

COVID-Whole Genome Sequencing-Surveillance System Sentinel-Labore



**Ganzgenomsequenzierung zur Erfassung der
aktuellen Situation in Österreich betreffend
die Mutationsvarianten von SARS-CoV-2
*KW26 inkl. Monatsabschluss***

Zusammenfassung

Mit April 2021 wurde das COVID-WGS-Surveillance System Sentinel-Labore eingeführt. Pro Woche werden von den ausgewählten Laboratorien die ersten zehn positiven SARS-CoV-2 Rückstellproben an die AGES Wien versandt, wo die Proben gesammelt, deren RNA eluiert und einmal wöchentlich an das Forschungszentrum für Molekulare Medizin (CeMM) der Österreichischen Akademie der Wissenschaften zur Ganzgenomsequenzierung verschickt werden. Anschließend werden die Ergebnisse an die AGES übermittelt, ausgewertet und in Form eines Wochen- bzw. Monatsberichts veröffentlicht. Ziel des Projekts ist es, einen Überblick über die aktuelle Situation in Österreich betreffend die Mutationen beziehungsweise Varianten von SARS-CoV-2 zu bekommen.

Zusätzlich zu den Ergebnissen des COVID-WGS-Surveillance Systems Sentinel-Labore werden in den Wochen- bzw. Monatsberichten wichtige, neue Informationen zu den Themen Mutationen und SARS-CoV-2 Virusvarianten angeführt.

Im gesamten Zeitraum seit Start des Sentinel-Systems (seit 02.04.2021) konnten 15 Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden. Darunter die Variants of Concern B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma) und B.1.617.2 (Delta) sowie die Variant of Interest B.1.525 (Eta).

Im Zeitraum Juni 2021 wurden im Zuge des Projekts 9 Varianten von SARS-CoV-2 bestimmt. Bei den gefundenen Varianten handelt es sich unter anderem um die Variants of Concern B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), B.1.617.2 (Delta) sowie P.1 (Gamma).

In der KW26 konnten im Zuge des Projekts drei Varianten von SARS-CoV-2 festgestellt werden – B.1.1.7 (Alpha), B.1.617.2 (Delta) und P.1 (Gamma). Im Vergleich zur Vorwoche ist der Anteil an B.1.1.7 deutlich gesunken, während die Varianten B.1.617.2 sowie P.1 im Vergleich zur Vorwoche erneut nachgewiesen wurden.

Schlüsselwörter

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

Summary

As of April 2021, the COVID-WGS Surveillance System Sentinel Laboratories was launched. Each week, the first ten positive SARS-CoV-2 reserve samples per laboratory are sent to AGES Vienna, where the samples are collected, their RNA is eluted and sent once a week to the Research Center for Molecular Medicine (CeMM) of the Austrian Academy of Sciences for whole genome sequencing. Subsequently, the results are transmitted to AGES, where they are evaluated and published in the form of a weekly or monthly report. The aim of the project is to obtain an overview of the current situation in Austria regarding mutations or variants of SARS-CoV-2.

In addition to the results of the COVID-WGS-Surveillance System Sentinel Laboratories, important new information on the topics of mutations and SARS-CoV-2 virus variants is given in the weekly and monthly reports.

In the entire reporting period since the start of the Sentinel System (since 02/04/2021), 15 variants of SARS-CoV-2 could be detected by whole genome sequencing. Among them are the Variants of Concern B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma) and B.1.617.2 (Delta) as well as the Variant of Interest B.1.525 (Eta).

In the reporting period of June 2021, 9 variants of SARS-CoV-2 were determined in the course of the project. The variants found include the Variants of Concern B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), B.1.617.2 (Delta) and P.1 (Gamma).

In the current reporting week (KW26), three variants of SARS-CoV-2 were detected - B.1.1.7 (Alpha), B.1.617.2 (Delta) and P.1 (Gamma). Compared to the previous week, the proportion of B.1.1.7 has decreased significantly, while the variants B.1.617.2 as well as P.1 have once again been detected.

