

«Omikron wird in etwa vier Wochen in Europa dominant sein»

Mit den Daten über Viren, die Prof. Richard Neher vom Biozentrum der Universität Basel tagtäglich erreichen, hat er einen genauen Überblick über die Entwicklung des SARS-CoV-2-Virus und die Variante Omikron. Und es sind viele Daten, mehr als er und sein Team jemals zuvor von einem Virus hatten. Mit der Online-Plattform Nextstrain kann er live verfolgen, wie sich der Krankheitserreger weltweit ausbreitet.

Herr Neher, wie stark wird Nextstrain derzeit für die Erforschung des Covid-19-Erregers genutzt?

Wir haben vom SARS-CoV-2-Virus so viele Daten wie nie zuvor von einem einzigen Virus. Es gibt inzwischen weltweit sechs Millionen vollständig sequenzierte Virusgenome. Täglich kommen zwischen 10'000 und 50'000 hinzu. Allein für die Schweiz liegen uns rund 95'000 Sequenzen vor. All diese Daten fließen bei Nextstrain ein. Damit haben wir eine unglaublich gute Grundlage für unsere Analysen. Allein für Omikron haben wir schon 1200 Sequenzen vorliegen, dabei kennen wir die Variante erst seit zwei Wochen.

Was konkret macht Nextstrain mit diesen Sequenzen?

Mit diesen Daten können wir herauslesen, wie sich das Genom und die molekularen Details der Proteine verändert haben, wann eine Variante entstanden ist und wie sich eine Variante im zeitlichen Verlauf gegen andere Varianten durchgesetzt hat. Wir können auch abschätzen, wie immunevasiv eine bestimmte Variante sein könnte, also wie gut sie die Immunantwort umgehen kann.

Wovon hängt es ab, dass eine Variante dominant wird oder wird sie immer in allen Teilen der Welt dominant?

Nein, Beta und Gamma haben sich zum Beispiel vor einem Jahr nicht global durchgesetzt, sondern vor allem in Afrika und Südamerika. Eine grosse Rolle hat hier wahrscheinlich der unterschiedliche Grad an Immunität gespielt. Dadurch, dass in diesen Regionen die erste Welle relativ stark war, viele Menschen also schon eine Infektion durchlaufen hatten, hatten die neuen Varianten Beta und Gamma mehr Erfolg, da sie vom Immunsystem weniger gut erkannt werden als Alpha oder die ursprüngliche Variante.

Gibt Nextstrain auch Hinweise auf den Ursprung einer Variante wie Omikron?

Ja, manchmal geben die Sequenzen Hinweise auf den Entstehungsort. Allerdings muss man das Glück haben, dass genau in der Region Daten erhoben worden sind. Bei Omikron kennen wir tatsächlich keine nahen verwandten Varianten, so ist diese Frage auch immer noch nicht geklärt.

Wie sind Sie Omikron auf die Spur gekommen?

In diesem Fall hat uns ein Kollege, Tom Peacock, der als Virologe am Imperial College London arbeitet, auf Omikron aufmerksam gemacht. Auch Kollegen in Südafrika war sofort klar, dass diese Variante wichtig ist. Wir wussten von Omikron rund zwei Tage bevor die WHO sie als

besorgniserregende Variante eingestuft hat.

Zu Omikron überschlagen sich die Neuigkeiten. Wie ist der derzeitige Stand der Dinge?

Im Moment ist Omikron in Europa noch selten. Aber wenn die Entwicklung so weitergeht, wird Omikron in etwa zwei bis vier Wochen in Europa vorherrschend sein. Im Moment sagen uns die Daten aus Dänemark und Grossbritannien, dass sich die Anzahl der Ansteckungen mit Omikron etwa alle drei bis vier Tage verdoppelt.

Wie infektiös ist Omikron im Vergleich zur Delta-Variante?

Die Übertragungsrate ist fast dreimal so hoch. Das liegt jedoch nicht an dem Virus selbst, sondern daran, dass sich geimpfte und ungeimpfte Menschen anstecken. Mit Delta stecken sich weniger Menschen an, weil geimpfte Personen davor nach wie vor recht gut geschützt sind.

