

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

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

Berichtswoche: 24. KW

Datum: 25.06.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten					Sequenzierungen
KW	Anzahl	B.1.1.7 (Alpha)	B.1.351 (Beta)*	P.1 (Gamma)*	B.1.617.2 (Delta)**	andere VOIs	Anzahl
4. und 5.	1062 (7,2 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)		6 (0,6 %)	23
6	476 (3,2 %)	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 %)	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 %)	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 %)	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (5,8 %)	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	162
18	713 (4,9 %)	682 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,9 %)	0 (0 %)	1 (0,1 %)	142
19	419 (2,9 %)	384 (91,6 %)	1 (0,2 %)	24 (5,7 %)	0 (0 %)	1 (0,2 %)	82
20	287 (2 %)	256 (89,2 %)	0 (0 %)	19 (6,6 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	72
21	119 (0,8 %)	117 (98,3 %)	0 (0 %)	2 (1,7 %)	1 (0,8 %)	0 (0 %)	35
22	80 (0,5 %)	65 (81,3 %)	0 (0 %)	5 (6,3 %)	0 (0 %)	2 (2,5 %)	21
23	42 (0,3 %)	34 (81 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	19
24	37 (0,3 %)	19 (51,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	11 (29,7 %)	7 (18,9 %)	19
Summe	14694	10145 (69 %)	40 (0,3 %)	184 (1,3 %)	14 (0,1 %)	98 (0,7 %)	1155

*erstmalig für KW6 erhoben ** erstmalig für KW16 erhoben

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.

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

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

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.

In KW 24 haben 4 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 24. KW wurden Daten zu durchgeführten V-PCRs und Sequenzierungen von 4 Laboren übermittelt.

Insgesamt wurden in der 24. KW 41 PCRs durchgeführt, von denen 37 valide Ergebnisse erzielten (90,2%). Bei 19 Proben (51,4%) 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 24

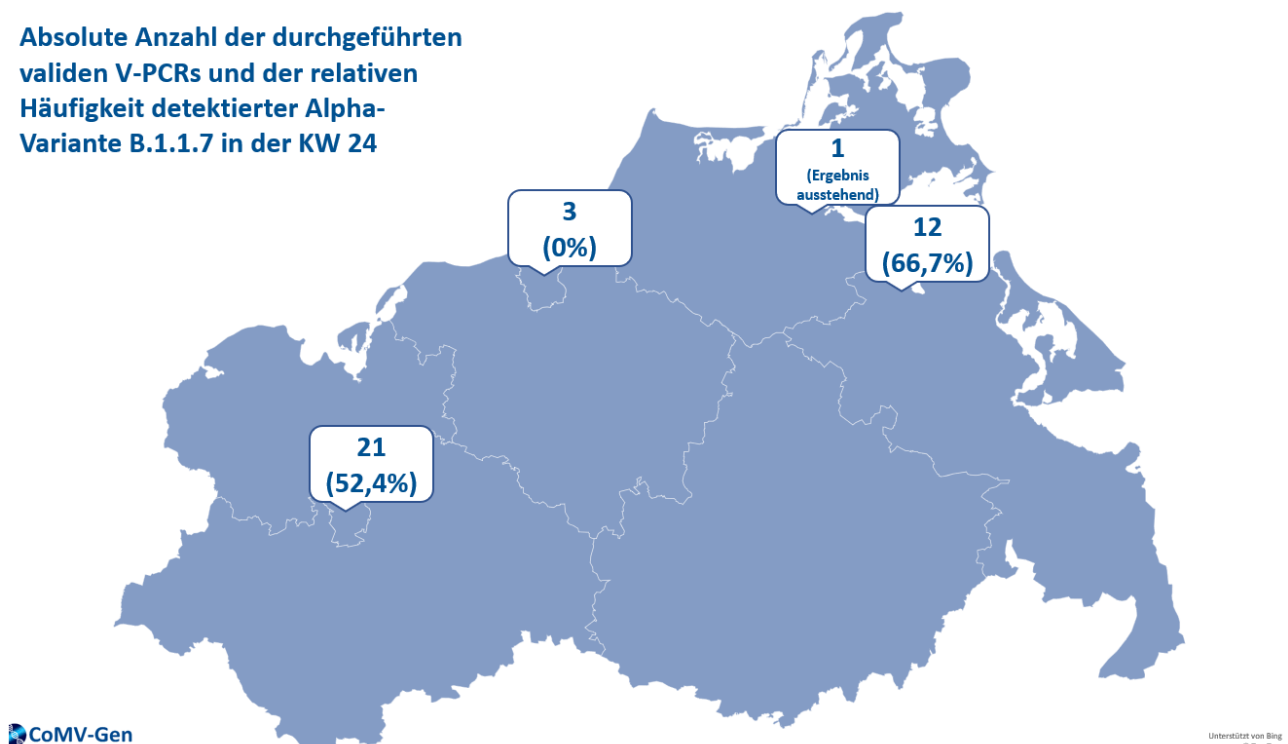


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter Alpha-Variante B.1.1.7 der rückmeldenden Labore in MV.

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

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

Die Alpha-Variante B.1.1.7 ist mit derzeit 51,4% die am häufigsten auftretende Variante in MV (Abbildung 2). Zudem wurden in der 24. KW 11 Verdachtsfälle auf den Nachweis der besorgniserregenden Delta-Variante gemeldet. Somit stellt diese Variante aktuell mit 29,7% die am zweitstärksten vertretende Variante in MV dar. Für die Beta- und Gamma-Varianten wurde hingegen kein Verdacht auf den Nachweis dieser Varianten übermittelt.

