



Robert Koch-Institut | Nordufer 20 | 13353 Berlin

Grundsatz und Recht

Herrn



Ihr Antrag vom 16.07.2024 auf Informationszugang nach dem Informationsfreiheitsgesetz (IFG)

Sehr geehrter Herr [REDACTED],

wir kommen zurück auf Ihre Anfrage vom 16.07.2024, mit der Sie folgenden Antrag stellten:

„bitte senden Sie mir Folgendes zu:

1. Aufzeichnungen, bei der ein einzelnes Virion eines beliebigen Virus, das bekanntermaßen Menschen infiziert, sequenziert wurde, wobei sichergestellt wurde, dass es vor der Sequenzierung physisch von anderem genetischen Material isoliert wurde.

Bitte legen Sie die folgenden Unterlagen zu den unten aufgeführten Viren vor:

- Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1 (SARS-CoV-2) (GenBank: MN908947.3)*
- Bat coronavirus RaTG13 (GenBank: MN996532.2)*

2. Datensätze eines einzelnen sequenzierten (long-)reads von der ersten Position des 5'-Endes bis zur letzten Position des 3'-Endes des Genoms. (an einem Stück; z.B. 1 bis 29.903 im Falle von MN908947.3)

3. Aufzeichnungen eines perfekt assemblierten Contigs (alle Basen des Contigs stimmen mit den Referenzgenomen überein, ohne dass Basen fehlen, d. h. eine 100%ige Übereinstimmung) durch einen metagenomischen Assembler wie Megahit, einschließlich der verwendeten Eingabedaten, Werkzeuge und genauen Befehle/Einstellungen, die für diese Assemblierungen verwendet wurden.

4. Aufzeichnungen von RACE-Amplifikationen (Rapid Amplification of cDNA Ends):

- Umfassende Dokumentation aller an SARS-CoV-2 oder RaTG13 durchgeführten RACE-Amplifikationen, einschließlich, aber nicht beschränkt auf:*
- Die genauen Protokolle, die im RACE-Prozess verwendet wurden.*

06.01.2025

Unser Zeichen:
2.13.04/0006#0057

Robert Koch-Institut
zentrale@rki.de
Tel.: +49 (0)30 18754-0
Fax: +49 (0)30 18754-2328
www.rki.de

Berichterstattung/
Bearbeitung von:



E-Mail:
[REDACTED]@rki.de

Besucheranschrift:
Nordufer 20
13353 Berlin

Das Robert Koch-Institut
ist ein Bundesinstitut
im Geschäftsbereich des
Bundesministeriums für
Gesundheit.



- Detaillierte Beschreibungen aller während des Prozesses verwendeten technischen Sequenzen, die in die endgültige Sequenz einfließen könnten, wie Primer, Adapter und andere technische Sequenzen.
- Vollständige Aufzeichnungen über alle amplifizierte Sequenzen (Amplikons), die während des RACE-Prozesses erzeugt wurden.
- Kontext und Zweck der Durchführung von RACE an diesen Proben, einschließlich der Ziele und Hypothesen, die getestet werden“

Hierauf ergeht folgender

Bescheid

1. Ihr Antrag wird abgelehnt.
2. Die Ablehnung des Antrags erfolgt gebührenfrei.

Begründung

1. Der Antrag ist insgesamt abzulehnen, da die von Ihnen begehrten amtlichen Informationen, soweit sie hier vorliegen, bereits öffentlich zugänglich sind. Die weiteren begehrten amtlichen Informationen liegen hier nicht vor.

a. Antrag zu 1.

Mit dem Antrag zu 1. begehren Sie Zugang zu Aufzeichnungen zur Sequenzierung eines beliebigen Virus, das den Menschen infiziert. Wir verweisen insofern auf die veröffentlichten Sequenzdaten und weiteren damit zusammenhängenden Informationen zu den am Robert Koch-Institut (RKI) sequenzierten SARS-CoV-2-Viren, die Sie unter folgendem Link einsehen können: https://github.com/robert-koch-institut/SARS-CoV-2-Sequenzdaten_aus_Deutschland (zuletzt aufgerufen am 03.01.2025). Ihr Antrag ist insofern gemäß § 9 Absatz 3 Informationsfreiheitsgesetz (IFG) abzulehnen, das Ermessen ist zu Ihren Lasten auszuüben, da die Quelle der begehrten amtlichen Informationen auffindbar ist und Ihnen benannt wurde.

b. Anträge zu 2. und 3.

Die mit den Anträgen zu 2. und 3. begehrten amtlichen Informationen liegen hier nicht vor, da diese spezifischen Viren - SARS-CoV-2 Wuhan-Hu-1 (MN908947.3) sowie Bat Coronavirus RaTG13 (MN996532.2) - nicht am RKI untersucht worden sind, sodass hierzu auch keine Aufzeichnungen vorliegen.

