

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

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

Berichtswoche: 13. KW 2022 sowie Ausblick zur 14. KW

Datum: 07.04.2022

Das CoMV-Studienzentrum fasst in diesem Bericht Daten aus Mecklenburg-Vorpommern zur genomischen Surveillance von zirkulierenden SARS-CoV-2-Varianten und ihren zugehörigen Subvarianten kalenderwochenweise zusammen und gibt zudem einen Ausblick zur Datenlage der aktuellen Kalenderwoche. Die Surveillance setzt sich aus molekularbiologischer Diagnostik und infektionsepidemiologischer Analyse zusammen. Dadurch bietet die genomische Surveillance durch CoMV-Gen die Chance, Verbreitungswege und Ausbrüche neuer Virusvarianten des SARS-CoV-2-Virus auf molekularem Weg zu verstehen. Damit steht ein neues, wirksames Werkzeug für den Infektionsschutz zur Verfügung. Das CoMV-Gen-Studienzentrum stellt seit April 2021 über die Website www.comv-gen.de der Öffentlichkeit fortlaufend umfangreiche und aktuelle Daten und Informationen zu SARS-CoV-2-Varianten zur Verfügung.

Die Zusammenführung der molekulargenetischen mit den epidemiologischen Daten ermöglicht den zeitlich-räumlichen Verlauf der Ausbreitung von Varianten hochauflösend darzustellen, wie der Delta-Variante im letzten Jahr und aktuell der Omikron-Variante sowie von Ausbrüchen und Infektionsketten in M-V¹. Über die Webseite www.comv-gen.de werden der Öffentlichkeit alle Berichte seit KW 6 des Jahres 2021 sowie Informationen zu bekannten und neuen besorgniserregenden Virusvarianten (*Variants of Concern*, VOC), Varianten unter Beobachtung (*Variants of Interest*, VOI) und Varianten mit bedenklichen Substitutionen (*Variants under Monitoring*, VUM) zur Verfügung gestellt. Ebenso sind Links zum Thema SARS-CoV-2 und eine Auswahl an häufig gestellten Fragen (*Frequently Asked Questions*, FAQ) bezüglich verschiedenster Themen rund um SARS-CoV-2 (Covid-19) zusammengestellt. Aktuell wurde die Webseite um eine detailliertere Betrachtung der Omikron-Subvarianten erweitert.

Datengrundlage

Der Bericht basiert hauptsächlich auf Ergebnissen von Sequenzierungen und der Auswertung infektionsepidemiologischer Daten (SORMAS) durch kooperierende Labore und Gesundheitsämter aus M-V. Varianten-PCR-Untersuchungen (V-PCR), die lange eine wichtige weitere Grundlage bildeten, werden aktuell nur noch vereinzelt durchgeführt². Für die KW 13 des Jahres 2022 liegen von zwei Laboren Ergebnisse zu durchgeführten V-PCRs vor, für die laufende KW 14 von einem Labor.

Sequenzierungen sind aktuell die wesentliche Untersuchungsmethode: ca. 5% der positiven Proben werden im CoMV-Gen-Sequenzierungszentrum sowie von drei externen Sequenzierlaboren untersucht. Die ermittelten Vollängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen werden in CoMV-Gen einer tiefergehenden molekularepidemiologischen und phylogenetischen Analyse unterzogen.

¹ Die Verarbeitung der erforderlichen personenbezogenen Gesundheitsdaten zur molekulargenetischen und epidemiologischen SARS-CoV-2 Surveillance wurden in KW 10 im Jahr 2021 durch einen Erlass des Wirtschaftsministeriums M-V geregelt.

² Durch die Änderung der Bundestestverordnung vom 11.02.2022 wurde die Durchführung der V-PCRs von den meisten Laboren eingestellt. V-PCRs werden grundsätzlich nur noch auf Anfrage und in Einzelfällen durchgeführt, siehe: TestV.pdf (gesetze-im-internet.de)

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

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

Ergebnisse

In Tabelle 1 sind die dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten und ausgewerteten Sequenzierungsergebnisse gezeigt. **Die vorliegenden Daten stammen überwiegend aus Analysen des CoMV-Gen Sequenzierungszentrums und drei externen Sequenzierungslaboren.** In diesen vier Laboren werden Proben von fünf verschiedenen Primärdiagnostiklaboren aus M-V bearbeitet. Die Sequenzierungsergebnisse wurden vom Studienzentrum anhand des Primärprobendatums der entsprechenden KW zugeordnet. **Für die letzten Kalenderwochen liegen die Sequenzierungsergebnisse noch nicht vollständig vor. Nachmeldungen werden in den kommenden Kalenderwochen mit einbezogen.**

