



GISAID Österreich-Report

Nr. 6



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

*des Zeitraums 01.08.21-31.08.21
und zusammenfassend von 03.04.20-31.08.21*

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 6 sind die Ergebnisse der österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.08.2021 bis 31.08.2021 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.2020 bis 31.08.2021 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 51925 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im Berichtszeitraum des Reports von 01.08.2021 bis 31.08.2021 wurden 5875 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 (01.08.2021 bis 31.08.2021) zeigt sich österreichweit ein Anstieg der Variante B.1.617.2 (Delta) auf aktuell 5658 Daten (96,31 %), von denen der Großteil (3293) aus Wien stammt (Vormonat: 73 Datensätze). Die Variante ist somit die dominierende Variante im aktuellen Berichtszeitraum. Darüber hinaus wurde die Variante B.1.1.7 mit 113 Einträgen in der Datenbank in 1,92 % der Genomdaten identifiziert. Die Variant of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) wurde zu 4 und die VOC P.1 (Gamma) zu 10 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 August 1st, 2021 to August 31st, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to August 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 51925 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the reporting period of this report from August 1st, 2021 to August 31st, 2021, 5875 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 (August 1st, 2021 to August 31st, 2021), there is an increase in variant B.1.617.2 (Delta) to currently 5658 entries (96.31%), most of which (3293) come from Vienna (previous month: 73 data sets), making it the predominant variant. In addition, variant B.1.1.7 (Alpha) was identified throughout Austria with 113 entries in the database in 1.92% of the genome data. The Variant of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) was assigned to 4 and the VOC P.1 (Gamma) to 10 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 Inflenzaviren 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 Inflenzaviren 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 Inflenzaviren 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 (My)
- 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 03.09.2021]

² European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 26 August 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 03.09.2021]

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 sechsten Österreich GISAID-Berichts wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.08.2021-31.08.2021 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen. Diese Daten entstammen Verfahren der Genomsequenzierung, sie beinhalten 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)
- Alle Varianten aus dem COVID-Whole Genome Sequencing-Surveillance System Sentinel-Labore des gleichen Beobachtungszeitraumes (sofern verfügbar)

Die Verteilung der Variante B.1.617.2 (Delta) in deren Sublineages wird im Kapitel 3.1 „Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich“ sowie in Kapitel 5 „Sonstiges“ näher beschrieben.

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

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

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 31.08.2021).

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 01.08.2021 bis 31.08.2021 wurden aus Österreich insgesamt 5875 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Abbildung 1 gibt einen Überblick über die in Österreich berichteten Varianten in diesem Berichtszeitraum sowie deren Häufigkeiten.

Mit 5658 Datensätzen (96,31 %) wurde die Variante B.1.617.2 (Delta) österreichweit am häufigsten identifiziert. Die Variante zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor.

Die Variante B.1.1.7 (Alpha) wurde bei 113 Genomsequenzen (1,92 %) 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 zwei der Genomsequenzen konnte zusätzlich eine E484K Mutation festgestellt werden.

Die Variant of Concern P.1 (Gamma) wurde bei 10 Datensätzen (0,17 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus. Insgesamt 4 Genomsequenzen (0,03 %) wurden der Variant of Concern B.1.351 (Beta) zugeordnet. Diese weist unter anderem die Mutationen E484K und N501Y des Spike-Gens auf.

Bei je einem Datensatz (je 0,02 %) wurden die Varianten B.1.617.1¹⁵ (Kappa) bzw. C.37¹⁶ (Lambda) gefunden. Bei der Variante B.1.617.1 handelt es sich um eine hauptsächlich in Indien auftretende Variante mit der Mutation E484Q des S-Gens. Die Variante C.37 wurde bisher hauptsächlich in Südamerika festgestellt und trägt u.a. die Mutationen T76I sowie L452Q im S-Gen. Beide Varianten sind von ECDC als Variants of Interest eingestuft.

Insgesamt 69 Datensätze (1,17 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