Heisst das, die Impfung schützt nicht mehr?

Doch, die Hinweise verdichten sich, dass die Impfung zumindest vor schweren Verläufen weiterhin schützt. Der volle Impfschutz ist jedoch nach den bisherigen Erkenntnissen nicht mehr gegeben. Eine Booster-Impfung erhöht den Antikörperspiegel und kann so die reduzierte Bindung der Antikörper teilweise wieder ausgleichen.

Was lässt sich über die Sterblichkeit bei einer Infektion mit der neuen Variante sagen?

Im Moment noch nicht viel. Auch, wenn es heisst, dass es tendenziell nur wenige schwere Verläufe gibt, so sagt dies noch nichts über die Virusvariante Omikron aus. Denn viele Menschen, die damit infiziert sind, haben vorher bereits eine Covid-Infektion durchlaufen oder sind geimpft, bevor sie sich mit Omikron angesteckt haben. Dies ist wohl der Hauptgrund für die wenigen schweren Verläufe, nicht die Eigenschaften des Virus selbst.

Die Politik setzt mit ihren Massnahmen erneut auf den Faktor Zeit, um die Verbreitung zu verzögern. Ist das aus epidemiologischer Sicht sinnvoll?

2020 war dies auf alle Fälle richtig. Wir haben so erreicht, dass die meisten Menschen geimpft werden konnten, bevor sie mit dem Virus in Kontakt kamen und so unzählige schwere Verläufe verhindert. Die Sterblichkeit ist um ein Vielfaches gesunken. Und durch die Reduzierung von Kontakten, wurden die ersten Kurven abgeflacht und unser Gesundheitssysteme entlastet. Ausserdem konnten wir so Zeit gewinnen, um Therapien gegen die Krankheit selbst zu entwickeln. All dies zeigt, dass diese Strategie richtig war. Auch bei Omikron, wo wir noch nicht genau wissen, mit welchem Gegenspieler wir es zu tun haben, ist es angebracht, die Entwicklung so lange es geht zu verzögern.

Ist ein Ende der Pandemie in Sicht?

Die Pandemie ist irgendwann zu Ende, aber das Virus bleibt.

Was heisst das für die Zukunft?

Ich glaube, es ist wichtig, sich bewusst zu machen, dass wir die Ungleichheit im weltweiten Gesundheitssystem verringern müssen. Immunsupprimierten Menschen, wie zum Beispiel sub-optimal behandelte HIV-positive Personen, einwickeln chronische Infektionen, so dass das Virus über Monate in ihnen überdauern kann. Dies ist möglicherweise ein wichtiger Faktor für die Evolution von Varianten, denn das Virus verändert sich bei solchen chronischen Infektionen schnell.

Die Pandemie hat immer wieder gezeigt, dass wir alle im gleichen Boot sitzen. Wir müssen die weltweite Ungleichheit in der Gesundheitsversorgung im Hinblick auf Covid-19, Impfstoffe, und Infektionskrankheiten im Allgemeinen reduzieren.

Nextstrain

Richard Neher entwickelte [Nextstrain](#) 2015 zusammen mit seinem Kollegen Trevor Bedford vom Fred-Hutchinson-Krebsforschungszentrum. Die Idee dazu geht auf die Erforschung von Grippeviren zurück. Die beiden Forscher wollten herausfinden, inwiefern sich die Evolution von Viren vorhersagen lässt. Gerade für Grippe ist dies ein wichtiger Aspekt, denn jedes Jahr muss ein neuer Impfstoff entwickelt werden. Eine Vorhersage ist daher von grosser Bedeutung.

Mit Nextstrain lassen sich verschiedenste Virusausschübe analysieren, sei es Corona, Grippe, Dengue, Zika oder Ebola. Weltweit verwenden Epidemiologen, Virologen und Gesundheitsexperten dieses Tool, um fast in Echtzeit zu sehen, wie die Krankheitserreger sich verändern und ausbreiten.