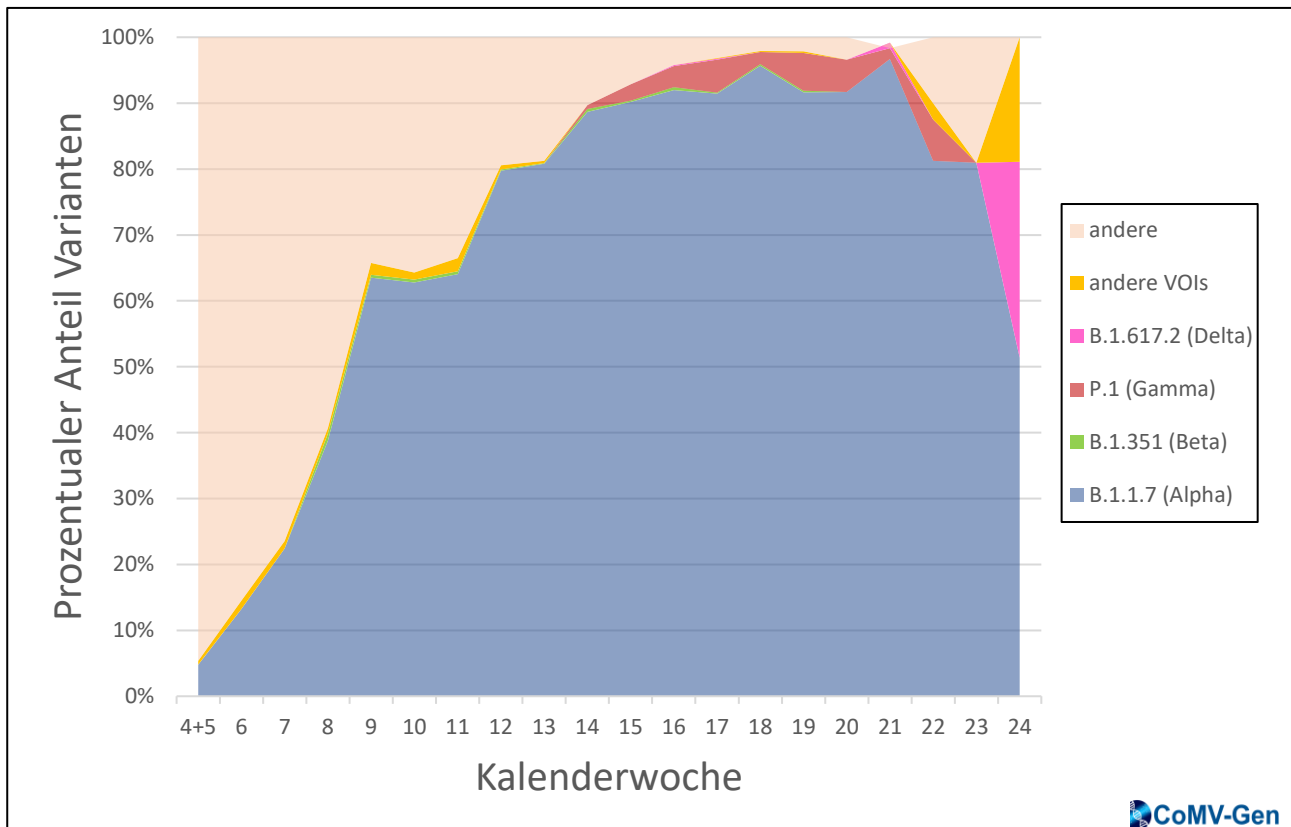


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 24. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

Bewertung: In MV, wie auch im Bundesgebiet, ist die Alpha-Variante B.1.1.7 noch die dominierende Variante. Doch der Anteil der Alpha-Variante ist im Vergleich zu den vorherigen Kalenderwochen deutlich abnehmend, wobei sich die Delta-Variante B.1.617.2 nun auch in MV zunehmend verbreitet.

Die Delta-Variante B.1.617.2 sollte aktuell die größte Beachtung erfahren. Erst seit Ende Mai als VOC eingestuft worden, stieg der Anteil der Delta-Variante in den letzten Wochen bundesweit an. Durch Sequenzierungen konnte die Variante rückwirkend erstmals in der KW 16 nachgewiesen und bestätigt werden. Durch schnelle Analyse und Reaktion konnte die weitere Ausbreitung primär verhindert werden. Doch im Vergleich zu dem weiterhin höchsten, aber in den zurückliegenden Kalenderwochen reduzierten, Anteil der Alpha-Variante, **stellt die Delta-Variante in KW 24 mit 29,7% den zweithöchsten Anteil der SARS-CoV-2-Varianten dar.** Für die Bekämpfung der Pandemie ist eine fortführende genomische Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung von großer Bedeutung.

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

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

Ein weiteres Augenmerk sollte auch weiterhin auf die Gamma-Variante P.1 gelegt werden. 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. Die weitere Entwicklung sollte aufmerksam verfolgt 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 daran, dass in dieser Woche Rückmeldungen von fünf Laboren fehlen 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 den höchsten Anteil aller Varianten ausmacht, 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 24. KW