



GISAID Österreich-Report

Nr. 7



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

*des Zeitraums 01.09.21-30.09.21
und zusammenfassend von 03.04.20-30.09.21*

J. KLIKOVITS, P. WANKA, S. SCHINDLER, M. MARKOWICZ, A. INDRA, P.
HUFNAGL, F. HEGER, 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 (siehe Anhang 1).

In diesem Bericht Nummer 7 sind die Ergebnisse aller österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.09.21 bis 30.09.21 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 30.09.21 angeführt.

Seit April 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 59641 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im aktuellen Berichtszeitraum (01.09.21 bis 30.09.21) zeigt sich bei insgesamt 7715 Einträgen österreichweit ein Anstieg der Variante B.1.617.2 (Delta) auf aktuell 7659 (99,27 %), von denen der Großteil (3600) aus Wien stammt (Vormonat: 3293 Datensätze). Darüber hinaus wurde die Variante B.1.1.7 mit 26 Einträgen in der Datenbank in 0,33 % der Genomdaten identifiziert. Die Variant of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) wurde zu 2 und die VOC P.1 (Gamma) zu 5 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 7 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from September 1st, 2021 to September 30th, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to September 30th, 2021.

Since April 2020, Austrian laboratories have published 59641 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the current reporting period (September 1st, 2021 to September 30th, 2021), 7715 data sets were uploaded in total. There is an increase in variant B.1.617.2 (Delta) to currently 7659 entries (99.27%), most of which (3600) come from Vienna (previous month: 3293 data sets). In addition, variant B.1.1.7 (Alpha) was identified throughout Austria with 26 entries in the database in 0.33% of the genome data. The Variant of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) was assigned to 2 and the VOC P.1 (Gamma) to 5 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.

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 zu identifizieren. Die Zurverfügungstellung der Daten auf GISAID erfolgt auf freiwilliger Basis vonseiten der sequenzierenden Laboratorien.

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.

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-2 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.1.351³ (Beta)
- P.1⁴ (Gamma)
- B.1.617.2⁵ (Delta)

Variants of Interest (VOI)

- B.1.620⁶
- B.1.621⁷ (My)
- C.37⁸ (Lambda)

2 Durchführung und Methoden

2.1 Aktueller Berichtszeitraum

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak (PANGO) Lineages ist ein Software-Tool, das von Mitgliedern des Rambaut Lab⁹ entwickelt wurde, und ist über die Webanwendung (www.cov-lineages.org) verfügbar.

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 05.10.2021]

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 05.10.2021]

³ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html

⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html

⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.html

⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.620.html

⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.621.html

⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.37.html

⁹ 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).

Zur Erstellung des siebten Österreich GISAID-Berichts wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.09.21-30.09.21 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen. Diese Daten 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:¹⁰

- Die 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)

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.

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

2.2 Zusammenfassung aller bisheriger Daten

Zur zusammenfassenden Darstellung gibt es in diesem Bericht eine Übersicht aller österreichischer Sequenzierungsdaten, welche insgesamt bis zum Zeitpunkt der Erstellung des Berichts hochgeladen wurden (03.04.20 bis 30.09.21).

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.

¹⁰ Von der Auswahl ausgenommen wurden wenig differenzierte Varianten (wie z.B. B.1, A.1)

3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 01.09.21 bis 30.09.21 wurden aus Österreich insgesamt 7715 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 7659 Datensätzen (99,27 %) wurde die Variante B.1.617.2 (Delta) österreichweit bei weitem 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 26 Genomsequenzen (0,33 %) 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 einer der Genomsequenzen konnte zusätzlich eine E484K Mutation festgestellt werden.

