

Fuldaer Gesundheitsberichte

Corona-Ausgabe 20



+++ Gesundheitsberichte + Statistik + Hygiene + Gesetze + RKI-kompakt + News + Termine +++

Besorgniserregende Virusvarianten (Variant of Concern, VOC) des SARS-CoV-2-Virus sind eine Herausforderung für die Eindämmung der Corona-Pandemie. Betroffen sind Alten- und Pflegeheime, medizinische Einrichtungen, der öffentliche Gesundheitsdienst und schließlich die gesamte Gesellschaft. Aus diesem Grund werden im vorliegenden Newsletter Informationen zu VOC zusammengeführt.

Variants of Concern

Grundlagen

SARS-CoV-2 (Severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2) ist ein neues Coronavirus und Erreger der in 2019 begonnenen Corona-Pandemie. Coronaviren sind membranumhüllte RNA-Viren und besitzen das größte bekannte Genom aller RNA-Viren. Seit Beginn der Zirkulation von SARS-CoV-2 im Menschen erwerben die Viren eine zunehmende Anzahl von polymorphen Nukleotidpositionen (Unterschiede an definierten Stellen der Viren-RNA) in verschiedenen Leserastern des viralen Genoms anhand derer die Viren in Clades bzw. Linien unterteilt werden können. Es wird derzeit intensiv geforscht, ob bzw. in welcher Form sich bestimmte Mutationen auf die Eigenschaften des Virus wie z.B. Übertragbarkeit, Virulenz oder Entwicklung einer Immunität auswirken.

Für die Änderung von Eigenschaften können Mutationen der Oberflächenproteine verantwortlich sein. Hierzu gehört das sogenannte Spike(S)-Protein, welches für den Eintritt in die Wirtszelle verantwortlich ist. Virusvarianten, die die Spike-Mutation D614G aufweisen, waren zu Beginn der Pandemie noch selten, herrschen aber mittlerweile weltweit vor, was auf eine erhöhte Übertragbarkeit zurückgeführt wird. Jedoch liegt kein Anhalt für schwerere klinische Verläufe beim Menschen vor.

Seit Ende 2020 treten einzelne Virusvarianten auf, welche aus infektionshygienischer Sicht besorgniserregende Eigenschaften besitzen (Variants of Concern,

Glossar

Nukleotid und Nukleotidsequenz

Ein einzelner Baustein der Erbsubstanz; die Abfolge der Bausteine wird als Nukleotidsequenz bezeichnet. Die Reihenfolge kann aufwändig durch die Vollgenomsequenzierung bestimmt werden; die Nukleotidsequenz des SARS-CoV-2-Virus besteht aus ca. 30.000 Nukleotiden

Vollgenomsequenzierung

Analyse des kompletten Erbgutes (der Abfolge aller Nukleotide), erst so kann sicher gesagt werden, dass zwei Viren gleich sind, bzw. es kann klar zwischen verschiedenen Linien unterschieden werden.

Clade/Linie

Ausgehend von Gemeinsamkeiten und Unterschieden in der Nukleotidsequenz lassen sich Abstammungen und Linien der SARS-CoV-2-Viren aufzeigen. Diese Linien werden als Clades bezeichnet.

Spike-Protein

Ein Virusprotein an der Virusoberfläche mit der Funktion der Andockstelle an die Wirtszelle

N501Y-Mutation

Durch eine Mutation wurde die Nukleotidsequenz von SARS-CoV-2 so geändert, sodass das Spike-Protein an der Stelle 501 anstatt Asparagin (N) die Aminosäure Tyrosin (Y) besitzt. Die verschiedenen Mutationen mit diesem Ergebnis werden durch eine Versionsnummer unterschieden, z. B. N501Y.V1 für die britische Variante.

kurz VOC). Alle im Folgenden genannten Varianten weisen unterschiedliche Mutationen im Spike-Protein auf (N501Y.V1-3):

Britische Variante (B.1.1.7)

Im Dezember 2020 berichteten britische Behörden von dieser neuen SARS-CoV-2-Virusvariante, die sich seit September 2020 in Großbritannien ausbreitet. Sie ist noch leichter von Mensch zu Mensch übertragbar als die zuvor zirkulierenden Varianten und weist eine 1,5-fache erhöhte Reproduktionszahl auf, so dass ihre Ausbreitung schwerer einzudämmen ist. Es gibt Hinweise darauf, dass sie mit einer erhöhten Fallsterblichkeit in allen Altersgruppen einhergeht. Hinweise auf eine substantiell verringerte Wirksamkeit der Impfstoffe gibt es bislang nicht. Bei B.1.1.7 E484K handelt es sich um eine Sonderform der Variante, die mehrfach in Großbritannien nachgewiesen wurde, derzeit aber noch als selten gilt. Sie weist eine zusätzliche Mutation auf (E484K), die auch in den Varianten B.1.351 und P.1 auftritt (siehe unten) und das Virus unempfindlicher gegen bereits gebildete neutralisierende Antikörper macht. Deswegen wird vermutet, dass die derzeit erhältlichen Impfstoffe gegen diese Variante eine geringere Wirksamkeit aufweisen könnten.

