



Schriftliche Anfrage

der Abgeordneten **Franz Bergmüller, Andreas Winhart, Christian Kligen, Gerd Mannes, Josef Seidl, Jan Schiffers, Ulrich Singer, Ralf Stadler AfD**
vom 14.01.2021

Politische Instrumentalisierung der COVID-19-Mutation B.1.1.7 durch die Staatsregierung

In Deutschland kursiert die COVID-19-Mutation B.1.1.7 wohl schon seit November. Fachleute der Medizinischen Hochschule Hannover identifizierten den Erreger bei einem Ehepaar in Niedersachsen, das bereits Ende November erkrankt war. Vermutlich habe die Tochter des Mannes sich im November in England mit dem Virus angesteckt, heißt es in der Pressemitteilung. Am 14.01.2021 begann die BILD-Zeitung, die Bevölkerung auf noch weiter gehende Einschränkungen der Grundrechte der Bürger einzustimmen. Als Argument werden diese neue Mutation und außer Kontrolle geratene Inzidenzzahlen in Irland genannt: „Nach BILD-Informationen wird bereits im Verkehrsministerium geprüft, welche Konsequenzen für Mobilität und Logistik ein kompletter Shutdown des Landes hätte. Man arbeite daran, trotzdem die Versorgung der Bevölkerung sicherzustellen. Verkehrsminister Andreas Scheuer wollte sich auf BILD-Anfrage dazu nicht äußern. Seit Tagen wird im Kabinett die Infektionskurve aus Irland diskutiert. ‚Es herrscht die blanke Angst wegen der Mutation‘, sagte ein Teilnehmer zu BILD. Seit Mitte Dezember erlebte Irland den steilsten Anstieg von Corona-Ansteckungen, der bislang weltweit registriert wurde. Die 7-Tages-Inzidenz stieg zwischen dem 29. Dezember bis zum 10. Januar von 140 auf gut 1000, mittlerweile fällt sie wieder“ (<https://www.bild.de/bild-plus/politik/inland/politik-inland/corona-plan-im-kanzleramt-angela-merkel-will-den-mega-lockdown-74895550.view=conversionToLogin.bild.html>).

Doch offizielle Vertreter der Weltgesundheitsorganisation (WHO) sagen das genaue Gegenteil von dem, was Bundeskanzlerin Dr. Angela Merkel vorträgt. Die Bundeskanzlerin schneidet hierbei offenbar das Faktum weg, dass die gegenwärtigen Anstiege in Irland „auf die zunehmende soziale Vermischung in der Weihnachtszeit zurückzuführen“ waren. Diese Aussage kam offenbar sogar von der Weltgesundheitsorganisation. Der Notfallchef der WHO Dr. Mike Ryan äußerte am 11.01.2021 gegenüber der Irish Times: „Mein eigenes Land in Irland ... hat einen der akutesten Anstieg der Krankheitsinzidenz eines Landes der Welt erlitten ..., und zwar nicht aufgrund der Variante, möchte ich hinzufügen, sondern aufgrund der zunehmenden sozialen Vermischung und Verringerung der physischen Distanzierung. Neue Variantenstämme ... waren nicht der Treiber der neuen Entwicklung.“ (https://www.hpsc.ie/a-z/respiratory/coronavirus/novelcoronavirus/surveillance/epidemiologyofCOVID-19inirelandweeklyreports/COVID-19%20Weekly%20Report_%20Week%201_%20Slidset_HPSC%20-%20Website.pdf)

Der Wochenanalyse der Zahlen aus Irland kann man für die erste Woche des Jahres 2020 auf Seite 11 und 12 jedenfalls entnehmen, wer die Haupttreiber dieses Anstiegs der Zahlen ist: Es ist die Generation der 19- bis 24-Jährigen. Diese Altersgruppe hat eine Inzidenzzahl von 2000 erreicht. Innerhalb der 19- bis 24-Jährigen sind wiederum die Frauen stärker an diesem gegenwärtigen Anstieg beteiligt als die Männer (https://www.hpsc.ie/a-z/respiratory/coronavirus/novelcoronavirus/surveillance/epidemiologyofCOVID-19inirelandweeklyreports/COVID-19%20Weekly%20Report_%20Week%201_%20Slidset_HPSC%20-%20Website.pdf). Seit dem 11.01.2021 sinken diese Zahlen auch signifikant, was erkennen lässt, dass diese Ansteckungen tatsächlich an wenigen Weihnachtstagen stattgehenden haben müssen und danach nicht mehr.

Hinweis des Landtagsamts: Zitate werden weder inhaltlich noch formal überprüft. Die korrekte Zitierweise liegt in der Verantwortung der Fragestellerin bzw. des Fragestellers sowie der Staatsregierung.

