

Covid-19: Studien-Teilnehmer gesucht - Genetik-Studie zu Ursachen variabler Krankheitsverläufe bei einer Infektion mit SARS-CoV-2

Forscher am Institut für Humangenetik des Universitätsklinikums Bonn wollen jetzt molekulare Einflussfaktoren auf die Infektion mit SARS-CoV-2 und den Krankheitsverlauf von COVID-19 untersuchen. Für die Studie werden Menschen mit nachgewiesener Infektion gesucht. Auch Angehörige, die im gleichen Haushalt leben, können teilnehmen. Erforderlich sind das Ausfüllen eines Fragebogens und die Abgabe einer Speichelprobe, welche per Post an das Studienzentrum in Bonn geschickt wird.

Das SARS-CoV-2-Virus hat sich weltweit in einer extrem hohen Geschwindigkeit ausgebreitet, begleitet von einer vergleichsweise hohen Infektionsrate und erheblichen Sterblichkeit. „Die COVID-19 Pandemie ist ein globaler Notstand, der die weltweiten Gesundheitssysteme und Volkswirtschaften enorm belastet. Ein besseres Verständnis der molekularen Mechanismen, die der Virusinfektion und dem Krankheitsverlauf unterliegen, ist dringend erforderlich. Das Ziel der Forschung ist es Risikopersonen zu identifizieren, zu schützen, und sowohl therapeutische als auch präventive Ansätze für COVID-19 zu entwickeln“, erklärt Prof. Dr. Markus Nöthen, Direktor des Instituts für Humangenetik des Universitätsklinikums Bonn, die Motivation für die neue Bonner Studie, die in das Netzwerk Deutsche COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI) eingebunden ist.

Wie löst SARS-CoV-2 beim Menschen eine Krankheit aus?

Aufgrund der Neuartigkeit des SARS-CoV-2-Virus sind die molekularen Mechanismen, wie es eine Krankheit beim Menschen auslöst, bisher weitgehend unbekannt. Die COVID-19-Erkrankung selbst ist gekennzeichnet durch einen höchst variablen Krankheitsverlauf. Während einige meist ältere Patienten starke Beschwerden entwickeln und auf die Intensivstation eingewiesen werden müssen, überstehen andere die SARS-CoV-2-Infektion ohne oder mit nur sehr milder Symptomatik. „Darüber hinaus scheinen sich einige Menschen sehr leicht, andere hingegen trotz erheblicher Viruslast gar nicht zu infizieren. Diese unterschiedliche Reaktion auf eine SARS-CoV-2-Infektion könnte zumindest teilweise auf genetische Faktoren des Einzelnen zurückzuführen sein“, sagt Dr. Kerstin Ludwig, die das Projekt am Institut für Humangenetik des Universitätsklinikums Bonn leitet. „Dabei erwarten wir, dass die genetischen Variationen das gesamte Spektrum umfassen, von häufigen Gen-Varianten mit moderaten Effektstärken bis hin zu seltenen Gen-Varianten mit größeren Effektstärken. Und es kann neben solchen Risiko-Varianten auch Faktoren geben, die eine bessere Widerstandskraft vermitteln.“

Deutschlandweit Teilnehmer für große Kohorten-Studie gesucht

Um die genetischen Faktoren, die die Empfindlichkeit gegenüber dem SARS-CoV-2-Virus, das Erkrankungsrisiko oder den Krankheitsverlauf bestimmen, zuverlässig zu entdecken, müssen viele Personen untersucht werden. Daher suchen die Bonner Humangenetiker für ihre „Bonner Studie zur COVID-Genetik“ (BoSCO) deutschlandweit Menschen mit nachgewiesener Infektion und, wenn vorhanden, auch ihre Angehörige, die im gleichen Haushalt leben, und laden sie zur Studienteilnahme ein.

Interessierte können sich per E-Mail unter mitmachen@bosco-studie.de oder unter der Telefonnummer 0228/6885-421 beim Studienteam melden.

Mehr Informationen zur Deutschen COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI) gibt es unter: <http://decoi.eu/>