

Antwort

der Landesregierung

auf die Kleine Anfrage Nr. 1063

des Abgeordneten Ronny Kretschmer (Fraktion DIE LINKE)

Drucksache 7/2909

Sequenzierung auf neue SARS-COV2-Varianten

Namens der Landesregierung beantwortet die Ministerin für Soziales, Gesundheit, Integration und Verbraucherschutz die Kleine Anfrage wie folgt:

Vorbemerkung des Fragestellers: In den letzten Tagen wurden auch in Deutschland immer mehr Fälle der SARS-Cov2-Varianten B.1.1.7 und B.1.351 festgestellt. Diese (wie auch die in Brasilien und Japan aufgetretene Variante B.1.1.28 P.1) sollen deutlich ansteckender sein, als die derzeit vorherrschende Variante. Um die Ansteckungen mit diesen Varianten zu detektieren, soll in den kommenden Tagen mit verstärkten Sequenzierungen von positiven PCR-Proben begonnen werden. Aus Bremen und Berlin wurde bekannt, dass in beiden Ländern jeder positive Test auf die Mutationen hin untersucht werden soll (<https://www.butenunbinnen.de/nachrichten/gesellschaft/corona-mutation-bremen-strategie-100.html>)

1. Wie schätzt die Landesregierung die Gefährlichkeit der Virusvarianten B.1.1.7, B.1.351 und B.1.1.28 P1 ein?

Zu Frage 1: Die Dynamik der Verbreitung einiger neuer Varianten von SARS-CoV-2 (B.1.1.7, B.1.351 und B.1.1.28) ist eine sehr ernst zu nehmende Situation. Besorgniserregende Varianten (VOC) wurden inzwischen auch in Brandenburg nachgewiesen. Nach Stellungnahme des Robert-Koch-Instituts (RKI) ist es noch unklar, wie sich deren Zirkulation auf die Situation in Deutschland auswirken wird. Aufgrund der vorliegenden Daten hinsichtlich einer erhöhten Übertragbarkeit der Varianten besteht grundsätzlich die Möglichkeit einer Verschlimmerung der Lage. Für diese und zukünftig auftretende Virusvarianten gilt, dass sich der Schweregrad der Erkrankung und die Übertragbarkeit im Vergleich gegenüber der initial zirkulierenden Virusvariante möglicherweise verändern können. Weiterhin besteht das Risiko, dass die Wirksamkeit der aktuell verwendeten Impfstoffe gegen die neuen Varianten reduziert sein könnte, da die durch die Impfung gebildeten neutralisierenden Antikörper gegen das veränderte Virus schlechter schützen. Diese Situation unterstreicht die Notwendigkeit einer konsequenten Einhaltung der Hygieneregeln und der kontaktreduzierenden Maßnahmen.

2. Wie viele positive PCR-Tests auf SARS-COV2 sollen in Brandenburg auf die neuen Virusvarianten hin untersucht werden?

Zu Frage 2: Um die molekulare Surveillance in Deutschland auszubauen und die Anzahl der Genomsequenzierungen von Coronaviren zu erhöhen, wird im Rahmen der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) die Sequenzierung von Erregergenomen unterstützt. Die CorSurV zielt darauf ab, dass in Deutschland, und somit auch im Land Brandenburg, bis zu 5% der positiv getesteten Proben sequenziert werden. Bei weniger als 70.000 Neuinfektionen in ganz Deutschland pro Woche erhöht sich dieser Anteil auf 10%.

3. Wer ordnet die Sequenzierung im Einzelfall an?

Zu Frage 3: Die CorSurV verpflichtet Laboratorien und Einrichtungen nach § 23 Absatz 3 Satz 1 des Infektionsschutzgesetzes, die Untersuchungsmaterial und Isolate von Krankheitserregern in Bezug auf das Coronavirus SARS-CoV-2 untersuchen und in diesem Rahmen eine Vollgenomsequenzierung dieses Erregers vornehmen, die erhobenen Genomsequenzdaten an das Robert Koch-Institut zum Zwecke der Krankheitserregersurveillance zu übermitteln.

Daneben können die Gesundheitsämter im Rahmen der CorSurV, (1) sogenannte Verdachtsproben beispielsweise zur Bestimmung der Viruslinie und der Detektion von Mutationen auswählen und (2) eine Genomsequenzierung bei Laboren der Spezialdiagnostik beauftragen.

4. Wo sollen diese Sequenzierungen stattfinden?

Zu Frage 4: Die Genomsequenzierungen können in geeigneten Laboren in Deutschland durchgeführt werden, beispielsweise im Konsiliarlabor für Coronaviren an der Berliner Charité. Auch das Robert Koch-Institut führt Genomsequenzierungen durch, ebenso Universitätskliniken, Landeslabore oder entsprechend befähigte private Labore.

Im Land Brandenburg ist am Carl-Thiem-Klinikum (CTK) in Cottbus eine molekularbiologische Laboreinheit vorhanden, die nach entsprechender technischer Aufrüstung mit Förderung des Landes kurzfristig Genomsequenzierungen durchführen wird.

5. Wer trägt die Kosten der Sequenzierungen?

Zu Frage 5: Für die Übermittlung der Daten haben die sequenzierenden Laboratorien und Einrichtungen entsprechend den Regelungen der CorSurV einen Anspruch auf eine Vergütung in Höhe von 220 Euro. Andere Einrichtungen und Laboratorien, die Diagnostik mittels Nukleinsäureamplifikationstechnik (z.B. PCR) im Hinblick auf das Vorliegen von Infektionen mit dem Coronavirus SARS-CoV-2 durchführen, jedoch selbst keine Vollgenomsequenzierung vornehmen, können bis zu fünf Prozent der positiv getesteten Proben in andere Laboratorien und Einrichtungen zur Durchführung der Sequenzierung einschicken. In diesem Fall werden Versandkosten in Höhe von 20 Euro erstattet.

Die oben genannte Vergütung sowie die oben genannten Versandkosten werden aus dem Bundeshaushalt gezahlt.