Neue Modellierungsplattform hilft, die Dynamik von Atemwegsinfektionen zu verstehen

BMBF fördert am HZI geleitetes Verbundprojekt RESPINOW von zehn Forschungsinstitutionen aus Deutschland und Polen mit 1,88 Mio. Euro. Untersuchung zur Ausbreitung von Atemwegserkrankungen nach pandemiebedingten Schutz- und Hygienemaßnahmen. Den Projektteil zur systemischen Datenzusammenstellung verantwortet Claudia Denkinger, Leiterin der Infektions- und Tropenmedizin am Universitätsklinikum Heidelberg.

Durch die im Zuge der Corona-Pandemie eingeführten Hygiene- und Schutzmaßnahmen haben Atemwegsinfektionen wie Grippe und Lungenentzündungen durch Pneumokokken oder das Respiratorische Synzytial-Virus (RSV) im Jahr 2020 zunächst abgenommen. Gleichzeitig führte dies zu einer erhöhten Anzahl von Menschen, die noch nicht oder weniger als sonst in 2020 mit diesen Erregern in Kontakt gekommen sind. Dies hat mittel- und langfristig einen stärkeren Anstieg dieser Infektionen als üblich zur Folge. Aktuelle infektionsdynamische Modelle berücksichtigen diese Nebeneffekte bislang noch nicht, zudem sind die Effekte selbst wenig erforscht.

Um neue Erkenntnisse zum Effekt der Corona-Pandemie und der stattgehabten Maßnahmen auf den Verlauf verschiedener respiratorischer Erkrankungen zu gewinnen, haben Wissenschaftler:innen mehrerer Forschungseinrichtungen nun das Verbundprojekt RESPINOW gestartet. Dabei handelt es sich um eine Modellierungsplattform, die zum Ziel hat, integrierte Modelle zur Simulation der Übertragung verschiedener Atemwegsinfektionen und der Nebeneffekte von Hygiene- und Schutzmaßnahmen auf deren mittel- und langfristige Krankheitslast zu entwickeln.

Die Koordination des neuen Verbundes liegt bei Berit Lange, Leiterin der Klinischen Epidemiologie in der Abteilung Epidemiologie am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI). RESPINOW wird vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) mit insgesamt 1,88 Millionen Euro gefördert, 416.000 Euro davon fließen an das HZI. Projektbeginn war der 1. Mai 2022. Ein Kick-Off Treffen, bei dem erste Ergebnisse präsentiert und die weiteren Schritte besprochen wurden, fand am 2. und 3. November in Braunschweig statt.

Der erste Schritt im Projekt ist eine systematische Zusammenstellung von Daten und bekannter Literatur über die mittel- und langfristige Ausbreitung von Atemwegserkrankungen nach pandemiebedingten Schutz- und Hygienemaßnahmen. Diesen Projektteil verantwortet Claudia Denkinger, Leiterin der Infektions- und Tropenmedizin am Universitätsklinikum Heidelberg. „Global sind in den vergangenen zwei Jahren Daten zur Frage der Dynamik von respiratorischen Infektionen während der Pandemie gesammelt worden, aber es ist wichtig, diese auch zusammenzuführen, um aus ihnen für die Zukunft zu lernen", sagt Denkinger. Des Weiteren sind an diesem Teilprojekt Rolf Kaiser von der Universität Köln, Veronika Jäger von der Universität Münster, das Fachgebiet Impfprävention vom Robert Koch-Institut, Lisa Koeppel vom Universitätsklinikum Heidelberg sowie Alexander Kuhlmann und Cornelia Gottschick von der Universität Halle beteiligt.

Die Daten der vom HZI durchgeführten deutschlandweiten Antikörperstudie zum SARS-CoV-2-Virus (MuSPAD, „Multilokale und Serielle Prävalenzstudie zu Antikörpern gegen SARS-2-Coronavirus in Deutschland") fließen in ein zweites Unterprojekt von RESPINOW ein: Darin erheben die Wissenschaftler:innen Daten über die Immunität gegen RSV, Influenza und Pneumokokken sowie über das Kontaktverhalten nach einer Pandemie. „Es ist wichtig, diese Erhebungen jetzt zu machen. Die Erkenntnisse zur Infektionshäufigkeit, zur Immunität und zum Kontaktverhalten, die wir jetzt noch während und kurz nach der COVID-19-Pandemie gewinnen, sind beispiellos", sagt Berit Lange, die dieses Unterprojekt leitet und gemeinsam mit Nicole Schneiderhan-Marra aus dem NMI Naturwissenschaftlichen und Medizinischen Institut in Reutlingen und André Karch und Veronika Jäger aus dem Institut für Epidemiologie der Universität Münster durchführt.

Unter der Leitung von Viola Priesemann vom Max-Planck-Institut für Dynamik und Selbstorganisation in Göttingen werden die Daten und die Datensynthese dann genutzt, um ein integriertes mathematisches Modell für verschiedene respiratorische Infektionen zu erstellen. „Besonders wichtig für solche integrierten Modelle ist es, relevante Bevölkerungsdaten zur Immunität und zum Kontaktverhalten korrekt einzubeziehen", sagt Priesemann. „Nur dies macht es uns möglich, Effekte verschiedener Maßnahmen auch auf mehrere Atemwegsinfektionen in der Zukunft kurz- und langfristig abbilden zu können." Wolfgang Bock von der Technischen Universität Kaiserslautern, das Team Impfmodellierung vom Robert Koch-Institut sowie Tyll Krüger von der Universität Wroclaw, Polen, unterstützen dieses Vorhaben.

Im letzten Teilprojekt bauen Melanie Schienle und Johannes Bracher vom Karlsruher Institut für Technologie (KIT) gemeinsam mit einigen der bereits genannten Modellierungsgruppen einen integrierten Forecasthub auf. Das ist eine Plattform, in der verschiedene mathematische Modelle Kurzzeitprognosen zur Infektionshäufigkeit sowie Gesundheitssystembelastung verschiedener Atemwegsinfektionen einspeisen. „Hiermit können wir in den nächsten Jahren die öffentliche Gesundheit in Deutschland im Hinblick auf die saisonale Grippe und RSV-Epidemien ganz konkret unterstützen", sagt Johannes Bracher. Einige der bereits genannten Modellierungsgruppen aus RESPINOW werden den Forecasthub mit Modellen unterstützen, auch externe Gruppen sind eingeladen, dies zu tun.

„Insgesamt möchten wir mit RESPINOW einen sowohl kurzfristigen Beitrag zur Stärkung der öffentlichen Gesundheit als auch eine langfristige Stärkung der infektionsepidemiologischen Forschungsinfrastruktur in Deutschland auch für die nächste Pandemie leisten", fasst Berit Lange das Ziel des Verbundes zusammen.

Pressemitteilung

01.12.2022
Quelle: Universitätsklinikum Heidelberg

Weitere Informationen

- Universitätsklinikum Heidelberg
- Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)
- Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI)
- Verbundprojekt RESPINOW