

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

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

Berichtswoche: 25. KW

Datum: 02.07.2021

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 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476 (3,2 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803 (5,4 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583 (3,9 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663 (4,5 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,2 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (7,4 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472 (9,9 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557 (10,5 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (11 %)	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	27
15	1007 (6,8 %)	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	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 (4,8 %)	682 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,9 %)	0 (0 %)	1 (0,1 %)	142
19	419 (2,8 %)	384 (91,6 %)	1 (0,2 %)	24 (5,7 %)	0 (0 %)	1 (0,2 %)	82
20	287 (1,9 %)	256 (89,2 %)	0 (0 %)	19 (6,6 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	72
21	154 (1 %)	117 (76 %)	0 (0 %)	2 (1,3 %)	1 (0,6 %)	0 (0 %)	35
22	99 (0,7 %)	61 (61,6 %)	0 (0 %)	5 (5,1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22
23	56 (0,4 %)	35 (62,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	15
24	49 (0,3 %)	20 (40,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (24,5 %)	0 (0 %)	29
25	44 (0,3 %)	10 (22,7 %)	1 (2,3 %)	0 (0 %)	21 (47,7 %)	0 (0 %)	16
Summe	14.818	10153 (68,5 %)	41 (0,3 %)	184 (1,2 %)	36 (0,2 %)	89 (0,6 %)	1.178

*erstmals für KW6 erhoben ** erstmals 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 ermöglicht aber bereits den zeitlich-räumlichen Verlauf der Ausbreitung von Varianten wie der Gamma-Variante P.1 im westlichen Teil MVs oder jetzt der Delta-Variante darzustellen.

In KW 25 haben 7 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 alle Berichte seit KW 6 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 25. KW wurden Daten zu durchgeführten V-PCRs und Sequenzierungen von 7 Laboren übermittelt.

Insgesamt wurden in der 25. KW 44 V-PCRs durchgeführt, von denen 35 valide Ergebnisse erzielten (79,5%). Bei 21 Proben (47,7%) ergab sich ein Verdacht auf die Delta-Variante B.1.617.2, bei 10 Proben (22,7%) 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 25

