

Fachliche Begründung der COVID-19 Virusvariantenverordnung

Autor*in/Fachreferent*in: S2 - Krisenstab Covid-19, BMSGPK

Datum: 03.03.2021

Überblick Varianten

Seit Mitte Dezember 2020 wurde aus dem **Vereinigten Königreich** (VK) über die zunehmende Identifizierung und Verbreitung der sogenannten SARS-CoV-2 **VOC 202012/01** (VOC: *variant of concern*) Variante berichtet. Diese Viren gehören der Linie **B.1.1.7** (501Y.V2V1) an und breiten sich seit September 2020 mit Schwerpunkt im Süden und Südosten Großbritanniens aus. Ebenfalls im Dezember 2020 wurde zudem erstmals vom vermehrten Auftreten einer SARS-CoV-2 Variante in Südafrika (**B.1.351, 501Y.V2**) berichtet. Im brasilianischen Bundesstaat **Amazonas** zirkuliert derzeit die SARS-CoV-2 Variante **P.1 (501Y.V.3)**, die von der Linie B.1.1.28 abstammt. Sie weist, wie die anderen VOCs, eine Reihe von Polymorphismen im S-Protein auf [1]

Von der ECDC wurden bisher 3 *Variants of Concern* identifiziert, deren Verbreitungsrisiko mit „hoch/sehr hoch“ beurteilt wird:

- **B.1.1.7 (VOC 202012/01)**
- **B.1.351 (501Y.V2)**
- **B.1.1.28 (P.1)**

Die Varianten zeigen eine **erhöhte Übertragbarkeit**. Dies kann aufgrund von erhöhten Fallzahlen zu vermehrten Hospitalisierungen und Todesfällen führen. [2]

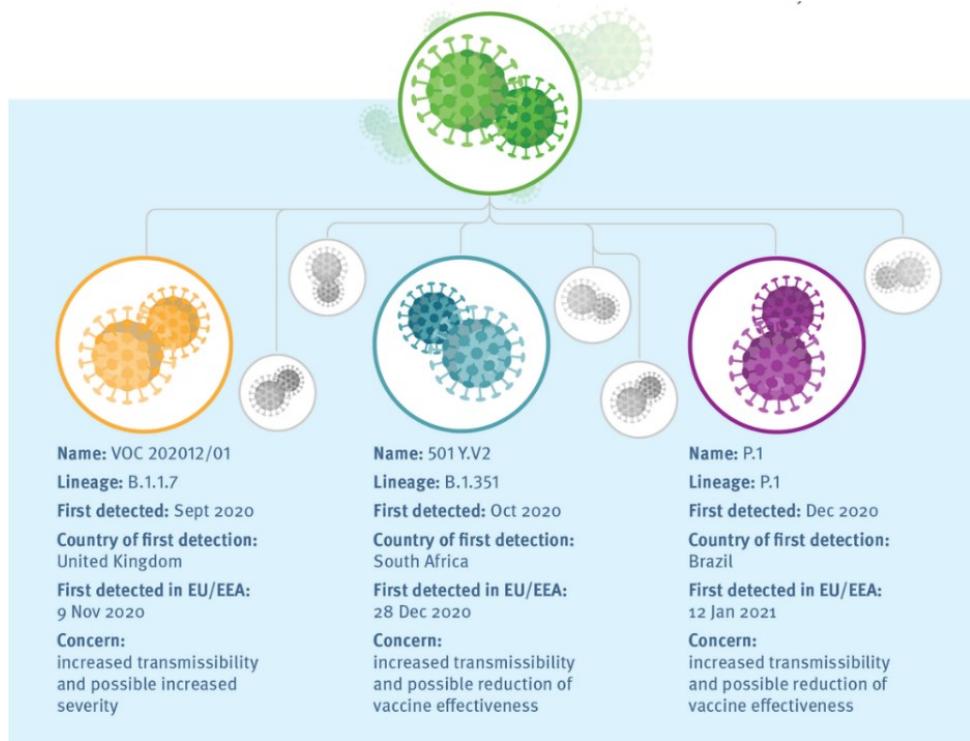
Proben, die eine S-Gen-Mutation aufwiesen, zeigten wahrscheinlicher eine hohe Viruslast bei Abnahme. Eine S-Gen-Mutation ist nicht spezifisch für eine gewisse SARS-CoV-2 Variante. [3]

Bezüglich **möglicher kürzerer Inkubationszeit** bei SARS-CoV-2-Mutationen zeigten Studien, dass die Variante D614G schneller in Zellen repliziert, als andere Varianten, und so eventuell zu einer kürzeren Inkubationszeit führen könnte. [4]

Die Daten- und Studienlage zu neuen SARS-CoV-2 Varianten ist aufgrund der geringen Zeit seit erster Identifizierung limitiert und meist regional begrenzt.

