

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen*
KW	Anzahl	B.1.1.7 (UK)	B.1.351 (ZA)*	P.1 (BRA)*	andere VOCs*	KW
4. und 5.	1062 (29,3 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23 (19,8 %)**
6	523 (14,4 %)	61 (11,7 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,1 %)	44 (37,9 %)**
7	824 (22,7 %)**	175 (21,2 %)**	0 (0 %)**	0 (0 %)**	5 (0,6 %)**	20 (17,2 %)**
8	603 (16,6 %)	237 (39,3 %)**	0 (0 %)**	0 (0 %)**	3 (0,5 %)**	10 (8,6 %)**
9	610 (16,8 %)	317 (52 %)	5 (0,8 %)	0 (0 %)	9 (1,5 %)	19 (16,4 %)
Summe	3622	841 (23,2 %)	5 (0,1 %)	0 (0 %)	29 (0,8 %)	116

*erstmalig für die 6. KW erhoben **Sequenzier-Daten nachgemeldet und ergänzt *** Varianten-PCR Daten für KW 7 und 8 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 9. KW acht Labore. Alle acht Labore berichteten über die mittels Varianten-PCR untersuchten Isolate sowie über angeforderte Sequenzierungen. Nachmeldungen über in KW 7 und 8 durchgeführte Varianten-PCRs und Sequenzierungen wurden in der Auswertung ergänzt.

Insgesamt wurden von den zurückmeldenden Laboren in der 9. KW 610 Isolate und damit etwa genauso viele wie in der vorherigen Woche per Varianten-PCR untersucht. Bei 317 Isolaten (52 %) ergab sich ein Verdacht auf Variante B.1.1.7 („UK-Variante“). Das ist im Vergleich zu den Vorwochen erneut eine sehr deutliche Zunahme. Erstmals wurde auch in 5 Isolaten die Variante B.1.351 („Südafrika“) nachgewiesen. Die „brasilianische“ Variante P.1 wurde nicht nachgewiesen. In 9 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, die „UK-Variante“ B.1.1.7 weiterhin einen sehr deutlich steigenden Anteil der Fälle bedingt und nun die dominierende Variante darstellt. Zum ersten Mal wurde die besorgniserregende Variante B.1.351 in MV nachgewiesen, was eine fokussierte Beobachtung in den nächsten Kalenderwochen bedingt. Alle Nachweise der Variante B.1.351 wurden von einem Labor gemeldet. Der epidemiologische Zusammenhang der Fälle ist in Abklärung. **Die Zahlen sollten 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 auch in dieser Woche Rückmeldungen einzelner Labore.** Nur durch die geplante Zusammenführung der genomischen, labortechnischen und infektionsepidemiologischen Daten sind sichere Aussagen zur Verbreitung und zu den Konsequenzen neuer Varianten möglich.