



Universität Hamburg  
Abteilung Kommunikation und Marketing  
Referat Medien- und Öffentlichkeitsarbeit  
Tel.: +49 40 42838-2968  
E-Mail: medien@uni-hamburg.de

11. Mai 2021

24/21

„DEN UNSICHTBAREN FEIND SICHTBAR MACHEN“

## NATURE-PUBLIKATION ZU CORONA-FORSCHUNG AN DER UNIVERSITÄT HAMBURG

Die Bekämpfung des Coronavirus hat die Zusammenarbeit der Wissenschaftscommunity weltweit in hohem Maß verändert und intensiviert. An der Universität Hamburg leitet Dr. Andrea Thorn eine internationale Forschungsgruppe, die Molekülmodelle des Virus aus der ganzen Welt verbessert, um die Entwicklung von Arzneimitteln zu ermöglichen. Über die Arbeit des Teams berichtet die Zeitschrift „Nature Structural & Molecular Biology“ in ihrer Maiausgabe.

Die Funktionsweise des Coronavirus zu entschlüsseln, ist eine entscheidende Voraussetzung für die Entwicklung von Impfstoffen und neuen Medikamenten. Weltweit arbeiten Tausende Forschende an dieser Aufgabe. Modelle zeigen jedoch oft nur das „Virion“; also die Form, in der das Virus in den menschlichen Körper gelangt, und in der es lediglich vier verschiedene Eiweißmoleküle besitzt.

Nachdem es eine Lungenzelle befallen hat, bildet es jedoch 24 weitere Eiweißmoleküle. Wie diese aufgebaut sind und wie sie es schaffen, das Immunsystem lahmzulegen und menschliche Zellen zu „Virusfabriken“ umzubauen, erforscht die Strukturbiologin Dr. Andrea Thorn.

„Diese Eiweißmoleküle sind wie Roboter, die die Wirtszelle Schritt für Schritt übernehmen. Wenn wir ihre Struktur kennen, können wir daraus ableiten, wie sie arbeiten – und sie dann gezielt stoppen“, sagt Thorn. Bereits vor über einem Jahr hat sie für ihre Forschung ein internationales Team von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern zusammengestellt, die „Coronavirus Structural



Task Force“. Heute sind 26 Forschende aus sieben Ländern daran beteiligt und die Gruppe wird von der Universität Hamburg aus koordiniert.

In der aktuellen Ausgabe von „Nature Structural & Molecular Biology“ beschreibt das Team seine Arbeit. Es überprüft und verbessert Molekülstrukturen des Virus, die weltweit in Experimenten gemessen werden. Jede Woche werden Dutzende Molekülstrukturen in der „Protein Data Bank“ (PDB) neu veröffentlicht: einer globalen Datenbank, die 1971 als erste öffentliche und frei zugängliche digitale Datenquelle der Biologie in den USA gegründet wurde. Die Forschungsgruppe um Dr. Thorn verwendet bestehende und neue Methoden zur Verbesserung der dort hinterlegten Strukturen: eine Mischung aus automatischer Software, künstlicher Intelligenz und manueller 3D-Überprüfung einzelner Atome am Computer. „Diese Arbeit ist ein großer Gewinn für die Forschenden in der Arzneimittelentwicklung und der Virologie, die mit den Strukturen weiterarbeiten. Sie müssen die bestmöglichen Molekülmodelle bekommen. Fehler können dazu führen, dass ihre Forschung in eine falsche Richtung läuft oder Arzneimittel später nicht wirken“, sagt Thorn.

Die Ergebnisse stellt die „Coronavirus Structural Task Force“ der Wissenschaftsgemeinde auf der Internetseite [insidecorona.net](http://insidecorona.net) frei zur Verfügung. Sie bietet auch Hintergrundinformationen, Animationen und ein Modell des Coronavirus zum 3D-Druck an. Mit diesen Daten können Interessierte sogar ein eigenes Modell des Virus drucken: Eine Möglichkeit, von der unter anderem Schulklassen bereits Gebrauch gemacht haben, berichtet Thorn.

**Link zur nature Publikation:**

<https://www.nature.com/articles/s41594-021-00593-7>

**Für Rückfragen:**

Dr. Andrea Thorn  
Universität Hamburg  
Institut für Nanostruktur und Festkörperphysik  
Luruper Chaussee 149, Gebäude 610  
22761 Hamburg  
Tel.: +49 40 42838-3651  
E-Mail: [andrea.thorn@uni-hamburg.de](mailto:andrea.thorn@uni-hamburg.de)

