

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

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

Berichtswoche: 16. KW

Datum: 30.04.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen*
KW	Anzahl	B.1.1.7 (UK)	B.1.351 (ZA)*	P.1 (BRA)*	andere VOCs /VOIs*	Anzahl
4. und 5.	1062 (8,8 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (4 %)
6	476 (3,9 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44 (7,6 %)
7	803 (6,6 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36 (6,2 %)
8	583 (4,8 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10 (1,7 %)
9	663 (5,5 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19 (3,3 %)
10	924 (7,6 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19 (3,3 %)
11	1101 (9,1 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201 (34,7 %)
12	1472 (12,1 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18 (3,1 %)
13	1557 (12,8 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88 (15,2 %)
14	1619 (13,4 %)	1439 (88,9 %)	7 (0,4 %)	6 (0,4 %)	0 (0 %)	27 (4,7 %)
15	1005 (8,3 %)	908 (90,3 %)	2 (0,2 %)	22 (2,2 %)	0 (0 %)	75 (12,9 %)
16	860 (7,1 %)	801 (93,1 %)	4 (0,5 %)**	17 (2 %)	0 (0 %)	43 (7,4 %)
Summe	12125	7813 (64,4 %)	34 (0,3 %)	47 (0,4 %)	84 (0,7 %)	580

*erstmalig für KW6 erhoben **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. In KW 16 war es 6 Laboren möglich, die PCR-Ergebnisse zusammen mit den ihnen zur Verfügung stehenden personenbezogenen Daten per Exportdateien aus den jeweils genutzten Laborinformationssystemen an die CoMV-Gen datengeschützte Cloud zu übermitteln. Mit Fokus auf den finalen Aufbau wurden in der KW 16 Abfragen an die in MV auf SARS-CoV-2 per PCR testenden Labore¹ gesendet. Derzeit werden die ermittelten Vollhängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen für tieferegehende molekularepidemiologische Analysen und phylogenetische Analysen unterzogen. 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. In der 16. KW wurden Daten zu durchgeführten Varianten-PCRs und Sequenzierungen von 6 Laboren übermittelt.

Insgesamt wurden in der 16. KW 1117 PCRs durchgeführt, von denen 860 valide Ergebnisse erzielten (77%). Bei 801 Isolaten (93,1 %) 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 ist 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

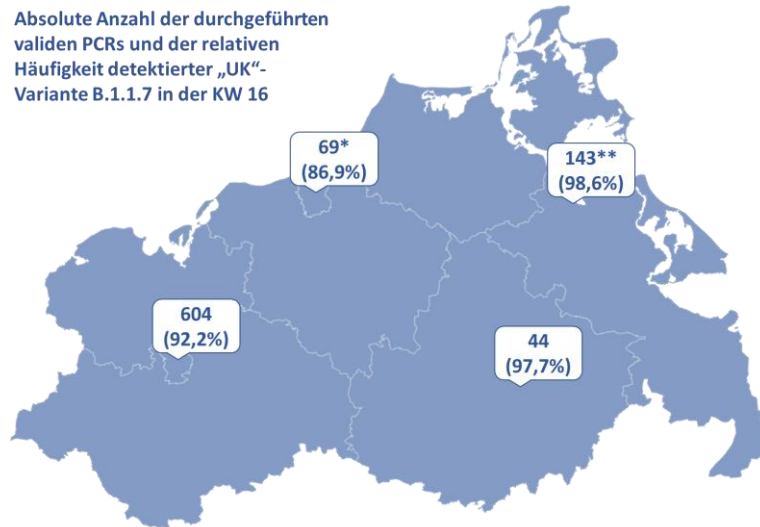


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter „UK“-Variante der rückmeldenden Labore in MV. *Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock **Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

In KW 16 wurde von einem Labor bei 4 Isolaten (0,5 %) 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 insgesamt 17 Isolaten (2,0 %).

Die „britische“ Variante B.1.1.7 ist derzeit noch die dominierende Variante in MV (Abbildung 2), allerdings ist weiterhin eine Zunahme der „brasilianischen“ Variante P.1. (2,0%) vor allem im westlichen Teil des Landes zu beobachten, während die „südafrikanische“ Variante B.1.351 einen sehr geringen Anteil darstellt (0,5%).

