



GISAID Österreich-Report

Nr. 5



**Bericht über die Ergebnisse der
SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen auf
Basis österreichischer Daten der
GISAID-Initiative**

*des Zeitraums 01.07.21-31.07.21
und zusammenfassend von 03.04.20-31.07.21*

J. KLIKOVITS, P. WANKA, S. SCHINDLER, M. MARKOWICZ, A. INDRA, P.
HUFNAGL, F. HEGER, F. ALLERBERGER, B. BENKA

Zusammenfassung

GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) ist eine globale Wissenschaftsinitiative, deren Ziel es ist, Genomdaten zu Influenzaviren bzw. SARS-CoV-2 frei zugänglich zu machen. Ein Großteil der in Österreich mit der Sequenzierung von SARS-CoV-2 beschäftigten Laboratorien und Institute stellt deren Ergebnisse bereits im Rahmen der GISAID-Initiative zur Verfügung.

In diesem Bericht Nummer 5 sind die Ergebnisse der österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.07.2021 bis 31.07.2021 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.2020 bis 31.07.2021 angeführt. Sequenzierungsdaten von Laboratorien, welche ihre Ergebnisse nicht auf der GISAID-Datenbank zur Verfügung stellen, sind nicht Teil dieses Berichts.

Seit April 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 46049 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im Berichtszeitraum des Reports von 01.07.2021 bis 31.07.2021 wurden 17139 auswertbare Sequenzdatensätze aus Österreich hochgeladen. Sequenzierungsdaten von Laboratorien, deren Ergebnisse nicht auf die GISAID-Datenbank hochgeladen wurden, sind in diesem Bericht nicht berücksichtigt.

Im aktuellen Berichtszeitraum (01.07.2021 bis 31.07.2021) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit mit 13690 Einträgen in der Datenbank in 79,87 % der Genomdaten identifiziert und ist damit die vorherrschende Variante. Darüber hinaus zeigt sich ein Anstieg der Variante B.1.617.2 (Delta) auf aktuell 2191 Daten (12,78 %), von denen der Großteil (1679) aus Wien stammt (Vormonat: 73 Datensätze, 7,27 %). Die Variant of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) wurde zu 103 und die VOC P.1 (Gamma) zu 113 Datensätzen zugeordnet.

Schlüsselwörter

GISAID, SARS-CoV-2, Genomdaten, Ganzgenomsequenzierung, Genomsequenzierung, Datenbank

Summary

GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) is a global science initiative with the aim of achieving free access and availability of genome data on influenza viruses and SARS-CoV-2 as well as ensuring rapid and straightforward exchange of all available data. Most of the laboratories and institutes in Austria that are involved in the sequencing of SARS-CoV-2 are already providing access to their results as part of the GISAID initiative.

This report number 5 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from July 1st, 2021 to July 31st, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to July 31st, 2021. Sequencing data from laboratories that do not upload their results onto the GISAID database are not part of this report.

Since April 2020, Austrian laboratories have published 46049 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the reporting period of this report from July 1st, 2021 to July 31st, 2021, 17139 data sets were uploaded from Austria. Sequencing data from laboratories whose results are not available on the GISAID database are not part of this report.

In the current reporting period (July 1st, 2021 to July 31st, 2021), variant B.1.1.7 was identified throughout Austria with 13690 entries in the database in 79.87% of the genome data, remaining the predominant variant. In addition, there is an increase in variant B.1.617.2 (Delta) to currently 2191 entries (12.78%), most of which (1679) come from Vienna (previous month: 73 data sets, 7.27%). The Variant of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) was assigned to 103 and the VOC P.1 (Gamma) to 113 data records.

Keywords

GISAID, SARS-CoV-2, Genome Data, Whole Genome Sequencing, Genome Sequencing, Database

1 Hintergrund

1.1 Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

GISAID (www.gisaid.org) ist eine globale Wissenschaftsinitiative mit dem Ziel, Genomdaten zu Influenzaviren bzw. SARS-CoV-2 frei zugänglich zu machen sowie den schnellen und unkomplizierten Austausch aller verfügbarer Daten zu gewährleisten. Es handelt sich hierbei um die größte öffentlich zugängliche Sequenzdatenbank für Influenzaviren und – seit Beginn der COVID-19 Pandemie – auch für SARS-CoV-2.

Die GISAID-Initiative fördert den schnellen und unkomplizierten Austausch von Genomdaten zu allen Influenzaviren bzw. SARS-CoV-2. Hierfür werden genetische Sequenzen sowie damit verbundene klinische, epidemiologische und geografische Daten gesammelt. Ziel der Initiative ist es, Wissenschaftlerinnen einen Überblick darüber zu schaffen, wie sich Viren entwickeln bzw. ausbreiten.

Um eine unbürokratische und allgemeine Zugänglichkeit dieser Informationen zu gewährleisten, stellt die Initiative alle in GISAID erfassten Daten kostenlos allen Personen zur Verfügung, die sich bereit erklären, sich gemäß guter wissenschaftlicher Praxis zu verhalten und sich mit der Initiative sowie deren Werten identifizieren. Die Zurverfügungstellung der Daten auf GISAID erfolgt auf freiwilliger Basis vonseiten der sequenzierenden Laboratorien.

1.2 Variants of Concern und Variants of Interest

Nationale und internationale Gesundheitsorganisationen und –behörden (z.B. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (US), Public Health England (PHE), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)) klassifizieren individuell auf Basis diverser Kriterien, welche SARS-CoV-Varianten als „Variant of Concern“ (VOC), „Variant of Interest“ (VOI), „Variant of High Consequence“ oder als „Variant under Monitoring“ einzustufen sind.

Die Einstufung erfolgt im Allgemeinen nach Kriterien in Bezug auf das Vorhandensein von Änderungen der Rezeptorbindestellen im S-Gen, die zu einer verringerten Wirkung neutralisierender Antikörper führen können, Mutationen die zu potenziellen

diagnostischen Auswirkungen führen oder Veränderungen die mit einer Zunahme der Übertragbarkeit oder der Schwere der Erkrankung in Verbindung gebracht wurden.¹

Das European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) listet derzeit die folgenden Varianten als VOC und VOI:²

Variants of Concern (VOC)

- B.1.1.7³ (Alpha)
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K)
- B.1.351⁴ (Beta)
- P.1⁵ (Gamma)
- B.1.617.2⁶ (Delta)

Variants of Interest (VOI)

- B.1.525⁷ (Eta)
- P.3⁸ (Theta)
- B.1.617.1⁹ (Kappa)
- B.1.620¹⁰
- B.1.621¹¹
- C.37¹² (Lambda)

¹ Centers for Disease Control and Prevention (2021): SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions, aufrufbar unter: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html> [Zuletzt abgerufen am 04.08.2021]

² European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 29 July 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 04.08.2021]

³ https://cov-lineages.org/global_report_B.1.1.7.html

⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html

⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html

⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.html

⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html

⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.3.html

⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.1.html

¹⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.620.html

¹¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.621.html

¹² https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.37.html

1.3 PANGO Lineages

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak (PANGO) Lineages ist ein Software-Tool, das von Mitgliedern des Rambaut Lab¹³ entwickelt wurde. Die zugehörige Webanwendung (www.cov-lineages.org) wurde vom Center for Genomic Pathogen Surveillance in South Cambridgeshire entwickelt und soll die dynamische Nomenklatur von SARS-CoV-2-Linien implementieren, die als PANGO-Nomenklatur bekannt ist.

