

## SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

### Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

Berichtswoche: 17. KW

Datum: 07.05.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen*
KW	Anzahl	B.1.1.7 (UK)	B.1.351 (ZA)*	P.1 (BRA)*	andere VOCs /VOIs*	Anzahl
4. und 5.	1062 (8,2 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (3 %)
6	476 (3,7 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44 (5,8 %)
7	803 (6,2 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36 (4,7 %)
8	583 (4,5 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10 (1,3 %)
9	663 (5,1 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19 (2,5 %)
10	924 (7,1 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19 (2,5 %)
11	1101 (8,5 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201 (26,3 %)
12	1472 (11,4 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18 (2,4 %)
13	1557 (12 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88 (11,5 %)
14	1619 (12,5 %)	1439 (88,9 %)	7 (0,4 %)	6 (0,4 %)	0 (0 %)	27 (3,5 %)
15	1005 (7,8 %)	908 (90,3 %)	2 (0,2 %)	22 (2,2 %)	0 (0 %)	75 (9,8 %)
16	860 (6,6 %)	801 (93,1 %)	4 (0,5 %)	17 (2 %)**	0 (0 %)	43 (5,6 %)
17	833 (6,4 %)	782 (93,9 %)	1 (0,1 %)**	20 (2,4 %)**	0 (0 %)	162 (21,2 %)
<b>Summe</b>	<b>12958</b>	<b>8595 (66,3 %)</b>	<b>35 (0,3 %)</b>	<b>67 (0,5 %)</b>	<b>84 (0,6 %)</b>	<b>765</b>

\*erstmalig für KW6 erhoben \*\*aufgrund der im meldenden Labor durchgeführten PCR nicht sicher zwischen Variante B.1.351 und P.1 differenzierbar \*\*\* weitere Fälle noch nicht bestätigt

**Hintergrund:** Die weiter hohe Inzidenz von SARS-CoV-2 und das Auftreten neuer Virusvarianten mit veränderten Eigenschaften machen eine vertiefte genetische Analyse zirkulierender Virusvarianten nötig. Das ist nur durch systematische genomische Surveillance, bestehend aus molekularbiologischer Diagnostik und infektionsepidemiologischer Analyse, möglich. In Mecklenburg-Vorpommern wird dies durch das CoMV-Gen Vorhaben realisiert. In diesem Bericht werden landesweite Daten zur genomischen Surveillance von SARS-CoV-2 kalenderwochenweise zusammengefasst.

**Stand und Datengrundlage:** Die Verarbeitung der erforderlichen personenbezogenen Gesundheitsdaten zur molekulargenetischen und epidemiologischen SARS-CoV-2 Surveillance wurden in KW 10 durch einen Erlass des Wirtschaftsministeriums MV geregelt. Die Zusammenführung der molekulargenetischen mit den epidemiologischen Daten befindet sich weiterhin im Aufbau. In KW 17 war es 6 Laboren möglich, die PCR-Ergebnisse zusammen mit den ihnen zur Verfügung stehenden personenbezogenen Daten per Exportdateien aus den jeweils genutzten Laborinformationssystemen an das CoMV-Gen datengeschützte Cloud zu übermitteln. Ein Labor konnte keine PCR-, aber Sequenzier-Ergebnisse für KW 17 senden. Derzeit werden die ermittelten Vollhängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen für tiefergehende molekularepidemiologische Analysen und phylogenetische Analysen unterzogen. Die erstellte Website ([www.comv-gen.de](http://www.comv-gen.de)), auf welcher die aktuellen sowie archivierten Berichte zu finden sind, wurde der Öffentlichkeit am 01.04.2021 zur Verfügung gestellt und wird zeitnah ausgebaut.

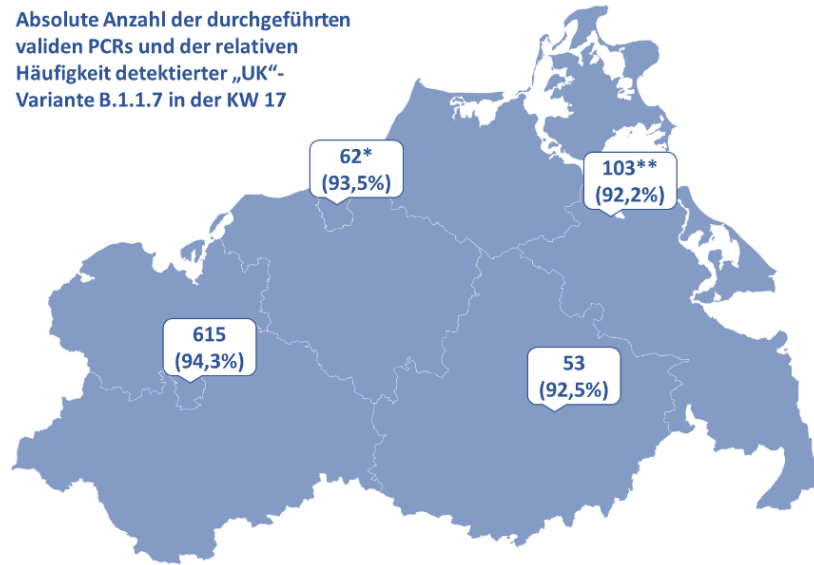
**Ergebnisse:** Von den kontaktierten zehn in MV ansässigen Laboren, welche am CoMV-Gen-Projekt beteiligt sind, führen 8 die Varianten-PCRs im eigenen Labor durch. In der 17. KW wurden Daten zu durchgeführten Varianten-PCRs von 6 Laboren und zu Sequenzierungen von 7 Laboren übermittelt.

