

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

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

Berichtswoche: 13. KW

Datum: 09.04.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen*
KW	Anzahl gesamt / valide**	B.1.1.7 (UK)	B.1.351 (ZA)*	P.1 (BRA)*	andere VOCs*	KW
4. und 5.	1062 (12,3 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (5,0 %)
6	523 / 476 (5,5 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44 (9,6 %)
7	844 / 803 (9,3 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36 (7,9 %)
8	611 / 583 (6,8 %)	226 (38,8 %)	6 (1,0 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10 (2,2 %)
9	713 / 663 (7,7 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19 (4,1 %)
10	938 / 924 (10,7 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19 (4,1 %)
11	1370 / 1101 (12,8 %)	705 (64,0 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2,0 %)	201 (43,9 %)
12	1750 / 1472 (17,1 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18 (3,9 %)
13	1799 / 1543 (17,9 %)	1246 (80,8 %)	2 (0,1 %)**	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88 (19,2 %)
Summe	9610 / 8627	4646 (53,9 %)	23 (0,3 %)	0 (0 %)	84 (1 %)	458

*erstmalig für KW6 erhoben **ab KW6 in Gesamtanzahl der durchgeführten PCRs und validen PCRs entschlüsselt ***durch die PCR nicht zwischen Variante B.1.351 und P.1 differenzierbar

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 Wirtschaftsministeriums MV geregelt. Die Zusammenführung der molekulargenetischen mit den epidemiologischen Daten befindet sich weiterhin im Aufbau. Mit Fokus auf den finalen Aufbau wurden in der KW 13 Abfragen an die in MV auf SARS-CoV-2 per PCR testenden Labore¹ gesendet und die Daten an eine CoMV-Gen datengeschützte Cloud übermittelt. Derzeit werden die Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen für tieferegehende molekularepidemiologische Analysen gesammelt. Die erstellte Website (www.comv-gen.de) wurde der Öffentlichkeit am 01.04.2021 zur Verfügung gestellt.

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 13. KW wurden Daten zu durchgeführten Varianten-PCRs und Sequenzierungen von 7 Laboren übermittelt.

Insgesamt wurden in der 13. KW 1799 PCRs durchgeführt, ähnlich viele wie in KW 12, von denen 1543 valide Ergebnisse erzielten. Bei 1246 Isolaten (80,8 %) ergab sich ein Verdacht auf die Variante B.1.1.7 („UK-Variante“). Aufgrund einer neuen retrospektiven Evaluierung der Varianten-PCR-Daten ab KW 6 mittels den Ergebnissen valider PCRs, ist der zunehmende Anstieg der UK-Variante in MV deutlich sichtbar (Abbildung 1). Der Anteil der UK-Variante in KW 13 ist ähnlich hoch wie in der Vorwoche.

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

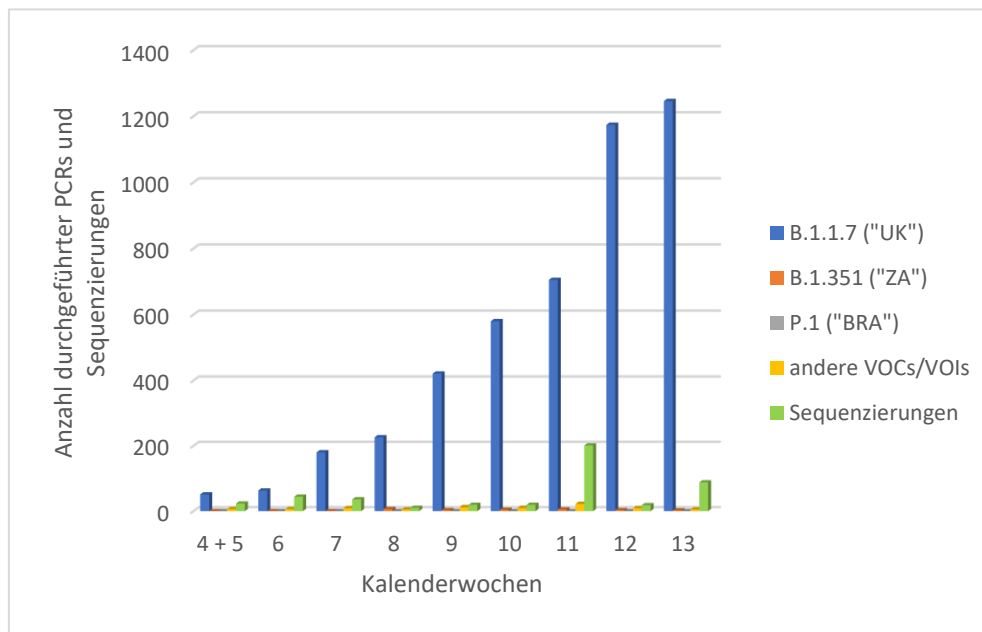


Abbildung 1. Anzahl der durchgeführten Varianten-PCRs und Sequenzierungen über die Kalenderwochen 4 bis 13. Dargestellt ist die Anzahl der nachgewiesenen Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“), andere VOCs/VOIs- und die Anzahl der beauftragten Sequenzierungen.

In KW 13 wurde von einem Labor bei 2 Isolaten (0,1%) der Verdacht auf den Nachweis der Variante B.1.351 („Südafrika“) oder der „brasilianischen“ Variante P.1 gemeldet (Das genutzte Verfahren kann nicht zwischen diesen Varianten differenzieren). In 5 Fällen ergab sich der Verdacht auf andere Varianten.

Bewertung: Die Ergebnisse bestätigen, dass sich in MV, wie im Bundesgebiet, die „UK-Variante“ B.1.1.7 über die Kalenderwochen deutlich durchgesetzt hat und mit gemittelt ca. 80% der Fälle die dominierende Variante ist. Die Zahlen scheinen zu bestätigen, dass zwischen dem östlichen und westlichen Landesteil weiter ein Gradient in der Häufigkeit des Auftretens der „UK Varianten“ besteht. Dieser liegt derzeit bei ca. 15-20%. Durch die retrospektive Evaluierung der validen PCR-Ergebnisse über die Kalenderwochen konnte der Verlauf bereinigt werden. Im Ergebnis zeigt sich der rasche Anstieg der Variante B.1.1.7 (Abbildung 1).

In KW 13 konnte wiederholt eine geringe Anzahl (insgesamt 2 Fälle, gemeldet von einem Labor) der besorgniserregenden Variante B.1.351 nachgewiesen werden. Allerdings meldete das Labor, dass mit der genutzten PCR keine Differenzierung zwischen der „südafrikanischen“ Variante B.1.351 und der „brasilianischen“ Variante P.1 möglich ist. Da Variante P.1 bisher in MV noch nicht aufgetreten ist und dagegen die Variante B.1.351 in geringer Anzahl seit KW 8 nachgewiesen wurde, ist davon auszugehen, dass es sich um die „südafrikanische“ Variante B.1.351 handelt. Dies bedarf einer weiteren Abklärung.

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 eines Labors fehlen. Die geographische Verteilung der Fälle ist weniger stark verzerrt als in den Vorwochen, da im östlichen Teil MVs nun eine deutlich höhere Anzahl an Varianten-PCRs durchgeführt wird. Die geplante Zusammenführung der genomischen, labortechnischen und infektionsepidemiologischen Daten wird detailliertere Aussagen zulassen.

² Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 13. KW