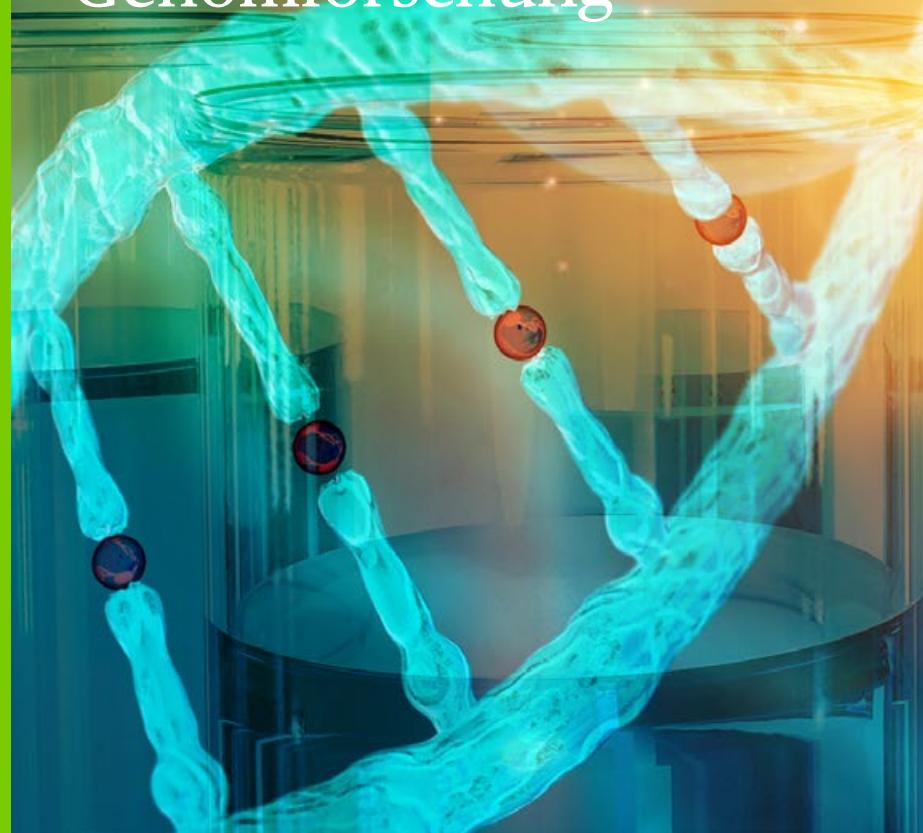


CHUBB®

Life Science in Zeiten der Pandemie
Teil 4: Bekämpfung
von COVID-19 mit
Genomforschung



Kennedys

Bekämpfung von COVID-19 mit Genomforschung

Mitwirkende



Alex Forrest
Head of Life Sciences -
Overseas General,
Chubb



Vicki D'Silva
UK & Ireland Life Science
Manager, Chubb



Keith Gallois
Senior Risk Engineer and
Life Sciences Industry
Practitioner, Chubb



Karishma Paroha
Senior Associate,
Kennedys

Fortschritte in der Genomforschung
beschleunigen die weltweite
Reaktion auf die COVID-19-Pandemie
und definieren das Verständnis der
Gesundheitsversorgung neu

Als Europa im Mittelalter vom Schwarzen Tod heimgesucht wurde, konnte man noch nicht in Worte fassen, was Millionen von Menschen tötete. Als COVID-19 in den ersten Tagen des Jahres 2020 als Pandemierisiko identifiziert wurde, blickten chinesische Wissenschaftler tief in das Innere des Virus und sequenzierten sein Genom, um die genetische „Gebrauchsanweisung“ für seinen Aufbau zu lesen.

Diese Genomsequenz wurde mit der internationalen Gemeinschaft geteilt, und die Forscher wendeten die Genomforschung, das heißt die Untersuchung aller Gene eines Organismus und ihrer Funktionen, schnell auf das Virus an.

„Seit der Mitteilung der ersten Sequenz Mitte Januar wurden inzwischen über 160.000 Genomsequenzen von SARS-CoV-2

auf Open-Access-Plattformen online gestellt“, sagt Keith Gallois, Senior Risk Engineer bei Chubb. Diese fortgesetzte, umfangreiche Sequenzierung des Virusgenoms zielt darauf ab, verschiedene Stämme zu verfolgen.

