

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

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

Berichtswoche: 19. KW

Datum: 21.05.2021

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 (7,5 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476 (3,4 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803 (5,7 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583 (4,1 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663 (4,7 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,6 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (7,8 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472 (10,5 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557 (11,1 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (11,5 %)	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	27
15	1007 (7,2 %)	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	75
16	871 (6,2 %)	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (6,1 %)	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)**	162
18	713 (5,1 %)	682 (95,7 %)	2 (0,3 %)	13 (1,8 %)**	1 (0,1 %)**	142
19	372 (2,6 %)	351 (94,4 %)	1 (0,3 %)	13 (3,5 %)**	0 (0 %)	82
Summe	14082	9628 (68,4 %)	38 (0,3 %)	134 (1 %)	88 (0,6 %)	989

*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 19 war es 6 Laboren möglich, die V-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 Vollängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen weiterhin tiefergehenden molekularepidemiologischen und phylogenetischen 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 19. 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 19. KW 441 PCRs durchgeführt, von denen 372 valide Ergebnisse erzielten (84%) wobei Ergebnisse von 36 Proben noch ausstehen. Bei 351 Proben (94,4 %) ergab sich ein Verdacht auf die Variante B.1.1.7 („UK“-Variante). Die absolute Anzahl der durchgeführten validen 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 19

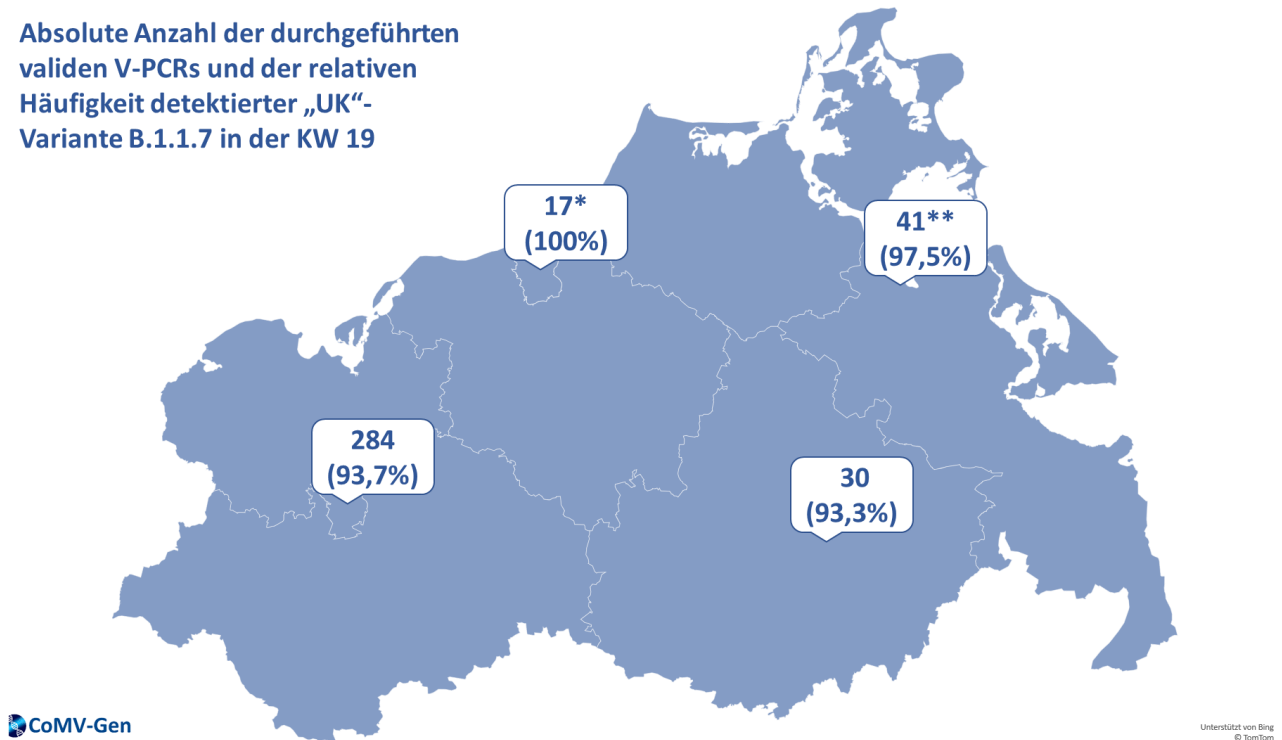


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter „UK“-Variante der rückmeldenden Labore in MV. *Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock **Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

In KW 19 wurde von einem Labor bei 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 (3,5%), bei weiteren Verdachtsfällen steht die Bestätigung noch aus. Die in der KW18 noch ausstehenden 39 Proben mit Verdachtsfällen wurden noch nicht nachgemeldet.

