

# Fachliche Begründung: Einreiseverordnung

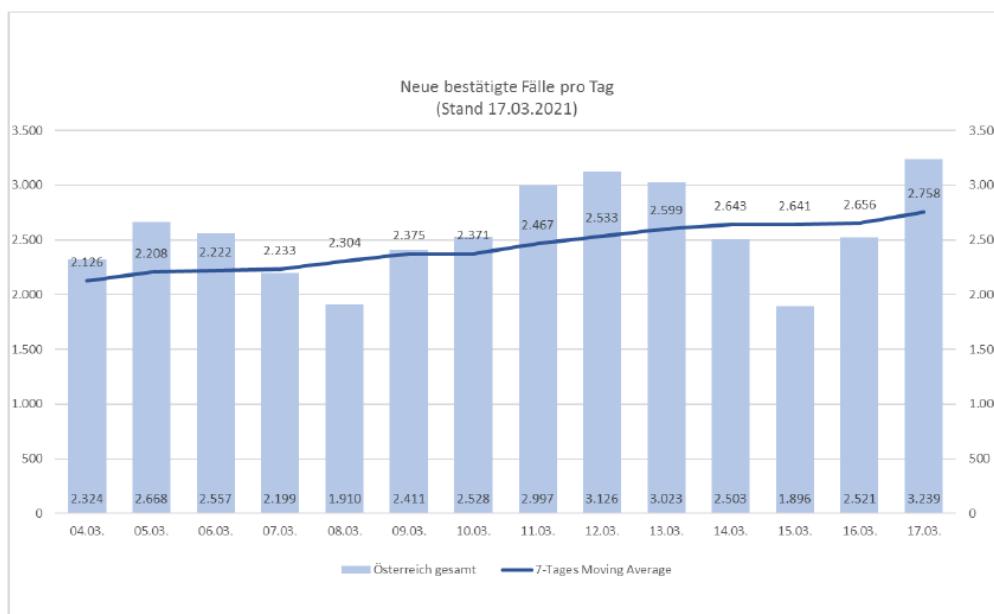
## 1. Epidemiologische Lage in Österreich

	11.03.2021	12.03.2021	13.03.2021	14.03.2021	15.03.2021	16.03.2021	17.03.2021
<b>7-Tages-Inzidenz</b>	192,2	198,9	203,6	207,2	206,5	<b>206,2</b>	213,5
<b>R<sub>eff</sub></b>	1,08	1,09	1,09	1,10	1,12	1,08	

Tabelle 1: 7-Tages-Inzidenzen und R<sub>eff</sub>-Zahlen

Quelle: AGES Morgenauswertung (7-Tages-Inzidenz, Stand: 17.03.2021) & AGES Lagebericht (Reff, Stand: Vortag des Berichtstages)

Cave: Die Methodik der täglichen Schätzung der Reff basiert auf den jeweils vorangegangenen 13 Tagen der im AGES Lagebericht verwendeten Datensätzen.



Quelle: Datenübermittlung der Bundesländer an BMI und BMSGPK; Berechnung BMSGPK

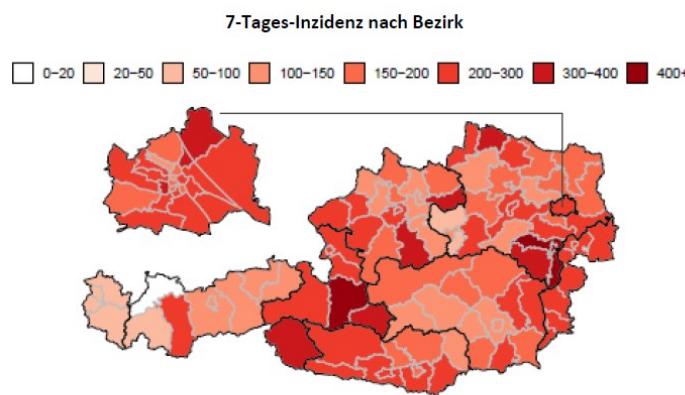


Abbildung 3: Kumulative Inzidenz/100.000 EW nach Bezirk der vergangenen 7 Tage (08.03.2021 – 14.03.2021). Es gilt die regionale Falldefinition.

Quelle: AGES Lagebericht, Stand: Vortag des Berichtstages

### Zusammenfassung der Lage:

- Seit gestern gab es **3.239 Neuinfektionen bei 1.977 Neu-Genesenen**. Am Mittwoch **vor einer Woche** waren es **2.528 Neuinfektionen**.<sup>(1)</sup>
  - Es wurden seit gestern **österreichweit 42.528 PCR-Testungen sowie 394.132 AG-Testungen eingemeldet (19.277.527 Testungen kumulativ, 6.116.129 PCR-Testungen kumulativ und 13.161.398 AG-Testungen kumulativ)**.<sup>(1)</sup>
  - Die höchste kumulative **7-Tages-Inzidenz / 100.000 EW** (09.03.2021 – 15.03.2021) verzeichnet das Bundesland **Salzburg** mit **272,9 Fällen / 100.000** (Fälle = 1.524), gefolgt von **Burgenland** und **Wien** mit **257,4 Fällen / 100.000** (Fälle = 758) und **252,5 Fällen / 100.000** (Fälle = 4.825).<sup>(2)</sup>
  - Die am stärksten betroffene Altersgruppe ist mit **8477,6 Fällen / 100.000** die Altersgruppe **85+**, gefolgt von der Altersgruppe **15-24** mit einer kumulativen Inzidenz von **7246,9 Fällen / 100.000** und der Altersgruppe **25-34** mit **6586,9 Fällen / 100.000 Einwohner**.<sup>(2)</sup>
  - Normalpflegebereich:** Die Covid-19-Fallzahlen auf Normalpflegestationen sind **bundesweit** gegenüber dem Vortag weiter **angestiegen** (+11), wobei die **größte Zunahme in Wien** (+25) festzustellen ist. Über die letzten 7 Tage ist **österreichweit** auf Normalstationen ein **steigender Covid-19-Belag** (+16,7% / +207) zu beobachten.  
**Intensivpflegebereich:** Die Covid-19-Fallzahlen auf Intensivstationen sind **bundesweit** gegenüber dem Vortag weiter leicht **angestiegen** (+1), wobei die **größte Zunahme in TIR** (+4) zu beobachten ist. Über die letzten 7 Tage ist **österreichweit** auf Intensivstationen eine **steigende Entwicklung der Covid-19-Fälle um +15,8% (+54)** zu beobachten.<sup>(3)</sup>
- Quellen: <sup>(1)</sup> Datenübermittlung der Bundesländer an BMI und BMSGPK, Berechnung BMSGPK, Stand: 17.03.2021; <sup>(2)</sup> AGES Lagebericht, Stand: Vortag des Berichtstages; <sup>(3)</sup> S4 - Kapazitätserhebung, Stand: 17.03.2021