Die Variant of Concern P.1 (Gamma) wurde bei 5 Datensätzen (0,06 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus. Insgesamt 2 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. Die Variants of Interest B.1.620, B.1.621 (My) und C.37 (Lambda) wurden in keiner der Proben identifiziert. Insgesamt 8 Datensätze (0,10 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

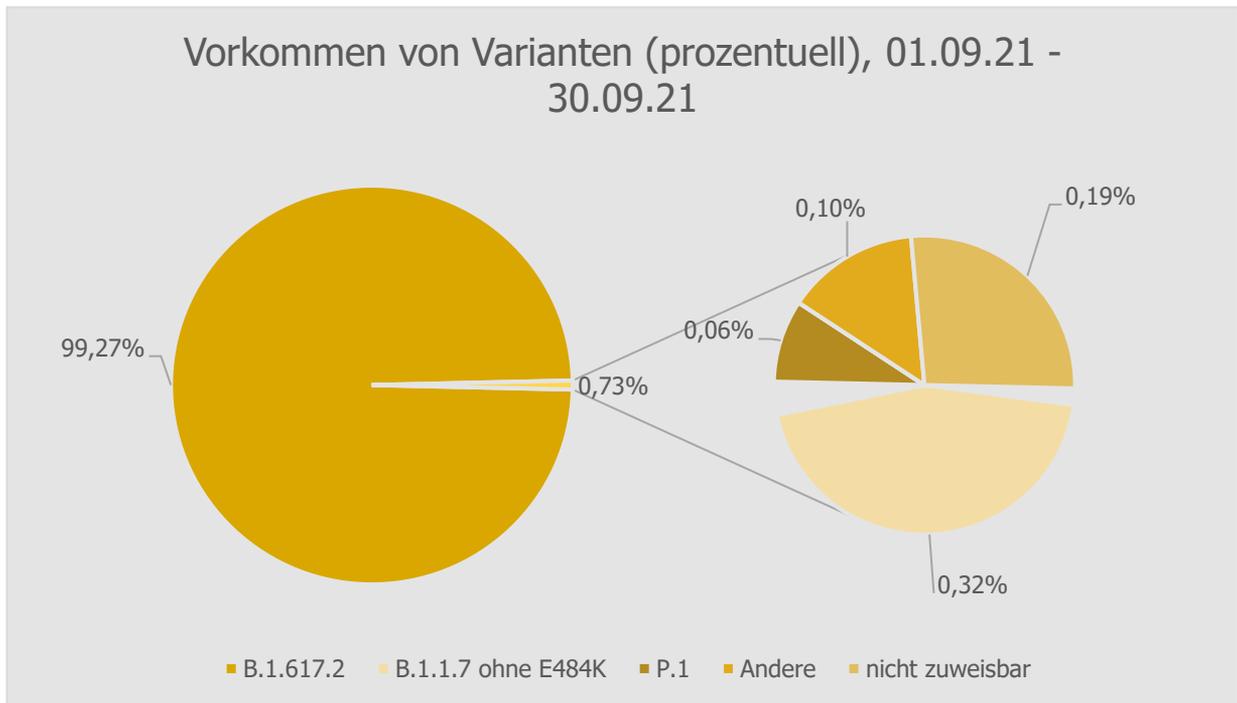


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2 Varianten in Österreich von 01.09.21-30.09.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 0,05 %). Von den insgesamt 7715 hochgeladenen Proben wurden 7662 im Zeitraum von August bis September 2021 isoliert.