Die „britische“ Variante B.1.1.7 ist weiterhin die dominierende Variante in MV (Abbildung 2) und hält sich mit 94,4 % stabil.

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

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

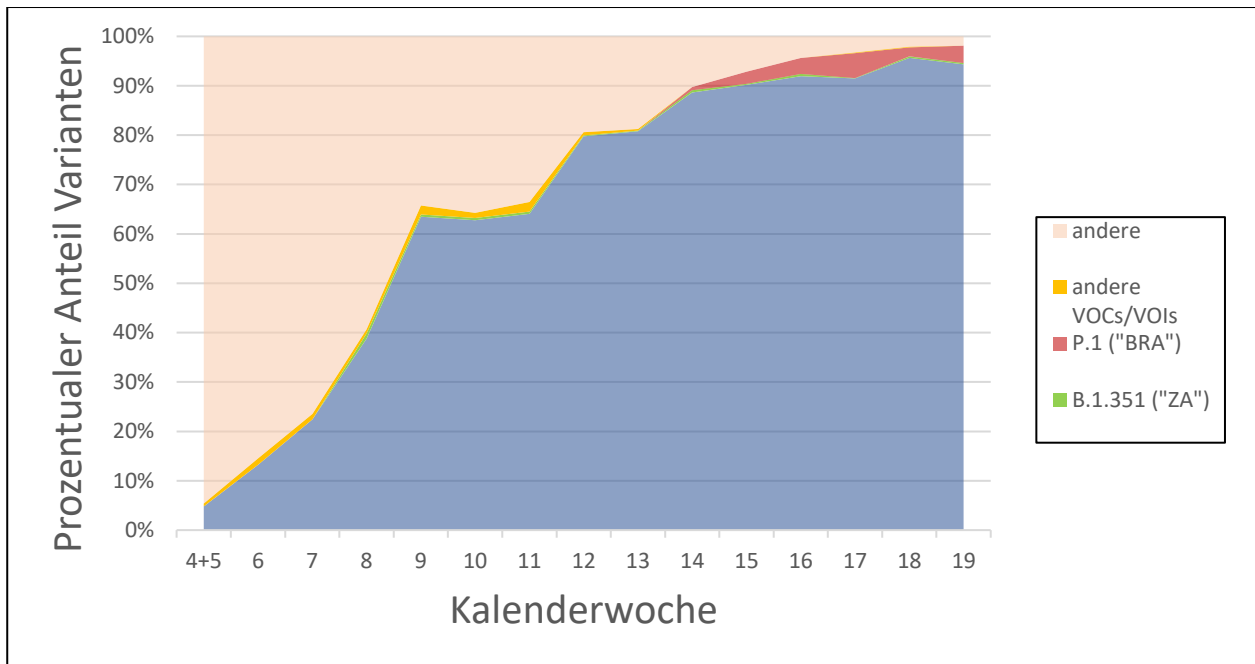


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 19. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

Bewertung: In MV, wie im Bundesgebiet, bleibt die „UK“-Variante B.1.1.7 mit fast 95% 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. 3-6%. Vermutlich ist dies darin begründet, dass immer weniger Proben v.a. im östlichen Teil des Landes per V-PCR untersucht werden (Abbildung 1).

In KW19 konnte wiederholt eine geringe Anzahl von einem Fall der besorgniserregenden „südafrikanischen“ Variante B.1.351 nachgewiesen werden.

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 KW17, und die in KW19 nun bei 3,5% liegt, sich rasch etabliert und mittlerweile auch im östlichen Teil MVs vermehrt nachgewiesen wird. Dies deutet darauf hin, dass diese Variante sich derzeit weiter in MV ausbreitet. Da für KW19 noch weitere Isolate einer Überprüfung unterzogen werden müssen, ist davon auszugehen, dass der Anteil dieser Variante in KW20 rückwirkend nach oben nachkorrigiert wird. 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 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. Da für KW19 noch nicht alle Ergebnisse zu V-PCRs und Sequenzierung vorliegen, könnte die „indische“ Variante evtl. rückwirkend noch nachgewiesen werden.

Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden: Die Gesamtzahl der per V-PCR untersuchten Isolate liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben¹. Dies liegt vermutlich daran, dass auch

¹ Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 19. KW

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

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

in dieser Woche wiederholt Rückmeldungen zweier Labore fehlen und nicht alle in MV SARS-CoV-2 positiven Proben in der V-PCR nachuntersucht werden. Auch werden aufgrund der Tatsache, dass die B.1.1.7 Variante nun die dominierende Variante darstellt, deutlich weniger positive SARS-CoV-2 Proben auf Varianten untersucht, weshalb in KW 19 wiederholt eine geringere Anzahl an durchgeführten V-PCRs gemeldet wurde. 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 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