Die Briefings der britischen Regierung zur neuen Mutation finden sich hier: <https://www.gov.uk/government/publications/investigation-of-novel-sars-cov-2-variant-variant-of-concern-20201201> und die aktuellen Daten z. B. hier: <https://ourworldindata.org/local-COVID-uk>

Der Epidemiologe und Virologe Dr. Klaus Stöhr (ex WHO) meint zur Argumentation von Bundeskanzlerin Dr. Angela Merkel und Ministerpräsident Dr. Markus Söder: „Es ist falsch, Irland als Beispiel für die Auswirkungen der Mutation anzuführen. Die irischen Gesundheitsbehörden schlussfolgern eindeutig, dass die Zunahme der Kontakte für den Anstieg der Infektionen verantwortlich war. Erst nach dem starken Anstieg begann die Ausbreitung der neuen Virus-Variante. In England bleibt es für mich noch spekulativ, wie hoch der Anteil der Mutation am Infektionsgeschehen ist. Seit drei Wochen gibt es keine neuen Bewertungen aus England. Für robuste Schlussfolgerungen braucht es mehr Daten. Wir sollten die Maßnahmen in Deutschland anpassen, wie sich die Krankheitssituation aktuell bei uns entwickeln wird – nicht nach noch ungeklärten Virus-Phänomenen in anderen Ländern. Eine Einschleppung der Variante nach Deutschland kann sowieso nicht verhindert werden. Die englischen Kollegen gehen sogar davon aus, dass die Variante aus Europa stammt. Sie existiert ja auch schon in Deutschland.“ (<https://www.bild.de/politik/inland/politik-inland/pandemie-experte-lock-down-ziel-ist-realitaetsfern-und-demotivierend-74879540.bild.html>)

Der bayerische Ministerpräsident kann hingegen der Verlockung nicht widerstehen, die hohen Zahlen in Irland mit der Mutation B.1.1.7 in Verbindung zu bringen: „Söder warnte vor allem vor der Gefahr, dass sich Virus-Mutationen ausbreiten. Diese grassierten nicht nur in Großbritannien, Irland ...“ (https://www.t-online.de/nachrichten/deutschland/id_89251950/csu-markus-soeder-fordert-laengeren-und-haerteren-corona-lockdown.html).

Wir fragen die Staatsregierung:

1.	Mutationen	5
1.1	Ist die grundsätzliche Aussage – von Ausnahmen abgesehen – wissenschaftlich zutreffend, dass Mutationen von Viren, die den Tod des Wirts zur Folge haben, seltener vorkommen als Mutationen von Viren, die den Wirt nicht töten (bitte erklären)?	5
1.2	Trifft die in 1.1 abgefragte Tendenz grundsätzlich auch für die Ausbreitung von Viren zu, sodass Mutationen von Viren, die die Ausbreitung beschleunigen, häufiger vorkommen, als Mutationen von Viren, die die Ausbreitung verlangsamen (bitte erklären)?	5
1.3	Wie ist zu den in 1.1 und 1.2 abgefragten Umständen die herrschende Meinung der Wissenschaft (bitte hierzu neutrale Studien angeben)?	5
2.	Genanalysen von Viren	5
2.1	Ist zutreffend, dass in Deutschland bzw. Bayern nur die Gensequenzen von etwa einer aus 900 Virenproben sequenziert werden (bitte die Zahlen für Bayern und insbesondere die wöchentliche Anzahl der Sequenzierungen der COVID-Mutationen pro wöchentlicher Infektionsmeldung aufschlüsseln)?	5
2.2	Aus welchen Gründen hielt die Staatsregierung die in 2.1 abgefragten Zahlen für Bayern bisher für ausreichend, angesichts der Tatsache, dass gemäß Auffassung der Staatsregierung eine Pandemie vorliegt, die die intensivsten Einschränkungen der Grundrechte der Bürger seit dem Zweiten Weltkrieg mit sich bringt und der Argumentation der Staatsregierung zufolge eine große Anzahl an Menschenleben fordert?	5
2.3	Welche Initiativen hat die Staatsregierung gestartet, diese in 2.1 und 2.2 abgefragten Zahlen der Sequenzierung der Mutationen des COVID-19-Virus zu erhöhen (bitte chronologisch aufschlüsseln)?	6
3.	COVID-19-Mutation B.1.1.7 weniger gefährlich als bisherige Mutationen	6
3.1	Ist aus Sicht der Staatsregierung der im Vorspruch zitierten Briefings der britischen Regierung und ihrer Aktualisierung „Technical Briefing 2“ aus demselben Monat Dezember 2020 auf Seite 8 zu entnehmen, dass aus den in zwei Vergleichsgruppen untersuchten 3538 Infizierten aus der Gruppe mit den altbekannten Mutationen 26 Patienten und damit 1,5 Prozent der Infizierten ins Krankenhaus mussten und bei den mit der neuen Mutation B.1.1.7 Infizierten lediglich 0,9 Prozent der Infizierten ins Krankenhaus mussten?	6