Tabelle 1. Sequenzierungsergebnisse Anzahl und prozentuale Anteile der übermittelten Vollgenomsequenzierungen der SARS-CoV-2-Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta), B.1.1.529 (Omikron) und anderer SARS-CoV-2-Varianten von KW 49 des Jahres 2020 bis- zur KW 12 des Jahres 2022. * Nachmeldungen zu erwarten ** vorläufig

| Jahr / KW | Anzahl | Nachgewiesene Varianten | | | | | |
|--------------------------------------|--------------|-------------------------|------------------|--------------------|-----------------------|-----------------------|--------------------|
| | | B.1.1.7 (Alpha) | B.1.351 (Beta) | P.1 (Gamma) | B.1.617.2 (Delta) | B.1.1.529 (Omikron) | andere Varianten |
| KW 49 (2020) bis KW 52 (2021) | | | | | | | |
| 2020 - 2021 | 3.686 | 607 (16,5 %) | 9 (0,2 %) | 179 (4,9 %) | 2.517 (68,3 %) | 22 (0,6 %) | 352 (9,5 %) |
| 2022 | | | | | | | |
| 1 | 428 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 199 (46,5 %) | 223 (52,1 %) | 6 (1,4 %) |
| 2 | 190 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 36 (18,9 %) | 148 (77,9 %) | 6 (3,2 %) |
| 3 | 214 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 41 (19,2 %) | 165 (77,1 %) | 8 (3,7 %) |
| 4 | 286 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 13 (4,5 %) | 271 (94,8 %) | 2 (0,7 %) |
| 5 | 123 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 8 (6,5 %) | 107 (87 %) | 3 (2,4 %) |
| 6 | 204 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 2 (1 %) | 190 (93,1 %) | 10 (4,9 %) |
| 7 | 234 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 225 (96,2 %) | 9 (3,8 %) |
| 8* | 291 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 287 (98,6 %) | 4 (1,4 %) |
| 9* | 213 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 210 (98,6 %) | 3 (1,4 %) |
| 10** | 81 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 81 (100 %) | 0 (0 %) |
| 11** | 141 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 141 (100 %) | 0 (0 %) |
| 12** | 35 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 35 (100 %) | 0 (0 %) |
| 1-12 (2022) | 2.440 | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 0 (0 %) | 299 (12,3 %) | 2.083 (85,4 %) | 51 (2,1 %) |
| insgesamt ab KW 49 2020 | 6.126 | 607 (9,9 %) | 9 (0,1 %) | 179 (2,9 %) | 2.816 (46,0 %) | 2.105 (34,4 %) | 403 (6,6 %) |

Abbildung 1 zeigt die Hochrechnung der Anteile der dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten und durch Sequenzierung bestätigten Omikron-Subvarianten BA.1/BA.1.1 und BA.2 sowie der Delta-Variante auf die jeweilige 7-Tage-Inzidenz in M-V³ für die Kalenderwochen zwei bis 12 des Jahres 2022 und stellt somit basierend auf der Stichprobe dar, welcher Anteil der Fälle in M-V durch welche Variante bzw. Omikron-Subvariante bedingt ist. Daten für die Kalenderwochen 11 und 12 sind noch vorläufig, da es aufgrund von personellen Ausfällen auch in Sequenzierungslaboren aktuell Ausfälle durch COVID-19-Infektionen gibt. **Die derzeitige 7-Tage-Inzidenz in M-V ist ausschließlich durch die Omikron-Variante bedingt. Zudem ist seit KW 5/2022 ein starker Anstieg der Omikron-Subvariante BA.2 sowie eine Abnahme der Subvarianten BA.1 und BA.1.1 zu beobachten. Seit**

3 M-V Lageberichte des LAGuS

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

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

KW 7 liegen anhand der dem CoMV-Gen-Studienzentrum zur Verfügung stehenden Daten keine Sequenzen zur Delta-Variante vor. Nachmeldungen werden in den kommenden Wochen berücksichtigt.

