



## **Aktuelle Stellungnahme der GfV zur Sequenzierung von SARS-CoV-2 in Deutschland**

22. Dezember 2020

Die rasche Ausbreitung einer neuen SARS-CoV-2 Variante in England, die sich hinsichtlich ihres Genoms deutlich von bisher zirkulierenden Varianten unterscheidet, wirft die Frage auf, ob diese Variante auch in Deutschland aufgetreten ist. Das Konsiliarlabor für Coronaviren hat gegenwärtig 834 Genomsequenzen von SARS-CoV-2 aus allen Teilen Deutschlands analysiert<sup>1</sup> ohne dabei auf die neue Variante gestoßen zu sein. Über 1400 Genomsequenzen und über 500 Teilsequenzen wurden in verschiedenen virologischen Instituten bestimmt. Auch dabei konnte die neue SARS-CoV-2 Variante nicht nachgewiesen werden. Die Sequenzierung gesamter Virusgenome und die bioinformatische Auswertung sind zeitaufwendige Prozesse, so dass aktuelle Geschehnisse nur unzureichend erfasst werden und alle vorhandenen Daten immer nur eine Momentaufnahme darstellen. Daher wird gegenwärtig mit Hochdruck an der Entwicklung von PCR Verfahren zum spezifischen Nachweis der neuen SARS-CoV-2 Variante gearbeitet, um die Verbreitung bzw. Ausbreitung dieser Variante gezielt und durch die Testung großer Probenzahlen effizient erfassen zu können.

Nach einer vorläufigen Risikoeinschätzung des European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) weist die neue Variante möglicherweise eine bis zu 70% höhere Übertragungsrate auf als bisher zirkulierende SARS-CoV-2 Varianten<sup>2</sup> (2). Diese Schätzung muss jedoch in weiteren Untersuchungen überprüft werden. Die GfV weist ferner darauf hin, dass eine raschere Ausbreitung des SARS-CoV-2 nicht notwendigerweise mit schwereren Krankheitsverläufen einhergehen muss. Sie macht aber nochmals deutlich, dass die Einhaltung von Hygienemaßnahmen dringlich geboten ist. Gleichzeitig zeigt das Auftreten dieser Virusvariante, dass die Bemühungen um eine systematische molekulare Surveillance in Deutschland dringend verstärkt werden sollte.

### **Der Vorstand der Gesellschaft für Virologie**

Prof. Dr. Ralf Bartenschlager, Universitätsklinikum Heidelberg

Prof. Dr. Thomas Stamminger, Universitätsklinikum Ulm

Prof. Dr. Ulf Dittmer, Universitätsklinikum Essen

Prof. Dr. Sandra Ciesek, Universitätsklinikum Frankfurt

Prof. Dr. Klaus Überla, Universitätsklinikum Erlangen

unter Beteiligung von:

Prof. Dr. Hartmut Hengel, Universitätsklinikum Freiburg

---

<sup>1</sup> <https://civnb.info/sequences/> (Stand 22.12.2020)

<sup>2</sup> <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/threat-assessment-brief-rapid-increase-sars-cov-2-variant-united-kingdom> (abgerufen am 22.12.2020)