



COVID-Whole Genome Sequencing-Surveillance System Sentinel-Labore

**Ganzgenomsequenzierung zur Erfassung der
aktuellen Situation in Österreich betreffend
die Mutationsvarianten von SARS-CoV-2
*KW01/22 inkl. Monatsabschluss Dezember 21***

J. KLIKOVITS, P. WANKA, S. SCHINDLER, F. HEGER, P. HUFNAGL, A. INDRA, D.
SCHMID, B. BENKA

Zusammenfassung

Ziel des COVID-WGS-Surveillance Systems Sentinel-Labore ist es, einen Überblick über die aktuelle Situation in Österreich betreffend die Mutationen beziehungsweise Varianten von SARS-CoV-2 zu bekommen.

Im gesamten Zeitraum seit Start des Sentinel-Systems (KW14/21-KW01/22) konnten 20 verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden. Darunter die Variants of Concern B.1.617.2 (Delta), B.1.1.529 (BA.1 - Omikron), B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) sowie die Variant of Interest B.1.621 (My).

Im Zeitraum Dezember 2021 wurden im Zuge des Projekts zwei verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 bestimmt – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) inklusive den Delta-Sublineages sowie VOC B.1.1.529 (BA.1 – Omikron).

In der KW01/22 konnten zwei verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 festgestellt werden – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) inklusive den Delta-Sublineages sowie VOC B.1.1.529 (BA.1 - Omikron). Delta bleibt die prädominante Variante von SARS-CoV-2.

Schlüsselwörter

COVID-19, SARS-CoV-2, Sentinel, Ganzgenomsequenzierung, Sequenzierung

Summary

The aim of the COVID-WGS-Surveillance System Sentinel Laboratories is to obtain an overview of the current situation in Austria regarding mutations and variants of SARS-CoV-2.

In the entire reporting period since the start of the Sentinel System (KW14/21-KW01/22), 20 different variants of SARS-CoV-2 could be detected by whole genome sequencing. Among them are Variants of Concern B.1.617.2 (Delta), B.1.1.529 (BA.1 - Omicron), B.1.351 (Beta) and P.1 (Gamma) as well as Variant of Interest B.1.621 (My).

In the reporting period of December 2021, two different variants of SARS-CoV-2 were found in the course of the project – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) including its sub lineages as well as VOC B.1.1.529 (BA.1 - Omicron).

In the current reporting week (KW01/22), two different variants of SARS-CoV-2 could be detected – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) including its sub lineages as well as VOC B.1.1.529 (BA.1 - Omicron). Delta remains the predominant variant of SARS-CoV-2.

Keywords

COVID-19, SARS-CoV-2, sentinel, whole genome sequencing, sequencing

COVID-WGS-System Sentinel-Labore

Folgende teilnehmende Laboratorien des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore senden auf regelmäßiger Basis Proben ein:

- Kärnten: ILV Kärnten
- Steiermark: Medizinische Universität Graz
- Vorarlberg: Landeskrankenhaus Feldkirch
- Tirol: Institut für Virologie der Universität Innsbruck
- Salzburg: Medilab Mustafa
- Oberösterreich: Krankenhaus Wels-Grieskirchen
- Niederösterreich: Zentrallabor St. Pölten
- Burgenland: AGES IMED-VIE
- Wien: AGES IMED-VIE, Labor Doz. DDr. Stefan Mustafa (Flughafenproben)

Die Proben, die im Zuge des Projekts auf verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 analysiert werden, stammen aus den 9 Bundesländern sowie vom Flughafen Wien als zehnter Teilnehmer. Die Proben werden in der AGES Wien Währinger Straße gesammelt, wo deren RNA eluiert wird. Einmal pro Woche werden die Proben schließlich an das CeMM weitergeleitet, wo eine Ganzgenomsequenzierung stattfindet.

Das CeMM (Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences) führt bereits seit Anfang vergangenen Jahres Ganzgenomsequenzierungen von auffälligen Proben aus verschiedenen Laboratorien und Instituten in ganz Österreich durch. Dabei wird – anders als bei einer herkömmlichen PCR auf Mutationen – das gesamte Genom sequenziert und im Anschluss analysiert, um so das Auftreten von verschiedenen Varianten von SARS-CoV-2 zu erkennen sowie etwaige Entwicklungen und Veränderungen in diesem Bereich sichtbar zu machen.

