

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

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

Berichtswoche: 26. KW

Datum: 09.07.2021

Varianten-PCRs		Nachgewiesene Varianten					Sequenzierungen
KW	Anzahl	B.1.1.7 (Alpha)	B.1.351 (Beta)*	P.1 (Gamma)*	B.1.617.2 (Delta)**	andere VOIs	Anzahl
4. und 5.	1062 (7,1 %)	51 (4,8 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (0,6 %)	23
6	476 (3,2 %)	63 (13,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	6 (1,3 %)	44
7	803 (5,4 %)	180 (22,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (1,1 %)	36
8	583 (3,9 %)	226 (38,8 %)	6 (1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,9 %)	10
9	663 (4,5 %)	421 (63,5 %)	3 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (1,8 %)	19
10	924 (6,2 %)	580 (62,8 %)	4 (0,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	10 (1,1 %)	19
11	1101 (7,4 %)	705 (64 %)	5 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22 (2 %)	201
12	1472 (9,9 %)	1174 (79,8 %)	3 (0,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	9 (0,6 %)	18
13	1557 (10,5 %)	1258 (80,8 %)	2 (0,1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,3 %)	88
14	1623 (10,9 %)	1439 (88,7 %)	7 (0,4 %)	10 (0,6 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	27
15	1007 (6,8 %)	908 (90,2 %)	2 (0,2 %)	25 (2,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	75
16	871 (5,9 %)	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)	43
17	855 (5,7 %)	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	162
18	790 (5,3 %)	756 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,5 %)	0 (0 %)	1 (0,1 %)	142
19	444 (3 %)	409 (92,1 %)	1 (0,2 %)	24 (5,4 %)	0 (0 %)	1 (0,2 %)	82
20	307 (2,1 %)	277 (90,2 %)	0 (0 %)	19 (6,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	72
21	125 (0,8 %)	117 (93,6 %)	0 (0 %)	2 (1,6 %)	1 (0,8 %)	0 (0 %)	35
22	75 (0,5 %)	61 (81,3 %)	0 (0 %)	5 (6,7 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22
23	42 (0,3 %)	35 (83,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	15
24	40 (0,3 %)	20 (50 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (30 %)	0 (0 %)	29
25	35 (0,2 %)**	10 (28,6 %)	1 (2,9 %)	0 (0 %)	23 (65,7 %)	0 (0 %)	16
26	15 (0,1 %)	2 (13,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	13 (86,7 %)	0 (0 %)	14
<b>Summe</b>	<b>14.870</b>	<b>10275 (69,1 %)</b>	<b>41 (0,3 %)</b>	<b>184 (1,2 %)</b>	<b>51 (0,3 %)</b>	<b>89 (0,6 %)</b>	<b>1.192</b>

\*erstmals für KW6 erhoben \*\* erstmals für KW16 erhoben \*\*\* korrigiert für valide PCRs und Nachmeldungen

**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 ermöglicht aber bereits den zeitlich-räumlichen Verlauf der Ausbreitung von Varianten wie der Gamma-Variante P.1 im westlichen Teil MVs oder jetzt der Delta-Variante darzustellen.

In KW 26 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

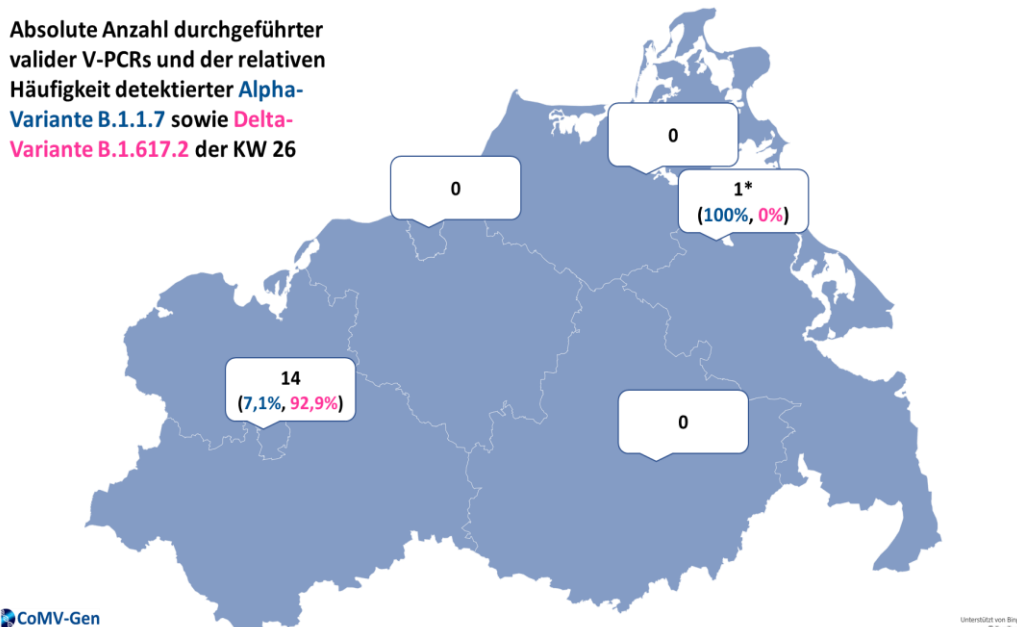
### Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Ziel-PCR und Sequenzierung