In vielen Ländern, in denen die Virusvarianten etabliert sind, zeigen stark ansteigende Inzidenzraten – was zu erhöhten Hospitalisierungsraten, überforderte Gesundheitssysteme und Übersterblichkeit führen kann. [5]

Das RKI hat seine Empfehlungen bez. Absonderung angepasst und empfiehlt bei Verdacht auf oder nachgewiesener Infektion mit einer dieser Varianten (VOC) – unabhängig von Schwere, Hospitalisierung und Alter – vorsorglich eine 14-tägige Isolierung und eine Testung mittels Antigentest oder PCR-Untersuchung vor Entisolierung. [14]



Infografik 1: Mutation of SARS-CoV-2: current variants of concern as of 08.02.2021 (Quelle: ECDC)

VOC 202012/01 (B.1.1.7)

Übertragbarkeit

B.1.1.7 scheint mit einer höheren Übertragbarkeit und höheren Reproduktionsrate einherzugehen. So proliferierte die Variante während des nationalen Lockdowns in Großbritannien, während andere Varianten zurückgingen. [6]

Daten durch Genomsequenzierung, Epidemiologie und Prognosemodellen deuten darauf hin, dass B.1.1.7 einfacher von Mensch-zu-Mensch übertragen wird. [7]

Die Variante könnte 43–82% infektiöser sein. [9]

Erste Daten liegen vor, dass eine Infektion mit B.1.1.7 um bis zu 5 Tage länger verlaufen könnte, als Infektionen mit nicht-B1.1.7 Typen. [15]

Schweregrad

Während anfangs nicht davon ausgegangen wurde, dass diese Variante mit schwereren Krankheitsverläufen einhergeht, gibt es inzwischen – bei begrenzter Datenlage – erste Hinweise darauf, dass sie mit einer erhöhten Fallsterblichkeit einhergehen könnte. Ein erhöhter Schweregrad der Erkrankung, im Vergleich mit nicht-B.1.1.7-Varianten, wurde berichtet. [10]

UK NERVTAG berichtet: „es ist wahrscheinlich, dass die Variante B.1.1.7, im Vergleich zu nicht-VOCs, mit einem erhöhten Risiko für Hospitalisierung und Tod einhergeht.“ [5]

Immunität/Reinfektion/Impfung

Es gibt Hinweise für Kreuzimmunitäten zwischen verschiedenen SARS-CoV-2 Varianten. In einigen Proben wurden B.1.1.7-Varianten mit einer E484K-Mutation gefunden, die ebenfalls in den Varianten B.1.351 und P.1 vorhanden ist. [7]

Eine Infektion mit einer früheren Variante, scheint, für 5-8 Monate, vor Ausbruch der Erkrankung bei Infektion mit B.1.1.7 zu schützen. Die Re-infektionsrate wurde mit 0,7% beschrieben, welche nicht höher als bei früheren Varianten ist. [5]

Bisher gibt es keine Hinweise auf eine geringere Wirksamkeit von Impfstoffen. Einer Laborstudie zufolge wirkt der Corona-Impfstoff von Biontech/Pfizer auch gegen die in Großbritannien erstmals aufgetauchten Variante. [8] Der Impfstoff von AstraZeneca und der Kandidat von Novavax zeigten sich in bisherigen Studien (noch nicht peer-reviewed) effektiv gegen die Variante. [5]

B1.1.7 + E484K

Liegt zusätzlich eine E484K Mutation vor, könnte es zu einer geringeren Neutralisation durch monoklonale Antikörper kommen. Die Impfung von Biontech/Pfizer könnte hier weniger effektiv sein. [5]

501Y.V2 (B.1.351)

Übertragbarkeit

Berechnungen zeigen, dass die Variante um bis zu 50% infektiöser sein könnte, als bisherige, in Südafrika zirkulierende, Varianten. [11]

Schweregrad

Bisher ist die Datenlage in Bezug auf den Schweregrad mit großer Unsicherheit behaftet.

Immunität/Reinfektion/Impfung

Erste Studien lassen vermuten, dass der Schutz durch neutralisierende Antikörper (durch Impfung oder durchgemachter Infektion) bei dieser Variante reduziert sein könnte. Dies könnte Impferfolge schmälern. [12]

Einer Laborstudie zufolge wirkt der Corona-Impfstoff von Biontech/Pfizer auch gegen die in Südafrika erstmals aufgetauchten Variante. [8]

Erste Daten zeigen eine mögliche abgeschwächte Wirkung des AstraZeneca Vakzins und des Novavax-Kandidaten. [5]

501Y.V.3 (P.1 variant)

Übertragbarkeit

Eine erhöhte Übertragbarkeit wurde aufgrund der Ähnlichkeit mit der Variante B.1.351 als denkbar erachtet. [13] Derzeit gibt es noch keine Evidenz zu verstärkter Transmissibilität. [5]

Schweregrad

Es gibt bisher keine Hinweise für einen schwereren Verlauf.

