

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

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

Berichtswoche: 18. KW

Datum: 14.05.2021

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 (7,7 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476 (3,5 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803 (5,9 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583 (4,3 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663 (4,8 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,7 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (8 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472 (10,7 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557 (11,4 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (11,8 %)	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	27
15	1007 (7,3 %)	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	75
16	871 (6,4 %)	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (6,2 %)	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)**	162
18	713 (5,2 %)	682 (95,7 %)	2 (0,3 %)	13 (1,8 %)**	1 (0,1 %)**	142
Summe	13710	9277 (67,7 %)	37 (0,3 %)	121 (0,9 %)	88 (0,6 %)	907

*erstmalig für KW6 erhoben **weitere Fälle noch nicht bestätigt *** Bestätigte Nachweise der „indischen“ Variante B.1.617

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 – erste Schritte ermöglichten den zeitlichen-räumlichen Verlauf der ‚brasilianischen‘ Variante im westlichen Teil MVs darzustellen. In KW 18 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. Derzeit werden die ermittelten Vollhängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen tiefergehenden 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 zeitnah ausgebaut.

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 18. KW wurden Daten zu durchgeführten Varianten-PCRs und Sequenzierungen von 6 Laboren übermittelt.

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

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

Insgesamt wurden in der 18. KW 854 PCRs durchgeführt, von denen 713 valide Ergebnisse erzielt (83%). Bei 682 Isolaten (95,7 %) 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.

Absolute Anzahl der durchgeführten validen V-PCRs und der relativen Häufigkeit detektierter „UK“-Variante B.1.1.7 in der KW 18

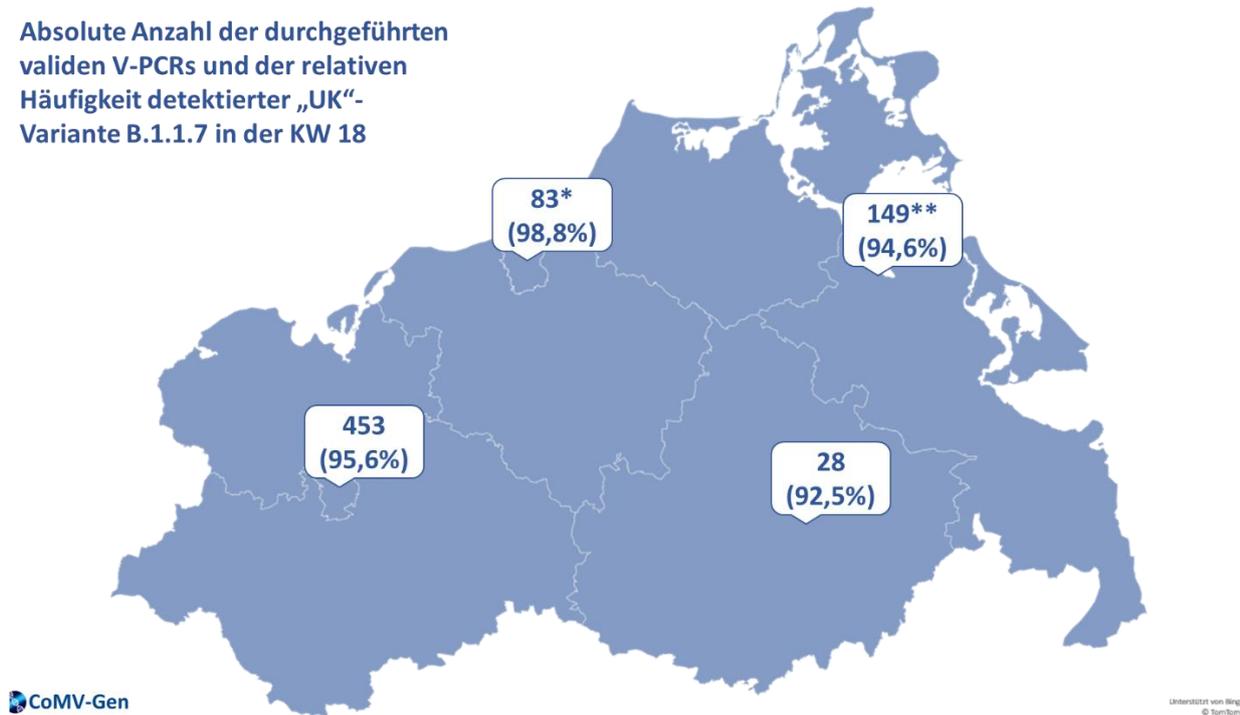


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter „UK“-Variante der rückmeldenden Labore in MV. *Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock **Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