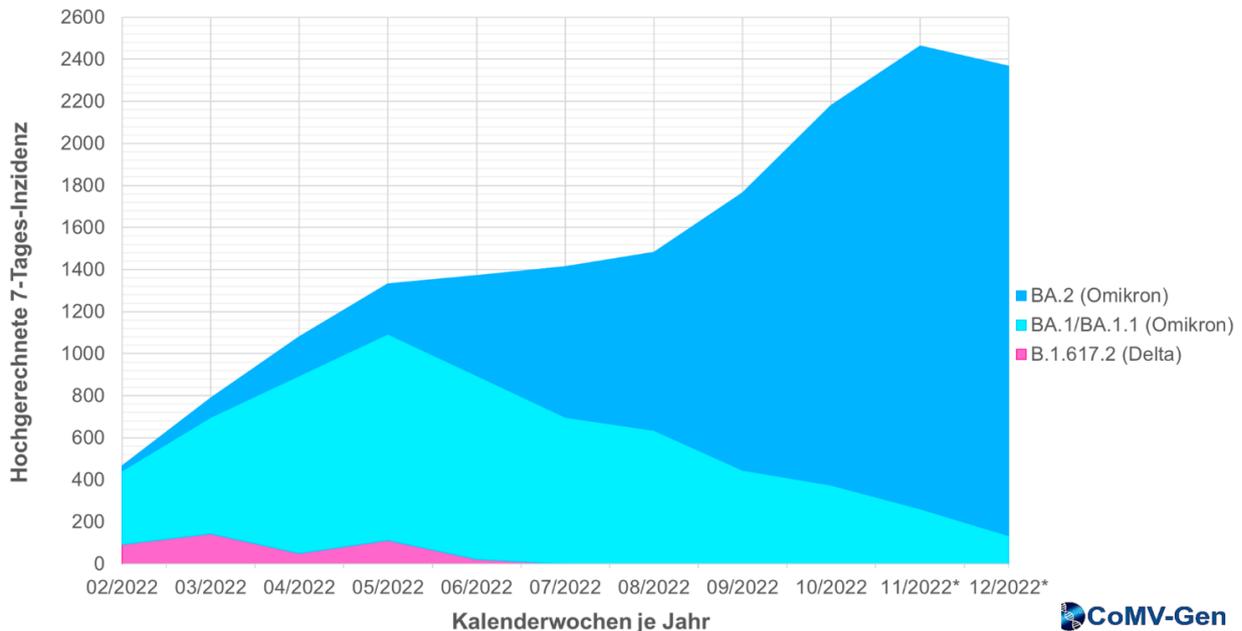


Abbildung 1. Hochgerechnete 7-Tage-Inzidenz auf den Anteil der sequenzierten Fälle bezogen auf die 7-Tage Inzidenz in M-V über die Kalenderwochen 2 bis 12 des Jahres 2022. Die farbigen Flächen zeigen den relativen Anteil der sequenzierten Delta-Variante (pink) und den Omikron-Subvarianten BA.1/BA.1.1 (türkis) und BA.2 (blau). *Vorläufige Daten für die Kalenderwochen 11 und 12.

Bislang dominierte weltweit die Omikron-Subvariante BA.1 mit der Subvariante BA.1.1. Dies konnte auch anhand der dem CoMV-Gen-Studienzentrum zur Verfügung stehenden Sequenzierungsdaten für M-V bestätigt werden. In Abbildung 2 ist der Anteil der dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten Sequenzierungsdaten aus M-V sowie bundesweiter in GISAID (covSPECTRUM)⁴ hinterlegten Sequenzierungsdaten zu den Omikron-Subvarianten über die Kalenderwochen dargestellt.

Derzeit ist in M-V sowie bundesweit ein Rückgang der Subvarianten BA.1/ BA.1.1 sowie eine Zunahme der Subvariante BA.2 beobachten (Abbildung 2). Anhand der durch CoMV-Gen ausgewerteten Sequenzierungsergebnisse zeigt sich, dass von KW 50/2021 bis zur KW 2/2022 BA.1 die dominierende Subvariante in M-V war. Gleichzeitig konnte ab KW2/2022 ein rascher Anstieg der Subvariante BA.1.1 beobachtet werden. Die von der UK Health Security Agency⁵ als VUI eingestufte Omikron-Subvariante BA.2 wurde rückwirkend in der KW 2 in M-V durch Sequenzierungsergebnisse bestätigt. Die sequenzierte Probe stammte aus der KW 52 des Jahres 2021 und der Anteil dieser Subvariante nahm seit KW2/2022 rasch zu. **In KW 9 betrug der Anteil der Omikron-Subvariante BA.2 innerhalb der sequenzierten Omikron-Varianten bereits 74,8% (157 Proben von insgesamt 210), in der KW 12 anhand vorläufiger Daten 94,3 % (33 von insgesamt 35 Proben).** Auf Bundesebene zeigt sich anhand der in GISAID hinterlegten Omikron-Sequenzen ein ähnliches Bild: Die Subvariante BA.1 war von KW 47/2021 bis zur KW 2/2022 die dominierende Subvariante. Der Anteil der Subvariante BA.1.1 nahm allerdings ab KW 49/2021 rasch zu. Seit KW 01/2021 konnte ein Anstieg der Subvariante BA.2 beobachtet werden. Auch bundesweit stellt sie derzeit die dominierende Omikron-Subvariante dar. **Insgesamt ist der Anteil von BA.2 in M-V früher als im Bund angestiegen.**

⁴ B.1.1.529* - Germany - covSPECTRUM (cov-spectrum.org); Stand 06.04.2022

⁵ SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation (publishing.service.gov.uk); Technical briefing 35