Immunität/Reinfektion/Impfung

Auch hier wird eine Reduktion der Wirksamkeit neutralisierender Antikörper bei Genesenen bzw. Geimpften diskutiert, aufgrund der E484K Mutation.[13]

Verbreitung in Österreich

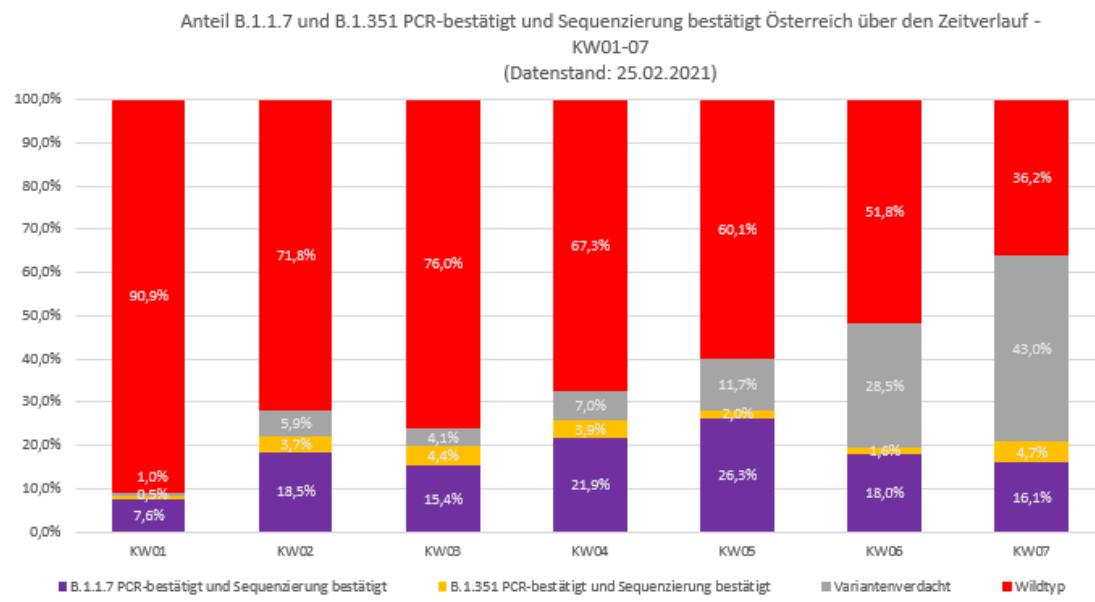
Seit Jahresbeginn wurden gesamt 64.119 Fälle auf SARS-CoV-2 bestätigt, wovon 23.601 Proben durch PCR einem Mutationsscreening unterzogen wurden. Seit Jahresbeginn wurden kumulativ mit Stand 25.02.2021 bereits 2.641 Fälle der B.1.1.7-Variante bestätigt, wobei eine Verbreitung bereits in allen Landesteilen stattfand. Im selben Zeitraum wurden 327 Fälle der B.1.1351-Variante bestätigt, wovon 305 auf Tirol entfallen. Weitere Daten sind der Tabelle 1 zu entnehmen.

	Bestätigte Fälle	Screening PCR auf Mutation(en)	N501Y positiv	Bestätigt B.1.1.7	Bestätigt B.1.351
Burgenland	2317	1504	764	319	0
Kärnten	5878	1634	548	220	0
Niederösterreich	14637	6180	3303	873	8
Oberösterreich	11091	3706	1504	203	0
Salzburg	7481	2946	1025	200	1
Steiermark	10994	4164	1404	301	4
Tirol	5628	3859	1207	87	305
Vorarlberg	3216	755	133	10	1
Wien	14707	6879	3538	527	8
Österreich gesamt	64119	23601	13426	2641	327

Tabelle 1: Übersicht kumulative Anzahl bestätigte Fälle, PCR-Screening auf Mutationen, N501Y positive Proben sowie bestätigte Fälle der Varianten B.1.1.7 und B.1.351 seit Jahresbeginn (Quelle: AGES, Datenstand 25.02.2021; KW01-07)

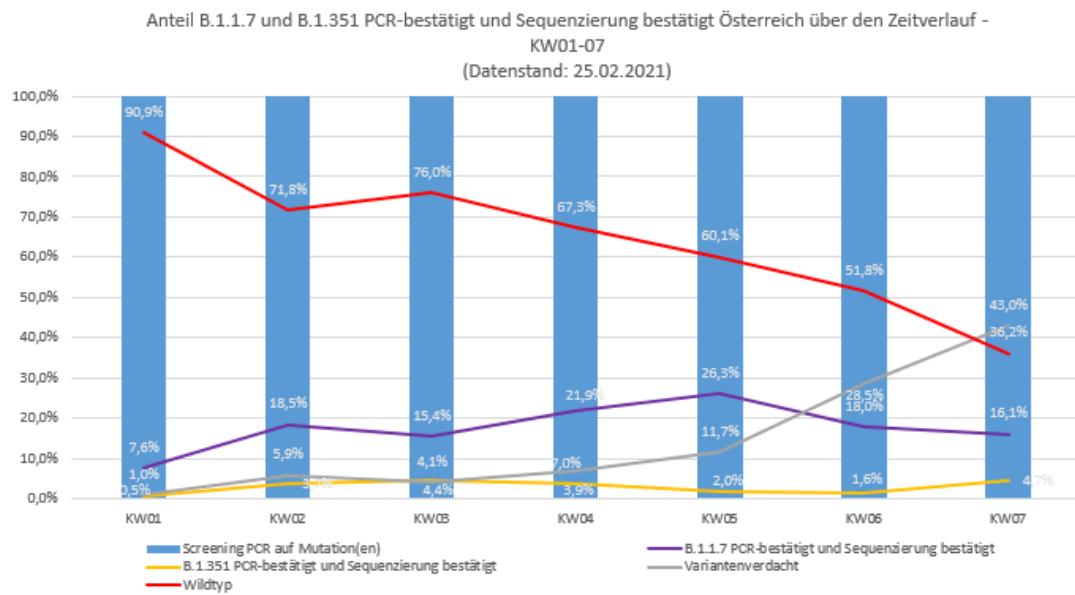
Im Folgenden werden die Verbreitung der Virusvarianten B.1.1.7 und B.1.351 sowie deren geographische Verteilung dargestellt.