¹⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.1.html

¹⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.37.html

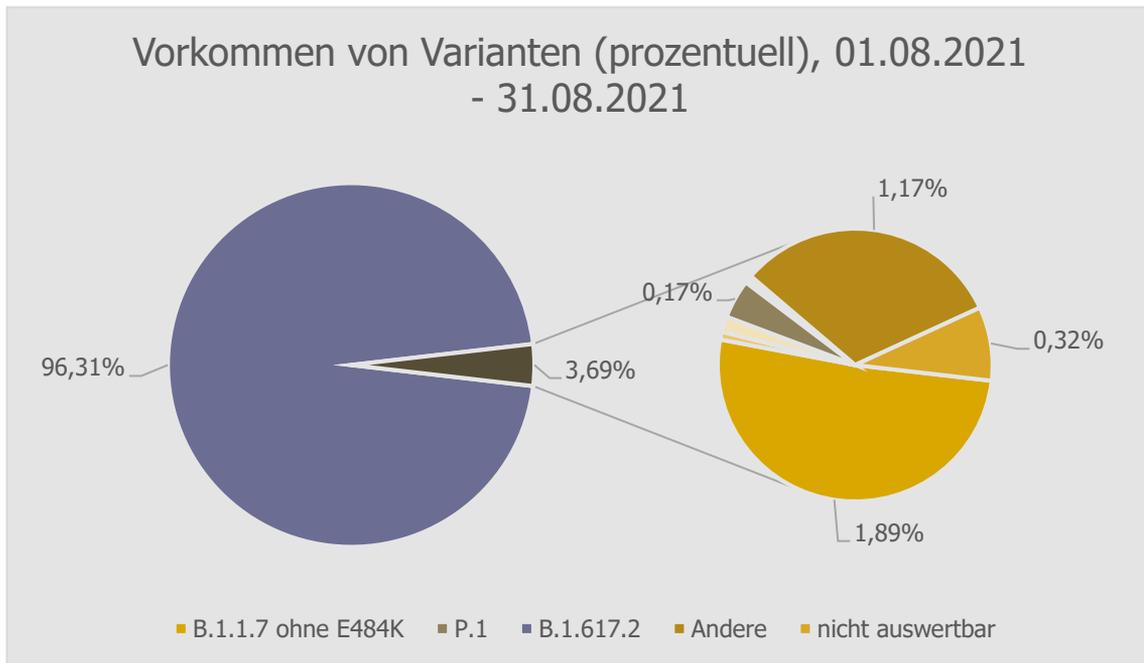


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2 Varianten in Österreich von 01.08.21-31.08.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 0,1 %)

Abbildung 2 zeigt das relative Vorkommen von Varianten von SARS-CoV-2 nach Entnahmedatum. Hier ist zu erkennen, dass das Datum der Probennahme für die GISAID-Uploads im aktuellen Berichtszeitraum (01.08.21-31.08.21) teils bereits einige Monate zurückliegt.

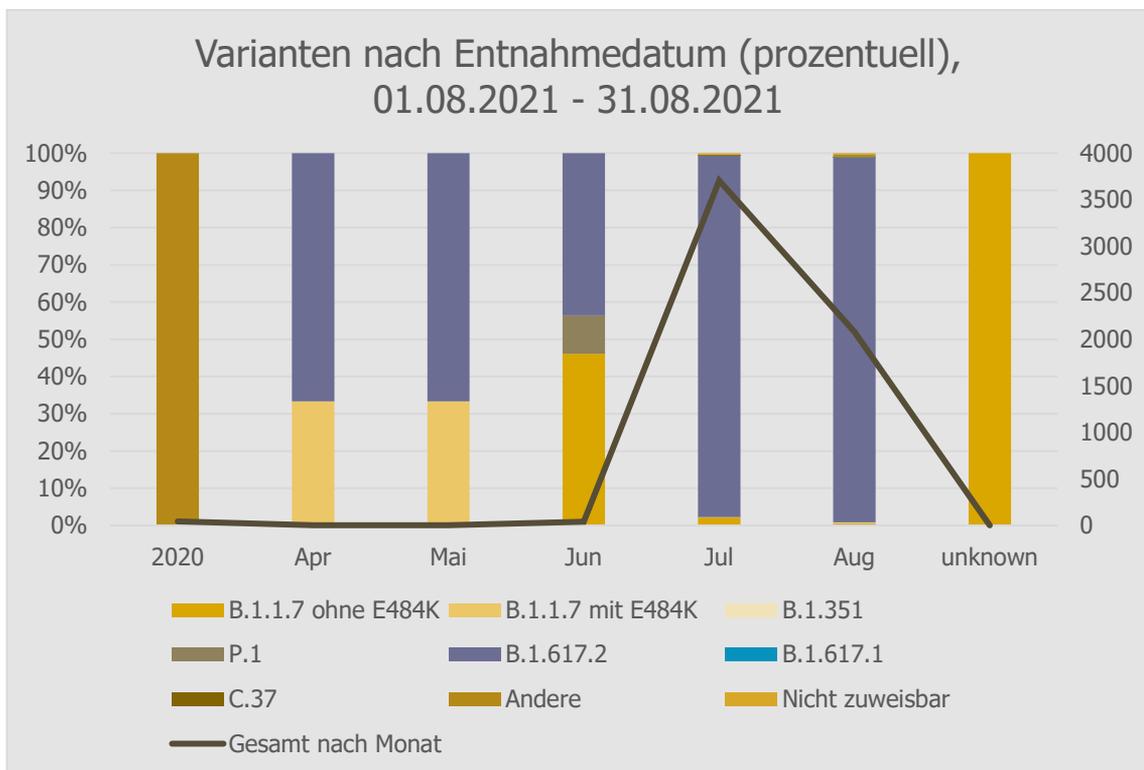


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten (prozentuell) nach Entnahmedatum

Abbildung 3 zeigt die Unterteilung der Genomsequenzen, die der Delta Variante zugeordnet wurde, in deren Subvarianten AY.4, AY.5, AY.6, AY.7, AY.9, AY.11 sowie AY.12. Die Daten beziehen sich auf die aus Österreich auf GISAID hochgeladenen Sequenzen im Zeitraum von 01.08.21-31.08.21 und die Zuordnung zu den Delta Sublineages basiert auf der PANGO Version v.3.1.11 2021-08-24.