### 1.1. Reiseassoziierte Cluster

In untenstehender Tabelle werden die neu identifizierten Fälle einer bestätigten SARS-CoV2 Infektion nach Kalenderwochen in Österreich dargestellt, welche mit Auslandsreiseassoziierten Fällen in einen Zusammenhang stehen. Aus der Tabelle ist erkennbar, dass in den Kalenderwoche 1-10 im Jahr 2021 immer ein prozentueller Anteil zwischen 0,57% (KW10) und 2,40% (KW03) an der Gesamtmenge der wöchentlichen Neuinfektionen auf Auslandsreiseassoziierte Fälle zurück zu führen war. Die Darstellung inkludiert Fälle deren Infektion während einer Auslandsreise erworben wurden UND Fälle, welche mit diesen einen epidemiologischen Zusammenhang haben). Somit ist erkennbar, dass trotz der derzeit geltenden restriktiven Einreiseregelungen, ein nicht unerheblicher Anteil der Neuinfektionen auf Auslandsreiseassoziierte Fälle zurückführbar ist.

**Tabelle 4: Neu identifizierte Fälle von bestätigter SARS-CoV2 Infektion nach Kalenderwoche: Fälle Gesamt; Auslandsreiseassoziierte Fälle inkludieren Fälle deren Infektion während einer Auslandsreise erworben wurden UND Fälle, die mit diesen einen epidemiologischen Zusammenhang haben (Reise-assozierter Folgefall).**

Jahr	KW	Gesamt		Auslandsreise-assoziierte Fälle (AaF)											
		N <sub>gesamt</sub>	N <sub>AaF</sub>	Westbalkan		Rest EU		Rest Europa		Rest Welt		Unbekannt			
				%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N
2021	01	14626	166	1,13	46	27,71	56	33,73	18	10,84	14	8,43	32	19,28	
	02	10965	227	2,07	45	19,82	65	28,63	12	5,29	27	11,89	78	34,36	
	03	10150	244	2,40	20	8,20	60	24,59	27	11,07	20	8,20	117	47,95	
	04	9555	189	1,98	12	6,35	67	35,45	21	11,11	4	2,12	85	44,97	
	05	9213	130	1,41	18	13,85	74	56,92	14	10,77	5	3,85	19	14,62	
	06	9555	125	1,31	25	20,00	73	58,40	6	4,80	9	7,20	12	9,60	
	07	11770	170	1,44	22	12,94	96	56,47	17	10,00	16	9,41	19	11,18	
	08	14324	182	1,27	23	12,64	124	68,13	10	5,49	3	1,65	22	12,09	
	09	16512	157	0,95	23	14,65	103	65,61	14	8,92	7	4,46	10	6,37	
	10	18609	107	0,57	19	17,76	73	68,22	5	4,67	4	3,74	6	5,61	

(Quelle: Ages-Lagebericht, 16.03.2021)

In der Tabelle ist die Anzahl der Fälle nach deren Zuordnung (Quelle der Infektion) über den Zeitraum der gesamten Epidemiedauer (21.02.2020-15.03.2021) dargestellt. Hier ist erkennbar, dass ein nicht unerheblicher prozentueller Anteil von Fällen auf Reise-assozierte Cluster, Reise-assozierte lokale Cluster und den Import-lokaler Cluster zurückzuführen sind.

Tabelle 3: Anzahl der Fälle nach deren Zuordnung (Clusterfälle, sporadisch importierte Fälle, inkludiert auch sporadisch ausländisch importiert, Fälle in Abklärung/mit ungeklärter Quelle) für die gesamte Epidemiedauer (21.02.2020 – 15.03.2021).

