



Factsheet SARS-CoV-2 Varianten / Variants of Concern (VoC)

Die Situation bei den neuauftretenden Varianten mit erhöhter Transmission bleibt dynamisch. Die Beobachtung der SARS-CoV-2 Varianten wird daher durch das BAG laufend angepasst.

WHO Nomenklatur für SARS-CoV-2 Varianten

<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

WHO Bezeichnung	Pango Lineage	Nextstrain clade	Erstes Auftreten
Alpha	B.1.1.7	20I/S:501Y.V1	UK, Sept 2020
Beta	B.1.351	20H/S:501Y.V2	South Africa, Mai 2020
Gamma	P.1	20J/S:501Y.V3	Brazil, Nov 2020
Delta	B.1.617.2	21A/S:478K	India, Oct 2020

Status Schweiz

Über die letzten Wochen hat sich in der Schweiz die **Variante Delta (B.1.617.2)** wie auch in anderen Ländern durchgesetzt. Mit KW28 wird im Zürcher Raum bereits ein Anteil von 95% der Neuinfektionen mit der Variante Delta in Verbindung gebracht. Der Nachweis spezifischer Mutationen mittels Genotypisierungs-PCR ist daher nicht mehr aufschlussreich und hat keine Auswirkungen mehr auf die Kontaktverfolgung.

Übersicht Varianten Screening am IMV

Derzeit werden am IMV alle SARS-CoV-2 PCR-positiven Proben mit hoher Viruslast mittels Whole Genome Sequenzierung analysiert. Die Mutations-spezifischen Genotypisierungs PCRs (K417T/N, P681H/R) werden ab KW28 nicht mehr für die Variantenbestimmung eingesetzt. Sollten sich neue Varianten etablieren, werden wir entsprechend angepasste Mutantenscreens zeitnah einführen.

Whole Genome Sequenzierung (WGS) am IMV

Das BAG hat ein Surveillance Sequenzierungsprogramm implementiert, das schweizweit durch die universitären Laboratorien getragen wird. Hierbei wird das gesamte Virusgenom sequenziert. Das IMV ist eines der durchführenden Institute. Das IMV selektioniert wöchentlich Proben für die Surveillance Sequenzierung aus Proben die zur SARS-CoV-2 PCR eingesandt werden. Die Selektion beschränkt sich auf Proben mit hoher Viruslast (Ct-Wert < 30).

Sollte aus klinischen oder epidemiologischen Gründen (z.B. Impfversager, Ausbruch in einem Spital) eine full-length Sequenzierung notwendig sein, wird eine Anordnung des Kantonsarztes benötigt, wenn eine Rückerstattung durch das BAG erfolgen soll. Andernfalls gehen die Kosten zu Lasten des Auftraggebers (156 CHF).

Falls im Auftrag des BAG eine Whole Genome Sequenzierung durchgeführt wurde, wird die Sequenz mit anonymisiertem Proben-Code auf der Datenbank GISAID für epidemiologische Surveillance-Analysen deponiert.



Status WGS IMV: Methode verfügbar seit Frühjahr 2020. Durchführung 1x wöchentlich, batchweise Verarbeitung (48 Proben pro Lauf). Ergebnis innerhalb 2 Wochen (abhängig von Probenaufkommen).

Beurteilung WGS: Umfassendste Methode zur Erfassung aller zirkulierenden Varianten. Surveillance-Sequencing, um neue Varianten früh zu erkennen.

Zeitbedarf ab Eintreffen Probe: batchweise Verarbeitung notwendig; Pro Ansatz 2.5 Tage; Resultat in 1-2 Wochen

Einsendungen für Varianten Screening am IMV

Proben können täglich eingesandt werden. Das Auftragsformular wurde entsprechend angepasst.

- **Probenmaterial:** Nasenrachenabstrich, Rachenabstrich oder Speichel in Virustransportmedium, EDTA Plasma. Left-over Material der Ursprungs-Probe kann eingesandt werden (idealerweise bei -80°C gelagert). Für die Whole Genome Sequenzierung sind Proben mit Ct <30 möglich.
- **Wichtig:** es werden für die Bearbeitung der Varianten-Verdachtsproben detaillierte Informationen zur Probe benötigt. Die neuen Varianten sind meldepflichtig. Mögliche Exposition zu VoCs muss bei Einsendung genannt werden. Werden Proben von bereits als SARS-CoV-2 bestätigten Fällen eingesandt, wird die BAG Probennummer (LabOrderID) für die weitere Meldung an das BAG benötigt. Diese muss daher auf dem Auftragsformular vermerkt werden.

Weitere Informationen

Es ist davon auszugehen, dass es in den nächsten Wochen weitere Anpassungen des BAG zum Testvorgehen bezüglich der Varianten geben wird. Wir werden diese jeweils so rasch wie möglich umsetzen und entsprechend informieren.