

Das CoMV-Gen Projekt: Ein regionales Netzwerk für die Überwachung von SARS-CoV-2 Varianten in Mecklenburg-Vorpommern

Anne Pohlmann für das Autorenteam*

FLI, Institut für Virusdiagnostik, Labor für Datenkurierung



Anne Pohlmann
(© W. Maginot, FLI)

Die Entschlüsselung der Genomsequenz von SARS-CoV-2 Viren hat sich zu einem wichtigen Werkzeug für die Überwachung der Pandemie und die Detektion von neuen Virusmutanten entwickelt. Dabei sind Schnelligkeit und kurze Reaktionszeiten wichtige Bausteine. Die zu entschlüsselnden Proben sollten schnell und spezifisch anhand ihrer möglichen epidemischen Bedeutung und Probenqualität ausgewählt werden, die Sequenzierung

sollte schnell erfolgen und die Ergebnisse sofort in aktionsfähige Reaktionen umgesetzt werden. Dabei sind gemeinsam entwickelte Strategien und Auswertungen auf der Basis aller vorhandenen Daten für eine umfassende Analyse von entscheidender Bedeutung.

Das aus Mitteln des Landes Mecklenburg-Vorpommern finanzierte CoMV-Gen Projekt vereint regionale Akteure in Mecklenburg-Vorpommern zu einem schlagkräftigen Verbund. Diagnostisch arbeitende Labore, Universitätskliniken und Gesundheitsämter arbeiten Hand in Hand, um mithilfe der

Genomsequenzierung mehr Details zu den zirkulierenden Viren zu erhalten, epidemiologische Zusammenhänge zu erkennen und neue Virusvarianten zu detektieren.

Friedrich Loeffler hoch zwei:

Die Umsetzung der Sequenzierung erfolgte in einer besonderen Zusammenarbeit zweier Institute, die den Mitbegründer der Virologie Friedrich Loeffler im Namen tragen: Das Friedrich-Loeffler Institut für Medizinische Mikrobiologie an der Universitätsmedizin Greifswald und das Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, auf der Insel Riems. Ziel war es, neue schnelle Methoden der Sequenzierung mithilfe von Nanoporen zum Einsatz zu bringen. Das Riemser Institut konnte das Netzwerk im Rahmen eines vom Bundesministerium für Bildung und Forschung im Bereich ziviler Sicherheit geförderten Projektes (PREPMEDVET) begleiten, welches genau diese Technik als Notfallstrategie gegen virale Pathogene erforscht. Gemeinsam konnten Sequenzierverfahren vereinheitlicht und verbessert werden.

Im CoMV-Gen Netzwerk ermöglichte der Zentralbereich für Hygiene der Universitätsmedizin Greifswald einen effizienten Brückenschlag zwischen den Akteuren und den für die Analyse notwendigen Informationen. Alle Daten wurden zusammen mit dem Institut für Bioinformatik der Universität Greifswald ausgewertet. Dabei steht die Bestimmung der Virusvariante, die Detektion von Mutationen und die zeitaufgelöste Phylogenie im Vordergrund.

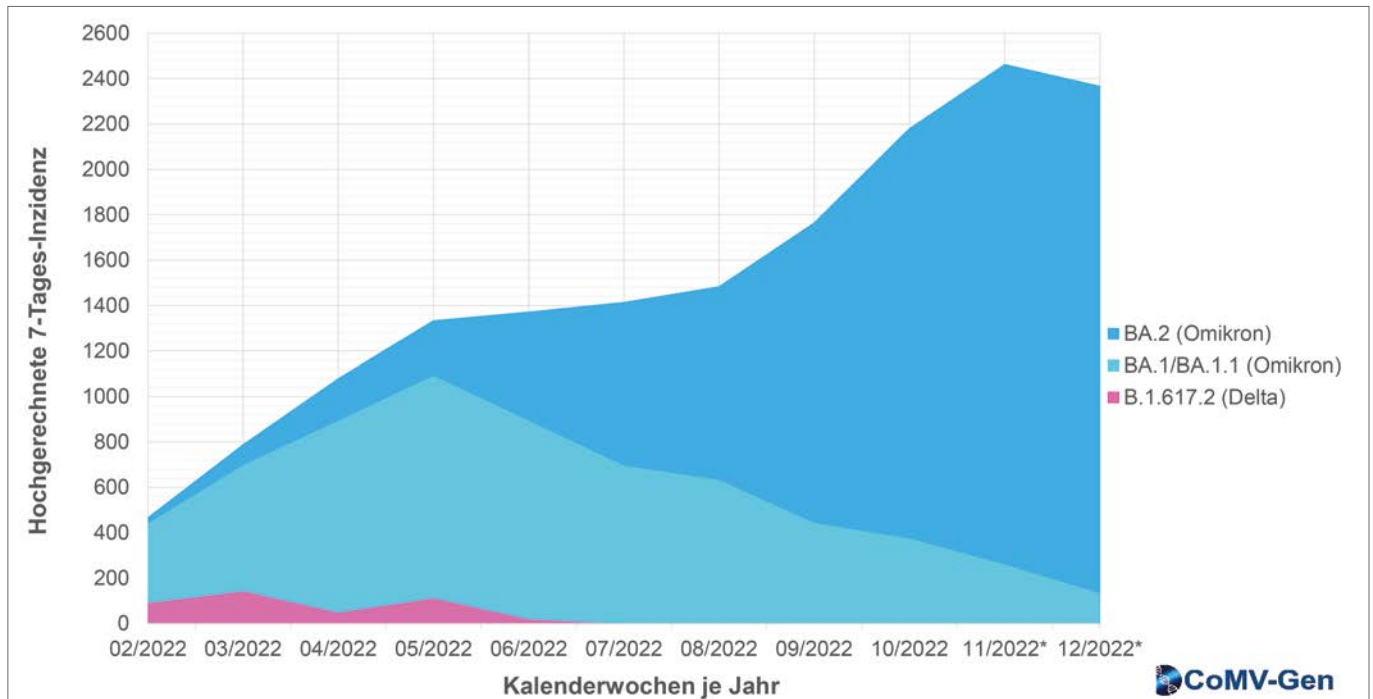


Abb.: Hochgerechnete Inzidenz in M-V anhand von Sequenzierungsergebnissen und der Inzidenz im Land. Diese Abbildung ist ebenfalls Bestandteil des wöchentlichen Berichts.