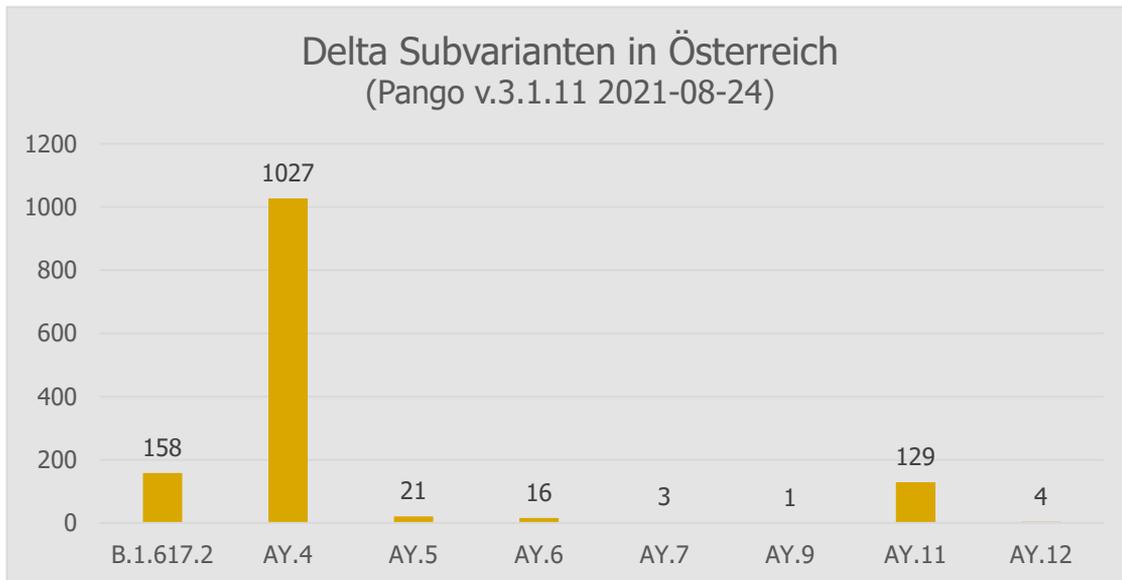


Abbildung 3: Unterteilung Delta Subvarianten in Österreich (01.08.21-31.08.21)

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 (01.08.21-31.08.21) Folgende gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (Alpha): 111
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K): 2
- B.1.351 (Beta): 4
- P.1 (Gamma): 10
- B.1.617.2 (Delta): 5658

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of Interest konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (01.08.21-31.08.21) Folgende gefunden werden:

- B.1.617.1 (Kappa): 1
- C.37 (Lambda): 1

Die Variants of Interest B.1.525 (Eta), P.3 (Theta), B.1.620 und B.1.621 wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 1 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 01.08.21 bis 31.08.21 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 5875 Daten konnten 333 (5,67 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 3389 (57,69 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Salzburg mit 594 (10,11 %) und Vorarlberg mit 498 (8,48 %) Datensätzen. Aus Kärnten stammen 293 (4,99 %), aus dem Burgenland 244 (4,15 %), aus Oberösterreich 237 (4,03 %) und aus Vorarlberg 191 (3,25 %) Genomdaten. 80 Datensätze (1,36 %) konnten Proben aus der Steiermark zugeordnet werden sowie 16 (0,27 %) solchen aus Niederösterreich.

In allen Bundesländern ist die Variante B.1.617.2 (Delta) die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland. Nur diese Variante wurde aus allen Bundesländern berichtet. Am häufigsten konnte die Variante mit 3293 Datensätzen in Wien festgestellt werden.

Die Variante B.1.1.7 wurde mit 74 Datensätzen am häufigsten aus Wien berichtet, gefolgt von 20 Sequenzen aus Tirol sowie 5 bzw. 2 aus Salzburg bzw. dem Burgenland. Je ein Datensatz wurde in Oberösterreich, der Steiermark und Vorarlberg identifiziert. Bei 9 Sequenzen, die der Variante zugeordnet wurden, ist das Bundesland unbekannt.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde drei Mal in Wien und einmal in Salzburg identifiziert, sonst jedoch in keinem anderen Bundesland. Sequenzen der Variante P.1 (Gamma) wurden 10 Mal hochgeladen – sechs Mal aus Wien und vier Mal aus Tirol.