Diese Nomenklatur ermöglicht es, einer SARS-CoV-2-Genomsequenz die wahrscheinlichste SARS-CoV-2 Linie (Pango-Linie) zuzuweisen. Damit können epidemiologische Daten mit den molekular-epidemiologischen Daten kombiniert werden. Somit sind epidemiologische Ereignisse – wie die Verbreitung des Virus in einer bestimmten Region – nachverfolgbar und es können Hinweise auf die zukünftige Entwicklung gegeben werden.

1.4 GISAID Österreich-Bericht

Das Auftreten von Mutationen des SARS-Coronavirus-2 stellt Gesundheitssysteme weltweit vor große Herausforderungen. Die Detektion dieser Mutationen mithilfe der Genomsequenzierungen ist unerlässlich. Spezialisierte Laboratorien und Institute in ganz Österreich führen diese Analysen durch (siehe Anhang 1). Ein Großteil dieser stellt die Ergebnisse ihrer Untersuchungen bereits im Rahmen von GISAID zur Verfügung und leistet damit einen wichtigen Beitrag zur Pandemiebekämpfung.

Einer tiefgehenden wissenschaftlichen Untersuchung der verfügbaren Sequenzierungs-Daten wird höchste Priorität beigemessen. Die von der GISAID-Datenbank zur Verfügung gestellten Daten bieten hierfür die geeigneten Möglichkeiten.

Die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES) hat es sich zum Ziel gesetzt, die GISAID-Ergebnisse der Genomsequenzierungen aufzubereiten und so das Auftreten von verschiedenen Varianten von SARS-CoV-2 in Österreich zu verfolgen sowie etwaige Entwicklungen und Veränderungen in diesem Bereich sichtbar zu machen. Diese Ergebnisse in Form von regelmäßigen Berichten

¹³ Rambaut, A., Holmes, E.C., O'Toole, Á. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol 5, 1403–1407 (2020).

ermöglichen einen aktuellen Überblick über die in Österreich vorherrschenden Virusvarianten.

Großer Dank gilt allen Laboratorien, welche (auffällige) Proben identifizieren und zur Sequenzierung an die entsprechenden Institute weiterleiten, wodurch sie einen wichtigen Beitrag leisten. Aufgrund der Vielzahl an Datensätzen und der damit verbundenen großen Anzahl an einsendenden Laboratorien wird auf eine Auflistung dieser im Anhang verzichtet.

2 Durchführung und Methoden

2.1 Aktueller Berichtszeitraum

Zur Erstellung des fünften Österreich GISAID-Berichts wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.07.2021-31.07.2021 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen. Diese Daten entstammen Verfahren der Genomsequenzierung, sie beinhalteten die genaue Bezeichnung der SARS-CoV-2-Virusvarianten gemäß PANGO-Nomenklatur.

Aufgrund der Vielzahl an berichteten Varianten in diesem Datensatz, wurde eine Vorauswahl der relevantesten Varianten getroffen. Die Auswahl erfolgte auf folgender Basis:¹⁴

- Die fünf häufigsten Varianten aus dem GISAID-Bericht des jeweiligen Beobachtungszeitraums
- Aktuelle Lineages of Concern nach ECDC (siehe Punkt 1.2)
- Aktuelle Lineages of Interest nach ECDC (siehe Punkt 1.2)

1132 Datensätze wurden der Variante AY.3 zugeordnet, diese wurden in den Ergebnissen dieses Berichts mit B.1.617.2 zusammengefasst. Darauf wird in Kapitel 5 Sonstiges näher eingegangen.

Alle anderen Varianten werden im Folgenden als „Sonstige“ zusammengefasst.

¹⁴ Von der Auswahl ausgenommen wurden wenig differenzierte Varianten (wie z.B. B.1, A.1)

Für den Österreich GISAID-Bericht werden die akkumulierten Daten, je nach Bundesland, zusammenfassend grafisch und tabellarisch dargestellt.

2.2 Zusammenfassung aller bisheriger Daten

Zur zusammenfassenden Darstellung gibt in diesem Bericht eine Übersicht aller österreichischer Sequenzierungsdaten, welche insgesamt bis zum Zeitpunkt der Erstellung des Berichts hochgeladen wurden (03.04.2020 bis 31.07.2021).

Dabei werden einzelne Varianten – nach den folgenden Kriterien – näher beschrieben:

- Die fünf häufigsten Varianten aus dem GISAID-Bericht des Beobachtungszeitraums
- Aktuelle Lineages of Concern (siehe Punkt 1.2)
- Aktuelle Lineages of Interest (siehe Punkt 1.2)

Alle anderen Varianten werden im Folgenden als „Sonstige“ zusammengefasst.

Da das PANGO Lineage Assignment ein dynamisches Nomenklatur-System ist, bei dem im Laufe der Zeit immer neue Lineages hinzukommen, erfolgt für den Bericht der Zusammenfassung aller bisheriger Daten jeweils eine aktualisierte Abfrage aus GISAID. Dieser beinhaltet demnach die aktuellste Version der PANGO-Nomenklatur der jeweiligen Sequenzen. Betroffen sind nur die Datensätze, welche Ganzgenomdaten beinhalten. Bei den S-Genom-Daten erfolgte keine erneute Abfrage und manuelle Zuordnung zur Lineage.

3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 01.07.2021 bis 31.07.2021 wurden aus Österreich insgesamt 17139 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Abbildung 1 und Abbildung 2 geben einen Überblick über die in Österreich berichteten Varianten in diesem Berichtszeitraum sowie deren Häufigkeiten.

Mit 13690 Datensätzen (79,87 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Es handelt es sich dabei um eine Variante mit der Spike-Gen (S-Gen) Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren H69 und V70 des Spike-Proteins. Bei 497 Datensätzen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K im Spike-Gen. Bei den anderen 13193 Genomdaten der Variante B.1.1.7 wurde diese Mutation nicht nachgewiesen. Dies entspricht 3,63 % bzw. 96,37 % aller Datensätze.

Die Variante B.1.617.2 (Delta) wurde bei 2191 Genomsequenzen (12,78 %) identifiziert. Sie zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor. Die Variante B.1.617.3 wurde nicht gefunden.

Bei 103 Datensätzen (0,60 %) wurde die Variante B.1.351¹⁵ (Beta) gefunden. Diese weist unter anderem die Mutationen E484K und N501Y des Spike-Gens auf. Die Variante P.1 (Gamma) wurde bei 103 Datensätzen (0,60 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus.

17 Datensätze (0,10 %) wurden der Variant of Interest B.1.525 (Eta) zugeordnet sowie 11 Daten (0,06 %) der VOI B.1.617.1. Die Variante B.1.525 weist eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutationen E484K und Q677H auf. B.1.617.1 (Kappa) trägt die Mutation E484Q im S-Gen.

