



# HESSISCHER LANDTAG

09. 04. 2021

## Kleine Anfrage

**Dr. Dr. Rainer Rahn (AfD) vom 19.01.2021**

**Sequenzanalyse von Mutanten des SARS-CoV-2-Virus**

**und**

**Antwort**

**Minister für Soziales und Integration**

### Vorbemerkung Fragesteller:

Das SARS-CoV-2-Virus liegt zwischenzeitlich in verschiedenen Mutationen vor, die sich hinsichtlich Infektiosität und Pathogenität unterscheiden. Um gezielt in das Pandemiegeschehen eingreifen zu können, ist eine genaue Kenntnis über neue Varianten, deren Vermehrung und Verbreitung erforderlich. Dies setzt eine Sequenzanalyse der verschiedenen Mutanten und einen schnellen Datenaustausch zwischen den verschiedenen Akteuren – v.a. RKI, Labore und Gesundheitsämter – voraus. Bislang existiert keine Strategie, um das Mutationsverhalten flächendeckend zu erfassen. In der Bundesrepublik werden derzeit nur etwa 0,2 % aller Proben genetisch identifiziert – viel zu wenig zum Aufbau einer effizienten Überwachungsstruktur.

Bereits vor der Pandemie war von der Deutschen Gesellschaft für Virologie (GfV) das Fehlen von Strukturen und unzureichende Ausstattung von Laboren kritisiert worden, mit denen Sequenzierung von Virusstämmen vorgenommen werden können. Offensichtlich gab es auch Vorschläge der GfV an die Bundesregierung, auf die jedoch nicht eingegangen wurde. Bislang haben Gesundheitsämter und RKI keine Laborstrukturen aufgebaut, mit denen Mutationen des SARS-COV-2-Virus identifiziert werden können. Somit fehlt jetzt die Datengrundlage zur Bewertung der Ausbreitung neuer Mutanten. Die Landesregierung führte am 05.11.2020 in ihrer Antwort zur kleinen Anfrage (Drucks. 20/2852) aus, dass „relevante Informationen wie z.B. zu neuen Subtypen des Virus (...) unmittelbar in die Planungen der hessischen Landesregierung miteinbezogen“ werden und bundesweit unterschiedliche Forschungsprojekte stattfinden, die das Virus in seinen Eigenschaften untersuchen.

Die Vorbemerkung des Fragestellers vorangestellt, beantworte ich die Kleine Anfrage wie folgt:

Frage 1. Welche Maßnahmen bzw. Initiativen hat die Landesregierung ergriffen, um eine Infrastruktur zur Sequenzanalyse einschl. des erforderlichen Datentransfers aufzubauen?

Mit Hilfe der Verordnung zur molekulargenetischen Surveillance des Coronavirus SARS-CoV-2 (Coronavirus-Surveillanceverordnung – CorSurV) des Bundesministeriums für Gesundheit vom 18. Januar 2021 wurde die Voraussetzung zur Etablierung der in der Frage angesprochenen Infrastruktur und die Regelung der Finanzierung der Laboranalyse geschaffen.

Frage 2. Wurden bzw. werden Verhandlungen zwischen der Landesregierung und der Bundesregierung sowie den Regierungen anderer Länder geführt, um möglichst schnell die unter 1. genannte Infrastruktur zu errichten?

Die Abstimmung zwischen den Bundesländern erfolgt auf der fachlichen Ebene unter Moderation des Robert Koch-Instituts (RKI) über die AG Infektionsschutz, eine Arbeitsgruppe der Arbeitsgemeinschaft der Obersten Landesgesundheitsbehörden (AOLG), dabei ist auch das Bundesministerium für Gesundheit (BMG) vertreten.

Frage 3. Falls 2. zutreffend: Mit welchem Ergebnis?

Das BMG hat die Coronavirus-Surveillanceverordnung erlassen und das RKI hat eine „Handlungsanleitung für primär diagnostizierende Labore zur Auswahl von SARS-CoV-2-positiven Proben für die Sequenzierung im Rahmen der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV)“ erstellt.

Befähigte Labore, in denen neben der zwischenzeitlich erfolgten technischen Ausstattung auch fachlich geeignetes Personal vorhanden ist, haben mit Hilfe der über die Coronavirus-Surveillanceverordnung zur Verfügung gestellten Mittel die Infrastruktur ausgebaut.

