



Antwort der Landesregierung auf eine Kleine Anfrage zur schriftlichen Beantwortung

Abgeordneter Ulrich Siegmund (AfD)

Nach SARS-CoV-2 nun B.1.1.7 und B.1.351?

Kleine Anfrage - KA 7/4343

Vorbemerkung des Fragestellenden:

Zirkulierende SARS-CoV-2-Viren werden nun auch in Deutschland zunehmend an das Robert Koch-Institut (RKI) gemeldet. Es ist zu erwarten, dass auch in Sachsen-Anhalt Fälle und eventuell Ausbrüche durch die neuen Virusvarianten B.1.1.7 und B.1.351 auftreten werden.

Antwort der Landesregierung erstellt vom Ministerium für Arbeit, Soziales und Integration

- 1. Sind der Landesregierung bereits Fälle der oben genannten Virusmutationen bekannt? Wenn ja, bitte listen Sie diese nach Ort, Datum und Schweregrad der Erkrankung auf.**

In Sachsen-Anhalt sind Fälle der sogenannten Variants of Concern (VOC) aufgetreten. Mikrobiologisch lassen sich diese Varianten mit verschiedenen Verfahren nachweisen bzw. endgültig beweisen.

Mit Stand 02.03.2021 wurden in der Gesamtgenomsequenzierung 114 Mal die Variante B.1.1.7 und zwei Mal die Variante B1.351 nachgewiesen - im Einzelnen wie folgt:

Hinweis: Die Drucksache steht vollständig digital im Internet/Intranet zur Verfügung.
Bei Bedarf kann Einsichtnahme in der Bibliothek des Landtages von Sachsen-Anhalt erfolgen oder die gedruckte Form abgefordert werden.

(Ausgegeben am 11.03.2021)

Nachweis durch Sequenzierung

B.1.1.7

LK / Kreisfreie Stadt	Anzahl
Altmarkkreis Salzwedel	1
Anhalt-Bitterfeld	1
Börde	18
Burgenlandkreis	16
Harz	9
Jerichower Land	4
Mansfeld-Südharz	6
Saalekreis	1
Salzlandkreis	0
Stendal	23
Wittenberg	1
Dessau-Roßlau	0
Halle	0
Magdeburg	34
insgesamt	114

B.1.351

LK Börde	2
----------	---

Gesamtergebnis	116
-----------------------	------------

Der Schweregrad der Erkrankungen kann erst im weiteren klinischen Verlauf beurteilt werden; für eine endgültige klinische Beurteilung bedarf es eines größeren Kollektivs und sind noch zu wenige Daten bekannt.

2. Wie, wann und ab welchen Kriterien wird auf die Virusmutationen von SARS-CoV-2 getestet? Beschreiben Sie diesen Vorgang ausführlich.

Nur durch umfangreichere Genomsequenzierungen, verbunden mit der epidemiologischen Analyse der Daten, können neue Virusvarianten detektiert, Veränderungen hinsichtlich ihres Transmissionsverhaltens und der Schwere der durch sie verursachten Erkrankungen und der Krankheitslast gemessen und ggf. zielgerichtete Maßnahmen ergriffen werden.

Um die molekulare Surveillance in Deutschland über die bestehenden Aktivitäten des RKI 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.

Die Proben werden zum Teil zufällig und zum Teil bei einem epidemiologischen oder labordiagnostischen Verdacht ausgewählt.

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.

Der weitere Verlauf gliedert sich dabei in:

- Durchführung der Sequenzierung durch das primär diagnostizierende Labor selbst oder Einsendung zur Sequenzierung an kooperierende Laboratorien oder Einrichtungen;
- Übermittlung der rekonstruierten Sequenzdaten über die gemeinsame Datenbank (EHMS) an das RKI;
- Übermittlung des Befundes und der Integrierten Molekularen Surveillance-ID („Sequenzierungs-ID“) im Rahmen der § 7 IfSG-Meldung an das einsendende Gesundheitsamt.

Bei den zufällig ausgewählten und nach der CorSurV zur Sequenzierung einzusendenden Proben wird für das untersuchende Labor das folgende Schema empfohlen:

1. Alle in der jeweiligen Woche untersuchten Proben mit Ct-Wert ≤ 25 sollen in einer Liste aufgeführt und durchgehend nummeriert werden.
2. Aus dieser Liste sollen dann wahllos Nummern gezogen werden, 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 können, unabhängig von den zufällig ausgewählten Proben, zur Sequenzierung, Analyse und Befundung an die kooperierenden Einrichtungen/sequenzierenden Labore gesandt werden.

Die wichtigsten Indikatoren für das Vorliegen eines Verdachts auf eine Variante sind:

- Laborergebnisse (z. B. PCR-Ausfall im S-Gen, Nachweis der N501Y Mutation im S-Protein mittels spezifischer PCR oder Sanger Sequencing), andere auffällige Ergebnisse oder Probleme beim labordiagnostischen Nachweis;
- Hinweise auf eine Exposition gegenüber neuartigen Varianten von SARS-CoV-2, die aufgrund der notwendigen Zusatzinformationen vornehmlich für die Gesundheitsämter relevant sind. Diese können sein:
 - ein erhöhtes Übertragungspotenzial (z. B. Fall war selbst Kontaktperson eines Falles mit einer Variante);

- unerwartete Krankheitsschwere oder unerwarteter klinischer Verlauf;
- Impfdurchbrüche (Erkrankungsfälle bei Geimpften);
- ungewöhnliches Ausbruchsgeschehen (z. B. „super-spreading“ Ereignis, hohe sekundäre Erkrankungsrate bei Kindern);
- vermutete zoonotische Infektion;
- Verdacht auf Reinfektion;
- Aufklärung eines komplexen Infektionsgeschehens (z. B. mehrere mögliche Expositionen);
- Reiseanamnese (Aufenthalt in Ländern, in denen das Auftreten neuer Varianten bekannt geworden ist).

(Quelle: RKI „Handlungsanleitung für primärdiagnostizierende Labore zur Auswahl von SARS-CoV-2-positiven Proben für die Sequenzierung im Rahmen der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV)“, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Handlungsanleitung_Labore.html)

3. Hat die Landesregierung Kenntnis darüber, mit welcher Dynamik sich das mutierte Virus verbreitet? Bitte geben Sie Auskunft zu Ihren bisherigen Informationen und deren Quellen.

Die Landesregierung orientiert sich an den - auch der Öffentlichkeit zugänglichen - Berichten des RKI (siehe u. a. „2. Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur Variant of Concern (VOC) B.1.1.7“, (Quelle RKI: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Bericht_VOC_05022021.pdf?blob=publicationFile).

Die aktuellen Ergebnisse zeigen einen Anstieg und sind auf der Internetseite des RKI einsehbar.

4. Wie hoch schätzt die Landesregierung die Dunkelziffer, der mit dem mutierten Virus infizierten Patienten im Land Sachsen-Anhalt ein?

Eine seriöse Schätzung ist der Landesregierung nicht möglich.

5. Wurden oder werden durch die Landesregierung Virusmutationen für das Land Sachsen-Anhalt statistisch erfasst? Wenn ja, bitte die Statistik angeben. Wenn nein, bitte begründen.

Die Sequenzierungsergebnisse der Integrierten Molekularen Surveillance (IMS) werden durch die sequenzierenden Labore in eine gemeinsame Datenbank (DESH) des RKI eingepflegt und statistisch ausgewertet.

Des Weiteren werden in der Sequenzierung bestätigte Varianten in der Melde-Software SurVNet erfasst und können dadurch auf Bundeslandebene ausgelesen werden.

6. Hat die Landesregierung Kenntnisse darüber, ob der bisher angewandte Impfstoff von BioNTech/Pfizer und Moderna auch gegen die bekannten SARS-CoV-2-Mutationen wirksam ist?

Sowohl das Paul-Ehrlich-Institut als nationale Zulassungsbehörde für Impfstoffe als auch die Europäische Arzneimittel-Agentur (EMA - vgl. hier:

<https://www.ema.europa.eu/en/news/adapting-covid-19-vaccines-sars-cov-2-variants-guidance-vaccine-manufacturers>) sehen die beiden mRNA-Impfstoffe als wirksam gegen die in Rede stehenden Varianten an. Die EMA bescheinigt darüber hinaus eine Wirksamkeit gegen diese Varianten für den Vektor-Impfstoff von AstraZeneca.

- 7. Ist der Landesregierung bekannt, was genau die Virusmutationen B.1.1.7 und B.1.351 gefährlicher macht als das Ursprungsvirus SARS-CoV-2? Wenn ja, bitte erläutern. Wenn nein, bitte begründen.**

Zu den beiden genannten Varianten ist Folgendes anzumerken:

B.1.1.7: Im Dezember 2020 berichteten britische Behörden von einer neuen SARS-CoV-2-Virusvariante (Linie B.1.1.7), die sich seit September 2020 in Großbritannien ausbreitete. Nach derzeitigem Kenntnisstand ist sie noch leichter von Mensch zu Mensch übertragbar als bisher zirkulierende Varianten und weist eine höhere Reproduktionszahl auf, sodass ihre Ausbreitung schwerer einzudämmen ist. Während anfänglich nicht davon ausgegangen wurde, dass diese Variante schwerere Krankheitsverläufe verursacht, gibt es inzwischen - bei begrenzter Datenlage - Hinweise darauf, dass sie mit einer erhöhten Fallsterblichkeit einhergehen könnte.

B.1.351: Über diese Virusvariante aus Südafrika wurde ebenfalls erstmals im Dezember 2020 berichtet. Auch sie geht ersten Untersuchungen zufolge mit einer höheren Übertragbarkeit einher. Inzwischen wurden erste Studien veröffentlicht, die vermuten lassen, dass der Schutz durch neutralisierende Antikörper, eine Komponente der Immunabwehr, gegenüber dieser Variante reduziert sein könnte.

- 8. Wie bewertet die Landesregierung die Einsatzmöglichkeiten des in Russland genutzten Impfstoffes „Sputnik V“?**
- 9. Wäre der russische Impfstoff auch eine Variante für den bundesdeutschen Markt beziehungsweise für das Land Sachsen-Anhalt? Bitte begründen Sie Ihre Antwort.**

Die Fragen 8 und 9 werden aufgrund der inhaltsgleichen Zielrichtung zusammen beantwortet:

Solange der Impfstoff „Sputnik V“ keine gültige Zulassung der EMA besitzt, wird er in Deutschland und damit in Sachsen-Anhalt nicht zum Einsatz kommen. Entscheidend ist die reguläre Zulassung nach europäischem Recht. Erst wenn diese vorliegt, ist die Verwendung dieses Impfstoffs auch in Sachsen-Anhalt grundsätzlich denkbar.