

Pressemitteilung

Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie

Sandra Jacob

21.02.2022

<http://idw-online.de/de/news788770>

Forschungsergebnisse
Biologie, Geschichte / Archäologie, Medizin
überregional



Max-Planck-Institut
für evolutionäre Anthropologie

Genetischer Risikofaktor für Covid-19 schützt vor HIV

Bestimmte Gen-Varianten können unser Risiko, schwer an Covid-19 zu erkranken, erhöhen oder verringern. Die stärkste Risikovariante, welche wir vom Neandertaler geerbt haben, kommt bei heute lebenden Menschen erstaunlich häufig vor. Es ist daher anzunehmen, dass sie neben dem offensichtlichen Nachteil für ihre Träger auch Vorteile hat oder hatte. Eine Studie von Hugo Zeberg vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig und dem Karolinska Institutet in Schweden, zeigt nun, dass die vom Neandertaler geerbte Covid-19-Variante vor einer anderen schweren Krankheit schützt – sie senkt das Risiko einer Person, sich mit HIV zu infizieren, um 27 Prozent.

Manche Menschen erkranken schwer, wenn sie sich mit Sars-CoV-2 infizieren, während andere nur leichte oder gar keine Symptome haben. Neben Risikofaktoren wie einem fortgeschrittenen Alter und chronischen Krankheiten, wie Diabetes, kann auch unser individuelles genetisches Erbe unser Risiko schwer an Covid-19 zu erkranken erhöhen oder verringern. Im Herbst 2020 zeigten Hugo Zeberg vom Karolinska Institutet und vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie sowie Svante Pääbo, ebenfalls vom Leipziger Max-Planck-Institut, dass der wichtigste genetische Risikofaktor für einen schweren Covid-19-Verlauf Teil unseres Neandertalererbes ist. Im Frühjahr 2021 untersuchte das Forscherduo dieselbe Gen-Variante im Erbgut prähistorischer Menschen und stellte fest, dass sie seit Ende der letzten Eiszeit deutlich häufiger vorkommt.

Für eine Gen-Variante, die vom Neandertaler stammt, hat sie sich beim Menschen erstaunlich häufig durchgesetzt. Es liegt deshalb nahe, dass sie in der Vergangenheit größtenteils vorteilhaft für ihre Träger gewesen ist. Könnte diese Gen-Variante Menschen möglicherweise vor anderen Infektionskrankheiten geschützt haben? „Diese Covid-19-Risikovariante kommt so häufig vor, dass ich mich gefragt habe, ob sie vielleicht für etwas gut sein könnte“, sagt Hugo Zeberg, der Autor der Studie.

Die Neandertaler-Variante befindet sich in einer Region auf Chromosom 3, wo sich außerdem mehrere Gene befinden, die für Rezeptoren im Immunsystem kodieren. Einen dieser Rezeptoren - CCR5 – nutzt das HIV-Virus, um weiße Blutkörperchen zu infizieren. Zeberg fand heraus, dass Menschen, die die Covid-19-Risikovariante geerbt haben, weniger CCR5-Rezeptoren haben.

Anschließend prüfte er, ob sich damit auch das Risiko verringerte, sich mit HIV zu infizieren. Bei der Analyse von Patientendaten aus drei großen Biobanken (FinnGen, UK Biobank und Michigan Genomic Initiative) stellte er fest, dass Träger der Covid-19-Risikovariante ein um 27 Prozent geringeres Risiko aufweisen, sich mit HIV zu infizieren. „Diese Gen-Variante zu besitzen, kann für den Träger sowohl gut als auch schlecht sein: schlecht, wenn er sich mit COVID-19 infiziert; gut, wenn die Gefahr einer HIV-Infektion besteht und ein gewisser Schutz gegen dieses Virus vorhanden ist“, sagt Zeberg.

Da HIV jedoch erst im 20. Jahrhundert aufkam, kann die Schutzwirkung vor dieser Infektionskrankheit nicht erklären, warum die Covid-19-Risikovariante bereits vor 10.000 Jahren beim Menschen so stark verbreitet war. „Jetzt wissen wir zwar, dass die Covid-19-Variante einen gewissen Schutz vor einer HIV-Infektion bietet. Doch möglicherweise war es der

Schutz vor einer anderen Krankheit, der damals – nach der letzten Eiszeit – zur starken Verbreitung dieser speziellen Gen-Variante beigetragen hat“, so Zeberg.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Dr. Hugo Zeberg
Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie, Leipzig &
Karolinska Institutet, Schweden
+46 730 616-069
hugo.zeberg@ki.se

Originalpublikation:

Hugo Zeberg
The major genetic risk factor for severe COVID-19 is associated with protection against HIV
PNAS, 21 February 2022, <https://doi.org/10.1073/pnas.2116435119>



DNA-Analysen im Labor
© Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie