

26./27.02.2025

Alte DNA und Krankheiten: Krankheitserregern der Vergangenheit auf der Spur

Verena Schünemann, Prof. Dr.

Zusammenfassung

Die Forschung an alten Krankheitserregern ermöglicht es uns, neue Perspektiven auf die Evolutionsgeschichte von Krankheitserregern und ihre Anpassung an verschiedene Wirtsorganismen zu gewinnen. Durch die Integration neuester alter DNA-Methoden ist es möglich historische Pandemien durch die Identifizierung ihrer Erreger in genomweiten Studien zu charakterisieren sowie die Geschichte eines Krankheitserregers über die Zeit zurückverfolgen. Hier werden wir Beispiele untersuchen, die die verschiedenen Richtungen im Bereich der Genomik alter Krankheitserreger hervorheben, um aktuelle und zukünftige Perspektiven des Fachgebiets aufzuzeigen.

Als Beispiele werden in diesem Vortrag mehrere wichtige menschliche Krankheitserreger besprochen, unter anderen *Yersinia pestis*, das beim Menschen Beulen- und Lungenpest verursacht, und *Mycobacterium leprae*, der Hauptverursacher von Lepra. Wir werden auch einen „One Health-in-der-Vergangenheit“-Ansatz anwenden, der erstmals ein mittelalterliches Tierreservoir -das europäische rote Eichhörnchen- für Lepra in das Bild einbezieht, um die zoonotische Vergangenheit der Krankheit und das aktuelle Potenzial einer Krankheit besser zu verstehen. Ausserdem werden wir auf die neuesten Entwicklungen der Museomics-Forschungsrichtung eingehen, welche sich mit Proben aus Museen und pathologischen Sammlungen beschäftigt. Diese Proben ermöglichen die Sequenzierung einer Gruppe von Krankheitserregern, die aufgrund ihrer begrenzten Konservierung normalerweise unerreichbar ist: alte RNA-Viren, zum Beispiel Grippe Viren aus der Zeit der Spanischen Grippe. Solche Viren können aus Formalin-fixierten Feuchtpräparaten gewonnen werden, von denen viele tausend gut dokumentierte Exemplare in den jeweiligen Sammlungen kuratiert werden.

Zusammengenommen zeigen diese Beispiele das Potenzial der alten DNA-Forschung, zu mehr Einblicken in die Evolutionsgeschichte von Krankheiten beizutragen und komplexere Muster in ihrer früheren Diversität und Verbreitung aufzudecken, als bisher angenommen.

Literatur und Internetlinks

Urban et al (2024). Ancient *Mycobacterium leprae* genome reveals medieval English red squirrels as animal leprosy host. Curr Biol. 34(10):2221-2230.e8. doi: 10.1016/j.cub.2024.04.006.

Patrono et al (2022). Archival influenza virus genomes from Europe reveal genomic variability during the 1918 pandemic. Nat Commun. 13(1):2314. doi: 10.1038/s41467-022-29614-9

Urban et al (2021). One Health Approaches to Trace *Mycobacterium leprae*'s Zoonotic Potential Through Time. Front Microbiol. 12:762263. doi: 10.3389/fmicb.2021.762263.

Pfengle et al. (2021). *Mycobacterium leprae* diversity and population dynamics in medieval Europe from novel ancient genomes. BMC Biol. 19(1):220. doi: 10.1186/s12915-021-01120-2.

Morozova et al. (2020). New ancient Eastern European *Yersinia pestis* genomes illuminate the dispersal of plague in Europe. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 375(1812):20190569. doi: 10.1098/rstb.2019.0569.

<https://ipna.duw.unibas.ch/de/forschung/archaeobiologie/archaeogenetik/>

Kontakt

Prof. Dr. Dr. Verena Schünemann, Professor for Archaeological Sciences, Head Integrative Prehistory and Archaeological Sciences Unit (IPAS), Department of Environmental Sciences
Universität Basel, Spalenring 145, 4055 Basel



**Universität
Basel**