Die beiden Datensätze, welche der Variante B.1.617.1 (Kappa) bzw. C.37 (Lambda) zugeordnet wurden, entstammen je einer Wiener Probe.

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 01.08.21-31.08.21 (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.1.617.1	C.37	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	2	0	0	0	240	0	0	0	242
Kärnten	0	0	0	0	290	0	0	0	290
Niederösterreich	0	0	0	0	7	0	0	5	12
Oberösterreich	1	0	0	0	236	0	0	0	237
Salzburg	5	0	1	0	576	0	0	12	594
Steiermark	1	0	0	0	79	0	0	0	80
Tirol	18	2	0	4	123	0	0	44	191
Vorarlberg	1	0	0	0	494	0	0	0	495
Wien	74	0	3	6	3293	1	1	8	3386
Unbekannt	9	0	0	0	320	0	0	0	329
Gesamt nach Variante	111	2	4	10	5658	1	1	69	5856

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.2020 bis 31.08.2021 wurden aus Österreich 51925 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 10059 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 41866 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 4 und Abbildung 5 geben einen Überblick über die in Österreich gefundenen Varianten des gesamten Zeitraums 03.04.2020 bis 31.08.2021 sowie deren Häufigkeiten.

Mit 34027 Datensätzen (65,53 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 1165 Genomsequenzen (2,24 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K.

Insgesamt 7931 Datensätze (15,27 %) wurden der Variante B.1.167.2 (Delta), 1116 (2,15 %) der Variante B.1.351 (Beta) und 135 (0,28 %) der Variante P.1 (Gamma) zugeordnet. Die Variante B.1.525 (Eta) wurde bei 180 Genomdaten (0,35 %) detektiert. 13 Datensätze wurden der VOI B.617.1 (Kappa) zugeordnet, sowie je ein Datensatz den VOI B.1.620 und C.37 (Lambda). In zwei Sequenzen wurde die Variante B.1.621 festgestellt. Die VOI P.3 konnte im Berichtszeitraum (03.04.2020 bis 31.07.2021) nicht durch Sequenzierung festgestellt werden.

Insgesamt 7957 Datensätze (15,32 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet.

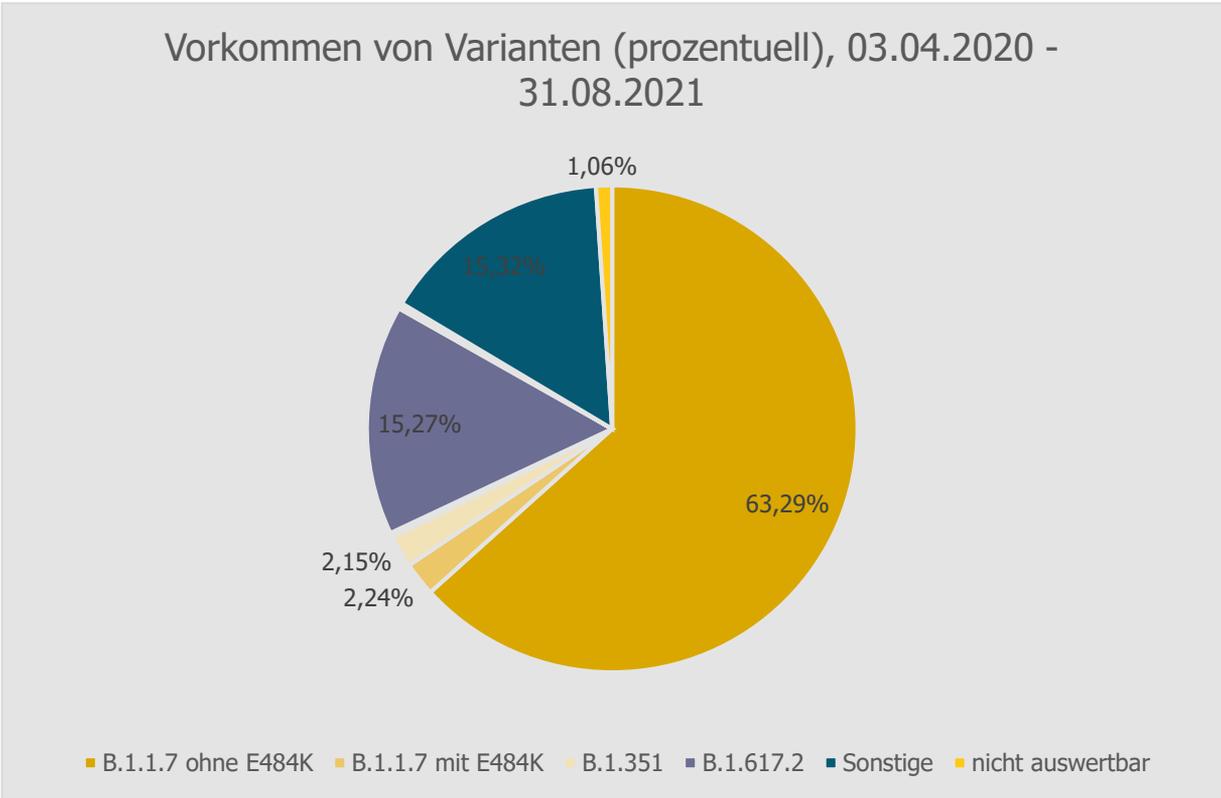


Abbildung 4: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-31.08.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