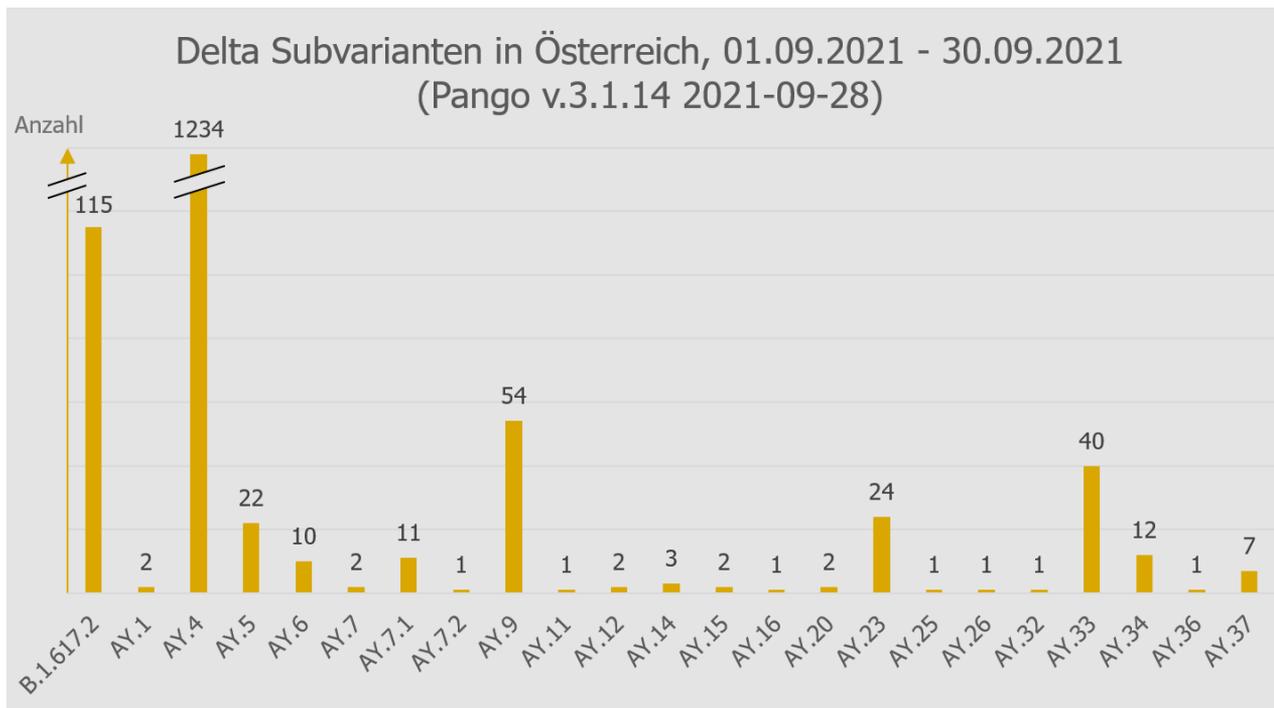


Abbildung 2 zeigt die Unterteilung der Genomsequenzen, die der Delta Variante zugeordnet wurde, in deren Subvarianten AY.1 bis AY.38. Die Daten beziehen sich auf die aus Österreich auf GISAID hochgeladenen Sequenzen im Zeitraum von 01.09.21-30.09.21 und die Zuordnung zu den Delta Sublineages basiert auf der PANGO Version v.3.1.14 2021-09-28.

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 (01.09.21-30.09.21) Folgende gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 7659
- P.1 (Gamma): 5
- B.1.351 (Beta): 2

Die Variants of Interest B.1.620, B.1.621 (My) und C.37 (Lambda) wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Von den insgesamt 7715 Daten konnten 418 (5,42 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 3613 (46,83 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Vorarlberg mit 1209 (15,67 %), Salzburg mit 772 (10,01 %) und Kärnten mit 756 (9,80 %) Datensätzen. 459 (5,95 %) Datensätze konnten Proben aus dem Burgenland zugeordnet werden sowie 179 (2,32 %) solchen aus Oberösterreich. Aus Tirol stammen 111 (1,44 %), aus Niederösterreich 101 (1,31 %) und aus der Steiermark 97 (1,26 %) Genomdaten.

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. Die Variante B.1.351 (Beta) wurde einmal in Vorarlberg identifiziert, sonst jedoch in keinem anderen Bundesland. Ein weiterer Datensatz der Variante konnte keinem Bundesland zugeordnet werden. Sequenzen der Variante P.1 (Gamma) wurden 5 Mal aus Wien hochgeladen. Die Variante B.1.1.7 wurde in 14 Fällen keinem Bundesland zugeordnet. Ansonsten wurde die Variante mit 5 Datensätzen am häufigsten aus Wien berichtet, gefolgt von je 3 Sequenzen aus Niederösterreich bzw. Tirol.