Bei den Proben, die im Zuge des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore getestet werden, handelt es sich nicht zwangsläufig um Proben, bei denen konkret die Vermutung auf eine Mutation besteht, sondern vielmehr um stichprobenartig ausgewählte SARS-CoV-2 positive Proben. Durch das COVID-WGS-System Sentinel-Labore wird die Gesamtsituation betreffend das Vorkommen von Mutationen beziehungsweise Varianten von SARS-CoV-2 in Österreich über einen längeren Zeitraum erfasst sowie überblicksmäßig präsentiert.

Ergebnisse – kumuliert KW14/21-KW01/22

Es wurden insgesamt 2971 Proben aus 9 Bundesländern bzw. dem Flughafen Wien zur Ganzgenomsequenzierung eingesandt – 375 Proben aus Vorarlberg, 360 aus Kärnten, 368 aus Oberösterreich, 367 aus Wien, 344 aus dem Burgenland, 339 aus Salzburg, 297 aus der Steiermark, 237 aus Niederösterreich, 130 aus Tirol sowie 154 Proben vom Flughafen Wien. Bei den Ergebnissen der Ganzgenomsequenzierung besagter Proben handelt es sich um folgende Varianten:

- B.1¹ – detektiert bei 6 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben
- B.1.1² – detektiert bei 6 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben
- B.1.1.10³ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0 % der erfassten Proben
- B.1.1.318⁴ – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.1.370⁵ – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- BA.1 (B.1.1.529)⁶ – detektiert bei 12 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben
- B.1.1.7⁷ – detektiert bei 1016 Proben, entspricht 34 % der erfassten Proben
- B.1.177⁸ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0 % der erfassten Proben
- B.1.258⁹ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0 % der erfassten Proben
- B.1.258.17¹⁰ – detektiert bei 8 Proben, entspricht 0,3 % der erfassten Proben
- B.1.351¹¹ – detektiert bei 5 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben
- B.1.433¹² – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0 % der erfassten Proben
- B.1.525¹³ – detektiert bei 3 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.526¹⁴ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0 % der erfassten Proben
- B.1.617.2¹⁵ – detektiert bei 1719 Proben, entspricht 58 % der erfassten Proben

¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.html

² https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.html

³ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.10.html

⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.318.html

⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.370.html

⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.529.html

⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.7.html

⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.177.html

⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html

¹⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html

¹¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html

¹² https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.433.html

¹³ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html

¹⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.526.html

¹⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.html

- B.1.621¹⁶ – detektiert bei 2 Probe, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.623¹⁷ – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- C.36¹⁸ – detektiert bei 3 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- P.1¹⁹ – detektiert bei 10 Proben, entspricht 0,3 % der erfassten Proben
- R.1²⁰ – detektiert bei 4 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben

Bei 166 Proben (5 % der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Im Folgenden ist das absolute Vorkommen der Varianten für den gesamten Projektzeitraum seit 02.04.2021 (KW14/21-KW01/22) dargestellt. Abbildung 1 zeigt das Auftreten der Varianten Alpha (B.1.1.7), Delta (B.1.617.2) und Omikron (BA.1) im Vergleich zu den restlichen detektierten Varianten, die unter „Andere“ zusammengefasst werden. Abbildung 2 schlüsselt die Ergebnisse für „andere“ Varianten im gesamten Projektzeitraum auf.