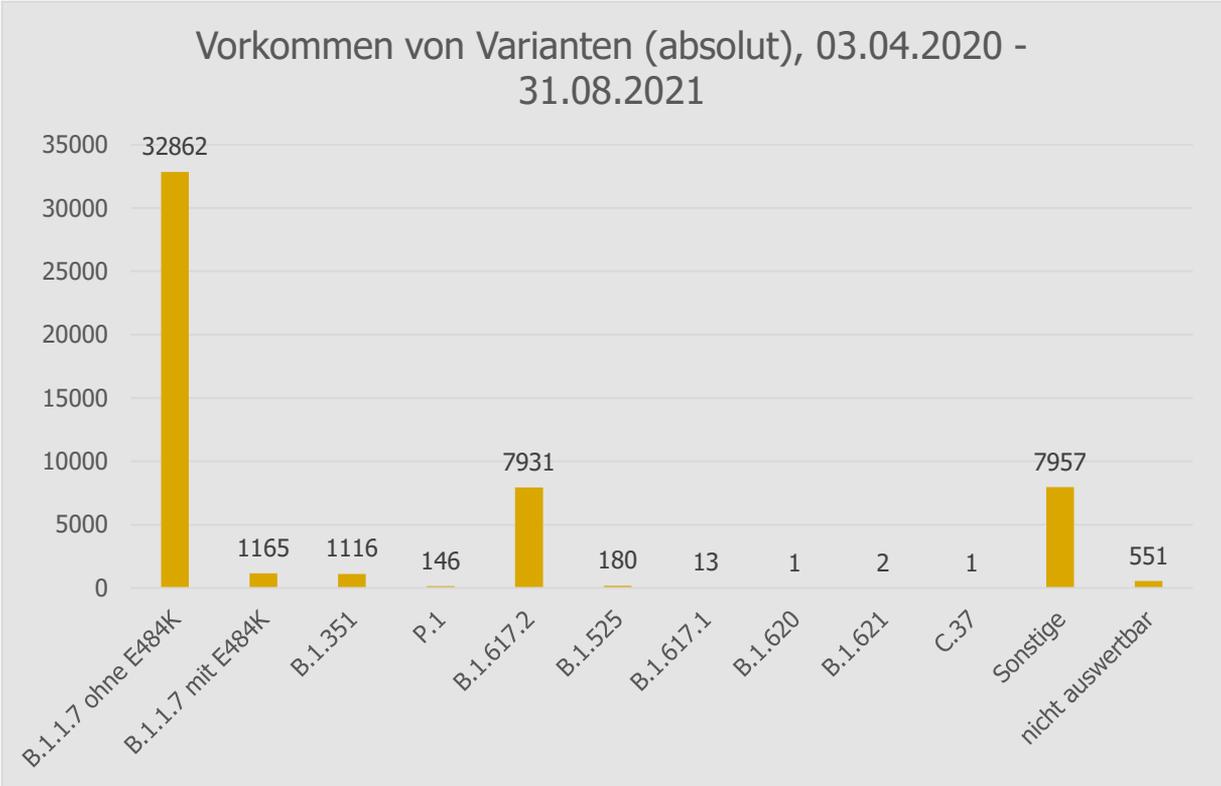


Abbildung 5: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-31.08.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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): 32862
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K): 1165
- B.1.351 (Beta): 1116
- P.1 (Gamma): 146
- B.1.617.2 (Delta): 7931

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): 13
- B.1.620: 1
- B.1.621 (My): 2
- C.37 (Lambda): 1

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.2020 bis 31.08.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 51925 Daten konnten 7199 (13,86 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 15021 (28,93 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 12885 (24,81 %), Salzburg mit 5347 (10,30 %), der Steiermark mit 3382 (6,51 %) und Kärnten mit 2458 (4,73 %) Datensätzen. Aus Oberösterreich stammen 1769 (3,41 %), aus Vorarlberg 1607 (3,09 %), aus Niederösterreich 1212 (2,33 %) und aus dem Burgenland 1045 (2,01 %) 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 9876 Datensätzen wurde die Variante B.1.1.7 am häufigsten

Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der S-Gen Mutation E484K wurde mit 1041 Daten ebenfalls am häufigsten aus Tirol gemeldet. Mit 5046 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde mit 739 Datensätzen ebenfalls in Tirol am häufigsten detektiert. 104 der 146 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden dem Bundesland Tirol zugeordnet. Die 180 Datensätze, die der Variante B.1.525 (Eta) zugeordnet wurden, stammen zum größten Teil aus Salzburg (85), gefolgt von 80 Daten aus Wien. Bei den 13 Datensätzen denen die Variante B.1.617.1 (Kappa) zugeordnet wurde handelt es sich um 11 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 C.37 (Lambda) wurde aus Wien hochgeladen, die beiden Daten zu B.1.621 (My) aus Wien bzw. Salzburg.

