



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

In der Kalenderwoche 39 (KW39, 27.09.21-03.10.21) betrug der per PCR nachgewiesene Anteil der VOC (variant of concern / besorgniserregende Variante) **Delta** der Abstammungslinie B.1.617.2 unter 164 untersuchten Stichproben aus Hamburg rund **99%** (Abbildung 1). Die Bestätigung dieser Ergebnisse durch Gesamtgenomsequenzierung steht noch aus.

Die Ergebnisse der Genom-Sequenzierungen bestätigten den Verdacht auf das Vorliegen der My Variante in einer der Proben aus der Vorwoche (KW38). Diese Variante war bereits in den Kalenderwochen 19, 24 und 25 in den zufällig ausgewählten Stichproben aufgetreten war (siehe Tabelle 1), konnte sich aber offensichtlich im Folgenden weder gegen Alpha noch gegen Delta durchsetzen. Wir gehen daher nicht davon aus, dass diese VOI einen wesentlichen Vorteil gegenüber Delta besitzt und rechnen vielmehr damit, dass das Infektionsgeschehen in Hamburg weiterhin durch die Delta Variante bestimmt wird.

Von den insgesamt 5746 im Rahmen von *HHSurv* untersuchten Stichproben wurden bislang 5316 Proben mittels Gesamtgenom-Sequenzierung analysiert (Abbildung 1, Tabellen 1 und 2). Darunter befanden sich insgesamt 1692 Proben mit den sogenannten **Fluchtmutationen** S:F490S, S:E484K, S:E484Q oder S:L452R. Dabei handelt es sich um Mutationen, die dem Virus aller Wahrscheinlichkeit