Keywords

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

COVID-WGS-System Sentinel-Labore

Start des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore

Neu auftretende sowie bereits existierende Mutationen des SARS-Coronavirus-2 stellen Gesundheitssysteme weltweit vor große Herausforderungen. Einer wissenschaftlichen Analyse aller verfügbarer Daten kann daher höchste Priorität beigemessen werden. Aus diesem Grund wurde die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES) vom BMSGPK (Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz) beauftragt, ein entsprechendes Sentinel-System einzuführen. Ziel des Projekts ist es, einen Überblick über die derzeit in Österreich auftretenden Mutationen beziehungsweise Varianten zu geben. Dies kann durch regelmäßiges Einsenden von Restmaterial von Proben, die bereits positiv auf SARS-CoV-2 getestet wurden, aus dem ganzen Bundesgebiet sowie die anschließende Ganzgenomsequenzierung durch das CeMM (Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences) ermöglicht werden.

Akkumulation der Proben

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 zu gleichen Anteilen aus den 9 Bundesländern sowie vom Flughafen Wien als zehnter Teilnehmer. Pro Bundesland wurde für das Projekt je ein Labor ausgewählt und zum Sentinel-Labor ernannt. Folglich werden aus jedem

Bundesland beziehungsweise teilnehmenden Labor pro Woche die ersten 10 Rückstellproben von Untersuchungsmaterial, welches positiv auf SARS-CoV-2 getestet wurde, an die AGES Wien Währinger Straße gesandt. Dort werden die Proben gesammelt und anschließend wird deren RNA eluiert. Einmal pro Woche werden die Proben schließlich an das CeMM weitergeleitet, wo eine Ganzgenomsequenzierung der Proben stattfindet.

Ganzgenomsequenzierung durch das CeMM

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. Die Proben stammen aus unterschiedlichen Bundesländern, wodurch ein Überblick über die Gesamtsituation in Österreich geschaffen werden soll.

Aussicht und Ziel des Projekts

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. Hierfür werden die akkumulierten Daten zusammenfassend grafisch dargestellt und in Form von wöchentlichen, monatlichen beziehungsweise jährlichen Berichten sowie Publikationen veröffentlicht.

Ergebnisse – kumuliert seit 02.04.2021

Ergebnisse des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore des gesamten Projektzeitraums (seit 02.04.2021, KW14-KW26):

Es wurden insgesamt 950 Proben aus 9 Bundesländern bzw. dem Flughafen Wien zur Ganzgenomsequenzierung eingesandt – 136 aus Vorarlberg, 130 Proben aus Kärnten, 114 aus Oberösterreich, 110 Proben aus Wien, 105 Proben aus dem Burgenland, 100 aus der Steiermark, 81 aus Niederösterreich, 70 aus Salzburg und 28 aus Tirol – sowie 76 Proben vom Flughafen Wien. Bei den Ergebnissen der Ganzgenomsequenzierung besagter Proben handelt es sich um folgende Varianten:

- B.1¹ – detektiert bei 4 Proben, entspricht 0,4% der erfassten Proben
- B.1.1² – detektiert bei 4 Proben, entspricht 0,4% der erfassten Proben
- B.1.1.370³ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1% der erfassten Proben
- B.1.1.7⁴ – detektiert bei 857 Proben, entspricht 90% der erfassten Proben
Bei keiner der eingesandten Proben konnte eine E484K Mutation festgestellt werden.
- B.1.177⁵ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1% der erfassten Proben
- B.1.258⁶ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1% der erfassten Proben
- B.1.258.17⁷ – detektiert bei 8 Proben, entspricht 0,8% der erfassten Proben
- B.1.351⁸ – detektiert bei 4 Proben, entspricht 0,4% der erfassten Proben
- B.1.525⁹ – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,2% der erfassten Proben
- B.1.526¹⁰ – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1% der erfassten Proben
- B.1.617.2¹¹ – detektiert bei 5 Proben, entspricht 0,5% der erfassten Proben
- B.1.623¹² – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,2% der erfassten Proben
- C.36¹³ – detektiert bei 3 Proben, entspricht 0,3% der erfassten Proben
- P.1¹⁴ – detektiert bei 6 Proben, entspricht 0,6% 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.1.1.370.html

⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.7.html

⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.177.html

⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html

⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html

⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html

⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html

¹⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.526.html

¹¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.html

¹² https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.623.html

¹³ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.36.html

¹⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html

- R.1¹⁵ – detektiert bei 4 Proben, entspricht 0,4% der erfassten Proben
- Bei 47 Proben (5% der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Abbildung 1 stellt das absolute Vorkommen der Varianten für den gesamten Projektzeitraum seit 02.04.2021 (KW14-KW26) dar.