3.2	Ist aus den in 3.1 abgefragten Zahlen zutreffend zu entnehmen, dass ausgehend von der Gruppe der mit der Mutation B.1.1.7 16 Infizierten, die ins Krankenhaus mussten, durch die 26 Infizierten aus der Vergleichsgruppe der „normalen“ Mutationen, um 61 Prozent übertroffen wird (im Verneinungsfall bitte korrigierte Werte zugrunde legen)?	6
3.3	Teilt die Staatsregierung die aus den in 3.1 und 3.2 abgefragten Zahlen ableitbare Aussage, dass diese Eigenschaft der COVID-19-Mutation B.1.1.7 daher geeignet ist, Krankenhäuser erheblich zu entlasten (im Verneinungsfall bitte begründen)?	6
4.	COVID-19-Mutation B.1.1.7 schützt besser vor Neuinfektion	6
4.1	Ist aus Sicht der Staatsregierung der im Vorspruch zitierten Briefings der britischen Regierung und ihrer Aktualisierung „Technical Briefing 2“ aus demselben Monat Dezember 2020 auf Seite 9 zu entnehmen, dass aus den in zwei Vergleichsgruppen untersuchten 3538 Infizierten aus der Gruppe mit den altbekannten Mutationen drei Infizierte ein zweites Mal Symptome entwickeln und bei den mit der neuen Mutation B.1.1.7 Infizierten lediglich zwei Infizierte ein zweites Mal Symptome entwickeln?	6
4.2	Ist aus den in 4.1 abgefragten Zahlen zutreffend zu entnehmen, dass ausgehend von der Gruppe der zwei mit der Mutation B.1.1.7 Infizierten, die ein zweites Mal Symptome entwickeln, von der Vergleichsgruppe der „normalen“ Mutationen mit ihren drei erneut Infizierten um 33 Prozent übertroffen wird (im Verneinungsfall bitte korrigierte Werte zugrunde legen)?	6
4.3	Teilt die Staatsregierung die aus den in 4.1 und 4.2 abgefragten Zahlen ableitbare Aussage, dass die COVID-19-Mutation B.1.1.7 geeignet ist, Infizierte besser vor einer neuen Infektion zu schützen, als alle bisherigen Mutationen (im Verneinungsfall bitte begründen)?	6
5.	COVID-19-Mutation B.1.1.7 breitet sich schneller aus	7
5.1	Ist aus Sicht der Staatsregierung der im Vorspruch zitierten Briefings der britischen Regierung und ihrer Aktualisierung „Technical Briefing 3“ aus dem Monat Januar 2021 insbesondere aus Tabelle 2 zu entnehmen, dass die „secondary attack rate“ bei der Mutation B.1.1.7 eine höhere Infektionsrate erkennen lässt als bei der mit allen anderen Varianten befallenen Vergleichsgruppe?	7
5.2	Welchen Einfluss auf die in 5.1 abgefragte höhere „secondary attack rate“ hat nach Ansicht der Staatsregierung der Umstand, dass aus Tabelle 2 des 3. Briefings entnehmbar ist, dass die Jahrgangsguppe der hoch aktiven 40- bis 49-Jährigen in besonderem Umfang zur Verbreitung der Mutation B.1.1.7 beigetragen hat, im Gegensatz zum geringen Verbreitungsbeitrag in der Generation 60+?	7
5.3	Teilt die Staatsregierung die aus den in 6.1 und 6.2 abgefragten Zahlen ableitbare Aussage, dass das aus der „secondary attack rate“ herauslesbare um den Faktor von ca. 1,35 gesteigerte Sozialverhalten der Jahrgangsguppe der 40- bis 49-Jährigen einen erkennbar gesteigerten Beitrag zur Ausbreitung der COVID-19-Mutation B.1.1.7 liefert (im Verneinungsfall bitte begründen)?	7
6.	Einfluss der COVID-19-Mutation B.1.1.7 auf den Anstieg der Inzidenzzahlen in Irland	8
6.1	Welche Tatsachen liegen der Staatsregierung bis zum Zeitpunkt der Beantwortung dieser Anfrage zum Anstieg der Inzidenzen in Irland vor, die mit der folgenden Aussage des Notfallchefs der WHO, dem Iren Dr. Mike Ryan, in folgendem Satz am 11.01.2021 zum Ausdruck gebracht wurden, nicht in Einklang stehen: „Mein eigenes Land in Irland ... hat einen der akutesten Anstiege der Krankheitsinzidenz eines Landes der Welt erlitten ..., und zwar nicht aufgrund der Variante, möchte ich hinzufügen, sondern aufgrund der zunehmenden sozialen Vermischung und Verringerung der physischen Distanzierung.“ (bitte chronologisch vollumfänglich aufschlüsseln)?	8

