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: 16.04.2021**

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

Seit Beginn der SARS-CoV-2-Pandemie wurden zahlreiche Virusvarianten mit erhöhter Übertragbarkeit festgestellt. So wurden seit Ende 2020 in Großbritannien zwei verschiedene Virusvarianten (B.1.1.7, B1.525) nachgewiesen, welche sich nach aktuellen Daten in einer höheren Übertragbarkeit im Vergleich zum Wildtyp auszeichnen. Aktuell ist B.1.1.7 die vorherrschende Virusvariante in Deutschland. Daneben wurden in Südafrika (B.1.351) und Brasilien (B.1.1.28, P.1, P.2) weitere Varianten nachgewiesen.

Für die Detektion der Virusvarianten wird eine veränderte Schmelzkurvenanalyse zum Nachweis einer Deletion an Position 69/70 und von Punktmutationen an Position 484 und 501 im Bereich des Spike-Proteins verwendet. Damit ist eine Differenzierung der aktuell relevanten Virusvarianten möglich.
Der SARS-CoV-2-Wildtyp sowie die Varianten B.1.1.7, B.1.525 und P.2 können differenziert werden. Ebenso werden die Varianten P.1 und B.1.351 erkannt, können aber nicht unterschieden werden.

Das Screening der Punktmutationen erfolgt automatisch durch das Labor bei stationären Patient*innen bei jedem Erstnachweis mit einem Ct-Wert <35. 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 Gesamt-Genom-Sequenzierung ermöglicht die Analyse des gesamten Genoms von SARS-CoV-2 mittels Next-Generation-Sequencing (NGS) und erlaubt nachträglich die weitere Differenzierung bekannter, sowie die Identifizierung neuer Virusvarianten. Die Untersuchung wird gemäß der Coronavirus-Surveillance-Verordnung (CorSurV) bei positiven Proben (Ct-Werte < 28) weiterhin wie gewohnt durch das Labor veranlasst.

Die Ergebnisse der PCR-Schmelzkurvenanalyse liegen frühestens 48 Stunden nach dem Vorliegen eines positiven PCR-Befundes und die Ergebnisse der Gesamt-Genom-Sequenzierung etwa 7-14 Tagen nach Erstnachweis vor.

Bei einem Nachweis der Varianten P.1 oder B.1.351 sind zusätzliche Hygienemaßnahmen gemäß Maßgabe der Krankenhaushygiene erforderlich.

Quellen:

- https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/nCoV.htmln / 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:

- Dr. J. Färber (PCR) Tel. 67-13398 / Personenruf 800 315
- Prof. Dr. A. Kaasch (NGS) Tel. 67-13392
- Prof. Dr. G. Geginat (Krankenhaushygiene) Tel. 67-13317