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 01.09.21-30.09.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.7 mit E484K	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.351	P.1	Sonstige	Nicht zuweisbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	459	0	0	0	0	0	0	459
Kärnten	753	0	0	0	0	0	3	756
Niederösterreich	93	0	3	0	0	0	5	101
Oberösterreich	179	0	0	0	0	0	0	179
Salzburg	772	0	0	0	0	0	0	772
Steiermark	96	0	0	0	0	0	1	97
Tirol	106	1	2	0	0	2	0	111
Vorarlberg	1206	0	1	1	0	0	1	1209
Wien	3600	0	5	0	5	1	2	3613
Unbekannt	395	0	14	1	0	5	3	418
Gesamt nach Variante	7659	1	25	2	5	8	15	7715

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.20 bis 30.09.21 wurden aus Österreich 59641 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 11657 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 47984 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Insgesamt 15590 Datensätze (26,14 %) wurden der Variante B.1.167.2 (Delta) zugeordnet. Seit Juli 2021 ist es die prädominante Variante und es wurden seither nur noch wenige andere Varianten festgestellt.

Mit 34032 Datensätzen (57,06 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 1166 Genomsequenzen (1,96 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Die Variante wurde seit Juli 2021 kaum mehr nachgewiesen. 1118 Datensätze (1,87 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta) und 151 (0,25 %) der Variante P.1 (Gamma) zugewiesen.

50 Genomsequenzen wurden der Variant of Interest B.1.621 (My) zugeordnet sowie eine der VOI C.37 (Lambda). Die VOI B.1.620 konnte im Berichtszeitraum (03.04.20 bis 30.09.21) nicht durch Sequenzierung festgestellt werden. Insgesamt 8173 Datensätze (13,70 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet.