„Mit Hilfe der Genomforschung kann analysiert werden, wo sich Stämme aus verschiedenen Regionen in den globalen phylogenetischen Stammbaum einfügen lassen“, sagt Karishma Paroha, Senior Associate, Kennedys. Bei dieser Art von Analyse wurde ein Coronavirus-Stamm [identifiziert](#), der im Sommer erstmals bei spanischen Landarbeitern auftrat und sich in Europa verbreitete, als Urlauber aus dem Land zurückkehrten. Im September machte dieser eine Stamm des Virus die Mehrheit der neuen COVID-19-Fälle in Großbritannien aus.

Wenn man die weltweite Ausbreitung des Virus in Echtzeit überwacht, können Regierungen Massnahmen zur Begrenzung der Übertragung ergreifen, beispielsweise indem sie von Reisenden verlangen, sich selbst zu isolieren. Die häufige Genomsequenzierung ermöglicht es auch, dass Mutationen des Virus, die Impfstoffe unwirksam machen könnten, frühzeitig erkannt und hoffentlich eliminiert werden können.

Die heute verfügbaren Genomiktools stellen ein neues Arsenal für die Bekämpfung von Pandemien dar. „Die Situation ist völlig anders als bei SARS. Die gesamte Arbeit, die wir in den letzten 10 Jahren mit der Genomforschung geleistet haben, wurde genutzt, um zu verstehen, wie das Virus aussieht und wie es den Körper angreift, und um daraufhin einen Mechanismus für den Gegenangriff zu entwickeln“, erklärt Alex Forrest, Head of Life Sciences - Overseas General, Chubb.

Im Kampf gegen das Virus sind die Impfstoffe von Pfizer und Moderna die ersten einer neuen Generation, die sich die Genomforschung zunutze machen, um das menschliche Immunsystem mit Hilfe von mRNA-Molekülen gegen COVID-19 zu trainieren.



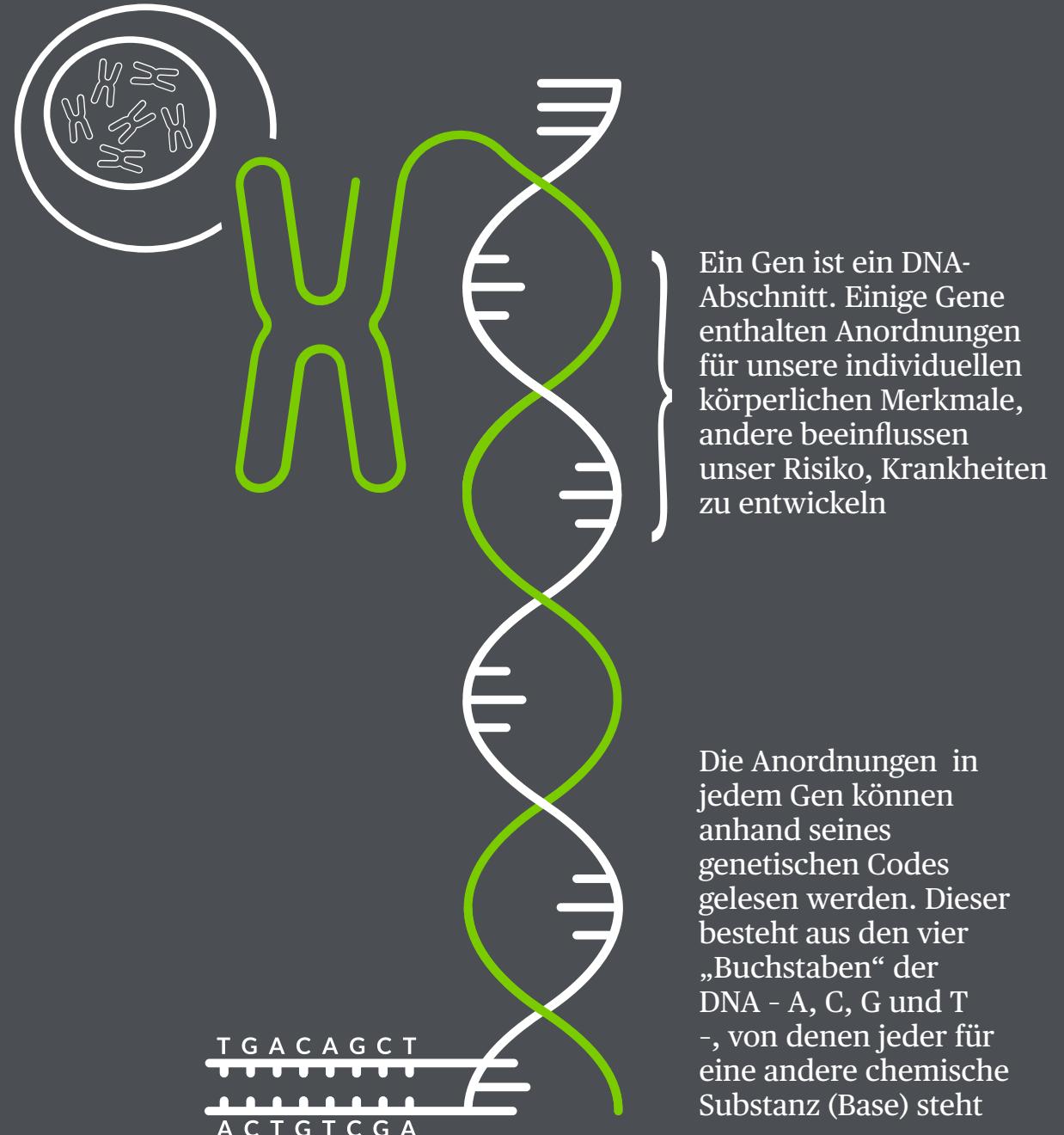
Was ist ein Genom?