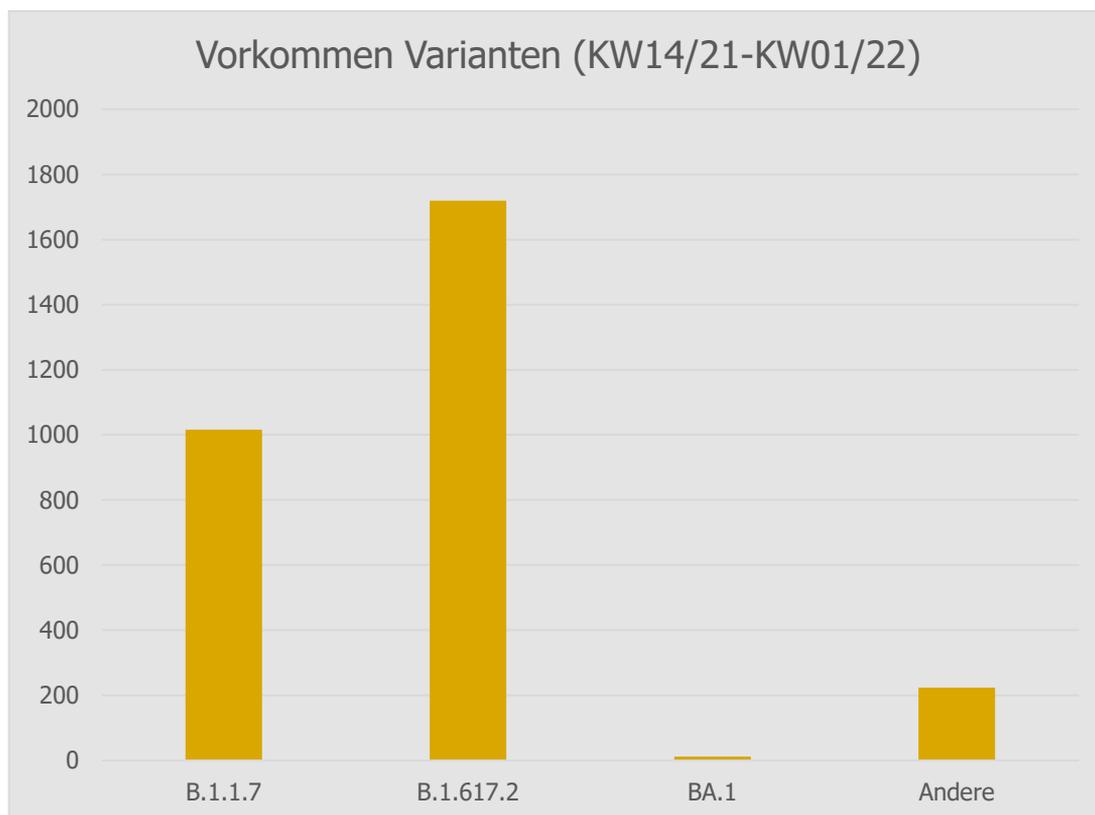


Abbildung 1: Absolutes Vorkommen der Varianten seit 02.04.2021

¹⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.621.html

¹⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.623.html

¹⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.36.html

¹⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html

²⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html

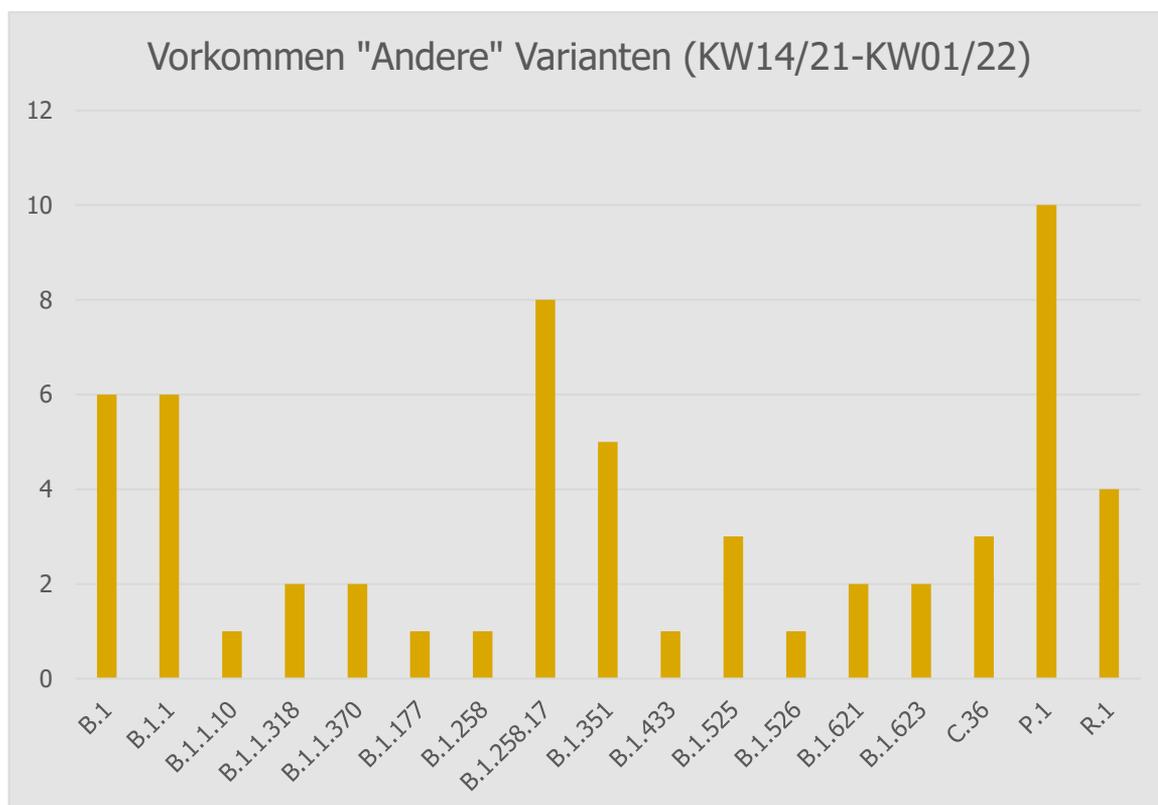


Abbildung 2: Absolutes Vorkommen „Andere“ Varianten seit 02.04.2021

Ergebnisse Dezember 2021

Es wurden im Zeitraum November 2021 insgesamt 357 Proben aus den 9 Bundesländern bzw. vom Flughafen Wien eingesandt – 60 Proben aus der Steiermark, je 50 aus Tirol und Wien, je 40 aus Oberösterreich und Salzburg, 32 aus Vorarlberg, je 30 aus dem Burgenland und Niederösterreich, 20 aus Kärnten sowie 5 Proben vom Flughafen Wien. Bei den Ergebnissen der Ganzgenomsequenzierung besagter Proben handelt es sich um folgende Varianten:

- B.1.617.2 – detektiert bei 328 Proben, entspricht 92 % der erfassten Proben
- BA.1 (B.1.1.529) – detektiert bei 5 Proben, entspricht 1 % der erfassten Proben

Bei 24 Proben (7 % der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Abbildung 3 zeigt das Entnahmedatum der Proben, deren Ergebnisse im Berichtszeitraum Dezember 2021 dargestellt werden. Man kann erkennen, dass der

Entnahmezeitpunkt der Proben zurückliegt und die Daten somit nicht die aktuelle Situation beschreiben, sondern eine Retrospektive darstellen.

