



Update der Hamburg Surveillance Plattform *HHSurv* zur Verbreitung von SARS-CoV -2 Varianten in Hamburg

In der Kalenderwoche 11 (KW11, 15.03.21 - 21.03.21) betrug der Anteil der per PCR nachgewiesene Anteil der Variante B.1.1.7 (auch als VOC-202012/01 oder 501Y.v1 bezeichnet) unter 191 untersuchten Stichproben aus Hamburg rund 87% (Abbildung 1 und Tabelle 1). Der prozentuale Anteil unter den Neuinfektionen stabilisiert sich damit auf hohem Niveau und weist darauf hin, dass das Infektionsgeschehen in Hamburg bis auf Weiteres durch die Variante B.1.1.7 bestimmt wird.

Gleichzeitig wurde in vier der Proben aus KW11 die sogenannte südafrikanische Variante B.1.351 nachgewiesen (Nachweis bislang durch PCR; die Bestätigung durch Sequenzierung steht noch aus). Unter den insgesamt 1880 bisher untersuchten Stichproben war diese Variante erstmals in der vorangegangenen Kalenderwoche (KW10) aufgetreten (Tabelle 1). Ob diese Variante im Gesamtfektionsgeschehen zukünftig eine wichtigere Rolle spielen wird, lässt sich aufgrund der insgesamt niedrigen Anzahl positiver Proben derzeit noch nicht sagen.

Bislang wurden 1504 der 1880 Stichproben vollständig sequenziert (Abbildungen 1 und 2, Tabelle 1). Unabhängig von den B.1.1.7 und B.1.351 Fällen befanden sich darunter insgesamt zehn weitere Proben mit sogenannten Fluchtmutationen (d.h. Mutationen, welche dem Virus ein teilweises Unterlaufen der Immunantwort erlauben). Sieben der zehn Proben stammen aus den Kalenderwochen 9 und 10, d.h. den letzten beiden Kalenderwochen aus denen gegenwärtig Sequenzierungsergebnisse vorliegen (Tabelle 2).

B.1.1.7 in Hamburg

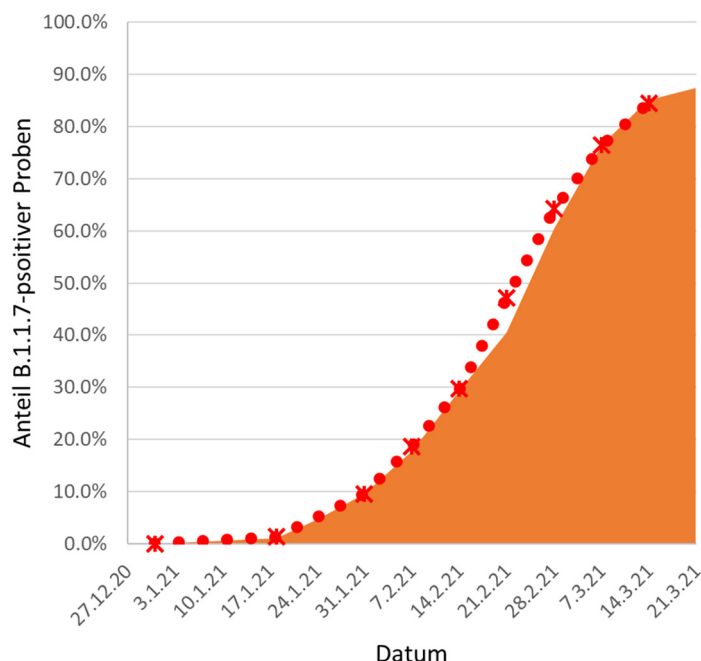


Abbildung 1: Entwicklung des prozentualen Anteils B.1.1.7-positiver Neuinfektionen in Hamburg. Die orange unterlegte Kurve gibt den durch PCR-Untersuchungen ermittelten Anteil der Variante unter 1880 zufällig ausgewählten, bis einschließlich 21.03.2021 abgenommenen Proben aus Hamburg wieder (siehe *Tabelle 1*). Ein Teil der Fälle (bislang 1504 Proben mit Abnahmedatum bis einschließlich 14.03.2021) wurde zudem mittels Gesamtgenomsequenzierung untersucht. 1334 dieser Proben lieferten auswertbare Ergebnisse. Der relative Anteil von B.1.1.7 unter diesen Proben ist durch die rote Linie angegeben.

