

## Erregerübergreifende Konzeption, Etablierung und Evaluation der Komponenten einer integrierten genomischen Surveillance am RKI

Forum für den Öffentlichen Gesundheitsdienst 2023

20.04.2023

Torsten Semmler, MF1 - Genomkompetenzzentrum



# Integrierte Genomische Surveillance @ RKI für SARS-CoV-2



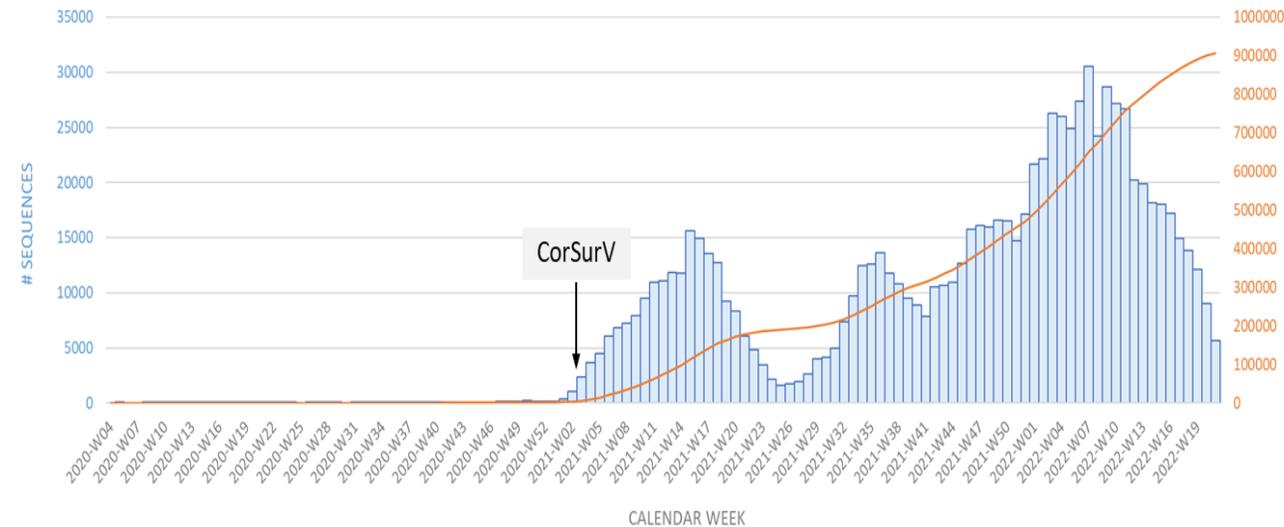


# Gesamtgenomsequenzierung von SARS-CoV-2

## Datenquellen

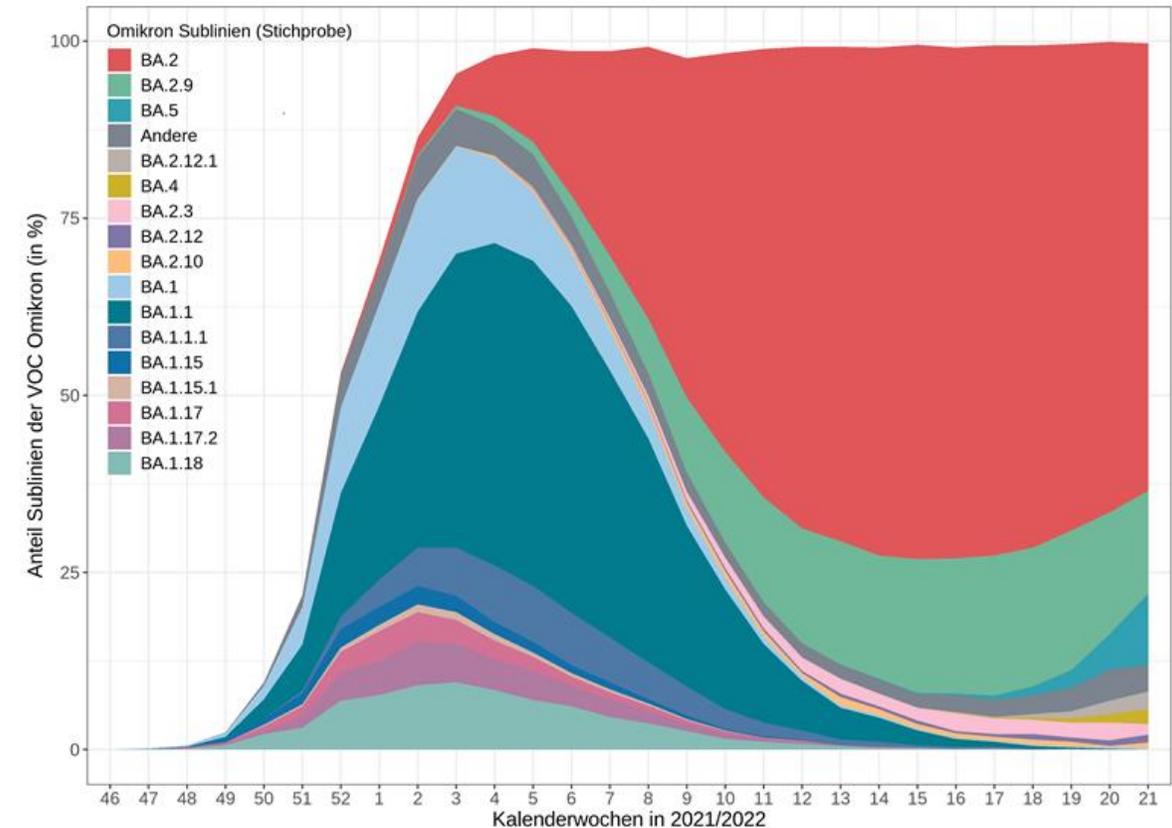
