

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

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

Berichtswoche: 23. KW

Datum: 18.06.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen
KW	Anzahl	B.1.1.7 (Alpha)	B.1.351 (Beta)*	P.1 (Gamma)*	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 (4,5 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,3 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (7,5 %)	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 (10,6 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (11,1 %)	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 (5,9 %)	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (5,8 %)	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	119 (0,8 %)	117 (98,3 %)	0 (0 %)	2 (1,7 %)	0 (0 %)	35
22	80 (0,5 %)	65 (81,3 %)	0 (0 %)	5 (6,3 %)	0 (0 %)	7
23	29 (0,2 %)	26 (89,7 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5
Summe	14644	10245 (70 %)	39 (0,3 %)	186 (1,3 %)	92 (0,6 %)	1108

*erstmals für KW6 erhoben ** bestätigte Nachweise der Delta-Variante B.1.617.2

Hintergrund: Das vermehrte Auftreten neuer Virusvarianten des SARS-CoV2-Virus 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 Gamma-Variante P.1 im westlichen Teil MVs darzustellen.

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

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

In KW 23 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 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 stetig weiterentwickelt.

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

Insgesamt wurden in der 23. KW 43 PCRs durchgeführt, von denen 29 valide Ergebnisse erzielt (67,4%). Bei 26 Proben (89,7%) ergab sich ein Verdacht auf die Alpha-Variante B.1.1.7. Die absolute Anzahl der durchgeführten validen PCRs der rückmeldenden Labore sowie die relative Häufigkeit in % der hierbei nachgewiesenen Alpha-Variante B.1.1.7 ist in Abbildung 1 dargestellt.

Absolute Anzahl der durchgeführten validen V-PCRs und der relativen Häufigkeit detektierter Alpha-Variante B.1.1.7 in der KW 23

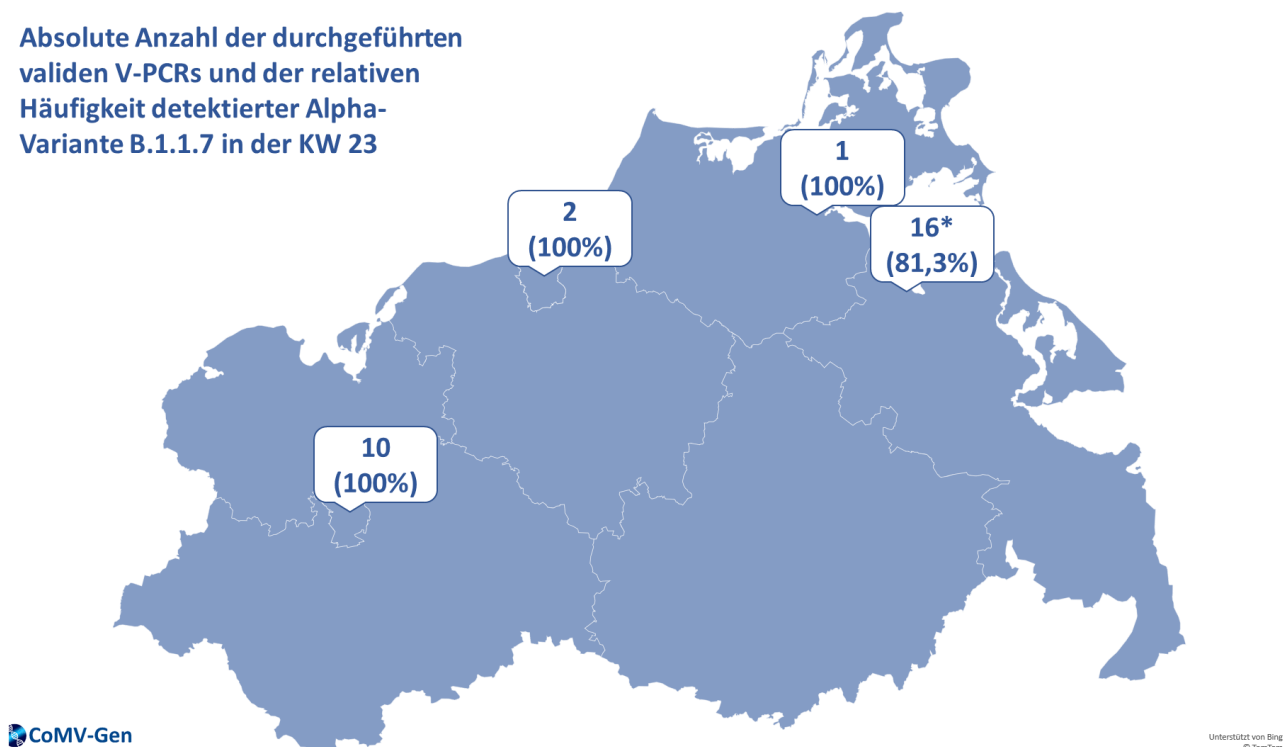


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter Alpha-Variante B.1.1.7 der rückmeldenden Labore in MV.
*Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald.

Die Alpha-Variante B.1.1.7 ist mit derzeit 89,7% weiterhin die dominierende Variante in MV (Abbildung 2). In KW 23 wurde kein Verdacht auf den Nachweis einer anderen besorgniserregenden Variante, der Beta-, Gamma- oder Delta-Variante gemeldet.

Von einem Labor wurden allerdings drei zusätzliche Nachweise der Gamma-Variante P.1 in KW 22 bestätigt, sodass sich in dieser KW der Anteil der Gamma-Variante auf 6,25% erhöht.

