

14.12.2023 – 20:00 Uhr

Tödliches Hühnervirus: Alte DNA enthüllt Evolution der Virulenz

München, Bayern (ots) -

- Ein internationales Team um LMU-Paläogenetiker Laurent Frantz hat mittels genetischer Analysen die Evolutionsgeschichte des Erregers einer tödlichen Hühnerkrankheit enthüllt.
- Die Forschenden verglichen alte und neue DNA und identifizierten genetische Veränderungen, die das Virus aggressiver machten.
- Die Ergebnisse können zur Entwicklung besserer Methoden zur Behandlung von Virusinfektionen beitragen.

Die Mareksche Krankheit ist eine in Deutschland meldepflichtige Tierkrankheit, die vom weltweit verbreiteten Marek-Virus (MDV) verursacht wird. Im letzten Jahrhundert wurde das Virus, das bei Hühnern Tumoren hervorruft und mit einer hohen Sterblichkeit verbunden ist, immer aggressiver. Seine Bekämpfung kostet die Geflügelindustrie jährlich über eine Milliarde Dollar. Ein internationales Team von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern unter der Leitung von LMU-Paläogenomiker Professor Laurent Frantz sowie Professor Greger Larson und Professor Adrian Smith von der Universität Oxford hat nun mithilfe alter DNA die Evolution des Marek-Virus entschlüsselt und aufgeklärt, was hinter der steigenden Virulenz steckt.

Das internationale Team aus den Fachbereichen Paläogenetik, Archäologie und Biologie isolierte Virengenome von bis zu 1000 Jahre alten Hühnerknochen aus 140 archäologischen Stätten in Europa und dem Nahen Osten. "Unsere Daten zeigen, dass das Virus mindestens 1.000 Jahre vor der ersten Beschreibung der Krankheit im Jahr 1907 bereits weit verbreitet war", sagt Frantz. Als die Krankheit zum ersten Mal beschrieben wurde, führte sie nur bei älteren Hühnern zu leichten Symptomen. Mit dem drastischen Anstieg der Hühnerhaltung in den 1950er- und 1960er-Jahren hat sich das Virus weiterentwickelt und wurde trotz der Entwicklung mehrerer Impfstoffe immer virulenter.

Alte Virenstämme verursachten wahrscheinlich keine Tumoren

Durch den Vergleich mit Virusgenomen moderner Vögel ermittelten die Forschenden Mutationen in mehreren Genen, die wahrscheinlich den Schweregrad der Infektion bestimmen und mit der Zunahme der Virulenz in Verbindung stehen. Eines dieser viralen Gene - Meq - ist für die Tumorbildung verantwortlich. Indem sie alte und moderne Formen des Meq-Gens mithilfe von Zellkulturen testeten, wiesen die Forschenden nach, dass die alte Form weniger aggressiv war als die moderne - die alten Virenstämme waren daher wahrscheinlich nicht in der Lage, Tumoren zu verursachen.

Die Autoren vermuten, dass die steigende Virulenz einerseits auf die Zunahme der weltweiten Hühnerpopulation seit den 1950er-Jahren zurückzuführen sei, wodurch sich auch die Zahl neuer Mutationen erhöht habe. Außerdem habe die Verwendung bestimmter Impfstoffe, die zwar symptomatische Erkrankungen verhindern, aber die Übertragung des Virus nicht unterbinden, wahrscheinlich zu einer beschleunigten Evolution der Virulenz geführt.

"Unsere Ergebnisse entschlüsseln nicht nur die Evolutionsgeschichte des Marek-Virus, sondern bilden auch die Grundlage für ein besseres Verständnis der Virulenz des Erregers", sagt Erstautor Steven Fiddaman von der Universität Oxford. "Durch die Kombination alter DNA-Techniken mit moderner Genomik haben wir ein Fenster in die Vergangenheit geöffnet, das uns bei künftigen Strategien zur Bewältigung von Viruserkrankungen helfen kann."

Publikation:

Fiddaman et al.: Ancient chicken remains reveal the origins of virulence in Marek's disease virus. Science 2023. DOI 10.1126/science.adg2238

Kontakt:

Prof. Dr. Laurent Frantz

Professor of Palaeogenomics

Department of Veterinary Sciences

Mobil: +49 15159106325

laurent.frantz@lmu.de

<https://www.lsm.bio.lmu.de/faculty/current-members/prof-dr-laurent-frantz/index.html>

Pressekontakt:

Claudia Russo

Leitung Kommunikation & Presse
Ludwig-Maximilians-Universität München
Leopoldstr. 3
80802 München

Phone: +49 (0) 89 2180-3423
E-Mail: presse@lmu.de

Diese Meldung kann unter <https://www.presseportal.ch/de/pm/100057148/100914495> abgerufen werden.