

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

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

Berichtswoche: 14. KW

Datum: 16.04.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen*
KW	Anzahl gesamt / valide**	B.1.1.7 (UK)	B.1.351 (ZA)*	P.1 (BRA)*	andere VOCs/VOIs*	Anzahl
4. und 5.	1062 (10,4 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (5 %)
6	523 / 476 (4,6 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44 (9,5 %)
7	844 / 803 (7,8 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36 (7,8 %)
8	611 / 583 (5,7 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10 (2,2 %)
9	713 / 663 (6,5 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19 (4,1 %)
10	938 / 924 (9 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19 (4,1 %)
11	1370 / 1101 (10,7 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201 (43,5 %)
12	1750 / 1472 (14,4 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18 (3,9 %)
13	1814 / 1557 (15,2 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88 (19 %)
14	1781 / 1610 (15,7 %)	1439 (89,4 %)	7 (0,4 %)**	6 (0,4 %)	0 (0 %)	5 (1,1 %)
Summe	11391 / 10251	6097 (59,5 %)	30 (0,3 %)	6 (0,1 %)	84 (0,8 %)	462

*erstmalig für KW6 erhoben **ab KW6 in Gesamtanzahl der durchgeführten PCRs und validen PCRs entschlüsselt ***aufgrund der im meldenden Labor durchgeführten PCR nicht sicher 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 14 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 ermittelten Vollängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen für tiefergehende molekularepidemiologische Analysen, phylogenetischen Analysen unterzogen und die Ergebnisse in Kürze zur Verfügung gestellt. Die erstellte Website (www.comv-gen.de), auf welcher die aktuellen sowie archivierten Berichte zu finden sind, wurde der Öffentlichkeit am 01.04.2021 zur Verfügung gestellt und wird regelmäßig aktualisiert.

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

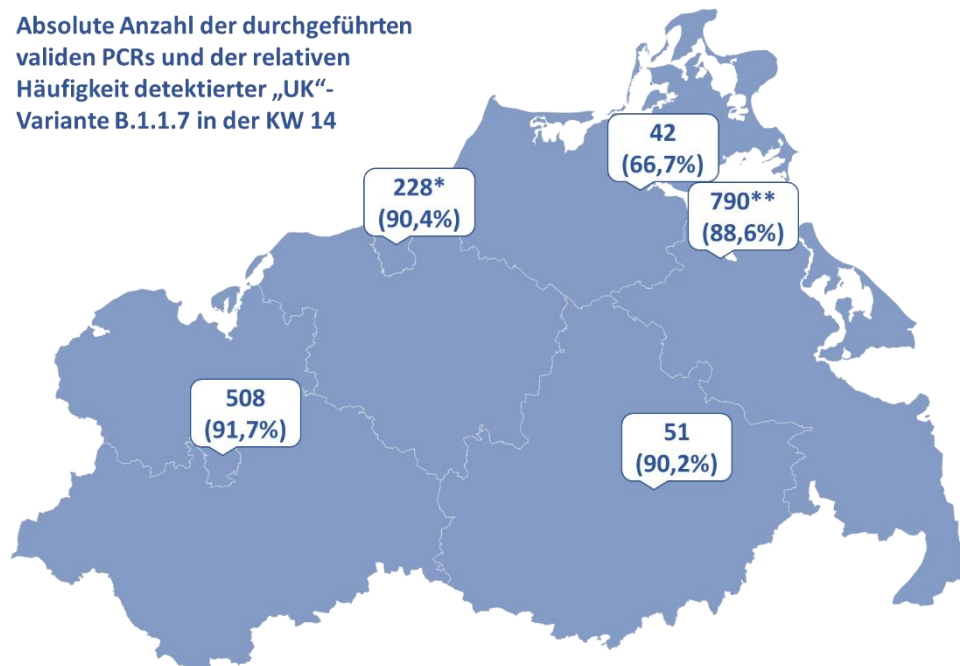
Insgesamt wurden in der 14. KW 1781 PCRs durchgeführt, von denen 1610 valide Ergebnisse erzielten (90%). Bei 1439 Isolaten (89,4 %) ergab sich ein Verdacht auf die Variante B.1.1.7 („UK“-Variante). Die absolute Anzahl der durchgeführten PCRs der rückmeldenden Labore sowie die relative Häufigkeit in % der hierbei nachgewiesenen Variante B.1.1.7 in Abbildung 1 dargestellt.

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

Absolute Anzahl der durchgeführten validen PCRs und der relativen Häufigkeit detektierter „UK“-Variante B.1.1.7 in der KW 14



Unterstützt von Bing © TomTom

Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter „UK“-Variante der rückmeldenden Labore in MV. *Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock **Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

Der rasche Anstieg der „britischen“ Variante setzt sich trendmäßig weiterhin fort (Abbildung 2). Der Anteil der „UK“-Variante in KW 14 ist im Vergleich zur Vorwoche nochmals angestiegen.

