

## Coronavirus-Forschung mit vereinten Kräften

### **Genomforscherinnen und -forscher schließen sich zur Deutschen COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI) zusammen – Beteiligung der Universität und des Universitätsklinikums Tübingen**

Wie verändert das neue Coronavirus (SARS-CoV-2) seine Erbinformation? Welche weiteren Infektionen bei Patienten mit COVID-19 treten auf? Gibt es genetische Risikofaktoren, die eine Infektion begünstigen? Zahlreiche Genomforscherinnen und -forscher sind intensiv damit beschäftigt, ihre Expertise und Sequenzier-Infrastruktur zu bündeln, um einen wissenschaftlichen Beitrag zur Bewältigung der COVID-19-Pandemie zu leisten. Diese Aktivitäten werden nun offiziell in der Deutschen COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI) zusammengeführt, um die Forschung zu beschleunigen. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler an mehr als 22 Institutionen sind aktiv an DeCOI beteiligt – und es werden mehr.

Die zentrale Koordination von DeCOI liegt zurzeit bei Professor Joachim Schultze von der Universität Bonn. Von der Universität Tübingen beteiligen sich Professor Oliver Kohlbacher vom Interfakultären Institut für Biomedizinische Informatik und Dr. Sven Nahnsen vom Quantitative Biology Center. Am Universitätsklinikum Tübingen sind Professor Olaf Rieß und Professor Stephan Ossowski, beide vom Institut für Medizinische Genetik und Angewandte Genomik, sowie Professorin Julia Frick vom Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Mitglieder der Initiative.

An vielen Stellen in der Welt wird inzwischen das Genom von SARS-CoV-2 sequenziert, um damit Veränderungen der Erbinformation des Virus zu charakterisieren. Je mehr solche Virusgenome sequenziert werden, desto besser können Wissenschaftler die Variation des Virus verstehen. Mit der Analyse der Verwandtschaftsstruktur einzelner Viren lassen sich Rückschlüsse auf deren Herkunft und auf unterschiedliche Formen des Virus in der Bevölkerung ziehen.

Neben der Sequenzierung der Virusgenome werden auch sogenannte Metagenome bestimmt, die etwas darüber aussagen, welche weiteren Infektionen bei Patienten mit COVID-19 möglicherweise auftreten. „Außerdem könnten bestimmte körpereigene Mikroorganismen die Empfänglichkeit eines Menschen für eine COVID-19-Infektion mit beeinflussen“, erklärt Julia Frick. Um der Frage nachzugehen, wie solche Mikroorganismen oder Begleitinfektionen die Schwere der Erkrankung beeinflussen, wollen Wissenschaftler des DeCOI bis zu 2000 Metagenome bei COVID-19 Patienten in Deutschland sequenzieren.

Eine andere DeCOI-Gruppe vermutet, dass es auch genetische Risikofaktoren gibt, die die Wahrscheinlichkeit sich zu infizieren oder die Schwere der Erkrankung beeinflussen können. „Um genetische Risikofaktoren zu erkennen, müssten wir von vielen tausend Patienten deren Genom sequenzieren, eine Aufgabe, die besonders effektiv nur in internationalen Verbänden erfolgen kann“, sagt Professor Olaf Rieß vom Universitätsklinikum Tübingen. Deshalb habe man sich mit DeCOI frühzeitig mit europäischen und internationalen Kollegen weltweit vernetzt.

Ziel der funktionellen Genomik ist es, ganze Organsysteme funktionell zu charakterisieren. Häufig werden dabei mehrere molekulare Ebenen der Regulation erfasst und kombiniert (Multi-Omics-Analysen). An mehreren Standorten in Deutschland werden diese Verfahren im Rahmen klinischer Studien genutzt, um zum Beispiel die Wirksamkeit neuer Medikamente gegen SARS-CoV-2 zu testen. Weitere Einsichten in das komplexe Geschehen im Körper von Erkrankten ermöglicht die noch sehr junge Methode der Einzelzell-Sequenzierung. DeCOI-Forscher sind in großen internationalen Konsortien unter anderem daran beteiligt, die Verteilung der Rezeptoren auf den Zellen des Körpers zu bestimmen, die für den Eintritt des SARS-CoV-2 verantwortlich gemacht werden. Ziel ist herauszubekommen, welche Immunzellen in Prozesse involviert sind, die besonders bei Patienten mit schweren Verläufen vorkommen, um neue Therapiemöglichkeiten zu erkennen.

