

► Schwerpunkt: Digitalisierung und Künstliche Intelligenz	Seite
Identifizierung serologischer Signaturen einer SARS-CoV-2-Infektion	2
Erstellung einer Referenzkarte für das humane Serummetabolom	2
Interferenzfreier hochauflösender Test beim Multiplen Myelom	4
Nachbildung klinischer Studien mit realen Patientendaten	4
Vorhersage von COVID-19-Ergebnissen per Deep Learning	4
Individuelles Deep Learning von Immunoepitomen	5
Avant-garde, ein automatisiertes Datenpflegewerkzeug	5
Vollautomatische Proteomprofilerstellung	5
Einzelzellproteomik der Trägerproteine	5
Phaseneinstellung und Imputation von Sequenzierungsdaten	6
► SARS-CoV-2	
Mortalität bei der SARS-CoV-2-Variante B.1.1.7	6
Längsschnittbeobachtung nach SARS-CoV-2-Infektion beim Menschen	6
Mathematische Modellstudie zur Kontrolle der COVID-19-Pandemie	7
Kohortenstudie zur Leistungsbestimmung von SARS-CoV-2-RT-PCR-Tests	8
Vergleich von fünf SARS-CoV-2-Immunoassays	8
Geschlechtsunterschiede bei Immunantworten auf SARS-CoV-2	8
Frühe neutralisierende SARS-CoV-2-Antikörperantwort	9
SARS-CoV-2-Neutralisation mit Immunglobulin A	9
Neue SARS-CoV-2-Spike-Proteinvarianten von Ende 2020	10
SARS-CoV-2-Variante B.1.1.7	11
Neue SARS-CoV-2-Varianten und SARS-CoV-1	11
► Molekularbiologie/Sequenzierungen	
Molekularer Zellatlas der menschlichen Lunge	12
Keimbahngenome monozygoter Zwillinge	12
Vaginale Übertragung von Krebs	13
Zugänglichkeit und Methylierung von Chromatin	13
De-novo-Tandem-Wiederholungsmutationen	17
Assoziationsanalyse von Brustkrebsrisikogenen	17
Bevölkerungsbasierte Studie zu Brustkrebsgenen	17
► Diagnostik	
Diagnose einer Methanolvergiftung	13
Biosensorik mit spinverstärkten Nanodiamanten	13
Biologische Variationen bei einem einzelnen Patienten	14
Metagenomische Sequenzierung	15
► Biomarker	
Transkriptomische Profilierung Nicht-alkoholischer Fettlebererkrankungen	10
Ion	116
Na	16
►	
Dy	10
Ka	12
Tu	14
M:	15
Restlose Entfernung von	16
Entfernung von Ausreißern in der Statistik	16
► Forschung, Hochschule, Verbände	18
► Industrie	20

Sehr verehrte Kolleginnen und Kollegen,

nun steht es fest. Wegsehen, wegschließen und warten funktionieren nicht. Es konnte nicht funktionieren. Nicht gegen ein Virus, das jetzt überall ist und erst begonnen hat, seine biologische Klaviatur voll auszuspielen.

50% der PCR-Testkapazitäten werden seit Weihnachten nicht genutzt, gleichzeitig sind anderswo dringend benötigte Tests nicht verfügbar. Lockdowns mit Ausnahmen, Antigen-Schnelltests ohne durchgängige PCR-Infrastruktur für schnelle Bestätigung und Varianten-Bestimmung. Impfen im Schnecken-tempo. Nur letzteres ist keine Halbstrategie. Denn wer rechnen kann, wusste schon letztes Jahr, dass Impfen eine langsame Übung werden würde. All dem gegenüber steht ein schnelles und hocheffizientes Virus, das inzwischen nicht nur noch schneller geworden ist, sondern mit höherer Mortalität daherkommt. Eine Studie zur „britischen“ B.1.1.7-Virusvariante belegt dies jetzt erstmals (S. 6).

Das alles erinnert irgendwie an das Wettrennen von Hase und Igel. Der Hase rennt sich die Lunge heraus, und jedes Mal wenn er glaubt, am Ziel zu sein, ist der Igel (das Virus) schon längst da. Dies geht bis zur Zermürbung. Diese alte Fabel ist aber auch ein Paradebeispiel dafür, was passiert, wenn man nicht genau hinsieht, oder hineinsehen will: Man verliert die Kontrolle.

In der festgefahrenen jetzigen Situation bei der Pandemiebekämpfung ist es endlich an der Zeit genau hinzusehen, wo welches Virus wann auftaucht. Dies heißt breit und schnell testen, um ebenso breit und schnell agieren zu können. Asiatische Länder machen dies erfolgreich vor. Das jetzt Mitte März gestartete Tübinger Modell „Öffnen mit Sicherheit“ erprobt, wie proaktives Schnelltesten in der Zeit von bleibenden hohen Inzidenzen die Öffnungen unter Sicht ermöglicht. Ein später Schritt, aber er geht in die richtige Richtung. Auch ist es Zeit, sich endlich einzugestehen, dass Impfung nicht wie ein binärer Schalter funktioniert, der alles richten wird, wenn er nur umgelegt wird. Denn die immunbiologische Gemengelage bei

Corona ist hochkomplex und nur im Ansatz verstanden.

Daher ist es höchste Zeit, sich für das nächste große Kapitel der Pandemie – der Überwachung der Impfeffektivität – frühzeitig zu wappnen. Dafür ist das Wissen dringend erforderlich, mit welcher Variante sich jemand vor oder nach einer Impfung infiziert hat. Auch hier geht es darum, durch schnelles, systematisches Testen möglichst viele Daten frühzeitig zu sammeln, um Zeit zu gewinnen. Zu kleine Stichproben bei der Variantenbestimmung, wie sie bisher erhoben werden, sind wenig hilfreich, weil sie nur Halbwissen liefern. Auch die Varianten-PCR ist ein halbherziger Ansatz. Sie ist zwar viel schneller als die umständliche Sequenzierung, aber liefert keine eindeutige Variantenidentifizierung. Ein vielversprechender technologischer Ansatz ist die vor Kurzem vorgestellte PCR/MALDI-TOF-Mutationsanalyse, die schnell und dabei kostengünstig Virusvarianten präzise erkennt und leicht hochskalierbar ist. Dieses neue Verfahren kann dazu beitragen, endlich mehr zu testen, um das zu erreichen, worum es am dringlichsten geht: wissen statt warten.

Ich wünsche Ihnen eine interessante Lektüre dieser Kompakt-Ausgabe und einen gesunden Start in den Frühling.

Ihr

 Wolfgang Kaminski