

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

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

Berichtswoche: 27. KW

Datum: 16.07.2021

Varianten-PCRs (V-PCR)		Nachgewiesene Varianten					Sequenzierungen
KW	Anzahl*	B.1.1.7 (Alpha)	B.1.351 (Beta)**	P.1 (Gamma)**	B.1.617.2 (Delta)***	variants of interest (VOIs)	Anzahl
4. und 5.	1062	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	27
15	1007	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	75
16	871	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)	43
17	855	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	162
18	790	756 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,5 %)	0 (0 %)	1 (0,1 %)	142
19	444	409 (92,1 %)	1 (0,2 %)	24 (5,4 %)	0 (0 %)	1 (0,2 %)	82
20	307	277 (90,2 %)	0 (0 %)	19 (6,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	72
21	125	117 (93,6 %)	0 (0 %)	2 (1,6 %)	1 (0,8 %)	0 (0 %)	35
22	75	61 (81,3 %)	0 (0 %)	5 (6,7 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22
23	42	35 (83,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	15
24	40	20 (50 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (30 %)	0 (0 %)	29
25	35	10 (28,6 %)	1 (2,9 %)	0 (0 %)	23 (65,7 %)	0 (0 %)	16
26	15	2 (13,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	13 (86,7 %)	0 (0 %)	14
27	30	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	28 (93,3 %)	0 (0 %)	29
Summe	14.900	10275 (69 %)	41 (0,3 %)	184 (1,2 %)	79 (0,5 %)	89 (0,6 %)	1.221

* Anzahl valider, auswertbarer V-PCRs ** erstmals für KW6 erhoben *** erstmals für KW16 erhoben

Hintergrund: Das vermehrte Auftreten neuer Virusvarianten des SARS-CoV-2-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 Varianten-PCR und Sequenzierung

Die Zusammenführung der molekulargenetischen mit den epidemiologischen Daten befindet sich weiterhin im Aufbau, ermöglichte aber bereits den zeitlich-räumlichen Verlauf der Ausbreitung von Varianten wie der Gamma-Variante P.1 im westlichen Teil MVs im Frühjahr oder jetzt der Delta-Variante darzustellen.

In KW 27 haben 7 Labore die Varianten-PCR (V-PCR) Ergebnisse zusammen mit den ihnen zur Verfügung stehenden personenbezogenen Daten per Exportdateien aus den jeweils genutzten Labor-informationssystemen an das CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelt.

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. Dort sind auch Informationen zu den bereits bekannten besorgniserregenden Virusvarianten (*Variants of Concern*, VOC) zu finden.

Ergebnisse: Von den kontaktierten zehn in MV ansässigen Laboren, welche am CoMV-Gen-Projekt beteiligt sind, führen 8 die V-PCRs im eigenen Labor durch. In der 27. KW wurden Daten durchgeführter V-PCRs und Sequenzierungen von 7 Laboren übermittelt.

Insgesamt wurden in der 27. KW Ergebnisse zu 32 V-PCRs übermittelt, von denen 30 valide Ergebnisse erzielten (93,8%). Damit liegen von ca. 37,5% der 80 in MV detektierten Fälle¹ auswertbare Ergebnisse der Untersuchung auf Varianten vor.

Mit 93,3% (28 Verdachtsfälle von 30 Proben) der V-PCR-Ergebnisse ist aktuell die besorgniserregende Delta-Variante B.1.617.2 die am häufigsten auftretende Variante in MV. Sie hatte bereits in der KW 25 die bis dahin führende Alpha-Variante B.1.1.7 als dominierende Variante abgelöst. **Verdachtsfälle auf Alpha-, Beta-, und Gamma-Varianten wurden nicht gemeldet.** Die absolute Anzahl durchgeführter valider V-PCRs der rückmeldenden Labore, sowie die relative Häufigkeit in Prozent der hierbei nachgewiesenen Delta-Variante B.1.617.2, ist in Abbildung 1 dargestellt.