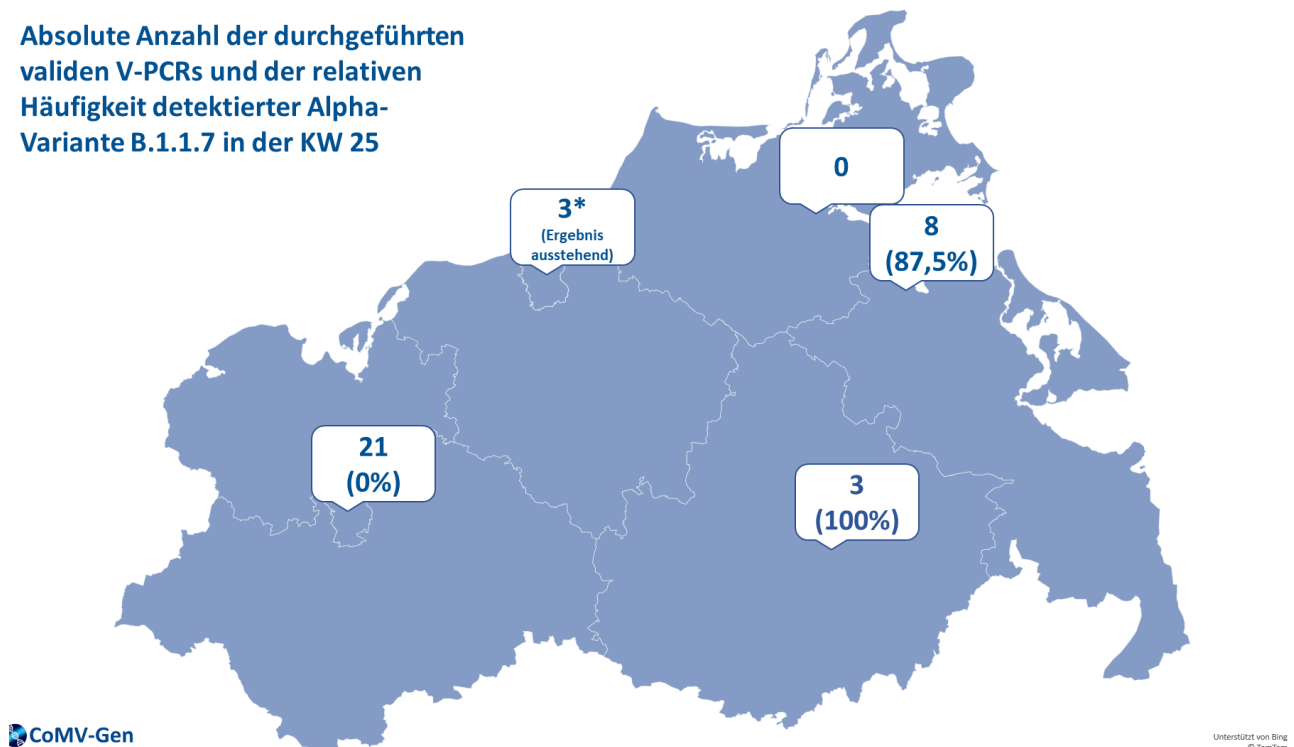


Abbildung 1. Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter Alpha-Variante B.1.1.7 der rückmeldenden Labore in MV.
*Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock

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

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

Mit 47,7% (21 Verdachtsfälle) aller V-PCR-Ergebnisse ist aktuell die besorgniserregende Delta-Variante B.1.617.2 die an der häufigsten auftretenden Variante in MV (Abbildung 2). Sie hat damit wie antizipiert die bisher führende Alpha-Variante B.1.1.7 als dominierende Variante abgelöst. Diese stellt mit 22,7% (10 Verdachtsfälle) die am zweitstärksten in MV vertretene Variante dar. Zudem gibt es einen Verdacht auf den Nachweis der Beta-Variante. Für die Gamma-Variante wurde hingegen kein Verdacht auf dessen Nachweis gemeldet.