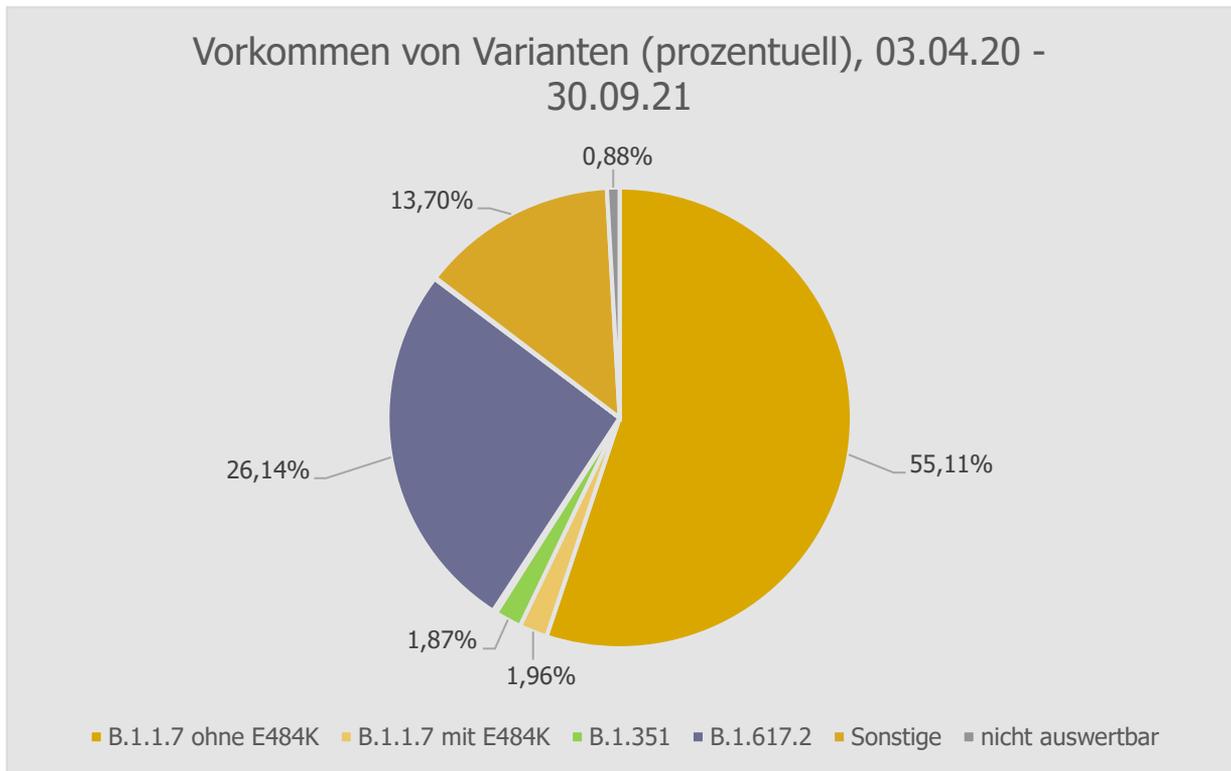


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-30.09.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