Ein Genom ist eine vollständige Liste von Anordnungen für den Aufbau eines Organismus

Beim Menschen sind diese Anordnungen in jeder Körperzelle in 23 Chromosomen gespeichert, die aus 20.000 Genen bestehen, die sich wiederum aus über drei Milliarden DNA-„Buchstaben“ zusammensetzen. Die gesamte DNA innerhalb einer menschlichen Zelle bildet ein Genom

Nur 0,2% des Genoms eines Individuums unterscheiden sich von dem eines jeden anderen Menschen. In diesem winzigen Unterschied liegt das Potenzial, Krankheiten vorherzusagen, vorzubeugen, zu diagnostizieren und zu behandeln

Quellen:
www.yourgenome.org
www.genomicseducation.hee.nhs.uk
www.genome.gov



Ein Gen ist ein DNA-Abschnitt. Einige Gene enthalten Anordnungen für unsere individuellen körperlichen Merkmale, andere beeinflussen unser Risiko, Krankheiten zu entwickeln

Die Anordnungen in jedem Gen können anhand seines genetischen Codes gelesen werden. Dieser besteht aus den vier „Buchstaben“ der DNA - A, C, G und T -, von denen jeder für eine andere chemische Substanz (Base) steht

16%
der Europäer
besitzen Gene, die
das Risiko einer
COVID-19-bedingten
Atemwegs-
erkrankung
erhöhen

► Konventionelle Impfstoffe werden aus Viren hergestellt, die in einem Labor gezüchtet und dann in einem Prozess abgeschwächt werden, der Monate dauern kann. Im Gegensatz dazu können die mRNA-Impfstoffe innerhalb weniger Wochen aus DNA-Vorlagen entwickelt werden, ohne dass das Virus gezüchtet werden muss, was den Prozess der Bereitstellung eines Impfstoffs enorm beschleunigt.

Mit dem Fortschreiten der Pandemie und der zunehmenden Datenmenge trägt die Genomforschung auch zur Klärung der Frage bei, warum manche Menschen ein höheres Risiko für eine schwere COVID-19-Erkrankung haben als andere. Eine Studie ergab, dass ein von den Neandertalern ererbtes Gencluster, das etwa 50 Prozent der Bewohner Südasiens und 16 Prozent der Europäer tragen, ein Hauptrisikofaktor für Atemversagen bei COVID-19-Patienten ist.

Ein umfassenderes Bild

Die Rolle der Genomforschung während der Coronavirus-Pandemie bietet Einblicke in dieses relativ neue Feld und die Art, wie es das Gesundheitswesen verändert. Wie wir während der Pandemie gesehen haben, ermöglicht uns die Genomforschung, Krankheiten und den menschlichen Körper mit einer neuen Detailgenauigkeit zu verstehen. Aber was wir durch die Linse von COVID-19 gesehen haben, streift nur die Oberfläche der Genomforschung, die uns zu einer prädiktiven, personalisierten Medizin führt.

