

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

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

**Berichtswoche:** 34. KW

**Datum:** 03.09.2021

Tabelle 1. Anzahl und prozentuale Anteile der validen, auswertbaren Varianten-PCRs (V-PCRs) der SARS-CoV-2-Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta), der „Variants of Interest“ (VOIs) sowie die Anzahl der beauftragten Vollhängengenomsequenzierungen von KW 16 bis KW 34. Die Daten der Vorwochen sind in den vorangegangenen Berichten gelistet.

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
16	871	801 (92 %)	4 (0,5 %)	28 (3,2 %)	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)	43
17	855	782 (91,5 %)	1 (0,1 %)	43 (5 %)	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	162
18	790	756 (95,7 %)	2 (0,3 %)	28 (3,5 %)	0 (0 %)	1 (0,1 %)	142
19	444	409 (92,1 %)	1 (0,2 %)	24 (5,4 %)	0 (0 %)	1 (0,2 %)	82
20	307	277 (90,2 %)	0 (0 %)	19 (6,2 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	72
21	125	117 (93,6 %)	0 (0 %)	2 (1,6 %)	1 (0,8 %)	0 (0 %)	35
22	75	61 (81,3 %)	0 (0 %)	5 (6,7 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	22
23	42	35 (83,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	15
24	40	20 (50 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	12 (30 %)	0 (0 %)	29
25	35	10 (28,6 %)	1 (2,9 %)	0 (0 %)	23 (65,7 %)	0 (0 %)	16
26	15	2 (13,3 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	13 (86,7 %)	0 (0 %)	14
27	34	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	32 (94,1 %)	0 (0 %)	32
28	39	0 (0 %)	1 (2,6 %)	0 (0 %)	34 (87,2 %)	0 (0 %)	31
29	77	0 (0 %)	0 (0 %)	1 (1,3 %)	66 (85,7 %)	0 (0 %)	63
30	97	1 (1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	80 (82,5 %)	0 (0 %)	79
31	190	1 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	186 (97,9 %)	0 (0 %)	161
32	220	1 (0,5 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	218 (99,1 %)	0 (0 %)	57
33	251	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	248 (98,8 %)	0 (0 %)	16
34	333	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	330 (99,1 %)	0 (0 %)	36
<b>Summe</b>	<b>16.111</b>	<b>10278 (63,8 %)</b>	<b>42 (0,3 %)</b>	<b>185 (1,1 %)</b>	<b>1245 (7,7 %)</b>	<b>89 (0,6 %)</b>	<b>1667</b>

\* erstmals für KW6 erhoben \*\* erstmals für KW 16 erhoben

**Hintergrund:** Das vermehrte Auftreten neuer Virusvarianten des SARS-CoV-2-Virus mit veränderten Eigenschaften machen eine vertiefte genetische Analyse zirkulierender 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-Projekt 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, ermöglichte aber bereits den zeitlich-räumlichen Verlauf der Ausbreitung von Varianten wie der Gamma-Variante P.1 im westlichen Teil MVs im Frühjahr oder jetzt der Delta-Variante darzustellen.

In KW 34 haben sechs Labore die Varianten-PCR (V-PCR) Ergebnisse zusammen mit den ihnen zur Verfügung stehenden personenbezogenen Daten an das CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelt. Die ermittelten Vollhängengenom-Sequenzdaten aus beauftragten Sequenzierungen werden derzeit einer tiefergehenden molekularepidemiologischen und phylogenetischen Analyse unterzogen.

CoMV-Gen stellt über die Website [www.comv-gen.de](http://www.comv-gen.de) der Öffentlichkeit umfangreiche und aktuelle Daten zu SARS-CoV-2 Varianten zur Verfügung. Die Seite wurde bereits am 01.04.2021 veröffentlicht und wird stetig weiterentwickelt. Dort zu finden sind alle Berichte seit KW 6 sowie Informationen zu bekannten und neuen besorgniserregenden Virusvarianten (*Variants of Concern, VOC*) und Varianten

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

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

unter Beobachtung (*Variants of Interest*, VOI) sowie Links zum Thema SARS-CoV-2. Zusätzlich wurde die Webseite mit einer Auswahl an häufig gestellten Fragen (*Frequently Asked Questions*, FAQ) erweitert.

