

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

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

Berichtswoche: 22. KW

Datum: 11.06.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten				Sequenzierungen
KW	Anzahl	B.1.1.7 (Alpha)	B.1.351 (Beta)*	P.1 (Gamma)*	Andere VOCs/VOIs	Anzahl
4. und 5.	1062 (7,3 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476 (3,3 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803 (5,5 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583 (4 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663 (4,5 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,3 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (7,5 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472 (10,1 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557 (10,7 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (11,1 %)	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	27
15	1007 (6,9 %)	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	75
16	871 (6 %)	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (5,9 %)	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)**	162
18	713 (4,9 %)	682 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,9 %)	1 (0,1 %)**	142
19	419 (2,9 %)	384 (91,6 %)	1 (0,2 %)	24 (5,7 %)	1 (0,2 %)**	82
20	287 (2 %)	256 (89,2 %)	0 (0 %)	19 (6,6 %)	0 (0 %)	72
21	119 (0,8 %)	117 (98,3 %)	0 (0 %)	2 (1,7 %)	1 (0,8 %)**	35
22	71 (0,5 %)	62 (87,3 %)	0 (0 %)	2 (2,8 %)	0 (0 %)	7
<b>Summe</b>	<b>14606</b>	<b>10216 (69,9 %)</b>	<b>39 (0,3 %)</b>	<b>183 (1,3 %)</b>	<b>90 (0,6 %)</b>	<b>1103</b>

\*erstmalig für KW6 erhoben \*\* bestätigte Nachweise der Delta-Variante B.1.617.2 (ehemalig als „indische“ Variante bezeichnet)

**Hintergrund:** Das vermehrte Auftreten neuer Virusvarianten des SARS-CoV2-Virus 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 KW 10 durch einen Erlass des Wirtschaftsministeriums MV geregelt. Die Zusammenführung der molekulargenetischen mit den epidemiologischen Daten befindet sich weiterhin im Aufbau – erste Schritte ermöglichten den zeitlichen-räumlichen Verlauf der Gamma-Variante P.1, ehemalig als „brasilianische“ Variante bezeichnet, im westlichen Teil MVs darzustellen. In KW 22 haben 6 Labore die V-PCR-Ergebnisse zusammen mit den ihnen zur Verfügung stehenden personenbezogenen Daten per Exportdateien aus den jeweils genutzten Laborinformationssystemen an die CoMV-Gen datengeschützte Cloud gesendet.

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

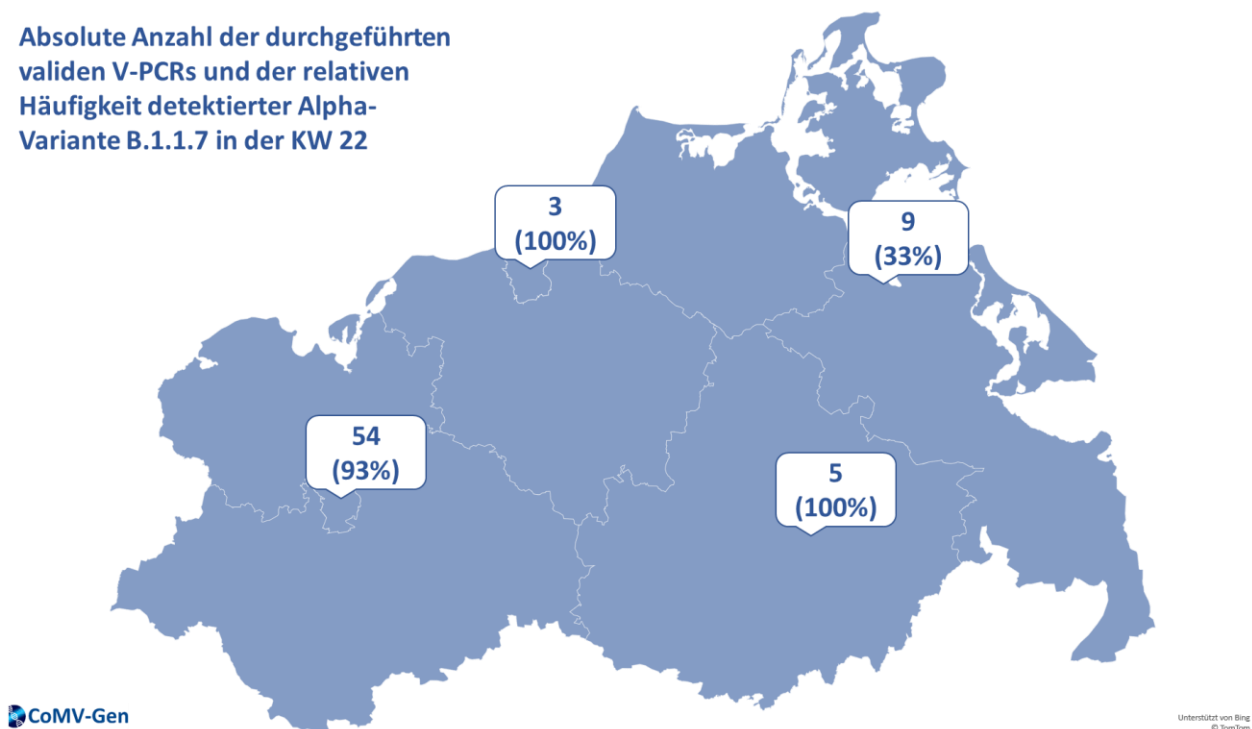
### Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

