

19. Wahlperiode

Schriftliche Anfrage

des Abgeordneten André Schulze (GRÜNE)

vom 20. Dezember 2021 (Eingang beim Abgeordnetenhaus am 21. Dezember 2021)

zum Thema:

Sequenzierung positiver Corona-Tests und Variants of Concern

und **Antwort** vom 06. Januar 2022 (Eingang beim Abgeordnetenhaus am 06. Jan. 2022)

Senatsverwaltung für Gesundheit,
Pflege und Gleichstellung

Herrn Abgeordneten André Schulze (GRÜNE)

Über

den Präsidenten des Abgeordnetenhauses von Berlin

Über Senatskanzlei - G Sen -

A n t w o r t

auf die Schriftliche Anfrage Nr. 19/10419

vom 20. Dezember 2021

über Sequenzierung positiver Corona-Tests und Variants of Concern

Im Namen des Senats von Berlin beantworte ich Ihre Schriftliche Anfrage wie folgt:

1. Welcher Anteil der Coronapositiven Proben, die in Berlin nach einem PCR-Test gemeldet werden, werden anschließend einer Sequenzierung zur Ermittlung der Virusvariante unterzogen und nach welchen Kriterien werden die zu sequenzierenden Proben ausgewählt?

Zu 1.

Um die molekulare Surveillance in Deutschland über die bestehenden Aktivitäten des Robert Koch-Instituts und des Konsiliarlabors für Coronaviren hinaus auszubauen und die Anzahl der verfügbaren Genomsequenzierungen der in Deutschland zirkulierenden SARS-CoV-2 Viren zu erhöhen, sollen entsprechend der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) bis zu 5% (bzw. 10% bei bundesweit weniger als 70.000 Neuinfektionen in einer Woche) der Proben aus der Primärdiagnostik zur Sequenzierung eingesandt werden.

Das Ziel beider sich ergänzender Probenauswahlverfahren ist es, einerseits einen möglichst breiten Überblick über die aktuell in Deutschland zirkulierenden Varianten des Coronavirus SARS-CoV-2 zu gewinnen und durch Vollgenomsequenzierung einer geeigneten Stichprobe ggf. auf neu auftretende Mutationen aufmerksam zu werden. Dazu ist es notwendig, eine Surveillance zu etablieren, deren Datenbasis nicht auf einzelnen, speziell ausgewählten Proben beruht, sondern eine Stichprobe der aktuell zirkulierenden Varianten abbildet. Andererseits sollen durch die verstärkte Sequenzierung von Proben, bei denen ein Verdacht auf eine Mutation besteht, Veränderungen des Virus frühzeitig erkannt werden.

Die Auswahl der nach der CorSurV zur Sequenzierung einzusendenden Proben soll durch das untersuchende Labor zufällig und nach dem folgenden empfohlenen Schema erfolgen. Hierzu sollten alle in der jeweiligen Woche untersuchten Proben mit Ct-Wert (Cycle-threshold-Wert) ≤ 25 in einer Liste aufgeführt und durchgehend nummeriert werden.

Der Ct-Wert ist ein Maß für die Virusmenge in der Probe. Als minimal akzeptierte Sensitivität gilt ein Wert von 75 Prozent, bezogen auf einen Ct-Wert ≤ 25 .

Aus dieser Liste werden dann randomisiert Nummern gezogen, bis eine Anzahl von bis zu 5% (bzw. 10%, s.o.) der in diesem Labor in der vergangenen Kalenderwoche untersuchten Proben erreicht ist.

Proben mit einem epidemiologischen oder labordiagnostischen Verdacht auf das Vorliegen einer neuen Variante von SARS-CoV-2 (Variant of Concern VoC) können, unabhängig von den zufällig ausgewählten Proben, zur Sequenzierung, Analyse und Befundung an die kooperierenden Einrichtungen/sequenzierenden Labore gesendet werden.

2. Wie unterscheidet sich der Anteil der sequenzierten positiven Proben zwischen dem Landeslabor und den anderen Berliner Laboren?

Zu 2.

Die Daten der anderen Berliner Labore liegen der Senatsverwaltung nicht vor.

3. Wie hoch sind die Kosten der Sequenzierung der Proben und wer trägt diese?

Zu 3.

Die Sequenzierungen werden auf Basis der Coronavirus-Surveillanceverordnung mit den Kassenärztlichen Vereinigungen abgerechnet.

Für die Übermittlung der Genomsequenzen haben die sequenzierenden Laboratorien und Einrichtungen einen Anspruch auf eine Vergütung in Höhe von 220 Euro pro Datenübermittlung.

Für die Übermittlung von SARS-CoV-2 Sequenzen der Proben, bei denen die sequenzierenden Laboratorien und Einrichtungen selbst die Diagnostik auf SARS-CoV-2 durchgeführt haben, ist dieser Anspruch auf fünf bzw. zehn Prozent der in der Einrichtung positiv auf SARS-CoV-2 getesteten Proben beschränkt.

4. Welchen zeitlichen Nachlauf haben die Ergebnisse der Sequenzierung ggü. der Meldung des positiven PCR-Test und mit welchem Nachlauf können in der Folge valide Aussagen über die Ausbreitung neuer Virusvarianten in Berlin getroffen werden?

Zu 4.

Die Dauer der Sequenzierung kann je nach Labor variieren.

5. Wie hoch war der Anzahl der Fälle mit der Omikron-Variante in Berlin sowie ihr Anteil an den gesamten positiven Fällen seit dem 01.12.2021 (bitte nach Tagen aufschlüsseln)?

Zu 5.

Die folgende Tabelle zeigt die Anzahl der Omikronfälle in Berlin, nach Sequenzierung (Nachweise) und Verdachtsfällen mittels variantenspezifischer PCR kumuliert seit Meldewoche 46/2021.

	Nachweise (Seq.)		Verdacht (PCR)		Gesamt	
	Anzahl	Änderung zum Vortag	Anzahl	Änderung zum Vortag	Anzahl	Änderung zum Vortag
Berlin	267	+87	967	+157	1234	+244

Die folgende Tabelle beinhaltet Anzahl und Anteil der VOC in Berlin für die MW 51/2021. Die Daten setzen sich aus den Nachweisen mittels Gesamtgenomsequenzierung sowie den labordiagnostischen Verdachtsfällen aufgrund von variantenspezifischer PCR zusammen. Nicht gezeigt sind andere Varianten. Die Varianten, die sich aus den aufgeführten ableiten (Sublinien) werden unter den VOC zusammengefasst (Datenstand 28.12.2021).

	Alpha (B.1.1.7)		Delta (B.1.617.2)		Omikron (B.1.1.529)	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
Berlin	24	1,6 %	1.006	67,8 %	254	17,1 %

Berlin, den 6. Januar 2022

In Vertretung
Dr. Thomas Götz
Senatsverwaltung für Wissenschaft,
Gesundheit, Pflege und Gleichstellung