Absolute Anzahl durchgeführter valider V-PCRs und der relativen Häufigkeit detektierte Delta-Variante B.1.617.2 der KW 27

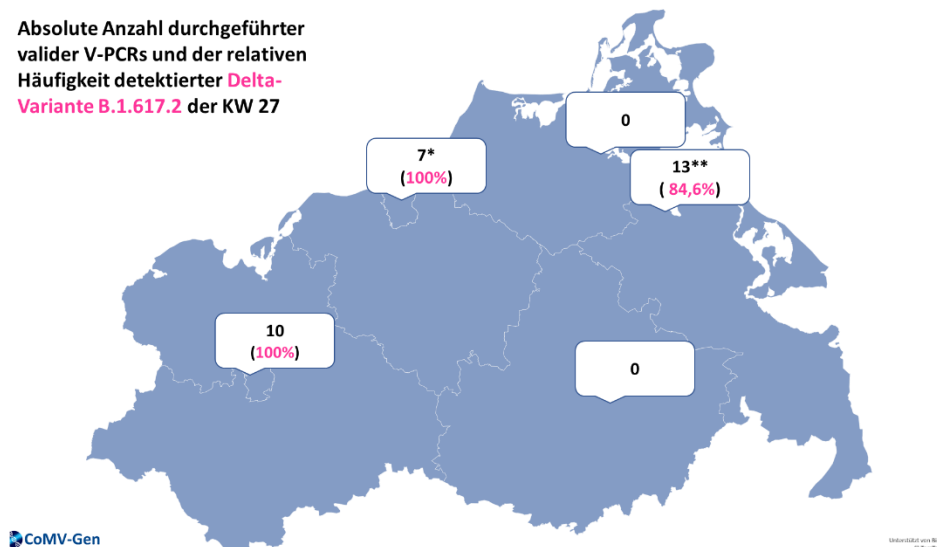


Abbildung 1. Anzahl valider V-PCRs und relative Häufigkeit detektierte Delta-Variante B.1.617.2 der rückmeldenden Labore in MV. *Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock bzw. ** in Greifswald.

¹ Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 27. KW

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

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

Abbildung 2A zeigt die relative Häufigkeit der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten detektierten Virusvarianten in Prozent über die Kalenderwochen. Es wird deutlich, wie zunächst die Alpha-Variante die bis dahin zirkulierenden Varianten ersetzt und jetzt von der Delta-Variante abgelöst wird. Diese Entwicklung ist sehr dynamisch.

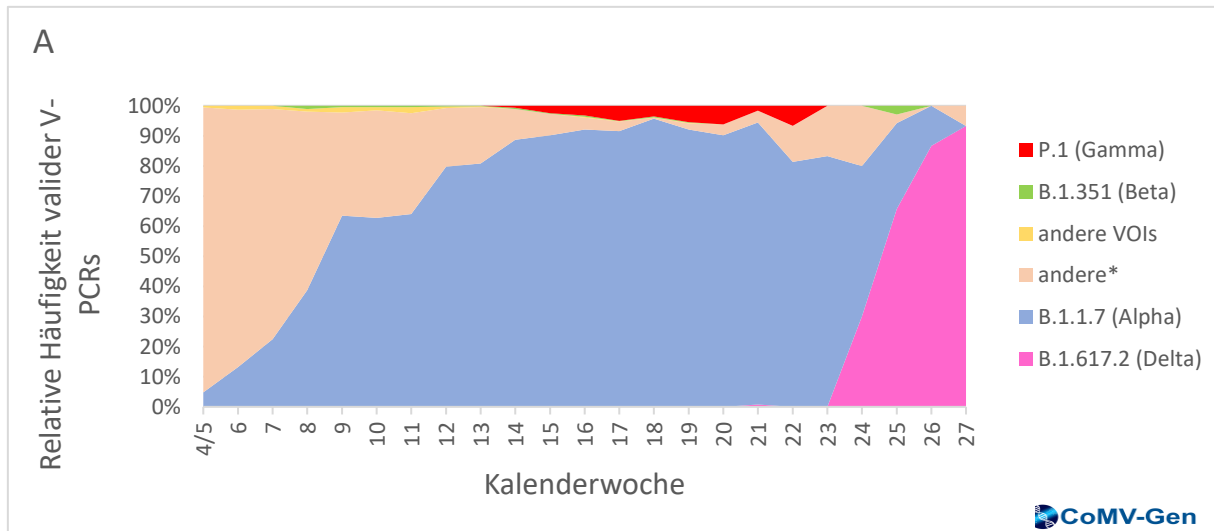


Abbildung 2A. Prozentualer Anteil der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 27. Die farbigen Bereiche zeigen die relative Häufigkeit der jeweiligen Variante bezogen auf alle in der jeweiligen Kalenderwoche gemeldeten Virusvarianten. *andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten V-PCRs (valide und ergebnisausstehend)