„Nachdem wir vor rund 20 Jahren den ersten Entwurf der Sequenz des menschlichen Genoms erstellt haben, kommen wir nun zur wirklich breiten praktischen Anwendung dieses Wissens“, sagt Vicki D’Silva, UK & Ireland Life Science Manager, Chubb. „Krebs steht bei der praktischen Anwendung der Genomforschung an erster Stelle.“

Im Moment liegt der Schwerpunkt auf der Optimierung verschiedener Arten von Krebsbehandlungen, die gegen die

individuellen Genome dieser Krebszellen gerichtet sind, aber sie wird definitiv in andere Bereiche führen.“

„Der erste Impuls in Richtung einer echten Veränderung war das BRCA1-Gen für Brustkrebs“, erklärt D’Silva. Es wurde bereits 1994 mit Brust- und Eierstockkrebs in Verbindung gebracht. Heute können Frauen einen Test durchführen lassen, um festzustellen, ob sie eine fehlerhafte Kopie des Gens, das eine Rolle bei der Zellreparatur im Körper spielt, besitzen und wie hoch ihr Risiko ist, Krebs zu entwickeln.

Dies ist ein Beispiel dafür, dass die Genomforschung die Ursachen einer Krankheit entschlüsselt und sie genauer definiert. In diesem Fall handelt es sich um eine monogene Krebserkrankung, die auf einem einzigen fehlerhaften Gen beruht. Es zeigt auch, wie die Genomforschung zur Vorhersage von Krankheiten genutzt werden kann, was die Tür zu präventiven Massnahmen öffnet, noch bevor Symptome auftreten. 2013 verhalf die Schauspielerin Angelina Jolie BRCA1 zu Berühmtheit, als sie bekannt gab, dass sie sich vorbeugend einer doppelten Brustumputation unterzogen hatte, nachdem ein Test ergeben hatte, dass sie ein 87-prozentiges Risiko hatte, an Brustkrebs zu erkranken.

Revolutionierung der Behandlung

BRCA1 ist auch ein Beispiel für den Einfluss der Genomforschung auf Behandlungen, denn Wissenschaftler nutzten ihre Kenntnisse über das Gen, um eine gezielte Therapie, die sogenannten PARP-Hemmer, zu entwickeln, die denselben Fehler in den Krebszellen ausnutzen und sie daran hindern, sich selbst zu reparieren.

Durch höhere Rechenleistung und eine drastische Senkung der Kosten der Vollgenomsequenzierung konnte die Genomik als Bereich der medizinischen Forschung erschlossen werden.



► Und diese Forschung hat die Behandlung in der Onkologie verändert, mit einer wachsenden Liste von Medikamenten, die auf spezifische Genmutationen bei Krebserkrankungen abzielen.

Ein Beispiel hierfür ist Herceptin. Das Medikament blockiert die Wirkung des Gens HER2, das bei einigen Arten von Brust-, Speiseröhren- und Magenkrebs in hohen Konzentrationen vorkommt. Aufgrund der Diagnose von HER2-positiven Tumoren können Ärzte den Patienten sofort Herceptin verschreiben und damit direkt zum wirksamsten Medikament übergehen, anstatt mehrere Behandlungslinien zu durchlaufen, bevor sie das beste finden.

Es gibt unzählige beeindruckende Beispiele für lebensrettende zielgerichtete Medikamente. An der Spitze der therapeutischen Genomforschung steht jedoch die „Gentherapie“, eine experimentelle Technik, bei der fehlerhafte Gene ersetzt oder abgeschaltet werden, um den Körper bei der Krankheitsbekämpfung zu unterstützen.

Die Pharmakogenomik - die Untersuchung, wie Gene die Reaktion einer Person auf Medikamente beeinflussen - macht die Medizin ebenfalls zielgerichteter und ermöglicht eine massgeschneiderte Dosierung oder Auswahl von Medikamenten. „Bei der Pharmakogenomik geht es nicht nur darum, die geeigneten Medikamente für Patienten auszuwählen, sondern auch darum, die Wahrscheinlichkeit von Nebenwirkungen zu verringern“, erklärt Paroha.