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 alle Berichte seit KW 6 zu finden sind, wurde der Öffentlichkeit am 01.04.2021 zur Verfügung gestellt und wird stetig weiterentwickelt.

**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 26. KW wurden Daten durchgeführter V-PCRs und Sequenzierungen von 6 Laboren übermittelt.

**Insgesamt wurden in der 26. KW Ergebnisse zu 18 V-PCRs übermittelt, von denen 15 valide Ergebnisse erzielten (83,3%).** Damit liegen von ca. 29% der 51 in MV detektierten Fälle<sup>1</sup> auswertbare Ergebnisse der Untersuchung auf Varianten vor.

**Bei 13 Proben (86,7%) ergab sich ein Verdacht auf die Delta-Variante B.1.617.2, bei zwei Proben (13,3%) ein Verdacht auf die Alpha-Variante B.1.1.7.** Die absolute Anzahl durchgeführter valider PCRs der rückmeldenden Labore sowie die relative Häufigkeit in % der hierbei nachgewiesenen Alpha-Variante B.1.1.7 und Delta-Variante B.1.617.2 ist in Abbildung 1 dargestellt.



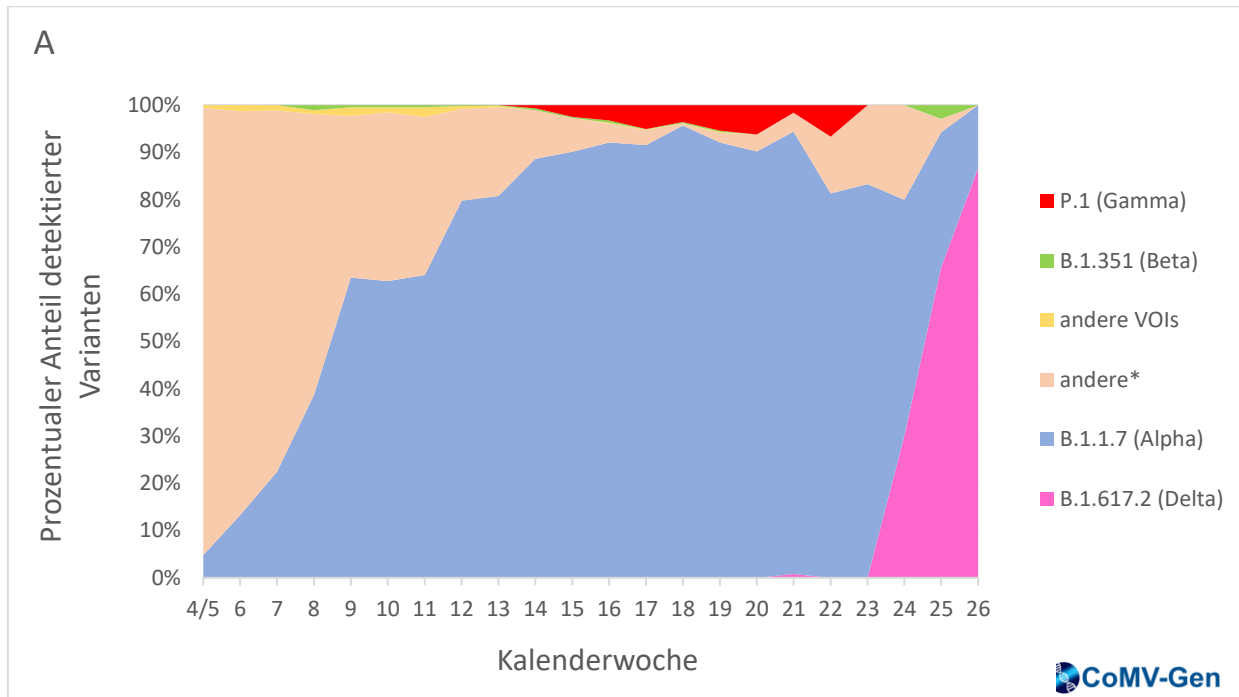
**Abbildung 1.** Anzahl valider PCRs und Häufigkeit detektierter Alpha-Variante B.1.1.7 und Delta-Variante B.1.617.2 der rückmeldenden Labore in MV. \*Zusammengeführte Daten zweier Labore mit Standort in Greifswald