¹⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html

70 Datensätze (0,41 %) wurden der Variante B.1.1.318¹⁶ zugeordnet. Diese ist eine vor allem in den USA und Europa häufig auftretende Variante, welche unter anderem die Mutation E484K im S-Gen trägt. Die Variante ist von ECDC nicht als VOC oder VOI gelistet.¹⁷

Die Variante C.36.3 wurde insgesamt 72 Datensätzen (0,42 %) zugeordnet. Die SARS-CoV-2-Variante C.36 – mit ihren Sublineages C.36.1, C.36.2, C.36.3 und C.36.3.1 – wurde in Österreich bereits häufig durch Genomsequenzierung festgestellt. Die Sublineage C.36.3 trägt die Mutation L452R im S-Gen. C.36.3 wird von ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) als sogenannte „Variant under Monitoring“ gelistet.¹⁸

Insgesamt 335 Datensätze (1,95 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

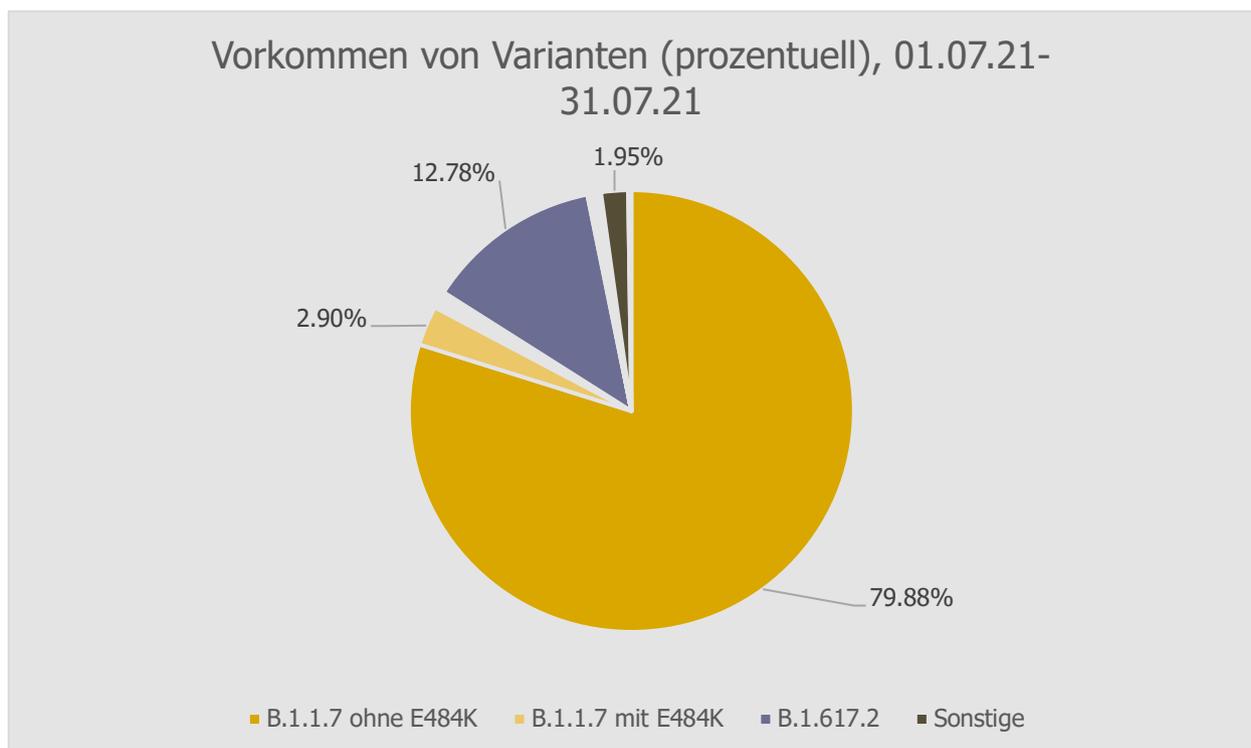


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 01.07.21-31.07.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 1,0 %)

¹⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.318.html

¹⁷ European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 24 June 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 04.08.2021]

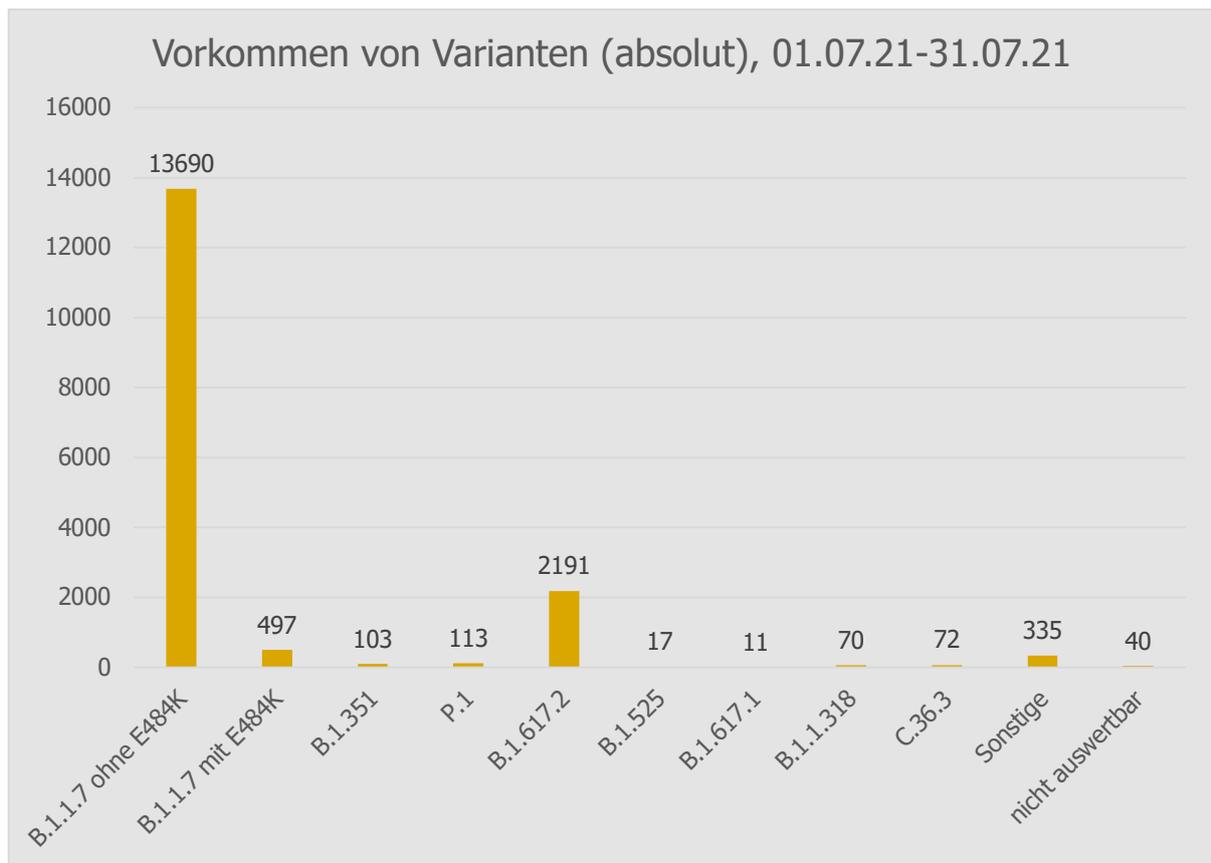


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten in Österreich 01.07.21-31.07.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