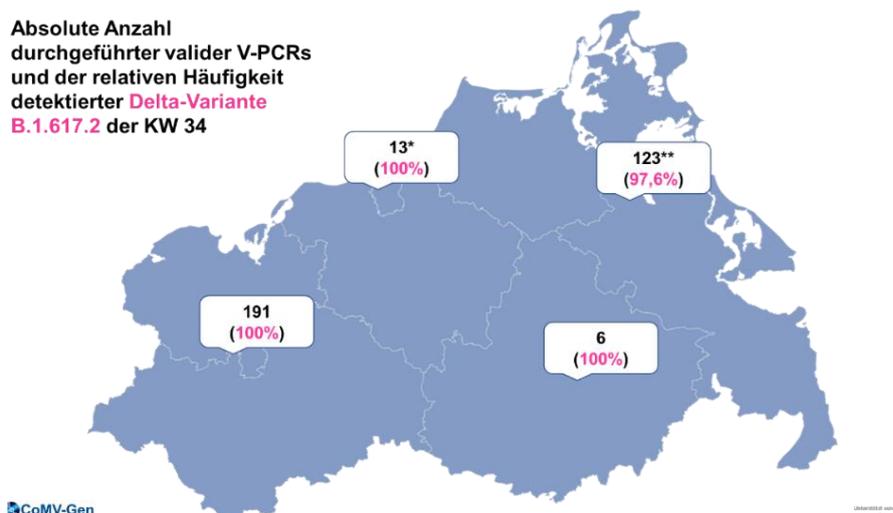
**Ergebnisse:** Von den kontaktierten zehn in MV ansässigen Laboren, welche am CoMV-Gen-Projekt beteiligt sind, führen acht die V-PCRs im eigenen Labor durch. In der 34. KW wurden Daten durchgeführter V-PCRs und Sequenzierungen von sechs Laboren übermittelt.

**Insgesamt wurden in der 34. KW Ergebnisse zu 356 V-PCRs übermittelt, von denen 333 valide Ergebnisse erzielten (93,5%).** Zudem stehen noch Untersuchungsergebnisse aus, die nicht in die Analyse einfließen und bei Vorliegen nachgetragen werden. Aus der Datenanalyse wurden ab der 31. KW Ergebnisse von Mehrfachtestungen ausgeschlossen, wenn u.a. das letzte positive PCR-Ergebnis nicht länger als drei Monate zurückliegt<sup>1</sup>. Diese Fälle wurden damit nicht als neue Fälle gewertet. Damit liegen von ca. 44% der 756 in KW 34 in MV insgesamt detektierten Fälle<sup>2</sup> auswertbare Ergebnisse der Untersuchung auf Varianten vor.

**Mit 99,1% (330 Verdachtsfälle von 333 Proben) der V-PCR-Ergebnisse ist die besorgniserregende Delta-Variante B.1.617.2 in MV weiterhin die dominierende SARS-CoV-2 Variante.** Sie hatte bereits in der KW 25 die bis dahin führende Alpha-Variante B.1.1.7 als dominierende Variante abgelöst.

Ein Labor meldete erneut, dass eine Differenzierung zwischen der Delta- und der Epsilon-Variante B.1.427/B.1.429 mittels des V-PCR-Systems nicht möglich ist. Dies liegt bei sechs Verdachtsfällen vor. Da bisher im gesamten Bundesgebiet laut Robert Koch-Institut (RKI) kein Epsilon-Verdachtsfall gemeldet wurde, ist auch bei diesen dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten Verdachtsfällen von der Delta-Variante auszugehen. Eine Sequenzierung aller fraglichen Proben erfolgt, um eine genaue Zuordnung rückwirkend zu ermöglichen. Alle bisher vorliegenden Sequenzierungsergebnisse bestätigten die Delta-Variante.

**Verdachtsfälle auf die Alpha-, Beta- und Gamma-Varianten wurden nicht gemeldet.** Die absolute Anzahl durchgeführter valider V-PCRs der rückmeldenden Labore sowie die relative Häufigkeit in Prozent der hierbei nachgewiesenen Delta-Variante B.1.617.2, sind in Abbildung 1 dargestellt.



