

Anzahl Ziel-PCRs		B.1.1.7 (UK)		B.351 (ZA)*		P.1 (BRA)*		andere VOCs*		Sequenzierungen*	
KW	Σ	KW	Σ	KW	Σ	KW	Σ	KW	Σ	KW	Σ
523 (33%)	1585	61 (11,7%)	112 (7,1%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	6 (1,1%)	6 (1,1%)	22	22

*erstmalig für die 6. KW erhoben

Hintergrund: Die weiter hohe Inzidenz von SARS-CoV-2 und das Auftreten neuer Virusvarianten mit veränderten Eigenschaften machen eine vertiefte genetische Analyse der zirkulierenden Virusvarianten nötig. Das ist nur durch eine 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 erstmals landesweite Daten zur genomischen Surveillance von SARS-CoV-2 bezogen auf eine Kalenderwoche zusammengefasst.

Stand und Datengrundlage: Um die Zeit bis zur Realisierung der datenschutzseitigen Vorgaben für die Zusammenführung der epidemiologischen Daten zu überbrücken, wurde Ende der 6. KW eine Abfrage an die in MV auf SARS-CoV-2 per PCR testenden Labore gesendet (Quelle: nach LAGuS, ergänzt; Stand 3.2.2021). Abgefragt wurden Labornummern zu Isolaten, die per Target-PCR und/oder Sequenzierung in der 6. KW auf Varianten untersucht und ob und welche Varianten dabei nachgewiesen wurden. Damit wurde sichergestellt, dass unter den geltenden Regelungen zeitnah Daten erhoben und nach Klärung der Datenschutzaspekte eine Zusammenführung mit epidemiologischen Daten möglich ist. Zudem wurden die für KW 4 und 5 vom LAGuS aggregierten Daten in den Bericht eingearbeitet.

Ergebnisse: Von den angeschriebenen Laboren antworteten 6 Labore. Von diesen berichteten 6 Labore über die mittels Ziel-PCR untersuchten Isolate und 5 über angeforderte Sequenzierungen.

Insgesamt wurden von den zurückmeldenden Laboren in der 6. KW 523 Isolate per Ziel-PCR untersucht. Das sind 33% der insgesamt seit der 4. KW durchgeführten Untersuchungen. **Bei 61 Isolaten (11,7%) ergab sich ein Verdacht auf eine B.1.1.7 („UK-Variante“).** Das ist im Vergleich zu den Vorwochen (4,6% bzw. 4,7%) eine sehr deutliche Zunahme. Die Varianten B.351 und P.1 (Südafrika bzw. Brasilien) wurden nicht nachgewiesen. In 6 Fällen ergab sich der Verdacht auf andere besorgniserregende Varianten bzw. die Zuordnung war nicht eindeutig (in Abklärung). Es wurden 22 Sequenzierungen beauftragt. Ergebnisse lagen noch nicht vor bzw. wurden nicht berichtet.

Bewertung: Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass, wie im Bundesgebiet, auch in MV die „UK-Variante“ B.1.1.7 in einen relevanten, wahrscheinlich steigenden Anteil der Fälle bedingt. Andere besorgniserregende Varianten spielen augenscheinlich bisher eine untergeordnete Rolle in MV. **Trotzdem sollten die Zahlen vorsichtig interpretiert werden:** Zum einen liegen nicht von allen Laboren Rückmeldungen vor, zum anderen fehlen aktuell die infektionsepidemiologischen Daten, um die Befunde einordnen zu können. **Es gibt starke Hinweise darauf, dass die Ergebnisse durch gezielte Umfeldsuche um bekannte Varianten-Fälle überproportional hoch erscheinen.** Zudem ist die geographische Verteilung (bedingt durch die vorbestehende Diagnostik in Schwerin) der Fälle wahrscheinlich stark verzerrt. Zur Reduktion dieser Unsicherheiten muss der geplante Ausbau der Surveillance unbedingt stringent weiter vorangetrieben werden. **Nur durch die geplante Zusammenführung der genomischen, labortechnischen und infektionsepidemiologischen Daten sind sichere Aussagen zur Verbreitung und zu den Konsequenzen neuer Varianten möglich.** Die Zunahme der Testungen aus verschiedenen Laboren lassen dabei auf eine breitere Datengrundlage in den folgenden Wochen hoffen. Unbedingt zu lösen ist das Thema der Abrechenbarkeit von Varianten-Testungen im stationären Bereich. **Wichtig erscheint zudem eine transparente und landesweit harmonisierte Test- und Reaktionsstrategie.** Hierzu sollten die Erkenntnisse aus CoMV-Gen im med. Expertenrat (Teststrategie) und in gemeinsamer Runde mit den Gesundheitsämtern (Reaktionsstrategie) besprochen und in konkrete Maßnahmen umgesetzt werden.