### 3. Gesamtgenomsequenzen

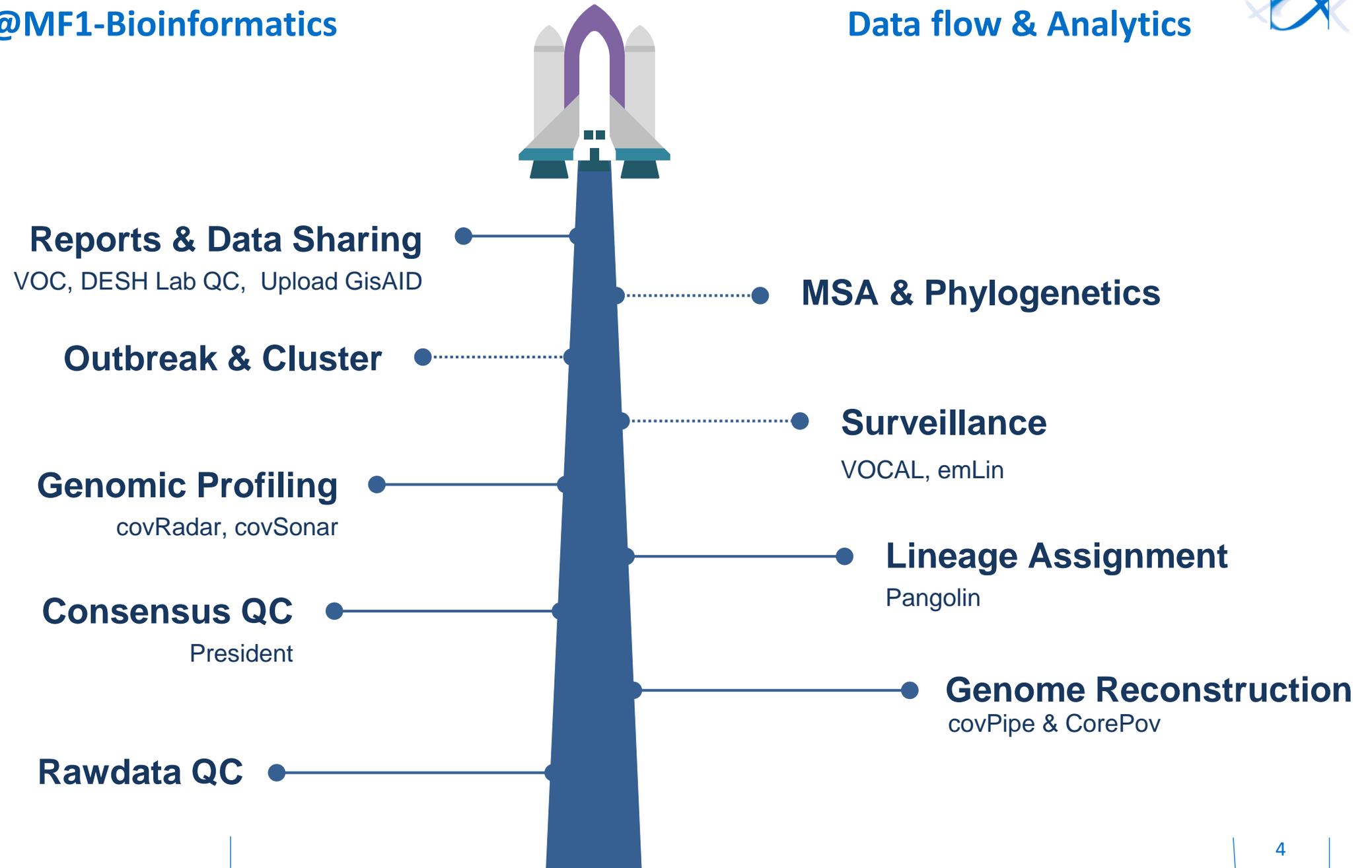
Das RKI sequenziert SARS-CoV-2-positive Proben oder erhält die Genomsequenzen von seinem Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 oder über den Deutschen Elektronischen Sequenzdaten-Hub (DESH) Screening auf bekannte VOCs und **neu auftauchende Linien oder Mutationen** durch WGS (~1.144.000 Sequenzen)