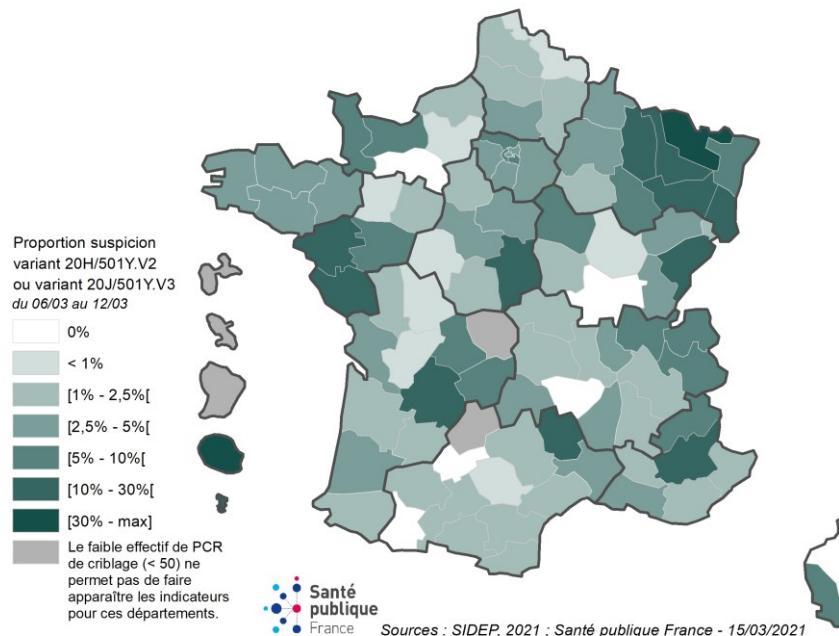
Quelle der Infektion	Phase I		Phase II		Phase III		Phase IV		Phase V		Total
	Fälle	in %	Fälle	in %	Fälle	in %	Fälle	in %	Fälle	in %	
sporadisch importiert	80	8,0	333	2,6	986	7,3	2.314	0,6	238	0,4	3.951
Reise-assoziierter Cluster	60	6,0	82	0,6	1.251	9,2	967	0,2	54	0,1	2.414
Reise-assoziierter lokaler Cluster	165	16,5	314	2,4	984	7,3	2.714	0,7	302	0,5	4.479
import-lokaler Cluster <sup>1</sup>	19	1,9	25	0,2	40	0,3	875	0,2	22	0,0	981
lokaler Cluster	408	40,7	3.969	30,4	5.263	38,9	155.003	38,5	30.297	47,7	194.940
Quelle ungeklärt	57	5,7	1.482	11,4	1.233	9,1	68.364	17,0	10.855	17,1	81.991
Screening <sup>2</sup>	0	0,0	214	1,6	444	3,3	15.613	3,9	3.267	5,1	19.538
in Abklärung	213	21,3	6.626	50,8	3.328	24,6	156.668	38,9	18.472	29,1	185.307

<sup>1</sup> Kontakt zu einem ausländischen Covid-19 Fall im Inland mit lokaler Verbreitung

<sup>2</sup> Fälle identifiziert durch Screening beinhaltet Fälle, die durch jegliche nicht Anlass bezogene Screening-Aktivitäten, wie Screening in Fleisch verarbeitenden Betrieben, in Gastronomiebetrieben, in Pflege-/Altenheime, Screening bei Erntehelfer, etc. und im Rahmen der populationsweiten Tests identifiziert wurden; Fälle bei Reiserückkehrern aus Risikogebieten werden als sporadisch importiert klassifiziert.

## 1.2. Auswirkungen von Reiseassoziierten Cluster

In Frankreich sind mit Stand 07.03.2021, sind mittlerweile 59,5 % der Neuinfektionen in Frankreich auf die Virusvariante B.1.1.7 zurückzuführen. 6,3% der Neuinfektionen lassen sich auf die B.1.351 und P.1 Variante zurückführen. Insbesondere in den Departements Moselle (53,7%), Meurthe-et-Moselle (26,7%) und Meuse (21,6%) sind die Virusvarianten B.1.351 (Südafrika-Variante) und die Variante P.1 (BZL-Variante) bereits weit verbreitet (sh. Grafik)



(Quelle: Santé publique France, Proportion de suspicion de variant d'intérêt 20H/501Y.V2 ou 20J/501Y.V3 du 6 au 12 mars 2021 16.03.2021)

Gleichzeitig fällt im angrenzenden Bundesland auf deutscher Seite eine ähnliche Entwicklung auf: Das Saarland verzeichnet in Meldewochen 08 einen Verhältnismäßig hohen Anteil dieser VOC (sh. Untenstehende Tabelle). Im Laufe der Meldewoche 09 verbreitete sich die Variante weiter auf Nordrhein-Westfalen, Bayern und Baden Württemberg<sup>1</sup>

Bundesland	Hinweis auf VOC	Seq. B.I.I.7	Verdacht B.I.I.7	Verdacht B.I.351	Verdacht P.I	Gesamt	Anteil VOC*
<b>Baden-Württemberg</b>	143	4	798	27	6	978	16,7%
<b>Bayern</b>	740	25	1.693	19	1	2.478	28,1%
<b>Berlin</b>	26	15	389	3	0	433	17,3%
<b>Brandenburg</b>	1	4	157	2	0	164	10,1%
<b>Bremen</b>	4	1	114	0	0	119	20,3%
<b>Hamburg</b>	14	54	256	1	0	325	20,9%
<b>Hessen</b>	118	10	491	7	1	627	15,2%
<b>Mecklenburg-Vorpommern</b>	1	0	158	0	1	160	14,7%
<b>Niedersachsen</b>	96	5	501	1	0	603	10,9%
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	257	37	2.593	43	1	2.931	25,1%
<b>Rheinland-Pfalz</b>	65	28	346	7	0	446	21,3%
<b>Saarland</b>	5	1	132	68	0	206	28,4%
<b>Sachsen</b>	23	1	143	1	1	169	4,7%
<b>Sachsen-Anhalt</b>	49	17	104	0	0	170	8,0%
<b>Schleswig-Holstein</b>	36	2	286	0	0	324	22,3%
<b>Thüringen</b>	53	1	207	0	0	261	9,6%
<b>Gesamt</b>	<b>1.631</b>	<b>205</b>	<b>8.368</b>	<b>179</b>	<b>11</b>	<b>10.394</b>	<b>18,5%</b>

\* Enthält Hinweise, Verdachtsfälle und Nachweise auf VOC

(Quelle: Robert Koch Institut Proportion de suspicion de variant d'intérêt 20H/501Y.V2 ou 20J/501Y.V3 du 6 au 12 mars 2021 16.03.2021)

In Österreich wurde eine ähnliche Entwicklung beobachtet. Die in Tirol verzeichneten Infektionen mit der Südafrika-Variante (vgl. Kapitel 2) sind phylogenetisch sehr homogen, weswegen Expertinnen und Experten vermuten, dass sie auf einen einzelnen – reise-assozierten - Eintrag zurückzuführen sind.