In KW 18 wurde von 2 Laboren bei je einem Isolat (0,3 %) der Verdacht auf den Nachweis der Variante B.1.351 („Südafrika“) gemeldet.

Ein Labor meldete den Nachweis der „brasilianischen“ Variante P.1 bei 13 Isolaten, bei 39 weiteren Verdachtsfällen steht die Bestätigung noch aus. Die in den Vorwochen beobachtete rasche Zunahme bestätigter Fälle der „brasilianischen“ Variante P.1. liegt in KW18 derzeit bei 1,8 % mit 13 Fällen, wobei noch die Bestätigung weiterer 39 Verdachtsfälle aussteht. Diese Variante scheint sich weiterhin im westlichen Teil des Landes zu etablieren.

Anhand einer Analyse mittels Sequenzierung konnte rückwirkend der Nachweis der „indischen“ Variante B.1.617.2 in einem Fall bereits in KW17 und in einem weiteren Fall in KW18 bestätigt werden.

Die „britische“ Variante B.1.1.7 ist weiterhin die dominierende Variante in MV (Abbildung 2) und scheint sich mit 95,7 % stabil zu halten.

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

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

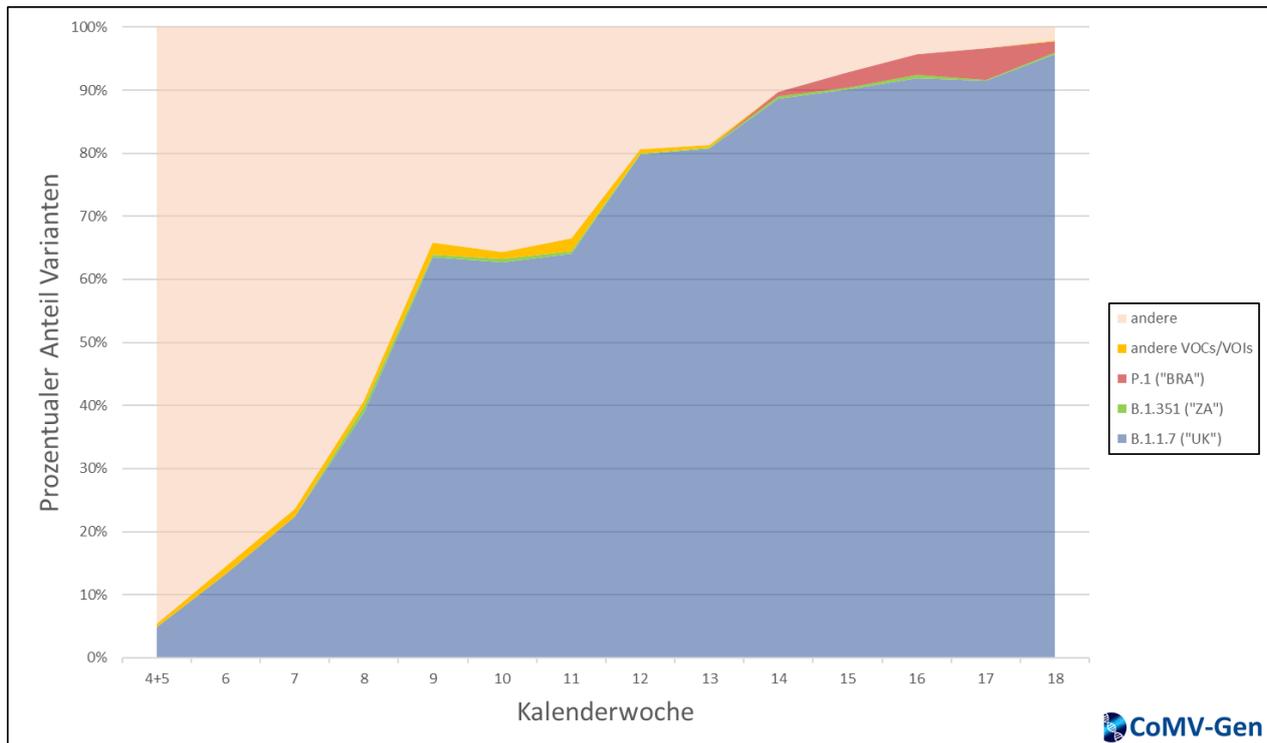


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 18. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

