



## Anfragen zum Plenum zur Plenarsitzung am 24.02.2021 – Auszug aus Drucksache 18/14190 –

### Frage Nummer 56 mit der dazu eingegangenen Antwort der Staatsregierung

Abgeordneter  
**Markus  
Bayerbach**  
(AfD)

Angesichts der Tatsache, dass die britischen Gesundheitsbehörden in einer empirischen Vergleichsstudie zwischen zwei identisch zusammengesetzten Gruppen von einmal 1 769 auf die COVID-19-Variante B.1.1.7. Positivgetesteten und einmal 1 769 auf alle anderen Mutationen Positivgetesteten seit Dezember 2020 die Tatsachen ermittelten, dass erstens aus der Gruppe der B.1.1.7-Mutationen nur 16 ins Krankenhaus mussten und nur zwei sich re-infizierten und dass die „secondary attack-rate“ 12,9 betrug, während bei allen anderen Mutationen 26 ins Krankenhaus mussten, sich drei re-infizierten und die „secondary attack-rate“ 9,8 betrug<sup>1</sup>, dass der ehemalige Koordinator des Globalen Influenzaprogramms der WHO und ehemalige Manager im Pharma-Konzern Novartis und derzeitige Koordinator der fachbereichsübergreifenden „Arbeitsgruppe Corona-Strategie“ Dr. Klaus Stöhr, diese Fakten wie folgt bewertet „ In der Realität der Bekämpfung – ist die britische Variante – offensichtlich nicht so ansteckend wie befürchtet – , das ist ja auch das Entscheidende für den Schutz der Bevölkerung“<sup>2</sup>, , frage ich die Staatsregierung, welche empirischen Studien – also keine Modellrechnungen – sind der Staatsregierung bekannt oder hat sie selbst in Auftrag gegeben, die, ggf. im Vergleich zu anderen Mutationen, die tatsächliche Belastung der Krankenhäuser durch die so bezeichnete „Südafrika-Mutation“ zum Gegenstand hat und/oder die Anzahl der Re-Infektionen durch die so bezeichnete „Südafrika-Mutation“ zum Gegenstand hat und/oder die „secondary-attack-rate“ durch die so bezeichnete „Südafrika-Mutation“ zum Gegenstand hat (bitte diese Studien so identifizieren, dass sie durch den Fragesteller auffindbar sind), welche empirischen Studien – also keine Modellrechnungen – sind der Staatsregierung bekannt oder hat sie selbst in Auftrag gegeben, die – ggf. im Vergleich zu anderen Mutationen – die tatsächliche Belastung der Krankenhäuser durch die so bezeichnete „Brasilien-Mutation“ zum Gegenstand

<sup>1</sup> [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/949639/Technical\\_Briefing\\_VOC202012-2\\_Briefing\\_2\\_FINAL.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/949639/Technical_Briefing_VOC202012-2_Briefing_2_FINAL.pdf) auch <https://www.gov.uk/government/publications/investigation-of-novel-sars-cov-2-variant-variant-of-concern-20201201>

<sup>2</sup> <https://www.blick.ch/ausland/deutscher-epidemiologe-widerspricht-der-corona-taskforce-die-virus-ausbreitung-hat-sich-nicht-beschleunigt-id16343452.html>

hat und/oder die Anzahl der Re-Infektionen durch die so bezeichnete „Brasilien-Mutation“ zum Gegenstand hat und/oder die „secondary-attack-rate“ durch die so bezeichnete „Brasilien-Mutation“ zum Gegenstand hat (bitte diese Studien so identifizieren, dass sie durch den Fragesteller auffindbar sind), welche empirischen Studien – also keine Modellrechnungen – sind der Staatsregierung bekannt oder hat sie selbst in Auftrag gegeben die den Einfluss von Impfstoffen – ggf. auf die tatsächliche Belastung der Krankenhäuser und/oder die Anzahl der Re-Infektionen und/oder die „secondary-attack-rate“ bei mit COVID-19 infizierten Personen ggf. unter Berücksichtigung der so bezeichneten „Brasilien-Mutation“, „Großbritannien-Mutation“, „Südafrika-Mutation“ zum Gegenstand haben (bitte diese Studien so identifizieren, dass sie durch den Fragesteller auffindbar sind)?

### **Antwort des Staatsministeriums für Gesundheit und Pflege**

Neben der höheren Übertragbarkeit gibt es, bei noch begrenzter Datenlage, Hinweise auf eine veränderte Krankheitsschwere in Folge einer Infektion mit der **britischen SARS-CoV-2-Variante B.1.1.7.**, sodass Infektionen mit dieser Variante mit erhöhter Fallsterblichkeitsrate einhergehen könnten.

