

SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

Berichtswoche: 12. KW

Datum: 01.04.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen*
KW	Anzahl	B.1.1.7 (UK)	B.1.351 (ZA)*	P.1 (BRA)*	andere VOCs/VOIs*	KW
4. und 5.	1062 (15,7 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (4,3 %)
6	523 (7,7 %)	63 (12 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,1 %)	44 (8,1 %)
7	844 (12,5 %)	180 (21,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36 (6,7 %)
8	611 (9,1 %)	226 (37 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,8 %)	10 (1,8 %)
9	713 (10,6 %)	421 (59 %)	3 (0,4 %)	0 (0 %)	12 (1,7 %)	19 (3,5 %)
10	938 (13,9 %)	580 (61,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	213 (39,4 %)
11	1370 (20,3 %)**	705 (51,5 %)**	5 (0,4 %)**	0 (0 %)	22 (1,6 %)	201 (37,2 %)
12	1750 (25,9 %)	1174 (67,1 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,5 %)	18 (3,3 %)
Summe	6749	3400 (50,4 %)	21 (0,3 %)	0 (0 %)	79 (1,2 %)	564

*erstmalig für KW6 erhoben **Daten für KW11 korrigiert und ergänzt

Hintergrund: Die weiter hohe Inzidenz von SARS-CoV-2 und das Auftreten neuer Virusvarianten mit veränderten Eigenschaften machen eine vertiefte genetische Analyse zirkulierender Virusvarianten nötig. Das ist nur durch systematische genomische Surveillance, bestehend aus molekularbiologischer Diagnostik und infektionsepidemiologischer Analyse, möglich. In Mecklenburg-Vorpommern wird dies durch das CoMV-Gen Vorhaben realisiert. In diesem Bericht werden landesweite Daten zur genomischen Surveillance von SARS-CoV-2 kalenderwochenweise zusammengefasst.

Stand und Datengrundlage: Die Verarbeitung der erforderlichen personenbezogenen Gesundheitsdaten zur molekulargenetischen und epidemiologischen SARS-CoV-2 Surveillance wurden in KW 10 durch einen Erlass des Wirtschaftsministerium MV geregelt. Die Zusammenführung der molekulargenetischen mit den epidemiologischen Daten befindet sich weiterhin im Aufbau. In KW 11 und 12 konnten wichtige Schritte in Richtung Datenzusammenführung unternommen werden: So sind erste Aufträge erfolgreich von Gesundheitsämtern über das CoMV-Gen-Studienzentrum zu Sequenzierlaboren vermittelt worden und die Labore senden zunehmend die fallbezogenen Ergebnisse der Varianten-PCR. Mit Fokus auf den finalen Aufbau wurden in der KW 12 Abfragen an die in MV auf SARS-CoV-2 per PCR testenden Labore¹ gesendet und die Daten an eine CoMV-Gen datengeschützte Cloud übermittelt. Um auch der Öffentlichkeit einen Überblick und Informationen über das CoMV-Gen-Projekt zu vermitteln, wurde eine Website erstellt, die in Kürze online verfügbar sein wird.

Ergebnisse: Von den kontaktierten zehn in MV ansässigen Laboren, welche am CoMV-Gen-Projekt beteiligt sind, führen 8 die Varianten-PCRs im eigenen Labor durch. Folgende Berechnungen beziehen sich auf die 8 die Varianten-PCR durchführenden Labore. In der 12. KW wurden Daten von 7 Laboren übermittelt. Ein weiteres Labor meldete eine Fehlermeldung bei der Datenübermittlung in KW 11. Die Daten wurden dementsprechend nachträglich für KW 11 korrigiert. Damit beruhen die Meldungen zu durchgeführten Varianten-PCRs und Sequenzierungen auf den Daten von sieben Laboren.

Insgesamt wurden für die 12. KW 1750 Isolate per Varianten-PCR untersucht. Bei 1174 Isolaten (67,1 %) ergab sich ein Verdacht auf die Variante B.1.1.7 („UK-Variante“). Im Vergleich zur Vorwoche ist damit der Anteil der UK-Variante wieder deutlich angestiegen und bestätigt somit den vorherigen zunehmenden Trend, der nur in KW 11 nicht beobachtet werden konnte. Dies ist v.a. durch einen stärkeren Anteil von Ergebnissen aus dem westlichen Landesteil im Vergleich zur Vorwoche bedingt.

¹ Quelle: nach LAGuS, ergänzt; Stand 3.2.2021

SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

In KW 12 wurde in 3 Isolaten (0,2%) die Variante B.1.351 („Südafrika“) detektiert. Die „brasilianische“ Variante P.1 wurde weiter nicht detektiert. In 9 Fällen ergab sich der Verdacht auf andere Varianten.

Bewertung: Die Ergebnisse bestätigen, dass in MV, wie im Bundesgebiet, die „UK-Variante“ B.1.1.7 weiter die dominierende Variante ist. Die Zahlen scheinen zu bestätigen, dass zwischen dem östlichen und westlichen Landesteil ein Gradient in der Häufigkeit des Auftretens der „UK Varianten“ besteht. Dieser liegt derzeit bei ca. 15-20%. Trotzdem ist davon auszugehen, dass die „UK-Variante“ im gesamten Bundesland die dominierende Variante ist und etwa gleichmäßig ansteigt (derzeit ca. 3-5%/Woche).

In KW 12 konnte wiederholt eine geringe Anzahl (insgesamt 3 Fälle, gemeldet von 2 Laboren) der besorgniserregenden Variante B.1.351 nachgewiesen werden. Diese Variante wurde zum ersten Mal in der KW 8 in MV nachgewiesen. Sie erfordert weiterhin eine fokussierte Beobachtung in KW 13 und KW 14.

Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden: Die gelieferten Daten und die Nachmeldungen lassen nicht für alle Ergebnisse eine sichere Zuordnung zu den Kalenderwochen zu. Die Gesamtzahl der per Varianten-PCR untersuchten Isolate liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben². Dies könnte daran liegen, dass auch in dieser Woche Rückmeldungen einzelner Labore fehlen. Die geographische Verteilung der Fälle ist weiter verzerrt. Die geplante Zusammenführung der genomischen, labortechnischen und infektionsepidemiologischen Daten wird helfen, diese Probleme zu lösen.

² Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 12. KW