<sup>1</sup> [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/DESH/Bericht\\_VOC\\_2021-03-10.pdf?blob=publicationFile](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Bericht_VOC_2021-03-10.pdf?blob=publicationFile)

## 2. Virusvarianten

Von der ECDC wurden bisher 3 *Variants of Concern* (besorgniserregende Virusvarianten) identifiziert:

- **B.1.1.7 (UK-Variante)<sup>2</sup>**
- **B.1.351 (Südafrika-Variante)**
- **P.1 (BZL-Variante)**

Bei den von der ECDC definierten „Variants of Concern (VOC)“ handelt es sich um Polymorphismen des viralen Genoms, d.h. Mutationen der Aminosäuren von SARS-CoV-2. Jede Mutation im Virusgenom hat das Potenzial die grundsätzlichen Eigenschaften des Virus zu verändern. Z.B. wird nach derzeitigem Wissensstand davon ausgegangen, dass **N501Y**, eine charakteristische Mutation des Spike Proteins bei B1.1.7 und B1.351, die Affinität des Virus für den ACE2-Rezeptor erhöhen kann, welche als wichtige Andockstelle des Virus an menschlichen Zellen betrachtet. Andere Mutationen im Spike Protein bzw. das Zusammenspiel verschiedener Mutationen können Einfluss auf die Bindungsfähigkeit von einzelnen Antikörpern haben und die neutralisierende Wirkung reduzieren (sh. Unten)

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.V1)** 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.V3)**, die von der Linie B.1.1.28 abstammt. Sie weist, wie die anderen VOCs, eine Reihe von Polymorphismen im S-Protein auf. Die Varianten zeigen eine **erhöhte Übertragbarkeit**. Dies kann aufgrund von erhöhten Fallzahlen zu vermehrten Hospitalisierungen und Todesfällen führen.

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. **[Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.]** In einer anderen (Pre-Print) Studie wurde eine ähnliche Viruslast bei der B.1.1.7 Variante wie beim Wildtyp gefunden.

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. Andere Studien zeigen legen wiederum eine längere Inkubationszeit nahe.

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 Länder, in denen die Virusvarianten etabliert sind, zeigen stark ansteigende Inzidenzraten – was zu erhöhten Hospitalisierungsrate, überforderte Gesundheitssysteme und Übersterblichkeit führen kann. 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.

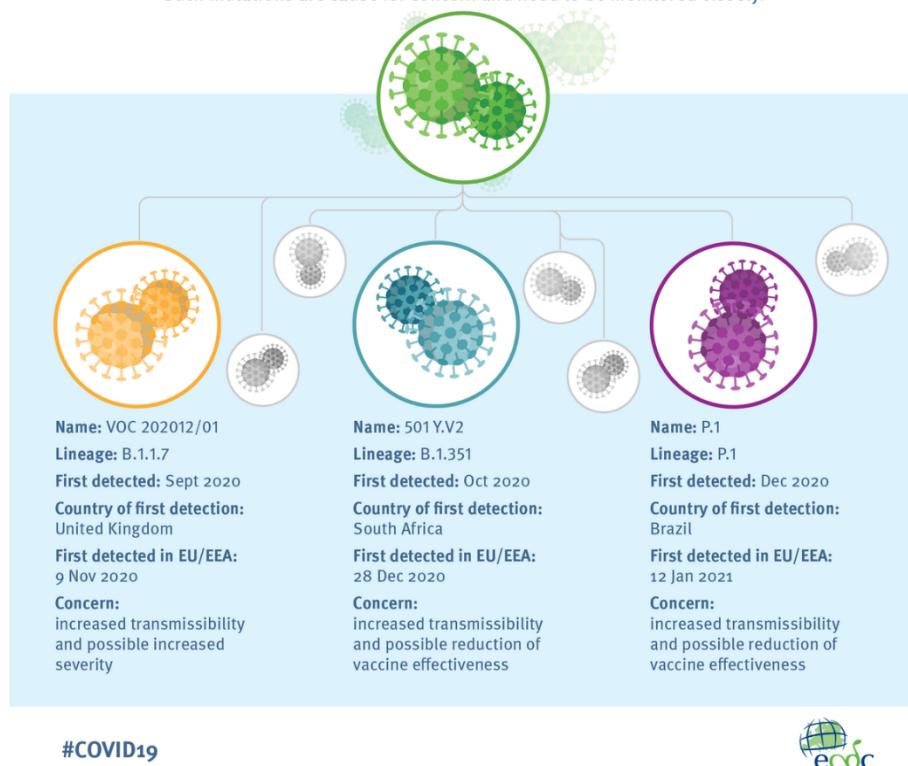
---

<sup>2</sup> Es treten auch vermehr Fälle der UK Variante mit Escape Mutation E484K Auf

## Mutation of SARS-CoV-2: current variants of concern

8 February 2021

Mutations of SARS-CoV-2 that cause COVID-19 have been observed globally. Viruses, in particular RNA viruses such as coronaviruses, constantly evolve through mutations, and while most will not have a significant impact, some mutations may provide the virus with a selective advantage such as increased transmissibility. Such mutations are cause for concern and need to be monitored closely.



#COVID19

Learn more in the latest risk assessment by ECDC on SARS-CoV-2 variants of concern <http://bit.ly/RRAVariants1>