6.2	Welche Tatsachen liegen der Staatsregierung bis zum Zeitpunkt der Beantwortung dieser Anfrage betreffend der Tatsachen zum Anstieg der Inzidenzen in Irland vor, die mit der folgenden Aussage des Notfallchefs der WHO, dem Iren Dr. Mike Ryan, in folgendem Satz am 11.01.2021 zum Ausdruck gebracht wurden, nicht in Einklang stehen: „Neue Variantenstämme ... waren nicht der Treiber der neuen Entwicklung.“ (bitte chronologisch vollumfänglich aufschlüsseln)?	8
6.3	Aus welchen Gründen stellt die Staatsregierung angesichts der in 6.1 und 6.2 abgefragten Aussagen, dass sicher ausgeschlossen werden kann, dass die Mutation B.1.1.7 zum Anstieg in Irland beigetragen hat, dennoch eine Beziehung zwischen der Mutation B.1.1.7 und dem Anstieg der Zahlen in Irland her?	8
7.	Bewertung der in 1 bis 6 abgefragten Fakten innerhalb der Staatsregierung ...	8
7.1	Welche Tatsachen sind der Staatsregierung bekannt, die den in 3.1; 4.1; 5.2 abgefragten Tatsachen widersprechen, dass die Mutation B.1.1.7 des COVID-19-Virus für die Generation 60+ das Schicksal eines Infizierten eher verbessert als verschlechtert?	8
7.2	Welche Tatsachen sind der Staatsregierung bekannt, die dafür sprechen, dass die Wirkung der in 5 abgefragten schnelleren Verbreitung der Mutation B.1.1.7 des COVID-19-Virus die in 3 abgefragte Wirkung der reduzierten schweren Verläufe und die in 4 abgefragte Wirkung des besseren Schutzes gegen eine erneute Infektion überkompensieren könnte (bitte unter Angabe der Quellen vollständig auflisten)?	8
7.3	In welchem Umfang wurden die in 3, 4, 5.2 abgefragten wissenschaftlichen Tatsachen, die die Mutation B.1.1.7 offenkundig weniger todbringend machen als alle bisherigen Varianten, im Kabinett thematisiert (bitte die in diesem Zusammenhang ausgetauschten Argumente chronologisch nach Tagen aufschlüsseln)?	9
8.	Bewertung der in 1 bis 6 abgefragten Fakten in der Bund-Länder-Konferenz ..	9
8.1	Welche der in 3.1, 4.1, s5.2 abgefragten Tatsachen hat die Staatsregierung in der auf den 14.01.2021 folgenden Bund-Länder-Konferenz eingebracht oder dort besprochen (bitte die Argumentationslinie und den daraus abgeleiteten Einfluss auf die Entscheidungsfindung darlegen)?	9
8.2	Welche der in 6.1, 6.2 abgefragten Tatsachen hat die Staatsregierung in der Bund-Länder-Konferenz vom 05.01.2021 oder in der auf den 14.01.2021 folgenden Bund-Länder-Konferenz eingebracht oder dort besprochen (bitte die Argumentationslinie und den daraus abgeleiteten Einfluss auf die Entscheidungsfindung darlegen und hierbei insbesondere die Verhinderung der Verbreitung der falschen Tatsache, dass für den Anstieg die Mutation B.1.1.7 ursächlich wäre)?	9
8.3	In welchem Umfang wurde – angesichts der Tatsache, dass die Inhalte der Briefings 1 bis 3 der Gesundheitsbehörden Großbritanniens über die Auswirkungen der Mutation B.1.1.7 am Tag der Bund-Länder-Konferenz vom 05.01.2021 bereits bekannt waren und wobei Briefing 3 am Abend des 04.01.2021 veröffentlicht wurde – die Mutation B.1.1.7 z. B. durch die Staatsregierung oder andere in dieser Bund-Länder-Konferenz angesprochen (bitte die ausgetauschten Argumente hierzu darlegen und den Grund dafür angeben, dass am 05.01.2021 zur Eindämmung von B.1.1.7 nichts beschlossen wurde)?	10

Antwort

des Staatsministeriums für Gesundheit und Pflege

vom 10.03.2021

1. Mutationen

- 1.1 Ist die grundsätzliche Aussage – von Ausnahmen abgesehen – wissenschaftlich zutreffend, dass Mutationen von Viren, die den Tod des Wirts zur Folge haben, seltener vorkommen als Mutationen von Viren, die den Wirt nicht töten (bitte erklären)?**

Die Frage ist in dieser Allgemeinheit nicht zu beantworten. Grundsätzlich setzen sich bei Viren diejenigen Mutationen durch, die einen evolutionären Vorteil bieten. Die Todesfolge des Wirtes kann im Zusammenhang mit der Durchsetzung von verschiedenen Mutationen eine Rolle spielen, lässt aber nicht auf die Häufigkeit der Mutationsereignisse schließen. Führt eine Mutation zu einem schnellen Tod des Wirts und verhindert so die Weitergabe des Virus, ergibt sich hierdurch kein Evolutionsvorteil für das Virus. Zu Mutationen, die den Viren einen evolutionären Vorteil bieten, zählen zum Beispiel eine erhöhte Bindungsaffinität für den entsprechenden Rezeptor oder eine erhöhte Stabilität in der Umwelt.

- 1.2 Trifft die in 1.1 abgefragte Tendenz grundsätzlich auch für die Ausbreitung von Viren zu, sodass Mutationen von Viren, die die Ausbreitung beschleunigen, häufiger vorkommen, als Mutationen von Viren, die die Ausbreitung verlangsamen (bitte erklären)?**
- 1.3 Wie ist zu den in 1.1 und 1.2 abgefragten Umständen die herrschende Meinung der Wissenschaft (bitte hierzu neutrale Studien angeben)?**

Hierzu liegen der Staatsregierung keine Erkenntnisse vor.

2. Genanalysen von Viren

- 2.1 Ist zutreffend, dass in Deutschland bzw. Bayern nur die Gensequenzen von etwa einer aus 900 Virenproben sequenziert werden (bitte die Zahlen für Bayern und insbesondere die wöchentliche Anzahl der Sequenzierungen der COVID-Mutationen pro wöchentlicher Infektionsmeldung aufschlüsseln)?**

Der Staatsregierung liegen derzeit noch keine Erkenntnisse für die Gesamtheit aller mit Genomsequenzierungen befassten Labore in Bayern vor. Eine Anpassung der seit Frühjahr 2020 greifenden Labormeldepflicht um die Zahl der ausgeweiteten Vorscreening-PCR-Tests auf SARS-CoV-2 sowie die Anzahl der vorgenommenen Gesamtgenomsequenzierungen besteht erst seit 12.02.2021 auf der Grundlage der zu diesem Datum geänderten Allgemeinverfügung zur Labormeldepflicht (Bay MBL. 2021 Nr. 109). Zur Lage in Deutschland wird auf die regelmäßig erscheinenden Berichte zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland verwiesen, insbesondere zur besorgniserregenden Variante (Variant of Concern – VOC) B.1.1.7, die auf der Homepage des Robert-Koch-Instituts (RKI) eingestellt sind.