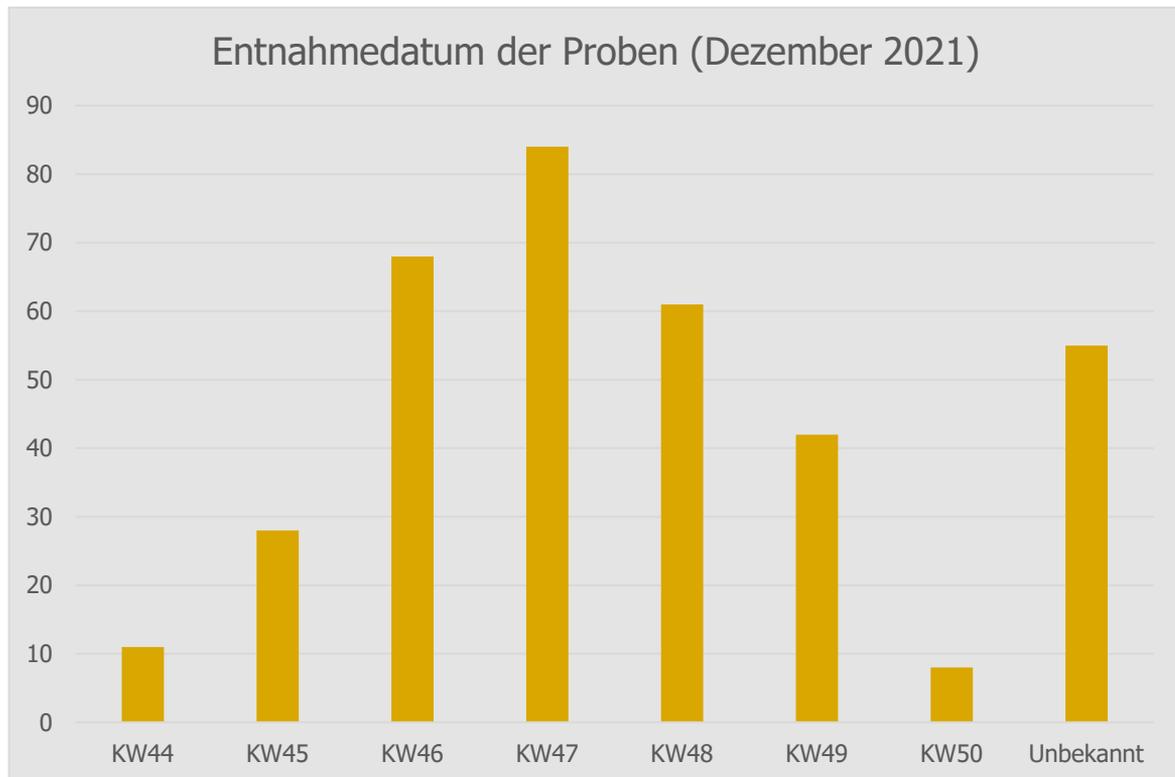


Abbildung 3: Entnahmedatum der Proben für den Berichtszeitraum Dezember 2021

Ergebnisse KW01/22

Es wurden Proben aus 7 Bundesländern eingesandt – 12 Proben aus Tirol, je 10 Proben aus dem Burgenland, Niederösterreich, Oberösterreich, Salzburg und Wien sowie 6 Proben aus Vorarlberg. Die Ergebnisse der Ganzgenomsequenzierung zeigten folgende Variante:

- B.1.617.2 – detektiert bei 41 Proben, entspricht 60 % der erfassten Proben
- BA.1 – detektiert bei 7 Proben, entspricht 10 % der erfassten Proben

Bei 20 Proben (30 %) konnte kein eindeutiges Ergebnis festgestellt werden.

Abbildung 4 zeigt das Entnahmedatum der Proben, deren Ergebnisse im aktuellen Berichtszeitraum (KW01/22) dargestellt werden. Man kann erkennen, dass der Entnahmezeitpunkt der Proben in den meisten Fällen mindestens 4 Wochen zurückliegt und die Daten somit nicht die aktuelle Situation beschreiben, sondern eine Retrospektive darstellen.