### 2.1. Verbreitung Virusvariante in Österreich

Seit Jahresbeginn wurden gesamt 106.804 Fälle auf SARS-CoV-2 bestätigt, wovon 55.780 Proben durch PCR einem Mutationsscreening unterzogen wurden. Es wurden seit Jahresbeginn kumulativ mit Stand 12.03.2021 bereits 19.041 Fälle der B.1.1.7-Variante bestätigt, wobei eine Verbreitung bereits in allen Landesteilen stattfand. Im selben Zeitraum wurden 518 Fälle der B.1.1.351-Variante bestätigt, wovon 378 auf Tirol und 84 auf Wien entfallen. Die Variante B.1.1.28 wurde bisher in 5 Fällen nachgewiesen (Niederösterreich und Wien). 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	Bestätigt B.1.1.28 *)	B.1.1.7 Sequenzierung bestätigt	B.1.351 Sequenzierung bestätigt	B.1.1.28 Sequenzierung bestätigt *)
<b>Burgenland</b>	3341	2396	1591	1153	5	0	318	0	0
<b>Kärnten</b>	7841	3307	1612	749	1	0	758	0	0
<b>Niederösterreich</b>	21572	12122	7443	4057	25	2	874	8	0
<b>Oberösterreich</b>	15338	6949	3974	2373	13	0	125	4	0
<b>Salzburg</b>	9801	4589	2304	2040	8	0	198	1	0
<b>Steiermark</b>	15040	7110	3056	1848	1	0	301	3	0
<b>Tirol</b>	7407	5626	1955	1097	378	0	128	349	0
<b>Vorarlberg</b>	3808	1170	244	217	3	0	10	1	0
<b>Wien</b>	22656	12511	8083	5507	84	3	613	19	0
<b>Österreich gesamt</b>	106804	55780	30262	19041	518	5	3325	385	0

**Tabelle 1:** Übersicht kumulative Anzahl bestätigte Fälle, PCR-Screening auf Mutationen, N501Y positive Proben sowie bestätigte Fälle der Varianten B.1.1.7, B.1.351 und B.1.1.28 seit Jahresbeginn (Quelle: AGES, Datenstand 10.03.2021; KW01-09)

\*) wird in den Grafiken nicht berücksichtigt, da B.1.1.28 im AGES Variantenbericht dzt. nicht gesondert ausgewiesen wird

Obwohl es gegenwärtig schwierig ist, die Infektiosität und Pathogenität beim Menschen, die Auswirkungen auf Testmethoden und Impfungen valide zu beurteilen, gibt es laut ECDC Hinweise, die auf eine potenziell reduzierte Wirksamkeit einiger COVID-19-Impfstoffe hinsichtlich einer Infektion mit der Variante **501Y.V2 (B1.351)** stammend aus Südafrika als auch mit der brasilianischen Variante **P.1** hindeuten. Des Weiteren ist bereits bestätigt, dass die Virusvarianten 501Y.V2 und P.1. auch mit einer erhöhten Übertragbarkeit verbunden sind. Auch Reinfektionen können potentiell begünstigt werden und somit zu einer erhöhten Belastung des Gesundheitssystems führen.

## 2.2. Verbreitung Virusvariante in Europa

**B1.1.7-Variante (UK):** BE, BG, CZ, DE, DK, EE, EL, ES, FI, FR, HR, HU, IE, IT, LT, LU, LV, MT, NL, PT, PL, RO, SE, SI, SK / CH, IL, IS, NO, UK

**B1.351 Variante (ZA):** BE, DE, DK, EL, ES, FI, FR, HR, IE, IT, LU, MT, NL, PL, PT, SE, CH, IL, NO, UK, EE, RO, SK, CZ

**P.1/P.2-Varianten (BR):** BE, DE, ES, FI, FR, IT, LU, NL, CH, UK, DK

Land	B.1.1.7	B.1.315	P.1.
<b>Belgien</b>	UK- und RSA-Variante lt. Biostatistikern bereits 25% der Neuinfektionen UK-Variante 53 % der Neuinfektionen, in 2 Wochen 70 % (Stand 1.3.2021)	RSA-Variante 2,2%,	BR-Variante 0,9 % (Stand 1.3.2021)
<b>Bulgarien</b>	Britische Mutation verbreitet sich weiter. von 96 für Sequenzierung ausgesuchten Proben wiesen 68 die Britische Mutation auf 04.03.2021: Erhöhung der Zahl der Neuinfizierten und Hospitalisierten, was auf die britische Mutation zurückzuführen ist.	Derzeit nicht nachgewiesen	Derzeit nicht nachgewiesen
<b>Brasilien</b>	Gefundene Mutationen in Brasilien: E484H (aus Südafrika), N501Y (Großbritannien), E484K (Amazonas); keine genauen Zahlen		
<b>Dänemark</b>	Exponentielles Wachstum der UK-Variante B.1.1.7 (KW1: 4,1%, KW2: 7%, KW3: 12,1%, KW6: 45%). 2.3.2021: die Virusvariante B117 machte 72 % der Infektionen aus.	Die ZA Coronavariante B1351 wurde zuletzt bei 13 Corona-Infizierten in DK gefunden	3.3.: 1. Fall der BR Coronavariante B1 in DK befunden.
<b>Deutschland</b>	In der Pressekonferenz am 17.2. stellte BM Spahn die Ergebnisse der Auswertung von 23 000 positiven Testergebnissen durch das RKI vor: Anteil der britischen Variante B.1.1.7 : 22 Prozent	Anteil Stand 17.02: 1,5%	Keine Daten
<b>Estland</b>	Bisher sind etwa 83 Fälle der UK-Variante bekannt. Bei circa 13,7% aller Neuinfektionen wurde die UK-Virusvariante festgestellt.	5 Fälle der RSA-Variante	Keine Daten
<b>Finnland</b> <b>18.02: Entdeckung einer neuen, finnischen Coronavirus-Mutation Fin-796H, einzelne</b>	Stand: 05.03.: 1295 Mutationsfälle, 1223 (B.1.1.7)	Stand: 05.03: 71 ZA-Variante (B.1.351)	1 Fall

