

Analyse von Mutationen des SARS-CoV-2-Virus (Stand 03.05.2022)

Im Zuge der immer weiteren Verbreitung von SARS-CoV-2 ist die schnelle Erkennung solcher Virus-Varianten von Bedeutung, deren Mutationen möglicherweise ein zusätzliches Risiko in der Pandemie darstellen (Variants Of Concern). Weitere Informationen siehe [Infos des RKI](#). Aktuell zirkulierende Viruslinien wie derzeit Omikron (B.1.1.529) können bei uns im Labor entweder über typische Marker-Mutationen mittels PCR nachweisen und/oder über Vollgenom-Sequenzierungen.

1. PCR-Assays zur Detektion von Marker-Mutationen

Zur schnellen Erfassung der Verbreitung bereits bekannter, unter Beobachtung stehender Virus-Linien (Variants Of Concern) wie derzeit die Omikron-Variante (B.1.1.529), eignet sich die Analyse auf typische Marker-Mutationen mittels PCR.

Ausgehend von einer positiv auf SARS-CoV-2 getesteten Probe wird aktuell eine PCR zum Nachweis der Mutationen S371L und S373P im Gen für das Spike Protein durchgeführt, welche charakteristisch für die Omikron-Variante sind.

Voraussetzung für die Mutations-Detektion ist eine ausreichende Menge an RNA, so dass stark positive Proben besser geeignet sind. Aufgrund der letzten Änderung der Coronavirus-Testverordnung des Bundesgesundheitsministeriums mit Wirkung zum 12.02.2022 ist eine Kostenübernahme für die variantenspezifische PCR gemäß Verordnung nicht mehr möglich. Die Leistung kann dennoch als Selbstzahlerleistung („IGeL“) zum Preis von 99,00€ angefordert werden.

2. Sequenzierung des Virusgenoms

Darüber hinaus ist die Sequenzierung des SARS-CoV-2-Virusgenoms für die routinemäßige Coronavirus-Surveillance gemäß CorSurV zur Überwachung bereits bekannter Mutationen sowie ggf. weiterer, neuer Virus-Varianten bei uns im Labor etabliert. Neben der Genomanalyse von bis zu 5% (bzw. 10%) zufällig ausgewählter, positiver Corona-PCR-Proben unseres Labors im Rahmen der *Integrierten Molekularen Surveillance* (IMS), kann gemäß *Corona-Surveillanceverordnung* (CorSurV) eine Sequenzierung auch auf Anforderung bei begründeten Verdacht auf Vorliegen der Omikron-Variante von SARS-CoV-2 erfolgen. Die Anzahl der zufällig ausgewählten Proben für die Surveillance wird bei so angeforderten Sequenzierungen entsprechend reduziert.

Darüber hinaus verfügen wir über ausreichend Kapazitäten, so dass Labore mit eigener SARS-CoV-2-PCR-Diagnostik ihre jeweilige 5% bzw. 10%-Zufallsstichprobe im Rahmen der IMS nach Absprache an uns zur Genomanalyse übersenden können. Dabei sind die aktuellen [Vorgaben des RKI](#) zu beachten. Die einsendenden Labore erhalten in der Regel nach ca. 7 Tagen den Befund mit den ermittelten Viruslinien gemäß Pango-Nomenklatur [1]. Außerdem werden die Sequenzdaten von uns an den Deutschen Elektronischen Sequenzdaten-Hub (DESH) des RKI übermittelt. An die zuständigen Gesundheitsämter erfolgt eine Meldung via DEMIS.

Vor Probeneinsendung zur Vollgenomsequenzierung ist eine Absprache zwischen den Laboren zur Probenlogistik und Übermittlung der Metadaten zu den Proben zwingend notwendig.

Literatur:

- [1] A. Rambaut, E.C. Holmes, Á. O'Toole, V. Hill, J.T. McCrone, C. Ruis, L. du Plessis, O.G. Pybus, A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology, *Nat. Microbiol.* 5 (2020) 1403–1407. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>.