Die Sequenzen dieser Viren sind bekannt und öffentlich zugänglich, siehe für MN908947.3 die Informationen auf <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.3> sowie für MN996532.2 auf <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN996532.2> (beides zuletzt aufgerufen am 03.01.2025).

Die Sequenzierung der Virusgenome erfolgt am Genomkompetenzzentrum (MFI) des RKI amplikon-basiert (ARTIC Protokoll). Eine Erfassung terminaler Nukleotide ist damit nicht möglich, weshalb wir keinen Longreads von der ersten Position des 5'-Endes bis zur letzten Position des 3'-Endes des Genoms bereitstellen können, selbst wenn die benannten Viren hier sequenziert worden wären. Es sei angemerkt, dass dies für eine verlässliche Linienzuordnung unerheblich ist und das RKI nach internationaler Best Practice verfährt.

Die Sequenzierdaten des RKI zu SARS-CoV-2-Viren sind, wie bereits oben unter 1. Lit. a. dargelegt, öffentlich zugänglich unter https://github.com/robert-koch-institut/SARS-CoV-2-Sequenzdaten_aus_Deutschland (Assemblies, Linienzuordnungen, Metainformationen) und <https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/view/PRJEB76939> (Rohdaten) (beides zuletzt aufgerufen am 03.01.2025).

Das methodische Vorgehen am RKI ist u. a. in folgenden Arbeiten publiziert:

- Oh DY, Hölzer M, Paraskevopoulou S, Trofimova M, Hartkopf F, Budt M, Wedde M, Richard H, Haldemann B, Domaszewska T, Reiche J, Keeren K, Radonić A, Ramos Calderón JP, Smith MR, Brinkmann A, Trappe K, Drechsel O, Klaper K, Hein S, Hildt E, Haas W, Calvignac-Spencer S, Semmler T, Dürrwald R, Thürmer A, Drosten C, Fuchs S, Kröger S, von Kleist M, Wolff T; Integrated Molecular Surveillance for SARS-CoV-2 (IMS-SC2) Laboratory Network. Advancing Precision Vaccinology by Molecular and Genomic Surveillance of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 in Germany, 2021. Clin Infect Dis. 2022 Aug 15;75(Suppl 1):S110-S120. doi: 10.1093/cid/ciac399. PMID: 35749674; PMCID: PMC9278222.
- Lataretu M, Drechsel O, Kmieciński R, Trappe K, Hölzer M, Fuchs S. Lessons learned: overcoming common challenges in reconstructing the SARS-CoV-2 genome from short-read sequencing data via CoVpipe2. F1000Res. 2024 Apr 16;12:1091. doi: 10.12688/f1000research.136683.1. PMID: 38716230; PMCID: PMC11074694.
- Brandt C, Krautwurst S, Spott R, Lohde M, Jundzill M, Marquet M, Hölzer M. poreCov-An Easy to Use, Fast, and Robust Workflow for SARS-CoV-2 Genome Reconstruction via Nanopore Sequencing. Front Genet. 2021 Jul 28;12:711437. doi: 10.3389/fgene.2021.711437; PMID: 34394197; PMCID: PMC8355734.

Die Publikationen enthalten zudem Links zu den genutzten und öffentlich zugänglichen Programmcodes.

c. Antrag zu 4.

Die mit dem Antrag zu 4. begehrten amtlichen Informationen zur RACE-Amplifikation der Nukleinsäuren der im Antrag zu 1. benannten Viren liegen hier nicht vor, da diese für am RKI durchgeführte Linienzuordnung nicht relevant ist und die benannten Viren hier auch nicht untersucht worden sind.

2. Der Bescheid ist gemäß § 10 IFG gebührenfrei.

Rechtsbehelfsbelehrung

Gegen diesen Bescheid kann innerhalb eines Monats nach Bekanntgabe schriftlich oder zur Niederschrift Widerspruch beim Robert Koch-Institut, Nordufer 20, 13353 Berlin, erhoben werden. Der Widerspruch kann auch durch Übermittlung eines elektronischen Dokuments mit qualifizierter elektronischer Signatur an die E-Mail-Adresse zentrale@rki.de erhoben werden. Der Widerspruch kann darüber hinaus auch durch De-Mail in der Sendevariante mit bestätigter sicherer Anmeldung nach dem De-Mail-Gesetz an die De-Mail-Adresse zentrale@rki.de-mail.de erhoben werden.

Mit freundlichen Grüßen

Im Auftrag



- Dieses Schreiben wurde maschinell erstellt und ist auch ohne Unterschrift gültig –