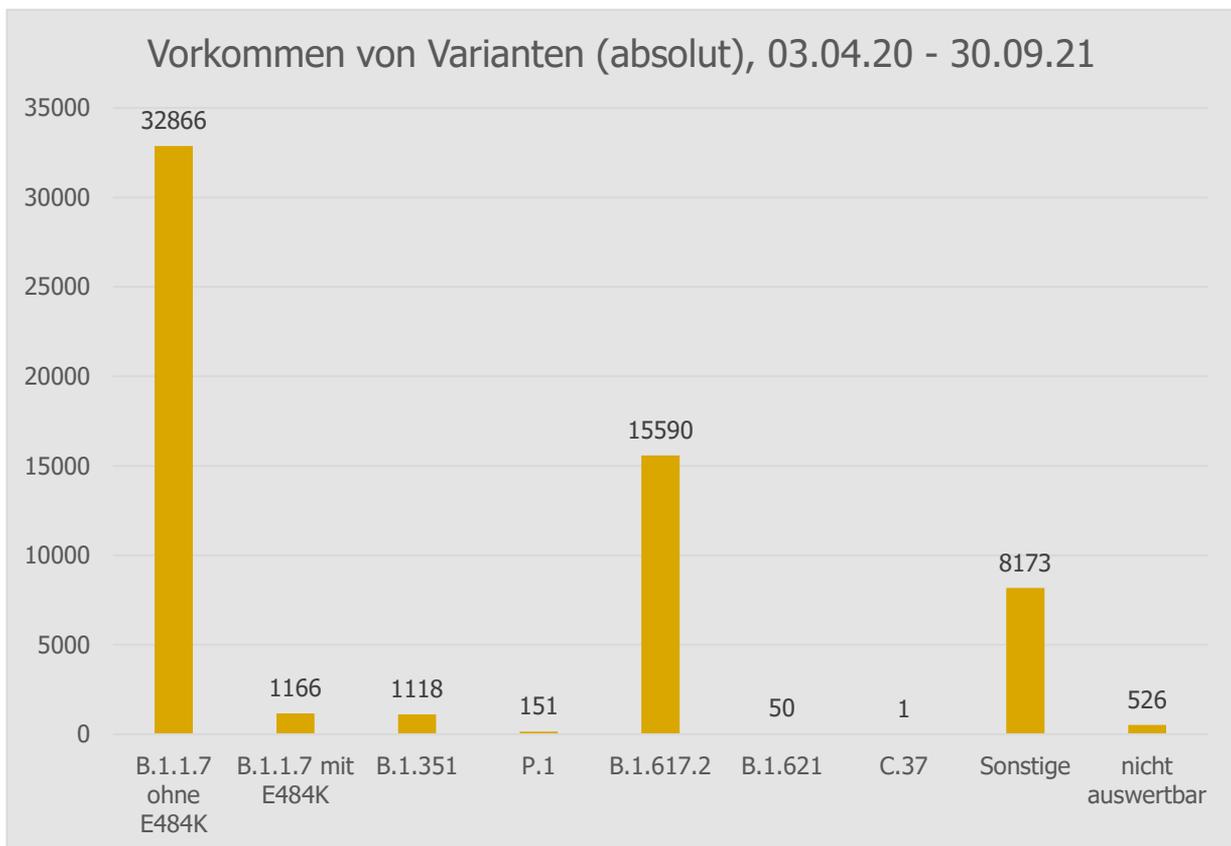


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-30.09.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 03.04.20 bis 30.09.21 die Folgenden gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 15590
- B.1.351 (Beta): 1118
- P.1 (Gamma): 151

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

- B.1.621 (My): 50
- C.37 (Lambda): 1

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Von den insgesamt 59641 Daten konnten 7615 (12,77 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 18634 (31,24 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 12996 (21,79 %), Salzburg mit 6121 (10,26 %), der Steiermark mit 3479 (5,83 %) und Kärnten mit 3214 (5,39 %) Datensätzen. Aus Vorarlberg stammen 2816 (4,72 %), aus Oberösterreich 1947 (3,26 %), aus dem Burgenland 1504 (2,52 %) und aus Niederösterreich 1313 (2,20 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.617.2 (Delta) sowie die Variante B.1.1.7 (Alpha), die mit 34032 Datensätzen die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland ist, sind die einzigen Varianten, die in jedem Bundesland identifiziert wurden. Mit 8646 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde mit 739 Datensätzen in Tirol am häufigsten detektiert. 103 der 151 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden ebenfalls dem Bundesland Tirol zugeordnet. Jene Genomsequenz, die der Variante C.37 (Lambda) zugeordnet wurde, wurde aus Wien hochgeladen, die 50 Daten zu B.1.621 (My) aus Vorarlberg (48 Datensätze), Wien bzw. Salzburg (je ein Datensatz).

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.20 bis 30.09.21 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-30.09.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.1.7 mit E484K	B.1.351	P.1	B.1.621	C.37	Sonstige	Nicht auswertbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	765	461	1	0	1	0	0	258	18	1504
Kärnten	1069	1176	0	3	1	0	0	928	37	3214
Niederösterreich	143	595	3	3	0	0	0	506	63	1313
Oberösterreich	448	1261	1	4	0	0	0	225	8	1947
Salzburg	1492	3583	38	24	9	1	0	944	30	6121
Steiermark	200	2444	23	7	0	0	0	758	47	3479
Tirol	255	8836	1042	739	103	0	0	1930	91	12996
Vorarlberg	1789	614	0	2	13	48	0	321	29	2816
Wien	8646	8284	50	254	24	1	1	1234	140	18634
Unbekannt	783	5610	8	82	0	0	0	1069	63	7615
Ausland	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Gesamt nach Variante	15590	32866	1166	1118	151	50	1	8173	526	59641

5 Sonstiges

5.1 Delta (B.1.617.2) und Sublineages (AY.1-AY.38)

In den Resultaten laut Abbildung 2 wurde die Einteilung der im aktuellen GISAID Berichtszeitraum (01.09.21-30.09.21) ganzgenomsequenzierten B.1.617.2 Varianten in die Delta Subvarianten AY.1 bis AY.38 (nach Pango Version v.3.1.14 2021-09-28) gezeigt. In Abbildung 5 ist dazu ersichtlich wie sich die B.1.617.2 Proben eines Bundeslandes auf die Subvarianten aufteilen. 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.