Eine erhöhte Übertragungsrate von B.1.1.7 ist im aktuellen Bericht von Public Health England (PHE) beschrieben: „Investigation of novel SARS-CoV-2 variant Variant of Concern 202012/01“ (Technical Briefing Nummer 5), die erhöhte Fallsterblichkeit in der Veröffentlichung des European Centre for Disease Prevention and Control: Rapid increase of a SARS-CoV-2 variant with multiple spike protein mutations observed in the United Kingdom – 20 December 2020. ECDC THREAT ASSESSMENT BRIEF. Die Kontaktnachverfolgungsdaten von Public Health England zeigen eine höhere Rate an infizierten Kontaktpersonen [1361/9228 (15Prozent) VOC-Kontakte vs. 1244/11269 (11Prozent) non-VOC-Kontakte], sodass man mittlerweile davon ausgeht, dass die neue Variante eine leichtere Übertragbarkeit aufweist. [Public Health England (2021). Investigation of novel SARS-CoV-2 variant. Variant of Concern 202012/01. Technical briefing 3.] Das Spike-Protein ist nach derzeitigem Kenntnisstand die wichtigste Zielstruktur für die Wirkung neutralisierender Antikörper. Polymorphismen in diesem Protein könnten sich daher auf die Effektivität der Impfantwort auswirken. Erste in vitro Untersuchungen deuten darauf hin, dass die zugelassenen mRNA-Impfstoffe auch gegen Viren der B.1.1.7 Variante effektiv wirken [Muik, A., Wallisch, A.-K., Sängler, B., Swanson, K.A., Mühl, J., Chen, W., Cai, H., Sarkar, R., Türeci, Ö., Dormitzer, P.R., et al. (2021); Neutralization of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 pseudovirus by BNT162b2 vaccine-elicited human sera. bioRxiv, 2021.2001.2018.426984].

Das vermehrte Auftreten einer weiteren SARS-CoV-2-Variante wurde im Dezember 2020 in **Südafrika (B.1.351, 501Y.V2)** berichtet, die zahlreiche Mutationen im S Protein aufweist [L18F, D80A, D215G, R246I, K417N, E484K, N501Y, A701V], darunter drei Aminosäureaustausche im Bereich der Rezeptor-bindenden-Domäne (K417N, E484K und N501Y). In welchem Ausmaß die Ausbreitung der 501Y.V2 Variante in Südafrika durch veränderte Erregereigenschaften (z. B. Bindungsaffinität am Rezeptor) mitbedingt ist, lässt sich anhand der derzeitigen Datenlage nicht mit Gewissheit sagen. Auch für diese Variante wird erhöhte Transmissibilität diskutiert [Tegally, H., Wilkinson, E., Giovanetti, M., Iranzadeh, A., Fonseca, V., Giandhari, J., Doolabh, D., Pillay, S., San, E., Msomi, N., et al. (2020); Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in South Africa]. Die Polymor-

phismen K417N und E484K reduzieren die Sensitivität gegen neutralisierende Antikörper, was auf reduzierte Schutzwirkung der Immunantwort nach Infektion mit Wildtypvirus bzw. Impfung hindeuten kann [Andreano, E., Piccini, G., Licastro, D., Casalino, L., Johnson, N.V., Paciello, I., Monego, S.D., Pantano, E., Manganaro, N., Manenti, A., et al. (2020). SARS-CoV-2 escape *in vitro* from a highly neutralizing COVID-19 convalescent plasma. bioRxiv, 2020.2012.2028.424451; Greaney, A.J., Loes, A.N., Crawford, K.H.D., Starr, T.N., Malone, K.D., Chu, H.Y., and Bloom, J.D. (2021). Comprehensive mapping of mutations to the SARS-CoV-2 receptor-binding domain that affect recognition by polyclonal human serum antibodies. bioRxiv, 2020.2012.2031.425021; Wang, Z., Schmidt, F., Weisblum, Y., Muecksch, F., Barnes, C.O., Finkin, S., Schaefer-Babajew, D., Cipolla, M., Gaebler, C., Lieberman, J.A., et al. (2021). mRNA vaccineelicited antibodies to SARS-CoV-2 and circulating variants. bioRxiv, 2021.2001.2015.426911, Weisblum, Y., Schmidt, F., Zhang, F., DaSilva, J., Poston, D., Lorenzi, J.C., Muecksch, F., Rutkowska, M., Hoffmann, H.H., Michailidis, E., et al. (2020). Escape from neutralizing antibodies by SARS-CoV-2 spike protein variants. *Elife* 9.]

Im **brasilianischen Staat** Amazonas zirkuliert eine **SARS-CoV-2-Variante**, die von der Linie B.1.1.28 abstammt, und auch als P.1 (501Y.V.3) bezeichnet wird. Sie weist ebenfalls eine Reihe von SProtein Polymorphismen auf. Daher werden auch für diese Variante eine erhöhte Transmissibilität bzw. verringerte Effektivität neutralisierender Antikörper diskutiert [Faria, N.R., Morales Claro, I., Candido, D., Moyses Franco, L.A., Andrade, P.S., Coletti, T.M., Silva, C.A.M., Sales, F.C., Manuli, É.R., Aguiar, R.S., et al. (2021). Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings.]