Charakteristika der UK und ZA -Variante			
<b>Frankreich</b>	Die britische Virusmutation ist mittlerweile mit 59,5% der analysierten Fälle für mehr als die Hälfte der Neuinfektionen in Frankreich verantwortlich (Stand 05.03.).	6,3% sind auf die ZA/BR Varianten zurück zu führen (Stand 07.03)	6,3% sind auf die ZA/BR Varianten zurück zu führen (Stand 07.03)
<b>Griechenland</b>	Stand 04.03.2021: 1667 Fälle	48 Fälle der südafrikanischen Mutation bestätigt.	Keine Daten
<b>Irland</b>	Sowohl die UK-Variante als auch die ZA-Variante wurde in IE schon nachgewiesen. Die UK-Variante wird als ein wesentlicher Grund der stark ansteigenden Neuinfektionszahlen trotz andauerndem Lockdown genannt.	Sowohl die UK-Variante als auch die ZA-Variante wurde in IE schon nachgewiesen. Die UK-Variante wird als ein wesentlicher Grund der stark ansteigenden Neuinfektionszahlen trotz andauerndem Lockdown genannt.	Keine Daten
<b>Island</b>	Alle bisherigen Fälle im Zusammenhang mit Grenzkontrollen. Keine großflächige Verbreitung in der Bevölkerung.	Keine Infektion bisher nachgewiesen. Alle Testergebnisse werden sequenziert!	Keine Infektion bisher nachgewiesen. Alle Testergebnisse werden sequenziert!
<b>Italien</b>	Lombardie: UK-Variante in mehr als 50% der sequenzierten Fälle nachgewiesen.	In Südtirol gibt es derzeit 49 Personen, die positiv auf die ZA Variante getestet wurden, in der Lombardie 18 ZA-Varianten-Fälle, ansonsten vereinzelte Funde in anderen IT Regionen.	Die brasilianische Mutation ist bisher nicht aufgetreten
<b>Kroatien</b> 4 Fälle der New Yorker Virusmutation sind bestätigt	5.3.: 99 Fälle der britischen Virusmutation bestätigt.	Fälle der südafrikanischen	Keine Daten
<b>Lettland</b>	Bisher 12 Infektionsfälle nachgewiesen	Keine Daten	Keine Daten
<b>Litauen</b>	Das LT Gesundheitsministerium bestätigt den ersten Fall der britischen Covid-19-Mutation B.1.1.7 am 01.02. Laut LT Chefepidemiologin könnte die Mutation bereits im November 2020 nach LT gekommen sein, der Mutationsstrang sei jedoch nicht dominant.	Bislang keine öffentliche Kommunikation zu der etwaigen Präsenz der der südafrikanischen Covid-19-Mutation B.1.351 oder der brasilianischen Covid-19-Mutation P	Bislang keine öffentliche Kommunikation zu der etwaigen Präsenz der der südafrikanischen Covid-19-Mutation B.1.351 oder der brasilianischen Covid-19-Mutation P
<b>Luxemburg</b>	UK-Variante: macht 56% der bestehenden Fälle aus (Stand 25.2.)	14 Fälle	1 Fall
<b>Malta</b>	26.2.: Insgesamt 61 Fälle der UK Variante.	16.2.: Erster Fall der RSA COVID Variante in MT verzeichnet.	Keine Fälle festgestellt bisher
<b>Niederlande</b>	RIVM schätzt, dass Anfang Februar bereits ca. zwei	Bei Sequenzierungen seien bisher auch 26 mal die sog.	Die sog. brasilianische Mutation wurde in der

	Drittel der positiven Tests auf die in UK entdeckte Variante zurückgehen	südafrikanische Variante gefunden, größtenteils bei Personen die selbst eine Reisegeschichte oder Kontakt zu jemandem mit einer Reisegeschichte nach Südafrika hatten.	Variante P1 bisher bei 2 Personen diagnostiziert (beide mit Reisegeschichte nach BR) und in der Variante P2 bei 9 Personen (davon 7 mit und 2 ohne Reisegeschichte nach BR).
<b>Norwegen</b>	Die UK-Virusvariante macht Schätzungen des FHI zufolge inzwischen 50-70% der gesamten Infektionen aus.	wenig bestätigte Fälle des ZA-Virus	Keine Daten
<b>Polen</b>	Die UK-Variante soll nun für ca. 25% Neuinfektionen verantwortlich sein (Stand: 08.03)	Auch in Polen sei inzwischen die südafrikanische Mutation aufgetreten. (Pressemeldung von 22.2.)	
<b>Portugal</b>	Zuletzt größter Anteil aller Neuinfektionen im besonders von der „britischen“ Variante von COVID-19 betroffenen Großraum Lissabon (ca. 60%) und in der Region Norte (ca. 25–30%). • brit. Coronavirus-Variante für dzt. 43% aller Neuinfektionen verantwortlich	RSA: 22.01.2021 Verkündung des ersten Falles einer Infektion mit der RSA-Variante; seither keine weiteren Fälle bekannt;	BRA: Für eine Verbreitung der brasilianischen Variante gab es bis dato keinen Nachweis.
<b>Rumänien</b>	200 Infektionsfälle mit UK Mutation (B.1.1.7)	2 mit Südafrika-Mutation	Keine Daten
<b>Schweden</b>	2.2.: 11% von 2.200 Stichproben positiver PCR Tests zeigen UK Mutation, daher relativ weit verbreitet • 11.2.: Västra Götaland 20% UK, Gävleborg 16% UK 23.2.: breites und steigendes Vorkommen der UK Variante, in Stockholm am höchsten mit ca. 25%.	ZA Variante in bis zu 5% der sequenzierten Proben, aber kein Anstieg, Vorkommen in Clustern.	Keine Daten
<b>Schweiz</b>	Mit Stand 3.3. wurden 11.480 Mutationsfälle bestätigt. 3.992 werden der britischen Virusvariante zugerechnet.	Stand 03.03.2021: 170 der südafrikanischen Variante	Stand 28.02.2021 der 7 Fälle der brasilianischen Variante
<b>Slowakei</b>	PCR-Differenzialtestungen (Test der Firma MultiplexDX) von 1.962 am 3.2.2021 genommenen positiven Proben aus dem ganzen Land identifizierten in rd. 74 % dieser Proben die britische Variante, ebenso in 72 % der 2.384 pos. Proben vom 15.2.2021.	Erstmals Nachweis der südafrikanischen Variante am 5.3. in sieben (von 96 geprüften) Proben. In vier der sieben Fälle liegt eine Reiseanamnese vor (Ukraine, Deutschland, Sansibar).	Bislang kein Nachweis der brasilianischen Variante.
<b>Spanien</b>	UK-Variante auf 30% der Fälle landesweit geschätzt; mind. 14 Auton. Gemeinschaften unterschiedlich stark betroffen (z.B. Asturien 67%, Madrid 40% u Katalonien 47%). (Stand 26.02.)	7 Fälle der RSA-Variante bestätigt. (Stand 26.02.)	2 Fälle der BRA Variante (P1), 3 Fälle der BRA-Variante (P2). (Stand 26.02.)

