

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

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

Berichtswoche: 21. KW

Datum: 04.06.2021

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 (7,3 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476 (3,3 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803 (5,5 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583 (4 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663 (4,6 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,4 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (7,6 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472 (10,1 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557 (10,7 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (11,2 %)	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	27
15	1007 (6,9 %)	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	75
16	871 (6 %)	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (5,9 %)	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)	162
18	713 (4,9 %)	682 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,9 %)	1 (0,1 %)***	142
19	419 (2,9 %)	384 (91,6 %)	1 (0,2 %)	24 (5,7 %)	1 (0,2 %)***	82
20	287 (2 %)	256 (89,2 %)	0 (0 %)	19 (6,6 %)	0 (0 %)	72
21	116 (0,8 %)	109 (94 %)	0 (0 %)	2 (1,7 %)	0 (0 %)	27
Summe	14532	10026 (69 %)	38 (0,3 %)	181 (1,2 %)	88 (0,6 %)	1088

*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 P.1 im westlichen Teil MVs darzustellen. In KW 21 haben 6 Labore 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 gesendet. Derzeit werden die ermittelten Vollhängengenom-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 befindet sich derzeit weiterhin im Ausbau.

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

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

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 21. KW wurden Daten zu durchgeführten V-PCRs und Sequenzierungen von 6 Laboren übermittelt.

Insgesamt wurden in der 21. KW 145 PCRs durchgeführt, von denen 116 valide Ergebnisse erzielten (80%). Bei 109 Proben (94 %) 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 21

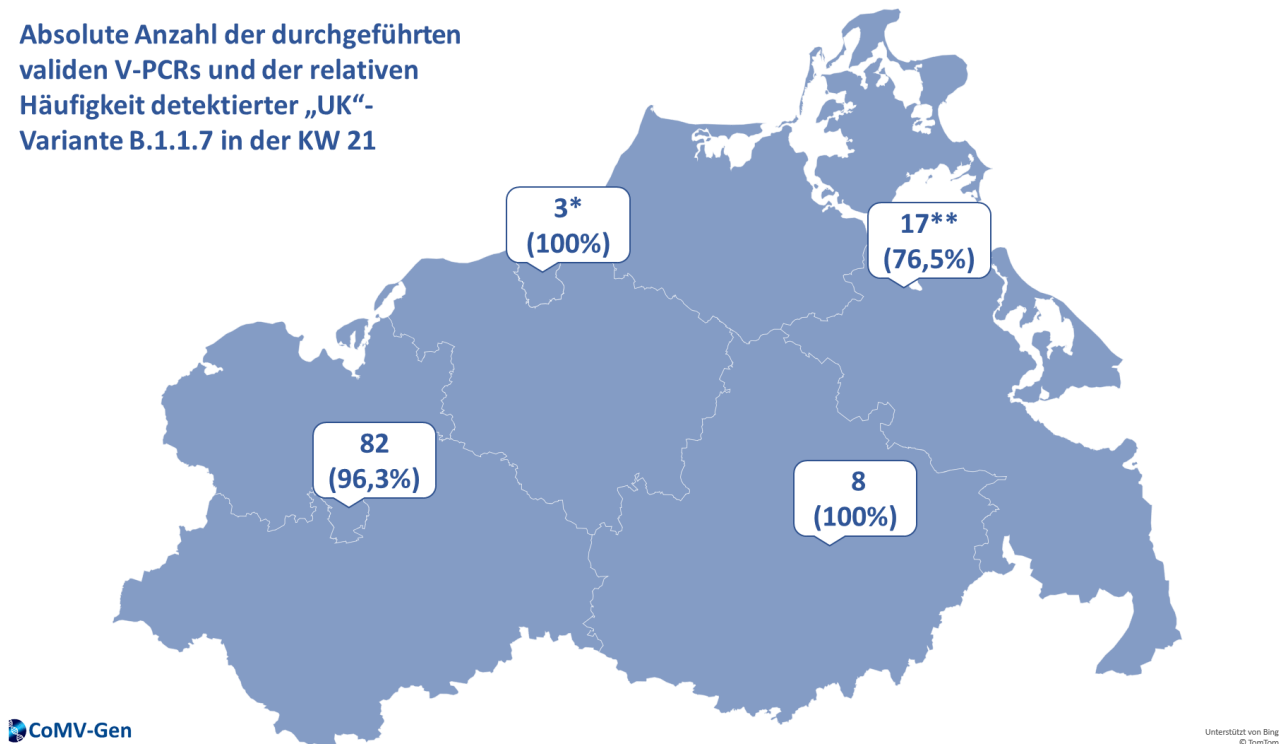


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter „UK“-Variante der rückmeldenden Labore in MV. *Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock **Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

Die „britische“ Variante B.1.1.7 ist mit derzeit 94% weiterhin die dominierende Variante in MV (Abbildung 2). In KW 21 wurde kein Verdacht auf den Nachweis der Variante B.1.351 („Südafrika“) gemeldet. Ein Labor meldete den Nachweis der „brasilianischen“ Variante P.1 bei 2 Isolaten (1,7%), bei weiteren Verdachtsfällen steht die Bestätigung noch aus. Nachmeldungen für Verdachtsfälle aus KW 20 wurden nachgetragen, sodass der Anteil jetzt 6,6% beträgt (siehe Tabelle).