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

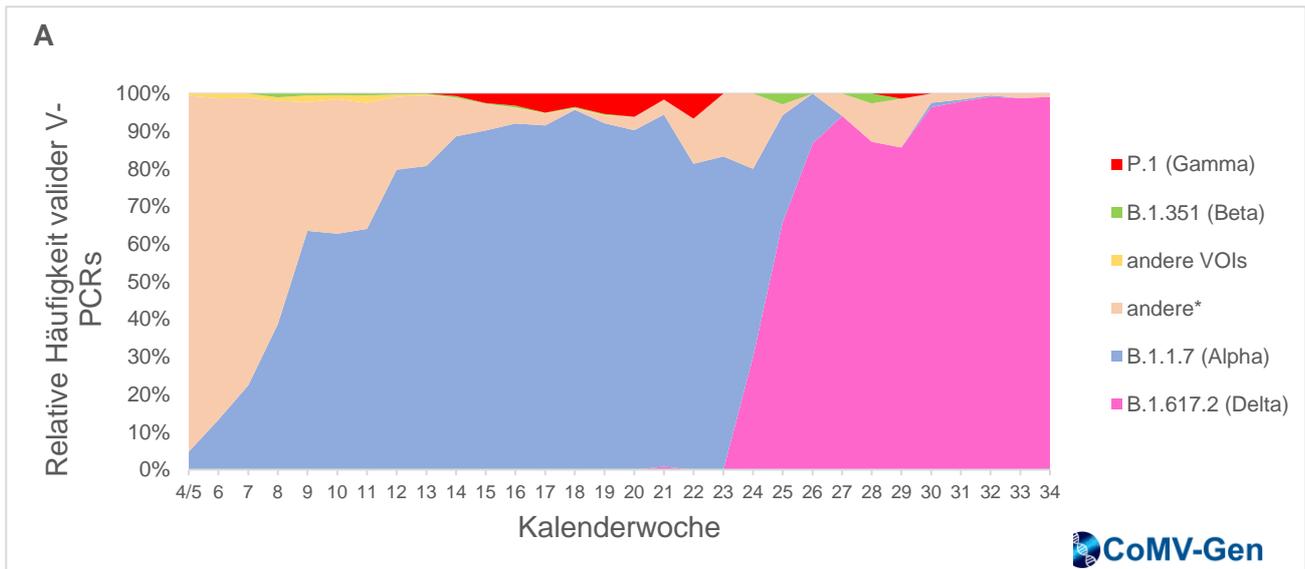
<sup>1</sup> Definition für die Reinfektion mit SARS-CoV-2 laut RKI. Das RKI schließt in seinem Bericht das Vorliegen von Mehrfachtestungen nicht aus.

<sup>2</sup> Wochenbericht LAGuS zu den Abstrichzahlen für die 34. KW

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

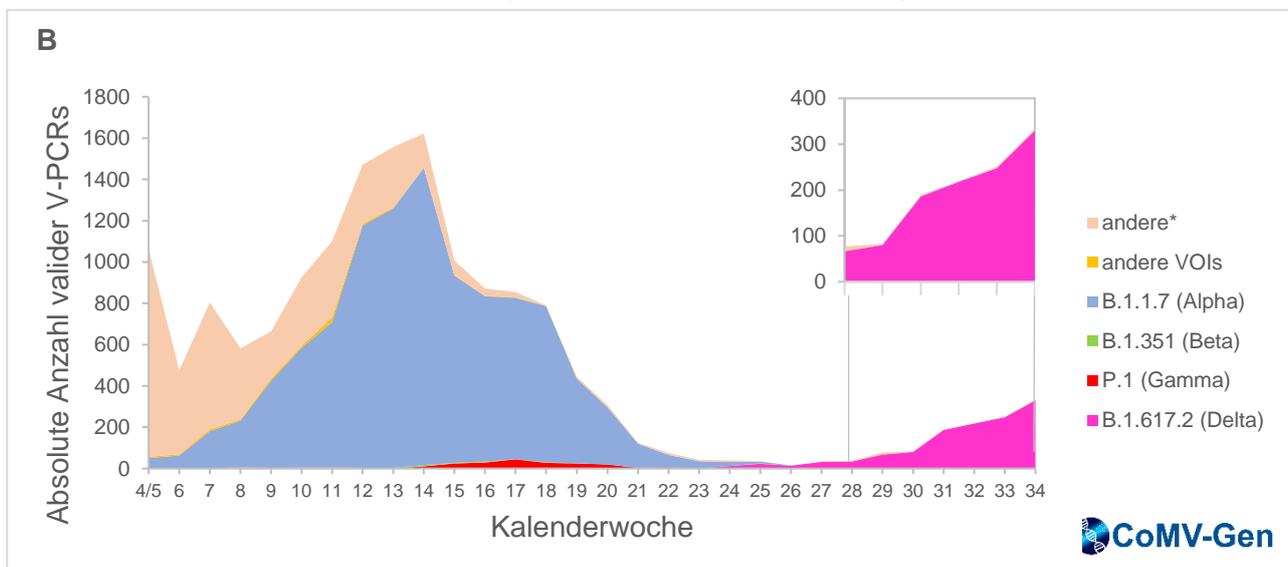
### Bericht zu durchgeführten Testungen auf Varianten mittels Varianten-PCR und Sequenzierung