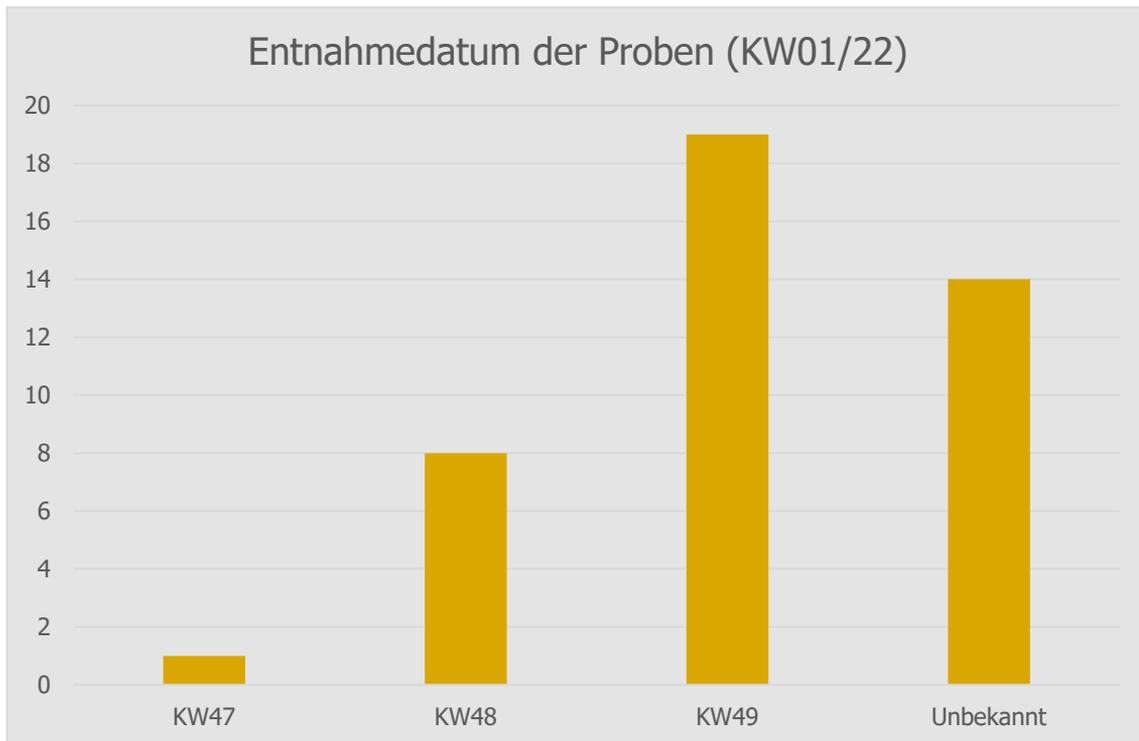


Abbildung 4: Entnahmedatum der Proben des aktuellen Berichtszeitraums

Gefundene Varianten KW01/22

In der Berichtwoche KW01/22 konnten im Zuge des Projekts mit Sentinel-Laboratorien zwei verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden. Bei der Variante B.1.617.2 handelt es sich um die sogenannte Delta Variante (Variant of Concern) mit den Mutationen L452R und P681R. Die Variante zeigt keine Mutation an der Aminosäureposition 501 des S-Gens. Bei der Variante BA.1 (B.1.1.529) handelt es sich um die sogenannte Omikron Variante (Variant of Concern) mit den Mutationen S371L und S373P, S477N sowie E484A im S-Gen. Die Variante weist außerdem eine Deletion an der Position 69/70 des S-Gens auf.