Bewertung: In MV, wie im Bundesgebiet, bleibt die „UK“-Variante B.1.1.7 mit fast 96% der Fälle die dominierende Variante. Der Gradient in der Häufigkeit des Nachweises der „UK“-Variante zwischen dem östlichen und westlichen Landesteil liegt derzeit zwischen ca. 1-3%.

In KW 18 konnte wiederholt eine geringe Anzahl von einem Fall der besorgniserregenden „südafrikanischen“ Variante B.1.351 nachgewiesen werden. Zwei weitere Verdachtsfälle werden derzeit noch durch Sequenzierung abgeklärt und werden in der folgenden KW 19 nachgetragen.

Die größte Beachtung sollte aktuell die brasilianische Variante P.1 erfahren: Diese Variante wurde zum ersten Mal in der KW 14 mit 10 Fällen aus dem westlichen Landesteil gemeldet. Durch Sequenzierungen konnten weitere Verdachtsfälle überprüft und nachgetragen werden. Durch die Nachträge wird deutlich, dass diese Variante mit einem Anstieg von 0,6% in KW14 auf bereits 5% in KW 17 sich rasch etabliert und mittlerweile auch im östlichen Teil MVs vermehrt nachgewiesen wird. Da für KW 18 noch 39 weitere Isolate einer Überprüfung unterzogen werden müssen, ist davon auszugehen, dass der im Vergleich zur Vorwoche relativ niedrige Anteil dieser Variante in KW18 (1,8%) nach oben nachkorrigiert wird. Dies deutet darauf hin, dass diese Variante sich derzeit weiter in MV ausbreitet. Dies ist besonders besorgniserregend, da die Ausbreitung unter den Bedingungen des Lockdowns und trotz der dominierenden Variante B.1.1.7 erfolgt.

Ein weiteres Augenmerk sollte auch auf die von der WHO mittlerweile als VOC eingestufte „indische“ Variante B.1.617 gelegt werden. Diese Variante konnte rückwirkend durch Sequenzierung erstmals in der KW 17 und KW 18 nachgewiesen und bestätigt werden, was die Wichtigkeit einer fortführenden genomischen Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung verdeutlicht.

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

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

Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden: Die Gesamtzahl der per Varianten-PCR untersuchten Isolate liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben¹. 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, weshalb in KW 18 wiederholt eine geringere Anzahl an durchgeführten Varianten-PCRs gemeldet wurden. Die Ergebnisse der Surveillance-Daten müssen mit den Meldedaten verbunden werden, um die klinische und epidemiologische Bedeutung der Varianten aufzuklären.

Empfehlungen:

- Es ist weiter eine dichte, hochauflösende Echtzeit-Surveillance zirkulierender Varianten in MV durch Kombination der Ergebnisse der V-PCR- und Sequenzierungsergebnisse nötig
- Anstrengungen zur Eindämmung der Ausbreitung der „brasilianischen“ Variante P.1 sollten intensiviert und kreisübergreifend koordiniert werden (Einrichtung Taskforce)
- Die nun im MV nachgewiesene „indische“ Variante B.1.617 sollte weiterhin fokussiert beobachtet werden
- Die Datenzuführung aus den Laboren und Ämtern sollte weiter beschleunigt und verdichtet werden, um blinde Flecken auf der Karte zu schließen
- Die Probenzuführung und Anforderungen zur Diagnostik relevanter Fälle aus dem ÖGD sollten intensiviert und beschleunigt werden
- Die Asservierung von Primärproben sollten verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Tiefendiagnostik zugänglich bleiben

¹ Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 18. KW