**Insgesamt wurden in der 17. KW 1005 PCRs durchgeführt, von denen 833 valide Ergebnisse erzielten (83%). Bei 782 Isolaten (93,9 %) ergab sich ein Verdacht auf die Variante B.1.1.7 („UK“-Variante). Die absolute Anzahl der durchgeführten PCRs der rückmeldenden Labore sowie die relative Häufigkeit in % der hierbei nachgewiesenen Variante B.1.1.7 ist in Abbildung 1 dargestellt.**

## SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

### Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

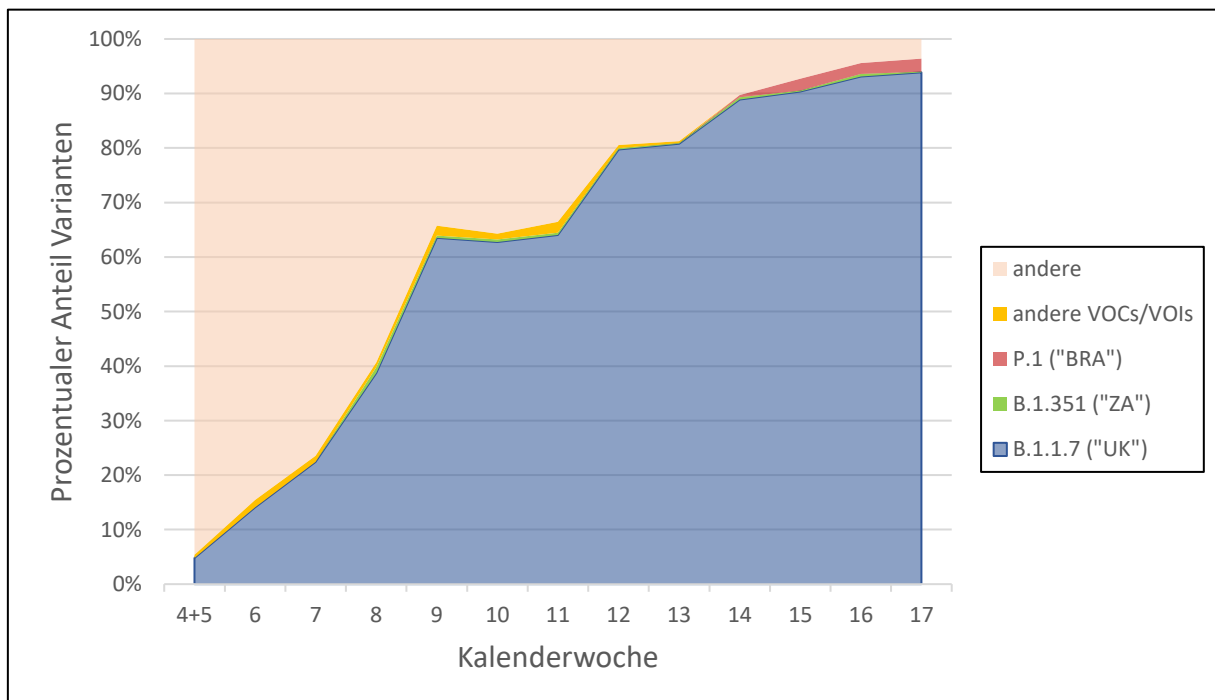
Absolute Anzahl der durchgeführten validen PCRs und der relativen Häufigkeit detektierter „UK“-Variante B.1.1.7 in der KW 17



**Abbildung 1.** Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter „UK“-Variante der rückmeldenden Labore in MV. \*Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Rostock \*\*Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

In KW 17 wurde von einem Labor bei einem Isolat (0,1 %) der Verdacht auf den Nachweis der Variante B.1.351 („Südafrika“) oder Variante P.1 („Brasilien“) gemeldet (das genutzte Verfahren kann nicht zwischen diesen beiden Varianten differenzieren). Ein Labor meldete den Verdacht auf die „brasilianische“ Variante P.1 bei einem Isolat, ein weiteres Labor bei 19 Isolaten.