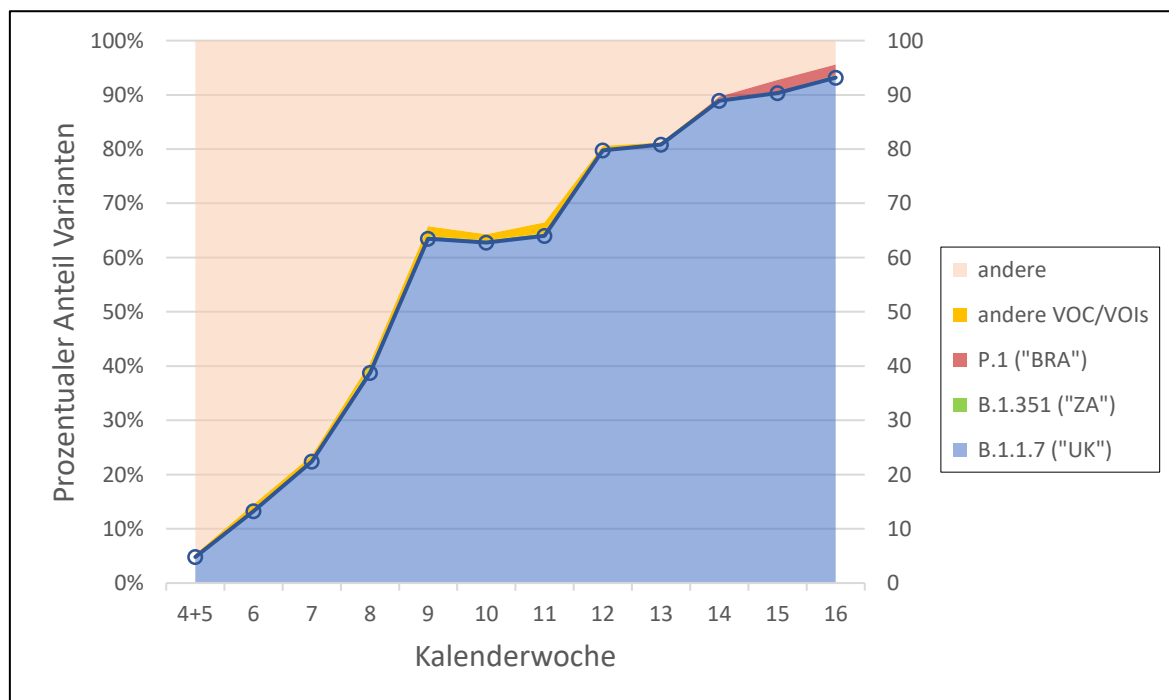


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 16. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

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

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

Bewertung: Die Ergebnisse bestätigen, dass sich in MV, wie im Bundesgebiet, die „UK“-Variante B.1.1.7 über die Kalenderwochen durchgesetzt hat und mit nun 93% der Fälle die dominierende Variante ist. Die erhaltenen Daten der Labore zeigen, dass der Gradient in der Häufigkeit des Nachweises der „UK“-Variante zwischen dem östlichen und westlichen Landesteil derzeit nur bei ca. 10% liegt. **In KW 16 konnte wiederholt eine geringe Anzahl von 4 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, werden solche Fälle sequenziert, um rückwirkend abzuklären, um welche der beiden Varianten es sich handelt. Sobald die entsprechenden Sequenzierungsergebnisse vorliegen, werden diese nachgetragen. Zum ersten Mal wurden in der KW 14 6 Fälle (0,4%) mit Verdacht auf die „brasilianische“ Variante P.1 von einem Labor gemeldet. **In der 15. KW stieg diese auf 22 an und ist nun in der KW 16 mit 17 Verdachtsfällen mit 2 % vertreten. Dies ist besonders besorgniserregend, da trotz der dominierenden Variante B.1.1.7, die Variante P.1. eine Zunahme erfährt.** Eine fokussierte Beobachtung dieser Variante ist weiterhin empfohlen.

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 zweier Labore fehlen und nicht alle in MV SARS-CoV-2 positive Proben in der Varianten-PCR nachuntersucht werden. Auch werden aufgrund der Tatsache, dass die B.1.1.7 Variante nun die dominierende Variante darstellt, weniger positive SARS-CoV-2 Proben auf Varianten untersucht und somit eine geringere Anzahl an durchgeführten Varianten-PCRs gemeldet.

² Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 16. KW