Dabei handelt es sich um vier Fälle mit der Mutation S:E484K in den Abstammungslinien B.1.525 und B.1.256, sowie sechs Fälle mit der Mutation S:L452R (Abstammungslinien C.16, C.36, B.1.1 und B.1.427). Die Zunahme von Fällen mit diesen Mutationen deckt sich mit einem bundesweiten Trend, der bei Analyse von in öffentlich zugänglichen Datenbanken hinterlegten Sequenzen aus Deutschland festzustellen ist.

Prinzipiell ist das Auftreten von Fluchtmutationen bei steigenden Hintergrundimmunität der Bevölkerung nicht ungewöhnlich. In Hamburg handelt es sich derzeit noch um vereinzelte Fälle, dennoch verlangt die zunehmende Zahl entsprechender Befunde nach erhöhter Aufmerksamkeit. Wir werden die weitere Entwicklung in Bezug auf das Auftreten dieser oder anderer Mutationen fortlaufend beobachten und an dieser Stelle regelmäßig über das Ergebnis unserer Untersuchungen berichten.

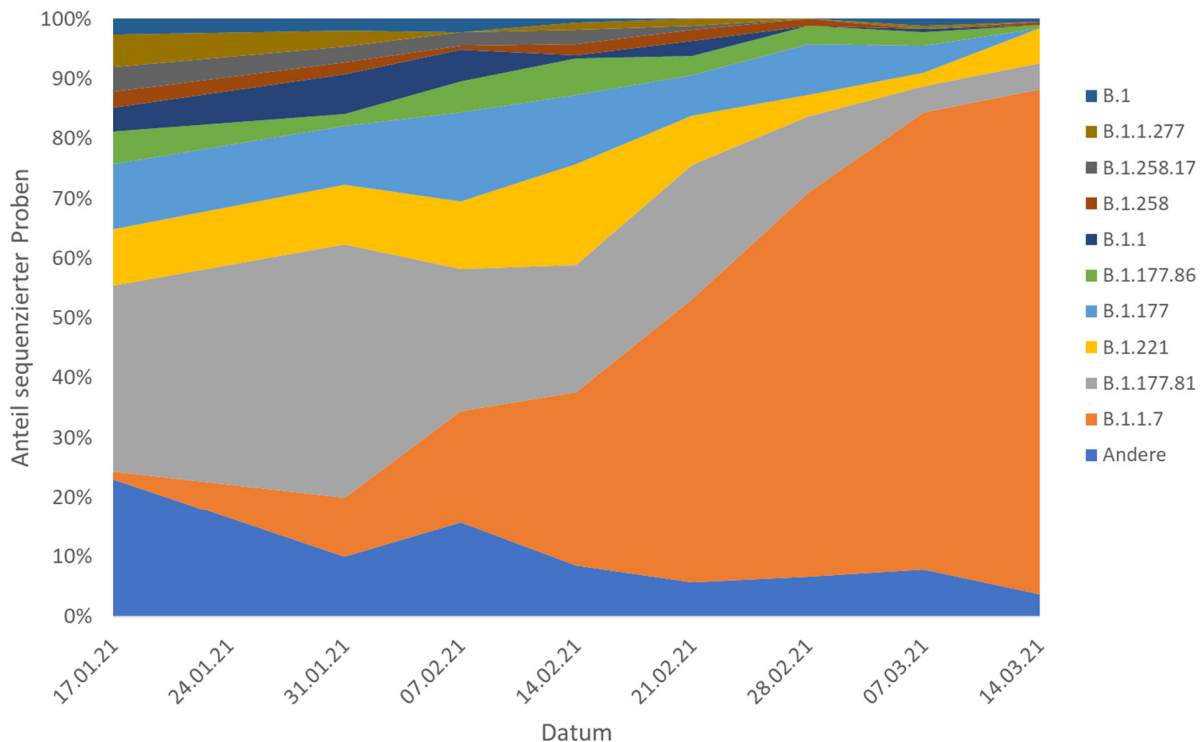


Abbildung 2: Relativer Anteil häufig auftretender SARS-CoV-2 Abstammungslinien in Hamburg. Entwicklung des relativem Anteils der zehn im abgebildeten Zeitraum am häufigsten in Hamburg vorkommenden SARS-CoV-2 Abstammungslinien. Alle weiteren Abstammungslinien sind unter „Andere“ zusammengefasst. Die Abbildung basiert auf der Analyse von 1334 Proben, bei denen die Gesamtgenomsequenzierung eine eindeutige Zuordnung zu einer bestimmten SARS-CoV-2 Abstammungslinie zuließ.

Hamburg, den 07.04.2021

Prof. Dr. Adam Grundhoff
Heinrich-Pette-Institut, Leibniz Institut für
Experimentelle Virologie



Prof. Dr. Nicole Fischer