Die „britische“ Variante B.1.1.7 ist derzeit die dominierende Variante in MV (Abbildung 2). Hier scheint jetzt ein Plateau erreicht. Dagegen ist eine Zunahme der „brasilianischen“ Variante P.1. (2,4%) vor allem im westlichen Teil des Landes zu beobachten, die sich hier fest etabliert hat. Die „südafrikanische“ Variante B.1.351 weist weiterhin einen sehr geringen Anteil an den Gesamtzahlen auf (0,1%).



**Abbildung 2.** Anteil der Varianten B.1.1.7 („UK“), B.1.351 („ZA“), P.1 („BRA“) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 17. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

## SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

### Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

**Bewertung:** Die Ergebnisse bestätigen, dass in MV, wie im Bundesgebiet, die „UK“-Variante B.1.1.7 mit fast 94% der Fälle die dominierende Variante ist. Hier scheint sich ein Plateau auszubilden. Allerdings zeigt sich, dass der Gradient in der Häufigkeit des Nachweises der „UK“-Variante zwischen dem östlichen und westlichen Landesteil weiter abschnilzt, derzeit nur noch bei ca. 2% liegt.

In KW 17 konnte wiederholt eine geringe Anzahl von einem Fall der besorgniserregenden Variante B.1.351 nachgewiesen werden. Allerdings meldete das Labor, dass mit der genutzten PCR keine Differenzierung zwischen der „südafrikanischen“ Variante B.1.351 und der „brasilianischen“ Variante P.1 möglich ist. Da eine Differenzierung in der Varianten-PCR nicht möglich ist, werden solche Fälle sequenziert, um rückwirkend abzuklären, um welche der beiden Varianten es sich handelt. Sobald die entsprechenden Sequenzierungsergebnisse vorliegen, werden diese nachgetragen.

**Die größte Beachtung sollte aktuell die brasilianische“ Variante P.1 erfahren:** Diese Variante wurde zum ersten Mal in der KW 14 6 Fälle (0,4%) aus dem westlichen Landesteil gemeldet. In der 15. KW stieg diese auf 22 an, sank leicht in der KW 16 mit 17 Fällen und ist in KW 17 mit 20 Verdachtsfällen (2,4 %) vertreten. Dies deutet darauf hin, dass diese Variante sich derzeit weiter in MV ausbreitet. Inzwischen sind mindestens drei Landkreise von dieser Ausbreitung betroffen. Dies ist besonders besorgniserregend, da die Ausbreitung unter den Bedingungen des Lockdowns und trotz der dominierenden Variante B.1.1.7 erfolgt.

**Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden:** Die gelieferten Daten und die Nachmeldungen lassen nicht für alle Ergebnisse eine sichere Zuordnung zu den Kalenderwochen zu. Die Gesamtzahl der per Varianten-PCR untersuchten Isolate liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben<sup>1</sup>. Dies könnte daran liegen, dass auch in dieser Woche Rückmeldungen zweier Labore fehlen und nicht alle in MV SARS-CoV-2 positive Proben in der Varianten-PCR nachuntersucht werden. Auch werden aufgrund der Tatsache, dass die B.1.1.7 Variante nun die dominierende Variante darstellt, weniger positive SARS-CoV-2 Proben auf Varianten untersucht, weshalb in KW 17 wiederholt eine geringere Anzahl an durchgeführten Varianten-PCRs gemeldet wurden. Die Ergebnisse der Surveillancedaten müssen mit den Meldedaten verbunden werden, um die klinische und epidemiologische Bedeutung der Varianten aufzuklären.

#### Empfehlungen:

- Es ist weiter eine dichte, hochauflösende Echtzeit-Surveillance zirkulierender Varianten in MV durch Kombination der Ergebnisse der VPCR- und Sequenzierungsergebnisse nötig
- Anstrengungen zur Eindämmung der Ausbreitung der P.1 sollten intensiviert und kreisübergreifend koordiniert werden (Einrichtung Taskforce)
- Die Datenzuführung aus den Laboren und Ämtern sollte weiter beschleunigt und verdichtet werden, um blinde Flecken auf der Karte zu schließen
- Die Probenzuführung und Anforderungen zur Diagnostik relevanter Fälle aus dem ÖGD sollten intensiviert und beschleunigt werden
- Die Asservierung von Primärproben sollten verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Tiefendiagnostik zugänglich bleiben

---

<sup>1</sup> Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 17. KW