

## MHH-Projekt „COVID-19-Kohorte“ hilft bei Aufklärung des Krankheitsrisikos

### **Internationaler Forschungsverbund entdeckt genetische Marker für schweren COVID-19-Verlauf**

Welche Faktoren sind verantwortlich dafür, dass einige Menschen nach einer Infektion mit dem Coronavirus SARS-CoV-2 schwer erkranken, während andere nur leichte oder gar keine Symptome entwickeln? Dieser Frage gehen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in einem internationalen Zusammenschluss namens „COVID-19 Host Genomics Initiative“ nach. Neben Rauchen und Übergewicht als Risikofaktoren für einen schweren COVID-19-Verlauf hat das Forschungsteam auch genetische Faktoren im menschlichen Erbgut gefunden, die offenbar eine wichtige Rolle spielen. An der weltweiten Zusammenarbeit ist auch die Medizinische Hochschule Hannover (MHH) beteiligt. Sie hat Bioproben und Daten aus ihrer „COVID-19-Kohorte“ beigesteuert, einem vom Niedersächsischen Ministerium für Wissenschaft und Kultur (MWK) mit mehr als zwei Millionen Euro unterstützten Forschungsprojekt. Die ersten Ergebnisse aus den Untersuchungen des weltweiten Forschungsverbundes sind jetzt in der Fachzeitschrift Nature veröffentlicht.

### **Daten aus Hannover für weltweite Studie**

Aus der MHH stammen Bioproben und Daten der „COVID-19-Kohorte“, die seit März 2020 von unterschiedlich stark am Coronavirus SARS-CoV-2 erkrankten Patientinnen und Patienten sowie Kontrollproben von Menschen mit anderen Atemwegserkrankungen aus verschiedenen MHH-Kliniken und dem Klinikum Region Hannover gesammelt und verglichen worden sind. Untergebracht ist die COVID-19-Biobank in der Hannover Unified Biobank (HUB). „Die HUB erfüllt die hohen Sicherheitsauflagen, um die Bioproben zu verarbeiten und einzulagern“, betont Professor Dr. Thomas Illig, Leiter der HUB. Für ihre Analyse hat die „COVID-19 Host Genomics Initiative“ weltweit klinische und genetische Daten von fast 50.000 Patientinnen und Patienten, die positiv auf das Virus getestet wurden, sowie von zwei Millionen Kontrollpersonen aus zahlreichen Biobanken und klinischen Studien zusammengeführt.

### **Genetische Ansatzpunkte für neue Therapie-Strategien**

„Bei der Analyse der genetischen Daten wurden 13 Stellen im menschlichen Genom gefunden, die stark mit einer Infektion oder schweren COVID-19-Verläufen verbunden sind“, erklärt Professor Dr. Markus Cornberg, stellvertretender Direktor der MHH-Klinik für Gastroenterologie, Hepatologie und Endokrinologie und Direktor des Zentrums für Individualisierte Infektionsmedizin (Centre for Individualised Infection Medicine, CiiM), der sich um die klinische Aufarbeitung der an der HUB eingelagerten Proben kümmert. Einige dieser Genorte stehen offenbar auch in Zusammenhang mit Autoimmunerkrankungen, Lungenkrebs oder Lungenfibrose, einer krankhaften Vermehrung des Bindegewebes, welches dann verhärtet und vernalbt (fibrosiert) und zu Atemnot führt. „Diese Ergebnisse könnten dazu beitragen, Angriffspunkte für künftige Therapien zu finden“, sagt der Infektiologe. Und das ist dringend nötig. Zwar bieten Impfstoffe einen Schutz gegen eine Infektion mit SARS-CoV-2, es gibt aber noch erheblichen Verbesserungsbedarf bei der COVID-19-Behandlung.

Die „COVID-19 Host Genomics Initiative“ ist eine der umfangreichsten Kooperationen in der

Humangenetik und umfasst derzeit mehr als 3.500 Autorinnen und Autoren von 61 Studien aus 25 Ländern. Am hannoverschen Projekt „COVID-19-Kohorte“ sind neben der Hannover Unified Biobank (HUB) und den MHH-Kliniken für Gastroenterologie, Hepatologie und Endokrinologie, für Pneumologie, für Nieren- und Hochdruckerkrankungen, für Rheumatologie und Immunologie sowie der COVID-Ambulanz auch das Klinikum Region Hannover, das Zentrum für Individualisierte Infektionsmedizin (Centre for Individualised Infection Medicine, CiiM) sowie das Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung beteiligt.

**SERVICE:**

Die Originalarbeit „The COVID-19 Host Genetics Initiative. Mapping the human genetic architecture of COVID-19“ finden Sie unter:

<https://www.nature.com/articles/s41586-021-03767-x>