Abbildung 3 zeigt das relative Vorkommen von Varianten von SARS-CoV-2 nach Entnahmedatum. Hier ist zu erkennen, dass das Datum der Probenahme für die GISAID-Uploads im aktuellen Berichtszeitraum (01.07.21-31.07.21) teils bereits einige Monate zurückliegt, wodurch sich die Dominanz der Variante B.1.1.7 (Alpha) in den aktuellen Daten erklären lässt. 64 Datensätze, deren Entnahmedatum nicht bekannt ist, sowie 4 Daten-Uploads, deren Entnahmedatum vor März 2021 liegt, werden in der Grafik nicht berücksichtigt.

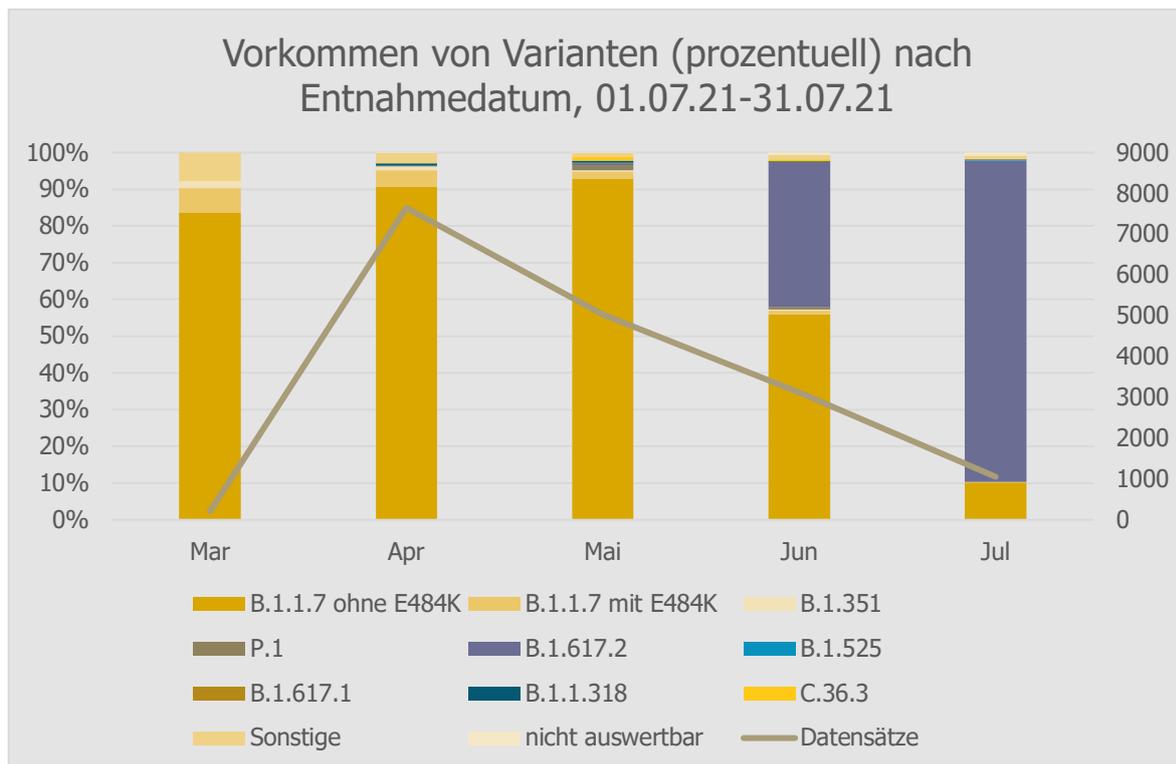


Abbildung 3: Vorkommen der Varianten (prozentuell) nach Entnahmedatum

3.2 Variants of Concern und Interest in Österreich

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of Concern konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (01.07.2021-31.07.2021) Folgende gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (Alpha): 13690
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K): 497
- B.1.351 (Beta): 103
- P.1 (Gamma): 113
- B.1.617.2 (Delta): 2191

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of Interest konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (01.07.2021-31.07.2021) Folgende gefunden werden:

- B.1.525 (Eta): 17
- B.1.617.1 (Kappa): 11

Die Variants of Interest P.3 (Theta), B.1.620, B.1.621 sowie C.37 (Lambda) wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 1 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 01.07.2021 bis 31.07.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 17139 Daten konnten 1657 (9,67 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 7015 (40,93 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 5116 (29,85 %) und Salzburg mit 1787 (10,43 %) Datensätzen. Aus Vorarlberg stammen 512 (2,99 %), aus Kärnten 460 (2,68 %), aus der Steiermark 211 (1,23 %), aus Oberösterreich 205 (1,20 %), aus dem Burgenland 111 (0,65 %) und aus Niederösterreich 65 (0,38 %) Genomdaten.

In allen Bundesländern ist die Variante B.1.1.7 ohne E484K (Alpha) die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland, gefolgt von B.1.617.2 (Delta) mit den meisten Einträgen aus Wien mit 1679 Uploads. Nur diese beiden Varianten wurden aus allen Bundesländern berichtet.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde bei 47 bzw. 46 Proben aus Tirol bzw. Wien identifiziert, bei 4 bzw. einer aus Salzburg und Vorarlberg. Bei 5 Uploads wurde keine Herkunft angegeben. Sequenzen der brasilianischen Variante P.1 (Gamma) wurden 113 mal hochgeladen – 89 Uploads aus Tirol, 9 aus Vorarlberg, 7 aus Salzburg, 6 aus Wien sowie je einer aus dem Burgenland und Oberösterreich.

Von den 17 Datensätzen von B.1.525 stammen 12 aus Wien und 4 bzw. einer aus Salzburg bzw. Tirol. Die 11 Datensätze, die der Variante B.1.617.1 zugeordnet wurden, stammen zu 9 Daten aus Wien sowie zu je einer aus Vorarlberg und dem Burgenland.

An dieser Stelle muss erwähnt werden, dass einzelne Proben üblicherweise zur Qualitätssicherung von mehr als einem Labor sequenziert werden und es daher nicht auszuschließen ist, dass die Genomdaten dieser Fälle doppelt auf GISAID hochgeladen wurden.