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf



Tabelle 1: Per PCR-Testung und/oder Gesamtgenomsequenzierung nachgewiesene Fälle von B.1.1.7 und B.1.351 unter 1880 Hamburger Stichproben aus dem Zeitraum 01.12.2020 bis 21.03.2021

Zeitraum			PCR-Testung				Genom-Sequenzierung						
KW ^a	von	bis	Proben Insgesamt	B.1.1.7 positiv		B.1.351 positiv		Proben		B.1.1.7 positiv		B.1.351	
				Anzahl	Prozent	Anzahl	Prozent	Insgesamt	Auswertbar ^b	Anzahl	Prozent ^c	Anzahl	Prozent ^c
	01.12.20	31.12.20	96	0	0.0%	0	0.0%	96	94	0	0	0	0.0%
	01.01.21	18.01.21	96	1	1.0%	0	0.0%	96	75	1	1.3%	0	0.0%
03	18.01.21	24.01.21	192	9	4.7%	0	0.0%	<i>n.d.</i>	<i>n.d.</i>	<i>n.d.</i>	<i>n.d.</i>	<i>n.d.</i>	<i>n.d.</i>
04	25.01.21	31.01.21	188	18	9.6%	0	0.0%	188	177	17	9.6%	0	0.0%
05	01.02.21	07.02.21	192	34	17.7%	0	0.0%	192	134	25	18.7%	0	0.0%
06	08.02.21	14.02.21	188	55	29.3%	0	0.0%	188	165	49	29.7%	0	0.0%
07	15.02.21	21.02.21	190	77	40.5%	0	0.0%	190	159	75	47.2%	0	0.0%
08	22.02.21	28.02.21	177	107	60.5%	0	0.0%	184	165	106	64.2%	0	0.0%
09	01.03.21	07.03.21	183	140	76.5%	0	0.0%	182	178	136	76.4%	0	0.0%
10	08.03.21	14.03.21	187	159	85.0%	1	0.5%	188	187	158	84.5%	1	0.5%
11	15.03.21	21.03.21	191	167	87.4%	4	2.1%	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>

n.d.: nicht durchgeführt; *n.a.*: noch nicht abgeschlossen

^a KW: Kalenderwoche;

^b die mit „auswertbar“ bezeichnete Spalte gibt die Zahl der Proben an, in denen die Sequenzierungsergebnisse eine eindeutige Zuordnung zu einer SARS-CoV-2 Abstammungslinie zuließen.