Um das volle Potenzial der Genomforschung zu erschliessen, ist es auch wichtig, den Einfluss der Umwelt zu erforschen. „Es geht darum zu verstehen, was der Körper braucht und wie er mit seiner Umwelt interagiert, das heisst wie ausgeprägt seine Fähigkeit ist, Karzinogene zu verarbeiten, weil der Körper gut mit oxidativem Stress umgehen kann, oder wie viel Schlaf jemand braucht“, sagt D'Silva und verweist auf die Entdeckung von Mutationen auf zwei Genen, die jene Menschen aufweisen, die weniger Schlaf als die meisten anderen benötigen.

„Träger dieser Mutation kommen mit nur etwa vier Stunden Schlaf aus, und das ist eine neue Entdeckung der letzten Jahre. Auf der anderen Seite gibt es vielleicht Genveränderungen, die ein Schlafbedürfnis von 10 Stunden bewirken. Und es ist wichtig, dass Sie das erkennen - damit Sie verstehen, wie weit Sie Ihren Körper ausserhalb seines normalen Bereichs drängen.“

Die Genomforschung beschäftigt sich aber nicht nur mit ernsteren Gesundheitsproblemen, sondern wird auch genutzt, um zu analysieren, wie unser Körper auf verschiedene Ernährungsweisen, Trainingsformen und Lebensstile reagieren könnte. „Wir haben Firmen versichert, an die man eine Probe einschicken und auf bestimmte Genmarker testen lassen kann, um festzustellen, ob man dauernd Kardiotraining oder lieber Krafttraining machen sollte, weil der Körper am besten auf diese Art von Bewegung reagiert“, sagt Forrest.

Zusammengenommen führen uns diese Fortschritte zu einer stärker personalisierten Medizin, bei der die Vorhersage und damit die Prävention eine grössere Rolle spielen und die eine genauere Diagnose von Krankheiten sowie eine gezielte, entsprechend unserer Biochemie dosierte Behandlungen erlaubt.

Wie geht es weiter?

Die Anwendung der Genomik im Gesundheitswesen mag in der Onkologie begonnen haben, aber sie weitet sich auf viele andere Bereiche aus, da die Sequenzierungskosten immer weiter sinken und die Forscher immer mehr Daten sammeln, die genetische Marker für alle Arten von Krankheiten aufdecken.

„Wir befinden uns jetzt in einer Welt, in der die Genomsequenzierung von Massenpopulationen in den Vordergrund rückt. In Grossbritannien ist die Ganzgenomsequenzierung bereits ein Teil des Nationalen Gesundheitssystems (NHS), und es ist geplant, bis 2023/24 eine halbe Million Ganzgenome zu sequenzieren.





Was ist CRISPR?

Eine Gen-Editierungstechnik, die es uns ermöglicht, DNA hinzuzufügen, zu entfernen oder zu verändern und somit die Merkmale eines Organismus zu verändern

Die Technik muss noch ausfeilt werden, und derzeit gibt es eine begrenzte Anzahl von klinischen Studien über CRISPR, die sich auf die Behandlung von genetischen Erkrankungen wie Krebs, AIDS und Blutkrankheiten konzentrieren

Theoretisch könnte die Technologie auch eingesetzt werden, um Embryonen mit genetischen Erkrankungen zu verändern oder zu verhindern, dass Erbkrankheiten an Kinder weitergegeben werden

Aber ethische und wissenschaftliche Bedenken haben dazu geführt, dass die Veränderung des Genoms von Embryonen, die normal ausgetragen werden, und die sogenannte Keimbahn-Editierung, bei der die von den Eltern an das Kind weitergegebenen Gene verändert werden, in vielen Ländern illegal sind

500'000 ist die Anzahl der menschlichen Genome, die der NHS bis 2023/24 zu sequenzieren hofft

- ▶ Andere Länder tun das Gleiche, und wir können davon ausgehen, dass sich dieser Trend fortsetzen wird“, sagt Gallois.

„Mit Hilfe von Massendaten werden Wissenschaftler in der Lage sein, Genomsequenzen mit Erkrankungen zu korrelieren und dadurch wichtige DNA-Varianten zu identifizieren, die zu einer Erkrankung führen können, und es der Forschung ermöglichen, sich auf bestimmte genomische Krankheiten zu konzentrieren. Dies sollte zu verbesserten diagnostischen Tests sowie zu zielgerichteten Therapien führen“, fügt er hinzu.