Der Aufbau einer Datenbank zur Erfassung der Sequenzierungsergebnisse erfolgt beim RKI.

Die Meldesoftware SurvNet des RKI wurde um Felder zum Eintrag von Ergebnissen der variantenspezifischen PCR und Sequenzierung erweitert.

Gleichzeitig wurde über die Coronavirus-Testverordnung die Finanzierung der variantenspezifischen PCR-Testung gesichert. Mit ihr lassen sich rasch, mit hoher Sicherheit und deutlich weniger Aufwand definierte Virusvarianten nachweisen. Dies hat eine hohe praktische Bedeutung für die Einschätzung der aktuellen Infektionssituation und die zu ergreifenden Maßnahmen. Dagegen ist die Gesamtgenomsequenzierung insbesondere von wissenschaftlichem Interesse, um die Viruslinien zu verfolgen und neue Varianten zu detektieren und zu definieren.

Frage 4. Falls 2. unzutreffend: Warum nicht?

Die Antwort erübrigt sich.

Frage 5. Welche finanziellen Mittel wird die Landesregierung kurzfristig zur Errichtung der unter 1. aufgeführten Infrastruktur zur Verfügung stellen?

Die Surveillance von SARS-CoV-2 wird durch Bundesmittel finanziert.

Frage 6. Ist der Landesregierung die Kritik der GfV hinsichtlich der unzureichenden Strukturen zur Sequenzanalyse sowie deren Aufforderung an die Bundesregierung zum Aufbau dieser Strukturen bekannt?

Der fachliche Kontext ist dem HMSI bekannt. Bei der Coronavirus-Surveillanceverordnung wurden die Kritikpunkte berücksichtigt.

Frage 7. Falls 6. zutreffend: Hat die Landesregierung im Sinne der Vorschläge der GfV bei der Bundesregierung interveniert?

Es wird auf die Antworten zu den Fragen 2 und 3 verwiesen.

Frage 8. Welche „relevante Informationen wie z.B. zu neuen Subtypen des Virus“ meint die Landesregierung in ihrer Antwort zur Anfrage Drucks. 20/2852 konkret?

Frage 9. Woher bezieht die Landesregierung die unter 8. aufgeführten Informationen?

Die Fragen 8 und 9 werden aufgrund des Sachzusammenhangs gemeinsam beantwortet.

Die Fachebene des Hessischen Ministeriums für Soziales und Integration ist durch intensive Vernetzung mit der Fachebene der Länder in der Arbeitsgruppe Infektionsschutz (AGI) der Arbeitsgemeinschaft der obersten Landesgesundheitsbehörden (AOLG), die vom Robert Koch-Institut (RKI) geleitet wird und an der auch das Bundesministerium für Gesundheit teilnimmt, immer über aktuelle Entwicklungen im Pandemiegeschehen und auf dem Gebiet der Virologie informiert. Hinzu kommen der Austausch mit Experten im Land aus Wissenschaft und Forschung, aber auch aus der medizinischen Versorgung, sowie die Literaturrecherche. Relevant sind dabei alle Erkenntnisse über Virusvarianten und deren eventuell geändertes Infektionsverhalten und ihre Pathogenität.

Es ist bekannt, dass Viren mutieren. Von Beginn der Entdeckung von SARS-CoV-2 an musste mit Mutationen im Erbgut gerechnet werden. In der Folge kommt es dann zu einer Verbreitung der Virusvarianten, die einen Selektionsvorteil haben, zum Beispiel eine leichtere Übertragbarkeit. Bis September 2020 waren bereits zahlreiche Mutationen bekannt. Aufsehen erregten zu diesem Zeitpunkt die Mutationen auf Nerzfarmen in Dänemark. Bis dahin waren aber keine Virusvarianten bekannt, die zu einer erhöhten Infektiosität beim Menschen führen.

Frage 10. Welche „bundesweit unterschiedliche Forschungsprojekte“ meint die Landesregierung in ihrer Antwort zur kleinen Anfrage Drucks. 20/2852 konkret?

Die Erkenntnisse aus den zahlreichen Forschungsvorhaben, die zum pandemischen Geschehen durch SARS-CoV-2, initiiert wurden, werden kontinuierlich in der AGI diskutiert und fließen in die Empfehlungen des RKI ein.

Auf folgende Quellen kann verwiesen werden:

➔ <https://www.gesundheitsforschung-bmbf.de/de/corona-aktuelles-aus-der-forschung-10857.php>