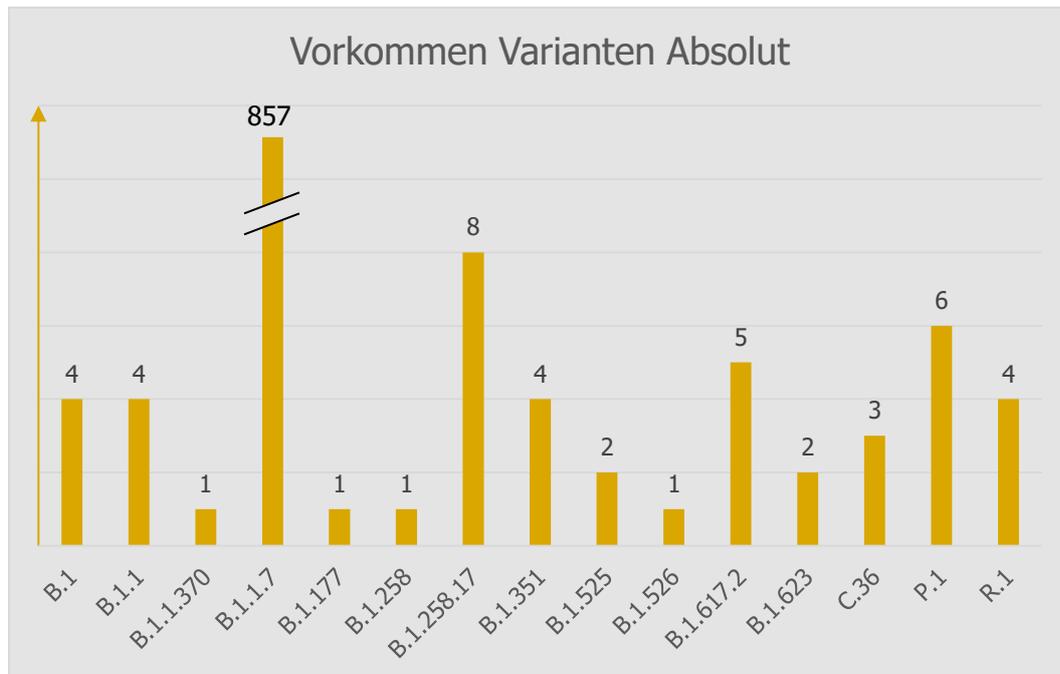


Abbildung 1: Absolutes Vorkommen der Varianten seit 02.04.2021

Ergebnisse Juni 2021

Ergebnisse des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore im Zeitraum Juni 2021 (KW22-KW26):

Es wurden im Zeitraum Juni 2021 insgesamt 380 Proben aus 9 Bundesländern bzw. vom Flughafen Wien eingesandt – 56 Proben aus Vorarlberg, je 50 Proben aus Kärnten und Salzburg, 44 Proben aus Oberösterreich, 40 Proben aus Wien, 35 Proben aus dem Burgenland, 31 Proben aus Niederösterreich, 30 Proben aus der Steiermark, 28 Proben aus Tirol sowie 16 Proben vom Flughafen Wien. Bei den Ergebnissen der Ganzgenomsequenzierung besagter Proben handelt es sich um folgende Varianten:

¹⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html

- B.1 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,3% der erfassten Proben
- B.1.1 – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,5% der erfassten Proben
- B.1.1.370 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,3% der erfassten Proben
- B.1.1.7 – detektiert bei 339 Proben, entspricht 89% der erfassten Proben
- B.1.351 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,3% der erfassten Proben
- B.1.617.2 – detektiert bei 3 Proben, entspricht 0,8% der erfassten Proben
- B.1.623 – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,5% der erfassten Proben
- C.36 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,3% der erfassten Proben
- P.1 – detektiert bei 6 Proben, entspricht 1,6% der erfassten Proben
- Bei 24 Proben (6,3% der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Abbildung 2 zeigt das absolute Vorkommen der Varianten im Zeitraum Juni 2021 (KW22-KW26).