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 03.04.20-31.08.21 (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.1.620	B.1.621	C.37	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	461	1	0	1	306	0	1	0	0	0	257	1027
Kärnten	1178	0	3	1	316	2	0	0	0	0	919	2419
Niederösterreich	595	3	3	0	50	4	0	0	0	0	487	1142
Oberösterreich	1260	1	4	0	270	1	0	0	0	0	223	1759
Salzburg	3584	38	24	8	719	85	0	0	1	0	850	5309
Steiermark	2445	23	7	0	104	2	0	0	0	0	753	3334
Tirol	8835	1041	739	104	149	3	0	0	0	0	1921	12792
Vorarlberg	614	0	1	13	583	1	1	1	0	0	358	1572
Wien	8292	50	254	19	5046	80	11	0	1	1	1127	14881
Unbekannt	5596	8	81	0	388	2	0	0	0	0	1062	7137
Ausland	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Gesamt nach Variante	32862	1165	1116	146	7931	180	13	1	2	1	7957	51374

5 Sonstiges

5.1 Variante B.1.621 (My)

Am 30.08.2021 stuft die Weltgesundheitsorganisation WHO die Variante B.1.621 als Variant of Interest (VOI) ein. Die Variante erhielt somit laut WHO Nomenklatur die Bezeichnung My. Laut dem European Center for Disease Prevention and Control ECDC ist die Variante bereits seit mehreren Monaten als VOI eingestuft. Abbildung 6 zeigt die Mutationen im Spike-Protein von My.

Auf GISAID wurden weltweit 4148 als My deklarierte Datensätze hochgeladen, wovon 686 aus Europa stammen (Stand: 02.09.2021). Wie in den Resultaten in Tabelle 2 ersichtlich, wurden aus Österreich bisher nur 2 Datensätze auf GISAID hochgeladen, welche der Variante My zugewiesen wurden. Insgesamt sind der AGES 63 Fälle von My in Österreich bekannt, welche zwischen Kalenderwoche 16 und 27 auftraten und ihr Maximum in Kalenderwoche 20 erreichten. In Abbildung 7 ist das Auftreten von My in Österreich nach Entnahmedatum zu sehen. Hierbei stammen die Proben von Kalenderwoche 20 und 21 ausschließlich aus Vorarlberg und die Proben seit Kalenderwoche 25 ausschließlich aus Salzburg. Das Vorkommen von My in den verschiedenen österreichischen Bundesländern ist außerdem in Abbildung 8 ersichtlich. Hier ist auffallend, dass mit 47 Proben der größte Teil der My zugewiesenen Fälle in Vorarlberg auftraten. Des Weiteren gab es 8 Fälle in Salzburg, 7 in Wien und ein Fall konnte in der Steiermark nachgewiesen werden.

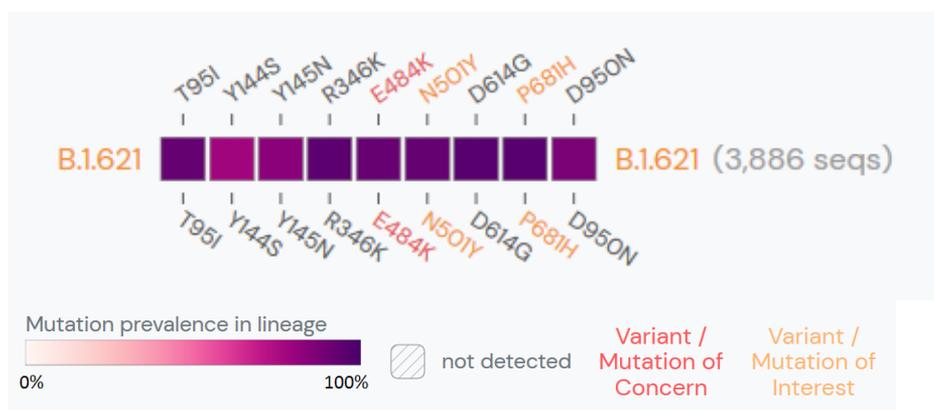


Abbildung 6: Mutationen des S-Gens der Variante B.1.621 (My)¹⁷

¹⁷ Lineage Comparison. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G.