Derzeit werden die ermittelten Vollhängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen tiefergehenden molekularepidemiologischen und phylogenetischen Analysen unterzogen. Die erstellte Website ([www.comv-gen.de](http://www.comv-gen.de)), auf welcher die aktuellen sowie archivierten Berichte zu finden sind, wurde der Öffentlichkeit am 01.04.2021 zur Verfügung gestellt und wird stetig weiterentwickelt. Es wurden Steckbriefe zu den besorgniserregenden Varianten erstellt, welche in Kürze auf der Website veröffentlicht werden.

**Ergebnisse:** Von den kontaktierten zehn in MV ansässigen Laboren, welche am CoMV-Gen-Projekt beteiligt sind, führen 8 die Varianten-PCRs im eigenen Labor durch. In der 22. KW wurden Daten zu durchgeführten V-PCRs und Sequenzierungen von 6 Laboren übermittelt.

**Insgesamt wurden in der 22. KW 94 PCRs durchgeführt, von denen 71 valide Ergebnisse erzielten (75,5%). Bei 62 Proben (87,3%) ergab sich ein Verdacht auf die Alpha-Variante B.1.1. (ehemalig als „UK“ bzw. „britische“ Variante bezeichnet).** Die absolute Anzahl der durchgeführten validen PCRs der rückmeldenden Labore sowie die relative Häufigkeit in % der hierbei nachgewiesenen Alpha-Variante B.1.1.7 ist in Abbildung 1 dargestellt.

**Absolute Anzahl der durchgeführten validen V-PCRs und der relativen Häufigkeit detektierter Alpha-Variante B.1.1.7 in der KW 22**



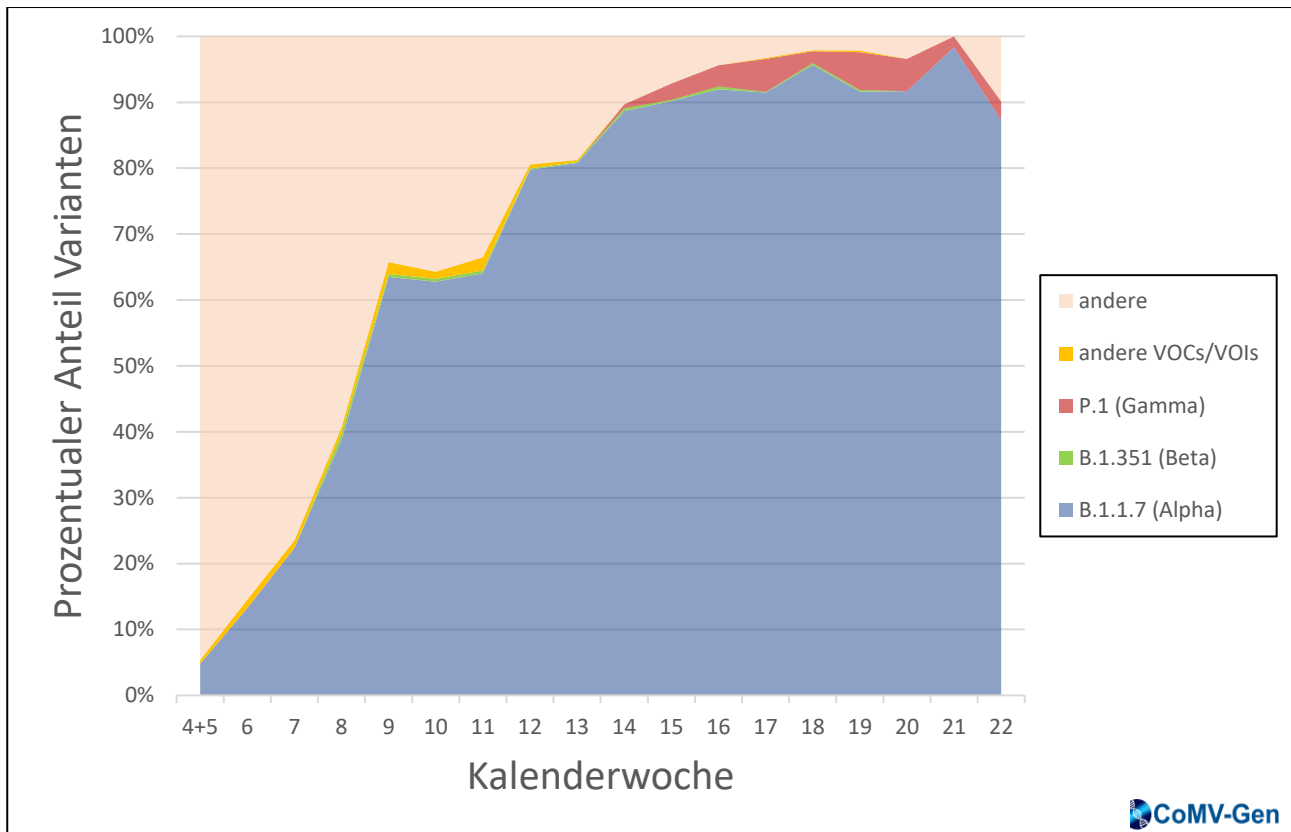
**Abbildung 1.** Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter Alpha-Variante der rückmeldenden Labore in MV.