Abbildung 2A zeigt die relative Häufigkeit der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten detektierten Virusvarianten in Prozent über die Kalenderwochen. Deutlich erkennbar ist, wie in einer dynamischen Entwicklung zunächst die Alpha-Variante die bis dahin zirkulierenden Varianten ersetzt und dann zügig von der Delta-Variante abgelöst wurde. Dabei ist zu berücksichtigen, dass neben der Bewertung auf der Ebene der Variantenzugehörigkeit auch innerhalb der Varianten keine genetische Homogenität besteht. Diese ist Gegenstand weitergehender Analysen.



**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 4/5 bis 34. Die farbigen Bereiche zeigen die relative Häufigkeit der jeweiligen Variante bezogen auf alle in der jeweiligen Kalenderwoche gemeldeten Virusvarianten. \*andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten V-PCRs.

Abbildung 2B zeigt die absolute Anzahl der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten Varianten. Es wird deutlich, dass die Verdrängung der Alpha- durch die Delta-Variante vor dem Hintergrund deutlich geringerer Fallzahlen verlief, als dies bei der Ausbreitung der Alpha-Variante im Frühjahr der Fall war. Derzeit nehmen die Fallzahlen allerdings wieder zu – dies findet auch in einer höheren Anzahl der in CoMV-Gen erfassten Ergebnissen seinen Niederschlag.

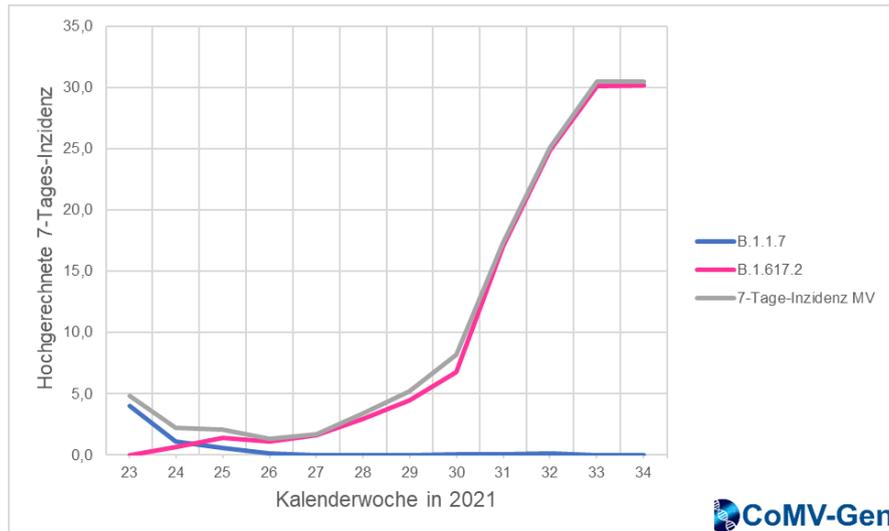


**Abbildung 2B.** Absolute Anzahl der Varianten B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) und VOIs über die Kalenderwochen 4/5 bis 34. Die farbigen Bereiche zeigen die absolute Anzahl der jeweiligen Variante bezogen auf alle in der jeweiligen Kalenderwoche gemeldeten Virusvarianten. \*andere - umfasst den restlichen Anteil der durchgeführten validen V-PCRs.