## Tägliche Datenprozesse

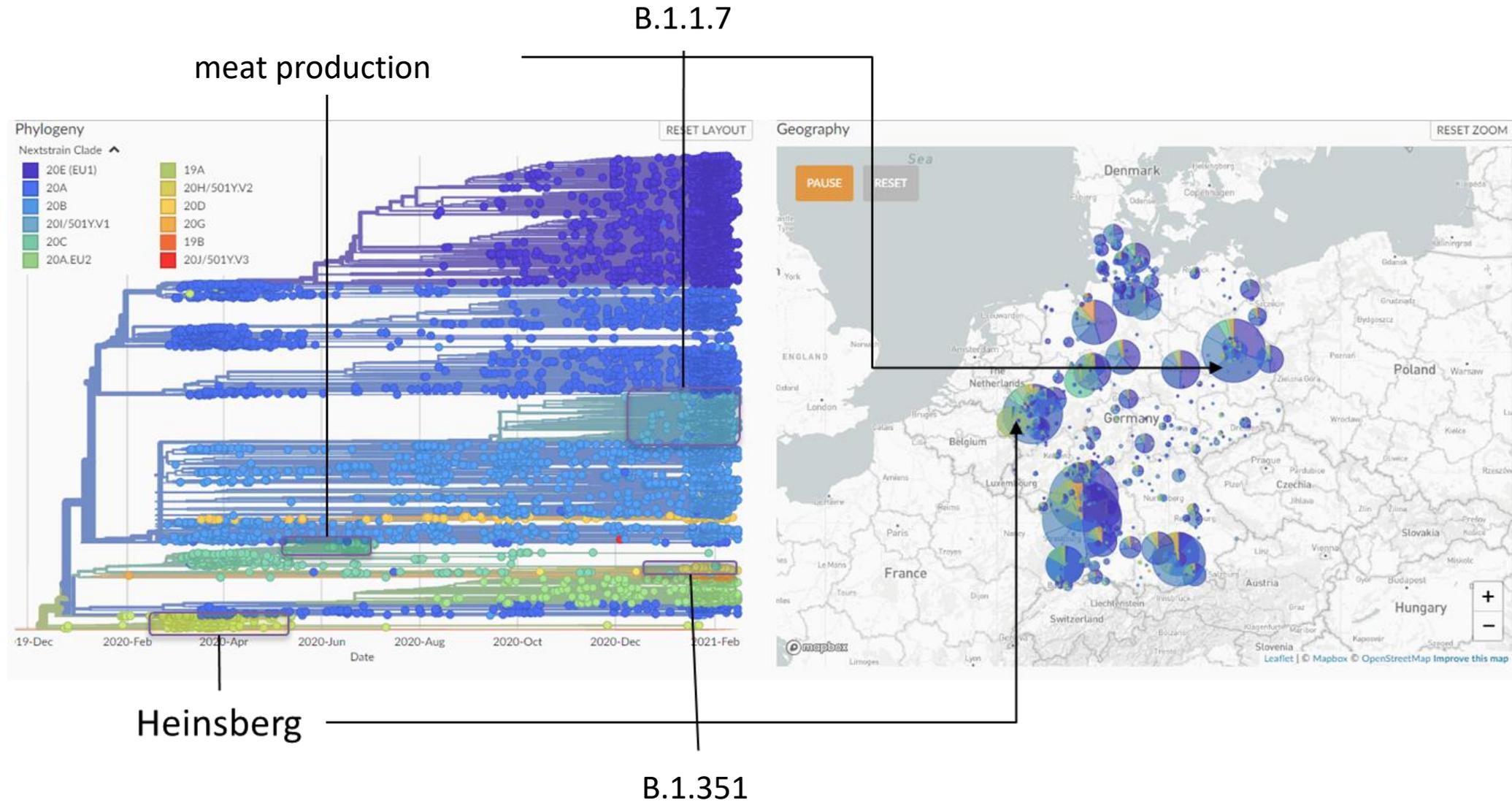
- 1.000 – 8.000 neue Sequenzen
- Neue Liniendefinitionen
- Anfragen
- Reports