Ein rapider Anstieg der Fälle mit Mutationsverdacht ist zu beobachten, folglich ist eine langsame Verdrängung des Wildtyps ersichtlich. Lag der prozentuelle Nachweis des Wildtyps in KW01 noch bei 90,9%, ist dieser Wert in KW07 bereits auf 36,2% gesunken (Abbildung 1 – 2).



Quelle: AGES Variantenbericht vom 25.02.2021

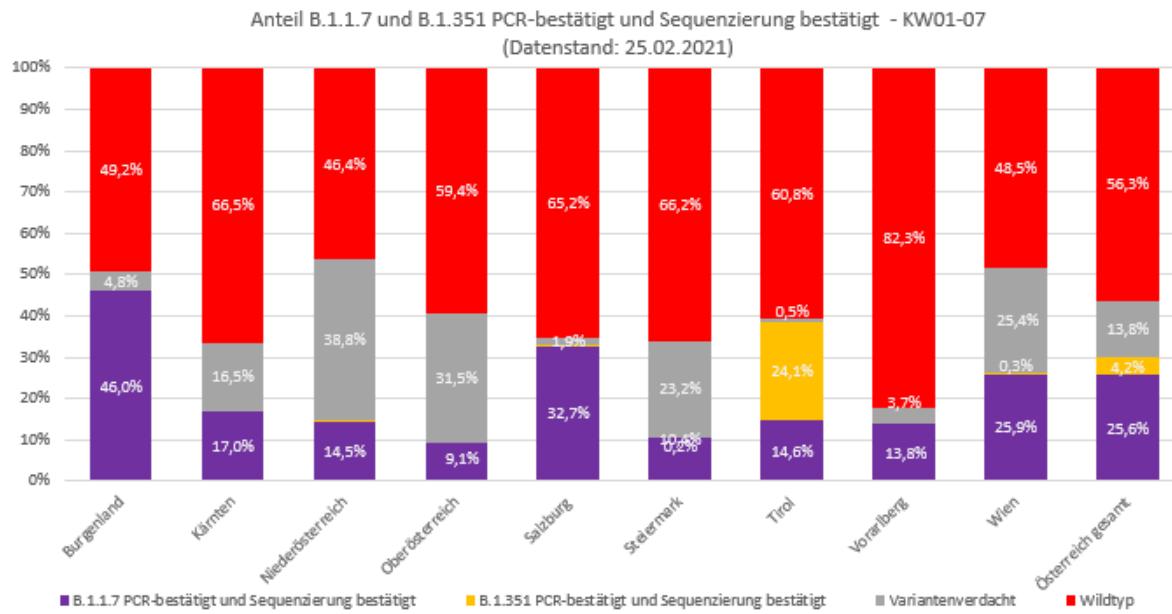
Abbildung 1: Anteil der B.1.1.7 und B.1.351-Varianten welche durch PCR oder Sequenzierung im Zeitverlauf KW01-KW07 bestätigt wurden (Quelle: AGES, Datenstand 25.02.2021).



Quelle: AGES Variantenbericht vom 25.02.2021

Abbildung 2: Anteil der B.1.1.7 und B.1.351-Varianten welche durch PCR oder Sequenzierung im Zeitverlauf KW01-KW07 bestätigt wurden (Quelle: AGES, Datenstand 25.02.2021).

Die geographische Verbreitung der B.1.1.7 und B.1.351-Variante bzw. der Fälle mit Variantenverdacht ist in Österreich sehr unterschiedlich, wie in Abbildung 3 ersichtlich. In Vorarlberg ist der Wildtyp mit 82,3% weiterhin stark vorherrschend, wobei dieser Wert mit 46,4% in Niederösterreich am geringsten ist. Die B.1.351-Variante ist regional stark eingegrenzt und wurde in Tirol bisher in 24,1% der Fälle nachgewiesen.



Quelle: AGES Variantenbericht vom 25.02.2021; Berchnung BMMSGPK

Abbildung 3: Anteil der B.1.1.7 und B.1.351-Varianten pro Bundesland welche durch PCR oder Sequenzierung bestätigt wurden (Quelle: AGES, Datenstand 25.02.2021).

Eine weitere Darstellung der Verbreitung der Virusvarianten B.1.1.7 und B.1.351 sowie deren geographische Verteilung können den Tabellen 2 und 3 entnommen werden. Es sei darauf hingewiesen, dass allfällige hohe Prozentsätze in den ersten Wochen möglicherweise auf eine Selektierung jener Proben zurückzuführen sein kann, welche mit höherer Wahrscheinlichkeit einer der beiden Virusvarianten aufweisen.

