Information des RKI zur neuen Virusvariante B.1.1.529, 26.11.2021

Auf einer Pressekonferenz des südafrikanischen Gesundheitsministeriums am 24.11.2021 wurde vom Nationalen Genomsurveillance Netzwerks über die Identifizierung einer neuartigen SARS-CoV-2 Variante berichtet, die der Pangolin-Linie B.1.1.529 zugeordnet wird und im Kontext eines ungewöhnlich starken Anstieg der COVID-19 Fälle in der südafrikanischen Provinz Gauteng (dort liegt Johannesburg) steht. Bisher gibt es ca. 70 Nachweise in Gauteng, zu der auch die Großstadt Johannisburg gehört. Weitere B.1.1.529 Genome wurden aus Botswana (4) sowie Einzelfälle aus Israel (Reiseanamnese Malawi) und Hongkong (Reiseanamnese Südafrika) berichtet. Phylogenetische Untersuchungen zeigen, dass B.1.1.529 unabhängig von der derzeit dominierenden Delta-Variante entstanden ist. Sie besitzt im Vergleich zum ursprünglichen SARS-CoV-2 aus Wuhan eine ungewöhnlich hohe Zahl von ca. 30 Aminosäureänderungen im Spike Protein, darunter solche mit bekanntem phänotypischem Einfluss (Erhöhung der Transmission, Immunevasion, Übertragbarkeit), aber auch viele Mutationen, deren Bedeutung unklar ist. Derzeit gibt es noch keine experimentelle Untersuchungen der B.1.1.529 Linie, die diese möglichen Einflüsse bestätigen. Daten zu phänotypischen Ausprägungen von B.1.1.529 hinsichtlich Virulenz, der Wirksamkeit von Impfstoffen und therapeutischen Antikörpern sowie zur Transmissibilität, die diagnostische und experimentelle Analysen erfordern liegen derzeit noch nicht vor..

Die Infektion durch diese Variante ist mit den aktuell genutzten gängigen Tests nachweisbar, die Variante selbst kann aktuell nur mittels Sequenzierung sicher identifiziert werden. Die B.1.1.529 weist eine Deletion im S Gen auf, die sich in diagnostischen Testen ähnlich wie bei der früheren Alpha-Variante als S Gen-Ausfall darstellt. Weitere Mutationen im S Gen (z.B. N501Y) sollten zur Etablierung von weiteren SNP-spezifischen diagnostischen PCRs geeignet sein.

Die Linie B.1.1.529 wird von der WHO bereits als variant under monitoring geführt. Es wird jedoch erwartet, dass sie kurzfristig als „variant of interest“ (VOI) oder „variant of concern“ (VOC) klassifiziert wird. Die Variante wird international sehr engmaschig durch NICD, WHO und ECDC beobachtet. Das RKI überwacht die in Deutschland zirkulierenden SARS-CoV-2 sensitiv durch Analyse der sequenzierten Virusgenome (https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\_Coronavirus/DESH/DESH.html) und wird über ein etwaiges Auftreten der Variante in Deutschland berichten.