^c die angegebenen Prozentwerte beziehen sich auf den relativen Anteil von B.1.1.7 oder B.1.351 unter den auswertbaren Sequenzen

Erläuterung zu den Abstammungslinien B.1.1.7 und B.1.351:

- B.1.1.7** Zuerst in Großbritannien beschriebene SARS-CoV-2 Variante mit einer Reihe von Mutationen, die offenbar eine leichtere (ca. 1,3fach) Übertragbarkeit des Virus zur Folge haben. Insbesondere der Mutation S:N501Y wird dabei eine wichtige Rolle zugeschrieben. Diese Variante hat sich seit ihrer ersten Beschreibung im Dezember 2020 in mehreren Ländern Europas (einschließlich Deutschland) sehr schnell ausgebreitet und dabei herkömmliche Varianten verdrängt. Die derzeit verfügbaren Impfstoffe sind gegen diese Variante hochwirksam.
- B.1.351** Zuerst in Südafrika beschriebene SARS-CoV-2 Variante mit einer Reihe von Mutationen, welche neben einer leichteren Übertragbarkeit auch dazu führen, dass gegen herkömmliche Varianten gebildete Antikörper weniger wirksam sind. Neben der Mutation S:N501Y besitzt diese Variante unter anderem die Mutation S1:E484K, welcher bei dieser sogenannte Immunevasion eine wichtige Rolle zugeschrieben wird. Derzeit verfügbare Impfstoffe sind gegen diese Variante weniger gut wirksam.

Tabelle 2: Vorkommen ausgewählter Mutationen unter 1334 SARS-CoV-2 Gesamtgenomsequenzen aus Hamburger Stichproben (Zeitraum 01.12.2020 bis 21.03.2021). Es wurden nur solche Fälle betrachtet, in denen die Sequenzierungsergebnisse eine eindeutige Zuordnung zu einer SARS-CoV-2 Abstammungslinie zuließen.

Mutation	Abstammungslinien ^a	Proben im Zeitraum:									
		Gesamt ^b	01.12.20 31.12.20	01.01.21 18.01.21	01.02.21 07.02.21	08.02.21 14.02.21	15.02.21 21.02.21	22.02.21 28.02.21	01.03.21 07.03.21	08.03.21 14.03.21	15.03.21 21.03.21
S:N501Y	insgesamt	568		1	17	25	49	75	106	136	159
	B.1.7.7	567		1	17	25	49	75	106	136	158
	B.1.351	1									1
S:E484K	insgesamt	5						1		2	2
	B.1.525	3						1		1	1
	B.1.526	1								1	
	B.1.351	1									1
S:L452R	insgesamt	6					1			2	3
	C.16	3								1	2
	C.36	1									1
	B.1.1	1								1	
	B.1.427	1					1				
auswertbare Sequenzen ^c :		1334	94	75	177	134	165	159	165	178	187

^a die auf der mit „insgesamt“ bezeichneten und in fett dargestellten Linie angegebene Zahlen spiegeln für jede Mutation die jeweilige Gesamtzahl (d.h. über alle Abstammungslinien hinweg) an Sequenzen mit dieser Mutation wider. Darunter sind die jeweiligen Zahlen für einzelne Abstammungslinien angegeben

^b Anzahl von Sequenzen mit der jeweils angegebenen Mutation über den gesamten Beobachtungszeitraum hinweg.

^c Gesamtzahl auswertbarer Sequenzen (d.h. eindeutig einer Abstammungslinie zuordenbare Sequenzen) im jeweiligen Zeitraum.

Erläuterung zu den dargestellten Mutationen:

S:N501Y Mutation in der Rezeptorbindungsdomäne des Spikeproteins. Steht wahrscheinlich mit einer höheren Übertragbarkeit entsprechender Varianten in Verbindung. Tritt typischerweise in den Abstammungslinien B.1.7.7, B.1.351 und P.1 auf.

S:E484K Mutation in der Rezeptorbindungsdomäne des Spikeproteins. Führt wahrscheinlich zu einer schlechteren Bindung von Antikörpern, welche gegen herkömmliche Varianten gerichtet sind. Tritt zusammen mit S:N501Y in den Abstammungslinien B.1.351 und P.1 auf, findet sich jedoch auch unabhängig von S:N501Y in anderen Abstammungslinien.

S:L452R Mutation in der Rezeptorbindungsdomäne des Spikeproteins. Führt wahrscheinlich zu einer schlechteren Bindung von Antikörpern, welche gegen herkömmliche Varianten gerichtet sind. Wurde ursprünglich in der sogenannten südkalifornischen Variante (B.1.427/B.1.429) beschrieben, tritt jedoch auch in anderen Abstammungslinien auf.