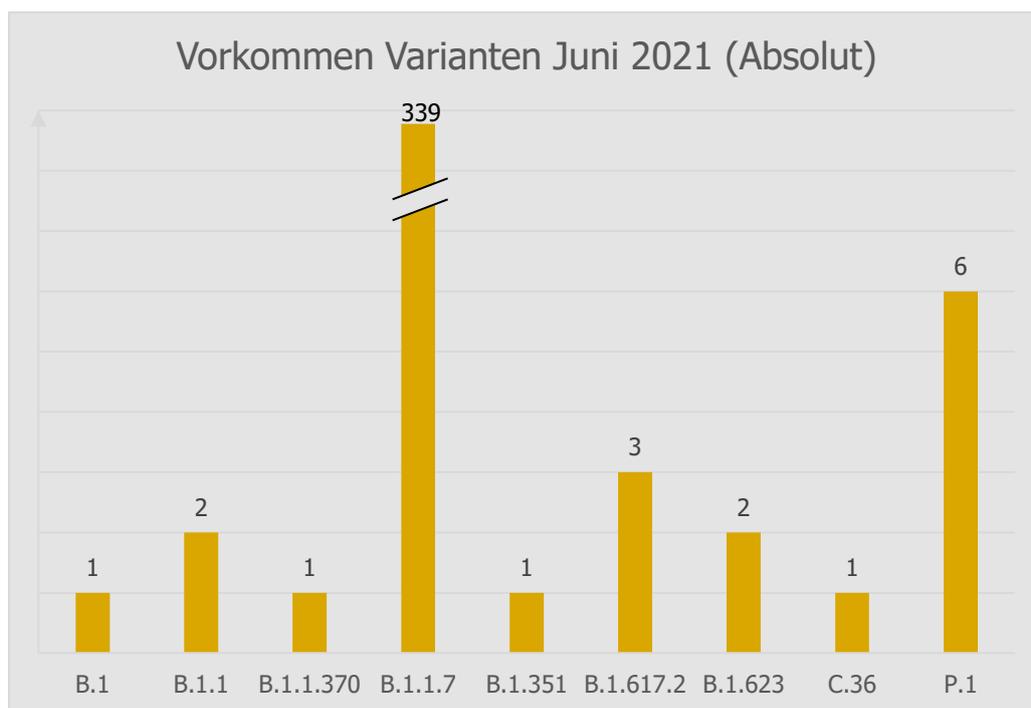


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten Juni 2021 (Absolut)

Abbildung 3 zeigt das relative Vorkommen der Varianten im Zeitraum Juni 2021 (KW22-KW26).

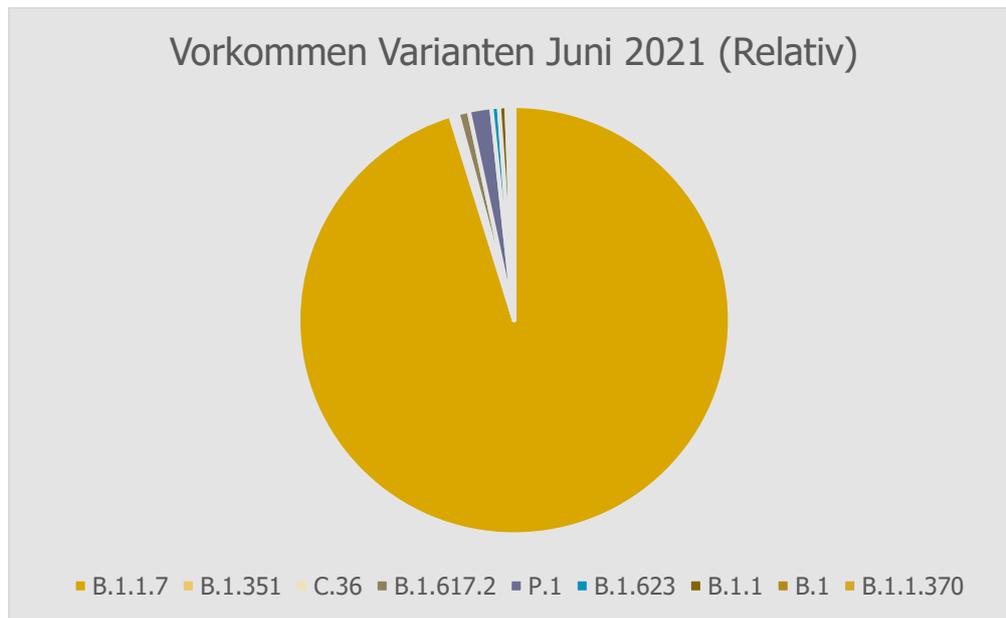


Abbildung 3: Vorkommen der Varianten Juni 2021 (Relativ)

Gefundene Varianten Juni 2021

Im Projektzeitraum Juni 2021 (KW22-KW26) konnten im Zuge des Projekts neun Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden.