Südafrikanische Variante (B.1.351, 501Y.V2)

Über diese Virusvariante aus Südafrika wurde ebenfalls erstmals im Dezember 2020 berichtet. Mehrere Studien

weisen auch darauf hin, dass Menschen, die mit der ursprünglichen Variante infiziert waren oder einen auf dieser beruhenden Impfstoff erhalten haben, weniger gut vor einer Infektion mit B.1.351 geschützt sind, da die neutralisierenden Antikörper, die das Immunsystem gebildet hat, gegen das veränderte Virus weniger wirksam sind. Auch für diese Variante wird eine höhere Übertragbarkeit diskutiert.

Brasilianische Variante (P.1, 501Y.V.3)

Diese von der Linie B.1.1.28 abstammende SARS-CoV-2-Variante wurde erstmals im brasilianischen Staat Amazonas nachgewiesen und ähnelt in ihren Veränderungen der südafrikanischen Variante. Aufgrund von bestimmten Mutationen wie E484K, die u.a. auch in B.1.351 präsent sind, wird für diese Variante eine Reduktion der Wirksamkeit neutralisierender Antikörper bei Genesenen bzw. Geimpften angenommen. Eine erhöhte Übertragbarkeit wird ebenfalls als denkbar erachtet.

Quellen:

RKI (2021): SARS-CoV-2: [Virologische Basisdaten sowie Virusvarianten](#) (Stand: 18.03.2021, abgerufen 21.03.2021)

RKI (2021): [Epidemiologischer Steckbrief zu SARS-CoV-2 und COVID-19](#) (Stand: 18.03.2021, abgerufen: 21.03.2021)

RKI (2021): [Übersicht und Empfehlungen zu besorgniserregenden SARS-CoV-2-Virusvarianten \(VOC\)](#) (Stand: 15.03.2021, abgerufen: 21.03.2021)

Labordiagnostische Untersuchungen

Wie werden VOC bestimmt

Zur Beobachtung und Feindifferenzierung der in Deutschland zirkulierenden SARS-CoV-2-Varianten erfolgt im Rahmen einer Molekularen Surveillance eine tiefergehende Analyse entsprechend geeigneter SARS-CoV-2-positiver Proben. Besondere Aufmerksamkeit beanspruchen Varianten, die Änderungen von Erregereigenschaften aufweisen, die sich auf die Übertragbarkeit, die Sensitivität der Diagnostik, die Schwere des klinischen Verlaufes oder die Immunität nach Genesung oder Impfung auswirken.

Die Sequenzdaten für die Analyse von Diversität und Evolution von SARS-CoV-2 in Deutschland werden aus folgenden Quellen am RKI zusammengeführt:

- (i) der öffentlichen Sequenzdatenbank der [Global Initiative for Sharing All Influenza Data \(GISAID\)](#), in der viele in Deutschland und international gewonnene Genomsequenzen des SARS-CoV-2 veröffentlicht werden
- (ii) den Sequenzdaten des Konsiliarlabors für Coronaviren, die vom Virologischen Institut der Charité unter <https://civnb.info/sequences/> der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt werden
- (iii) den am RKI sequenzierten SARS-CoV-2-Proben aus der virologischen Surveillance des deutschen Sentinels für Akute Respiratorische Erkrankungen mit Schwerpunkt Influenza

(iv) den am RKI sequenzierten Proben aus dem Projekt zur integrierten molekularen Surveillance von SARS-CoV-2 (IMS SARS-CoV-2)

(v) den Sequenzdaten, die im Rahmen der Amtshilfe zur Unterstützung von Ausbruchuntersuchungen oder Studien gewonnen werden.

Um die Datenbasis zur Erkennung neuer SARS-CoV-2-Varianten in Deutschland schnell und umfassend zu erweitern, wird empfohlen, dass alle Labore, die SARS-CoV-2-Sequenzdaten aus ihren Proben erheben, eine Veröffentlichung bei GISAID ermöglichen (zur Registrierung: <https://www.gisaid.org/registration/register/>). Auf die CoronaSurvV wird ausdrücklich hingewiesen. In diesem Zusammenhang listet die Handlungsanleitung für primärdiagnostizierende Labore Kriterien zur Probenauswahl und gibt Hinweise zur Durchführung von Sequenzierung und Datenübermittlung an das RKI im Zusammenhang des Deutschen Elektronischen Sequenzdaten-Hubs (DESH).

PCR-Assays

Für die zeitnahe Erkennung der o.g. Variants of Concern (VOC) gibt es PCR-Assays, welche z.B. über eine Schmelzkurvenanalyse eine erste Einordnung ermöglichen.

Als Screeningtest bieten sich Assays zur Detektion der N501Y-Mutation an, da

(1) alle oben genannten, von der WHO ausgewiesenen VOC, die N501Y-Mutation aufweisen, und es sich

(2) derzeit bei Viren mit N501Y-Mutation in den meisten Fällen um eine der drei VOCs handelt.

Diese Assays eignen sich ggf. auch zur Untersuchung gepoolter Proben. Sie erfassen alle Viren mit einer N501Y-Mutation, inklusive der oben genannten Varianten, **können aber nicht zwischen verschiedenen Varianten differenzieren.**

Liegt eine N501Y-Mutation vor, dann sollte eine weitere Charakterisierung erfolgen, zumal es mittlerweile Berichte, auch aus Deutschland, über vereinzelte SARS-CoV-2-Viren gibt, die keiner der drei Linien B.1.1.7, B.1.351 oder P.1 zugeordnet werden, aber den 501Y-Genotyp tragen. Weitere Analysen zu derartigen Viren, deren Genom in GISAID eingestellt sind, können auf einer Webseite des Scripps Research Institutes abgerufen werden (<https://outbreak.info/situation-reports#custom-report>).

