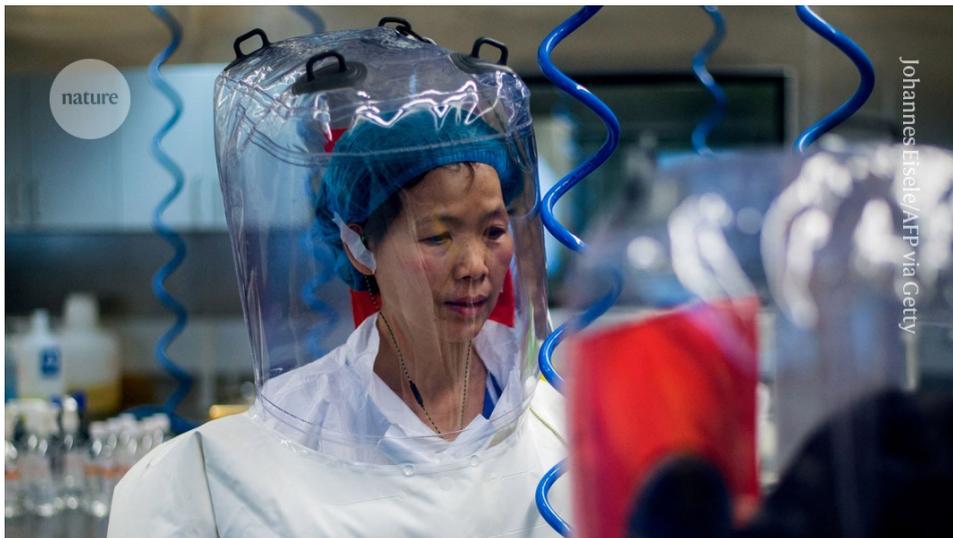




## Wuhan-Labormuster zeigen keine engen Verwandten des COVID-Virus

Neue Forschungsergebnisse von Shi Zhengli zeigen, dass Wuhan-Labormuster keine nahen Verwandten von SARS-CoV-2 enthalten.



Nach Jahren von Gerüchten, dass das Virus, das COVID-19 verursacht, **aus einem Labor** in China entwichen ist, hat die Virologin, die im Zentrum der Überlegungen steht, Daten über Dutzende neuer Coronaviren präsentiert, die von Fledermäusen in Südchina gesammelt wurden. Auf einer Konferenz in Japan berichtete Shi Zhengli, eine Spezialistin für Fledermauscoronaviren, dass keines dieser Viren, die in ihren Gefriergeräten aufbewahrt werden, die neuesten Vorfahren des Virus SARS-CoV-2 sind.

Shi leitete die Coronavirusforschung am Wuhan Institute of Virology (WIV), einem Hochsicherheitslabor, als die ersten Fälle von COVID-19 in dieser Stadt gemeldet wurden. Bald darauf **tauchten Theorien auf**, dass das Virus aus dem WIV

entwichen sei – entweder versehentlich oder absichtlich.

Shi hat konsequent betont, dass SARS-CoV-2 nie in ihrem Labor gesehen oder **untersucht wurde**. Dennoch haben einige Kommentatoren weiterhin die Frage aufgeworfen, ob eines der vielen Fledermauscoronaviren, die ihr Team über Jahrzehnte in Südchina gesammelt hat, eng verwandt sein könnte. Shi versprach, die Genome der Coronaviren zu sequenzieren und die Daten zu veröffentlichen.

Die neueste Analyse, die noch nicht von Fachkollegen begutachtet wurde, umfasst Daten aus den vollständigen Genomen von 56 neuen Betacoronaviren, der breiten Gruppe, zu der auch SARS-CoV-2 gehört, sowie einige partielle Sequenzen. Alle Viren wurden zwischen 2004 und 2021 gesammelt.

