

| Varianten-PCRs |                | Nachgewiesene Varianten |                |                |                  | Sequenzierungen* |
|----------------|----------------|-------------------------|----------------|----------------|------------------|------------------|
| KW             | Anzahl         | B.1.1.7 (UK)            | B.351 (ZA)*    | P.1 (BRA)*     | andere VOCs*     | KW               |
| 4. und 5.      | 1062 (44,5 %)  | 51 (4,8 %)              | 0 (0 %)        | 0 (0 %)        | 6 (0,6 %)        | 3 (11,5 %)       |
| 6              | 523 (21,9 %)   | 61 (11,7 %)             | 0 (0 %)        | 0 (0 %)        | 6 (1,1 %)        | 22 (84,6 %)      |
| 7**            | 801 (33,6 %)** | 171 (21,3 %)**          | 0 (0 %)**      | 0 (0 %)**      | 2 (0,2 %)**      | 1 (3,8 %)**      |
| <b>Summe</b>   | <b>2386</b>    | <b>283 (11,9 %)</b>     | <b>0 (0 %)</b> | <b>0 (0 %)</b> | <b>8 (0,3 %)</b> | <b>26</b>        |

\*erstmalig für die 6. KW erhoben \*\*Daten teilweise nachgemeldet und nicht auf KW-zurückführbar und wurden der 7. KW zugeordnet

**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, werden seit der 6. KW Abfragen an die in MV auf SARS-CoV-2 per PCR testenden Labore gesendet (Quelle: nach LAGuS, ergänzt; Stand 3.2.2021). Abgefragt werden 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 in der 7. KW 9 Labore. Von diesen berichteten 9 Labore über die mittels Ziel-PCR untersuchten Isolate und 7 über angeforderte Sequenzierungen.

**Insgesamt wurden von den zurückmeldenden Laboren in der 7. KW 801 Isolate per Ziel-PCR untersucht.** Das sind 33,6% der insgesamt seit der 4. KW durchgeführten Untersuchungen. **Bei 171 Isolaten (21,3%) ergab sich ein Verdacht auf eine B.1.1.7 („UK-Variante“).** Das ist im Vergleich zu den Vorwochen eine sehr deutliche Zunahme. Die Varianten B.351 und P.1 (Südafrika bzw. Brasilien) wurden nicht nachgewiesen. In 2 Fällen ergab sich der Verdacht auf andere besorgniserregende Varianten bzw. die Zuordnung war nicht eindeutig (in Abklärung). Es wurde eine Sequenzierung 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, deutlich steigenden Anteil der Fälle bedingt. Auch unter Berücksichtigung der höheren Anzahl durchgeführter Varianten-PCRs ist von einem weiteren Anstieg des Anteils der UK-Variante auszugehen. Andere besorgniserregende Varianten spielen augenscheinlich bisher eine untergeordnete Rolle in MV. **Die Zahlen sollten trotzdem weiter vorsichtig interpretiert werden:** Von einigen Laboren ließen sich aufgrund der gelieferten Daten die Ergebnisse nicht auf Kalenderwochen zurückführen und wurden pragmatisch der 7. KW zugeordnet. Aktuell kann es daher sein, dass Fälle bereits vor der 7. KW diagnostiziert und ggf. doppelt gezählt werden. **Die geographische Verteilung ist (bedingt durch die vorbestehende Diagnostik in Schwerin) der Fälle weiter 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.