Genotypisierungsassays und Sequenzierung

Zur weiteren Charakterisierung kommen etwa PCR-basierte Genotypisierungsassays und/oder die Sequenzierung zum Einsatz. PCR-basierte Genotypisierungsassays detektieren ausgewählte Mutationen, deren kombiniertes Auftreten kennzeichnend für bestimmte VOC ist. Sie ermöglichen eine zeitnahe erste Einschätzung, sind jedoch kein Ersatz für eine Sequenzierung, welche die genaueste Methode für die phylogenetische Einordnung

und die Erkennung weiterer Mutationen darstellt. Darüber hinaus dient die Surveillance zufällig ausgewählter Proben der Erkennung weiterer Veränderungen des Virus in der Population.

Hinweis, Verdacht und Nachweis

Die unterschiedlichen Nachweismethoden können als unterschiedliche Grade der Evidenz für einen VOC-Nachweis gesehen werden:

Die Meldung positiver N501Y-Testergebnisse erfolgt im Rahmen der Nachmeldung von Typisierungsergebnissen und kann als **Hinweis auf das Vorliegen einer VOC** gewertet werden.

Erfolgt die anschließende Charakterisierung anhand weiterer Genotypisierungs-PCRs, welche beispielsweise die 69/70-Deletion, die E484K-Mutation und/oder die K417N-Mutation detektieren, so kann dies zu einem **labormedizinisch begründeten Verdacht auf eine VOC** führen.

Erfolgt eine Variantenzuordnung anhand einer Sequenzierung, so stellt das Ergebnis den **Nachweis** einer Variante dar.

Ist die labormedizinische Untersuchung auf das Vorliegen einer VOC erfolgt, dann sollten Methodik, Ergebnis und Interpretation der Untersuchung deutlich aus dem Befund ersichtlich werden. (siehe

Tabelle 1). Dies betrifft auch die Inhalte für die Meldung an das Gesundheitsamt.

Tabelle 1: Im Zusammenhang der Untersuchung auf VOCs für die Befunderstellung relevante Informationen anhand von Beispielen¹

Methodik	Beispiel	Ergebnis und Interpretation*
N501Y-Assay	Detektion der N501Y-Mutation	Vorliegen der N501Y-Mutation. Hinweis auf VOC.
PCR-basierter Genotypisierungsassay: Feststellung von Mutationen, deren kombiniertes Auftreten kennzeichnend für eine bestimmte VOC ist	Detektion von N501Y-Mutation und H69/V70-Deletion	Vorliegen der N501Y und delH69/V70-Mutation. Labormedizinisch begründeter Verdacht auf SARS-CoV-2 der Linie B.1.1.7, bei der es sich um eine VOC handelt.
	Detektion von N501Y-Mutation, E484K-Mutation und K417N-Mutation	Vorliegen der N501Y-, E484K- und K417N-Mutation. Labormedizinisch begründeter Verdacht auf SARS-CoV-2 der Linie B.1.351, bei der es sich um eine VOC handelt.
Gesamtgenomsequenzierung	Feststellung der Linie B.1.1.7	Nachweis von SARS-CoV-2 der Linie B.1.1.7. Es handelt sich um eine VOC.
	Feststellung der Linie B.1.160	Nachweis von SARS-CoV-2 der Linie B.1.160. Es handelt sich um keine VOC.

* **Fett** gekennzeichnet sind Informationen zu Methodik, Ergebnis und Interpretation, die im Befund genannt werden sollten.

Eine Übersicht sequenzierender Labore in Deutschland findet sich z.B. unter: <https://www.corona-diagnostik-insights.de/vollgenomsequenzierungslabore/>.¹

¹ RKI (2021): [Hinweise zur Testung von Patienten auf Infektion mit dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2](#) (Stand: 12.02.2021, abgerufen: 28.02.2021)

Kontaktpersonen unter Personal der kritischen Infrastruktur bei Personalmangel

Keine Anpassungen der Maßnahmen empfohlen

Für Personal in Arztpraxen, und Krankenhäusern sowie in Alten- und Pflegeeinrichtungen sehen die Empfehlungen des RKI zur Sicherstellung der medizinischen Versorgung bei akutem Personalmangel die Möglichkeit vor, dass diese Kontaktpersonen unter Auflagen weiterhin arbeiten können.

Bei VOC-Infektionen oder dem diesbezüglichen Verdacht empfiehlt das RKI allerdings diese Möglichkeit NICHT anzuwenden. Quarantänemaßnahmen können nicht verkürzt werden und die Dauer der Selbstbeobachtung für Personal in Alten- und Pflegeeinrichtungen gilt noch eine Woche über das Quarantäneende hinaus.^{1,2,3}

¹ RKI (2021): [Optionen zum Management von Kontaktpersonen unter Personal der kritischen Infrastruktur bei Personalmangel](#) (Stand: 03.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

² RKI (2021): [Optionen zur vorzeitigen Tätigkeitsaufnahme von Kontaktpersonen unter medizinischem Personal in Arztpraxen und Krankenhäusern bei relevantem Personalmangel](#) (Stand: 03.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

³ RKI(2021): [Optionen zum Management von Kontaktpersonen unter medizinischem und nicht medizinischem Personal in Alten- und Pflegeeinrichtungen bei Personalmangel](#) (Stand: 03.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

Auswirkungen auf das Kontaktpersonenmanagement

Keine Verkürzungen der Quarantäne

Im Kontaktpersonenmanagement werden zwei Kategorien von Kontakten unterschieden^{1,2}:

Kontakte der Kategorie I besitzen ein höheres Infektionsrisiko (z.B. mind 15 Minuten direkter Gesichtskontakt, Kontakte zu Sekreten oder mind. 30 Minuten in Räumen mit hoher Konzentration infektiöser Aerosole). Kontaktpersonen der Stufe I werden getestet, müssen in häusliche Quarantäne und fallen unter die Gesundheitsüberwachung.