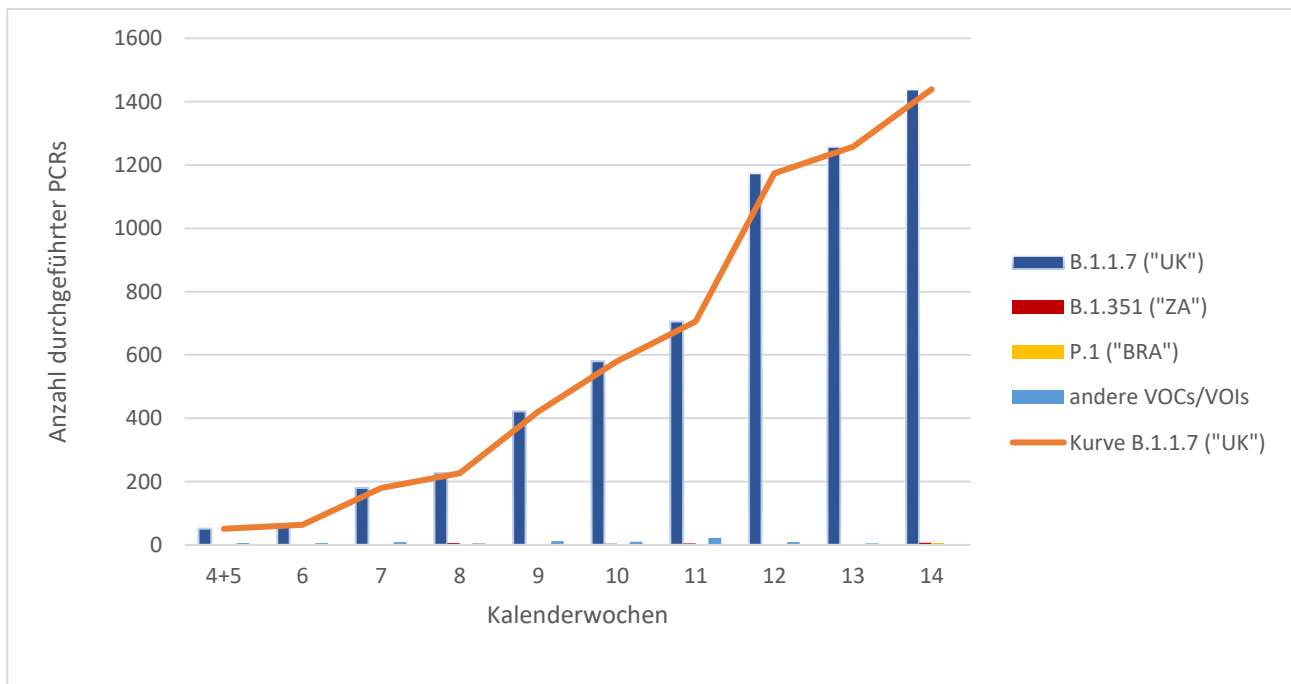


Abbildung 2. Anzahl der durchgeführten Varianten-PCRs über die Kalenderwochen 4 bis 14. Dargestellt ist die Anzahl der nachgewiesenen Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“) und andere VOCs/VOIs.

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

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

In KW 14 wurde von einem Labor bei 7 Isolaten (0,4 %) der Verdacht auf den Nachweis der Variante B.1.351 („Südafrika“) oder Variante P.1 („Brasilien“) gemeldet (das genutzte Verfahren kann nicht zwischen diesen beiden Varianten differenzieren). Ein weiteres Labor meldete den Nachweis der „brasilianischen“ Variante P.1 bei 6 Isolaten (0,4 %), welche somit zum ersten Mal in MV nachgewiesen wurde.

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 fast 90% der Fälle die dominierende Variante ist. Die erhaltenen Daten der Labore zeigen, dass sich der Gradient in der Häufigkeit des Auftretens der „UK“-Variante zwischen dem östlichen und westlichen Landesteil verringert und derzeit nur noch bei ca. 5 - 10% liegt. In KW 14 konnte wiederholt eine geringe Anzahl von 7 Fällen 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 eine Differenzierung in der Varianten-PCR nicht möglich ist, sollten solche Fälle in Zukunft sequenziert werden. Dies wird künftig in solchen Fällen beauftragt. **Zum ersten Mal wurde in MV in 6 Fällen der Verdacht auf die „brasilianische“ Variante P.1 von einem Labor gemeldet.** Eine fokussierte Beobachtung dieser Varianten sollte in KW 15 und 16 erfolgen.

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 und nicht alle in MV SARS-CoV-2 positive Proben in der Varianten-PCR nachuntersucht werden. 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 14. KW