- 2.2 Aus welchen Gründen hielt die Staatsregierung die in 2.1 abgefragten Zahlen für Bayern bisher für ausreichend, angesichts der Tatsache, dass gemäß Auffassung der Staatsregierung eine Pandemie vorliegt, die die intensivsten Einschränkungen der Grundrechte der Bürger seit dem Zweiten Weltkrieg mit sich bringt und der Argumentation der Staatsregierung zufolge eine große Anzahl an Menschenleben fordert?**

Die Gesamtgenomsequenzierung ist eine aufwendige und zeitintensive Untersuchung, die für eine kurzfristige Entscheidung über unmittelbar zu ergreifende Infektionsschutzmaßnahmen nicht geeignet ist. Goldstandard zum Nachweis von SARS-CoV-2 ist nach wie vor die Polymerasekettenreaktion (PCR), die innerhalb weniger Stunden Auskunft über das Vorliegen einer Infektion gibt. Basierend auf den Ergebnissen dieser Untersuchungen

wurden die abgewogenen Maßnahmen zur Begrenzung des Infektionsgeschehens unabhängig von Sequenzierungen des Gesamtgenoms von SARS-CoV-2 getroffen.

2.3 Welche Initiativen hat die Staatsregierung gestartet, diese in 2.1 und 2.2 abgefragten Zahlen der Sequenzierung der Mutationen des COVID-19-Virus zu erhöhen (bitte chronologisch aufschlüsseln)?

Die Staatsregierung hat am 02.02.2021 das Verbundprojekt Bay-VOC beschlossen. In diesem Projekt werden das Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) und die sechs bayerischen Universitätsklinika gemeinsam die molekulare Sequenzierung von SARS-CoV-2 ausbauen, diese Daten mit klinisch-epidemiologischen Daten zusammenführen und kurz- sowie langfristig auswerten. Dazu wird eine gemeinsame Digitale Bayerische VOC-Analyseplattform eingerichtet und ein VOC-Frühwarnsystem mit koordinierter Vorgehensweise in Bayern etabliert. Im Rahmen des Projektes wird die Kapazität zur Gesamtgenomsequenzierung an den beteiligten Einrichtungen kurzfristig auf insgesamt 700 Sequenzierungen pro Woche erhöht.

- 3. COVID-19-Mutation B.1.1.7 weniger gefährlich als bisherige Mutationen**
- 3.1 Ist aus Sicht der Staatsregierung der im Vorspruch zitierten Briefings der britischen Regierung und ihrer Aktualisierung „Technical Briefing 2“ aus demselben Monat Dezember 2020 auf Seite 8 zu entnehmen, dass aus den in zwei Vergleichsgruppen untersuchten 3538 Infizierten aus der Gruppe mit den altbekannten Mutationen 26 Patienten und damit 1,5 Prozent der Infizierten ins Krankenhaus mussten und bei den mit der neuen Mutation B.1.1.7 Infizierten lediglich 0,9 Prozent der Infizierten ins Krankenhaus mussten?**
- 3.2 Ist aus den in 3.1 abgefragten Zahlen zutreffend zu entnehmen, dass ausgehend von der Gruppe der mit der Mutation B.1.1.7 16 Infizierten, die ins Krankenhaus mussten, durch die 26 Infizierten aus der Vergleichsgruppe der „normalen“ Mutationen, um 61 Prozent übertroffen wird (im Verneinungsfall bitte korrigierte Werte zugrunde legen)?**
- 3.3 Teilt die Staatsregierung die aus den in 3.1 und 3.2 abgefragten Zahlen ableitbare Aussage, dass diese Eigenschaft der COVID-19-Mutation B.1.1.7 daher geeignet ist, Krankenhäuser erheblich zu entlasten (im Verneinungsfall bitte begründen)?**
- 4. COVID-19-Mutation B.1.1.7 schützt besser vor Neuinfektion**
- 4.1 Ist aus Sicht der Staatsregierung der im Vorspruch zitierten Briefings der britischen Regierung und ihrer Aktualisierung „Technical Briefing 2“ aus demselben Monat Dezember 2020 auf Seite 9 zu entnehmen, dass aus den in zwei Vergleichsgruppen untersuchten 3538 Infizierten aus der Gruppe mit den altbekannten Mutationen drei Infizierte ein zweites Mal Symptome entwickeln und bei den mit der neuen Mutation B.1.1.7 Infizierten lediglich zwei Infizierte ein zweites Mal Symptome entwickeln?**
- 4.2 Ist aus den in 4.1 abgefragten Zahlen zutreffend zu entnehmen, dass ausgehend von der Gruppe der zwei mit der Mutation B.1.1.7 Infizierten, die ein zweites Mal Symptome entwickeln, von der Vergleichsgruppe der „normalen“ Mutationen mit ihren drei erneut Infizierten um 33 Prozent übertroffen wird (im Verneinungsfall bitte korrigierte Werte zugrunde legen)?**
- 4.3 Teilt die Staatsregierung die aus den in 4.1 und 4.2 abgefragten Zahlen ableitbare Aussage, dass die COVID-19-Mutation B.1.1.7 geeignet ist, Infizierte besser vor einer neuen Infektion zu schützen, als alle bisherigen Mutationen (im Verneinungsfall bitte begründen)?**