Die Variants of Concern B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) sowie die Variants of Interest C.37 (Lambda) und B.1.621 (My) konnten in der Berichtwoche (KW01/22) in keiner der 68 untersuchten Proben nachgewiesen werden.

Die Proben, die in der aktuellen Berichtwoche der Variante B.1.617.2 zugeordnet wurden, lassen sich wie in Abbildung 5 dargestellt in deren Sublineages AY.4, AY.9, AY.43, AY.43.3, AY.46.6, AY.84, AY.122, AY.126 sowie AY.127 unterteilen.

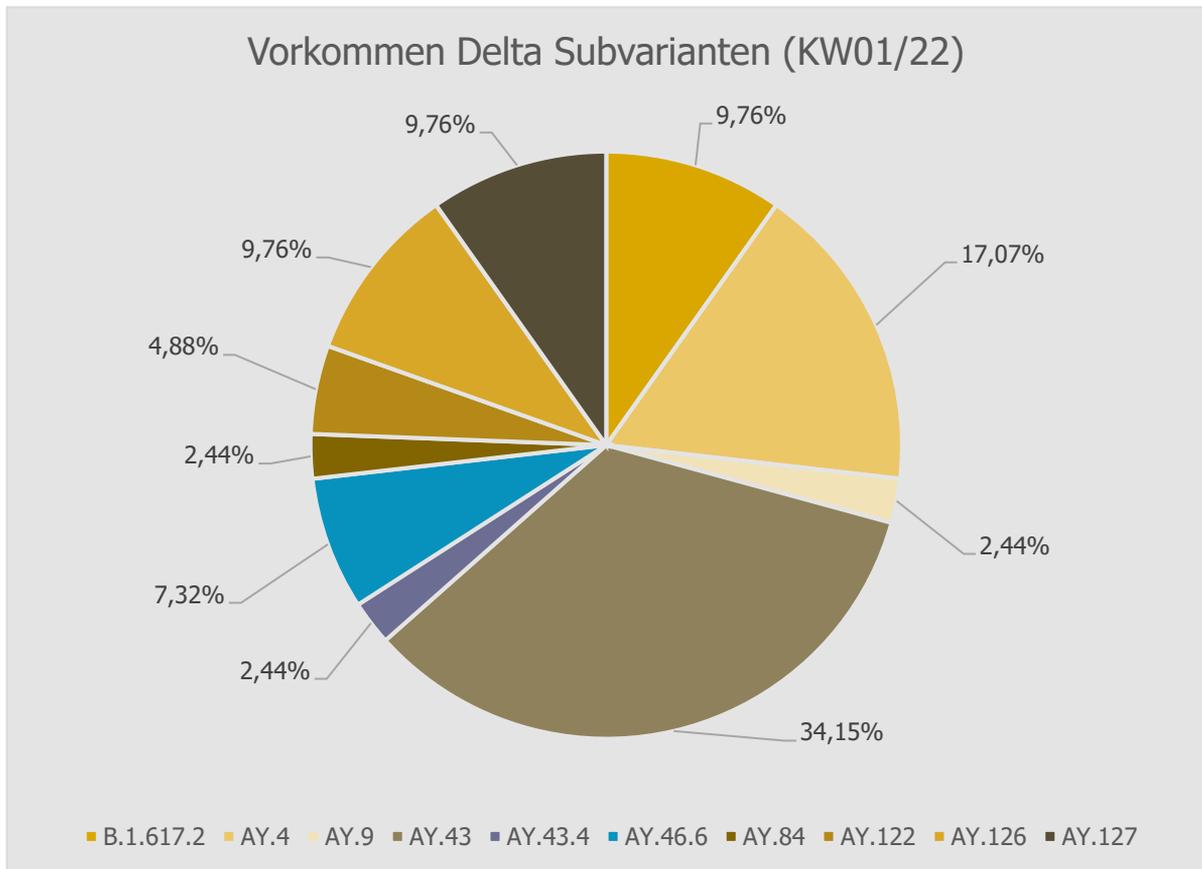


Abbildung 5: Relatives Vorkommen Delta Sublineages (KW01/22)