Während bisher monogene Erkrankungen im Mittelpunkt der Forschung standen, beginnen diese gross angelegten Genomsequenzierungsprojekte auch zu enträteln, wie Gene miteinander und mit der Umwelt interagieren und dadurch Krankheiten verursachen. Mithilfe von Algorithmen bewerten die Forscher Millionen von häufigen genetischen Variationen, die mit verschiedenen Krankheiten in Verbindung stehen, von Herzkrankheiten bis hin zu Diabetes und Fettleibigkeit, und erstellen „polygene Risikoscores“, die die geschätzten Auswirkungen vieler genetischer Varianten auf die Veranlagung einer Person für bestimmte Krankheiten zusammenfassen. Wenn diese Technik voll entwickelt ist, könnte sie es Ärzten ermöglichen, ganze Bevölkerungsgruppen zu identifizieren, die ein höheres Risiko für bestimmte Krankheiten haben.

„Durch das Verständnis des Genoms eines Patienten werden die medizinischen Behörden in der Lage sein, diejenigen Menschen zu identifizieren, die für bestimmte genetische Erkrankungen anfällig sind, was eine frühzeitige Erkennung und, wenn nötig, eine gezielte Therapie ermöglicht. Auch der Einzelne kann fundierte Verhaltentscheidungen treffen und vielleicht Lebensstiländerungen vornehmen, die den Gesundheitszustand verbessern können“, sagt Gallois. BRCA1 stand am Anfang dieser Entwicklung, aber das zukünftige Potenzial ist enorm.

Neben Vorhersagen, genaueren Diagnosen und gezielteren Behandlungen erweitert die Pharmakogenomik das Potenzial

der Genomik um eine weitere Ebene. „Wenn Sie in der Zukunft einen Autounfall haben, ist Ihr Erbgut vielleicht auf Ihrem Ausweis verzeichnet, sodass Ihre spezifischen genetischen Bedürfnisse bei der Behandlung berücksichtigt werden können“, erklärt Paroha.

Da die Genomforschung jedoch auf immer vielfältigere Weise angewendet wird, müssen neue Risiken berücksichtigt werden.

Das Risiko für die Gesellschaft

„Meine Sorge ist, dass es mit zunehmender Kenntnis über unsere eigene genetische Ausstattung ethische Fragen im Zusammenhang damit geben wird, wie viel wir davon preisgeben müssen. Müssen Sie Ihrem Arbeitgeber sagen, wie Ihr Erbgut beschaffen ist? Müssen Sie diese Dinge gegenüber Kranken- und Lebensversicherungen offenlegen?“, fragt Paroha.

Die Komplexität der Genomforschung öffnet auch Türen für die Verteidigung bei Rechtsstreitigkeiten im Zusammenhang mit Gesundheit und Sicherheit am Arbeitsplatz. „Aus der Perspektive eines Rechtsstreits könnte Ihre genetische Veranlagung in Zukunft als alternative Ursache für Ihre Erkrankung angeführt werden“, sagt Paroha und nennt Asbestose als Beispiel. „Ein Unternehmen könnte argumentieren, dass Sie eine Krankheit aufgrund Ihrer genetischen Disposition entwickelt haben, nicht wegen äusseren Gründen, wie beispielsweise Ihrer Arbeitsumgebung.“

Gallois hebt die Datensicherheit als eine zentrale Herausforderung hervor. „Genetische Daten werden zunehmend zur Überprüfung der Identität verwendet werden. Der Diebstahl dieser Identität, wie es jetzt der Fall ist, könnte zu finanziellen Verlusten führen.“ Zu den besten Praktiken gehört derzeit die Anonymisierung der Daten von Einzelpersonen und die Gewährleistung, dass die Daten in einer sicheren Umgebung bleiben. „Trotz aller Cyber-Sicherheitsmassnahmen ist ein solches System nicht völlig



► angriffssicher. Auch wenn die Technologie dies heute nicht vorsieht, sollten wir bedenken, dass es zukünftig ein Szenario geben könnte, in dem diese anonymisierten Daten wieder identifizierbar gemacht werden könnten“, warnt Gallois.