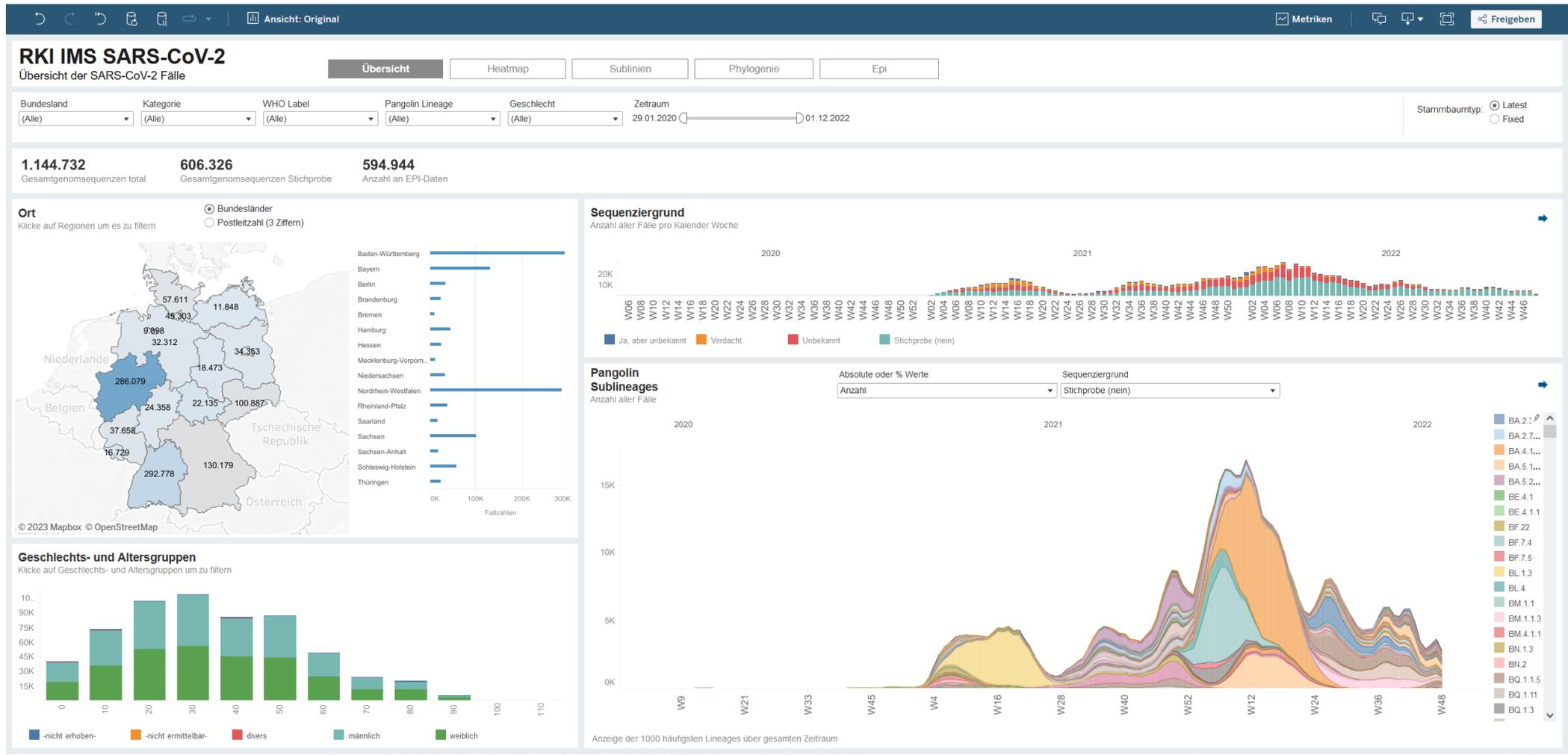


# Visualisierung am Beispiel NextStrain





# SARS-CoV-2 Datenexploration



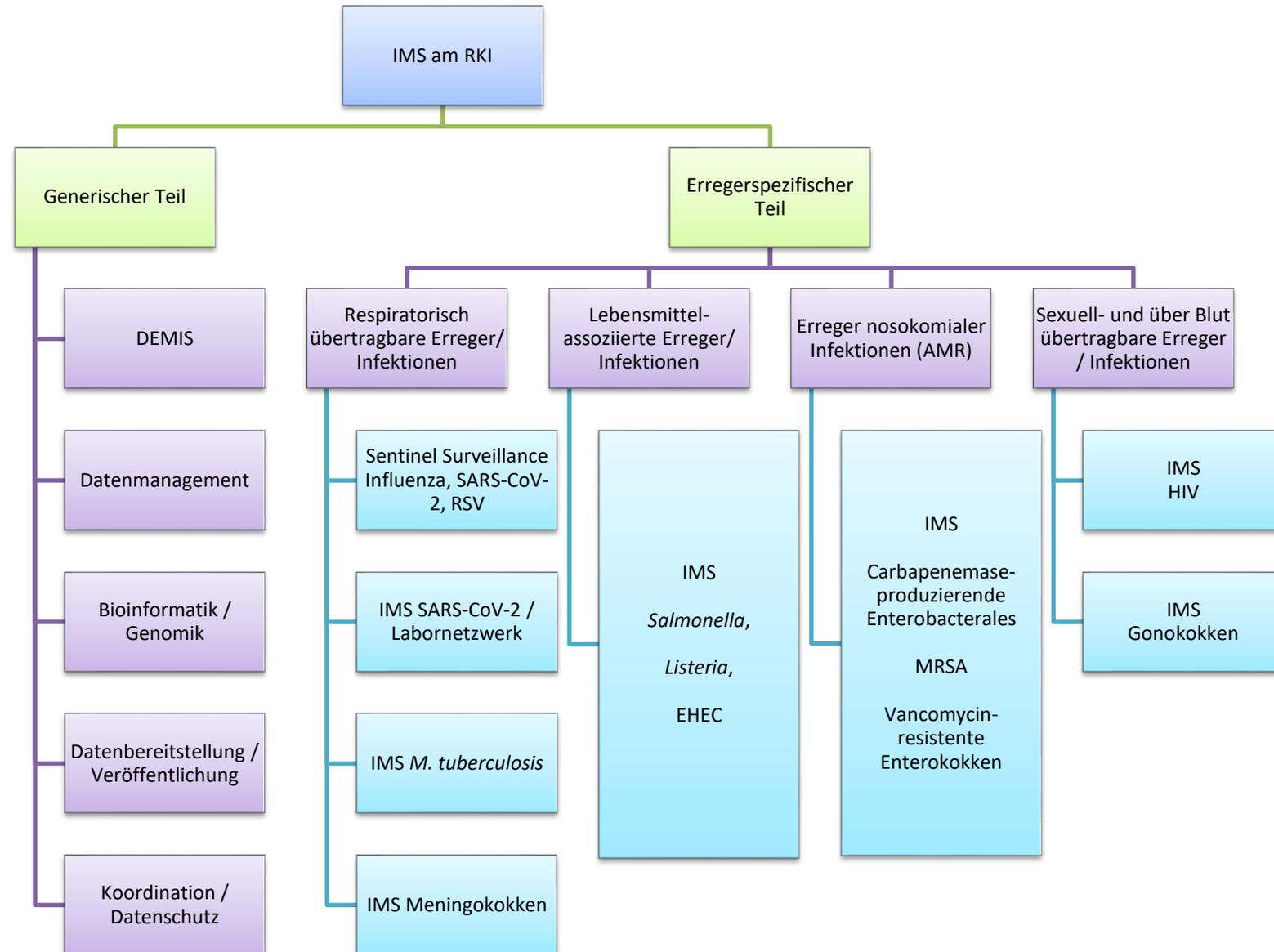


## Erweiterung zur Erreger-übergreifenden IMS

Erreger	Übertragungswege	Meldefälle pro Jahr (geschätzt)	Vorschlag Erhebungsmodus	Jährliche Anzahl typisierungsfähiger Fälle (geschätzt)	Umsetzungspriorisierung
EHEC / HUS	LM	2000	Vollerhebung	2000	A
Listeria monocytogenes	LM	600	Vollerhebung	600	A
Salmonella Enteritidis	LM	5000	Vollerhebung	2500	A
Salmonella Typhimurium	LM	4000	Vollerhebung	2000	A
(humanpathogene) Influenzaviren	RESP	85000	Teilerhebung	1500	A
Invasive Neisseria meningitidis	RESP	300	Vollerhebung	300	A
Masernvirus	RESP	300-1500	Vollerhebung	300-1500	A
Mycobacterium tuberculosis	RESP	5000-5500	Vollerhebung	4000-4500	A
SARS-CoV-2	RESP	---*	Teilerhebung	---*	A
HIV	STI	3200	Vollerhebung	3200	A