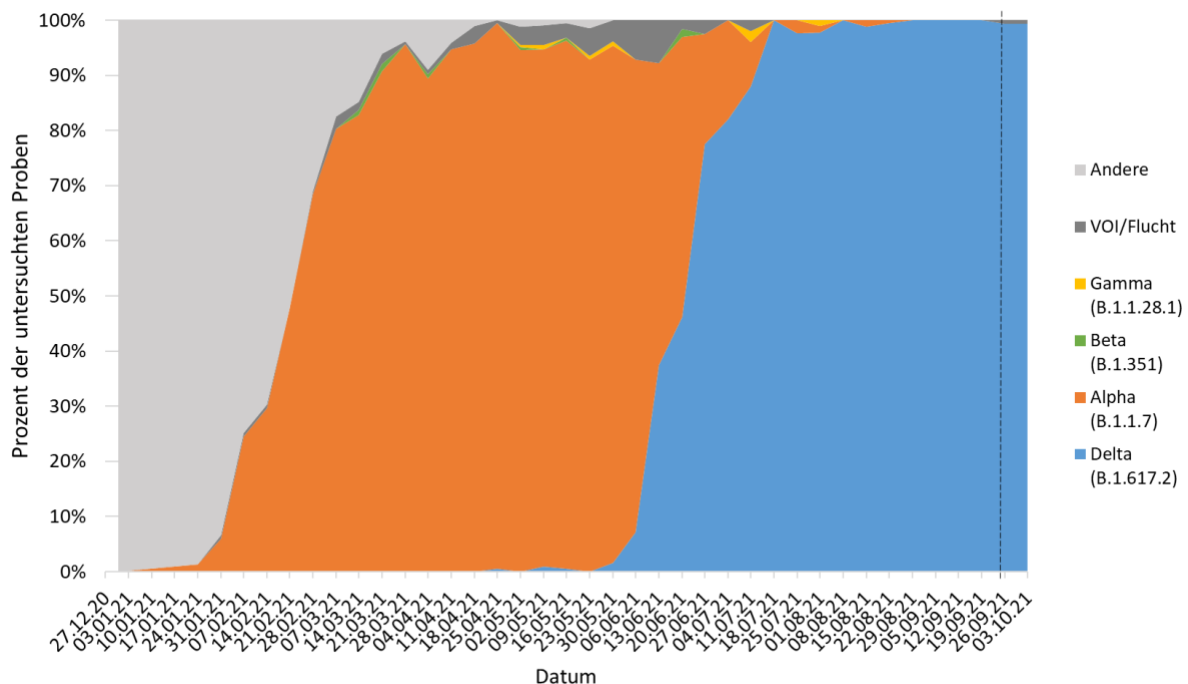


Abbildung 1: Entwicklung des prozentualen Anteils verschiedener Abstammungslinien in SARS-CoV2-positiven Proben aus Hamburg. Die farblich markierten Flächen geben den durch Sequenzierung und/oder PCR-Untersuchungen ermittelten Anteil der rechts aufgeschlüsselten VOCs wieder. Der Anteil der laut RKI derzeit als unter Beobachtung stehende Varianten (VOIs, variants of interest) eingestuft Abstammungslinien, sowie anderer Varianten mit einer oder mehrerer der in Tabelle 2 aufgeführten Fluchtmutationen ist durch die dunkelgrau markierte Fläche wiedergegeben. Die hellgraue Fläche stellt alle anderen Abstammungslinien dar. Die Abbildung beruht auf der Sequenzierung von insgesamt 5316 bis zum Ende der Kalenderwoche 38 (markiert durch die vertikal verlaufende Linie) gesammelten Proben, sowie der vorläufigen PCR Untersuchung von 164 Stichproben aus Kalenderwoche 39.

nach ein zumindest teilweises Unterlaufen der Immunantwort erlauben. Solche Mutationen sind typisch für bestimmte VOCs oder VOIs (z.B. S:E484K für Beta und Gamma, oder S:L452R für Delta), sie können jedoch auch im Hintergrund anderer Abstammungslinien auftreten. Die im Rahmen von HHSurv entsprechend verzeichneten Fälle sind in den Tabellen 1 und 2 nach Abstammungslinie bzw. Art der Mutation aufgeschlüsselt.

Prinzipiell ist bei steigender Hintergrundimmunität der Bevölkerung zu erwarten, dass Varianten mit Fluchtmutationen einen Vorteil erlangen. Die ursprüngliche Alpha Variante besitzt zwar keine der oben aufgeführten Fluchtmutationen, konnte sich jedoch trotzdem in der ersten Hälfte des Jahres 2021 aufgrund ihrer erhöhten Übertragbarkeit gegenüber herkömmlichen Varianten durchsetzen. Bereits in den Wochen vor dem Auftreten der Delta Variante war zu verzeichnen, dass es sich bei denjenigen Fällen, in denen nicht die ursprüngliche VOC Alpha nachgewiesen werden konnte, fast ausschliesslich um verschiedene Varianten mit Fluchtmutationen (einschließlich der VOI My) handelte. Ebenso konnten wir in diesem Zeitraum wiederholt Fälle beobachten, in denen die Fluchtmutationen E484K und F490S zusätzlich im Hintergrund der Alpha Variante aufgetreten waren (siehe Tabelle 1).

Während sich diese Varianten jedoch nicht durchsetzen konnten, kam es in der zweiten Jahreshälfte zu einer schnell voranschreitenden Verdrängung von Alpha (und anderer Varianten) durch die VOC Delta. Diese Beobachtung deckt sich mit dem bundesweiten Trend und dürfte mit der Tatsache zusammenhängen, dass Delta im Vergleich zu Alpha eine etwa anderthalbfach höhere Übertragbarkeit aufweist. Das Vorhandensein der Fluchtmutation S:L452R erlaubt ihr darüber hinaus vermutlich eine zumindest teilweises Unterlaufen der Immunantwort.

Vor diesem Hintergrund ist eine erhöhte Aufmerksamkeit gegenüber der Delta Variante geboten, insbesondere um das mögliche Auftreten zusätzlicher Mutationen zu beobachten, welche die Eigenschaften dieser VOC weiter verändern könnten.