Hintergrundinformationen zur Surveillance Plattform: Das Heinrich-Pette-Institut (HPI) und das Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE) untersuchen gemeinsam im Rahmen eines durch die Freie und Hansestadt Hamburg unterstützten Projektes ([Pressemitteilung](#)) routinemäßig einen Teil der Neuinfektionen in Hamburg. Ziel dieser molekularen Surveillance ist es, die Verbreitung besorgniserregender SARS-CoV-2 Virusvarianten (sog. *Variants of Concern*; VOC) in Hamburg zu verfolgen. Dabei werden sowohl bereits bekannte wie auch möglicherweise neu auftretende Varianten erfasst.

Zu diesem Zweck analysieren wir stichprobenartig zwischen 150 und 200 Neuinfektionen pro Woche. Die Fälle werden über das gesamte Stadtgebiet hinweg zufällig ausgesucht, um ein möglichst repräsentatives Bild der tatsächlichen Verteilung der Varianten in der Gesamtbevölkerung zu erhalten. Nachweislich aus Ausbrüchen stammenden Proben werden bewusst nicht betrachtet, da sie dieses Bild erheblich verzerren könnten.

Die Bestimmung von Varianten erfolgt durch PCR Typisierungs-Verfahren sowie Gesamtgenom-Sequenzierungen. In ersterem Verfahren werden charakteristische Mutationen eines bekannten SARS-CoV-2 Stammes mittels spezifischer, durch das UKE eingehend validierter PCR-Tests nachgewiesen. Diese Methode ist vergleichsweise unaufwändig und kann schnell durchgeführt werden. Sie zeichnet sich außerdem durch ihre hohe Empfindlichkeit und Spezifität aus, erlaubt jedoch nur den Nachweis eines begrenzten Spektrums an bereits bekannten Mutationen.

Die Genom-Sequenzierung erlaubt dagegen die Bestimmung aller in einer Probe vorkommender Mutationen. Sie kann daher zur Erfassung neu auftretender Varianten dienen, darüber hinaus lassen sich die Sequenzen über ihren genetischen Fingerabdruck in den Gesamtkontext regional, national oder global vorkommender Virusstämme einordnen. Neben hohen Kosten und technischem Aufwand besteht der Hauptnachteil der Sequenzierung in ihrer gegenüber der PCR geringeren Empfindlichkeit. Nicht alle mittels PCR positiv getesteten Proben liefern daher auch ein verwertbares Sequenzierungs-Ergebnis.

Gleichzeitig ist festzuhalten, dass unter den erfolgreichen Sequenzierungen eine 100%ige Übereinstimmung mit den zuvor durch das UKE ermittelten PCR Ergebnissen zum Nachweis von B.1.1.7 und B.1.351 besteht. Es kann daher davon ausgegangen werden, dass die in Abbildung 1 und Tabelle 1 wiedergegebenen Ergebnisse der PCR Tests das Vorkommen der Variante in der Hamburger Gesamtbevölkerung realistisch widerspiegeln.

Derzeit besteht eine Verzögerung von 10 bis 14 Tagen zwischen Probennahme und erstmaliger PCR Analyse durch unsere Surveillance Plattform. Diese Verzögerung ergibt sich dadurch, dass die Proben von niedergelassenen Laboren, welche die Primärdiagnostik durchführen, stichprobenartig bezogen werden müssen. Aufgrund gesetzlicher Bestimmungen können diese Labore die Proben frühestens 8 Tage nach Erstbefund zur Verfügung stellen. Anschließend finden am UKE Probenaufbereitung und PCR Testung statt. Auf Basis der mittels PCR ermittelten Viruslasten findet danach die Sequenzierung eines Teiles der Proben statt. Aufgrund des hohen technischen Aufwandes sind die Ergebnisse der Sequenzierung erst ca. 1 Woche nach Durchführung der PCR verfügbar.