

CoMV-Gen

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

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

Berichtswoche: 10. KW

Datum: 19.03.2021

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 (22,6 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)**	23 (15,2 %)**
6	523 (11,1 %)	63 (12 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,1 %)	44 (29,1 %)**
7	844 (18 %)**	180 (21,3 %)**	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)**	36 (23,8 %)**
8	611 (13 %)**	226 (37 %)**	6 (1 %)**	0 (0 %)	5 (0,8 %)**	10 (6,6 %)**
9	713 (15,2 %)**	421 (59 %)**	3 (0,4 %)**	0 (0 %)	12 (1,7 %)**	19 (12,6 %)**
10	938 (20 %)	580 (61,8 %)	4 (0,4 %)**	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19 (12,6 %)**
Summe	4691	1521 (32,4 %)	13 (0,3 %)	0 (0 %)	48 (1 %)	151

*erstmals für KW6 erhoben **Sequenzier-Daten nachgemeldet und ergänzt *** Target-PCR Daten für KW7 bis KW9 nachgemeldet und korrigiert

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 KW10 durch einen Erlass des Wirtschaftsministerium MV geregelt. Die Zusammenführung mit den epidemiologischen Daten befindet sich nun im Aufbau. Bis zur Finalisierung der Zusammenführung wurden in KW10 nochmals, wie ab der 6. KW, Abfragen an die in MV auf SARS-CoV-2 per PCR testenden Labore¹ gesendet. Abgefragt wurden Labornummern zu Isolaten, die mittels Target-PCR und/oder Sequenzierung seit der 6. KW auf Varianten untersucht und welche Varianten nachgewiesen wurden. Dadurch wird sichergestellt, dass unter den geltenden Regelungen und bis zur Finalisierung des Aufbaus und der Zusammenführung der Daten weiterhin zeitnah Daten erhoben werden.

Ergebnisse: Von den angeschriebenen Laboren antworteten zur 10. KW acht Labore. Alle acht Labore berichteten über die mittels Varianten-PCR untersuchten Isolate sowie über angeforderte Sequenzierungen. Nachmeldungen sowie Korrekturen über in der 7. KW bis zur 9. KW durchgeführten Varianten-PCRs, Sequenzierungen und deren Ergebnisse wurden in der Auswertung ergänzt.

Insgesamt wurden von den zurückmeldenden Laboren für die 10. KW 938 Isolate, somit deutlich mehr als in den vorangegangenen Wochen, per Varianten-PCR untersucht. Bei 580 Isolaten (61,8 %) ergab sich ein Verdacht auf die Variante B.1.1.7 („UK-Variante“). Im Vergleich zu den Vorwochen ist das wiederholt eine sehr deutliche Zunahme. In KW10 wurde in vier Isolaten die Variante B.1.351 („Südafrika“) detektiert. Aufgrund einer Nachkorrektur der Zuordnung der Ergebnisse zu den Kalenderwochen wurden fünf Isolate, in denen die Variante B.1.351 („Südafrika“) nachgewiesen wurde, in die 8. KW zurückdatiert. Ein weiteres Labor meldete aufgrund erst in KW10 erhaltener Sequenzierungsergebnisse einen zusätzlichen Nachweis der Variante B.1.351 aus einem Isolat der KW8. In KW9 konnte die Variante dreimal nachgewiesen werden. Die „brasilianische“ Variante P.1 wurde wiederholt nicht detektiert. In zehn Fällen ergab sich der Verdacht auf andere Varianten bzw. die Zuordnung war nicht eindeutig (in Abklärung).

Bewertung: Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass in MV, wie im Bundesgebiet, die „UK-Variante“ B.1.1.7 weiterhin einen deutlichen Aufwärtstrend durch den steigenden Anteil der Fälle darstellt und die dominierende Variante bleibt. In KW 10 konnte wiederholt die besorgniserregende Variante B.1.351 nachgewiesen werden. Diese Variante wurde zum ersten Mal in der KW8 in MV nachgewiesen und eine geringe Anzahl der Fälle wurden bis zur KW10 gemeldet. Dies erfordert weiterhin eine

¹ Quelle: nach LAGuS, ergänzt; Stand 3.2.2021

CoMV-Gen

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

fokussierte Beobachtung in den nächsten Wochen. Die meisten Nachweise der Variante B.1.351 wurden von einem Labor gemeldet, ein weiteres Labor meldete einen Nachweis nachträglich, bedingt durch die längere Dauer der Durchführung und Auswertung der Sequenzierung. Dieser Nachweis ist der 8. KW zuzuordnen. Der epidemiologische Zusammenhang der Fälle ist in Abklärung, in einem Fall handelt es sich um ein Cluster.

Die Zahlen sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden: Die gelieferten Daten und die Nachmeldungen lassen nicht für alle Ergebnisse eine sichere Zuordnung zu den 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.