

Press release**Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft****Jutta Kramm**

01/13/2022

<http://idw-online.de/en/news786642>Research projects, Research results
Biology, Chemistry
transregional, national**Omikron hat Berlin im Griff**

Der Anteil von Omikron liegt in Berlin bei 90 Prozent. Das zeigen jüngste Abwasser-Analysen des Max-Delbrück-Centrums und der Wasserbetriebe. Anfang Dezember lag der Anteil noch bei fünf Prozent. MDC-Teams haben ein computerbasiertes Werkzeug für solche Untersuchungen entwickelt.

Wer sich mit Corona ansteckt, scheidet das Erbgut der Viren unweigerlich aus. Unabhängig davon, ob Symptome da sind oder nicht, und auch nicht nur mit der Atemluft oder dem Speichel: Im Stuhlgang infizierter Menschen ist die RNA von SARS-CoV-2 ebenfalls zu finden. Und von der Toilette aus gelangt sie mit dem Abwasser zügig in die Kläranlage.

Im Februar 2021 begannen mehrere Teams des Max-Delbrück-Centrums für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC), im Berliner Abwasser nach dem Erbgut des Coronavirus zu suchen. Sie sequenzierten es, interpretierten die erhaltenen Daten und visualisierten die Ergebnisse in anschaulichen Grafiken. Das Resultat der gemeinsamen Arbeit haben Vic-Fabienne Schumann und Dr. Rafael Cuadrat von der Technologie-Plattform „Bioinformatics and Omics Data Science“ von Dr. Altuna Akalin, der das Projekt koordiniert hat, jetzt gemeinsam mit ihren Kolleg*innen veröffentlicht. Das am MDC entwickelte Tool ist dadurch anderen Wissenschaftler*innen, die mit ihm arbeiten wollen, zugänglich.

Von fünf auf 90 Prozent in vier Wochen

Seit Dezember fahnden die die MDC-Forscher*innen auch nach der neuen Omikron-Variante. Erste Zwischenergebnisse liegen nun vor: So stieg der Anteil von Omikron in den Abwasserproben, die das MDC untersucht hat, bereits im Laufe des Dezembers 2021 rasant: von fünf Prozent am 8. Dezember über 40 Prozent am 23. Dezember bis hin zu 65 Prozent am 29. Dezember. Am 5. Januar 2022 lag der Anteil bei 90 Prozent, Delta war praktisch verdrängt. Das Ergebnis bestätigt Analysen, die das Labor der Berliner Wasserbetriebe gemacht hat. Auch sie zeigen im Verlauf des Dezembers steigende Anteile der Omikron-Variante.

Die trübe Flüssigkeit der Berliner Kanalisation zu nutzen, um schnelle und detaillierte Informationen zur Verbreitung des Coronavirus in der Hauptstadt zu erhalten, war die Idee von Professor Nikolaus Rajewsky. Der Direktor des Berliner Instituts für Medizinische Systembiologie (BIMSB) des MDC nahm vergangenes Jahr Kontakt zu den Berliner Wasserbetrieben auf, die ihr Abwasser gerne zu Forschungszwecken zur Verfügung stellten.

Auf der Preprint-Plattform „medRxiv“ stellen die Forscher*innen um Akalin, der Letztautor der Studie ist, das Werkzeug namens „PiGx SARS-CoV-2“ nun detailliert vor. „Es handelt sich um ein computergestütztes Tool, mit dem wir die Infektionsdynamik und die zirkulierenden Varianten von SARS-CoV-2 zeitgleich an verschiedenen Standorten grafisch darstellen können“, erläutert Schumann. „Das Wichtigste, was man in diese End-to-End-Pipeline einspeisen muss, sind die Resultate der RNA-Sequenzierungen aus dem Abwasser, die Informationen über die zu untersuchenden Varianten und ein paar Nebeninformationen zu den Daten.“

Die Ergebnisse, die „PiGx SARS-CoV-2“ in Grafiken präsentiert, sind zum einen unabhängig von der Zahl der Coronatests und der symptomatischen Krankheitsverläufe. Zum anderen können sie der Frühwarnung dienen: „Sie sagen verlässlich vorher, ob die Inzidenz in den kommenden Tagen zu- oder abnehmen wird“, sagt Schumann.

Neue Varianten frühzeitig entdecken

Um ihre Pipeline zu prüfen, analysierten die Forscher*innen von Februar bis Juni 2021 insgesamt 38 Abwasserproben aus vier Berliner Klärwerken. „Wir konnten mit unserem Werkzeug die Dynamik der besorgniserregenden Alpha-Variante rekonstruieren und haben zudem die charakteristische Mutation der Delta-Variante und deren Anstieg Anfang Juni entdeckt“, berichtet Schumann. „Somit haben wir gezeigt, dass die Pipeline funktioniert.“

Für die Abwasser-Sequenzierungen am MDC ist insbesondere die BIMS-Gruppe „RNA Biologie und Posttranscriptionale Regulation“ von Professor Markus Landthaler verantwortlich. „Der große Vorteil unserer computergestützten Methoden besteht darin, dass wir zeitgleich nach allen bekannten Variationen des Virus suchen und neue Mutationen womöglich früher als bisher erkennen können“, erläutert Dr. Emanuel Wyler, Postdoktorand in der AG Landthaler. „Mithilfe der von uns entwickelten mathematischen Modelle lassen sich bedenkliche Varianten vielleicht sogar aufspüren, bevor sie klinisch relevant werden.“

Abgeordnetenhaus debattiert

Aktuell verfeinert das Team die gezielte Suche nach Varianten wie Omikron im Abwasser und rekonstruiert die Infektionsdynamik. „Denn noch ist umstritten, wie gut sich völlig neue Virusvarianten mit unseren Methoden aufspüren lassen“, erklärt Schumann: „Bislang ist nicht ganz klar, ob die Viren-RNA im Abwasser ähnlich vollständig ist wie im Blut von Patientinnen und Patienten.“

Untersuchungen des Abwassers sind in Deutschland noch nicht als Teil eines Corona-Frühwarnsystems etabliert – weder für bekannte noch für ganz neue Virusvarianten. Dennoch überwachen die Berliner Wasserbetriebe seit Juli 2021 regelmäßig und aus eigenen Mitteln an mehreren Stellen das Abwassernetz und stehen dazu im Austausch mit dem Berliner Senat und dem LAGESo. Derzeit berät die Politik, ob ein bundesweites Monitoring-Programm aufgelegt und mit EU-Geldern gefördert werden soll – und welche Rolle Berlin dabei spielen kann. Am 19. Januar 2022 soll es dazu eine Anhörung im Hauptausschuss des Berliner Abgeordnetenhauses geben – mit den Wasserbetrieben und Daten aus dem MDC.

„Andere Länder, beispielsweise Schweden, die Niederlande und Italien, sind da sehr viel weiter“, sagt MDC-Forscherin Schumann. „Vielleicht hilft unser Tool aber dabei, die Situation auch hierzulande zu verändern.“

contact for scientific information:

Jutta Kramm

Leiterin Abteilung Kommunikation

Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC)

+49-30-9406-2140

jutta.kramm@mdc-berlin.de oder presse@mdc-berlin.de

Original publication:

Literatur

Vic-Fabienne Schumann, Rafael Ricardo de Castro Cuadrat, Emanuel Wyler et al. (2021): „COVID-19 infection dynamics revealed by SARS-CoV-2 wastewater sequencing analysis and deconvolution“. MedRxiv, DOI:

10.1101/2021.11.30.21266952