Tabelle 1: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 01.07.21-31.07.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.1.7 mit E484K	B.1.351	P.1	B.1.617.2	B.1.525	B.1.617.1	B.1.1.318	C.36.3	Sonstige	nicht auswertbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	39	0	0	1	66	0	1	0	0	0	4	111
Kärnten	416	0	0	0	26	0	0	8	0	8	2	460
Niederösterreich	7	2	0	0	43	0	0	9	0	2	2	65
Oberösterreich	163	0	0	1	32	0	0	1	3	5	0	205
Salzburg	1570	35	4	7	143	4	0	1	2	20	1	1787
Steiermark	181	2	0	0	24	0	0	0	0	1	3	211
Tirol	4408	413	47	89	24	1	0	0	0	125	9	5116
Vorarlberg	399	0	1	9	87	0	1	4	1	6	4	512
Wien	5017	37	46	6	1679	12	9	39	61	96	13	7015
Unbekannt	1490	8	5	0	67	0	0	8	5	72	2	1657
Gesamt nach Variante	13690	497	103	113	2191	17	11	70	72	335	40	17139

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.2020 bis 31.07.2021 wurden aus Österreich 46049 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 8587 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 37462 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte. Nicht auswertbare Datensätze wurden nicht in den Bericht miteinbezogen.

Abbildung 3 und Abbildung 4 geben einen Überblick über die in Österreich gefundenen Varianten des gesamten Zeitraums 03.04.2020 bis 31.07.2021 sowie deren Häufigkeiten.

Mit 34001 Datensätzen (73,84 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 1163 Genomsequenzen (2,53 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K.

Insgesamt 2274 Datensätze (4,94 %) wurden der Variante B.1.167.2 (Delta), 1111 (2,41 %) der Variante B.1.351 (Beta) und 135 (0,29 %) der Variante P.1 (Gamma) zugeordnet. Die Variante B.1.525 (Eta) wurde bei 180 Genomdaten (0,39 %) detektiert. 12 Datensätze wurden der VOI B..617.1 (Kappa) zugeordnet, sowie je ein Datensatz den VOI B.1.620 und B.1.621. Die VOI P.3 sowie C.37 konnten im Berichtszeitraum (03.04.2020 bis 31.07.2021) nicht durch Sequenzierung festgestellt werden.

Bei 107 Genomsequenzen (0,23 %) wurde die Variante C.36.3 und bei 103 Daten (0,22 %) die Variante B.1.1.318 identifiziert.

Insgesamt 7682 Datensätze (16,68 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet.

Vorkommen von Varianten (prozentuell), 03.04.20-31.07.21

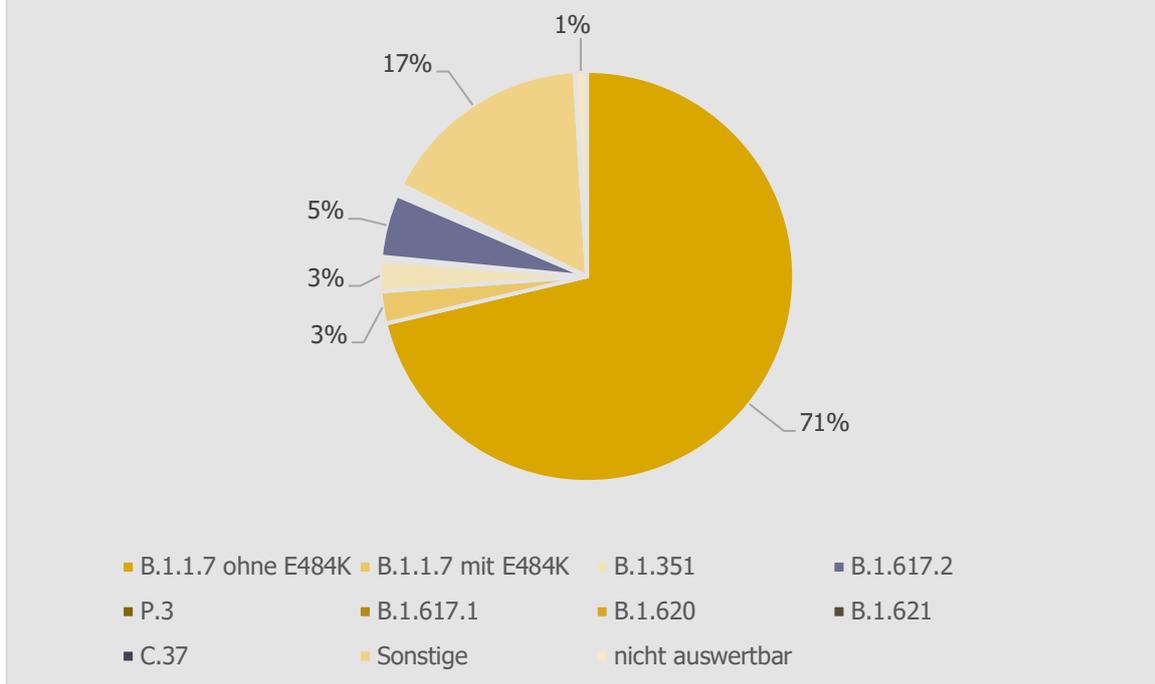


Abbildung 4: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-31.07.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

Vorkommen von Varianten (absolut), 03.04.20-31.07.21

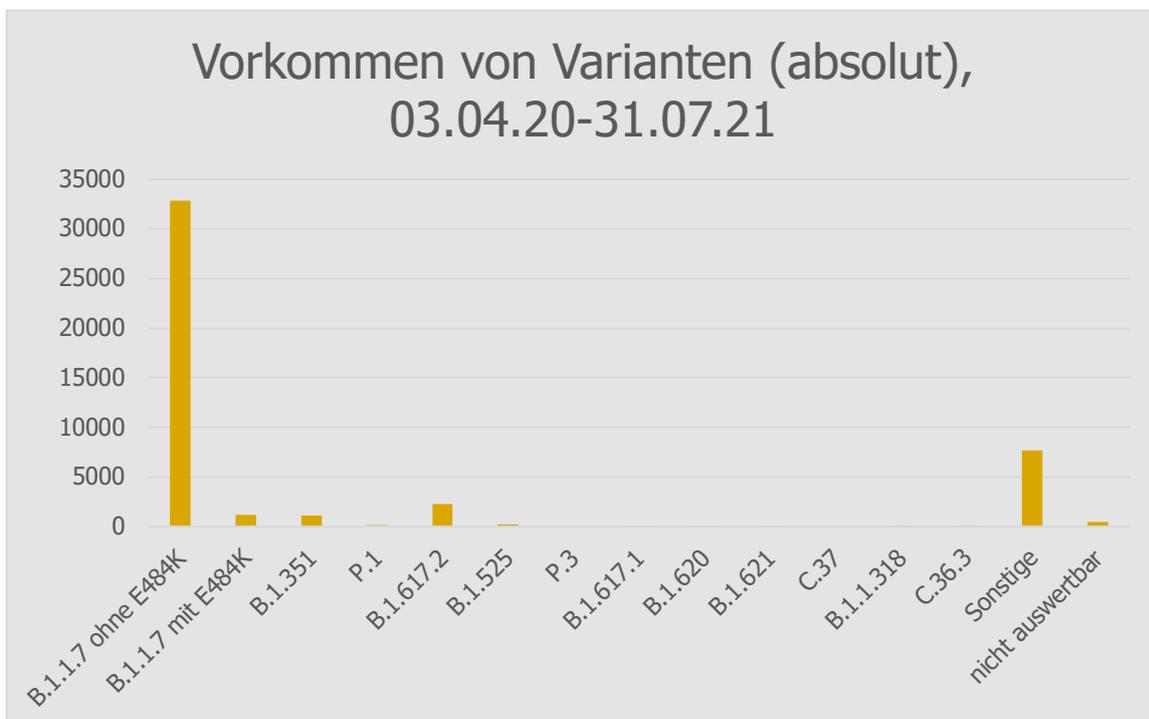


Abbildung 5: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-31.07.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