Sonstiges

Delta (B.1.617.2) und Sublineages (AY.1-AY.133)

Die Entwicklungen der letzten Monate spiegeln sich in den zahlreichen Delta Sublineages (AY.1-AY.133) wider. Bis dato konnte bei keiner der in den Sublineages vorhandenen Mutationen eine erhöhte Transmissibilität festgestellt werden.

Abbildung 6 und Abbildung 7 zeigen das Vorkommen der Delta Sublineages in österreichischen Proben in der KW01/22 nach Bundesland. Die Daten beziehen sich auf die im Zuge des Sentinel Projekts sequenzierten Proben des aktuellen Berichtszeitraums.

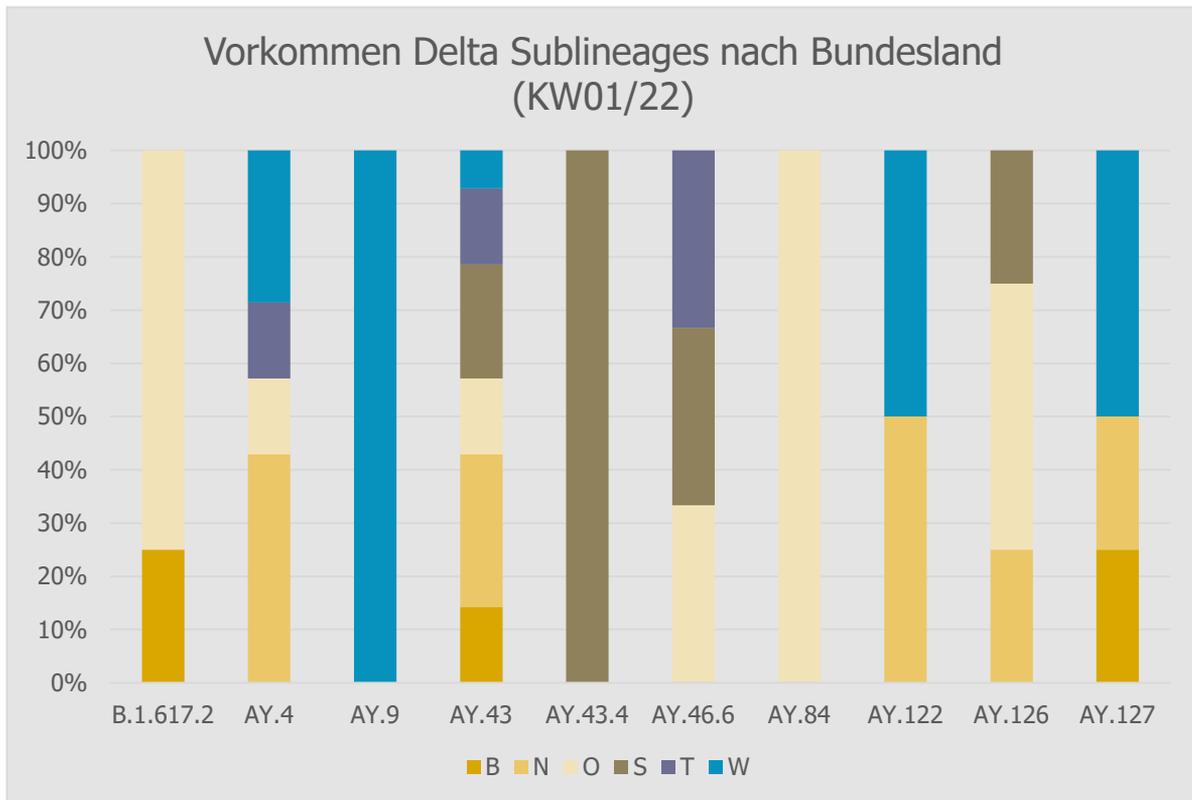


Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland

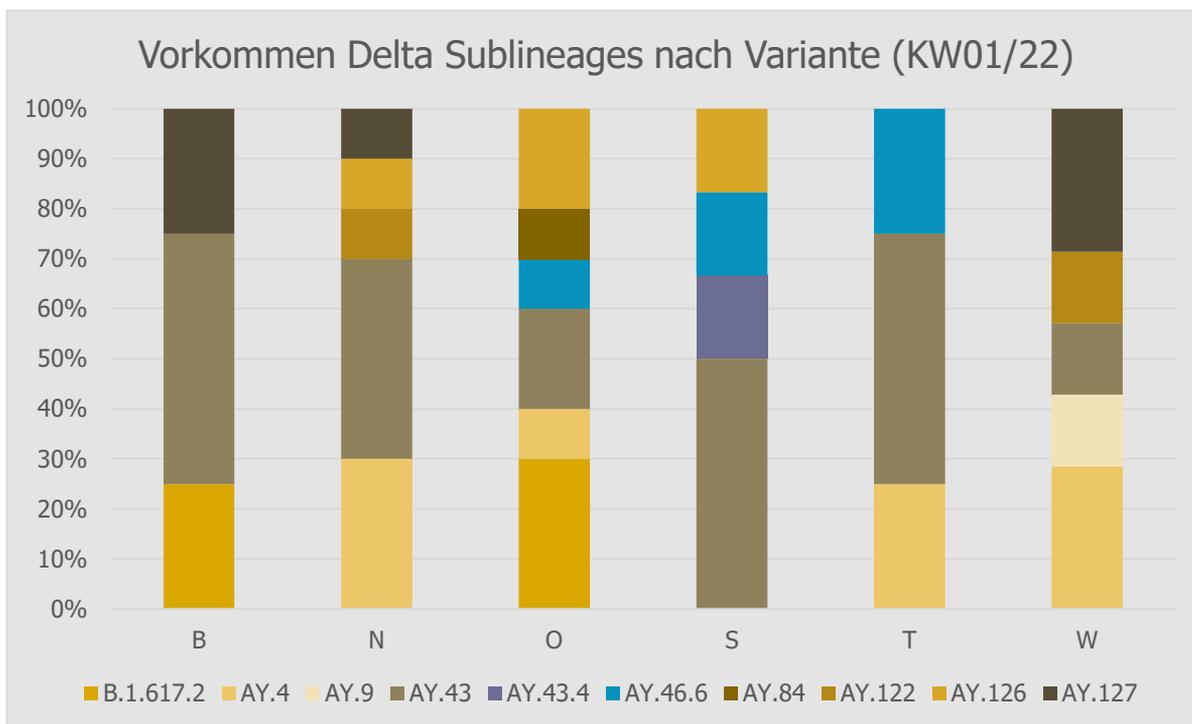


Abbildung 7: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern nach Variante

Omikron-Sublineages BA.1, BA.2 und BA.3

Die Omikron Variante wird in drei Sublineages unterteilt – BA.1, BA.2 und BA.3. Die Varianten unterscheiden sich an mehreren Positionen – verteilt über das gesamte Genom. Der wesentliche Unterschied der Sublineages sind das Vorhandensein der Deletion an der Position 69 des S-Gens sowie die Mutation S371L.

