

Genomische Überwachung des SARS-CoV-2-Virus

A. Dumoulin, M. Moraz, S. Emonet, Zentralinstitut der Spitäler, Spital Wallis, Sitten

Das Coronavirus SARS-CoV-2, welches COVID-19 verursacht, hat sich seit seinem ersten Auftreten vor knapp drei Jahren auf allen Kontinenten verbreitet. Dennoch ist das derzeit im Umlauf befindliche Virus nicht mehr der Originalstamm, der seinen Ursprung in der Region Wuhan in China hat. Wie alle Viren, vor allem wie alle RNA-Viren, mutiert SARS-CoV-2 schnell und passt sich an, um unsere Immunabwehr zu umgehen und sich damit weiter zu vermehren.

Jedes Nukleotid des Genoms von SARS-CoV-2 kann in der Theorie zufällig mutieren. Manche dieser Mutationen bieten dem Virus keine Vorteile oder schaden ihm sogar. Die auf diese Weise genetisch veränderten Stämme weichen zugunsten von Stämmen mit Mutationen, die ihnen einen evolutionären Vorteil verschaffen. Mutationen z.B., die die Oberfläche des Virus verändern, hindern die bei einer Infektion oder einer Impfung vom Immunsystem gebildeten Antikörper daran, SARS-CoV-2 zu erkennen, sodass sich das Virus effizienter vermehren kann. Durch dieselbe Art Mutationen kann auch die Wirksamkeit der Behandlungen mit monoklonalen Antikörpern, die sich gegen die Oberflächenstruktur des Virus richten, sinken.

Die Varianten von SARS-CoV-2 sind Träger von Mutationen, mit denen sie das Immunsystem leichter umgehen können und gegenüber Behandlungen resistent werden.

Seit Beginn der Pandemie hat die WHO das Auftreten von Varianten überwacht, denen die Mutationen beunruhigende Eigenschaften in Bezug auf Übertragung, Virulenz, Immunität, Behandlungsresistenz und Erkennung verleihen. Diese «variants of concerns» wurden durch Buchstaben aus dem griechischen Alphabet benannt. In der Schweiz wurde rasch eine Überwachung der Varianten durch Sequenzierung der klinischen Stämme eingeführt. Derzeit konzentriert sich das vom Bund finanzierte nationale Programm zur genomischen Überwachung von SARS-CoV-2 auf die Viren, die an hospitalisierten Patienten festgestellt werden. Ergänzend zu dieser Überwachung der klinischen Fälle wurde eine Überwachung der Varianten im Abwasser eingeführt, um einen Gesamtüberblick über die in der Gemeinschaft zirkulierenden Stämme zu erhalten.

Das Zentralinstitut der Spitäler ist eines der zwölf Schweizer Laboratorien, die an diesem Überwachungsprogramm teilnehmen. In der Praxis werden die Proben der im PCR-Test positiv auf SARS-CoV-2 getesteten Patienten einem Verfahren zur Extraktion der Virus-RNA unterzogen. Die RNA-Extrakte werden dann an das Sequenzierungslabor Health2030 in Genf geschickt. Im September 2022 wurden über 2500 klinische Proben im Rahmen dieses Programms sequenziert, von denen 96 vom ZIS eingeschendet wurden. Seit das ZIS an dem Programm teilnimmt, hat es knapp 4000 Proben zur Sequenzierung eingeschendet.

Ausgehend von den erhaltenen Genomsequenzen lässt sich die Abfolge der verschiedenen Varianten mit Tools wie Covariants (covariants.org, Abb. 1) visualisieren. Die Variante Omikron BA.5 ist seit Sommer 2022 weitestgehend dominant.

Dennoch breitet sich die Variante Omikron BQ.1 seit einigen Wochen schnell aus und könnte bis Ende des Jahres dominant werden. Zum Glück führen die Infektionswellen in der Population nur noch selten zu Hospitalisierungen auf Intensivstation, vor allem aufgrund der durch Impfung oder infolge einer Infektion erworbenen Immunität. Eine natürliche Entwicklung der Varianten hin zu einer höheren Übertragbarkeit bei gleichzeitig geringerer Virulenz könnte dieses Phänomen ebenfalls erklären.

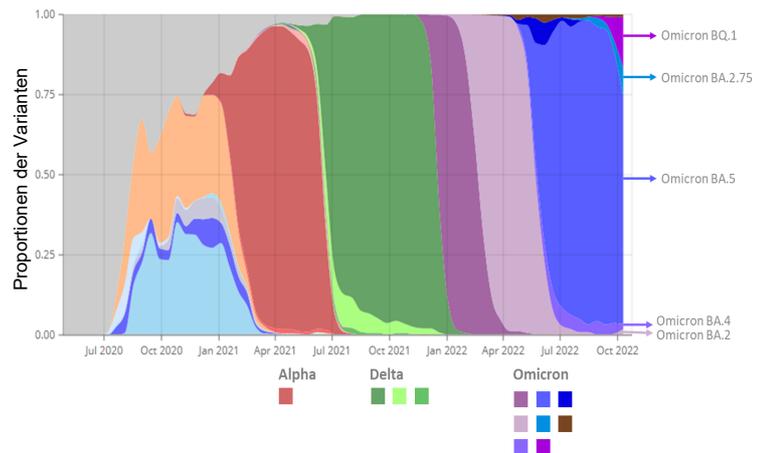


Abbildung 1: Abfolge der verschiedenen Varianten und Untervarianten (aus den Daten von covariant.org)

Mit der genomischen Überwachung von SARS-CoV-2 können Gesundheitsexperten rasch auf das Auftreten neuer besorgniserregender Varianten reagieren und die notwendigen Massnahmen in der Bevölkerung ergreifen sowie Impfstoffe und Behandlung der Patienten anpassen (Wirksamkeit der monoklonalen Antikörper).

Literatur

- [1] COVID-19 Schweiz, Informationen zur aktuellen Lage: www.covid19.admin.ch
- [2] Surveillance variants SARS-CoV-2, Monatsbericht: www.hug.ch/laboratoire-virologie/surveillance-variants-sars-cov-2-geneve-national
- [3] Surveillance of SARS-CoV-2 genomic variants in wastewater: bsse.ethz.ch/cbg/research/computational-virology/sarscov2-variants-wastewater-surveillance.html

Ansprechpartner

Dr. Alexis Dumoulin

alexis.dumoulin@hopitalvs.ch

Dr. Milo Moraz

milo.moraz@hopitalvs.ch

Prof. Dr. Stéphane Emonet

stephane.emonet@hopitalvs.ch

Mit der genomischen Überwachung lassen sich die Entwicklungen von SARS-CoV-2 verfolgen und die öffentlichen Hygienemassnahmen und Patientenbehandlungen anpassen.