4.2 Variants of Concern und Interest in Österreich

Von den in Punkt 1.2 angeführten VOC konnten in Österreich auf Basis der GISAID-Daten aus dem Zeitraum 03.04.2020 bis 31.07.2021 die Folgenden gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (Alpha): 32838
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K): 1163
- B.1.351 (Beta): 1111
- P.1 (Gamma): 135
- B.1.617.2 (Delta): 2274

Von den in Punkt 1.2 angeführten VOI konnten in Österreich auf Basis der GISAID-Daten die Folgenden gefunden werden:

- B.1.525 (Eta): 180
- B.1.617.1 (Kappa): 12
- B.1.620: 1
- B.1.621: 1

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.2020 bis 31.07.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 46049 Daten konnten 6867 (14,91 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Tirol liegen mit insgesamt 12693 (27,56 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Wien mit 11631 (25,26 %) und Salzburg mit 4753 (10,32 %) Datensätzen. Aus der Steiermark stammen 3302 (7,17 %), aus Kärnten 2165 (4,70 %), aus Oberösterreich 1532 (3,33 %), aus Niederösterreich 1196 (2,60 %), aus Vorarlberg 1109 (2,41 %) und aus dem Burgenland 801 (1,74 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.1.7 (Alpha) ist die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland und gemeinsam mit B.1.617.2 (Delta) die einzige Variante, die in jedem Bundesland identifiziert wurde. Mit 8820 Datensätzen wurde die Variante B.1.1.7 am häufigsten aus Tirol hochgeladen, gefolgt von Wien (8237), Salzburg (3590), der Steiermark (2448), Oberösterreich (1263) und Kärnten (1191). Aus Vorarlberg kamen lediglich

626 Daten, aus Niederösterreich 613 sowie 460 aus dem Burgenland. Zu 5590 Datensätzen konnte kein Bundesland zugeordnet werden. Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der S-Gen Mutation E484K wurde mit 1039 Daten ebenfalls am häufigsten aus Tirol gemeldet. Mit 1754 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien. Zudem stammen 144 Datensätze aus Salzburg, 89 aus Vorarlberg, 66 aus dem Burgenland, 43 aus Niederösterreich, 33 aus Oberösterreich, je 26 aus Kärnten und Tirol und 25 aus der Steiermark. Von 68 Datensätzen ist die Herkunft unbekannt.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde außerhalb Tirols (737) in Wien (249), Salzburg (23), der Steiermark (7), Oberösterreich (5), Niederösterreich (5), Kärnten (3) und Vorarlberg (1) gefunden. Von 81 Datensätzen sind unbekannter Herkunft. 100 der 135 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden dem Bundesland Tirol zugeordnet, je 13 Wien und Vorarlberg, sieben Salzburg sowie je einer dem Burgenland und Kärnten.

Die 180 Datensätze, die der Variante B.1.525 (Eta) zugeordnet wurden, stammen aus Salzburg (85), Wien (80), Niederösterreich (4), Tirol (3), Kärnten (2), der Steiermark (2), Oberösterreich (1) und Vorarlberg (1). Zwei Daten konnten keinem Bundesland zugeordnet werden. Bei den 12 Datensätzen denen die Variante B.1.617.1 (Kappa) zugeordnet wurde handelt es sich um 10 Proben aus Wien sowie je eine aus Vorarlberg und dem Burgenland. Jener Datensatz, der der Variante B.1.620 zugeordnet wurde entstammt einer Niederösterreichischer Probe, der Datensatz der Variante B.1.621 wurde aus Wien hochgeladen.

An dieser Stelle ist zu erwähnen, dass einzelne Proben üblicherweise zur Qualitätssicherung von mehr als einem Labor sequenziert werden und es daher nicht auszuschließen ist, dass solche Fälle doppelt auf GISAID hochgeladen wurden.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-30.06.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.1.7 mit E484K	B.1.351	P.1	B.1.617.2	B.1.525	P.3	B.1.617.1	B.1.620	B.1.621	C.37	B.1.1.318	C.36.3	Sonstige
Burgenland	460	1	0	1	66	0	0	1	0	0	0	0	0	257
Kärnten	1191	0	3	1	26	2	0	0	0	0	0	21	0	896
Niederösterreich	613	3	5	0	43	4	0	0	1	0	0	18	0	466
Oberösterreich	1263	1	5	0	33	1	0	0	0	0	0	4	17	201
Salzburg	3590	38	23	7	144	85	0	0	0	0	0	1	5	833
Steiermark	2448	23	7	0	25	2	0	0	0	0	0	0	0	753
Tirol	8820	1039	737	100	26	3	0	0	0	0	0	1	0	1879
Vorarlberg	626	0	1	13	89	1	0	1	0	0	0	6	2	355
Wien	8237	50	249	13	1754	80	0	10	0	1	0	42	77	996
Unbekannt	5588	8	81	0	68	2	0	0	0	0	0	10	6	1046
Ausland	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	32838	1163	1111	135	2274	180	0	12	1	1	0	103	107	7682

5 Sonstiges

In diesem Kapitel werden neue Informationen und Erkenntnisse zu den Themen Mutationen und SARS-CoV-2 Varianten angeführt.

5.1 Dominante Varianten in Europa – Alpha und Delta

In den vergangenen Wochen ließ sich ein starker Anstieg im Anteil der B.1.617.2 Variante (Delta) in Österreich sowie in Europa erkennen. Aktuell ist Delta die dominierende Variante in Europa, was sich in den Ergebnissen dieses Berichtszeitraums widerspiegelt.

Der aktuellen Situation bzw. die Entwicklung des Vorkommens der Variante entsprechend zeigt Abbildung 6 den Anteil von Delta (B.1.617.2) im Vergleich zu jenem der Variante Alpha (B.1.1.7) nach Kalenderwoche in Europa. Die Daten beziehen sich auf die Einträge von GISAID (Stand vom 05.08.2021) im entsprechenden Zeitraum.