**Mit 86,7 (13 Verdachtsfälle) aller V-PCR-Ergebnisse ist aktuell die besorgniserregende Delta-Variante B.1.617.2 die am häufigsten auftretende Variante in MV.** Sie hatte bereits in der Vorwoche die bis dahin führende Alpha-Variante B.1.1.7 als dominierende Variante abgelöst. Für die Alpha-Variante wurden in KW 26 zwei Verdachtsfälle (13,3 %) gemeldet. Zudem wurde für die Beta- und Gamma-Varianten kein Verdacht auf deren Nachweis gemeldet.

Abbildung 2 A zeigt die relative Häufigkeit der detektierten Virusvarianten in % über die Kalenderwochen. Es wird deutlich, wie zunächst die Alpha-Variante die bis dahin zirkulierenden Varianten ersetzte, und jetzt von der Delta-Variante abgelöst wird. Diese Entwicklung ist sehr dynamisch.

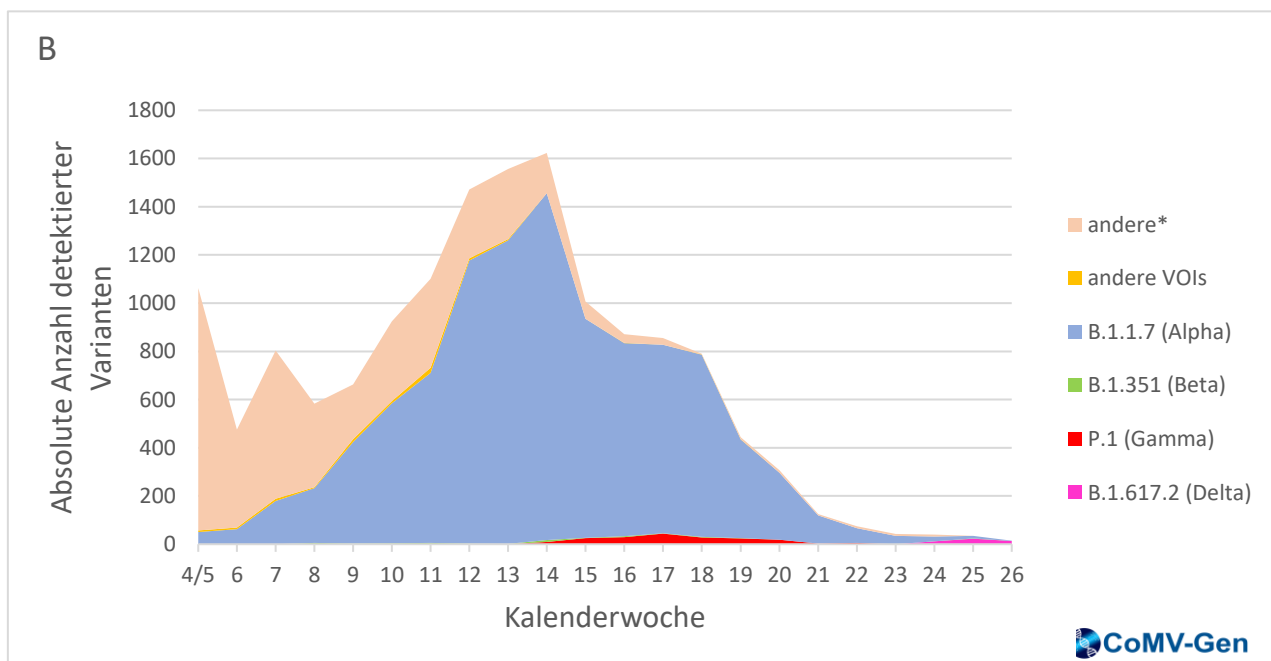
## SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

