

Informationen zum Nachweis von SARS-CoV-2-Virusvarianten

PCR-Mutationsscreening und Ganzgenom-Sequenzierung von SARS-CoV-2-positiver Proben gemäß CorSurV

Seit Beginn der SARS-CoV-2-Pandemie wird eine Vielzahl an Virusvarianten mit einer Häufung spezieller Mutationen beobachtet. Schon sehr früh in der Pandemie begannen sich bestimmte Virusvarianten durchzusetzen und verdrängten den ursprünglichen Virus. Ein bekanntes und übliches Phänomen welches man insbesondere bei RNA-Viren häufig beobachtet. Ende Dezember 2020 fiel in Großbritannien eine neue Virusvariante (B.1.1.7) auf, die in bestimmten Regionen des Landes innerhalb kürzester Zeit zur dominanten Virusvariante wurde. Es wird derzeit intensiv beforscht ob, bzw. in welcher Form sich bestimmte Mutationen auf die Eigenschaften des Virus wie z.B. Übertragbarkeit, Virulenz oder Immunogenität auswirken. Die aktuellen Daten deuten darauf hin, dass die neue Virusvariante B.1.1.7 sich durch eine erhöhte Übertragbarkeit auszeichnet. Auch in Deutschland ist die Corona-Mutation B.1.1.7 inzwischen nachweisbar.

Vergleichbar zu der Britischen Variante wurden auch in Südafrika (B.1.351) und Brasilien (B.1.1.28) Virusvarianten nachgewiesen, die sich mit einer hohen Geschwindigkeit dort verbreiten. Im Unterschied zur Virusvariante B.1.1.7. deuten erste Daten darauf hin, dass bei diesen beiden Virusvarianten Veränderungen an dem Oberflächenprotein Spiking-Protein auftreten, die zu einer Verringerung der Antikörper Erkennung gegen die gängige Virusvariante führen und damit eine Reinfektion möglich ist.

Für die Detektion dieser SARS-CoV-2 Virusvarianten stehen zwei unterschiedliche Möglichkeiten zur Verfügung. Das schnelle und verhältnismäßig kostengünstige PCR-Mutationsscreening sowie das aufwändige, teure und relativ langwierige Ganzgenom-Sequenzierungsverfahren des Virus.

Für die meisten Fragestellungen ist das PCR-Mutationsscreening ausreichend. Weiterhin ist für das PCR-Mutationsscreening die Kostenübernahme bei begründetem Verdacht §4 „Testungen zur Verhütung der Verbreitung des Coronavirus SARS-COV2“ sichergestellt.

PCR-Mutationsscreening

Für eine schnelle und zielgerichtete Diagnostik dieser neuen Varianten werden bei Proben mit Nachweis von SARS-CoV-2-Nukleinsäure mittels einer PCR-basierten Stufendiagnostik die typischen Mutationen dieser Virusvarianten bestätigt oder ausgeschlossen: Diese sind UK B.1.1.7, South Africa B.1.351, Brasil B.1.1.28, Nigeria B.1.1.238 und COH-20G B.1.2. Ein separater Auftrag hierfür ist nicht erforderlich.

Wir empfehlen das PCR-Mutationsscreening auf „Coronavirus SARS-CoV-2 (nCoV 2019)“ als Nachweis für die Virusvarianten anzufordern.

Auf dem Laborbefund wird der Hinweis oder Ausschluss auf eine der folgenden Virusvarianten angegeben: UK B.1.1.7, South Africa B.1.351 und Brasil B.1.1.28.

In Einzelfällen werden zusätzliche Bestätigungs-PCRs automatisch und kostenfrei nachgezogen.

Ganzgenom-Sequenzierung

Um einen besseren Überblick über die in Deutschland zirkulierenden Varianten des SARS-CoV-2-Virus zu bekommen, fördert die Bundesregierung die bundesweite Genomsequenzierung der Viren. Mit Hilfedaten Sequenzdaten kann die Evolution der Viren und das Auftreten neuer Varianten frühzeitig entdeckt werden. Auch der Eintrag neuer Varianten aus dem Ausland kann so zeitnah festgestellt werden.

Im Rahmen der molekularen Surveillance des RKI werden im Labor Limbach routinemäßig entsprechend den Vorgaben der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) bis zu 5 % der positiven SARS-CoV-2-Proben aus der Primärdiagnostik sequenziert. Wenn die Zahl der Neuinfektionen bundesweit unter 70.000 Fälle pro Woche fällt, können bis zu 10 % sequenziert werden.

Die Auswahl der Proben erfolgt durch einen Zufallsalgorithmus auf Basis der vom RKI ausgearbeiteten Handlungsanleitung. In Ausnahmefällen kann bei begründetem Verdacht auf eine Infektion mit einer „Risiko“-Virusvariante in Abstimmung mit dem lokalen Gesundheitsamt eine Sequenzierung im Rahmen des oben genannten Kontingents durchgeführt werden. Voraussetzung hierfür ist eine entsprechende Reiseanamnese oder ein bekannter Kontakt zu einem Patienten mit einer der erwähnten Virusvarianten.

Neben der SARS-CoV-2-Sequenzierung im Rahmen der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) besteht die Möglichkeit der Direktanforderung der Sequenzier-Leistung. Für die Analyse und Nachverfolgung von Ausbruchssituationen ist dieser Weg zu wählen.

Bitte halten Sie in diesem Fall direkte Rücksprache mit uns.

Autoren:

MVG Infektionsdiagnostik, Limbach Gruppe
Literatur:

1. Neue Coronavirus-Surveillanceverordnung des Bundesministeriums für Gesundheit (Stand: 18. Januar 2021);
<https://www.bundesgesundheitsministerium.de/presse/pressemitteilungen/2021/1-quartal/coronavirus-surveillance-verordnung.html>
2. Handlungsanleitung für primär diagnostizierende Labore zur Auswahl von SARS-CoV-2-positiven Proben für die Sequenzierung im Rahmen der Corona-virus-Surveillanceverordnung (CorSurV); Robert Koch Institut, (Stand: 22.01.2021);
https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Handlungs-anleitung_Labore.html

Stand: Februar/2021

Ihre Ansprechpartnerin:

Dr. med. Corinna Hauß

Tel.: +49 5132 / 8695 -0

Email: c.hauss@labor-limbach-hannover.de