

14.04.2020 – 23:00 Uhr

Island zeigt Bild von früher Covid-19-Ausbreitung in einer Bevölkerung mit kohärenter Reaktion des öffentlichen Gesundheitswesens

Reykjavik, Island (ots/PRNewswire) -

Die Studie kombiniert die bisher intensivsten gezielten Tests und allgemeine Screenings jeder Bevölkerungsgruppe mit einer umfassenden Sequenzierung des Virus aus allen identifizierten Fällen, um seine Mutation und Verbreitung zu verfolgen.

Die Ergebnisse unterstreichen die Wirksamkeit und Notwendigkeit aggressiver Tests, der Isolierung von Fällen und der physischen Distanzierung sowie die Dringlichkeit weiterer Tests zur Eindämmung des Virus und der damit verbundenen Krankheit.

Wissenschaftler von deCODE genetics und Kollegen des isländischen Directorate of Health und des National University Hospital veröffentlichten heute online im <http://www.nejm.org/> eine bevölkerungsbezogene Studie über die frühe Ausbreitung des SARS-Cov-2-Virus (das die Covid-19-Krankheit verursacht) in Island. Ziel der Studie ist es, einen möglichst umfassenden Überblick darüber zu geben, wie sich das Virus in einer Bevölkerung, in diesem Fall einer Bevölkerung von 360.000 Personen, ausbreitet, und frühzeitige aggressive Test-, Rückverfolgungs- und Isolierungsmaßnahmen zur Eindämmung der Epidemie durchzuführen. Die Ergebnisse zeigen, dass ca. 0,8 % der Gesamtbevölkerung mit mehreren Virusstämmen oder Kladen des Virus infiziert sind, was die Bedenken bestätigt, dass stille Träger die Krankheit verbreiten. Dies deutet darauf hin, dass die Anstrengungen des öffentlichen Gesundheitssystems bisher zwar wirksam waren, um die Ausbreitung einzudämmen, dass jedoch mehr Daten, einschließlich massiver Bevölkerungsscreenings, wesentlich sein werden, um eine langfristige Eindämmung des Virus in Island zu erreichen.

Die Studie basiert auf einem gezielten Screening und einem Bevölkerungsscreening, bei dem bis zum 4. April, dem Stichtag für die Daten dieser Studie, mehr als 60.000 Tests/Million durchgeführt wurden. Seither wurden in Island weitere 4.000 <https://www.covid.is/data> durchgeführt. Die isländischen Gesundheitsbehörden begannen Anfang Februar, einen Monat vor der Feststellung der ersten SARS-Cov-2-Infektion am 28. Februar, mit der Untersuchung von Personen, die aus Hochrisikozonen (hauptsächlich Skigebiete in den Alpen) zurückkehrten und wahrscheinlich Symptome hatten. Seit dem 4. April wurden bei diesen gezielten Tests 1221 Fälle aus 9199 symptomatischen Personen und deren Kontaktpersonen ermittelt. Alle bestätigten Fälle wurden isoliert, deren Kontaktpersonen zurückverfolgt und unter eine 14-tägige Hausquarantäne gestellt. Um diese Tests zu ergänzen und einen Überblick über die Verbreitung des Virus in der Allgemeinbevölkerung zu erhalten, begann deCODE am 13. März mit der Untersuchung von Freiwilligen, die sich für ein kostenloses Screening angemeldet hatten. Bis zum 1. April wurden 10797 Personen im Rahmen dieser Anstrengungen gescreent, wobei 87 (0,8 %) positiv getestet wurden. Darüber hinaus wurden vom 1. April bis zum 4. April 2283 Personen nach dem Zufallsprinzip aus der Bevölkerung ausgewählt und gescreent, wobei 13 Personen (0,6 %) positiv getestet wurden. Die Analyse der kombinierten Testdaten legt nahe, dass Kinder und Frauen im Allgemeinen etwas weniger anfällig für SARS-Cov-2-Infektionen sind als Männer und Erwachsene.