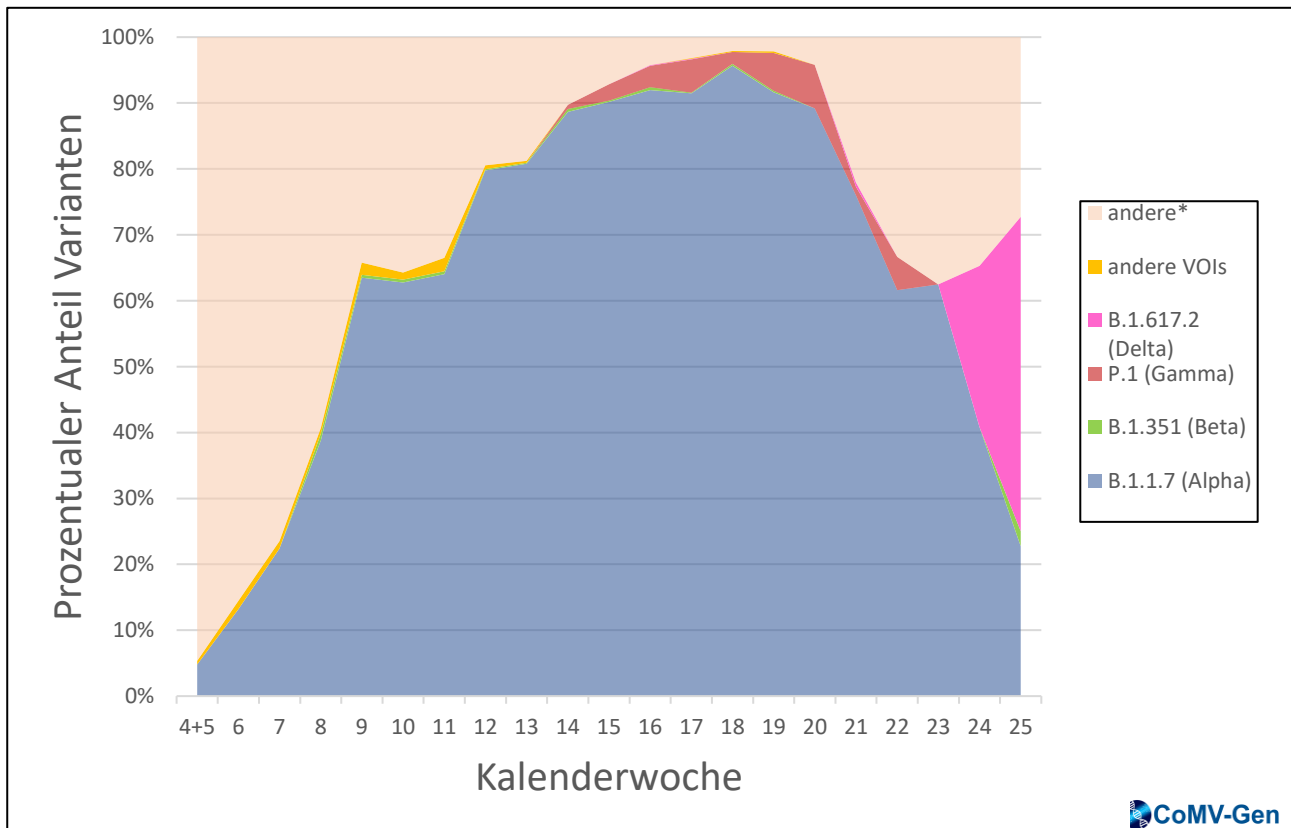


Abbildung 2. Anteil der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 25. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten. *andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten V-PCRs (valide und ergebnisausstehend bzw. invalide)

Bewertung: In MV ist die Delta-Variante B.1.617.2 jetzt die dominierende Variante. Sie hat die B.1.1.7 Variante in dieser Rolle abgelöst. Im Vergleich zu den vorherigen Kalenderwochen sank der Anteil der Alpha-Variante erneut, der Anteil der Delta-Variante steigt dagegen weiter.

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 deutlich an. Durch Sequenzierungen konnte die Variante rückwirkend erstmals in der KW 16 in MV nachgewiesen und bestätigt werden. Durch schnelle Analyse und Reaktion konnte die weitere Ausbreitung primär verhindert werden. In KW 24 kam es zu weiteren Einträgen und Folgefällen. Die Epidemiologie der Fälle aus KW 25 ist noch in der Auswertung.

Bei der Interpretation muss unbedingt die geringe absolute Anzahl an Fällen berücksichtigt werden. Eine Beurteilung des prozentualen Anteils allein ist dabei nicht sinnvoll, sondern es müssen auch die Absolutzahlen berücksichtigt werden. Insgesamt wurden 21 Verdachtsfälle

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

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

auf den Nachweis der Delta-Variante gemeldet (47,7%), wohingegen 10 Verdachtsfälle auf einen Nachweis der Alpha-Variante (22,7%) übermittelt wurden. Des Weiteren konnte für die KW 24 ein weiterer Verdacht auf den Delta-Varianten-Nachweis bestätigt werden. Damit erhöht sich für die KW 24 die Anzahl der Fallmeldungen für die Delta-Variante auf 12 (24,5% aller V-PCRs). Für die Bekämpfung der Pandemie ist eine fortführende genomische Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung sowie die Zusammenführung mit epidemiologischen Daten von großer Bedeutung.

Die Varianten Beta (B.1.351) und Gamma (P.1) sollten auch weiterhin beobachtet werden. Nachdem die Beta-Variante für einige Kalenderwochen nicht nachgewiesen wurde, tritt sie in KW 25 wieder einmal auf. Das Geschehen mit der Gamma-Variante scheint dagegen zur Ruhe gekommen zu sein. Die weitere Entwicklung sollte dennoch 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 zwei 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, gehen zudem deutlich weniger Befunde in den Bericht ein. Das bedingt andererseits eine höhere statistische Unsicherheit. Durch Nachmeldungen der Labore kann es zudem zu Veränderungen der aktuell veröffentlichten Daten kommen. 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
- in Bezug auf die positiven und vermeintlich stark steigenden Anteile der Delta-Variante sind die Absolutzahlen der SARS-CoV-2-positiven Fälle zu berücksichtigen
- 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 25. KW