Die Genomforschung produziert in all ihren Bereichen immense Datenmengen, die zur Auswertung der Forschungsergebnisse computergestützt analysiert werden. „Nur wenn wir klinische Daten und Genomdaten sinnvoll miteinander verknüpfen, werden wir möglichst viel zum Verständnis von COVID-19 beitragen können“, sagt Oliver Kohlbacher. Durch den Zusammenschluss zur DeCOI wollen die Forscherinnen und Forscher parallel viele Fragen gemeinsam und schneller beantworten können. DeCOI soll mit weiteren Initiativen eng vernetzt werden, um weltweit fundiertes Wissen zur Bewältigung der Krise beizutragen.

### **Die Mitglieder der Deutschen COVID-19 OMICS Initiative (DeCOI)**

Robert Bals (Universität des Saarlandes), Ezio Bonifacio (TU Dresden), Maria Colome-Tatche (Helmholtz Zentrum München -

Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt/HMGU), Andreas Diefenbach (Charité – Universitätsmedizin Berlin), Alex Diltthey (Universitätsklinik Düsseldorf), Nicole Fischer (Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf), Julia Frick (Universitätsklinikum Tübingen), Konrad Förstner (ZB MED – Informationszentrum Lebenswissenschaften), Julien Gagneur (TU München), Michael Hummel (Charité; German Biobank Node), Birte Kehr (Charité), Andreas Keller (Uni des Saarlandes), Sarah Kim-Hellmuth (TU München), Oliver Kohlbacher (Universität Tübingen), Ingo Kurth (RWTH Aachen), Markus Landthaler (Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin Berlin/MDC), Kerstin Ludwig (Universitätsklinikum Bonn/UKB), Alice McHardy (Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung Braunschweig), Christian Mertes (TU München), Markus Nöthen (UKB), Peter Nürnberg (Universität zu Köln), Uwe Ohler (MDC), Klaus Pfeffer (Uniklinik Düsseldorf), Nikolaus Rajewsky (MDC), Markus Ralser (Charité), Olaf Rieß (Universitätsklinikum Tübingen), Stephan Ripke (Charité), Philip Rosenstiel (Universität Kiel), Joachim Schultze (Universität Bonn/DZNE), Oliver Stegle (Deutsches Krebsforschungszentrum), Fabian Theis (HMGU), Janne Vehreschild (Uni Köln), Max von Kleist (Robert Koch-Institut), Jörn Walter (Uni des Saarlandes) und Dagmar Wieczorek (Uniklinik Düsseldorf).

---

## Pressemitteilung

08.05.2020

Quelle: Universität Tübingen

---

## Weitere Informationen

Prof. Dr. Oliver Kohlbacher  
Universität Tübingen  
Interfakultäres Institut für Biomedizinische Informatik (IBMI)  
Tel.: +49 7071 29-70457  
E-Mail: oliver.kohlbacher(at)uni-tuebingen.de

Dr. Sven Nahnsen  
Universität Tübingen  
Quantitative Biology Center  
Tel.: +49 7071-29-72163  
E-Mail: sven.nahnsen(at)qbic.uni-tuebingen.de

Prof. Dr. Olaf Rieß  
Universitätsklinikum Tübingen  
Institut für Medizinische Genetik und Angewandte Genomik  
Tel.: +49 7071 29-76408  
E-Mail: olaf.riess(at)med.uni-tuebingen.de

Prof. Dr. Stephan Ossowski  
Universitätsklinikum Tübingen  
Institut für Medizinische Genetik und Angewandte Genomik  
Tel.: +49 7071 29-72279  
E-Mail: stephan.ossowski(at)med.uni-tuebingen.de

Professorin Julia Frick  
Universitätsklinikum Tübingen  
Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene  
E-Mail: julia-stefanie.frick(at)med.uni-tuebingen.de

► [Universität Tübingen](#)