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

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

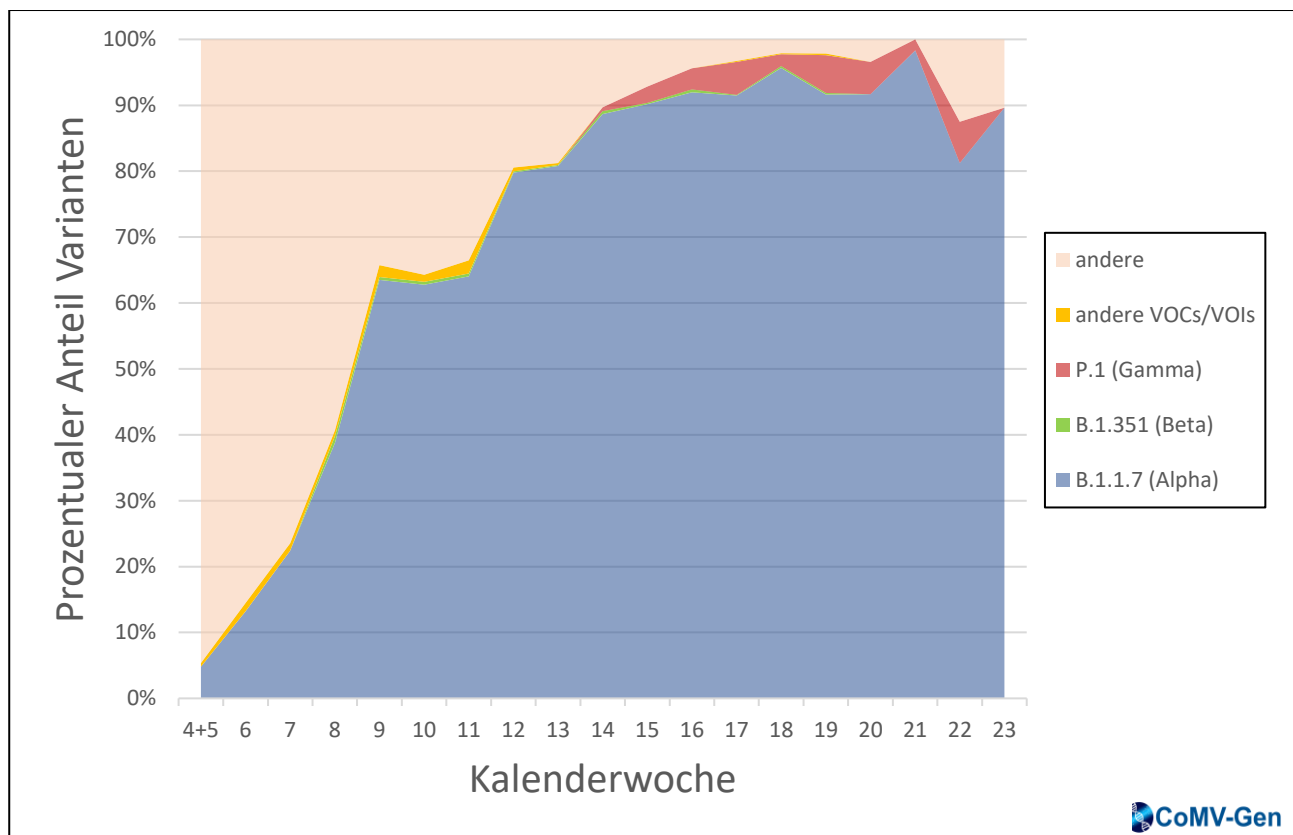


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 23. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

Bewertung: In MV, wie im Bundesgebiet, bleibt die Alpha-Variante B.1.1.7 die dominierende Variante.

Die größte Beachtung sollte weiterhin die Gamma-Variante P.1 erfahren: Diese Variante wurde zum ersten Mal in der KW 14 mit 10 Fällen aus dem westlichen Landesteil gemeldet. Mit einem Anstieg von 0,6% in KW 14 auf 6,6% in KW 20 hatte die Gamma-Variante nach bisheriger Datenlage ihr Maximum in MV erreicht. Weitere Nachmeldungen von den Laboren bezüglich der Gamma-Variante beweisen, dass diese auch in den folgenden Monaten in MV besonders aufmerksam verfolgt werden muss.

Ein weiteres Augenmerk sollte auch weiterhin auf die mittlerweile als VOC eingestufte Delta-Variante B.1.617.2 gelegt werden. In den letzten Wochen stieg der Anteil der Delta-Variante bundesweit an. Durch Sequenzierungen konnte die Variante rückwirkend 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.

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 daran, dass auch in dieser Woche Rückmeldungen von drei Laboren fehlen, ein weiteres Labor keine Varianten-PCRs durchgeführt hatte und zudem nur ein Teil der in MV SARS-CoV-2 positiven Proben in der V-PCR nachuntersucht wird. Auch aufgrund der erfreulichen Tatsache, dass die Anzahl der positiven Fälle deutlich gesunken ist und die B.1.1.7 Variante die dominierende Variante darstellt, gehen zudem deutlich weniger Befunde in den Bericht ein. Das bedingt andererseits eine höhere statistische Unsicherheit. 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
- Die in MV nachgewiesene Delta-Variante B.1.617.2 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 Asservierung von Primärproben sollten verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Tiefendiagnostik zugänglich bleiben

¹ Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 23. KW