„Wir haben keine neuen Sequenzen gefunden, die enger mit SARS-CoV-1 und SARS-CoV-2 verwandt sind“, sagte Shi in einer vorab aufgezeichneten Präsentation auf der Konferenz „Vorbereitung auf die nächste Pandemie: Evolution, Pathogenese und Virologie der Coronaviren“ auf Awaji, Japan, am 4. Dezember. Zu Beginn dieses Jahres wechselte Shi vom WIV zum Guangzhou-Labor, einem neu gegründeten nationalen Forschungsinstitut für Infektionskrankheiten.

Die Ergebnisse unterstützen ihre Behauptung, dass das WIV-Labor keine von Fledermäusen stammenden Sequenzen von Viren hatte, die enger mit SARS-CoV-2 verwandt sind als bereits in wissenschaftlichen Publikationen beschriebene, sagt Jonathan Pekar, ein Evolutionsbiologe an der Universität Edinburgh, UK. „Das bestätigt einfach, was sie gesagt hat: dass sie nichts hatte, das extrem eng verwandt war, wie wir in den Jahren seitdem gesehen haben“, fügt er hinzu.

Die nächstbekanntesten Viren zu SARS-CoV-2 wurden in Fledermäusen in Laos und Yunnan, Südchina, gefunden – aber es sind Jahre, wenn nicht Jahrzehnte vergangen, seit sie ihren engsten gemeinsamen Vorfahren mit dem Virus, das COVID-19

verursacht, geteilt haben. „Sie hat im Grunde genommen vieles gefunden, was wir erwarten“, sagt Leo Poon, ein Virologe an der Universität Hongkong.

## Langjährige Zusammenarbeit

Über Jahrzehnte hat Shi mit **Peter Daszak**, dem Präsidenten der EcoHealth Alliance, einer gemeinnützigen Organisation mit Sitz in New York City, zusammengearbeitet, um Fledermäuse in Südchina auf Coronaviren zu untersuchen und ihr Risiko für den Menschen zu studieren. Die Arbeit wurde **finanziert durch die National Institutes of Health der USA** und die US-Agentur für internationale Entwicklung, aber im Mai dieses Jahres hat die **Regierung die Bundesförderung** für EcoHealth ausgesetzt, da keine angemessene Aufsicht über die Forschungsaktivitäten im WIV gewährleistet war. Diese Aktivitäten umfassten die Modifikation eines Coronaviren, das mit dem schweren akuten Atemwegssyndrom (SARS) in Verbindung steht, um die potenziellen Ursprünge dieser Art von Virus in Fledermäusen zu untersuchen.

Im Laufe der Jahre sammelte die Zusammenarbeit zwischen Shi und Daszak mehr als 15.000 Abstriche von Fledermäusen aus der Region. Das Team testete diese auf Coronaviren und sequenzierte die Genome der positiven Testergebnisse erneut. Die Sammlung erweitert die bekannte Vielfalt der Coronaviren. „Sie fand Sequenzen, die zumindest dazu beitragen, unser Verständnis von Coronaviren zu erweitern“, sagt Pekar.

In einer umfassenderen Analyse von 233 Sequenzen – einschließlich der neuen Sequenzen und einiger zuvor veröffentlichten – identifizierten Shi und ihre Kollegen 7 breite Linien und Beweise für Viren, die umfangreich RNA-Abschnitte austauschten, ein Prozess, der als Rekombination bekannt ist. Daszak sagt, dass die Analyse auch das Risiko dieser Viren bewertet, auf den Menschen überzuspringen und potenzielle Arzneimittelziele identifiziert; „Informationen von direktem Wert für die öffentliche Gesundheit“.

Daszak berichtet, dass das Team aufgrund von Mittelstreichungen, Herausforderungen bei der Arbeit über verschiedene Regionen und **mehreren US-Regierungsuntersuchungen von EcoHealth** Verzögerungen bei der Einreichung der Arbeiten zur Begutachtung erlebt hat. Die Forscher planen jedoch, die Analyse in den nächsten Wochen in einer Fachzeitschrift einzureichen.

**Besuchen Sie uns auf: [natur.wiki](http://natur.wiki)**