Vermindert empfindliche Neisseria gonorrhoeae	STI	1500 – 2000**	Teilerhebung	800-900	A
Carbapenem-nichtempfindl. Enterobacterales	NI	3650	Vollerhebung	3650	A
Carbapenem-nichtempfindl. Acinetobacter baumannii	NI	700	Vollerhebung	700	B
Clostridioides difficile	NI	2800	Teilerhebung	280	B
MRSA	NI	2750	Teilerhebung	1000	B
Salmonella, andere Serovare	LM	5000	anlassbezogen	500	B
Hepatitis-E-Virus	LM	3000	Teilerhebung	1500	C
Hepatitis-A-Virus	LM/STI	1200	Vollerhebung	1200	C
Legionellen	RESP	1100	anlassbezogen	100	C
Pneumokokken	RESP	1000	Vollerhebung	1600	C
West Nil Virus	VB	100	Vollerhebung	100	C



# Projektplanung IMS





# Konzept der erregerübergreifenden Integrierten Genomischen Surveillance

## Systematische, kontinuierliche und zentralisierte Integration von:

- Genomdaten von Public Health-relevanten Infektionserregern (NRZ/KL, Kliniken, Labornetzwerke, ...)
- Bioinformatischen Genomanalysen (Ähnlichkeiten/Unterschiede, Risikoprofil, Virulenz, AMR,...)
- Epidemiologischen Daten (Patientendaten, geographische Daten,...) aus dem Meldesystem DEMIS
- Klinischen und Labor-basierten Daten
- Umweltdaten
- Erregerdaten aus dem Tier- und Lebensmittelbereich
- Daten aus internationalen IMS Systemen



## Notwendige Prozesse / Infrastruktur

- Nutzung der DEMIS Infrastruktur zur Übermittlung von Genomdaten an das RKI
- Zentrale automatisierte Genomanalyse und Integration der epidemiologischen Daten für alle Erreger im RKI
- Generische Konzeption für erregerspezifische Data Warehouses für die integrierten Daten
- Dashboards zur Visualisierung und Exploration der Daten
- Kontinuierliche Bereitstellung der Daten für ÖGD über DEMIS, für NRZ/KL über webbasiertes Informationssystem, für wissenschaftliche Community über öffentliche Datenbanken
- Schnittstellen für die Fachabteilungen des RKI zur weiteren Verarbeitung der Daten