Auf GISAID sind 902 der aus Österreich hochgeladenen Omikron-Sequenzen der Variante BA.1 und lediglich 2 Uploads der Variante BA.2 zuzuordnen. Weltweit wurden auf GISAID bisher 173655 Sequenzen der Variante BA.1 zugewiesen, 1077 der Variante BA.2 und lediglich 25 Datensätze der Variante BA.3 (Stand 07.01.22 11:00).

In Tabelle 1 sind die Spike-Mutationen der drei Omikron-Subvarianten ersichtlich.²¹

Tabelle 1: Mutationen BA.1, BA.2 und BA.3

	BA.1	BA.2	BA.3
HV69del	+	-	+
S371L	+	-	-
S373P	+	+	+
E484A	+	+	+
N501Y	+	+	+
Y505H	+	+	+
P681H	+	+	+

²¹ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/361>

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Absolutes Vorkommen der Varianten seit 02.04.2021.....	6
Abbildung 2: Absolutes Vorkommen „Andere“ Varianten seit 02.04.2021	7
Abbildung 3: Entnahmedatum der Proben für den Berichtszeitraum Dezember 2021..	8
Abbildung 4: Entnahmedatum der Proben des aktuellen Berichtszeitraums.....	9
Abbildung 5: Relatives Vorkommen Delta Sublineages (KW01/22).....	10
Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland	11
Abbildung 7: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern nach Variante..	11