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



**Abbildung 2A.** Prozentualer Anteil der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 26. Die farbigen Bereiche zeigen den relativen Anteil der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten. \*andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten V-PCRs (valide und ergebnisausstehend)

Abbildung 2 B zeigt die absoluten Häufigkeiten der detektierten Varianten. Es wird deutlich, dass die dynamische Verdrängung der Alpha- durch die Delta-Variante vor dem Hintergrund deutlich geringerer Fallzahlen verläuft, als dies bei der Ausbreitung der Alpha-Variante im Frühjahr der Fall war.

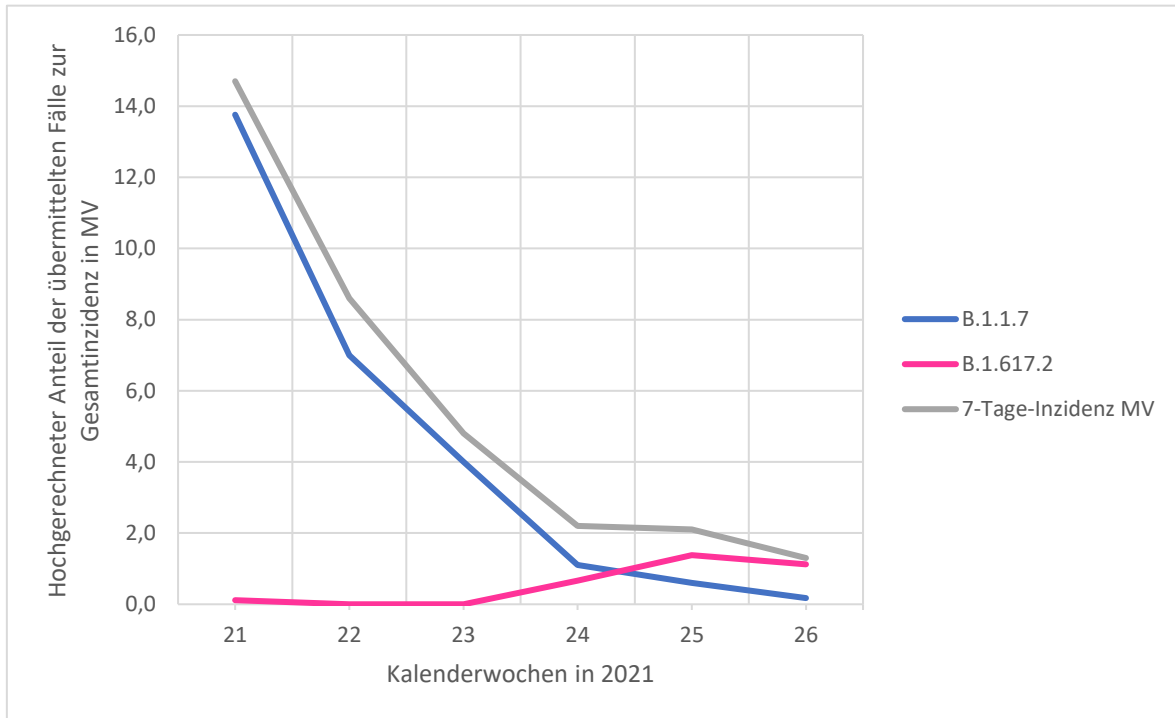


**Abbildung 2B.** Absolute Anzahl der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4 bis 26. Die farbigen Bereiche zeigen die absolute Anzahl der jeweiligen Variante bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten. \*andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten V-PCRs (valide und ergebnisausstehend)

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

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

Abbildung 3 zeigt die Hochrechnung der Anteile der gemeldeten Alpha- und Delta-Verdachtsfälle auf die 7-Tage-Inzidenz in MV für die letzten sechs Kalenderwochen. Anders gesagt zeigt die Abbildung, basierend auf der Stichprobe, welcher Anteil der Fälle in MV durch welche Variante bedingt ist. Auch hier sind der weitere Abfall der Alpha-Variante sowie die Zunahme der Delta-Variante zu erkennen.