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

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

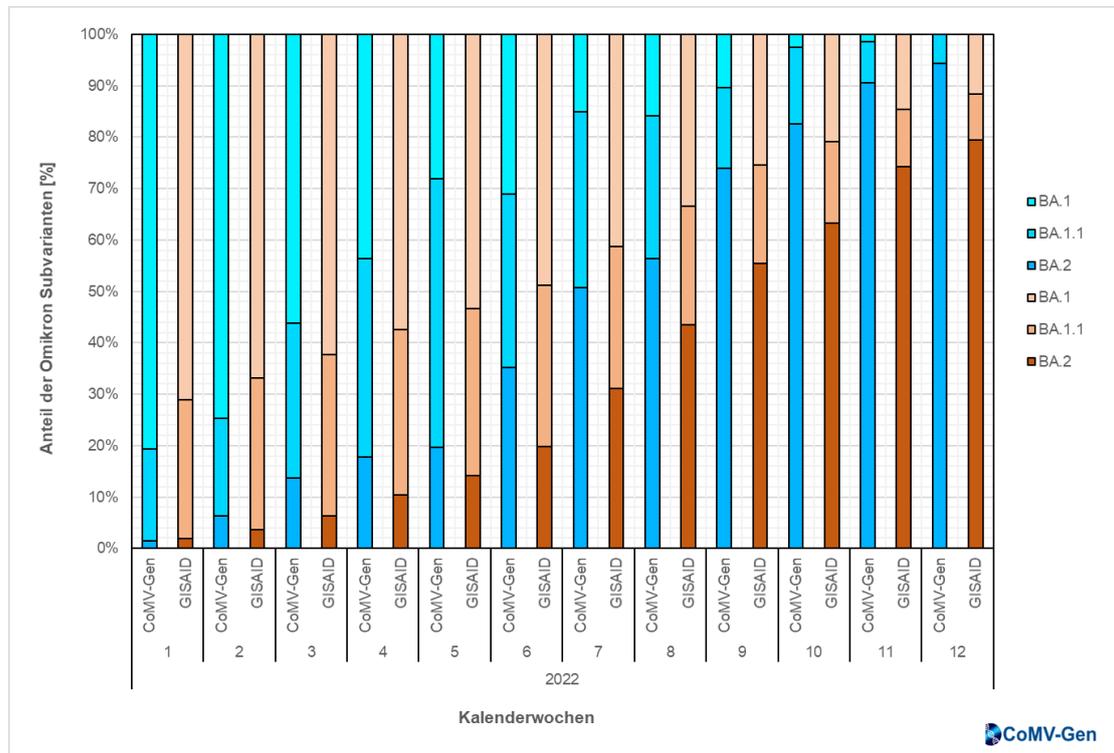


Abbildung 2. Prozentualer Anteil der dem CoMV-Gen Studienzentrum vorliegenden Sequenzierungsdaten in M-V (Blautöne) sowie in GISAIID hinterlegten Daten bundesweit (Rottöne) zu den Omikron-Varianten BA.1, BA.1.1 und BA.2 über die Kalenderwochen 1 bis 12 im Jahr 2022. Nachmeldungen sind zu erwarten. Daten für KW 12 vorläufig.

Auswertung infektionsepidemiologischer Daten aus M-V (SORMAS)

Die von den Gesundheitsämtern des Landes in SORMAS erfassten infektionsepidemiologischen Daten werden durch das CoMV-Gen-Studienzentrum fortlaufend hinsichtlich demographischer und klinischer Aspekte ausgewertet. In Abbildung 3 ist der prozentuale Anteil der übermittelten Omikron-Subvarianten BA.1/ BA.1.1 und BA.2 je Altersgruppe der positiv auf Omikron-getesteten Personen kumuliert seit Januar dargestellt (Stand 06.04.2022, 607 eindeutige Omikron-Subvarianten-Zuordnungen von insgesamt 3.762 in SORMAS erfassten Omikron-Fällen). **Die Subvariante BA.2 tritt in der Altersgruppe der über 80-Jährigen (56,5% BA.2) und der 60- bis 79-Jährigen (54,3% BA.2) insgesamt häufiger auf. In der Altersgruppe der 20 bis 39-Jährigen tritt die Subvariante BA.1/ BA.1.1 hingegen häufiger auf (47,6% BA.2).** Derer Anteil der Subvarianten BA.1/ BA.1.1 und BA.2 in den restlichen Altersgruppen ist fast ausgeglichen. Die Geschlechterverteilung ist mit 53 % weiblichen und 47 % männlichen Infizierten in M-V weiterhin fast ausgeglichen.

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

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

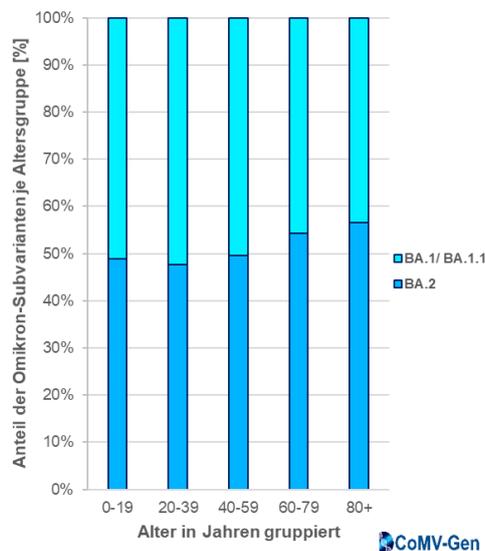


Abbildung 3. Prozentualer Anteil der übermittelten Altersangaben der Omikron-Subvarianten BA.1/ BA.1.1 und BA.2. je Altersgruppe in Jahren. (kumuliert seit Januar 2022).

Die prozentualen Anteile der 20 häufigsten Symptome einer Omikron-Infektion sind unabhängig vom Impfstatus in Abbildung 4 dargestellt (Datenstand 06.04.2022, 2.576 symptomatische Omikron-Fälle (69,0%) von insgesamt 3.762 Omikron-Fällen). **Zu den häufigsten Symptomen einer Omikron-Infektion zählen Erkältungs- bzw. Grippe-ähnliche Symptome, v.a. laufende Nase, Husten, Kopfschmerzen, Halsentzündung sowie Fieber und Muskelschmerzen.** Der bisher für eine Corona-Infektion typische Geschmacks- bzw. Geruchsverlust tritt dagegen seltener als bei der Delta-Variante auf. Schwere Symptome stellen bisher nur ca. 3,9% aller Symptome bei den Infizierten dar (erhöhte Herzfrequenz, schnelle Atmung, Lungenentzündung, Akutes Atemnotsyndrom, Respiratorische Insuffizienz, Sauerstoffsättigung < 94%).

