

# CoMV-Gen

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

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

Berichtswoche: 8. KW

Datum: 05.03.2021

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 (35,7 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (33,3 %)**
6	523 (17,6 %)	61 (11,7 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,1 %)	36 (52,2 %)**
7	824 (27,7 %)**	175 (21,2 %)**	0 (0 %)**	0 (0 %)**	5 (0,6 %)**	1 (7,2 %)**
8	568 (19,1 %)	198 (34,9 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	3 (0,5 %)	9 (13 %)
<b>Summe</b>	<b>2977</b>	<b>485 (16,3 %)</b>	<b>0 (0 %)</b>	<b>0 (0 %)</b>	<b>20 (0,7 %)</b>	<b>69</b>

\*erstmals für die 6. KW erhoben \*\*Sequenzier-Daten nachgemeldet und ergänzt \*\*\* Varianten-PCR Daten für KW 7 nachgemeldet und ergänzt

**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 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 seit der 6. KW auf Varianten untersucht 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.

**Ergebnisse:** Von den angeschriebenen Laboren antworteten in der 8. KW acht Labore. Von diesen berichteten 8 Labore über die mittels Varianten-PCR untersuchten Isolate und 7 über angeforderte Sequenzierungen. Des Weiteren wurden Daten über bereits in KW5 und KW6 durchgeführte Sequenzierungen sowie über weitere Varianten-PCRs in KW 7 nachgemeldet und in der Auswertung ergänzt.

**Insgesamt wurden von den zurückmeldenden Laboren in der 8. KW 568 Isolate per Varianten-PCR untersucht.** Das sind 19,1% der insgesamt seit der 4. KW durchgeführten Untersuchungen. **Bei 198 Isolaten (34,9%) ergab sich ein Verdacht auf eine B.1.1.7 („UK-Variante“).** Das ist im Vergleich zu den Vorwochen erneut eine sehr deutliche Zunahme. Die Varianten B.351 und P.1 (Südafrika bzw. Brasilien) wurden nicht nachgewiesen. In 3 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 in MV, wie im Bundesgebiet, auch die „UK-Variante“ B.1.1.7 weiterhin einen deutlich steigenden Anteil der Fälle bedingt. Auch unter Berücksichtigung der in KW 8 geringeren Anzahl zurückmeldender Labore und daher geringeren Anzahl der eingehenden Varianten-PCRs und Sequenzierungen ist von einem weiteren Anstieg des Anteils der UK-Variante auszugehen. Andere besorgniserregende Varianten spielen augenscheinlich weiterhin eine untergeordnete Rolle in MV. **Die Zahlen sollten trotzdem weiter vorsichtig interpretiert werden:** Die gelieferten Daten und die Nachmeldungen lassen nicht für alle Ergebnisse eine sichere Zuordnung zu Kalenderwochen zu. Dieses Problem wird sich erwartungsgemäß mit der Erfassung der Falldaten lösen, dies wird auch die Datenlieferung für die Labore vereinfachen. **Die geographische Verteilung der Fälle ist (bedingt durch die vorbestehende Diagnostik in Schwerin) weiter stark verzerrt, zudem fehlen in dieser Woche Rückmeldungen von Laboren.** Nur durch die geplante Zusammenführung der genomischen, labortechnischen und infektionsepidemiologischen Daten sind sichere Aussagen zur Verbreitung und zu den Konsequenzen neuer Varianten möglich.