

## Besorgniserregende SARS-CoV-2-Varianten bisher in NRW weniger weit verbreitet als befürchtet

Bei gut neun Prozent der positiven Abstriche auf SARS-CoV-2 in Nordrhein-Westfalen handelt es sich um eine Infektion mit einer der drei zurzeit bekannten besorgniserregenden Variante (variants of concern, VOCs) des Virus. Das ist das Ergebnis eines Modellprojekts, das das UKM (Universitätsklinikum Münster), das Universitätsklinikum Essen und mehrere Großlabors im Auftrag des Landesgesundheitsministeriums durchgeführt haben. Unter Leitung von Univ.-Prof. Alexander Mellmann, Leiter des Instituts für Hygiene am UKM, wurden 933 positive Abstriche für eine Untersuchung auf genetische Veränderungen mittels Genomsequenzierung eingeschlossen.

### **Herr Prof. Mellmann, gut neun Prozent der überprüften Proben trugen eine der drei bekannten VOCs des SARS-CoV-2-Virus - ist das ungefähr die Höhe, die sie erwartet haben?**

Tatsächlich entspricht im Ergebnis der hohe einstellige Prozentbereich genau dem, was ich so aus dem Bauch heraus geschätzt hätte. Mit dieser Einschätzung stand ich nicht alleine, sondern namhafte Virologen, u.a. Christian Drosten von der Charité haben das ähnlich vorhergesagt, allerdings ohne dass es bisher eine verlässliche Datenbasis gegeben hätte. Ich denke, wir sind alle am Ende einigermaßen erleichtert, dass die Quote nicht deutlich höher ist.

### **Wie verteilen sich den die bekannten Virusmutationen?**

Inzwischen haben wir den Großteil der Proben ausgewertet. In diesen knapp 900 Proben fanden wir in 73 Fällen die Variante B.1.1.7, die sogenannte „UK“-Variante. Wir hatten erwartet, dass diese die am häufigsten vertretene Variante sein würde. Die „südafrikanische“ Variante (B.1.351) haben wir in dieser nur fünf Mal in insgesamt vier verschiedenen Kreisen gefunden. Positiv überrascht waren wir, dass die „brasilianische“ Variante (B.1.1.28, P.1), die ja eine Bedrohung darstellen könnte, weil hier die vorhandenen Impfstoffe möglicherweise nicht so wirksam sind, überhaupt nicht vertreten war.

Das ist das eigentlich relevante an unserer Studie, denn sie verschafft uns einen Überblick, inwieweit die verschiedenen Varianten hier schon präsent sind. Nur so können wir frühzeitig eine Verbreitung besorgniserregender Varianten erkennen und gezielt Gegenmaßnahmen ergreifen. Dass das entscheidend ist, können wir beispielsweise in Nordirland oder Portugal, sehen, wo die VOCs sehr schnell zu einem rasanten Anstieg der Fallzahlen geführt haben.

### **In den Niederlanden soll der Anteil der britischen Virusvariante bei knapp 30 Prozent aller SARS-CoV-2-Infektionen liegen. Ist demzufolge die Durchseuchung in den grenznahen Gebieten in NRW entsprechend höher?**

Wir haben keine nennenswerte Häufung der britischen Virusvariante direkt hinter der Grenze auf deutschem Gebiet erkennen können. Darüber Aufschluss zu bekommen, war eines der wesentlichen Ziele unserer Surveillance-Studie. Die Übertragung des Virus über die Grenzen hinweg hängt unter anderem auch vom Grenzverkehr ab. Bei multiresistenten Bakterien zum Beispiel sehen wir relativ klar, dass die Verbreitung gar nicht so sehr grenzübergreifend ist. Allerdings hat das Virus natürlich eine ganz andere Übertragungsdynamik als ein Krankenhauskeim.

Was wir dagegen gefunden haben, ist eine Konzentration der Virusvarianten eher auf die Ballungsräume entlang von Rhein und Ruhr. Da herrscht im Zweifel durch (Flug-)Reiseverkehr eine andere Dynamik als beispielsweise im Hochsauerlandkreis.

### **Was genau haben sie für das Modellprojekt untersucht?**

Wir haben am Stichtag 27. Januar im ganzen Land Nordrhein-Westfalen rund 950 verwertbare positive Proben gesammelt, dies flächendeckend und damit möglichst repräsentativ in Bezug auf die Einwohnerzahl für alle 53 Kreise. Voraussetzung dafür waren, dass der Patient aus dem Land NRW stammt und eine gewisse Höhe der Viruslast vorhanden sein musste, damit die Sequenzierung grundsätzlich erfolgreich sein kann. Diese Proben wurden unter Hochdruck in drei Großlaboren sequenziert und gemeinsam mit den Partnern an der Uniklinik in Düsseldorf ausgewertet. Dabei haben wir geschaut, wie viele dieser Proben tragen Mutationen und welche sind es? Konnten wir die drei bekannten VOCs finden oder gibt es andere Varianten in NRW?

### **Sie haben neben den bekannten Virusvarianten noch weitere Mutationen entdeckt?**

Ja, wir haben insgesamt 60 verschiedene Varianten des SARS-CoV-2 gefunden. Wir waren wegen der Tendenz zur genetischen Veränderung des Virus davon ausgegangen, dass wir ggf. auch Variationen finden, die noch nicht beschrieben wurden. Allerdings: Neben einer definierenden Punktmutation müssen weitere epidemiologische Kriterien für die Definition einer neuen Variante erfüllt sein. Über 70% unserer Proben machen die Variante und ihren Untergruppen aus, die auch in Europa die Pandemie seit viele Monaten beherrschen. Zur Einordnung: Die Varianten, die wir gefunden haben, weisen teils nur eine Punktmutation auf, die britische Variante ist im Vergleich zum ursprünglichen Virus aus Wuhan, China, an bis zu 17 Stellen im Genom verändert.

### **Welche Rolle können künftig gezielte „Mutationstests“ spielen? Es kann ja nicht jeder Probe mit einem positiven PCR-Test sequenziert werden?**

Bevor man das ganze Genom der Virusprobe entschlüsselt, ist es möglich, im Sinne einer Stufendiagnostik oder wenn man einen hochgradigen Verdacht auf eine VOC hat, einen „Mutationstest“ zu machen, der im Gegensatz zur Sequenzierung in der Regel schon am nächsten Tag ein Ergebnis liefern kann und durch die Bestimmung einer kleineren Auswahl bekannter Mutationen eine erste gröbere Einordnung ermöglicht. Wenn dieser Test positiv ausfällt, lohnt es sich auf jeden Fall, den Abstrich zu sequenzieren. Ist der Test negativ, liegt zumindest keine der bekannten Mutationen vor. Da mit diesen Tests nicht alle Varianten unterschieden werden können, ist hier eine weiterführende Diagnostik wie die Sequenzierung erforderlich.