"Mit dem Versuch, die molekulare Epidemiologie von COVID-19 in Island sorgfältig aufzuzeichnen, hoffen wir, der ganzen Welt Daten zur Verfügung stellen zu können, die im Rahmen der kollektiven globalen Bemühungen zur Eindämmung der Ausbreitung der Krankheit genutzt werden können", so Kari Stefansson, CEO von deCODE genetics und Seniorautor der Veröffentlichung.

deCODE sequenzierte das Virus von 643 Einzelpersonen und zeichnete einen Stammbaum der verschiedenen gefundenen Haplotypen (Reihen von Sequenzvarianten). Die Analyse der Sequenzdateien zeigt, dass die Haplotypen des Virus, die bei den frühen zielgerichteten Tests entdeckt wurden, fast ausschließlich der A2-Gruppe angehörten, die aus Österreich und Italien stammt und mit Personen nach Island kam, die aus dem Skiurlaub zurückkehrten. Im Gegensatz dazu zeigen die Fälle, die in den neueren gezielten Tests und im Bevölkerungsscreening von deCODE identifiziert wurden, dass verschiedene Haplotypen der A1-Gruppe, die in Ländern wie dem Vereinigten Königreich vorherrschen, häufiger geworden sind und dass es jetzt eine große und zunehmende Vielfalt von Haplotypen in der Bevölkerung gibt.

Dies lässt vermuten, dass das Virus aus vielen Ländern nach Island eingeschleppt wurde, auch aus solchen, die damals als risikoarm galten. Derzeit sind in dem Land 291 Mutationen gefunden worden, die anderswo nicht

identifiziert wurden. Einer der Vorteile der Sequenzierung des Virus besteht darin, die Kontakte und zusätzlichen Infektionen aus bestätigten Fällen zu verfolgen. Diese Daten und die Tatsache, dass die Mehrzahl der Neuinfektionen von bereits in Quarantäne befindlichen Personen ausgeht, unterstreichen die allgemeine Wirksamkeit der Anstrengungen des öffentlichen Gesundheitswesens, diese Kontakte zu verfolgen und zu isolieren und die Ausbreitung des Virus weiter einzudämmen.

"Um die Kurve dieser Pandemie so schnell wie möglich abzuflachen, benötigen wir wissenschaftlich genaue Informationen darüber, wie sich COVID-19 in den Gemeinden ausbreitet", so Robert A. Bradway, Chairman und Chief Executive Officer bei Amgen. "Ich glaube, dass die rasche Reaktion von deCODE auf diesen Notfall und die daraus gewonnenen Erkenntnisse dem Rest der Welt eine stärkere wissenschaftliche Grundlage für Entscheidungen im Bereich der öffentlichen Gesundheit geben werden."

Das in Reykjavik, Island, ansässige Unternehmen deCODE ist weltweit führend in der Analyse und im Verständnis des menschlichen Genoms. Mit seiner einzigartigen Sachkenntnis im Bereich Humangenetik, kombiniert mit seiner wachsenden Kompetenz in Bezug auf Transkriptomik und Populationsproteomik und einer riesigen Menge phänotypischer Daten hat deCODE Risikofaktoren für Dutzende von Volkskrankheiten entdeckt und wichtige Einblicke in deren Pathogenese geliefert. Das Verständnis der Krankheitsgenetik verfolgt den Zweck, diese Informationen zu nutzen, um neue Möglichkeiten für Diagnose, Behandlung und Prävention von Krankheiten zu schaffen. deCODE ist eine hundertprozentige Tochtergesellschaft von Amgen (NASDAQ: AMGN).

Video -

https://mma.prnewswire.com/media/1154998/Dr_Kari_Stefansson_on_COVID_19.mp4

Photo -

https://mma.prnewswire.com/media/1154641/deCODE_genetics_headquarters.jpg

Logo - https://mma.prnewswire.com/media/974116/deCODE_genetics_Logo.jpg

Kontakt:

Pressekontakt:

Thora Kristin Asgeirsdottir
PR und Communications
deCODE genetics
thoraa@decode.is
00354-894-1909

Diese Meldung kann unter <https://www.presseportal.ch/de/pm/100057711/100846013> abgerufen werden.