

Press release

Medizinische Hochschule Hannover

Stefan Zorn

02/23/2023

<http://idw-online.de/en/news809770>

Research results
Medicine
transregional, national



Was führt zu schweren COVID-19- Erkrankungen?

MHH-Forschungsteam analysiert genetische und epigenetische Regulatoren

Eine Infektion mit SARS-CoV-2 führt bei manchen Menschen zu schweren Erkrankungen, während andere nicht oder nur leicht erkranken. Aber warum ist das so? Leider wissen wir das nicht genau. Bekannt ist, dass ein überaktives angeborenes Immunsystem eine schwere COVID-19-Erkrankung verursacht, aber es ist unklar, wie dies reguliert wird. Ein Team um Professorin Dr. Yang Li von der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH) ist der Antwort auf diese Frage einen Schritt nähergekommen. Es hat erkundet, inwieweit der Krankheitsverlauf genetisch oder epigenetisch reguliert wird. Zum Team gehörten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler der MHH, die ebenso wie Professorin Li auch im Exzellenzcluster RESIST forschen.

Die Forschungsgruppe konnte Regulatoren identifizieren, die der Fehlfunktion des angeborenen Immunsystems bei COVID-19 zugrunde liegen. Darüber hinaus konnte es bestätigen, dass bestimmte bereits bekannte genetische Risikofaktoren eine Rolle bei der Entstehung der COVID-19-Krankheit spielen. Die Ergebnisse sind in der Zeitschrift Cell Genomics veröffentlicht worden. Erstautoren dieser Veröffentlichung sind Dr. Valerie Koeken, Dr. Bowen Zhang und Dr. Zhenhua Zhang. Das Forschungsteam führte die Studie im Zentrum für Individualisierte Infektionsmedizin (CiiM) durch.

Für diese Studie untersuchte das Team einzelne Immunzellen aus dem Blut von COVID-19-Patientinnen und -Patienten mit Hilfe der Einzelzell-Multiomics-Analyse. Mit dieser Technik kann gleichzeitig beurteilt werden, wie die Zellen reguliert werden und wie sie funktionieren. Dazu wird sowohl das genetische Material der Zellen untersucht, als auch analysiert, ob bestimmte Teile des Genoms "eingeschaltet" sind (Epigenetik) und ob Gene in Ribonukleinsäuremoleküle umgeschrieben werden.

Bei bestimmten weißen Blutkörperchen (Monozyten), die bei einer schweren COVID-19-Erkrankung überaktiviert sind, konnte das Team feststellen, wie die veränderte Zugänglichkeit zum Chromatin die Genexpression reguliert und welche Transkriptionsfaktoren diese Monozyten steuern. Darüber hinaus konnten sie erforschen, wie eine bestimmte genetische Variante zu einer höheren Viruslast und zu einem erhöhten Risiko einer Krankenhauseinweisung wegen COVID-19 beiträgt. Damit konnten sie einen der Faktoren identifizieren, der bei bestimmten Personen zu einer erhöhten Anfälligkeit für eine schwere Erkrankung führt. "Insgesamt unterstreicht unsere Studie die vielfältigen genetischen und epigenetischen Regulatoren, die zu COVID-19 beitragen", fasst Prof. Li zusammen.

contact for scientific information:

Weitere Informationen erhalten Sie bei Li.Yang@mh-hannover.de, Telefon (0511) 2200-27201 sowie auf der Internetseite des Exzellenzclusters RESIST www.RESIST-cluster.de.

Original publication:

Die Originalarbeit „Altered and allele-specific open chromatin landscape reveals epigenetic and genetic regulators of innate immunity in COVID-19“ finden Sie hier [https://www.cell.com/cell-genomics/pdf/S2666-979X\(22\)00190-2.pdf](https://www.cell.com/cell-genomics/pdf/S2666-979X(22)00190-2.pdf)



Das Symbolbild zeigt das Scannen einer Blutprobe in einem Labor des CiM.
Karin Kaiser
Karin Kaiser / MHH