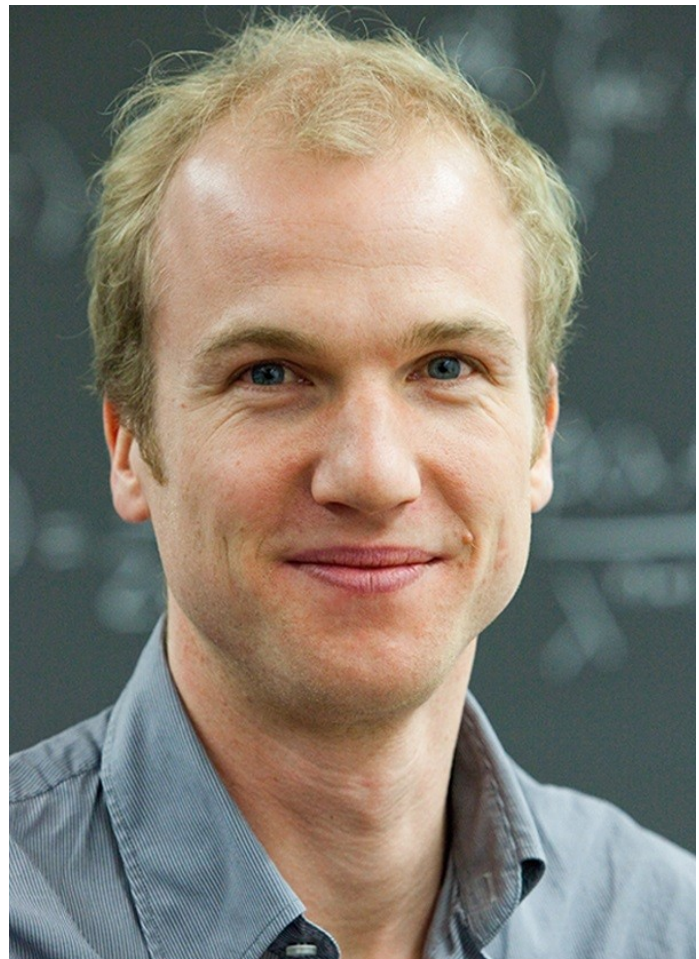
nur dann entsprechend reagieren, wenn sie erstens umfassende und zweitens aktuelle epidemiologische Informationen über das jeweilige Virus erhalten. Ein wesentliches Werkzeug dafür entwickeln Forscher am Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie in Tübingen. Dr. Richard Neher und sein Team arbeiten zusammen mit Kollegen um Dr. Trevor Bedford vom Fred Hutchinson Cancer Research Center in Seattle an einer frei zugänglichen Online-Plattform. Sie soll Daten zu aktuellen Virusstämmen, ihrer geografischen Ausbreitung und den Übertragungswegen sammeln, analysieren und verständlich darstellen. Dafür entwickeln die Forscher spezielle neue Algorithmen und Visualisierungen.

Viren vermehren sich äußerst schnell und sind in der Regel äußerst mutationsfreudig. Genau das machen sich die Forscher jetzt zunutze: Anhand der häufigen spontanen Mutationen kann die Software aus den genomischen Sequenzdaten möglichst vieler Einsender den Verwandtschaftsgrad der Viren bestimmen. Daraus wiederum lassen sich Stammbäume konstruieren, die zeigen, wie sich die Viren evolutionär weiterentwickeln und ausbreiten. „Jeder Baum sieht anders aus. Viren, die sich wie HIV relativ schlecht übertragen lassen, zeigen eine ganz andere Dynamik als zum Beispiel Grippeviren, die durch simple Tröpfcheninfektion verbreitet werden. Solche Unterschiede schlagen sich im Muster der Bäume nieder“, erklärt Neher. Trotz der unterschiedlichen Muster haben die Stammbäume aus der Software-Schmiede der Wissenschaftler eines gemeinsam: Der Nutzer sieht, wo sich welche Mutationen in welcher Geschwindigkeit verbreiten und durchsetzen. „Virusevolution will nicht irgendwo hin, sondern irgendwo weg, zum Beispiel wird Impfungen ausgewichen, indem sich Mutationen durchsetzen, die zu Resistenzen führen“, so Neher. Die Darstellung dieser Zusammenhänge hilft bei der Impfstoff-Entwicklung. Bei Grippe zum Beispiel lässt sich dann deutlich besser vorhersagen, welche Virus-Typen gerade in welchen Regionen auf dem Vormarsch sind.