Hamburg, den 21.10.2021

Prof. Dr. Adam Grundhoff

Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie
(HPI)



Prof. Dr. Nicole Fischer

Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf



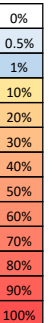
Beta, Gamma Zuerst in Südafrika (Beta, Abstammungslinie B.1.351) bzw. Brasilien (Gamma, Abstammungslinie P.1) beschriebene VOCs mit einer Reihe von Mutationen, welche neben einer leichteren Übertragbarkeit auch dazu führen, dass gegen herkömmliche Varianten gebildete Antikörper weniger wirksam sind. Neben der Mutation S:N501Y besitzen diese Varianten unter anderem die Mutation S1:E484K, welcher bei dieser sogenannte Immunevasion eine wichtige Rolle zugeschrieben wird. Derzeit verfügbare Impfstoffe sind gegen diese Varianten weniger gut wirksam.

Delta Zuerst in Indien beschriebene SARS-CoV-2 Variante der Abstammungslinie B.1.617.2, der sowohl eine höhere Übertragbarkeit als auch eine erhöhte Resistenz gegenüber Antikörpern zugeschrieben wird. Nach neueren Erkenntnissen schützt die Erstimpfung mit den gegenwärtig verfügbaren Impfstoffen zwar weniger gut gegen Delta als gegen Alpha, der Schutz gegen beide Varianten erreicht aber nach der zweiten Impfdosis dennoch ein vergleichbar gutes Niveau. Es kann daher davon ausgegangen werden, dass vollständige geimpfte Personen gegenüber Delta gut geschützt sind.

Zwei verwandte Subtypen derselben parentalen Abstammungslinie, B.1.617.1 und B.1.617.3, spielen trotz initialer Ausbreitung in Indien mittlerweile gegenüber Delta nur noch eine untergeordnete Rolle. Allen gemeinsam ist die Mutation L452R, daneben unterscheiden sich die einzelnen Subtypen durch das Vorkommen zusätzlicher Mutationen (etwa die Mutation S1:E484Q im Subtyp B.1.617.1). Die Abstammungslinie B.1.617.1 wird von der WHO derzeit als VOI (variant of interest) mit der Bezeichnung Kappa geführt. Die Abstammungslinie B.1.617.3 tritt weltweit nur noch selten auf und trägt keine eigene Bezeichnung.

Tabelle 2: Vorkommen ausgewählter Mutationen in Gesamtgenomsequenzen von aus Hamburg stammenden Stichproben.

| Mutation | Abstammungslinien | Proben insgesamt | Proben im Zeitraum: | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------------------------|---|------------------|---------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|---|
| | | | Jan | KW 04 | KW 05 | KW 06 | KW 07 | KW 08 | KW 09 | KW 10 | KW 11 | KW 12 | KW 13 | KW 14 | KW 15 | KW 16 | KW 17 | KW 18 | KW 19 | KW 20 | KW 21 | KW 22 | KW 23 | KW 24 | KW 25 | KW 26 | KW 27 | KW 28 | KW 29 | KW 30 | KW 31 | KW 32 | KW 33 | KW 34 | KW 35 | KW 36 | KW 37 | KW 38 | |
| S:L452R | Delta (1611), C.36 (6), C.16 + L452R (4), C.1.2 + L452R (3), C.36.3 (2), Kappa (1), Epsilon (1), B.1.1 + L452R, N501Y (1), Delta + N501Y (1) | 1630 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 3 | 3 | 0 | 0 | 2 | 1 | 2 | 1 | 1 | 1 | 0 | 4 | 1 | 24 | 30 | 31 | 32 | 45 | 93 | 124 | 88 | 133 | 168 | 186 | 80 | 182 | 142 | 102 | 147 | |
| S:E484K | Alpha + E484K (10), Beta (9), Eta (7), Gamma (6), My (4), C.1.2 + L452R (3), B.1.1.523 (3), C.38 + E484K (2), B.1.1.525 + E484K (1), Iota + E484K (1), B.1.1.318 (1), AZ.2 (1), AT.1 + E484K (1), B.1.620 (1) | 50 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 4 | 2 | 6 | 0 | 1 | 0 | 4 | 0 | 7 | 5 | 3 | 3 | 3 | 1 | 4 | 2 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| S:E484Q | Kappa (1) | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| S:F490S | Alpha + F490S (15) | 15 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 2 | 0 | 3 | 5 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| S:N501Y | Alpha (2461), Alpha + F490S (15), Alpha + E484K (10), Beta (9), Gamma (6), Mu (4), C.1.2 + L452R (3), B.1.1 + N501Y (1), B.1.1 + L452R, N501Y (1), Delta + N501Y (1) | 2511 | 1 | 9 | 34 | 48 | 98 | 119 | 148 | 170 | 200 | 152 | 112 | 162 | 181 | 172 | 237 | 108 | 183 | 137 | 124 | 13 | 36 | 35 | 9 | 7 | 6 | 0 | 4 | 2 | 0 | 2 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | |
| auswertbare Sequenzen im Zeitraum: | | | 74 | 151 | 139 | 162 | 206 | 174 | 183 | 203 | 215 | 158 | 123 | 171 | 186 | 174 | 242 | 112 | 186 | 140 | 129 | 14 | 64 | 65 | 40 | 39 | 50 | 93 | 127 | 90 | 133 | 170 | 187 | 80 | 182 | 142 | 102 | 148 | |