B.1.1.7

Bezogen auf jene Proben, die vorgescreent wurden, zeigt sich mit KW 7 bezogen auf die B.1.1.7 Virusvariante eine Prävalenz von 16,1% für Österreich gesamt. Den niedrigsten Anteil bildet hier Niederösterreich mit 0,2%, während Burgenland 72,8% verzeichnet. Im Allgemeinen zeigt sich in manchen Bundesländern eine Zunahme der Raten, während andere eine Abnahme melden (siehe Tabelle 2).

Anteil Variantenfall B.1.1.7 von allen Vorscreening-Fällen über den Zeitverlauf (Datenstand 25.02.2021 - KW01-07)							
	KW 01	KW 02	KW 03	KW 04	KW 05	KW 06	KW 07
Burgenland	8,1%	35,3%	44,6%	47,6%	59,3%	58,4%	72,8%
Kärnten	0,0%	0,0%	3,5%	5,1%	16,1%	26,0%	21,6%
Niederösterreich	2,1%	52,3%	26,3%	35,6%	37,3%	2,6%	0,2%
Oberösterreich	4,3%	3,7%	6,8%	5,1%	13,7%	11,4%	7,0%
Salzburg	4,5%	15,4%	16,6%	18,1%	27,9%	45,1%	72,8%
Steiermark	0,0%	22,5%	9,6%	14,9%	22,3%	5,5%	2,5%
Tirol	3,7%	6,0%	7,3%	18,9%	16,2%	33,5%	27,5%
Vorarlberg	8,3%	8,3%	6,7%	7,0%	14,7%	19,7%	23,1%
Wien	35,0%	24,5%	17,0%	31,5%	27,1%	26,2%	26,1%
Österreich gesamt	7,6%	18,5%	15,4%	21,9%	26,3%	18,0%	16,1%

Tabelle 2: Anteil Variantenfall B.1.1.7 an allen Vorscreening-Fällen in Kalenderwochen (Quelle: AGES, Datenstand 25.02.2021)

B.1.351

Auffallend hinsichtlich der B.1.351 Variante im zeitlichen Verlauf ist der ausgeprägte Anteil in Tirol von über 95% der vorgescreenten Proben, während sich aktuell der Anteil in gesamt Österreich auf 4,7% beläuft (siehe Tabelle 3).

Anteil Variantenfall B.1.351 von allen Vorscreening-Fällen über den Zeitverlauf (Datenstand 25.02.2021 - KW01-07)							
	KW 01	KW 02	KW 03	KW 04	KW 05	KW 06	KW 07
Burgenland	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Kärnten	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%	0,0%
Niederösterreich	0,0%	0,0%	0,0%	0,4%	0,4%	0,0%	0,4%
Oberösterreich	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Salzburg	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%	0,7%	1,0%
Steiermark	0,0%	0,0%	0,0%	0,8%	0,2%	0,0%	0,3%
Tirol	0,9%	10,1%	20,2%	24,0%	25,5%	22,9%	95,6%
Vorarlberg	0,0%	0,0%	0,0%	0,4%	0,0%	0,0%	1,3%
Wien	0,0%	0,6%	0,2%	0,2%	0,3%	0,1%	0,5%
Österreich gesamt	0,5%	3,7%	4,4%	3,9%	2,0%	1,6%	4,7%

Tabelle 3: Anteil Variantenfall B.1.351 an allen Vorscreening-Fällen in Kalenderwochen

P.1

Bisher wurde nur ein einziger Verdachtsfall mit der P.1 Virusvariante in Salzburg nachgewiesen werden.

Tirol

Trotz der vergleichsweise hohen Verbreitung der B.1.351-Variante in Tirol wird ein Rückgang der aktiven Fälle beobachtet. Der Verlauf ist in Abbildung 4 dargestellt.

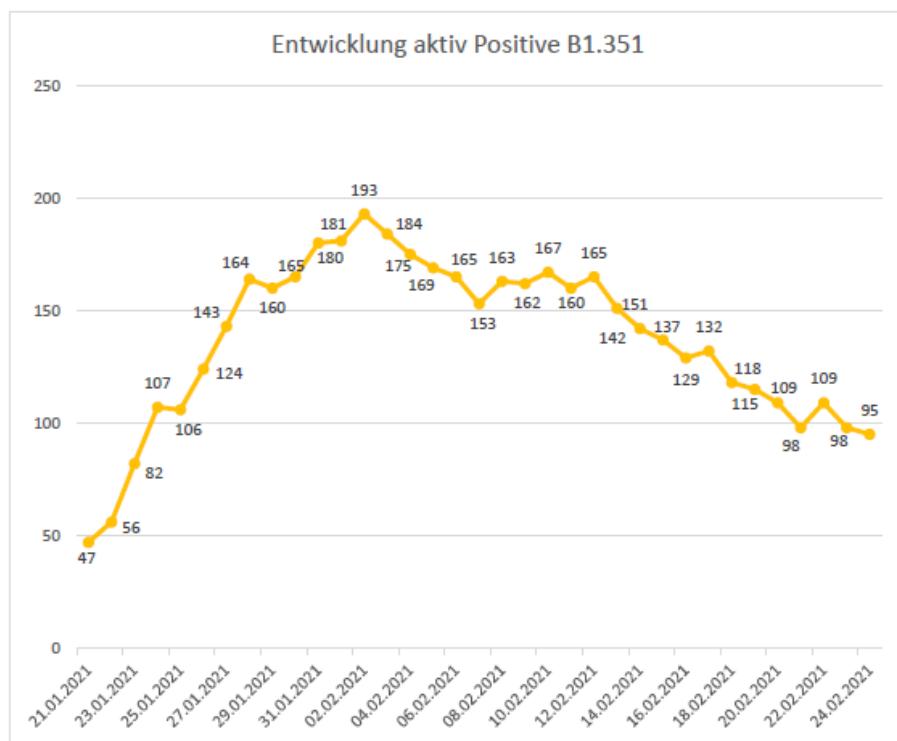


Abbildung 4: Entwicklung aktive Positive B.1.351-Fälle in Tirol (Quelle: Amt der Tiroler Landesregierung, Datenstand 26.02.2021).