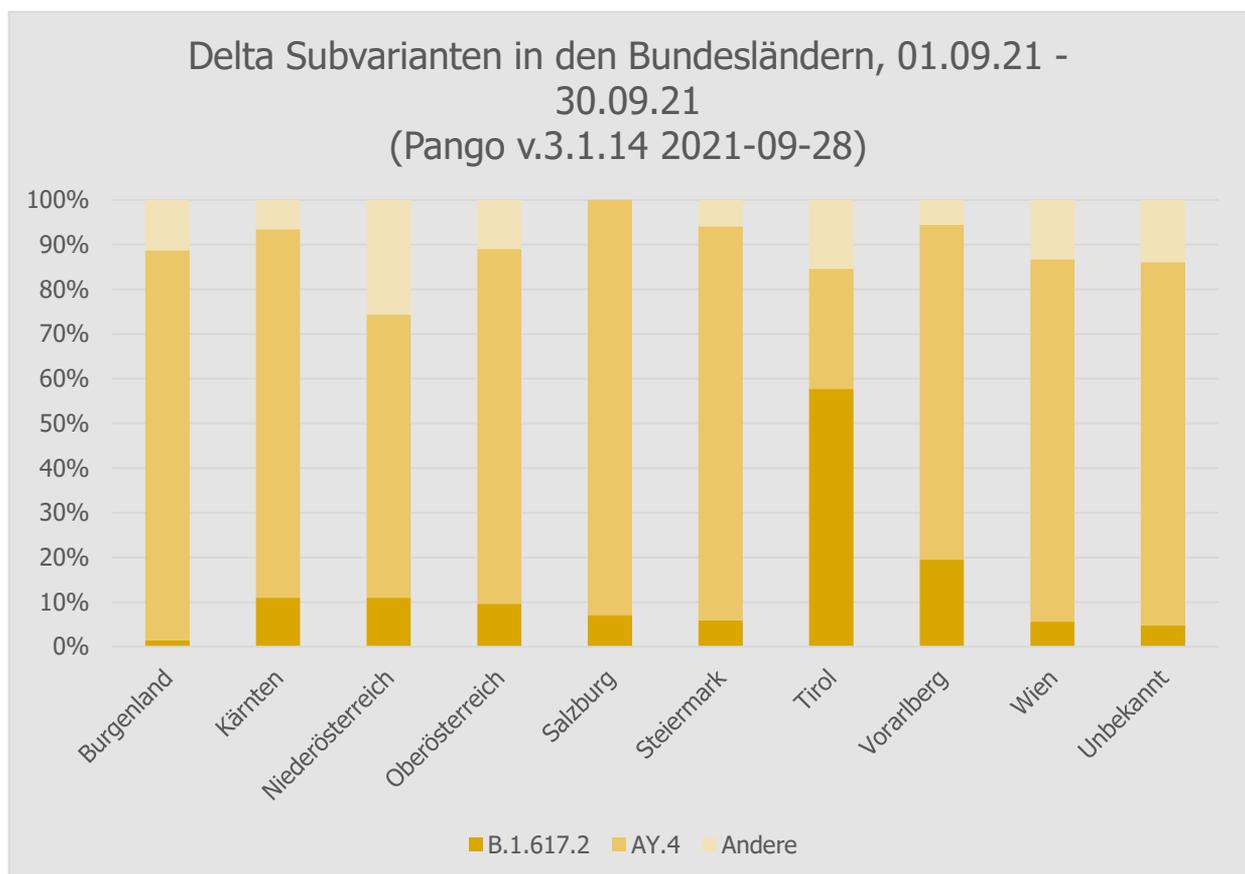


Abbildung 5: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern

Abbildung 6 zeigt die Unterteilung der als Delta klassifizierten Proben, die weltweit im Zeitraum März bis September 2021 auf GISAID hochgeladen wurden (nach Entnahmedatum). Auch hierbei wurden nur all jene Proben berücksichtigt, bei denen ein gesamtes Genom vorliegt. Es gibt keinen Trend zu einer spezifischen Subvariante über die letzten Monate.