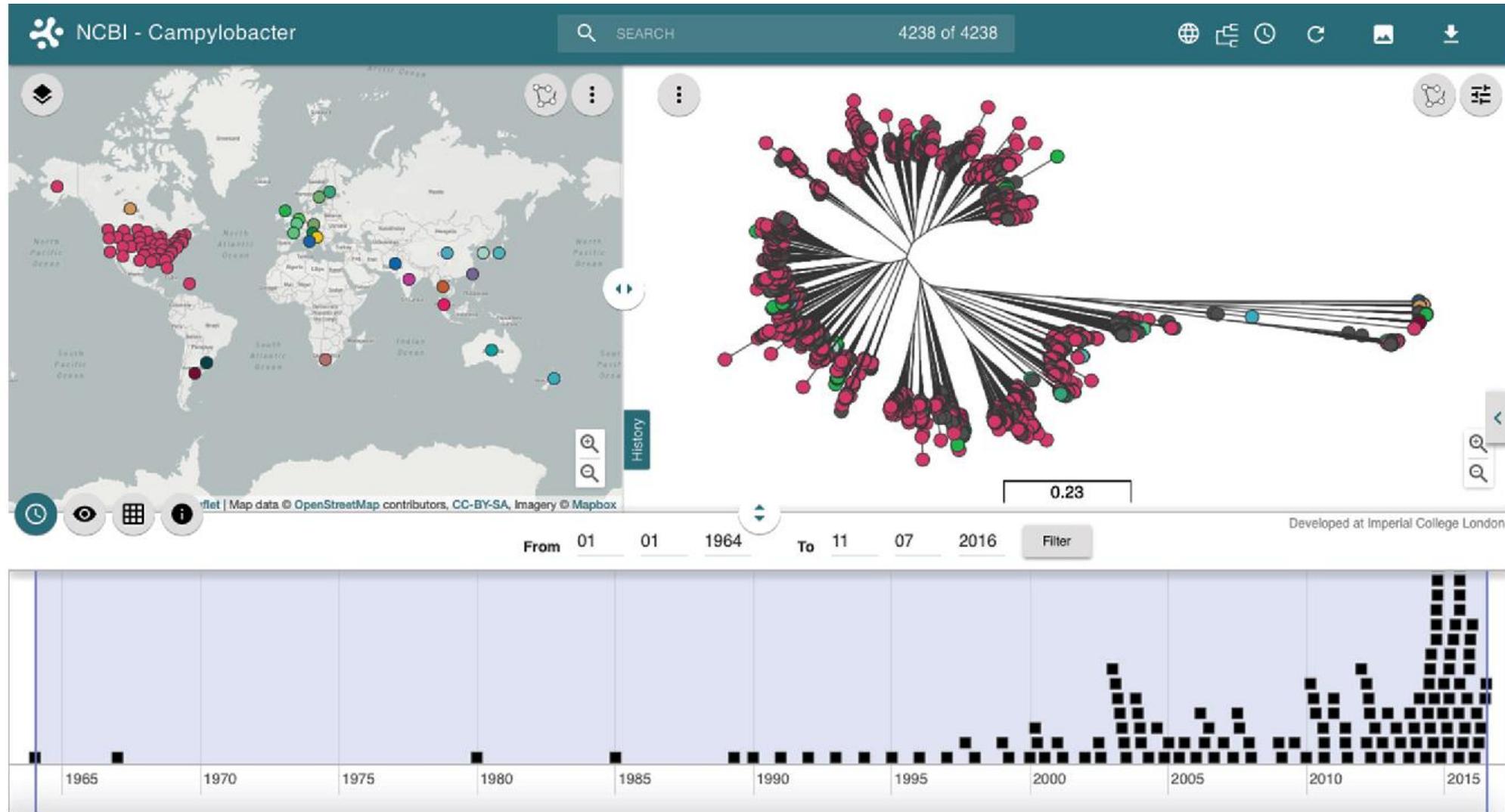


## Nutzen:

- Überwachung von Infektionserregern und den durch sie ausgelösten Infektionskrankheiten
- Ausbruchserkennung, Ausbruchmanagement, Transmissionssurveillance, Resistenzsurveillance
- Trends und Modelle für Vorhersagen
- Entwicklung von Gegenmaßnahmen, wie Impfstoffe
- Verknüpfung und Einbettung der Erregerüberwachung in supranationale Überwachungssysteme (ECDC, WHO, ...)
- Pandemievorsorge, Frühwarnsysteme
- Kontrolle der Evolution von Pathogenen und deren Auswirkungen auf die Gesundheit
- Unterstützung des öffentlichen Gesundheitsdienstes durch Rückspiegelung der Ergebnisse