Des Weiteren ist zu beobachten, dass die B.1.351-Variante in Tirol sich nicht zur dominanten Variante zu entwickeln scheint. Wurde die B.1.351-Variante in KW8 in 8,85% der Proben nachgewiesen, entfallen im selben Zeitraum 25,66% auf die Variante B.1.1.7.

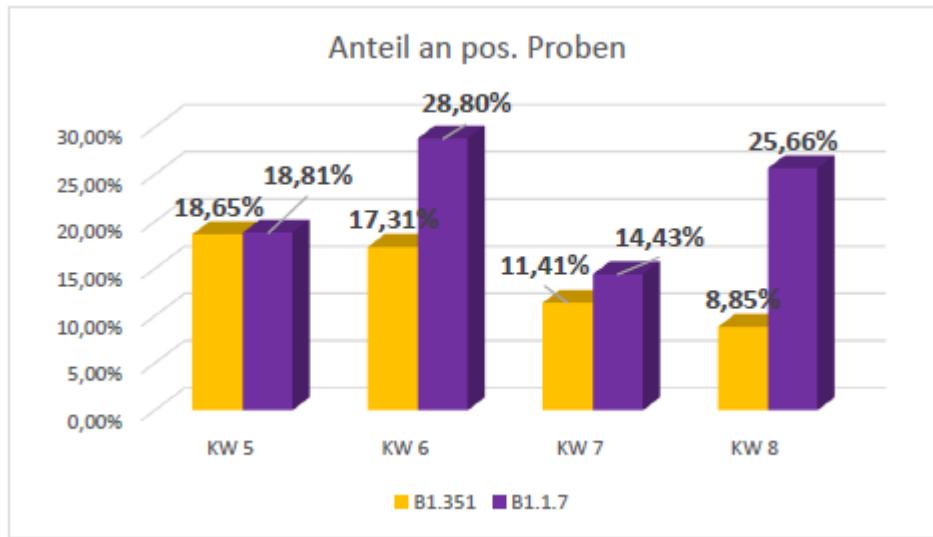


Abbildung 5: Anteil der B.1.351 und B.1.1.7-Varianten an positiven Proben in Tirol (Quelle: Amt der Tiroler Landesregierung, Datenstand 26.02.2021).

Impfungen und neue Virusvarianten

Die derzeit verfügbaren Impfstoffe bewirken im menschlichen Körper die Produktion einer Vielzahl an neutralisierenden Antikörpern. Man geht davon aus, dass die Abwehr auch gegen Virusvarianten umso effektiver ist, je höher die Antikörper-Titer sind. Untersuchungen mit den verfügbaren mRNA-

Impfstoffen und dem verfügbaren Vektorimpfstoff haben gezeigt, dass die Bindung von neutralisierenden Antikörpern an das Spike Protein bzw. die Wirksamkeit der Impfungen (sofern Daten verfügbar) teilweise etwas geringer sein kann, wie für die aus UK beobachteten Varianten (B1.1.7) bereits gezeigt wurde. Bzgl. der Varianten aus Südafrika (B.1.351) und Brasilien (B.1.1.248) sind Untersuchungen derzeit laufend, auch hier gibt es Hinweise auf eine geringere Effektivität (in Form von Bindung neutralisierender Antikörper an das Spike-Protein). Dennoch ist die Impfung eine wichtige und alternativlose Maßnahme um Erkrankungen, Hospitalisierungen und Todesfälle zu vermeiden. Es kann angenommen werden, dass Personen, die ausnahmsweise trotz Impfung an COVID-19 erkranken, auch in diesen Fällen einen mildereren Krankheitsverlauf durchmachen und Komplikationen sowie Todesfälle vermieden werden können.

Table 2. Efficacy and effectiveness of COVID-19 vaccines authorised for use in the EU or under rolling review with EMA against SARS-CoV-2 and variants of concern