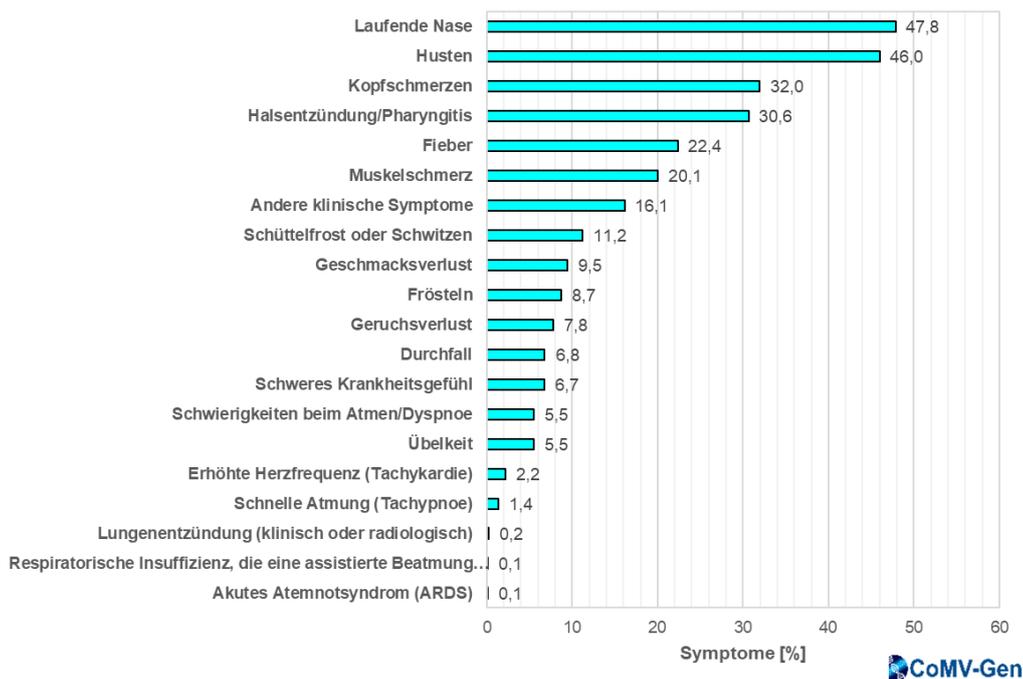


Abbildung 4. Häufigkeit der Symptome bei Fällen mit einer Omikron-Infektion, unabhängig vom Impfstatus. Gezeigt sind die 20 häufigsten Symptome (Kumuliert seit Dezember 2021)

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

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

Daten aus nationalen und internationalen Repositorien

Aktuell sind 2.823.962 Sequenzen der Omikron-Variante in GISAID⁶ aus 178 Ländern hinterlegt. In Abbildung 5 ist die weltweite Verteilung der Omikron-Variante mit ihren Subvarianten BA.1, BA.1.1 und BA.2 (in %) dargestellt. Der Großteil der Sequenzen stammt weiterhin aus dem Vereinigten Königreich (989.080; 35,0%). Aus Deutschland wurden 172.259 Sequenzen (6,1%) dieser Variante in GISAID hinterlegt.

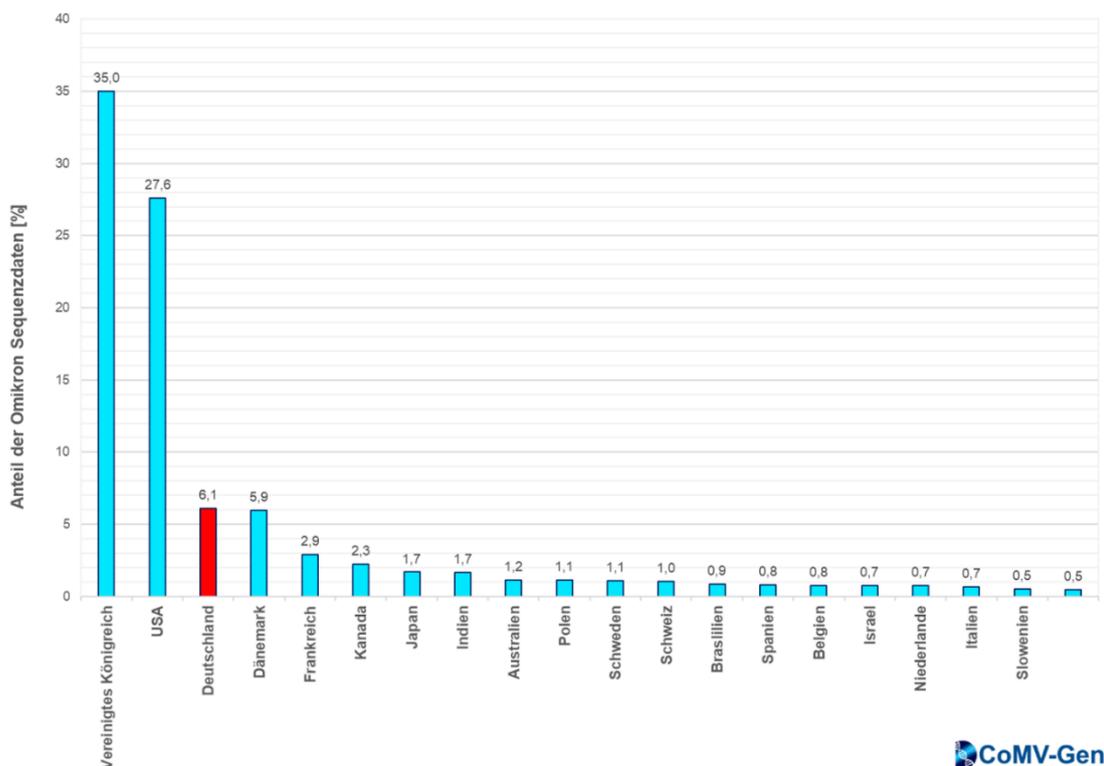


Abbildung 5. Prozentualer Anteil der in GISAID hinterlegten Sequenzen der Omikron-Variante weltweit. Dargestellt ist der prozentuale Sequenzanteil der führenden 20 Länder von insgesamt 178 Ländern, die in GISAID Sequenzdaten eingereicht haben. (Stand 06.04.2022).