In der Spalte *Abstammungslinien* sind Name der Linie sowie Anzahl der für die jeweilige Mutation positiven Proben (in Klammern hinter dem Namen) angegeben. Unter den mit *Proben im Zeitraum* gezeigten Spalten ist die Anzahl der im jeweiligen Zeitraum positiven Proben wiedergegeben. Die Hintergrundfarbe entspricht dabei dem relativen Anteil an der Gesamtzahl auswertbarer Proben (d.h. Proben, in denen die Sequenzierungsergebnisse eine eindeutige Zuordnung zu einer bestimmten SARS-CoV-2 Abstammungslinie zuließen) aus diesem Zeitraum (siehe Legende unten rechts).

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 VOCs Alpha, Beta und Gamma auf.
- S:F490S** Mutation in der Rezeptorbindungsdomäne des Spikeproteins. Führt wahrscheinlich zu einer schlechteren Bindung von gegen herkömmliche Varianten gerichteten Antikörpern. Tritt typischerweise in der VOI Lambda (C.37) auf.
- S:E484K, S:E484Q** Mutationen in der Rezeptorbindungsdomäne des Spikeproteins, welche wahrscheinlich zu einer schlechteren Bindung von gegen herkömmliche Varianten gerichteten Antikörpern führen. S:E484K tritt typischerweise in den VOCs Beta und Gamma auf, kann sich jedoch auch in anderen Abstammungslinien finden. S:E484Q wird typischerweise in der VOI Kappa (B.1.617.1) beobachtet.
- 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 VOI Epsilon (sogenannten südkalifornischen Variante der Abstammungslinie B.1.427/B.1.429) beschrieben, tritt jedoch auch in anderen Abstammungslinien auf (z.B. in allen Subtypen der Abstammungslinie B.1.617).

Hintergrundinformationen zur Surveillance Plattform: Das Leibniz Institut für Experimentelle Virologie (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 bis zu 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 können.

Die Bestimmung von Varianten erfolgt durch PCR Typisierungs-Verfahren sowie Gesamtgenom-Sequenzierungen. In ersterem Verfahren werden charakteristische Mutationen (z.B. S:L452R, S:E484K, und S:N501Y) ausgewählter SARS-CoV-2 Stämme 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 sehr hohe Übereinstimmung mit den zuvor durch das UKE ermittelten PCR Ergebnissen zum Nachweis der VOCs Alpha, Beta, Gamma und Delta besteht. Es kann daher davon ausgegangen werden, dass die in Abbildung 1 bis zum Abschluss der Sequenzierung vorläufig dargestellten Ergebnisse von PCR Tests aus der jeweils letzten Kalenderwoche das Vorkommen der Varianten 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.

Der komplette Datenbestand wird mit Hilfe fortlaufend aktualisierter bioinformatischer Methoden wöchentlich neu analysiert. Es kann daher bei der Klassifizierung einzelner Proben gegebenenfalls zu Abweichungen gegenüber vorhergehenden Berichten kommen. Ebenso können sich leichte Abweichungen durch die Nachtestung von Proben, oder die nachträgliche Korrektur von Metadaten (insbesondere des Abnahmedatums) ergeben.