**Abbildung 3.** Hochgerechneter Anteil der dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten Fälle bezogen auf die 7-Tage Inzidenz in MV über die Kalenderwochen 21 bis 26. Die farbigen Linien zeigen den relativen Anteil der Alpha- (blau) und Delta-Variante (pink) bzw. die 7-Tage-Inzidenz für MV (grau).

**Bewertung:** Die Delta-Variante B.1.617.2 nimmt in MV erneut die führende Position der SARS-CoV-2-Varianten ein. Sie hat die Alpha-Variante B.1.1.7 in dieser Rolle eindeutig abgelöst. Im Vergleich zu den vorherigen Kalenderwochen sank der Anteil der Alpha-Variante erneut sehr stark, der Anteil der Delta-Variante steigt dagegen weiter. Dieser Austausch geht bisher nicht mit steigenden Fallzahlen einher. Aufgrund der weiter gesunkenen 7-Tage-Inzidenzen in MV ist auch die Anzahl der auf Varianten untersuchten Isolate weiter abnehmend.

**Die Delta-Variante B.1.617.2 sollte aktuell die größte Beachtung erfahren.** Erst seit Ende Mai als VOC eingestuft, stieg der Anteil der Delta-Variante in den letzten Wochen bundesweit rapide an. Durch Sequenzierungen konnte die Variante rückwirkend erstmals in der KW 16 in MV nachgewiesen und bestätigt werden. Durch schnelle Analyse und Reaktion konnte die weitere Ausbreitung primär verhindert werden. In KW 24 und 25 kam es zu weiteren Einträgen und Folgefällen. In den meisten Fällen ist von einer Ansteckung im Familien- und Bekanntenkreis, ausgehend von importierten Fällen, auszugehen. Die epidemiologischen Hintergründe der Fälle aus KW 26 befindet sich noch in der Auswertung.

**Bei der Interpretation muss unbedingt die geringe absolute Anzahl an Fällen berücksichtigt werden. Eine Beurteilung des prozentualen Anteils allein (Abbildung 2A) ist dabei nicht sinnvoll, sondern es müssen auch die absoluten Fallzahlen berücksichtigt werden (Abbildung 2B).** Insgesamt wurden 13 Verdachtsfälle auf den Nachweis der Delta-Variante

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

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

gemeldet (86,7%), wohingegen nur 2 Verdachtsfälle auf einen Nachweis der Alpha-Variante (13,3%) übermittelt wurden.

Für die Bekämpfung der Pandemie ist eine fortführende genomische Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung sowie die Zusammenführung mit epidemiologischen Daten von großer Bedeutung.

**Die Varianten Beta (B.1.351) und Gamma (P.1) sollten auch weiterhin beobachtet werden.** Nachdem die Beta-Variante für einige Kalenderwochen nicht nachgewiesen wurde, trat sie in KW 25 erneut auf. Das Geschehen mit der Gamma-Variante scheint dagegen zur Ruhe gekommen zu sein. Die weitere Entwicklung sollte dennoch aufmerksam verfolgt werden.

**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 in dieser Woche Rückmeldungen von zwei Laboren fehlen und zudem nur ein Teil der in MV SARS-CoV-2-positiven Proben in der V-PCR nachuntersucht wird. Auch aufgrund der erfreulichen Tatsache, dass die Anzahl der positiven Fälle deutlich gesunken ist, gehen zudem beträchtlich weniger Befunde in den Bericht ein. Das bedingt andererseits eine höhere statistische Unsicherheit. Durch Nachmeldungen der Labore kann es zudem zu Veränderungen der aktuell veröffentlichten Daten kommen. 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
- in Bezug auf die positiven und vermeintlich stark steigenden Anteile der Delta-Variante sind die absoluten Fallzahlen der SARS-CoV-2-positiven Fälle zu berücksichtigen
- die Datenzuführung aus den Laboren und Ämtern sollte weiter beschleunigt und verdichtet werden, um blinde Flecken auf der Karte zu schließen
- die Asservierung von Primärproben sollten verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Tiefendiagnostik zugänglich bleiben

---

<sup>1</sup> Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 26. KW