UNIVERSITÄTSKLINIKUM MAGDEBURG A.ö.R.

OTTO VON GUERICKE UNIVERSITÄT MAGDEBURG

Institut für Medizinische Mikrobiologie und Krankenhaushygiene

Prof. Dr. med. Achim Kaasch
Direktor

Universitätsklinikum Magdeburg A.ö.R.
Leipziger Str. 44
39120 Magdeburg

Telefon: +49 391 67-13392
Telefax: +49 391 67-13384

achim.kaasch@med.ovgu.de
www.med.uni-magdeburg.de

DAkkS Deutsche Akkreditierungsstelle D-ML-13264-02-00 D PL 13264 01 00

Laborinformation **Datum: 25.02.2021**

Diagnostik der SARS-CoV-2-Virusvarianten (Variant of Concern – VOC)

Das Auftreten von Virus-Mutationen ist ein normaler Prozess in einem pandemischen Infektionsgeschehen. Jedoch könnten sich durch Mutationen im Virus-Genom die Eigenschaften von SARS-CoV-2 zum Beispiel bezüglich der Übertragbarkeit verändern. Daher ist ein Monitoring der zirkulierenden Virus-Mutationen mittels Sequenzierung notwendig.

Seit Beginn der SARS-CoV-2-Pandemie wurden zahlreiche Virusvarianten mit erhöhter Übertragbarkeit nachgewiesen. So wurde Ende 2020 in Großbritannien eine neue Virusvariante (B.1.1.7) nachgewiesen, welche sich nach aktuellen Daten in einer höheren Übertragbarkeit im Vergleich zum Wildtyp auszeichnet. Analog dazu wurden weitere Varianten in Südafrika (B.1.351) und Brasilien (B.1.1.28 und P.1) nachgewiesen, die ähnliche Ausbreitungstendenzen haben. Dabei wurde bei allen die Mutation N501Y im Spike Protein nachgewiesen, weiterhin zeichnet sich B.1.1.7 durch eine Deletion im Bereich H69/V70 aus.

Für die Detektion der Virusvarianten stehen aktuell zwei verschiedene Nachweismöglichkeiten zur Verfügung:

1) Screening-Untersuchung durch Real-Time-PCR mit Schmelzkurvenanalyse zum Nachweis von N501Y
2) Gesamtgenom-Sequenzierung

Das Screening auf Virusvarianten mit Veränderungen im Bereich N501Y kann bei jedem Erstnachweis mit einem Ct-Wert <35 erfolgen. Für die ambulante Veranlassung dieser Untersuchung ist nach der aktuellen Coronavirus-Testverordnung eine formlose Beauftragung (z.B. Muster 10) oder eine simultane Mitbeauftragung zur SARS-CoV-2-PCR möglich ("wenn positiv, Mutationsscreening erbeten").
Die Ergebnisse der PCR-Schmelzkurvenanalyse sind frühestens innerhalb von 48 Stunden nach Erstnachweis erwartbar.

Im Rahmen der Surveillance zur Beschaffung epidemiologischer Daten zirkulierender SARS-CoV-2-Varianten wird die Gesamt-Genomsequenzierung gemäß der neuen Coronavirus-Surveillance-Verordnung (CorSurV) RNA positiver Proben (Ct-Werte < 28) veranlasst.

Die Gesamt-Genom-Sequenzierung ermöglicht die Analyse des gesamten Genoms von SARS-CoV-2 mittels Next-Generation-Sequencing (NGS), so dass auch das Auftreten völlig neuer Varianten frühzeitig erkannt werden kann. Die Ergebnisse der Gesamt-Genom-Sequenzierung sind in etwa 10-14 Tagen nach Erstnachweis erwartbar.

Quellen:

- https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/nCoV.html / Hinweise zur Testung von Patienten auf Infektion mit dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2
- Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur Variant of Concern (VOC) B.1.1.7 (17.2.2021)
- Übersicht und Empfehlungen zu neuen SARS-CoV-2-Virusvarianten (17.02.2021)

Ansprechpartner bei Rückfragen:

- Prof. Dr. A. Kaasch (NGS) Tel. 67-13392
- Dr. J. Färber (PCR) Tel. 67-13398 / Personenruf 800 315