Abbildung 7: Vorkommen My (B.1.621) in Österreich nach Entnahmedatum

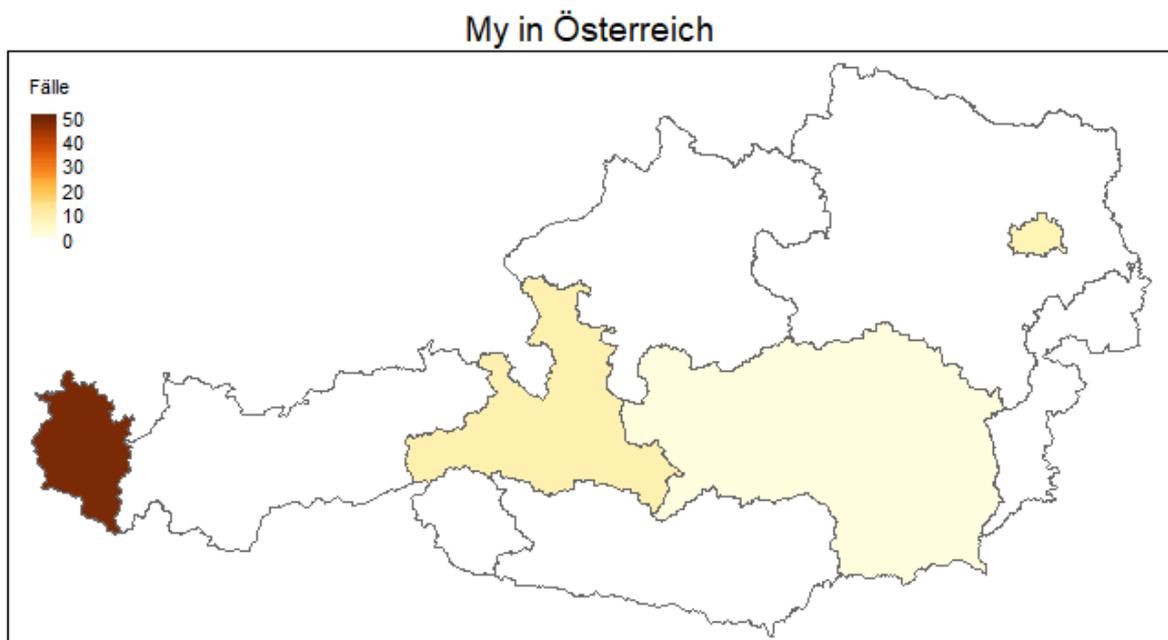


Abbildung 8: Vorkommen My (B.1.621) in Österreich nach Bundesland

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=B.1.621>). Accessed 3 September 2021.

5.2 Variante C.1.2

In den letzten Tagen war die Variante C.1.2, welche durch eine große Anzahl von Mutationen und damit einer ungewöhnlich hohen Mutationsrate auf sich aufmerksam machte, in den Medien präsent. In Abbildung 9 sind die Mutationen im Spike-Protein von C.1.2 zu sehen.

Zurzeit breitet sich die Variante allerdings nicht besorgniserregend aus. Auf GISAID wurden weltweit lediglich 130 Datensätze hochgeladen, welche C.1.2 zugewiesen wurden, in Europa sind es nur 7 Datensätze (Stand: 02.09.2021). Von den europäischen Daten stammen 4 Datensätze aus England, 2 aus der Schweiz und ein Datensatz aus Portugal. In Österreich wurde die Variante bislang nicht nachgewiesen.



Abbildung 9: Mutationen des S-Gens der Variante C.1.2¹⁸

5.3 Delta (B.1.617.2) und deren Sublineages

In den Resultaten laut Abbildung 3 wurde die Einteilung der im aktuellen GISAID Berichtszeitraum (01.08.21-31.08.21) ganzgenomsequenzierten B.1.617.2 (Delta) Varianten in die Delta Subvarianten (nach Pango Version v.3.1.11 2021-08-24)

¹⁸ Lineage Comparison. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, 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=B.1.621>). Accessed 3 September 2021.

gezeigt. In Abbildung 10 ist dazu ersichtlich wie sich die B.1.617.2 Proben eines Bundeslandes auf die Subvarianten aufteilen. In Abbildung 11 ist zu erkennen, in welchen Bundesländern die einzelnen Subvarianten am häufigsten auftreten. Für die Zuweisung in Delta Subvarianten konnten nur ganzgenomsequenzierte Proben berücksichtigt werden, da die Einteilung in Delta Sublineages auch auf Basis von Mutationen außerhalb des Spike-Proteins erfolgt.