Die Fragen beziehen sich auf ein Technical Briefing der britischen Regierung aus dem Dezember 2020. Inzwischen gibt es Hinweise, dass B.1.1.7 leichter von Mensch zu Mensch übertragbar ist als bisher zirkulierende Varianten. Und während anfangs nicht davon ausgegangen wurde, dass diese Variante mit schwereren Krankheitsverläufen einhergeht als eine Infektion mit dem Wildtypvirus SARS-CoV-2, gibt es inzwischen – bei begrenzter Datenlage – erste Hinweise darauf, dass sie mit einer erhöhten Fallsterblichkeit einhergehen könnte. Hinweise auf eine verringerte Wirksamkeit der Impfstoffe liegen bislang nicht vor. Das Technical Briefing 5 der britischen Regierung vom 26.01.2021

zeigt eine deutliche Zunahme an Fällen der bestätigten Virusvariante B.1.1.7. In diesem Zusammenhang wurde auch eine Zunahme an Todesfällen bei Fällen mit S-Gen Target-Failure (SGTF) festgestellt. Eine Kohortenstudie zeigte hier einen Anstieg des Risikoverhältnisses auf 1.65 („On 19/01/2021, updated linkage of deaths data to the same matched cohort provided increased time for followup and ascertainment of deaths identified there were 65 deaths among non-SGTF cases (0.1%) and 104 deaths among SGTF cases (0.2%), within 28 days of specimen date. With this, the risk ratio increased to 1.65 (95% CI 1.21-2.25).“; vgl. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/957504/Variant_of_Concern_VOC_202012_01_Technical_Briefing_5_England.pdf, Abb. 3). Diese erhöhte Ansteckungsfähigkeit kann auch zu einer erhöhten Fallzahl führen und damit automatisch auch eine erhöhte Fallsterblichkeit hervorrufen. Hinzu kommt auch die im Weiteren noch zu beobachtende Möglichkeit zu schwereren Verlaufsformen unter den Infizierten.

5. COVID-19-Mutation B.1.1.7 breitet sich schneller aus

5.1 Ist aus Sicht der Staatsregierung der im Vorspruch zitierten Briefings der britischen Regierung und ihrer Aktualisierung „Technical Briefing 3“ aus dem Monat Januar 2021 insbesondere aus Tabelle 2 zu entnehmen, dass die „secondary attack rate“ bei der Mutation B.1.1.7 eine höhere Infektionsrate erkennen lässt als bei der mit allen anderen Varianten befallenen Vergleichsgruppe?

Auf Tabelle 7 des Technical Briefing 3 der britischen Regierung wird verwiesen. Demnach ist die geschätzte Attack Rate für SGTF-Fälle 30 bis 50 Prozent höher als die geschätzte Attack Rate für Fälle ohne SGTF, d. h. den bisher überwiegenden Virustyp („Wildtyp“). Zudem muss auch hier der aktuellere Datenstand, zum Beispiel des Technical Briefings 5, berücksichtigt werden. Dort heißt es, dass der Anstieg in der sekundären Attack Rate bei Verwendung des SGTF-Proxys (bei einer Proxyvariablen handelt es sich im Bereich der Statistik um eine Hilfsvariable) durchweg bei 25 bis 40 Prozent lag, wenn der Indexfall die Virusvariante B.1.1.7 aufwies (siehe https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/957504/Variant_of_Concern_VOC_202012_01_Technical_Briefing_5_England.pdf und <https://www.gov.uk/government/publications/nervtag-paper-on-COVID-19-variant-of-concern-b117>).

5.2 Welchen Einfluss auf die in 5.1 abgefragte höhere „secondary attack rate“ hat nach Ansicht der Staatsregierung der Umstand, dass aus Tabelle 2 des 3. Briefings entnehmbar ist, dass die Jahrgangsgruppe der hoch aktiven 40- bis 49-Jährigen in besonderem Umfang zur Verbreitung der Mutation B.1.1.7 beigetragen hat, im Gegensatz zum geringen Verbreitungsbeitrag in der Generation 60+?

Die Anfrage bezieht sich auf eine nicht mehr aktuelle Datenlage. Auf die Antwort zu den Fragekomplexen 3 und 4 wird ergänzend Bezug genommen.

5.3 Teilt die Staatsregierung die aus den in 6.1 und 6.2 abgefragten Zahlen ableitbare Aussage, dass das aus der „secondary attack rate“ herauslesbare um den Faktor von ca. 1,35 gesteigerte Sozialverhalten der Jahrgangsscheibe der 40- bis 49-Jährigen einen erkennbar gesteigerten Beitrag zur Ausbreitung der COVID-19-Mutation B.1.1.7 liefert (im Verneinensfall bitte begründen)?