Strukturen schaffen, um Daten schnell zu sammeln und zu teilen

Das Online-System wird so gestrickt, dass die Daten, egal von wo auf der Welt sie eingegeben werden, sofort in die Darstellung einfließen und den Nutzern damit quasi in Echtzeit zur Verfügung stehen. „Der wesentliche Punkt ist natürlich, schnell an die Daten zu kommen. Die Logistik dafür ist die größte Herausforderung“, räumt Neher ein. Seine bisherigen Erfahrungen sind jedoch durchaus positiv: „Bei Ebola haben wir die RNA-Sequenzen circa eine Woche nach der Probennahme vorliegen, und in der Grippezeit erhalten wir rund alle zwei Wochen neue Sequenzinformationen der grassierenden Influenza-Viren.“ Auch bei der aktuellen Zika-Epidemie in Brasilien erhält das Team dank mobiler Labore, die zum Beispiel im Campingbus durch die Lande fahren, zeitnah Daten. Die Auswertungen dauern jeweils nur rund eine Stunde, dann stehen die Informationen für jeden sichtbar online.

Nutzen bringt das Ganze jedoch nur dann, wenn die entscheidenden Akteure mitziehen,



allen voran die Gesundheitszentren vor Ort in dem betroffenen Land. Um hier das Bewusstsein der Verantwortlichen zu schärfen und den Umgang mit dem Online-Portal zu erleichtern, haben Neher und seine Kollegen bereits Workshops an nationalen Grippezentren durchgeführt. Das hat auch für die Wissenschaftler selbst seinen Nutzen, denn so erfahren sie, wo es in der Praxis hakt und wo sie etwa bei der Gestaltung ihrer Online-Plattform noch nachbessern müssen.

Dr. Richard Neher setzt unter anderem die Gelder aus seinem ERC Starting Grant (European Research Council) für die Entwicklung der Open-Science-Plattform ein.
© Jörg Abendroth / Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie

Erfolgsrezept „Open Science“

Durch den freien Datenzugang und -austausch sollen sich die Dynamik und damit der Erfolg der Online-Plattform von selbst verstärken. Dabei verschweigt Neher jedoch nicht die mit „Open Science“ stets verbundenen Probleme. „Mitunter halten Forschergruppen Daten zurück, um diese zunächst publizieren zu können. Deshalb arbeiten wir daran, dass die Daten auf der Plattform genutzt werden können, ohne dass es zu Problemen mit der Anerkennung von Erstveröffentlichungen kommt“, sagt Neher. Es ist ihm ein echtes Anliegen, Daten offenzulegen und Ergebnisse öffentlich zu teilen, um epidemiologische Vorhersagen zu verbessern. Neher sieht darin auch einen potenziellen makroökonomischen Nutzen und macht eine Überschlagsrechnung auf: „Wenn zum Beispiel die Wirksamkeit der Grippeimpfung aufgrund unserer Vorhersagen auch nur um zwei Prozent verbessert werden kann, hätten wir schon eine Million weniger Erkrankungen und 10 Millionen weniger Krankheitstage.“

Auch große US-Einrichtungen sehen den Wert eines offenen Datenaustausches. So haben der US Wellcome Trust, die Nationalen Gesundheitsinstitute der USA (NIH) und das Howard Hughes Medical Institute den „Open Science Prize“ ausgelobt, um den offenen Austausch von Daten und damit die biomedizinische Forschung sowie deren Anwendungen für die Gesundheit voranzubringen. Das Team um Neher und Bedford gehört zu den Gewinnern der ersten Wettbewerbsrunde 2016. Sie erhielten im Mai 2016 80.000 US\$ für die Weiterentwicklung der Online-Plattform, mit der sie in die zweite Runde starten werden. Parallel dazu denkt Neher bereits daran, die Arbeit auf andere Erreger auszuweiten. Dabei hat er neben tierpathogenen Viren auch Bakterien im Sinn: „Bei Bakterien passiert vieles, was nicht nur mit Mutationen zu tun hat, zum Beispiel werden Plasmide ausgetauscht, was uns methodisch vor ganz neue Herausforderungen stellen wird.“

Fachbeitrag

27.07.2016

Dr. Heike Lehmann

© BIOPRO Baden-Württemberg GmbH

Weitere Informationen

Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie

Dr. Richard Neher

Spemannstr. 35

72076 Tübingen

Tel.: +49 (0)7071 601-1345

E-Mail: richard.neher(at)tuebingen.mpg.de

- ▶ [Blog neherlab.wordpress.com](http://Blog.neherlab.wordpress.com)
 - ▶ [Realtime Influenza Tracking](#)
-

Der Fachbeitrag ist Teil folgender Dossiers



Data-Mining: Neue Chancen für Medizin und Gesundheit



Infektionskrankheiten des Menschen: Neue Bedrohungen

Bioanalytik

Infektionskrankheiten

Prävention

Sequenzierung

Virus

Evolution

Software

Datenbank

Impfstoff

Grundlagenforschung

Influenza

DNA-Analytik

Data Mining