Bei der Variante B.1.1.7 handelt es sich um die sogenannte Alpha Variante (Britische Variant of Concern) mit der Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren 69 und 70 des S-Gens. Bei der Variante B.1.617.2 handelt es sich um die sogenannte Delta Variante (Indische Variant of Concern) mit den Mutationen L452R und P681R. Die Variante zeigt keine Mutation an der Aminosäureposition 501 des S-Gens. Bei P.1 handelt es sich um die sogenannte Gamma Variante (Brasilianische Variant of Concern) mit den Mutationen N501Y, E484K und K417T des S-Gens. Bei B.1.351 handelt es sich um die sogenannte Beta Variante (Südafrikanische Variant of Concern) mit den Mutationen N501Y, E484K sowie K417N.

Bei C.36 (B.1.1.1.36) handelt es sich um eine auf internationaler Basis auftretende Variante ohne auffälligen Mutationen im S-Gen. Bei der Variante B.1.1.370 handelt es sich um eine Variante, die kürzlich vermehrt in Europa aufgetreten ist und eine Mutation E484K im S-Gen trägt. Bei B.1.623 handelt es sich um eine hauptsächlich in den USA auftretende Variante mit den Mutationen N501Y und E484K des S-Gens. Bei B.1 und B.1.1 handelt es sich um zwei Varianten, die bereits vermehrt in

unterschiedlichen Teilen Europas identifiziert werden konnten, die allerdings keine auffälligen Mutationen im S-Gen tragen.

Keine der Variants of Interest B.1.427/B.1.429 (Epsilon), P.2 (Zeta), B.1.525 (Eta), P.3 (Theta), B.1.526 (Iota), B.1.617.1 (Kappa) und C.37 (Lambda) konnte im Zeitraum Juni 2021 in den 380 untersuchten Proben nachgewiesen werden.

Ergebnisse KW26

Ergebnisse des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore in der KW26:

Es wurden Proben aus 8 Bundesländern eingesandt – je 10 Proben aus Kärnten, Oberösterreich, Salzburg, Steiermark und Wien sowie 20 Proben aus Vorarlberg, 5 Proben aus dem Burgenland und eine Probe aus Niederösterreich. Die Ergebnisse der Ganzgenomsequenzierung zeigten folgende Varianten:

- B.1.1.7 – detektiert bei 64 Proben, entspricht 84% der erfassten Proben
- B.1.617.2 – detektiert bei 2 Proben, entspricht 3% der erfassten Proben
- P.1 – detektiert bei 4 Proben, entspricht 5% der erfassten Proben
- Bei 6 Proben (8% der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Abbildung 4 stellt den Anteil der Variante B.1.1.7 in den Bundesländern sowie am Flughafen Wien für die KW26 dar.



Abbildung 4: Anteil von B.1.1.7 in den Bundesländern und am Flughafen Wien

Gefundene Varianten KW26

In der Berichtwoche KW26 konnten im Zuge des Projekts mit Sentinel-Laboratorien drei unterschiedliche Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden. Bei der Variante B.1.1.7 handelt es sich um die sogenannte Alpha Variante (Britische Variant of Concern) mit der Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren 69 und 70 des S-Gens. Bei der Variante B.1.617.2 handelt es sich um die sogenannte Delta Variante (Indische Variant of Concern) mit den Mutationen L452R und P681R. Die Variante zeigt keine Mutation an der Aminosäureposition 501 des S-Gens. Bei P.1 handelt es sich um die sogenannte Gamma Variante (Brasilianische Variant of Concern) mit den Mutationen N501Y, E484K und K417T des S-Gens.