Varianten-PCR (V-PCR)

In der 13. KW lag der Anteil bei 100% Verdacht auf die Omikron-Variante (60 Proben). Ein Labor bestätigte zudem durch eine Punktprävalenzerhebung in der aktuellen KW 14 die eindeutige Dominanz der Omikron-Subvariante BA.2, da bei allen Proben der Verdacht auf diesen Subtyp vorlag (23 Proben). Detaillierte Ergebnisse zu durchgeführten V-PCRs über die Kalenderwochen vier des Jahres 2021 bis KW 14 des Jahres 2022 können auf der Webseite von CoMV-Gen eingesehen werden (www.comv-gen.de, Aktueller Bericht – V-PCR-Ergebnisse).

Weitere Varianten: Die von der WHO vorgenommene VOC-Einstufung der Varianten Alpha, Beta und Gamma wurde am 09.03.2022 aufgehoben. **Aktuell gelten nur noch die Varianten Delta und Omikron als VOC.** VOIs liegen laut WHO derzeit nicht vor. Als „Variants under Monitoring“ (VUM) sind nur noch die Varianten B.1.640 und die rekombinante Variante XD (Delta- und BA.1-Variante) eingestuft.⁷ Die BA.2-Subvariante wurde am 19.01.2022 in UK als nationale VUI aufgenommen (s.o.). CoMV-Gen beobachtet die internationale Situation und Erkenntnisse und fasst Daten zu Varianten auf der Webseite in Steckbriefen aktuell unter www.comv-gen.de zusammen.

⁶ <https://www.gisaid.org/hcov19-variants/> (Stand: 06.04.2022)

⁷ Tracking SARS-CoV-2 variants (who.int)

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

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

Bewertung

In M-V ist die Omikron-Subvariante BA.2 die klar dominierende Variante. In M-V ist die Epidemiologie von BA.1 und BA.2 zum restlichen Bundesgebiet jeweils um ca. 2-3 Wochen phasenverschoben: Während die BA.1 Welle in M-V später ankam, wurde BA.2 (in zeitlichem Bezug zum Ende der Winterferien) früher als im restlichen Bundesgebiet zur dominierenden Variante. **Das erklärt in Verbindung mit den besonderen Eigenschaften von BA.2 (kürzeres serielles Intervall, Übertragungsvorteil, Immunevasion) auf genomischer Grundlage die hohen Inzidenzen in M-V im Vergleich zum Bundesgebiet, da hier die BA.2-Welle auf die noch laufende BA.1-Welle aufsetzt.** Der aktuelle Rückgang der Inzidenz in MV erklärt sich durch ein Abflachen der BA.2 Welle.

Bis KW 8 dominierte die Omikron-Subvariante BA.1 mit der Subvariante BA.1.1. Die BA.2-Variante hat sich auch rasch in anderen Ländern ausgebreitet und stellt beispielsweise in Dänemark 77,5% (Stand: 07.04.2022) aller Omikron-Sequenzierungsergebnisse dar⁸. In UK hat BA.2. die Subvarianten BA.1 und BA.1.1 ebenfalls als dominierende Omikron-Subvarianten abgelöst.

Die Deletion 69/70 des S-Proteins ist in der BA.2- im Vergleich zur BA.1/ BA.1.1-Subvariante nicht vorhanden und wird deshalb unter anderen Kriterien zur Diskriminierung in der Sequenzierungsanalyse verwendet. Allerdings zeigten neuere Ergebnisse der UK Health Security Agency, dass auch eine kleine Anzahl der BA.2-Sequenzen die Deletion enthält. Diese Entwicklung wird derzeit überwacht.¹⁴

Daten aus UK deuten darauf hin, dass diese Subvariante einen Wachstumsvorteil gegenüber BA.1 aufweist: Daten aus der Nachverfolgung zeigen eine im Vergleich zu BA.1 erhöhte Wahrscheinlichkeit für Folgeinfektionen bei Haushaltskontakten BA.2-Infizierter (BA.2: 13,6%; [CI95: 13,2%-14,0%] vs. BA.1: 10,7%; [CI95: 10,6%-10,8%]).⁹ Zudem wird in einer als Preprint veröffentlichten USA-Studie einer kleinen Probandengruppe vermutet, dass die BA.2-Zunahme mit einer erhöhten Übertragbarkeit von BA.2 im Vergleich zu BA.1 zu begründen ist und weniger im immunologischen Kontext steht. Der Studie zufolge sind BA.1 infizierte Geimpfte mit einem robusten neutralisierenden Antikörpertiter gegenüber BA.2 ausgestattet.¹⁰

Vorläufige Daten aus UK zeigen weiterhin, dass kein erhöhtes Risiko einer Hospitalisierung bei einer BA.2- im Vergleich zu einer BA.1-Infektion besteht (0.94 [CI95%: 0.88-1.00]).⁹

Wichtig scheint zudem, **dass BA.2 ein 12,1% bzw. ca. 12 Stunden kürzeres serielles Intervall als BA.1 aufweist, d.h. BA.2- Infizierte sind früher als BA.1-Infizierte bereits selbst ansteckend** (3.27 [CI95: 3.09 - 3.46] vs. 3.72 [CI95%: 3.62-3.80])¹⁴.