Die der Frage zugrunde liegenden Daten und Analysen sind überholt. Unabhängig von der Altersgruppe ist es von entscheidender Bedeutung, die bekannten Regeln – mindestens 1,5 Meter Abstand halten, Hygieneregeln beachten, Masken tragen, lüften – konsequent einzuhalten, um generell eine Übertragung von SARS-CoV-2 zu verhindern, die Ausbreitung der VOC zu verlangsamen und damit der Überbeanspruchung der Krankenhäuser und Gesundheitsämter entgegenzuwirken.

6. Einfluss der COVID-19-Mutation B.1.1.7 auf den Anstieg der Inzidenzzahlen in Irland
- 6.1 Welche Tatsachen liegen der Staatsregierung bis zum Zeitpunkt der Beantwortung dieser Anfrage zum Anstieg der Inzidenzen in Irland vor, die mit der folgenden Aussage des Notfallchefs der WHO, dem Iren Dr. Mike Ryan, in folgendem Satz am 11.01.2021 zum Ausdruck gebracht wurden, nicht in Einklang stehen: „Mein eigenes Land in Irland ... hat einen der akutesten Anstiege der Krankheitsinzidenz eines Landes der Welt erlitten ..., und zwar nicht aufgrund der Variante, möchte ich hinzufügen, sondern aufgrund der zunehmenden sozialen Vermischung und Verringerung der physischen Distanzierung.“ (bitte chronologisch vollumfänglich aufschlüsseln)?
- 6.2 Welche Tatsachen liegen der Staatsregierung bis zum Zeitpunkt der Beantwortung dieser Anfrage betreffend der Tatsachen zum Anstieg der Inzidenzen in Irland vor, die mit der folgenden Aussage des Notfallchefs der WHO, dem Iren Dr. Mike Ryan, in folgendem Satz am 11.01.2021 zum Ausdruck gebracht wurden, nicht in Einklang stehen: „Neue Variantenstämme ... waren nicht der Treiber der neuen Entwicklung.“ (bitte chronologisch vollumfänglich aufschlüsseln)?
- 6.3 Aus welchen Gründen stellt die Staatsregierung angesichts der in 6.1 und 6.2 abgefragten Aussagen, dass sicher ausgeschlossen werden kann, dass die Mutation B.1.1.7 zum Anstieg in Irland beigetragen hat, dennoch eine Beziehung zwischen der Mutation B.1.1.7 und dem Anstieg der Zahlen in Irland her?

Die in Bezug genommene Datenlage, die dem zitierten Artikel „COVID-19 surge due to increased social mixing, says WHO's Mike Ryan“ vom 11.01.2021 in der Irish Times zugrunde liegt (<https://www.irishtimes.com/news/health/COVID-19-surge-due-to-increased-social-mixing-says-who-s-mike-ryan-1.4455748>), ist nicht mehr aktuell. In derselben Zeitung warnte der zitierte Dr. Mike Ryan nur drei Tage später, „Irland und andere Länder könnten ‚in ernsthaften Schwierigkeiten‘ sein, wenn neue Varianten von COVID-19 ‚die Spielregeln ändern‘, um eine Übertragung zu verhindern“ („Ireland and other countries could be ‘in serious trouble’ if new variants of COVID-19 ‘change the rules of the game’ in terms of preventing transmission, Dr Mike Ryan has warned“; Irish Times vom 14.01.2021, <https://www.irishtimes.com/news/health/ireland-could-be-in-serious-trouble-if-new-variants-change-rules-mike-ryan-1.4458741>). Experten gehen davon aus, dass die erstmals in Großbritannien aufgetretene Virusvariante B.1.1.7 zum Anstieg der Infektionen in Irland beigetragen hat (siehe dazu z. B. <https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/120171/SARS-CoV-2-Starker-Anstieg-in-Irland>). Aufgrund des hohen Vorkommens von B.1.1.7 wurde Irland als Risikogebiet mit besonders hohem Infektionsrisiko (Virusvarianten-Gebiet) eingestuft; es gilt eine Reisewarnung des Auswärtigen Amtes.

7. Bewertung der in 1 bis 6 abgefragten Fakten innerhalb der Staatsregierung
- 7.1 Welche Tatsachen sind der Staatsregierung bekannt, die den in 3.1; 4.1; 5.2 abgefragten Tatsachen widersprechen, dass die Mutation B.1.1.7 des COVID-19-Virus für die Generation 60+ das Schicksal eines Infizierten eher verbessert als verschlechtert?

Es sind keine Erkenntnisse bekannt, die wissenschaftlich belegen würden, dass die Mutation B.1.1.7 protektiv für die Altersgruppe der über 60-Jährigen anzusehen ist.

Auf die Antworten zu den Fragen 3 und 4 wird ergänzend verwiesen.

- 7.2 Welche Tatsachen sind der Staatsregierung bekannt, die dafür sprechen, dass die Wirkung der in 5 abgefragten schnelleren Verbreitung der Mutation B.1.1.7 des COVID-19-Virus die in 3 abgefragte Wirkung der reduzierten schweren Verläufe und die in 4 abgefragte Wirkung des besseren Schutzes gegen eine erneute Infektion überkompensieren könnte (bitte unter Angabe der Quellen vollständig auflisten)?