Abbildung 2B zeigt die absolute Anzahl der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten detektierten Varianten über die Kalenderwochen. Es wird deutlich, dass die dynamische Verdrängung der Alpha- durch die Delta-Variante vor dem Hintergrund deutlich geringerer Fallzahlen verläuft, als dies bei der Ausbreitung der Alpha-Variante im Frühjahr der Fall war.

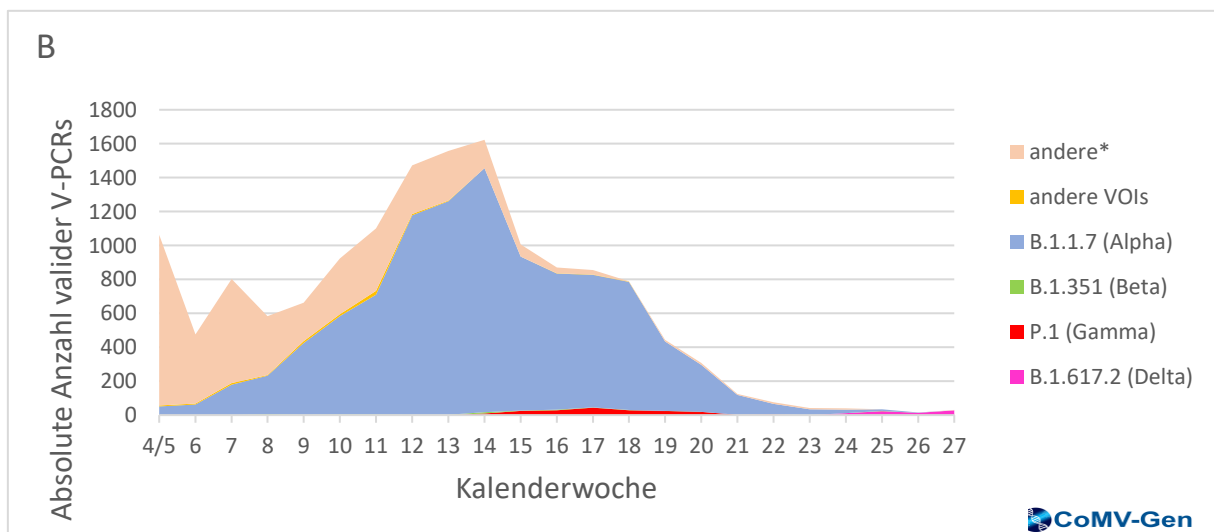


Abbildung 2B. Absolute Anzahl der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 27. Die farbigen Bereiche zeigen die absolute Anzahl der jeweiligen Variante bezogen auf alle in der jeweiligen Kalenderwoche gemeldeten Virusvarianten. *andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten V-PCRs (valide und ergebnisausstehend)

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

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

Abbildung 3 zeigt die Hochrechnung der Anteile der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten Alpha- und Delta-Verdachtsfälle auf die jeweilige 7-Tage-Inzidenz in MV² für die letzten sechs Kalenderwochen. Anders gesagt zeigt die Abbildung, basierend auf der Stichprobe, welcher Anteil der Fälle in MV durch welche Variante bedingt ist. Auch hier ist der weitere Abfall der Alpha-Variante, sowie die Zunahme der Delta-Variante zu erkennen.