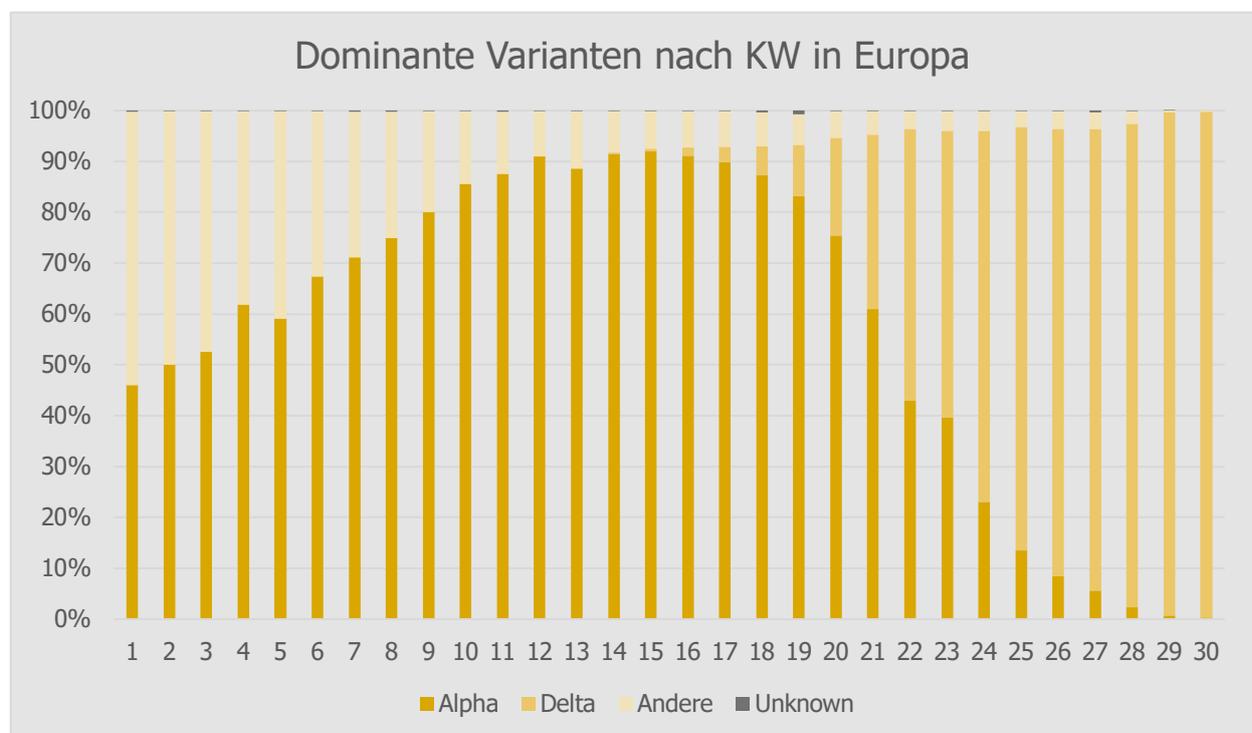


Abbildung 6: Dominante Varianten nach KW in Europa

5.2 Delta (B.1.617.2) und ihre Sublineages

In den vergangenen Wochen wurde immer häufiger die Variante B.1.617.2 in deren Sublineages AY.1, AY.2 sowie AY.3 aufgeteilt.

Abbildung 7 zeigt die Mutationen, die diese Varianten im Spike-Protein tragen. Es ist zu erkennen, dass sich die Sublineage AY.3 im S-Gen nicht durch Mutationen von der Lineage B.1.617.2 unterscheidet. Sie zeichnet sich jedoch durch eine andere Mutation (ORF1ab: I3731V) aus und wurde bisher hauptsächlich in den USA festgestellt.¹⁸

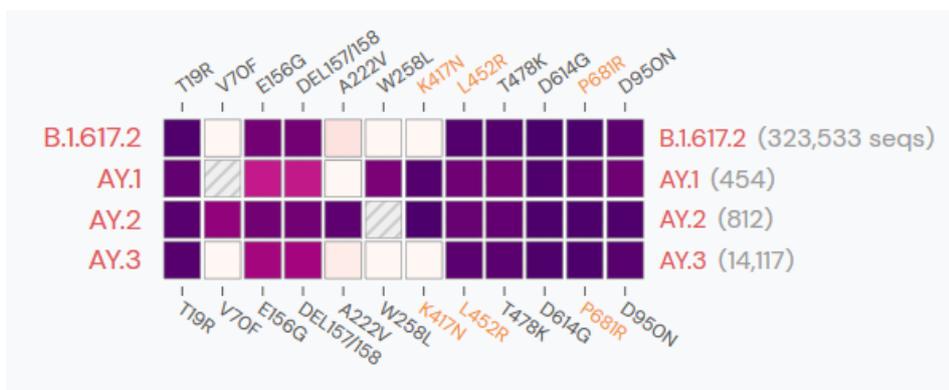


Abbildung 7: Mutationen des Spike-Proteins von B.1.617.2 sowie deren Sublineages AY.1, AY.2 und AY.3¹⁹

Interessanterweise konnte bisher bei keiner der österreichischen Isolate ORF1ab: I3731V nachgewiesen werden, trotzdem wurden in der automatischen Auswertung der Sequenzierdaten mittels PANGO/GISAID AY.3 identifiziert. Es ist hier von einer noch nicht ganz stimmigen Zuweisung durch PANGO Lineages auszugehen. Zur Diskussion dieser Thematik wurde ein PANGO Issue erstellt, bei dem auch die CeMM und AGES an der Klärung der Fragestellung bzw. der Lösung des dadurch hervorgerufenen Problems beteiligt ist.²⁰

Die Abbildung 8 zeigt das Vorkommen der Varianten B.1.617.2 sowie AY.3 in 767 Proben aus Wien. Es lässt sich deutlich erkennen, dass sich die aktuell AY.3 zugewiesenen Proben phylogenetisch nicht von B.1.617.2 abgrenzen, wie es für eine Sublineage notwendig wäre.

¹⁸ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/121>

¹⁹ Lineage Comparison. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Huffbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G. Andersen, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes, and the Center for Viral Systems Biology. outbreak.info, (available at <https://outbreak.info/compare-lineages?pango=AY.3>). Accessed 5 August 2021.