Keine. Grundsätzlich birgt eine höhere Übertragbarkeit der Virusvariante B.1.1.7 das Risiko einer schwerwiegenden Verschärfung der pandemischen Lage.

7.3 In welchem Umfang wurden die in 3, 4, 5.2 abgefragten wissenschaftlichen Tatsachen, die die Mutation B.1.1.7 offenkundig weniger todbringend machen als alle bisherigen Varianten, im Kabinett thematisiert (bitte die in diesem Zusammenhang ausgetauschten Argumente chronologisch nach Tagen aufschlüsseln)?

Siehe hierzu zunächst die Antwort zu den Fragekomplexen 3 und 4.

Die Frage geht erneut von veralteten Daten aus. Es gibt neue Erkenntnisse, dass B.1.1.7 leichter von Mensch übertragbar ist als bisher zirkulierende Varianten. Die erhöhte Ansteckungsfähigkeit kann auch zu einer erhöhten Fallzahl führen und damit in der Folge auch eine erhöhte spezifische Mortalität in der Bevölkerung hervorrufen. Hinzu kommt auch die im weiteren Verlauf noch zu beobachtende Möglichkeit schwererer Verlaufsformen; es gibt erste wissenschaftliche Hinweise auf eine erhöhte Fallsterblichkeit (vgl. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virusvariante.html;jsessionid=4902CF7ADFBAD3FD5AAAD1992DAF81D3.internet071?nn=13490888 und <https://www.gov.uk/government/publications/nervtag-paper-on-COVID-19-variant-of-concern-b117>).

8. Bewertung der in 1 bis 6 abgefragten Fakten in der Bund-Länder-Konferenz
8.1 Welche der in 3.1, 4.1, 5.2 abgefragten Tatsachen hat die Staatsregierung in der auf den 14.01.2021 folgenden Bund-Länder-Konferenz eingebracht oder dort besprochen (bitte die Argumentationslinie und den daraus abgeleiteten Einfluss auf die Entscheidungsfindung darlegen)?

Die Erkenntnisse über besorgniserregende Varianten von SARS-CoV-2 bereiteten der Bundeskanzlerin und den Regierungschefinnen und Regierungschefs der Länder erhebliche Sorgen. Sie kamen daher am 18.01.2021 vorgezogen zu einer Konferenz zusammen.

Aufgrund der Erkenntnisse, dass die britische Virusvariante B.1.1.7 deutlich infektiöser ist als die bisher hauptsächlich zirkulierende Variante und sie zu diesem Zeitpunkt bereits in Deutschland nachgewiesen worden war, war die gemeinsame Auffassung, dass ein vorsorgendes Handeln dringend erforderlich sei, da die Verbreitung einer Virusvariante mit höherem Ansteckungspotenzial eine schwerwiegende Verschärfung der pandemischen Lage bedeuten würde. Das Vorsorgeprinzip gebot es deshalb, den weiteren Eintrag nach Deutschland und die Verbreitung der Varianten in Deutschland möglichst weitgehend zu unterbinden.

Alle getroffenen Maßnahmen, darunter der Beschluss, die Schulen und Kindertagesstätten bis 14.02.2021 geschlossen zu halten, wurden vor diesem Hintergrund getroffen. Ziel war es, den Rückgang des Infektionsgeschehens in Deutschland allgemein noch einmal deutlich zu beschleunigen.

8.2 Welche der in 6.1, 6.2 abgefragten Tatsachen hat die Staatsregierung in der Bund-Länder-Konferenz vom 05.01.2021 oder in der auf den 14.01.2021 folgenden Bund-Länder-Konferenz eingebracht oder dort besprochen (bitte die Argumentationslinie und den daraus abgeleiteten Einfluss auf die Entscheidungsfindung darlegen und hierbei insbesondere die Verhinderung der Verbreitung der falschen Tatsache, dass für den Anstieg die Mutation B.1.1.7 ursächlich wäre)?

Der Frage liegen Annahmen zugrunde, die durch wissenschaftliche Daten nicht gedeckt sind. Deshalb wurden keinerlei Entschlüsse und Entscheidungen auf dieser Basis getroffen.

- 8.3 In welchem Umfang wurde – angesichts der Tatsache, dass die Inhalte der Briefings 1 bis 3 der Gesundheitsbehörden Großbritanniens über die Auswirkungen der Mutation B.1.1.7 am Tag der Bund-Länder-Konferenz vom 05.01.2021 bereits bekannt waren und wobei Briefing 3 am Abend des 04.01.2021 veröffentlicht wurde – die Mutation B.1.1.7 z. B. durch die Staatsregierung oder andere in dieser Bund-Länder-Konferenz angesprochen (bitte die ausgetauschten Argumente hierzu darlegen und den Grund dafür angeben, dass am 05.01.2021 zur Eindämmung von B.1.1.7 nichts beschlossen wurde)?**

Bereits am 05.01.2021 hatten die Bundeskanzlerin und die Regierungschefinnen und Regierungschefs der Länder die Entwicklung von Varianten von SARS-CoV-2 mit Besorgnis betrachtet.

Der auf der Konferenz geforderte Beschluss zielt auf eine verstärkte Sequenzierung positiver Proben und eine intensivierete Kontrolle der Einreisebestimmungen für Risikogebiete ab.