Kontakte der Kategorie II besitzen ein geringeres Infektionsrisiko (kumulativ weniger als 15 Minuten Gesichtskontakt, unter 30 Minuten Exposition in Räumen mit hoher Konzentration infektiöser Aerosole oder Kontakte unter 1,5 m Abstand bei beidseitigem Tragen von Mund-Nasen-Schutz oder Mund-Nasen-Bedeckung). Kontaktpersonen der Kategorie II werden nur aufgefordert, ihre Kontakte für 14 Tage zu reduzieren.

Die Kriterien sind nicht als scharf zu betrachten, sondern müssen im Einzelfall abgewogen werden. Gemäß den Empfehlungen hat im Zweifelsfall eine Einordnung in die Kategorie I zu erfolgen. Dies gilt insbesondere bei Verdacht auf Vorliegen einer VOC.

¹ RKI (2021): [Optionen zum Management von Kontaktpersonen unter Personal der kritischen Infrastruktur bei Personalmangel](#) (Stand: 03.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

² RKI (2021): [Optionen zur vorzeitigen Tätigkeitsaufnahme von Kontaktpersonen unter medizinischem Personal in Arztpraxen](#)

Aufgrund der beobachteten Zunahme der besorgniserregenden SARS-CoV-2-Varianten entfällt aufgrund derzeit fehlender Daten, mindestens so lange bis mehr Erfahrungen vorliegen, die Möglichkeit einer Verkürzung der häuslichen Absonderung durch einen negativen SARS-CoV-2-Test, unabhängig vom Vorliegen eines Hinweises auf oder dem Nachweis von besorgniserregenden Varianten. Zum Ende der Quarantäne sollte nach Maßgaben des zuständigen Gesundheitsamts vor Entlassung aus der Quarantäne ein Antigenschnelltest oder PCR-Nachweis durchgeführt werden.

Für Kontaktpersonen, die eine SARS-CoV-Infektion schon durchgemacht haben gilt: Bei Verdacht auf eine Infektion mit einer der besorgniserregenden SARS-CoV-2-Varianten ist eine erneute Quarantäne grundsätzlich immer empfohlen, unabhängig vom zeitlichen Abstand zu der vorherigen SARS-CoV-2-Infektion.

¹ RKI (2021): [Kontaktpersonen-Nachverfolgung bei SARS-CoV-2-Infektionen](#) (Stand: 05.03.2021, abgerufen: 21.03.2021)

² RKI (2021): [Kontaktpersonennachverfolgung bei SARS-CoV-2-Infektionen](#) (Flyer, Stand: 05.03.2021, abgerufen 21.03.2021)

[und Krankenhäusern bei relevantem Personalmangel](#) (Stand: 03.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

³ RKI(2021): [Optionen zum Management von Kontaktpersonen unter medizinischem und nicht medizinischem Personal in Alten- und Pflegeeinrichtungen bei Personalmangel](#) (Stand: 03.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

Hinweise für Einrichtungen des Gesundheitswesens sowie Alten- und Pflegeeinrichtungen und Einrichtungen für Menschen mit Beeinträchtigungen und Behinderungen

Laboruntersuchungen und Kohortierungen

Ziel aller folgender Maßnahmen ist die Weiterverbreitung von VOC zu unterbinden¹:

Bei stationärer Aufnahme in ein Krankenhaus ist bei Verdacht auf eine VOC die Sequenzierung empfohlen. Ein Verdacht kann aufgrund epidemiologischer, labordiagnostischer oder reiseanamnestischer Hinweise aufkommen.

Im Rahmen der Kohortierung sollte eine getrennte Isolierung/Kohortierung von Patientinnen und Patienten mit Verdacht auf eine SARS-CoV-2-VOC-Infektion erfolgen. *Bei Verdacht auf (z.B. entsprechende Auslandsanamnese) oder nachgewiesener Infektion mit einer dieser Varianten (VOC) wird daher vorsorglich und unabhängig von Schwere der Erkrankung, Hospitalisierung und Alter eine 14-tägige Isolierung und eine Testung mittels Antigentest oder PCR-Untersuchung vor Entisolierung empfohlen.*²

Auch die Empfehlungen des RKI für Alten- und Pflegeeinrichtungen und Einrichtungen für Menschen mit Beeinträchtigungen und Behinderungen sehen im Falle des Auftretens von VOC eine Erweiterung der Kohortierung vor: Sollen schon bisher bei SARS-CoV-2-Nachweisen drei Bereiche räumlich und personell voneinander abgegrenzt werden (Nicht-Fälle, Verdachtsfälle und COVID-19-Fälle), soll im Falle des Vorliegens von VOC (oder aber einer anderen Infektionskrankheit wie Influenza) ein weiterer separater Bereich eingerichtet werden.^{3,4}