Paroha erklärt, dass dieses Risiko noch grösser wird, wenn wir Familiengruppen berücksichtigen. „Wir teilen etwa 50% unseres Genoms mit unseren nahen Verwandten, so dass es nicht nur um die Verletzung unserer eigenen persönlichen Daten geht, sondern um die Privatsphäre eines ganzen Familiennetzwerks.“

Es gibt auch Bedenken darüber, wie viel Vorwissen zu viel ist. „Wir sehen einige Unternehmen, die sich Ihre Krebswahrscheinlichkeit ansehen werden. Aber was bedeutet diese Information für den Verbraucher? Hören Sie plötzlich auf, eine Sache zu tun, die Auswirkungen auf etwas anderes hat, was zu einem anderen Problem führt?“, fragt Forrest.

Eines der auffälligsten Risiken für die Gesellschaft ist jedoch der Einsatz der CRISPR-Technologie, die eine einfache, aber leistungsstarke Veränderung von Genomen ermöglicht. Die CRISPR-Technologie, die manchmal als Genschere bezeichnet wird, gibt uns potenziell die Macht, durch die Veränderung unserer DNA viele Krankheiten zu behandeln und sogar zu verhindern. „CRISPR kann in Zukunft eine wichtige Rolle spielen, denn anstatt zu versuchen, ein Medikament zu optimieren, könnte man doch einfach den genetischen Defekt verändern, einfach zur Ursache vordringen und sie korrigieren“, erklärt Forrest.

Vom Sicherheitsstandpunkt aus gesehen besteht die Befürchtung, dass wir durch die sogenannte Keimbahn-Editierung - also die Veränderung von Genen, die über Generationen weitergegeben werden - bei dem Versuch, genetische Störungen zu heilen, ungewollt Krankheiten schaffen, die Teil des Genpools werden. Die grösste ethische Frage ist, wo die Grenze zwischen der Beseitigung von schwächenden genetisch bedingten Erkrankungen und

der Verstärkung von Eigenschaften, die die Gesellschaft als wertvoll erachtet, liegt und wer darüber entscheiden darf.

„Es gibt einige klinische Studien über CRISPR zur Behandlung der Sichelzellanämie. Das ist ein Einzelgendifekt, eine bedeutende Krankheit, bei der man ein sehr positives Ergebnis erzielen kann, aber über Einzelgendifekte ist man bisher nicht hinausgekommen.“

Ich sehe eine kleine Ausweitung bei der Art von genetischen Erkrankungen, die behandelt werden, und dann ist da noch die Entscheidung, ob man Designer-Babys haben will, denn genau dorthin führt CRISPR“, sagt Forrest. „Es gibt riesige ethische Fragen dazu, wo die Grenze ist“, fügt er hinzu. „An welchem Punkt hört man auf?“

Dies ist eine Frage, der sich die Gesellschaft in naher Zukunft stellen muss. „Wie wir von den Nuklearwaffen wissen, können wir diese Dinge nicht rückgängig machen“, sagt Forrest und verweist auf die unterschiedlichen rechtlichen Rahmenbedingungen in der Welt. „Ethisch gesehen werden wir diese Dinge in den nächsten fünf Jahren entscheiden müssen, weil die Werkzeuge dafür da sein werden.“

Paroha sagt, dass die Aufklärung entscheidend sein wird. „Kulturelle und ethische Standards werden untersucht werden, und ich denke, wir alle müssen über Genomforschung Bescheid wissen und darüber, wie sie unsere Familien beeinflussen wird. Ich denke, dass die Aufklärung eine entscheidende Rolle spielen muss.“

Life Science-Markt

Eine der Grauzonen in Bezug auf die Haftung betrifft die Frage, wer für die Überbrückung der Kluft zwischen dem genetischen Profil eines Patienten und seinen Reaktionen auf Medikamente verantwortlich ist. „Liegt es in der Verantwortung der Arzneimittelhersteller, alle genetischen



Das Wichtigste in Kürze

- **Die Genomforschung hilft uns zu verstehen**, wie sich COVID-19 ausbreitet, warum manche Menschen stärker betroffen sind als andere und wie man die Krankheit bekämpfen kann
- **Die Genomforschung hilft uns**, Krankheiten mit einer völlig neuen Detailgenauigkeit zu verstehen
- **Sie führt uns zu einer** vorhersagbareren, personalisierten Gesundheitsversorgung
- **Neben dem enormen Potenzial gibt es** ethische und wissenschaftliche Risiken
- **Die Geschäftsmodelle der** Pharmaunternehmen müssen angepasst und weiterentwickelt werden