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

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

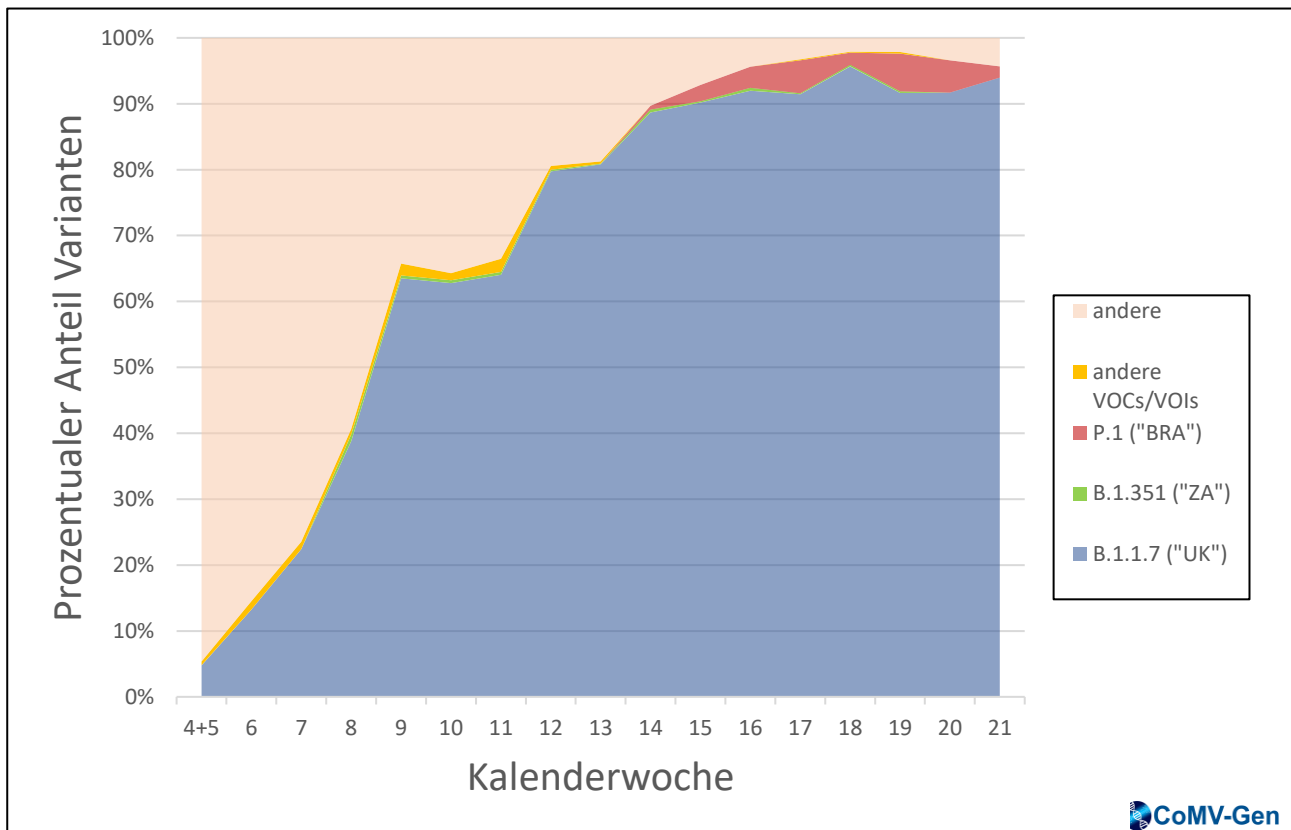


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 21. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

Bewertung: In MV, wie im Bundesgebiet, bleibt die „UK“-Variante B.1.1.7 mit fast 94% der Fälle die dominierende Variante.

Die größte Beachtung sollte weiterhin 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 KW 14 auf bereits 6,6% in KW 20, sich rasch etabliert hat. In KW 21 liegt der Anteil der Variante P.1 derzeit zwar nur bei 1,7% der Fälle,** doch da für KW 21 noch weitere Isolate einer Bestätigung unterzogen werden müssen, ist davon auszugehen, dass der Anteil dieser Variante in KW22 rückwirkend nach oben nachkorrigiert wird.

Ein weiteres Augenmerk sollte auch weiterhin 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. Durch schnelle Analyse und Reaktion konnte die weitere Ausbreitung primär verhindert werden. Das zeigt die Wichtigkeit einer fortführenden genomischen Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung für die Bekämpfung der Pandemie. Ein weiterer, nicht damit im Zusammenhang stehender Verdachtsfall, befindet sich derzeit noch in der Bestätigung.

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 V-PCR untersuchten Isolate liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben¹. Dies liegt vermutlich daran, dass auch in dieser Woche wiederholt Rückmeldungen zweier Labore fehlen und nur ein Teil der 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 die dominierende Variante darstellt und auch die Anzahl der positiven Fälle weiterhin gesunken ist, deutlich weniger Proben auf Varianten untersucht, weshalb in KW 21 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
- Aufgrund der sinkenden Fallzahlen sollte ein größerer Anteil der positiven Proben einer Sequenzierung unterzogen werden
- Anstrengungen zur Eindämmung der Ausbreitung der „brasilianischen“ Variante P.1 sollten intensiviert und kreisübergreifend koordiniert werden (Einrichtung Taskforce)
- Die in MV nachgewiesene „indische“ Variante B.1.617 sollte weiterhin intensiv beobachtet werden um neu auftretende Fälle schnell zu detektieren und um somit deren Ausbreitung rasch eindämmen zu können
- 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 21. KW