Corona und Reisen

Die umfangreichen Regelungen zur Ein- und Ausreise sind auf der Website des Auswärtigen Amtes zusammengefasst.: [Fragen und Antworten bei Einreisen aus Risiko-, Hochinzidenz- und Virusvarianten-Gebieten](#). Virusvariantengebiete sind Gebiete, in denen eine Virusvariante (Mutation) des Coronavirus SARS-CoV-2 verbreitet aufgetreten ist, die nicht zugleich in Deutschland verbreitet auftritt und von der anzunehmen ist, dass von ihr ein besonderes Risiko ausgeht. Das Land Hessen erstellte eine [Übersicht wichtiger hessischer Quarantäneregeln für Risikogebiete, Hochinzidenzgebiete](#) (Stand 28.01.2021).

Daten zu [Virusvarianten Gebieten, Hochinzidenzgebieten und Risikogebieten](#) finden Sie auf der Website des RKI.

¹ RKI (2021): [Organisatorische und personelle Maßnahmen für Einrichtungen des Gesundheitswesens sowie Alten- und Pflegeeinrichtungen während der COVID-19-Pandemie](#) (Stand: 11.02.2021, abgerufen: 28.02.2021)

² RKI (2021): [COVID-19: Entlassungskriterien aus der Isolierung](#) (Stand: 26.02.2021, abgerufen: 28.02.2021)

³ RKI (2021): [Prävention und Management von COVID-19 in Alten- und Pflegeeinrichtungen und Einrichtungen für Menschen mit Beeinträchtigungen und Behinderungen](#) (V19, Stand: 26.02.2021, abgerufen 28.02.2021)

⁴ RKI (2021): [Wie schützen Sie die Menschen in Ihrer Pflegeeinrichtung vor SARS-CoV-2?](#) (Stand: 17.02.2021, abgerufen: 28.02.2021)

Daten zu VOC

Aktuelles Fazit aus der Laborsurveillance am RKI

Weltweit kommen verschiedene Virusvarianten vor, darunter momentan drei besorgniserregende Virusvarianten (Variants Of Concern, VOC): Die Viren der Linie B.1.1.7 (erstmalig nachgewiesen in Großbritannien), der Linie B.1.351 (erstmalig nachgewiesen in Südafrika) und der Linie P.1 (zirkuliert hauptsächlich im brasilianischen Bundesstaat Amazonas). Mit verstärkter Probensequenzierung und Datenerfassung im Deutschen elektronischen Sequenzdaten-Hub (DESH) (www.rki.de/covid-19-desh) wird das Infektionsgeschehen im Rahmen der Integrierten Molekularen Surveillance (IMS) intensiv beobachtet.

Auch in Deutschland sind seit Dezember 2020 Infektionen mit VOC nachgewiesen worden, v.a. der Variante B.1.1.7. Die bisher vorliegenden Daten und Analysen zeigen, dass sich der Anteil der VOC B.1.1.7 in den letzten Wochen deutlich erhöht hat. Die Virusvariante B.1.1.7 wird aktuell bei > 50 % der untersuchten positiven Proben in Deutschland gefunden. Das ist besorgniserregend, weil die Variante B.1.1.7 nach bisherigen Erkenntnissen deutlich ansteckender ist und vermutlich etwas schwerere Krankheitsverläufe verursacht als andere

Datenquellen des RKI für VOCs

In fünf **Laborverbänden** werden SARS-CoV-2-positive Proben auf das Vorkommen von VOCs untersucht. Die Ergebnisse werden an das RKI gemeldet.

Es gibt klinische Labore, ambulante Labore, Labore in Universitätskliniken und Labore in Forschungseinrichtungen, die auf SARS-CoV-2 testen und ihre Proben auf das Vorkommen von VOCs untersuchen. Einige dieser Labore melden dem RKI wöchentlich diese Zahlen (**RKI-Testzahlerfassung**).

Das RKI sequenziert SARS-CoV-2-positive Proben oder erhält die **Genomsequenzen** von seinem Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 oder über den Deutschen Elektronischen Sequenzdaten-Hub (DESH).

Die Anzahl der Nachweise und Verdachtsfälle von VOCs werden dem RKI mit den **Fallmeldungen gemäß Infektionsschutzgesetzes**, IfSG, übermittelt.

Varianten. Alle Impfstoffe, die aktuell in Deutschland zur Verfügung stehen, schützen nach derzeitigen Erkenntnissen sehr gut vor einer Erkrankung durch die in Deutschland hauptsächlich zirkulierende Variante B.1.1.7, und sie schützen auch vor schweren Erkrankungen durch die anderen Varianten. Nicht notwendige Reisen sollten weiterhin, insbesondere aufgrund der zunehmenden Verbreitung der besorgniserregenden Virusvarianten, unbedingt vermieden werden.¹

Differenziert nach Datenquellen werden die Informationen zu VOCs im regelmäßigen Bericht zu Virusvarianten ausgeführt. Alle heranziehbaren Daten weisen auf eine Ausbreitung der Variante B.1.1.7 hin:

- 1) die Erhebung des Laborverbundes zeigt eine Detektionsrate von VOC B.1.1.7 in 20.335 von insgesamt ca. 28.154 (72,2%) auswertbaren, nicht vorselektierten Untersuchungen auf SARS-CoV-2 in KW10/2021 (KW08: 46,1%)
- 2) die RKI-Testzahlerfassung zeigt eine kontinuierliche Steigerung des Anteils der VOC B.1.1.7 auf ca. 64% in KW10/2021 (KW09: 55%).
- 3) die Analyse von Gesamtgenomsequenzierungen, zeigen einen Anteil von 48,3% der VOC B.1.1.7 in SARS-CoV-2-Genomen in KW09/2021 an. Dies bedeutet einen Anstieg gegenüber den Vorwochen (KW08: 42%).
- 4) eine Zusammenfassung der Meldedaten gemäß IfSG zum Nachweis und diagnostischen Verdacht von VOC-Fällen zeigt, eine Steigerung des Anteils der VOC B.1.1.7 auf 25% in KW10/2021. Für KW09/2021 führten erwartete Nachübermittlungen der VOC zu einer nachträglichen Erhöhung des Anteils von 19% auf 27%.

Zusammenfassend führt der Bericht weiter aus:

Der Anteil der Virusvarianten, die als Variants of Concern bezeichnet werden, ist weiter gestiegen. Der Anstieg geht ausschließlich auf die Varianten B.1.1.7 zurück. Sie ist, gemessen im Rahmen der Erhebung des Laborverbundes, mit einem Anteil von ca. 72% die häufigste SARS-CoV-2-Variante der KW 10/2021 in Deutschland. In der RKI-Testzahlerfassung für KW 10/2021 beträgt der Anteil von B.1.1.7 64%. **Damit zeigt sich in diesen beiden Erhebungsinstrumenten ein exponentieller Anstieg der Variante.**

Die Analyse der Daten aus Gesamtgenomsequenzierungen in KW09/2021 zeigt einen Anteil der VOC B.1.1.7 von ca. 48%, und damit ebenfalls eine deutliche Steigerung (KW08/2021: 42%). Der Anteil der mittels Gesamtgenomsequenzierung untersuchten SARCoV-2 positiven Proben aus KW09/2021, lag bei 6,7% und bei 8,7% für Proben aus KW 08/2021.

Die Ergebnisse aus diesen Untersuchungen bestätigen den erwarteten Trend und lassen eine weiterhin stark steigende Inzidenz von COVID-19 Fällen in Deutschland erwarten. Die Informationen aus dem Meldesystem gemäß IfSG zeigen einen deutlich geringen Anteil der VOC B.1.1.7, die Ursache für diesen Unterschied, speziell für die VOC B.1.1.7 wird untersucht. Bei den VOC B.1.351 und P.1 zeigt sich ein konstanter Anteil in den letzten Wochen von ca. 1% für B.1.351 und 0-1% für P.1 aus allen Erhebungen.²

¹ RKI (2021): [Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019 \(COVID-19\) \(20.03.2021 – Aktualisierter Stand für Deutschland\)](#) (abgerufen: 21.03.2021)

² RKI (2021): [4. Bericht zur Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur Variant of Concern \(VOC\) B.1.1.7.](#) (Berichtsdatum: 17.03.2021, abgerufen 21.03.2021)

SARS-CoV-2 und respiratorische Erkrankungen

Wie ist die aktuelle Informationslage?

Zur Situation respiratorischer Erkrankungen führt die Arbeitsgemeinschaft Influenza aus:

Die Aktivität der akuten Atemwegserkrankungen (ARE-Raten) in der Bevölkerung (GrippeWeb) ist in der 10. KW 2021 im Vergleich zur Vorwoche bundesweit gestiegen. Die ARE-Rate liegt weiterhin unter den Werten der Vorsaisons auf einem extrem niedrigen Niveau. Im ambulanten Bereich (Arbeitsgemeinschaft Influenza) wurden in der 10. KW 2021 insgesamt mehr Arztbesuche wegen ARE im Vergleich zur Vorwoche registriert, die Werte befinden sich in der 10. KW weiterhin deutlich unter den Vorjahreswerten um diese Zeit.

Im Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Influenzaviren wurden in der 10. KW 2021 in insgesamt 91 (39 %) der 236 eingesandten Sentinelproben respiratorische Viren identifiziert, darunter 60 (25 %) mit Rhinoviren, 17 (7 %) mit humanen saisonalen Coronaviren, 13 (6 %) mit

SARS-CoV-2 und jeweils eine Probe mit Respiratorischen Synzytialviren (RSV) bzw. Parainfluenzaviren. Influenzaviren wurden nicht nachgewiesen.

Im Rahmen der ICD-10-Code basierten Krankenhaus-surveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen (ICOSARI) lagen validierte Daten bis zur 9. KW 2021 vor. Die Zahl stationär behandelter Fälle mit akuten respiratorischen Infektionen (SARI-Fälle) ist seit einigen Wochen insgesamt stabil und lag in der 9. KW weiterhin auf einem ungewöhnlich niedrigen Niveau. Der Anteil an COVID-19-Erkrankungen bei SARI-Fällen bewegt sich seit einigen Wochen um die 50 % und lag auch in der 9. KW 2021 bei diesem Wert.

Für die 10. Meldewoche (MW) 2021 wurden nach Infektionsschutzgesetz (IfSG) bislang 16 labordiagnostisch bestätigte Influenzafälle an das Robert Koch-Institut übermittelt (Datenstand: 16.3.2021).