Vaccine developer	Non-variant and variants of concern			
	Non-variant	B.1.1.7	B.1.351	P.1
BioNTech/Pfizer				
Efficacy	95% (95% CI 90.0%–97.9%) [70] overall efficacy	n.a.	n.a.	n.a
Effectiveness	51.4% (95% CI - 7.2%–78.0%) after Dose 1, Day 13–24 [71]	n.a.	n.a.	n.a
Moderna				
Efficacy	94.1% (95% CI, 89.3%–96.8%) [72] overall efficacy	n.a.	n.a.	n.a
Effectiveness	n.a	n.a.	n.a.	n.a
Oxford/ AstraZeneca				
Efficacy	59.5% (95% CI 45.8%–60.7%) [73] overall efficacy	74.6% (95% CI 41.6%–88.9%) (compared to non-B.1.1.7 lineages: 84% (95% CI, 70.7%–97.4%) [59]	n.a.	n.a
Effectiveness	n.a	n.a.	n.a. ^d	n.a
Johnson & Johnson^{a,b}				
Efficacy	66% [69] overall efficacy ^c	n.a.	57% ^c [69]	n.a
Effectiveness	n.a.	n.a.	n.a.	n.a
Novavax^a				
Efficacy	95.6% [60] overall efficacy ^c	89.3% (95% CI 75.2%–95.4%) ^c [74]	49.4% (95% CI 6.1%–72.8%) ^c [74]	n.a
Effectiveness	n.a.	n.a.	n.a.	n.a

Note: This table is based on data available to ECDC as of 10 February 2021. n.a. = not available.

^a Not authorised in EU

^b One-dose schedule

^c Press release or interim data release by developer

^d Results from a newspaper article quote 10% effectiveness against mild to moderate infection [68]

Wirksamkeit der Vakzine gegen VOCs - Quelle: ECDC - SARS-CoV-2 – increased circulation of variants of concern and vaccine rollout in the EU/EEA, 14th update [5]

Prognosen hinsichtlich Übertragungsrisiko

Beobachtungsdaten aus mehreren Bundesländern zeigen dabei einen deutlichen Anstieg der Prävalenz von Verdachtsfällen, die im Rahmen eines Vorscreenings positiv auf die Mutation N501Y getestet

wurden (im Folgenden bezeichnet als „Mutanten“ oder „Fälle mit Mutation“), binnen der ersten Kalenderwochen des Jahres. Im Burgenland betrug der Anteil der Mutanten in KW 7 bereits 75% (Anteil bestätigter Fälle im Vergleich zu allen auf die Mutation untersuchten Proben abzüglich nicht auswertbarer Proben). Anhand der Ausbreitungsdynamik zwischen KW5 und KW7 lässt sich eine effektive Reproduktionszahl der Mutanten schätzen, die um durchschnittlich **27% höher** (95% KI 25-29%) ist als die der vorangegangenen Variante (siehe Abbildung 1). Unter den in KW 5 bis KW 7 geltenden Maßnahmen/Adherence-Bedingungen führte dies zu einer **effektiven Reproduktionszahl von 1,22 der Mutante** (95% KI 1,21-1,23) und 0,956 der vorangegangenen Variante (95% KI 0,948-0,965). Vor dem Hintergrund der gesetzten Lockerungsschritte ist von einer entsprechenden Erhöhung der effektiven Reproduktionszahl von sämtlichen Varianten auszugehen.

Zusammenfassung und Schlussfolgerung

Um schwerwiegende grenzüberschreitende Gesundheitsgefahren bekämpfen zu können ist ein koordinierendes Vorgehen notwendig. In Österreich liegt die Gesundheit laut Bundesverfassung in der Zuständigkeit des Bundes und damit derzeit im BMSGPK. Grundsätzlich werden hinsichtlich der Exekution der Maßnahmen - v.a. in Grenzregionen –bundesweite Regelung für zielführender erachtet. Die Erfahrungen einzelner europäischer Länder in den letzten Wochen haben jedoch gezeigt, dass sich die Lage innerhalb kürzester Zeit rapide verschlechtern kann. Das Eingreifen in Bundesländern kann daher fachlich gerechtfertigt sein, wenn epidemiologische Faktoren vorliegen, welche für die Entwicklung des Infektionsgeschehen bedenklich sind. Dazu zählt – vor dem Hintergrund der aktuellen Entwicklungen - ein ungebremstes Verbreiten der neuen Virusvariante, da es rasch zu einer Auslastung der Versorgungskapazitäten kommt

Während die Virusvariante B.1.1.7 (UK-Variante) bereits in jedem Bundesland nachgewiesen werden konnte, konnte die Variante B.1.351 (Südafrika-Variante) mit Datenstand 02.0.2021 hauptsächlich im Bundesland Tirol identifiziert werden. Die Brasilianische Virusvariante (P.1) konnte in Österreich bisher nur in Salzburg nachgewiesen werden. Nachdem der derzeitige Wissensstand darauf hindeutet, dass die Südafrika-Variante um bis zu 50% infektiöser sein könnte (Das Prognoskonsortium hat basierend auf vorliegenden Zahlen eine erhöhte Übertragbarkeit auf 27 % prognostiziert) und vermutet wird, dass der Schutz durch neutralisierende Antikörper (durch Impfungen oder bereits durchgemachte Infektionen) reduziert sein könnte, kann eine raschere Ausbreitung, vermehrte Reinfektionen und schmälere Impferfolge angenommen werden. Wenn es in einzelnen Regionen zu Ausbrüchen mit Varianten kommt, bei welchen zu befürchten ist, dass es zu einer geringeren Wirksamkeit von Impfstoffen kommen könnte, so ist es essentiell, dass in derartigen Regionen strikt und konsequent Maßnahmen zur Eindämmung der Varianten unternommen werden, dies bedeutet rasche diagnostische Abklärung von Verdachts-/Kontaktfällen, lückenloses Kontaktmanagement, strikte Vermeidung von Menschenansammlungen und konsequentes Einhalten sämtlicher nicht-pharmazeutischer Interventionen.