Die Variant of Concern B.1.351 (Beta) sowie die Variants of Interest B.1.427/B.1.429 (Epsilon), P.2 (Zeta), B.1.525 (Eta), P.3 (Theta), B.1.526 (Iota), B.1.617.1 (Kappa) und C.37 (Lambda) konnten in der Berichtwoche (KW26/2021) in keiner der 76 untersuchten Proben nachgewiesen werden.

Sonstiges

Entwicklung der N501Y und E484K negativen Varianten in Österreich

Die aktuell besonders häufig auftretenden Varianten von SARS-CoV-2 tragen immer öfter weder eine N501Y noch eine E484K Mutation im S-Gen. In den vergangenen Wochen bzw. Monaten konnte hier eine eindeutige Tendenz festgestellt werden.

In Abbildung 6 wird die Entwicklung des Anteils der SARS-CoV-2-Varianten, die keine N501Y oder E484K Mutation im S-Gen tragen, für den gesamten Zeitraum 2021 dargestellt. Sie zeigt den starken Anstieg der Varianten B.1.617.2 (Delta) sowie C.36.3 seit April 2021. Abbildung 7 zeigt den gesamten Anteil an Varianten, die keine N501Y oder E484K Mutation im S-Gen tragen, im Vergleich zu Varianten, die eine solche Mutation aufzeigen.

Die Daten der Abbildungen 4 und 5 beziehen sich auf den GISAID-Datenstand von 01.07.2021. Die europäischen Referenzdaten zu den N501Y und E484K negativen Varianten von SARS-CoV-2 werden im GISAID-Bericht Nr. 4 von Juni 2021 behandelt.

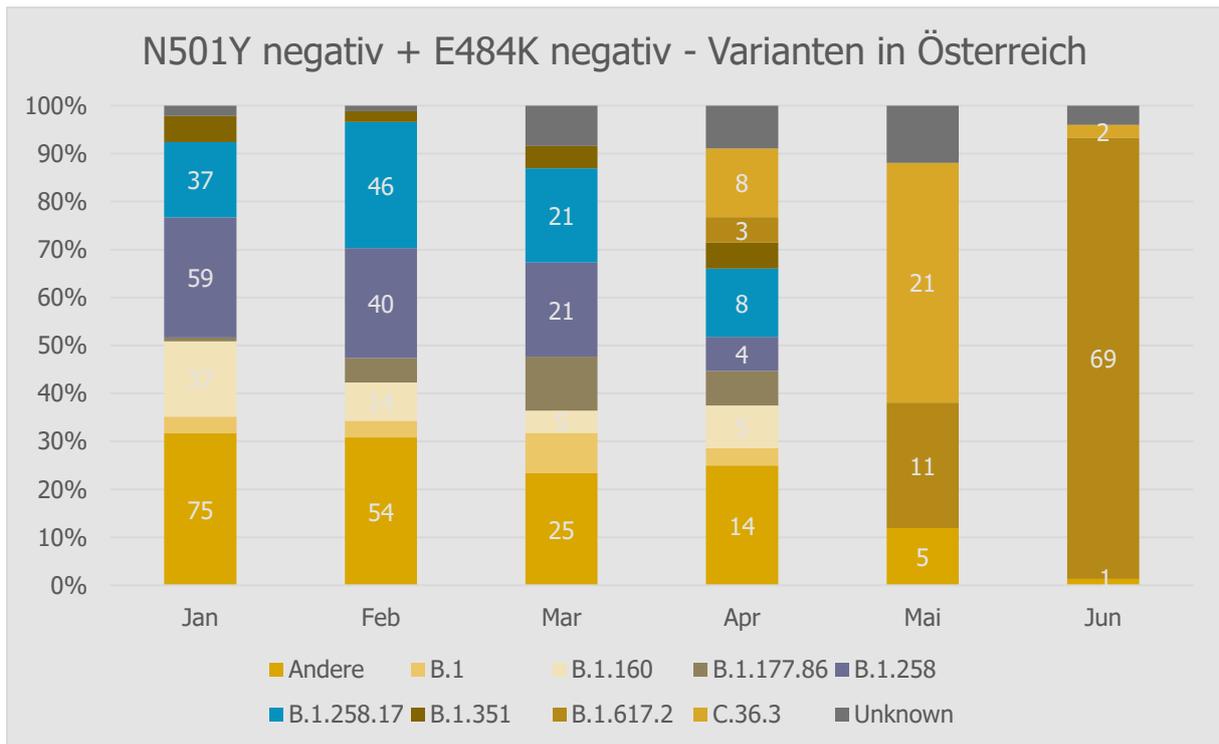


Abbildung 5: Entwicklung der N501Y+E484K negativen Varianten in Österreich (2021)

