

Informationen zu den Mutationen

Ende Dezember 2019 traten in Wuhan, einer Metropole Chinas, eine Vielzahl von Lungenentzündungen mit unklarer Ursache auf.¹ Anfang Januar 2020 konnte von chinesischen Behörden ein neuartiges Coronavirus (SARS-CoV-2) als Ursache dieser Erkrankungen identifiziert werden.¹ Die durch SARS-CoV-2 ausgelöste Krankheit erhielt den offiziellen Namen COVID-19 („Corona Virus disease 2019“) und ist von Mensch zu Mensch übertragbar.² Da es sich um einen neuen Erreger handelt kam es rasch von der Entwicklung einer Epidemie zu einer Pandemie. Weltweit wurden bereits 100.200.107 Fälle gemeldet (Stand: 28.01.2021).³ Erste Fälle sind seit Ende Januar 2020 auch in Deutschland bestätigt worden. Deutschlandweit wurden bereits 2.178.828 Fälle gemeldet (Stand: 28.01.2021).⁴ Die WHO hat am 31.01.2020 einen internationalen Gesundheitsnotstand ausgerufen.¹

Seit September 2020 wurde in Großbritannien ein Anstieg der COVID-19-Fälle verzeichnet, was zu verstärkten epidemiologischen und virologischen Untersuchungen führte. Die Analyse der Daten der viralen Genomsequenz ergab, dass ein großer Teil der Fälle zu einem neuen phylogenetischen Cluster gehört. Die neue Variante wird durch mehrere vorhandene Spike-Protein-Mutationen (Deletion 69-70, Deletion 144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H) sowie Mutationen in anderen genomischen Regionen definiert (ORF1ab, ORF8, N-Gen). Inzwischen gibt es erste Hinweise (begrenzte Datenlage), dass diese neue SARS-CoV-2 Variante B.1.1.7 mit einer erhöhten Fallsterblichkeit einhergeht. Des Weiteren zeigten erste Untersuchungen, dass diese noch leichter von Mensch zu Mensch übertragbar ist als bisher zirkulierende Varianten. Auch in Deutschland sind seit Dezember 2020 Infektionen mit den oben genannten Varianten bekannt geworden. Einige Fälle mit der neuen Variante wurden bisher von Dänemark, den Niederlanden und Belgien gemeldet.^{5,6,7}

Eine weitere bisher beschriebene Virusvariante B.1.351 wurde erstmals im Dezember 2020 aus Südafrika gemeldet. Auch bei dieser Variante zeigten erste Testungen eine potenziell höhere Übertragbarkeit. Erste Studien lassen zudem vermuten, dass der Schutz durch neutralisierende Antikörper gegenüber dieser Variante bei Personen, die an der ursprünglichen Variante erkrankt waren oder mit einem auf dieser ursprünglichen Variante beruhenden Impfstoff erhalten haben, reduziert sein könnte.⁷

Die SARS-CoV-2-Variante B.1.1.28 P.1 zirkulierte erstmals im brasilianischen Staat Amazonas. Sie ähnelt in ihren Veränderungen der südafrikanischen Variante. Für diese Variante wird ebenfalls eine erhöhte Übertragbarkeit und eine mögliche Reduktion der Wirksamkeit neutralisierender Antikörper bei Genesenen bzw. Geimpften diskutiert.⁷

Referenzen:

- 1) https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/nCoV.html. Last accessed: 16.09.2020
- 2) <https://www.spiegel.de/wissenschaft/medizin/covid-19-weltgesundheitsorganisation-verkuendet-neuen-namen-des-coronavirus-a-810ce436-7081-43d2-b8e0-f0b315503e0b>. Last accessed: 12.02.2020
- 3) <https://covid19.who.int/>. Last accessed: 28.01.2021
- 4) https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Fallzahlen.html. Last accessed: 28.01.2021
- 5) <https://www.ecdc.europa.eu>. Last accessed: 21.12.2020
- 6) https://www.cogconsortium.uk/wp-content/uploads/2020/12/Report-1_COG-UK_19-December-2020_SARS-CoV-2-Mutations.pdf. Last accessed: 21.12.2020
- 7) https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virusvariante.html;jsessionid=3DB10A96DE726B7AE1866B05B394309B.internet061?nn=2444038. Last accessed: 28.01.2021