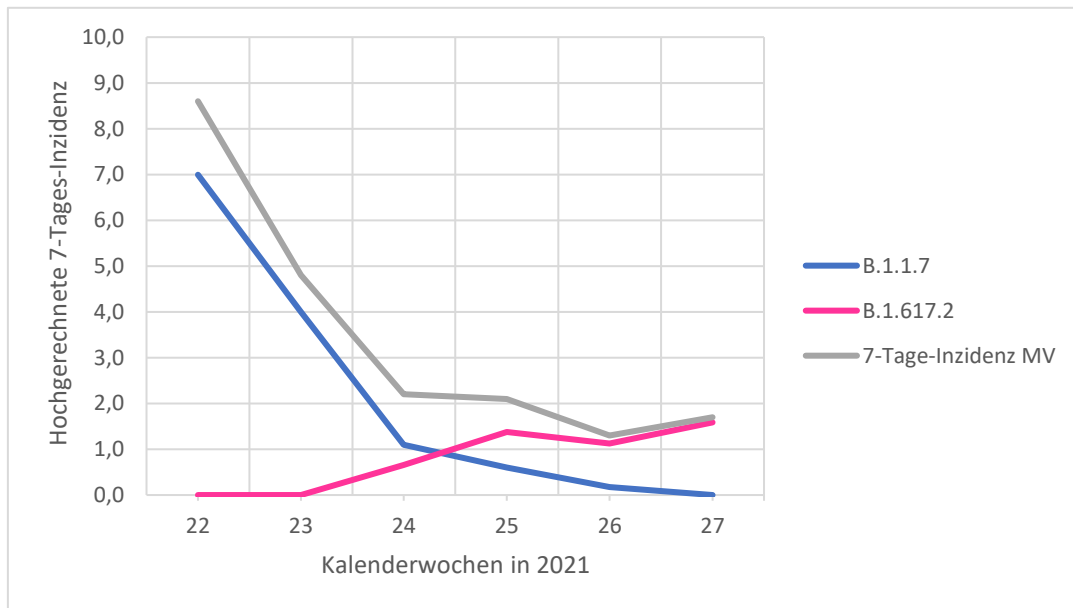


Abbildung 3. Hochgerechnete 7-Tage-Inzidenz auf den Anteil der dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten Fälle bezogen auf die 7-Tage Inzidenz in MV über die Kalenderwochen 22 bis 27. Die farbigen Linien zeigen den relativen Anteil der Alpha- (blau) und Delta-Variante (pink) bzw. die 7-Tage-Inzidenz für MV (grau).

Bewertung: Die Delta-Variante B.1.617.2 nimmt in MV erneut die führende Position der SARS-CoV-2-Varianten ein. Sie hat die Alpha-Variante B.1.1.7 in dieser Rolle eindeutig abgelöst. Im Vergleich zur vorherigen Kalenderwoche, in der die Alpha-Variante mit noch 2 Verdachtsfällen (13,3%) vertreten war, wurde in KW 27, trotz der gestiegenen Anzahl der dem CoMV-Gen Studienzentrum insgesamt gemeldeten Verdachtsfälle (15 Verdachtsfälle in KW 26, 30 Verdachtsfälle in KW 27), kein Verdachtsfall gemeldet. Dies geht mit der leicht angestiegenen 7-Tage-Inzidenz in MV einher. Die Delta-Variante B.1.617.2 sollte aktuell die größte Beachtung erfahren. Erst seit Ende Mai als VOC eingestuft, stieg der Anteil der Delta-Variante in den letzten Wochen bundesweit rapide an. Durch Sequenzierungen konnte die Variante rückwirkend erstmals in der KW 16 in MV nachgewiesen und bestätigt werden. In KW 24 und 25 kam es vermehrt zu Einträgen und Folgefällen. In den meisten Fällen, ausgehend von importierten Fällen, ist von einer Ansteckung im Familien- und Bekanntenkreis auszugehen. Die epidemiologischen Hintergründe der Fälle aus KW 27 befinden sich noch in der Auswertung.

Bei der Interpretation muss unbedingt die geringe absolute Anzahl an Fällen berücksichtigt werden. Eine Beurteilung des prozentualen Anteils allein (Abbildung 2A) ist dabei nicht sinnvoll, sondern es müssen auch die absoluten Fallzahlen berücksichtigt werden (Abbildung 2B). Insgesamt wurden in der 27. KW 28 Verdachtsfälle auf den Nachweis der Delta-Variante gemeldet (93,3%).

² MV Lageberichte des LAGuS

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

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

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, trat sie in KW 25 erneut 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 wurde. Auch aufgrund der erfreulichen Tatsache, dass die Anzahl der positiven Fälle deutlich gesunken ist, gehen zudem beträchtlich 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 niedrigen 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 absoluten Fallzahlen 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