

Zusammenfassung

Christian Bundschuh

Dr. med.

SARS-CoV-2 Genomic Variant Surveillance in the Rhine-Neckar and Mannheim Regions

Fach/Einrichtung: Hygiene

Doktorvater: Prof. Dr. med. Dennis Nurjadi

Ziel dieser Arbeit ist die epidemiologische Nachverfolgung der genomischen SARS-CoV-2-Variantenverteilung des Jahres 2021 im Rhein-Neckar-Kreis (inkl. Stadtkreis Heidelberg) und im Stadtkreis Mannheim.

Hierfür wurden Patientenproben der Universitätskliniken Heidelberg und Mannheim sowie der Gesundheitsämter dieser Regionen gesammelt und mittels quantitativer reverser Transkriptase Polymerase-Kettenreaktion (RT-qPCR) auf das Vorhandensein von SARS-CoV-2-RNA getestet. Für positive Proben wurden anschließend VirSNiP SARS-CoV-2 Spike-Assays des Herstellers TIB MolBiol und ein Next-Generation-Sequencing (NGS) auf dem NextSeq 500- (Illumina®) durchgeführt. Initial wurden das Nextera Library- (Cov-seq) und das ARTIC-Protokoll V3 hinsichtlich Ihrer Sequenzierleistungsfähigkeit verglichen. Aufgrund der signifikant besseren Sequenzierresultate mit dem ARTIC V3-Protokoll während dieser Phase wurde das Sequenzierungsprojekt anschließend nur mehr mit diesem Protokoll fortgeführt, welches im Rahmen des Projekts noch weiter optimiert wurde (aktuell V4).

Im Laufe des Jahres 2021 wurde durch unsere Forschungsgruppe eine Gesamtzahl von 13.952 SARS-CoV-2-positiven Proben aus den Rhein-Neckar- und Mannheimer Landkreisen mittels NGS charakterisiert und die beiden Regionen im Vergleich betrachtet. Abgesehen von einer initialen Diskrepanz hinsichtlich der Inzidenzrate der A.27.RN-Variante in den ersten Wochen (keine Nachweise im Raum Mannheim) wurde für die genomische Variantenverteilung kein statistisch signifikanter Unterschied in den beiden untersuchten Regionen festgestellt (als statisch signifikant wurde eine relative Abweichung einer genomischen Variante von mehr als 10 Prozent über 2 aufeinanderfolgende Wochen zwischen den beiden Regionen definiert),

wodurch ein gewisser repräsentativer Charakter der Ergebnisse dieser Arbeit über die beiden untersuchten Landkreise hinaus anzunehmen ist.

Zusammenfassend war das Corona-Surveillance-Jahr 2021 in erster Linie vom Aufkommen von B.1.1.7 („Alpha“) im Winter/Frühjahr und deren Ablösung durch B.1.617.2 („Delta“) im Frühjahr/Sommer dominiert. B.1.617.2 wurde erst Anfang Dezember durch vereinzelte Fälle von B.1.1.529 („Omikron“) gestört, bis Ende des Jahres stieg der Anteil von B.1.1.529 jedoch bereits auf 40 Prozent an - und im Januar 2022 wurde B.1.1.529 dann zur dominierenden SARS-CoV-2-Variante mit einem Anteil von über 90 Prozent.

Die Ergebnisse dieses Corona-Surveillance-Projekts deuten auf einen epidemiologischen Vorteil der behaupteten Varianten (natürliche Selektionsprozesse) hin, was auch durch die aktuelle Literatur gestützt wird. Ein weithin weitgehend unbeachtetes Problem ist jedoch der Einfluss von Impfstoffen und der steigende Anteil geimpfter Menschen auf die genomische Variantenverteilung (induzierter Selektionsdruck), da sich nur Varianten mit ausreichenden Immun-Escape-Mechanismen sowohl bei geimpften als auch bei ungeimpften Personen (die auch für Varianten ohne Immun-Escape-Mechanismen anfällig sind) ausbreiten und vermehren können.