**Die Alpha-Variante B.1.1.7 ist mit derzeit 87,3% weiterhin die dominierende Variante in MV (Abbildung 2).** In KW 22 wurde kein Verdacht auf den Nachweis der Beta-Variante B.1.351 (ehemalig als „südafrikanische“-Variante bezeichnet) gemeldet.

**Ein Labor meldete den Nachweis der Gamma-Variante P.1 bei 2 Isolaten (2,8%), bei weiteren Verdachtsfällen steht die Bestätigung noch aus.**

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

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



**Abbildung 2.** Anteil der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma) und VOCs/VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 22. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten.

**Bewertung:** In MV, wie im Bundesgebiet, bleibt die Alpha-Variante B.1.1.7 die dominierende Variante.

**Die größte Beachtung sollte aktuell weiterhin die Gamma-Variante P.1 erfahren:** Diese Variante wurde zum ersten Mal in der KW 14 mit 10 Fällen aus dem westlichen Landesteil gemeldet. Mit einem Anstieg von 0,6% in KW 14 auf 6,6% in KW 20 hatte die Gamma-Variante nach bisheriger Datenlage ihr Maximum in MV erreicht. In den letzten beiden Kalenderwochen nahm der Anteil der Gamma-Variante ab, jedoch stehen für weitere Isolate noch Bestätigungen aus, weshalb eine rückwirkende Korrektur ihres Anteils nach oben möglich ist.

**Ein weiteres Augenmerk sollte auch weiterhin auf die mittlerweile als VOC eingestufte Delta-Variante B.1.617.2 (ehemalig als „indische“ Variante bezeichnet) gelegt werden.** Diese Variante konnte rückwirkend durch Sequenzierung erstmals in der KW 17 und KW 18 nachgewiesen und bestätigt werden. Durch schnelle Analyse und Reaktion konnte die weitere Ausbreitung primär verhindert werden. Das zeigt die Wichtigkeit einer fortführenden genomischen Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung für die Bekämpfung der Pandemie. Ein weiterer, nicht damit im Zusammenhang stehender Verdachtsfall konnte als Delta-Variante bestätigt werden.

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

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

**Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden:** Die Gesamtzahl der per V-PCR untersuchten Isolate liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben<sup>1</sup>. Dies liegt daran, dass auch in dieser Woche Rückmeldungen von zwei Laboren fehlen, zwei weitere Labore keine Varianten-PCRs durchgeführt hatten und zudem nur ein Teil der in MV SARS-CoV-2 positiven Proben in der V-PCR nachuntersucht werden. Auch aufgrund der erfreulichen Tatsache, dass die Anzahl der positiven Fälle deutlich gesunken ist und die B.1.1.7 Variante die dominierende Variante darstellt, gehen zudem deutlich weniger Befunde in den Bericht ein. Das bedingt andererseits eine höhere statistische Unsicherheit. Die Ergebnisse der Surveillance-Daten müssen mit den Meldedaten verbunden werden, um die klinische und epidemiologische Bedeutung der Varianten aufzuklären.

#### **Empfehlungen:**

- Es ist weiter eine dichte, hochauflösende Echtzeit-Surveillance zirkulierender Varianten in MV durch Kombination der Ergebnisse der V-PCR- und Sequenzierungsergebnisse nötig
- Aufgrund der sinkenden Fallzahlen sollte ein größerer Anteil der positiven Proben einer Sequenzierung unterzogen werden
- Die in MV nachgewiesene Delta-Variante B.1.617.2 sollte weiterhin intensiv beobachtet werden um neu auftretende Fälle schnell zu detektieren und um somit deren Ausbreitung rasch eindämmen zu können
- Die Datenzuführung aus den Laboren und Ämtern sollte weiter beschleunigt und verdichtet werden, um blinde Flecken auf der Karte zu schließen
- Die Probenzuführung und Anforderungen zur Diagnostik relevanter Fälle aus dem ÖGD sollten intensiviert und beschleunigt werden
- Die Asservierung von Primärproben sollten verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Tiefendiagnostik zugänglich bleiben

---

<sup>1</sup> Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 22. KW