Daten aus einer als Preprint veröffentlichten Studie aus Dänemark¹¹ zeigen im Vergleich zu BA.1, eine erhöhte Infektionsanfälligkeit mit BA.2 sowohl bei ungeimpften Personen (Odds Ratio (OR) 2.19; [CI95: 1.58-3.04]), vollständig geimpften Personen (OR 2.45; [CI95: 1.77-3.40]) als auch bei geboosterten Personen (OR 2.99; [CI95: CI 2.11- 4.24]). Zusätzlich zeigen Daten aus der Nachverfolgung eine im Vergleich zu BA.1 erhöhte Wahrscheinlichkeit für Folgeinfektionen bei Haushaltskontakten ungeimpfter BA.2-Infizierter (OR 2.62 [CI95: 1.96 - 3.52]). Dieses Infektionsmuster trat allerdings nicht in Haushalten vollständig geimpfter und insbesondere geboosteter Personen auf (OR < 1). **Sowohl bei BA.1 als auch bei BA.2 konnte bei geboosterten Personen im Vergleich mit vollständig geimpften Personen eine verringerte Infektionsanfälligkeit und Übertragbarkeit festgestellt werden.** Dies lässt vermuten, dass die Viruslast bei vollständig geimpften und insbesondere bei geboosterten Personen bei einer Infektion mit BA.2 geringer sein kann als bei ungeimpften Personen. Eine Schweizer Studie konnte zeigen, dass die Viruslast bei Impfdurchbrüchen mit Omikron im Vergleich zu Delta nicht erhöht war. Bei

8 Dänemark - covSPECTRUM (cov-spectrum.org); Stand 07.04.2022

9 GOV UK, Technical briefing 38

10 <https://doi.org/10.1101/2022.02.06.22270533>

11 Transmission of SARS-CoV-2 Omicron VOC subvariants BA.1 and BA.2: Evidence from Danish Households (Lyngse FP et al.); medRxiv 2022.01.28.22270044; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.01.28.22270044>

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

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

Geimpften ist die Viruslast bei einer Omikron-Infektion hingegen vergleichbar mit der eines Impfdurchbruches bei einer Delta-Infektion.¹² Dennoch ist die Datenlage bislang insgesamt noch spärlich, Aussagen sollten mit der nötigen Vorsicht getroffen werden.

Trends der weiteren Virusentwicklung

Rekombinante SARS-CoV-2-Varianten (XD, XE, XF)

Rekombinante Varianten sind Kombinationen bereits vorhandener Virusvarianten. Gemäß der WHO wird die rekombinante Virusvariante XD als VUM eingestuft⁷. Es handelt sich dabei um eine Kombination aus der Delta- (Subvariante AY.4) und der BA.1-Variante, wobei das S-Gen von Omikron in das Delta-Genom aufgenommen wurde (siehe Abbildung 6). Laut der UK Health Security Agency sind bereits einige Fälle in der EU aufgetreten, wobei die erste Detektion bereits im Dezember 2021 erfolgte. Die meisten Proben stammen dabei aus Frankreich.¹⁴ Nach aktuellem Stand von GISAID (07.04.2022) wurde die rekombinante Variante AY.4/BA.1 bereits auch einmal in Deutschland nachgewiesen. Weiterhin sind die EU-Länder Dänemark, Belgien und die Niederlande betroffen.¹³ **Eine weitere rekombinante Variante, XE, eine Kombination aus der Delta-Variante und der beiden Omikron-Subvarianten BA.1 und BA.2, wird in England engmaschig überwacht, da ihr Anteil zunimmt und bereits aktuell <1% der Gesamtsequenzen beträgt.** Die dritte Rekombinante aus der Delta- und der BA.1-Variante bestehend, als XF bezeichnet, wurde bisher auch nur in UK nachgewiesen. Ob eine rekombinante Virusvariante beispielsweise einen Wachstumsvorteil aufweist, ist Gegenstand derzeitiger Untersuchungen.¹⁴ Gemäß einer US-Studie gibt es derzeit keinen Hinweis darauf, dass rekombinante Delta-Omikron-Virusvarianten im Vergleich zu den ko-zirkulierenden Omikron-Varianten eine erhöhte Fähigkeit zur Übertragung zwischen Wirten aufweisen.¹⁵