Durch das derzeit isolierte Auftreten der B.1.351 Variante in Tirol (ausgenommen Osttirol) erscheint das forcieren verschärfter Maßnahmen zur Eindämmung der Verbreitung als sinnvoll. Die erhobenen Einzelfälle der Südafrika-Variante in Wien (4 Fälle) und Steiermark (1 Fälle) haben sich mit Datenstand 08.02.2021 in den betroffenen Bundesländern noch nicht ausgebreitet. Epidemiologische Ausbreitungsmodelle (z.B. SIR Modell) verwenden in der Regel Parameter, welche unter anderem von einer räumlichen Trennung abhängig sind. Aus fachlicher Sicht ist es daher gerechtfertigt den politischen Bezirk Lienz sowie die Gemeinden Jungholz sowie des Rißtals im Gemeindegebiet von Vomp und Eben am Achensee von den Bestimmungen auszunehmen, da eine geographische Trennung zu jenen Gebieten besteht, in welchen Bereits eine Dynamisierung des Virusgeschehens eingetreten ist.

Literaturverzeichnis

ECDC – Risk related to the spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA – first update:

1. **RKI** - *Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur Variant of Concern (VOC) B.1.1.7* (https://www.rki.de/DE/Home/homepage_node.html; letzter Zugriff 25.02.2021)
2. **ECDC** - *Risk Assessment: Risk related to the spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA – first update* (<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/covid-19-risk-assessment-spread-new-variants-concern-eueea-first-update>; letzter Zugriff 25.02.2021)
3. **Kidd et.al** - *S-variant SARS-CoV-2 is associated with significantly higher viral loads in samples tested by ThermoFisher TaqPath RT-QPCR* (<https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.12.24.20248834v1>; letzter Zugriff 25.02.2021)
4. **UNC** - *Mutation helps coronavirus infect more cells, study shows* (<https://uncnews.unc.edu/2020/11/12/common-sars-cov-2-mutation-may-make-coronavirus-more-susceptible-to-a-vaccine/>; letzter Zugriff 25.02.2021)
5. **ECDC** - *SARS-CoV-2 – increased circulation of variants of concern and vaccine rollout in the EU/EEA, 14th update* (<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/covid-19-risk-assessment-variants-vaccine-fourteenth-update-february-2021>; letzter Zugriff 25.02.2021)
6. **Vöhringer et.al** - *Lineage-specific growth of SARS-CoV-2 B.1.1.7 during the English national lockdown* (<https://virological.org/t/lineage-specific-growth-of-sars-cov-2-b-1-1-7-during-the-english-national-lockdown/575>; letzter Zugriff 25.02.2021)
7. **GOV UK** - *Investigation of novel SARS-CoV-2 variant: Variant of Concern 202012/01* (<https://www.gov.uk/government/publications/investigation-of-novel-sars-cov-2-variant-variant-of-concern-20201201>; letzter Zugriff 25.02.2021)
8. **Xie et.al** - *Neutralization of SARS-CoV-2 spike 69/70 deletion, E484K and N501Y variants by BNT162b2 vaccine-elicited sera* (<https://www.nature.com/articles/s41591-021-01270-4>, letzter Zugriff 25.02.2021)
9. **CMMID** - *Estimated transmissibility and severity of novel SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 in England* (<https://cmmid.github.io/topics/covid19/uk-novel-variant.html>; letzter Zugriff 25.02.2021)
10. **NERVTAG** - *paper on COVID-19 variant of concern B.1.1.7* (<https://www.gov.uk/government/publications/nervtag-paper-on-covid-19-variant-of-concern-b117>; letzter Zugriff 25.02.2021)
11. **Pearson et.al** - *Estimates of severity and transmissibility of novel South Africa SARS-CoV-2 variant 501Y.V2* (https://cmmid.github.io/topics/covid19/reports/sa-novel-variant/2021_01_11_Transmissibility_and_severity_of_501Y_V2_in_SA.pdf; letzter Zugriff 25.02.2021)
12. **Nature** - *Fast-spreading COVID variant can elude immune responses* (<https://www.nature.com/articles/d41586-021-00121-z>; letzter Zugriff 25.02.2021)
13. **RKI** - *Übersicht und Empfehlungen zu besorgniserregenden SARS-CoV-2-Virusvarianten (VOC)* (https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virusvariante.html;js)

essionid=DEA691D91E01BBDF13DB1C65C2F3ACC6.internet092; letzter Zugriff
25.02.2021)

14. **RKI - COVID-19: Entlassungskriterien aus der Isolierung**
(https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Entlassmanagement.html; letzter Zugriff 02.03.2021)

15. **Kissler et.al** (Pre-Print): *Densely sampled viral trajectories suggest longer duration of acute infection with B.1.1.7 variant relative to non-B.1.1.7 SARS-CoV-2*
(https://dash.harvard.edu/bitstream/handle/1/37366884/B117Trajectories_10Feb2021.pdf?sequence=1&isAllowed=y; letzter Zugriff 02.03.2021)

16.