AG Influenza (2020): [Zusammenfassung der aktuellen Lage](#) (Abgerufen: 18.03.2021)

Speziell für COVID-19 wird die aktuelle epidemiologische Lage durch das RKI regelmäßig neu bewertet. Die aktuelle Bewertung ist:

Es handelt sich weltweit, in Europa und in Deutschland um eine ernst zu nehmende Situation. Insgesamt nimmt die Anzahl der Fälle weltweit zu, die Fallzahlen entwickeln sich aber von Staat zu Staat unterschiedlich: Manche Staaten erleben nach vorübergehendem Rückgang einen dritten Anstieg der Fallzahlen, in anderen Ländern gehen die Fallzahlen momentan zurück. In vielen Staaten wurde mit der Impfung der Bevölkerung begonnen, werden die hohen Altersgruppen priorisiert.

Ziel der Anstrengungen in Deutschland ist es, einen nachhaltigen Rückgang der Fallzahlen, insbesondere der schweren Erkrankungen und Todesfälle zu erreichen. Nur wenn die Zahl der neu Infizierten insgesamt deutlich sinkt, können auch Risikogruppen wie ältere Personen und Menschen mit Grunderkrankungen zuverlässig geschützt werden.

Nach einem Rückgang ab Ende Dezember steigen die 7-Tage-Inzidenz und Fallzahlen im Bundesgebiet seit Februar wieder an und beschleunigt sich aktuell, dies betrifft alle Altersgruppen unter 65 Jahren. Ein besonders rascher Anstieg wird bei Kindern und Jugendlichen beobachtet.

Auch der Rückgang der COVID-19-Fallzahlen auf Intensivstationen setzt sich nicht weiter fort, sondern die ITS-Belegung mit COVID-19-Fällen stagniert aktuell oder steigt leicht an.

Schwere Erkrankungen an COVID-19, die im Krankenhaus behandelt werden müssen, betreffen dabei auch Menschen unter 60 Jahren.

In den meisten Kreisen handelt es sich um ein diffuses Geschehen, sodass oft keine konkrete Infektionsquelle ermittelt werden kann und man von einer anhaltenden Zirkulation in der Bevölkerung (Community Transmission) ausgehen muss. Neben der Fallfindung und der Nachverfolgung der Kontaktpersonen sind daher die individuellen infektionshygienischen Schutzmaßnahmen von herausragender Bedeutung (Kontaktreduktion, AHA + L und bei Krankheitssymptomen zuhause bleiben).

Zahlreiche Häufungen werden vor allem in Privathaushalten, in Kitas und zunehmend Schulen sowie dem beruflichen Umfeld einschließlich der Kontakte unter der

Belegschaft beobachtet. Die Zahl von COVID-19-bedingten Ausbrüchen in Alten- und Pflegeheimen und Krankenhäusern nimmt unter anderem aufgrund der fortschreitenden Durchimpfung weiter ab.

Für die Senkung der Neuinfektionen, den Schutz der Risikogruppen und die Minimierung von schweren Erkrankungen ist die Impfung der Bevölkerung von zentraler Bedeutung. Effektive und sichere Impfstoffe sind seit Ende 2020 zugelassen. Da sie noch nicht in ausreichenden Mengen zur Verfügung stehen, werden die Impfdosen aktuell vorrangig den besonders gefährdeten Gruppen angeboten.

Die Therapie schwerer Krankheitsverläufe ist komplex und erst wenige Therapieansätze haben sich in klinischen Studien als wirksam erwiesen.

Die Dynamik der Verbreitung einiger neuer Varianten von SARS-CoV-2 (B.1.1.7, B.1.351 und P1) ist besorgniserregend. Diese besorgniserregenden Varianten (VOC) werden auch in Deutschland nachgewiesen, der Anteil der Variante B.1.1.7 nimmt – mit regionalen Unterschieden – rasch zu. Aufgrund der vorliegenden Daten hinsichtlich einer erhöhten Übertragbarkeit der Varianten und potenziell schwererer Krankheitsverläufe trägt dies zu einer schnellen Zunahme der Fallzahlen und der Verschlechterung der Lage bei. Alle Impfstoffe, die aktuell in Deutschland zur Verfügung stehen, schützen nach derzeitigen Erkenntnissen sehr gut vor einer Erkrankung durch die in Deutschland hauptsächlich zirkulierende Variante B.1.1.7, und sie schützen auch vor schweren Erkrankungen durch die anderen Varianten.

Das Robert Koch-Institut schätzt die Gefährdung für die Gesundheit der Bevölkerung in Deutschland insgesamt als sehr hoch ein. Diese Einschätzung kann sich kurzfristig durch neue Erkenntnisse ändern.¹

Die Schätzung der Reproduktionszahl ist auf Basis eines 7-Tage-Werts bei 1,22 (Konfidenzintervall: 1,11 – 1,33), berechnet für den Erkrankungsbeginn 15.03.2021)²

¹ RKI (2020): [Risikobewertung zu COVID-19](#) (Stand: 20.03.2021 abgerufen am 21.03.2021)

² RKI (2020): [Nowcasting und R-Schätzung: Schätzung der aktuellen Entwicklung der SARS-CoV-2-Epidemie in Deutschland](#) (Stand: 17.03.2021, abgerufen: 18.03.2021)

SARS-CoV-2

Fallzahlenentwicklung im Landkreis Fulda

COVID-19 bzw. SARS-CoV-2 ist nach §§6,7 meldepflichtig. Das Meldeformular für meldepflichtige Erkrankungen nach §§6,7 Infektionsschutzgesetz finden Sie auf der Website des Landkreises (www.landkreis-fulda.de->gesundheit->hygiene->infektionsschutzgesetz).