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

Detailanalyse der Virusvarianten

Über 3000 Virussequenzen aus allen Landkreisen Mecklenburg-Vorpommerns wurden bestimmt. Die Auswertung zeigte eine detaillierte Übersicht über das Auftreten der verschiedenen Virusvarianten von Alpha über Delta bis Omikron. Die Daten flossen in regelmäßige Berichten ein, die als Informationsgrundlage der Landesregierung dienten. Die enge Zusammenarbeit zwischen Laboren und den Sequenzanalysten führten zu regional interessanten Befunden. So konnte ein regionaler Ausbruch mit der Gammavariante und Ausbrüche unter Schiffsbesatzungen in Häfen von Mecklenburg-Vorpommern aufgeschlüsselt werden.

Bei allen Analysen ermöglicht der Zugriff auf die Metadaten durch das Studienzentrum einen umfänglichen Einblick in das Ausbruchsgeschehen und die regionale Vernetzung die Möglichkeit der schnellen und konkreten Interaktion der Akteure.

Links:

<https://www.comv-gen.de>

<https://tiny.one/prepmedvet>

Auswertung der Laborvergleichsstudie zum kulturellen Nachweis und zur molekularen Identifizierung von *Campylobacter fetus* ssp. *venerealis*

Hosny El-Adawy

FLI, Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen,
Nationales Referenzlabor für Vibrionenseuche der Rinder



Hosny El-Adawy
(© M. Pfau, FLI)

Die Vibrionenseuche der Rinder ist eine durch Infertilität, frühe embryonale Mortalität und Abort charakterisierte venerische Erkrankung. Sie wird heute als „bovine genitale Campylobacteriose“ bezeichnet. Der Erreger der bovinen genitalen Campylobacteriose ist *Campylobacter fetus* ssp. *venerealis* (enzootischer Abort), ein Bakterium mit ausgeprägtem Tropismus für den Genitaltrakt des Rindes. Der Präputialsack klinisch gesunder Bullen ist das natürliche Erregerreservoir. Infektionen mit diesem Erreger sind anzeigepflichtig. Nach der ersten Infektion im Bestand verläuft die Seuche akut mit plötzlichem Rückgang der Konzeptionsrate (z.T. unter 10 Prozent). Im Verlauf erreicht die Erkrankung das chronische Stadium, die älteren Tiere erlangen nach und nach ihre ursprüngliche Fruchtbarkeit wieder.

Das Nationale Referenzlabor für Vibrionenseuche der Rinder am Friedrich-Loeffler-Institut in Jena hat im Jahr 2021 eine Laborvergleichsstudie (LVS) zum kulturellen Nachweis und zur molekularen Identifizierung von *Campylobacter fetus* ssp. *venerealis* durchgeführt.

Autorenteam*

Christian Kohler, Juliane Moritz, Katja Goller, Lina Stacker, Jacqueline King, Neetika Nath, Ana Tzvetkova, Martin Beer, Lars Kaderali, Karsten Becker, Nils-Olaf Hübner, Anne Pohlmann

Friedrich Loeffler-Institut für Medizinische Mikrobiologie,
Universitätsmedizin Greifswald, Universität Greifswald

Zentralbereich Hygiene, Universitätsmedizin Greifswald,
Universität Greifswald

Institut für Bioinformatik, Universitätsmedizin Greifswald,
Universität Greifswald

Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Greifswald -
Insel Riems

Zielsetzung und Zweck

Ziel des LVS war die Überprüfung der in den einzelnen Untersuchungseinrichtungen etablierten Standardmethoden, basierend auf der amtlichen Methodensammlung.

Als Probenmaterial wurden pro Labor fünf Transporttupfer mit oder ohne den jeweiligen „gesuchten“ Erreger versendet (Tab. 1). Die biologischen Proben stammten aus einer Sammlung des Institutes.

Teilnehmende Laboratorien und Einrichtungen

Insgesamt haben 23 Untersuchungseinrichtungen (20 deutsche Labore aus den Bundesländern Baden-Württemberg (3), Bayern (2), Brandenburg (1), Hamburg (1), Hessen (1), Mecklenburg-Vorpommern (1), Niedersachsen (2), Nordrhein-Westfalen (4), Rheinland-Pfalz (1), Sachsen (1), Sachsen-Anhalt (1), Schleswig-Holstein (1) und Thüringen (1)) und drei Labore aus Österreich (Innsbruck, Linz und Mödling) teilgenommen.

Ergebnisse

Die Bestimmung der Subspezies von *C. fetus* war Hauptbestandteil und Zielsetzung des LVS. 21 (91,3 Prozent) der 23 teilnehmenden Labore haben die Anforderungen des LVS erfolgreich erfüllt und konnten die Gattung *C. fetus* bis zur Subspezies *venerealis* nachweisen. Insgesamt zeigte sich, dass 21 Labore die Proben hinsichtlich der Identifizierung von *C. fetus* Subspezies *venerealis* bzw. hinsichtlich des Ausschlusses dieser Subspezies richtig bestimmt haben (Tab. 2).