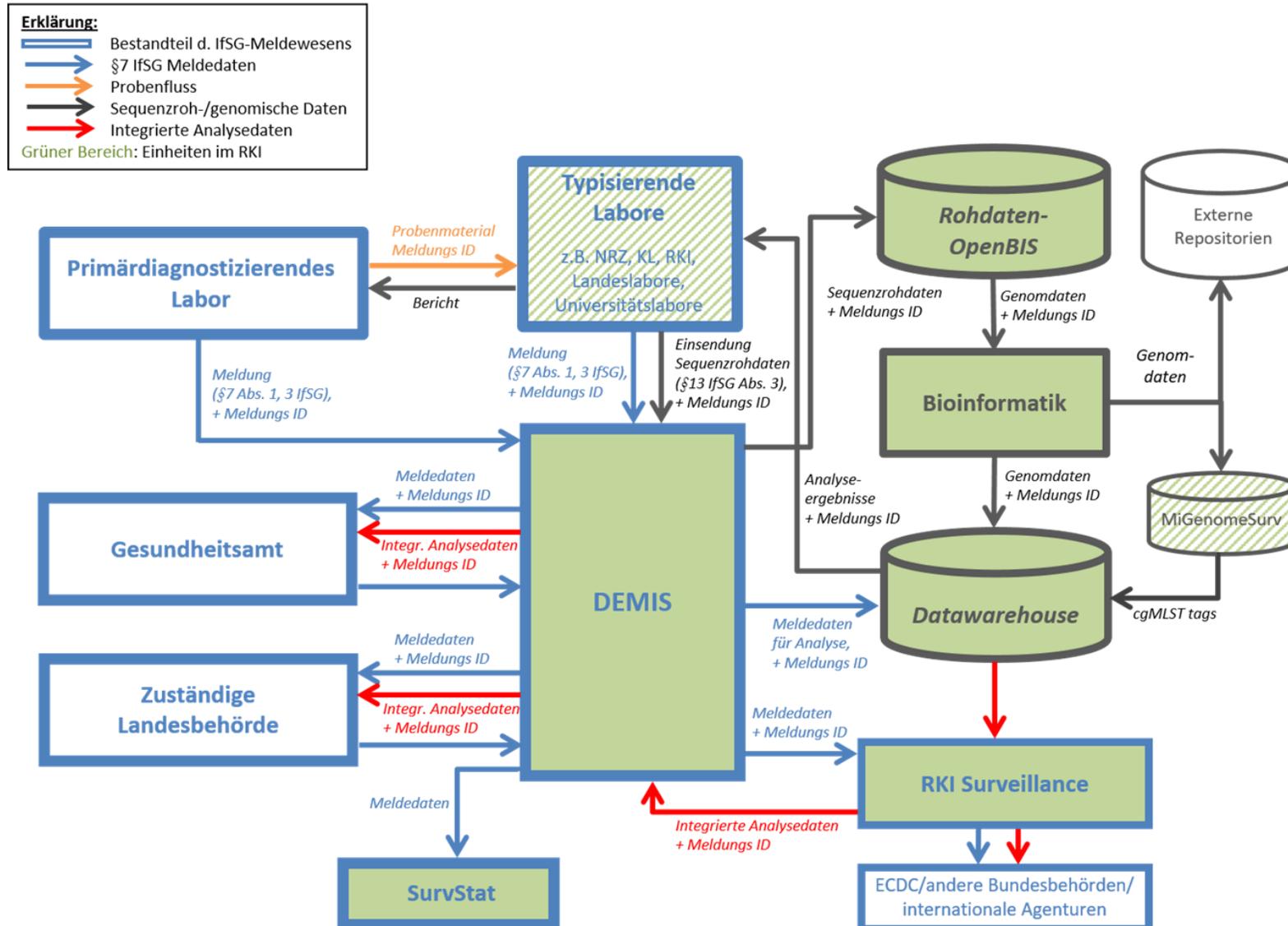


# Genombasiertes Erregerinformationssystem





# Proben- und Datenfluss in der integrierten genomischen Surveillance





## White Paper zur Genomischen Erregersurveillance

[Home](#) > [Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz](#) > [Article](#)

Positionspapier | [Open Access](#) | [Published: 22 February 2023](#)

# Etablierung der Genomischen Erreger-Surveillance zur Stärkung des Pandemie- und Infektionsschutzes in Deutschland

Establishment of genomic pathogen surveillance to strengthen pandemic preparedness and infection prevention in Germany

[Simone Scheithauer](#) , [Alexander Dilthey](#), [Anna Bludau](#), [Sandra Ciesek](#), [Victor Corman](#), [Tjibbe Donker](#), [Tim Eckmanns](#), [Richard Egelkamp](#), [Hajo Grundmann](#), [Georg Häcker](#), [Martin Kaase](#), [Berit Lange](#), [Alexander Mellmann](#), [Martin Mielke](#), [Mathias Pletz](#), [Bernd Salzberger](#), [Andrea Thürmer](#), [Andreas Widmer](#), [Lothar H. Wieler](#), [Thorsten Wolff](#), [Sören Gatermann](#) & [Torsten Semmler](#)

[Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz](#) (2023) | [Cite this article](#)

**1706** Accesses | **52** Altmetric | [Metrics](#)



## WHO - The global genomic surveillance strategy

### What are the Strategy's goals and objectives?