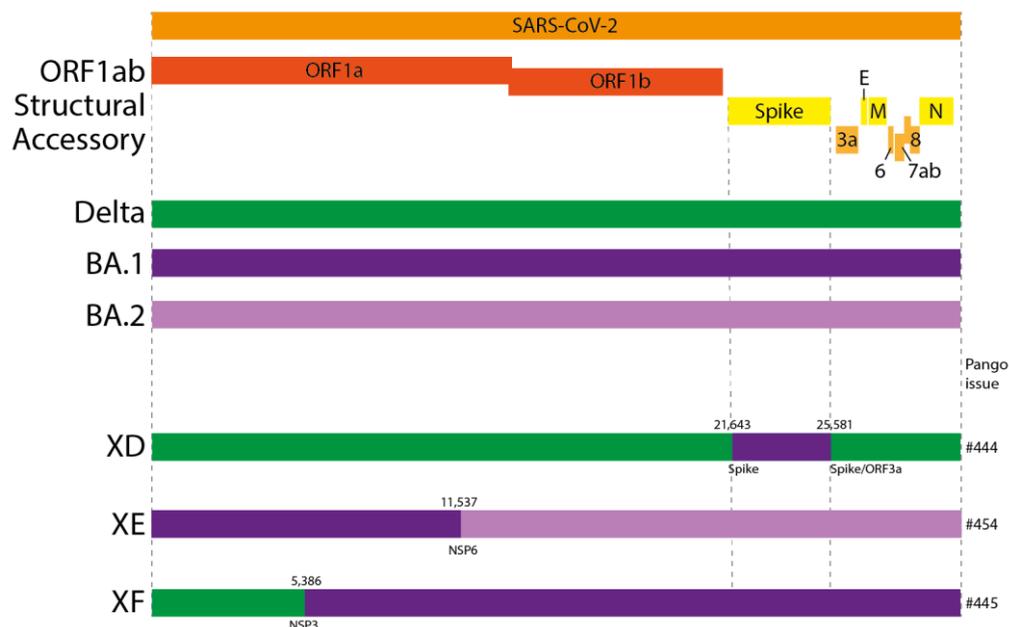


Abbildung 6. Vollgenom des SARS-CoV-2-Virus, der Delta-, BA.1- und BA.2-Variante sowie Genpositionen der rekombinanten Varianten XD, XE und XF, gemäß der UK Health Security Agency ¹⁴

¹² Puhach, O. (2022) Infectious viral load in unvaccinated and vaccinated patients infected with SARS-CoV-2 WT, Delta and Omicron, DOI: 10.1101/2022.01.10.22269010

¹³ GISAID - hCov19 Variants

¹⁴ GOV UK, Technical briefing 39

¹⁵ Bolze, A. et al. (2022) Evidence for SARS-Cov-2 Delta and Omicron co-infections and recombination, DOI: 10.1101/2022.03.09.22272113

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

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

Durch die in M-V durchgeführten und in CoMV-Gen zusammengeführten Sequenzierungen wird die Lage für M-V weiter eng überwacht. **Der Wert einer engen, hochauflösenden genomischen Surveillance, insbesondere durch Sequenzierungen, wie in M-V durch CoMV-Gen realisiert, ist damit unvermindert hoch.** Allerdings kann derzeit nur ein begrenzter Teil der Isolate sequenziert werden und die Ergebnisse liegen mit Verzögerung vor. Umso wichtiger ist es, Maßnahmen auch auf den Erkenntnissen aus anderen Ländern, bei denen die Ausbreitung schon weiter ist, aufzubauen. Zudem sollten unbedingt mehr Proben für eine längere Zeit asserviert werden, um zumindest im Nachgang eine Analyse zu ermöglichen. Nur durch eine rasche Detektion neuer Varianten lassen sich frühzeitig Gegenmaßnahmen zur Eindämmung der Ausbreitung realisieren.

Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden:

Seit der 8. KW ist eine Surveillance über V-PCR-Daten nicht mehr solide. Damit basiert die Surveillance auf Sequenzierungs- und epidemiologischen Daten. Diese sind belastbar, aber stehen erst mit Verzögerung zur Verfügung. Aufgrund personeller Ausfälle stehen Sequenzierungsergebnisse für die Kalenderwochen 12 und 13 noch aus. Die derzeitige Pandemiesituation stellt weiterhin eine enorme Herausforderung für die Labore und Gesundheitsämter dar, sodass diese personell als auch durch begrenzte Laborkapazitäten an ihre Grenzen stoßen. **Aufgrund der rasant gestiegenen und weiterhin steigenden Infektionszahlen mit SARS-CoV-2 sind die SARS-CoV-2 PCR-Untersuchungszahlen in den Laboren weiterhin sehr hoch.** Diese werden aufgrund der derzeitigen hohen Anzahl an Proben sowie aufgrund der neuen Testverordnung² künftig nur noch im Bedarfsfall bzw. stichprobenartig V-PCRs durchführen. Sequenzierungen erfolgen hingegen weiterhin (von 5% der SARS-CoV-2 PCR-positiven Proben).

Sekundäranalysen, um Fälle zu sequenzieren, sind durch geringe Lagerfristen von Primärproben in einigen Laboren aufgrund von Kapazitätslimitationen erschwert. Für die Bekämpfung der Pandemie ist eine fortführende genomische Surveillance und Sequenzierung sowie die Zusammenführung mit epidemiologischen Daten von großer Bedeutung.

Aufgrund der bevorstehenden Osterfeiertage wird der nächste CoMV-Gen-Bericht zur Entlastung der Labore in zwei Wochen veröffentlicht. Das CoMV-Gen-Sequenzierungszentrum und die kooperierenden Sequenzierlabore werden auch zwischen den Feiertagen Proben bearbeiten.

Empfehlungen

- Aufgrund der wegfallenden flächendeckenden V-PCR-Untersuchungen (neue Testverordnung des Bundesministeriums²) steigt die Bedeutung von Sequenzierungsuntersuchungen. Um auf ein potentiell erneutes Auftreten der Delta-Variante, Rekombinanten oder neuer immunevasiver Varianten mit erhöhter Gefährlichkeit schnell reagieren zu können, sollten Sequenzierungen daher umfangreich durchgeführt werden.
- Mit der Sequenzierung sollten nur Labore beauftragt werden, die ihre Ergebnisse sehr zeitnah, vollständig und in sehr hoher Qualität dem CoMV-Gen-Studienzentrum zur Verfügung stellen können.
- V.a. aus Ausbrüchen sollen verstärkt alle Proben in die Sequenzierung gegeben werden, um die molekulare Epidemiologie nachvollziehen 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 sollte deutlich verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Sekundäranalyse und Tiefendiagnostik zugänglich bleiben.