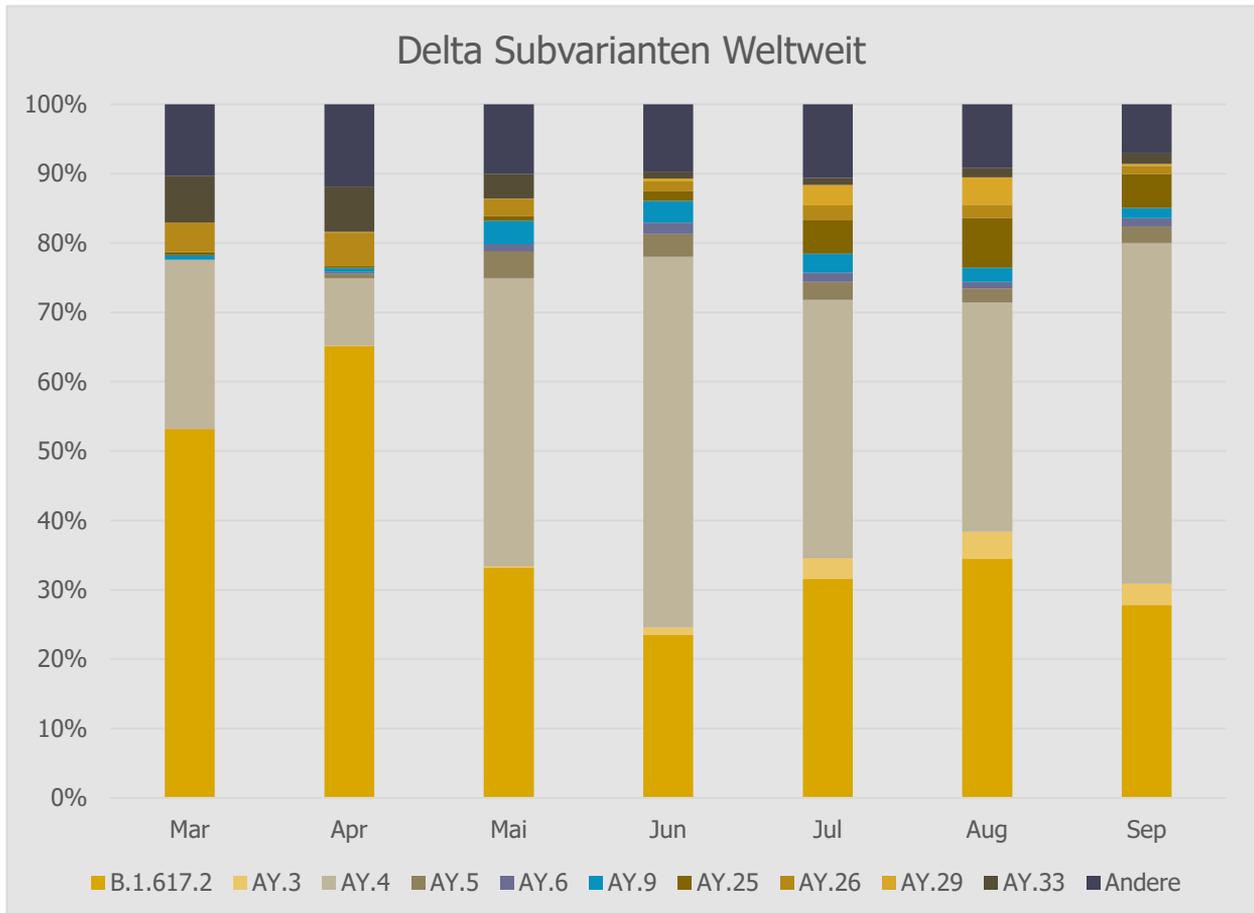


Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages Weltweit

6 Links

www.gisaid.org

www.cov-lineages.org

<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
- Pharmgenetix GmbH