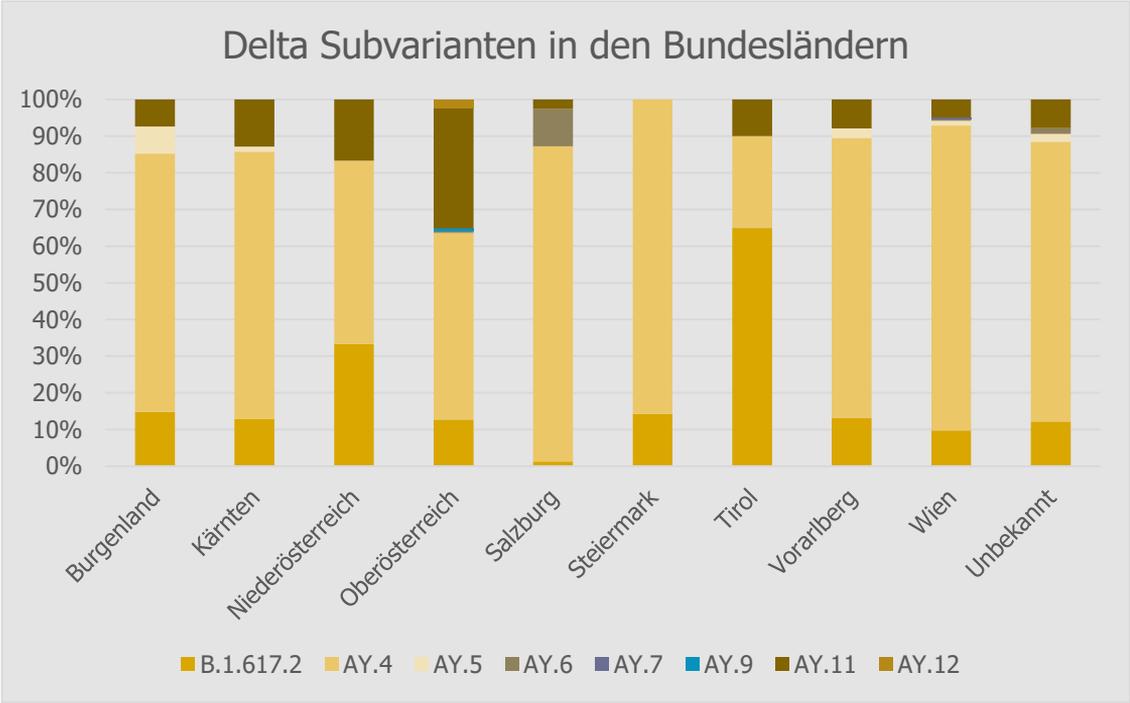


Abbildung 10: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland

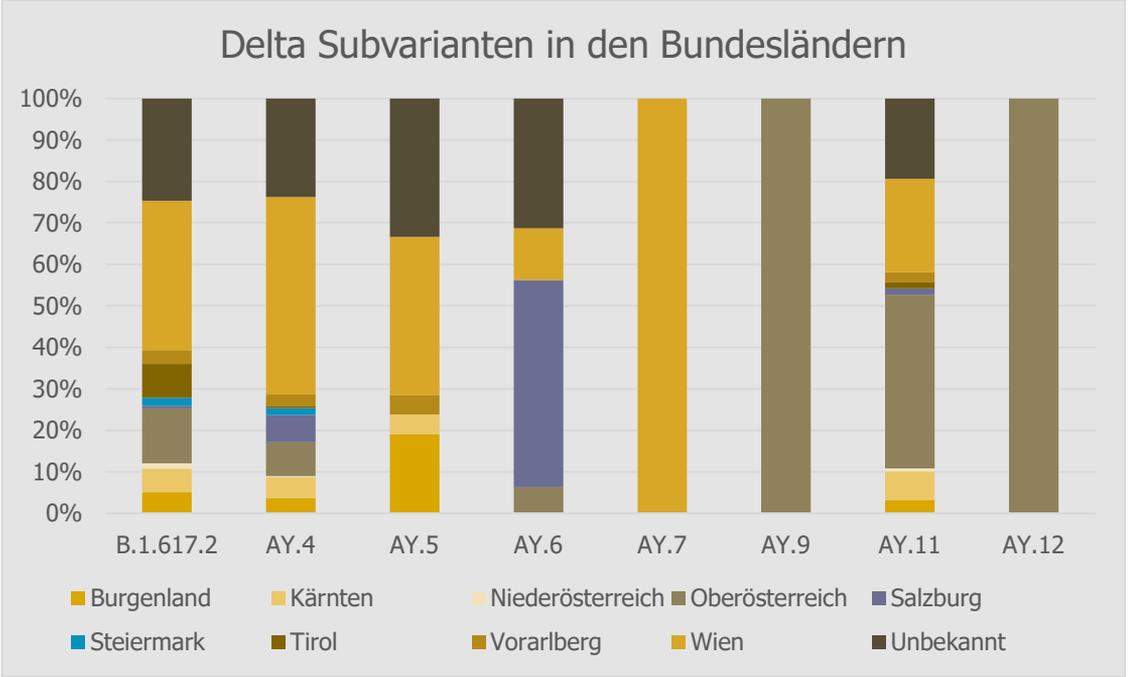


Abbildung 11: Vorkommen Delta Sublineages nach Variante

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