



Der Beitrag der Gensequenzierung zur Überwachung der Epidemie

Die Analyse der SARS-CoV-2-Mutationen erlaubt es, die Ausbreitung des Virus in der Schweiz und weltweit zu verfolgen. Wir empfehlen bei jeder positiv getesteten Person eine systematische genetische Sequenzierung des Virus, um die Überwachung der Epidemie zu verbessern und die Rückverfolgung der Kontakte zu unterstützen.

Mutationen des Erbguts treten bei Viren natürlicherweise auf – bei SARS-Cov-2 in einem Rhythmus von ungefähr zwei Wochen. Bisher scheinen sie allerdings weder die Infektiosität noch die Virulenz von Covid-19 zu beeinflussen. Dafür ermöglichen sie es, die Entwicklung des Coronavirus und seine Ausbreitung in der Schweiz und weltweit zu verfolgen. Die Analyse der Mutationen – die Phylogenetik – kann so dazu beitragen, die Epidemie zu überwachen, neue Infektionsherde und Importe aus dem Ausland zu identifizieren, und damit die Übertragungswege des Virus besser zu verstehen.

Der Ansatz beruht auf der genetischen Sequenzierung von Virusproben aus der Schweiz und der ganzen Welt und ihrem systematischen Vergleich. Eine grosse Anzahl von genetisch identischen Viren deutet auf das Vorhandensein eines Infektionsherdes hin. In einem solchen Fall kann die Einrichtung einer umfassenden Quarantäne dabei helfen, die Ausbreitung zu stoppen. Unterscheiden sich die Proben genetisch, dann ist anzunehmen, dass die Viren parallel von verschiedenen Personen aus unterschiedlichen Landesteilen oder aus dem Ausland eingeschleppt wurden. Solche Informationen tragen dazu bei, die Art der Epidemie zu verstehen und gezielte Massnahmen zur Bekämpfung der Infektion zu ergreifen.

Auch in der Schweiz sind solche Analysen durchgeführt worden und zwar bei mehrheitlich bereits Anfang März gewonnenen Proben. Diese sind genetisch sehr nah mit den in Europa zirkulierenden Viren verwandt, die auf den Ausbruch in Italien von Anfang Februar zurückgehen. Die Analyse von Ende März entnommenen Proben weist auch auf einen lokalen Infektionsherd in der Region Zürich hin.

Wir empfehlen, die Sequenzierung der Virusproben aller Personen zu koordinieren, die in der Schweiz positiv getestet werden. Ziel ist, die Zeitspanne zwischen der Probeentnahme und der phylogenetischen Analyse von aktuell einem Monat auf zwei Wochen zu verringern. Die Mitte Juni 2020 geringe Zahl von Fällen würde eine systematische Sequenzierung bei jedem positiven Test möglich machen, was die Genauigkeit des von der Phylogenetik gelieferten Bildes der Epidemie erheblich schärfen würde. Diese könnte die Behörden so noch besser dabei unterstützen, die Ausbreitung des Virus in der Schweiz zu überwachen und zu beurteilen, wie sich die Aufhebung der Coronamassnahmen und insbesondere die Wiedereröffnung der Grenzen auswirken.

[ch/fr/policy-briefs](#)

Die SARS-CoV-2-Mutationen häufen sich seit Anfang 2020, was die Genauigkeit phylogenetischer Analysen erhöht. Eine verstärkte Sequenzierung würde nicht nur helfen, die Situation in der Schweiz besser einzuschätzen, sondern auch einen Beitrag zu den internationalen Datenbanken leisten, die für die Rückverfolgung der weltweiten Ausbreitung des Virus unerlässlich sind.