Sie wünschen weitere Informationen? Kontaktieren Sie

Alex Forrest
Head of Life Sciences - Overseas General,
Chubb
aforrest@chubb.com

Vicki D'Silva
UK & Ireland Life Science Manager, Chubb
vdsilva@chubb.com

Karishma Paroha
Senior Associate, Kennedys
karishma.paroha@kennedyslaw.com

► und genomischen Aspekte der Patientenpopulation zu verstehen, auf die ihre Produkte abzielen? Ist es die Aufgabe der Wissenschaft? Ist es die Aufgabe des Gesundheitswesens? Ist es die Aufgabe der Regierungen?“, fragt Forrest. „Das ist eine knifflige Frage, denn wenn Sie ein Pharmaunternehmen sind, können Sie Ihre Aktivität gefährden, indem Sie mehr genetische Informationen herausfinden.“ Forrest mahnt die Pharmaunternehmen, die Auswirkungen der Genomforschung sorgfältig zu bedenken.

„Die Hersteller dürfen nicht davon ausgehen, dass sie bestimmte genomische Auswirkungen ihrer Produkte nicht erforschen sollten.“ Er ist besorgt über das Potenzial für eine Klagewelle wegen unzureichender Arzneimittelkennzeichnung und empfiehlt, die Gebrauchsinformationen zu verschärfen, falls es öffentlich zugängliche Forschungsergebnisse gibt, die genetische Kohorten von Menschen mit unerwünschten Wirkungen in Verbindung bringen.

Je mehr menschliche Genome sequenziert und mit medizinischen Aufzeichnungen verglichen werden, desto mehr Muster werden auftauchen, die unerwünschte Reaktionen auf bestehende Produkte zeigen.

Forrest glaubt, dass es nur eine Frage der Zeit ist, bis regulatorischer Druck auf die Pharmafirmen ausgeübt wird und sie gezwungen sein werden, zu verstehen, wie die Genomforschung unerwünschte Arzneimittelwirkungen beeinflusst. „Sie müssen dann einen diagnostischen Begleittest entwickeln, der mit der Verschreibung einhergeht“, sagt Forrest. Solche Tests würden nach genetischen Markern suchen, die auf das mögliche Auftreten einer unerwünschten Reaktion hinweisen. „Wir werden sehen, dass viel mehr Hersteller dies nicht nur wollen, sondern dazu gezwungen werden. Pharmafirmen müssen daher Begleittests entwickeln und im Bereich der Genomforschung aktiv sein, anstatt passiv zu bleiben.“

Zukünftige Pandemien

Der enorme Einfluss der Genomforschung auf das Gesundheitswesen kann nicht genug betont werden. Und die Geschwindigkeit, mit der unser Verständnis auf diesem Gebiet voranschreitet, bedeutet, dass wir, wenn wir in Zukunft mit Pandemien konfrontiert werden, viel besser gerüstet sein werden, um sie schnell zu bekämpfen. Forrest glaubt, dass beim nächsten Mal die Genomforschung dazu genutzt werden wird, jegliche Beschränkungen sozialer Kontakte extremst gezielt zu gestalten. „Ich sehe einen Weg, wie wir unsere Immunität mit Hilfe von Genomiktools (Immunomics) verstehen können, der es den Menschen erlauben wird, ihren Geschäften nachzugehen, und letztendlich andere dazu bringen wird, sich abzuschirmen“, sagt er. „Selbst in den nächsten sechs oder zwölf Monaten wissen wir nicht, wer COVID-19 hatte, wer den Impfstoff braucht und wer nicht. In Zukunft können wir jedoch hoffen, dass wir die Mittel haben, um dies herauszufinden, um auf diese Weise schnell von dem wirtschaftlichen Desaster wegzukommen, jeden isolieren zu müssen, und damit ein gewisses Funktionieren der Gesellschaft zu ermöglichen. Gleichzeitig könnten wir so diejenigen schützen, die nicht die notwendigen Antikörper haben.“

In der Tat werden wir vielleicht bei der nächsten Pandemie zurückblicken und sagen, dass wir nicht einmal die Sprache hatten, um zu beschreiben, was während der COVID-19-Pandemie geschah. Der nächste Bericht in dieser Reihe befasst sich mit den Auswirkungen von COVID-19 auf Lieferketten.

Der nächste Bericht in dieser Reihe befasst sich mit den Auswirkungen von COVID-19 auf Lieferketten.

Chubb. Insured.SM