<b>Tschechische Republik</b>	Laut dem Staatsgesundheitsamt entfallen in den schwer betroffenen Regionen 80% der neuen Fälle nachweisbar auf die neue UK-Mutation; der CZ Durchschnitt liegt bei 40% 28.2.: Laut dem Staatsgesundheitsamt entfallen die meisten Fälle auf neue Mutationen.	Erste Fälle von südafrikanischer Virusvariante	Keine Daten
<b>UK</b>		bisher sind 202 Fälle im UK bestätigt.	P1/Manaus-Variante (B.1.1.28) -> VOC: bisher 6 Fälle bekannt und isoliert; P2 (B.1.1.28) -> VUI: weniger ansteckende Brasilienvariante entdeckt; bisher 43 Fälle
<b>Ungarn</b>	15.2.21: 69 Fälle der UK Virusmutation wurden in HU nachgewiesen; Andere Corona-Mutationen sind bisher nicht nachgewiesen worden. 25.2.: 400 Fälle der UK Virusmutation wurden in HU nachgewiesen; CZ Corona-Mutationen sind bisher nicht nachgewiesen worden	Keine Daten	Keine Daten
<b>USA</b> COVID-Variante <b>B.1.526</b> , welche zunächst in NY identifiziert wurde und deren Verbreitung insb. in New York City stetig zunimmt, in 39% aller Neuinfektionen (Vgl: 31% in der Vorwoche) nachgewiesen werden. Experten zufolge sei ein höheres Ansteckungspotential im Vergleich zum Ursprungsvirus festzustellen	Die Verbreitung div. COVID-Mutationen in den US steigt weiterhin konstant an. <b>B.1.1.7 (UK)</b> wurde mittlerweile in 49 Bundesstaaten festgestellt.	, <b>B.1.351 (ZA)</b> in 21 Bundesstaaten festgestellt	<b>P.1. (BR)</b> in 9 Bundesstaaten festgestellt
<b>Zypern</b>	UK- Variante seit 5.1.2021 in CY existent und besonders in der „TRNZ“ vorkommend	RSA und BRA- Mutationen bis dato noch nicht explizit nachgewiesen (mangelnde direkte Flugverbindungen, sowie Einreiseverbote für Personen aus RSA und BRA)	RSA und BRA- Mutationen bis dato noch nicht explizit nachgewiesen (mangelnde direkte Flugverbindungen, sowie Einreiseverbote für Personen aus RSA und BRA)
<b>Israel</b> „Kalifornien“-Mutation: 7 bestätigte Fälle (Stand 22.02.2021) • erster bestätigter Fall der neuen „Uganda“-Mutation	UK-Mutation: bereits 90% der Neuinfektionen (Stand 22.02.2021)	„südafrikanische“ Mutation: ca. 1% der Neuinfektionen Stand 22.02.2021	BR-Mutation: bisher noch keine Fälle bekannt
<b>Südafrika</b>	Keine Daten	In Südafrika wird der Anteil der Infektionen in der zweiten Welle durch diese Variante bei rund 95% gesehen	Keine Daten

Quelle: Botschaftsberichte, Stand: 12.03.2021

### 3. Nicht-pharmazeutische Maßnahmen bei Einreise

#### 3.1. Ärztliches Zeugnis / inländischer Testnachweis

Der Trend geht in einzelnen europäischen Ländern dazu über, dass die Testdurchführung keine ausschließliche ärztliche Tätigkeit mehr ist. Z.B. wurde in Deutschland der Arztvorbehalt aufgehoben, welcher vorsieht, dass die Durchführung von diagnostischen Tests als Teil der heilkundlichen Tätigkeit ausschließlich Ärzten/Ärztinnen vorbehalten ist. In den Nachbarländern wurden niederschwellige Testangebote etabliert, jedoch fehlt noch eine übergreifende Struktur zur Darstellung/Auswertung der entsprechenden Testergebnisse. Grundsätzliche Anforderungen sind (1) leichte Verständlichkeit für die Kontrollbeamten, (2) einheitliche Angabe des Zeitpunkts der Probennahme (und Testdurchführung), (3) fälschungssicheres Dokument. Auf europäischer Ebene wird derzeit zur Erleichterung des Binnenreiseverkehrs an einer Etablierung bzw. Harmonisierung bestehender Reporting Standards gearbeitet. Das ärztliche Zeugnis bietet vor dem Hintergrund der noch bestehenden heterogenen Landschaft eine Sicherung von Qualitätsstandards hinsichtlich Testdurchführung. Ausgenommen hierfür sind inländische Testnachweise, da durch die Gesundheitsbehörden und Verwaltung das Einhalten von Qualitätsstandards gewährleistet werden kann. Sollte das ärztliche Zeugnis/der Testnachweise nicht vorgelegt werden können, ist den Personen die Einreise zu verwehren. Es kann davon abgewichen werden, wenn a) die Personen sich verpflichten umgehend, jedenfalls binnen 24 Stunden nach der Einreise eine Testung auf eigene Kosten durchzuführen und unverzüglich eine Quarantäne mit der Dauer von 10 Tagen anzutreten und b) bis zur Durchführung des Tests sowie dem Vorliegen des Tests eine Selbstisolation der Person gewährleistet ist.

