

Molekularbiologie

Anpassung der SARS-CoV-2-Befunddarstellung

Sehr geehrte Einsender,

nach Jahren der Pandemie ist das SARS-Coronavirus-2 inzwischen zu einem endemischen Atemwegserreger unter vielen anderen geworden. So war SARS-CoV-2 über den Sommer nicht mehr der dominierende Erreger, sondern stattdessen wurden *Mycoplasma pneumoniae* und *Bordetella pertussis* vermehrt nachgewiesen.

Wir haben deshalb die Befunddarstellung der SARS-CoV-2-PCR-Ergebnisse an die **Darstellung** der anderen Erreger angepasst. Dies bedeutet u.a., dass wir nicht mehr die Ergebnisse von zwei SARS-CoV-2-Genen getrennt darstellen, sondern als **EIN** PCR-Ergebnis für SARS-CoV-2 übermitteln. Der Ct-Wert wird auch weiterhin auf dem Befund angegeben und an die Gesundheitsämter mit der DEMIS-Meldung übermittelt. Insgesamt werden die Befunde, insbesondere die der respiratorischen Multiplex-Panels, durch die veränderte Darstellung **übersichtlicher und kürzer**.

BEWERTUNG DES CT-WERTES

- Je **höher** der Ct-Wert, desto **niedriger** ist die Virusmenge in der untersuchten Probe.

Durch die Messung quantitativer Bezugsproben mit definiertem SARS-CoV-2-RNA-Gehalt kann eine Korrelation zwischen einer definierten SARS-CoV-2-Virusmenge (Kopien/ml) und dem Ct-Wert auf den verwendeten PCR-Systemen ermittelt werden. Eine Virus-Konzentration von 10^6 Kopien/ml wird als Grenze für eine erfolgreiche Virusanzucht aus Patientenmaterial angegeben (RKI, 2023). Für die in unserem Labor verwendeten PCR-Systeme entspricht der Ct-Wert von 26 oder höher einer Virusmenge von $< 10^6$ Kopien pro Milliliter.

Für Rückfragen stehen wir Ihnen gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüßen
Ihr MVZ Labor Ravensburg

Literatur:

Integration von SARS-CoV-2 als Erreger von Infektionen in der endemischen Situation in die Empfehlungen der KRINKO „Infektionsprävention im Rahmen der Pflege und Behandlung von Patienten mit übertragbaren Krankheiten“, Bundesgesundheitsbl 2023 · 66:1279-1301“