Auf Basis der an das Gesundheitsamt gemeldeten, im Rahmen der Fallbearbeitung erhobenen und schließlich an die Landesstelle übermittelten Daten, lässt sich die folgende Fallentwicklung aufzeigen (Abbildung 1). Dabei ist zu beachten, dass die Daten den jeweiligen Stand der Ermittlungsergebnisse widerspiegeln und sich fortlaufend ändern.

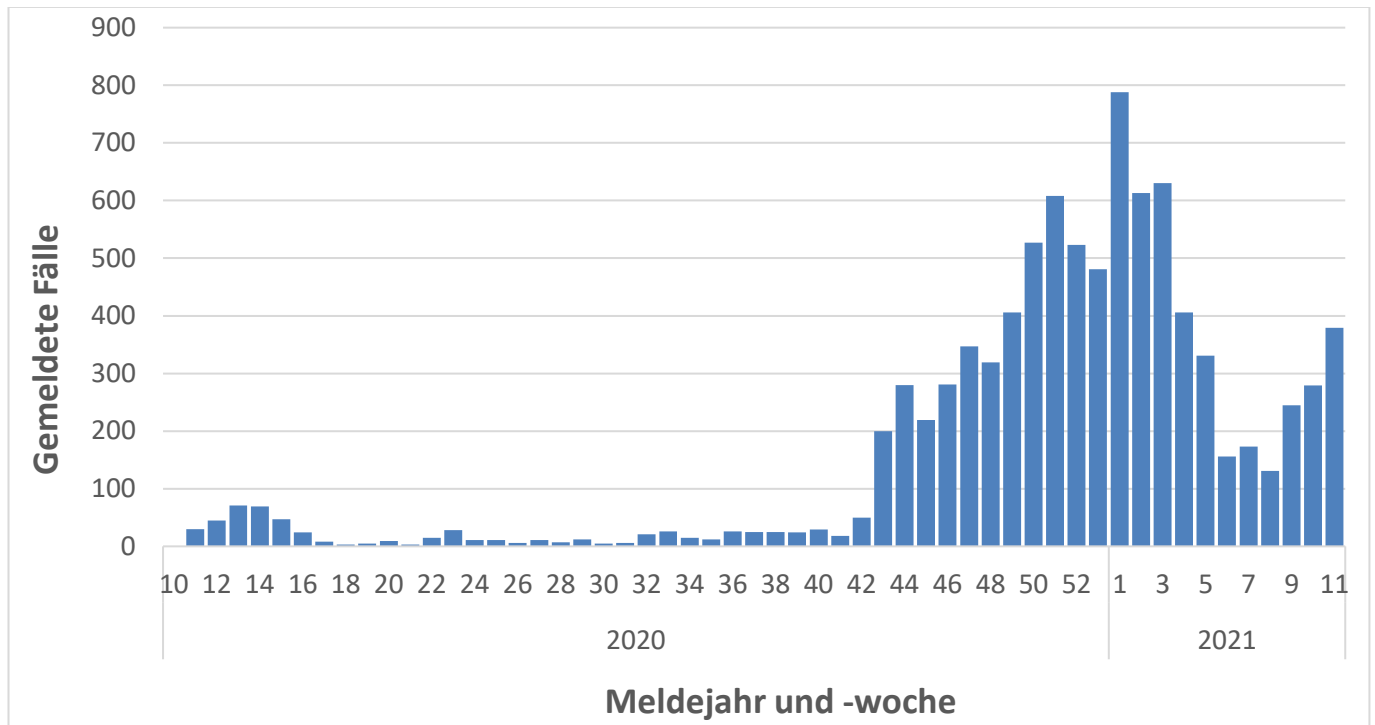


Abbildung 1: Dem Gesundheitsamt Fulda gemeldete Infektionen an COVID-19 nach Meldewoche (Fälle nach Referenzdefinition, Daten des Gesundheitsamtes, Stand: 21.03.2021)

Hinweise des Landkreises Fulda zu Corona

Der Landkreis Fulda hat unter der Internetadresse www.corona-fulda.de Informationen aus verschiedenen Bereichen zum Thema Corona zusammengetragen. Entsprechend sich ständig ändernder Rahmenbedingungen werden die Informationen fortlaufend aktualisiert.

Unter der Telefonnummer (0661) 6006-6009 steht von Montag bis Donnerstag von 07:30 bis 16:30 Uhr und Freitag von 07:30 bis 15:00 eine Telefonhotline zum Thema Corona/COVID-19 zur Verfügung.

Eine hessenweite Hotline zu dem Thema ist unter der Nummer 0800 555-4666 täglich von 9 bis 15 Uhr erreichbar. Auf der Website des Landes Hessen finden Sie unter <https://www.hessen.de/fuer-buerger/aktuelle-informationen-zu-corona-hessen> aktuelle Informationen zu Corona und zu den in Hessen gültigen Regelungen.

Bei Symptomen und medizinischen Fragen ist der Ärztliche Bereitschaftsdienst unter 116117 erreichbar.