#### 3.2. Quarantäne nach Einreise mit Freitestmöglichkeit

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.V1) 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.V3)**, die von der Linie B.1.1.28 abstammt. Sie weist, wie die anderen VOCs, eine Reihe von Polymorphismen im S-Protein auf **Es ist eine ungültige Quelle angegeben**.

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

- B.1.1.7 (501Y.V1)
  - Inkl. B.1.1.7 mit E484K Mutation
- B.1.351 (501Y.V2)
- P.1 (501Y.V3)

Die N501Y-Mutation ist kennzeichnend für alle drei der momentan unter Beobachtung stehenden VOCs (B.1.1.7, B.1.351 und P.1), bei ihrem Nachweis liegt mit hoher Wahrscheinlichkeit eine dieser Varianten vor. **Es ist eine ungültige Quelle angegeben**.

Die Varianten zeigen eine **erhöhte Übertragbarkeit**. Dies kann aufgrund von erhöhten Fallzahlen zu vermehrten Hospitalisierungen und Todesfällen führen. **Es ist eine ungültige Quelle angegeben**. 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. **Es ist eine ungültige Quelle angegeben**. In einer anderen (Pre-Print) Studie wurde eine ähnliche Viruslast bei der B.1.1.7 Variante wie beim Wildtyp gefunden. **Es ist eine ungültige Quelle angegeben**.

Bezüglich **möglicher kürzerer Inkubationszeit** bei SARS-CoV-2-Mutationen zeigten Studien, dass Varianten mit D614G-Mutation schneller in Zellen repliziert, als andere Varianten, und so eventuell zu einer kürzeren Inkubationszeit führen könnte. **Es ist eine ungültige Quelle angegeben.** Andere Studien zeigen legen wiederum eine längere Inkubationszeit nahe. **Es ist eine ungültige Quelle angegeben.** Die Daten- und Studienlage zu neuen SARS-CoV-2 Varianten ist aufgrund der geringen Zeit seit erster Identifizierung limitiert und meist regional begrenzt.

Neben dem „üblichen“ Risiko der Staaten anhand der Fallzahlen, besteht durch die Verbreitung der Virusmutationen ein erhöhtes Infektionsrisiko. Das Problem ist jedoch, dass die notwendigen epidemiologischen Parameter zur Bewertung der epidemiologischen Lage in anderen Europäischen Ländern noch nicht in allen Ländern zur Verfügung stehen. Aufgrund der bisher beobachteten assoziierten Mutanten-spezifischen Eigenschaften (Übertragbarkeit) scheint eine Unterteilung hinsichtlich Quarantänedauer nicht indiziert. Daher ist es fachlich gerechtfertigt alle einreisenden Personen unter Quarantäne zu stellen und die Möglichkeit zum Freitesten zu schaffen. Die Dauer von Quarantänebestimmungen sollte sich an die aktuell gültigen behördlichen Vorgangsweisen bei SARS-CoV-2 Kontaktpersonen orientieren, mindestens jedoch 10 Tage betragen. Die Möglichkeiten zum Freitesten nach Hälfte der vorgesehenen Quarantänedauer ist hierbei fachlich gerechtfertigt, da aufgrund vorliegender Informationen zur zeitlichen Entwicklung der Virusabscheidungen, mögliche erkrankte Personen an diesem Tag bereits infektiös sind und Virusmaterial ist i.d.R. bereits nachweisbar.

#### 4. Schlussfolgerung

Aufgrund der erhöhten Übertragbarkeit und der Möglichkeit, dass die vorhandenen zugelassenen COVID-19-Impfstoffe gegen eine vom ECDC als besorgniserregende (variant of concern) eingestufte Variante nur teilweise oder deutlich weniger wirksam sind, in Verbindung mit der hohen Wahrscheinlichkeit, dass der Anteil der SARS-CoV-2-Fälle aufgrund von 501Y.V2 (B1.351) stammend aus Südafrika und der brasilianischen Variante P.1 zunehmen wird, wird das Risiko im Zusammenhang mit der weiteren Ausbreitung der SARS-CoV-2 Virusvarianten in der EU/im EWR von der ECDC derzeit als hoch bis sehr hoch für die Gesamtbevölkerung und sehr hoch für gefährdete Personen bewertet. Die mittlerweile bestätigte höhere Transmissibilität kann die Reproduktionszahl signifikant erhöhen und somit das Infektionsgeschehen maßgeblich beschleunigen.

Aus infektions-epidemiologischen Überlegungen ist es geboten einen weiteren Eintrag der neuen Virus-Varianten nach Österreich jedenfalls so gering wie möglich zu halten. Aufgrund der hohen und weiterhin steigenden Fallzahlen und den internationalen Berichten zur Verbreitung der neuen Virusvarianten, stellen restriktivere Einreiseregelungen eine effektive Maßnahme zur Vermeidung von Reiseverkehr (insbesondere Pendlerverkehr (dzt. vom Geltungsbereich der VO ausgenommen)) und damit einer potentiellen Eintragsquelle dar. (vgl. *Internationale Verbreitung Virusvarianten*)

Nach den EK-Kriterien (inklusive Neufassung 2020/1475) zur Bewertung von allen EU-/EWR-Staaten+Schweiz+Vereinigtes Königreich als auch der Ratsempfehlung zur Bewertung von Drittstaaten wird die epidemiologische Situation der Staaten nach mehreren Kriterien bewertet. Diese umfassen: die 14-Tagesinzidenz, die Positivrate der Testungen (7 Tage), die Anzahl der Testungen. Nach der Einstufung aller nicht auf Anlage A geführten Staaten als Risikogebiet, der zumeist weiterhin steigenden Fallzahlen und der Verbreitung der genannten Virusvarianten in nahezu allen EU, EWR-Staaten + CH + UK stellen restriktive Einreiseregelungen eine effektive Maßnahme zur Vermeidung von potentiellen Eintragsquellen dar. **Daher kann eine Verlängerung von restriktiven Einreiseregelungen und die Verlängerung der EinreiseVO fachlich begründet werden.**