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

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

Abbildung 3 zeigt die Hochrechnung der Anteile der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten Alpha- und Delta-Verdachtsfälle auf die jeweilige 7-Tage-Inzidenz in MV<sup>3</sup> für die Kalenderwochen 23 bis 34. Anders gesagt zeigt die Abbildung, basierend auf der Stichprobe, welcher Anteil der Fälle in MV durch welche Variante bedingt ist. Der Anteil der Alpha-Variante hält sich in MV weiterhin auf einem sehr niedrigen Niveau, während der Anteil der Delta-Variante weiterhin zunimmt und in den durchgeführten V-PCR derzeit fast ausschließlich detektiert wird. Zudem ist der Anstieg der 7-Tage-Inzidenz in MV dargestellt, die ausschließlich durch die Delta-Variante bedingt ist.



**Abbildung 3.** Hochgerechnete 7-Tage-Inzidenz auf den Anteil der dem CoMV-Gen-Studienzentrum übermittelten Fälle bezogen auf die 7-Tage Inzidenz in MV über die Kalenderwochen 23 bis 34. 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 weiterhin die führende Position der SARS-CoV-2-Varianten ein.** Erst seit Ende Mai als VOC eingestuft, stieg der Anteil der Delta-Variante bundesweit rapide an. Durch Sequenzierungen konnte die Variante rückwirkend erstmals in der KW 16 in MV nachgewiesen und bestätigt werden. Seit KW 24 kam es vermehrt zu Einträgen und Folgefällen. In den meisten Fällen, ausgehend von importierten Fällen, ist von einer Ansteckung im Familien- und Bekanntenkreis auszugehen. Die epidemiologischen Hintergründe der Fälle aus den letzten Kalenderwochen befinden sich noch in der Auswertung.

**Bei der Interpretation muss trotz derzeit steigender Fallzahlen unbedingt die im Vergleich zum Frühjahr noch relativ 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 in der 34. KW 330 Verdachtsfälle der Delta-Variante gemeldet (99,1%). Die Varianten Beta (B.1.351) und Gamma (P.1) sollten dennoch weiterhin beobachtet werden. Die Beta-Variante trat seit der 20. KW und die Gamma-Variante seit der 23. KW nur noch vereinzelt oder gar nicht mehr in MV auf. Die Einzelfallmeldungen dieser Varianten erfordern bezüglich der Entwicklung der Pandemie weiterhin Aufmerksamkeit.

International sind aktuell weitere Varianten in den Fokus gerückt, darunter die Variante C.1.2 und die Variante B.1.621 („Mu“), die auffällige Muster an Mutationen aufweisen. Für die Bekämpfung der Pandemie ist eine fortführende genomische Surveillance mittels V-PCR und Sequenzierung sowie die Zusammenführung mit epidemiologischen Daten von großer Bedeutung. CoMV-Gen beobachtet zudem die internationale Situation und Erkenntnisse und fasst Daten zu Varianten auf der Webseite in Steckbriefen aktuell zusammen.

<sup>3</sup> MV Lageberichte des LAGuS vom 29.08.2021

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

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

**Die Daten sollten weiterhin vorsichtig interpretiert werden:** Die Gesamtzahl der dem CoMV-Gen-Studienzentrum gemeldeten V-PCRs liegt unter der Zahl der für MV als positiv gemeldeten Proben<sup>2</sup>. Dies liegt daran, dass in dieser Woche Rückmeldungen von drei Laboren fehlen. Es ist daher in der kommenden Woche mit Nachmeldungen für die 34. KW zu rechnen. Zudem wurde nur ein Teil der in MV SARS-CoV-2-positiven Proben in der V-PCR nachuntersucht. Sekundäranalysen, um Fälle zu sequenzieren, sind durch zu geringe Lagerfristen von Primärproben in einigen Laboren erschwert. Durch Nachmeldungen der Labore kann es auch 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
- die Delta-Variante B.1.617.2 sollte weiterhin intensiv beobachtet werden, um neu auftretende Fälle schnell zu detektieren und somit deren Ausbreitung rasch eindämmen zu können
- trotz nachgewiesener Impfdurchbrüche ist eine Impfung gegen COVID-19 unbedingt ratsam; auch die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt diese<sup>4</sup>
- 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 sollte deutlich verlängert werden, damit sie einer nachfolgenden Sekundäranalyse und Tiefendiagnostik zugänglich bleiben

---

<sup>4</sup> RKI Risikobewertung, Stand 02.08.2021