²⁰ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/142>

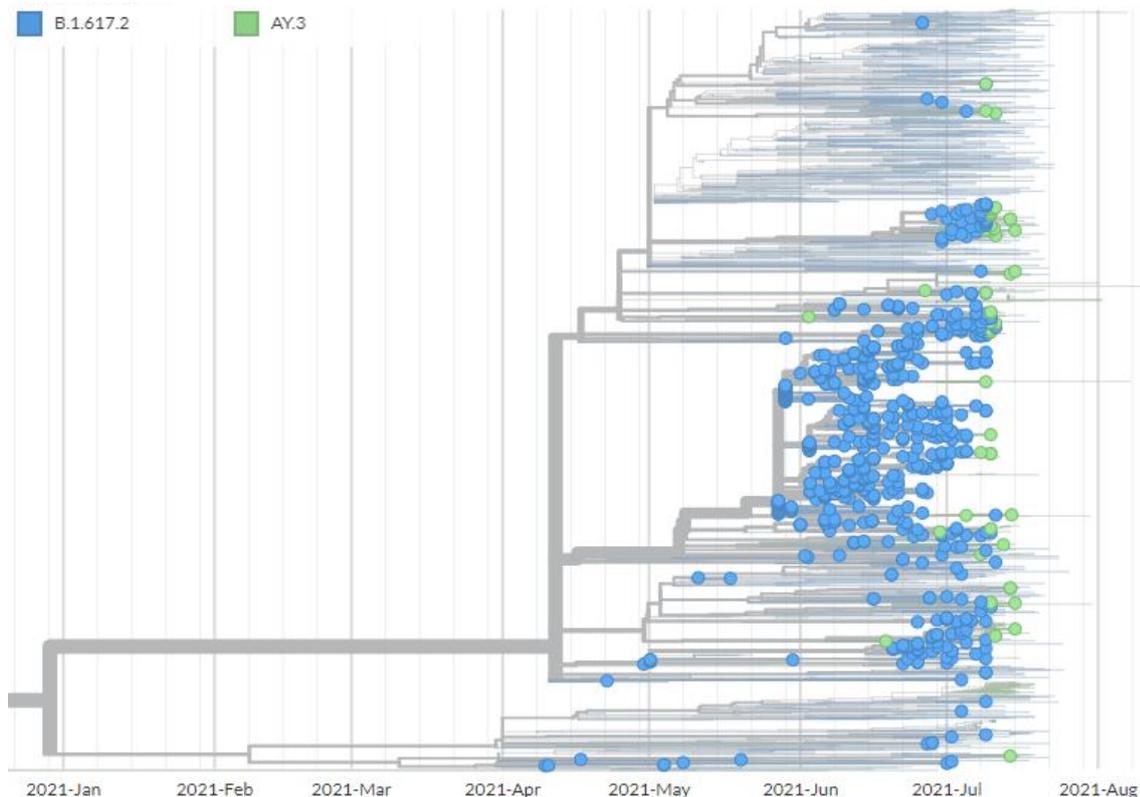


Abbildung 8: Stammbaum Vorkommen von B.1.617.2 sowie AY.3 in Wien. Erstellt von Andreas Bergthaler; CeMM.²¹

5.3 Lambda (C.37)

Die Variante C.37 (Lambda) wurde bisher noch nicht in Österreich nachgewiesen. Abbildung 9 zeigt die Mutationen des S-Gens, die die Variante C.37 charakterisieren.

	C.37
T76I	+*
G75V	+*
Δ246-252	+*
D253N	+*
L452Q	+
F490S	+
T859N	+
D614G	+

Abbildung 9: Mutationen des S-Gens der Variante C.37 (Lambda)

„+“ = >90 % aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

„+*“ = 75-90 % aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

²¹https://nextstrain.org/community/bergthalerlab/NextstrainAustria/Delta?c=pangolin_lineage&f_count=ry=Austria&f_location=Vienna

Die folgende Abbildung 10 zeigt das Vorkommen der Variante C.37 in Europa, wobei sich die Daten auf die auf GISAID hochgeladenen Datensätze (Stand vom 06.08.2021) im entsprechenden Zeitraum beziehen.

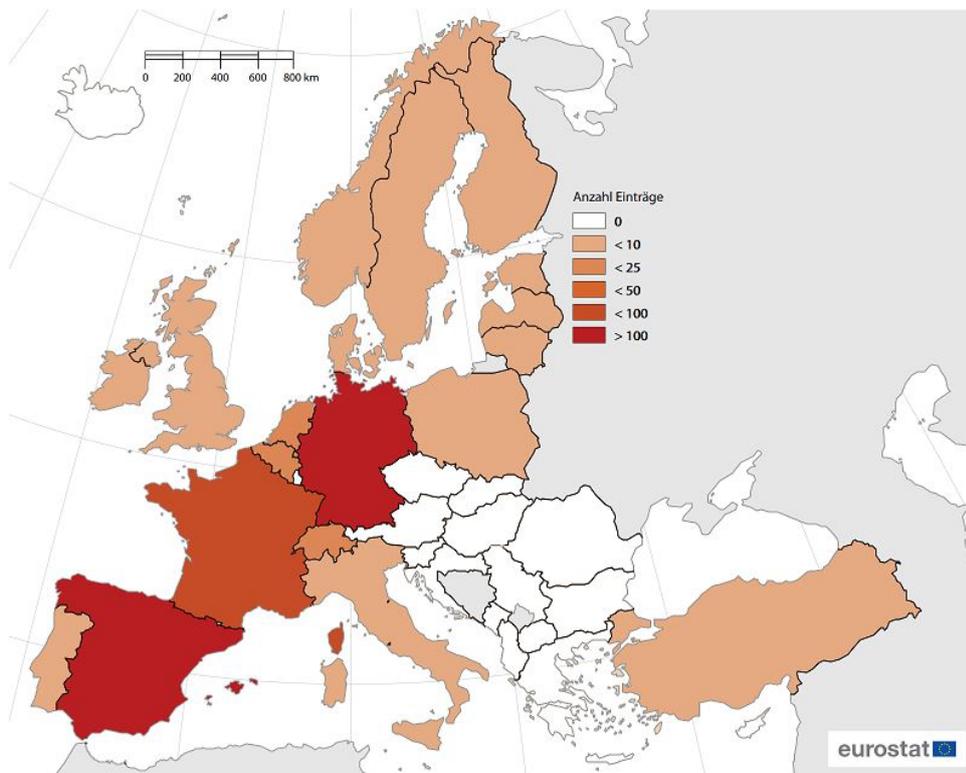


Abbildung 10: Vorkommen der Variante C.37 in Europa (auf Basis der GISAID Einträge)²²

²² Erstellt mit Tool "Image" von Eurostat / Europäische Kommission:
<https://ec.europa.eu/eurostat/web/gisco/gisco-activities/map-generator>
<https://ecas.ec.europa.eu/cas>

6 Links

www.gisaid.org

www.cov-lineages.org

https://nextstrain.org/community/bergthalerlab/NextstrainAustria/Delta?c=pangolin_lineage&f_country=Austria&f_location=Vienna

<https://ec.europa.eu/eurostat/web/gisco/gisco-activities/map-generator>

<https://ecas.ec.europa.eu/cas>

7 Anhang

Sequenzierenden Laboratorien

In der folgenden Liste befinden sich all jene Laboratorien, welche in Österreich Genomsequenzierungen im Berichtszeitraum durchgeführt haben und die Ergebnisse auf GISAID zur Verfügung gestellt haben („Submitting Labs“).

- Bergthaler Laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences
- Center for Virology, Medical University of Vienna
- Department of Laboratory Medicine, Medical University of Vienna
- Department of Medicine I, Division of Infectious Diseases and Tropical Medicine, Steininger Laboratory, Medical University of Vienna
- Diagnostic- and Research Institute of Pathology, Medical University of Graz
- Elling Group, Institute of Molecular Biotechnology (IMBA), Vienna
- Institute of Virology, Department of Hygiene, Microbiology and Public Health at Innsbruck Medical University
- Salzkammergutklinikum Vöcklabruck, Institut für Pathologie
- Dr. Gernot Walder GmbH
- AGES Institute for Medical Microbiology and Hygiene