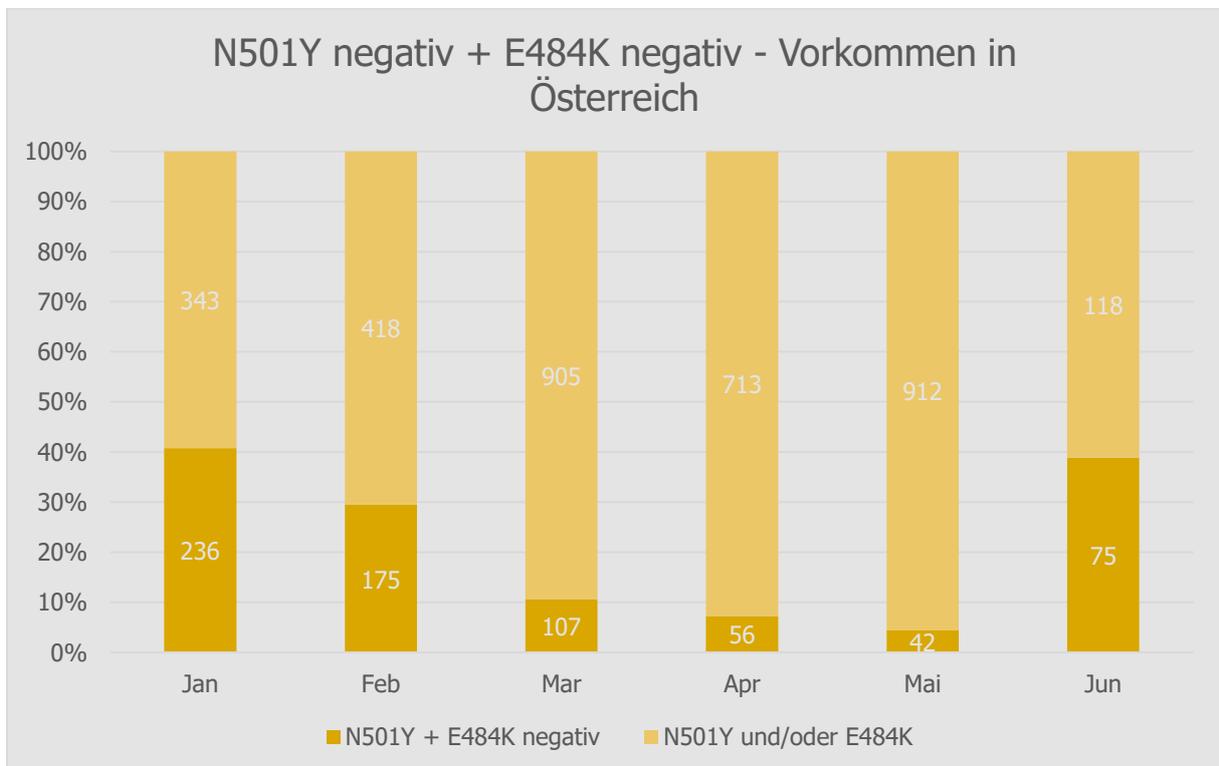


Abbildung 6: Anteil gesamt an N501Y+E484K negativen bzw. positiven Varianten (2021)

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Absolutes Vorkommen der Varianten seit 02.04.2021.....	7
Abbildung 2: Vorkommen der Varianten Juni 2021 (Absolut).....	8
Abbildung 3: Vorkommen der Varianten Juni 2021 (Relativ).....	9
Abbildung 4: Anteil von B.1.1.7 in den Bundesländern und am Flughafen Wien.....	10
Abbildung 6: Entwicklung der N501Y+E484K negativen Varianten in Österreich (2021).....	12
Abbildung 7: Anteil gesamt an N501Y+E484K negativen bzw. positiven Varianten (2021).....	12