




GISAID Österreich-Report

Nr. 1



**Bericht über die Ergebnisse der
SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen auf
Basis österreichischer Daten der
GISAID-Initiative Zeitraums
03.04.20-20.04.21**

Zusammenfassung

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

Einer wissenschaftlichen Untersuchung aller verfügbaren Sequenzierungs-Daten kann höchste Priorität beigemessen werden. Aus diesem Grund hat sich die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES) zum Ziel gesetzt, die GISAID-Ergebnisse der Genomsequenzierungen im Rahmen von Berichten aufzubereiten und so das Auftreten von verschiedenen Varianten von SARS-CoV-2 zu erkennen sowie etwaige Entwicklungen und Veränderungen in Österreich in diesem Bereich sichtbar zu machen.

In diesem Bericht Nummer 1 sind die Ergebnisse der österreichischen GISAID-Daten des Zeitraums 03.04.2020 bis 20.04.2021 angeführt.

Schlüsselwörter

GISAID, SARS-CoV-2, Genomdaten, 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 and SARS-CoV-2 viruses as well as to ensure 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 viruses are already making their results available as part of the GISAID initiative.

A scientific examination of all available sequencing data should be given top priority. For this reason, the Austrian Agency for Health and Food Safety (AGES) has set itself the goal of preparing the GISAID results of the genome sequencing within the framework of reports and thus recognizing the occurrence of different variants of SARS-CoV-2 as well as any developments and changes in Austria to make them visible.

This report number 1 lists the results of the Austrian GISAID data for the period April 3rd, 2020 to April 20th, 2021.

Keywords

GISAID, SARS-CoV-2, Genome Sequencing, Genome Data, 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 Influenza- bzw. SARS-CoV-2 Viren 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 Viren.

Die GISAID-Initiative fördert den schnellen und unkomplizierten Austausch von Genomdaten zu allen Influenza- bzw. SARS-CoV-2 Viren. 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 von den 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), COVID-19 Genomics UK Consortium for the UK, Canadian COVID Genomics Network (CanCOGeN)) klassifizieren individual auf Basis diverser Kriterien, welche SARS-CoV-Varianten als „Variant of Concern“ (VOC), „Variant of Interest“ (VOI) oder „Variant of High Consequence“ 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 Antikörpern führen kann, 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

Public Health England (PHE) listet derzeit die folgenden Varianten als VOC und VOI:²

Variants of Concern

- B.1.1.7³
- B.1.351⁴
- P.1⁵
- B.1.1.7 mit E484K

Variants of Interest

- P.2⁶
- A.23.1⁷ mit E484K
- B.1.525⁸
- B.1.1.318⁹
- B.1.324.1¹⁰ mit E484K
- P.3¹¹
- B.1.617.1¹² mit E484Q

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 23.04.2021]

² Public Health England (2021): SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England - Technical briefing 9, aufrufbar unter: <https://www.gov.uk/government/publications/investigation-of-novel-sars-cov-2-variant-variant-of-concern-20201201> [Zuletzt abgerufen am 23.04.2021]

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_P.2.html

⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_A.23.1.html

⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html

⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.318.html

¹⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.324.html

¹¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.3.html

¹² https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.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 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 von Verfahren 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 wissenschaftlichen Untersuchung aller 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 erkennen sowie etwaige Entwicklungen und Veränderungen in diesem Bereich sichtbar zu machen. Zukünftig sollen die Ergebnisse in Form regelmäßigen

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).

Berichten veröffentlicht werden. Dies ermöglicht einen aktuellen Überblick über die in Österreich vorherrschenden Virusvarianten.

2 Durchführung und Methoden

Zur Erstellung des Österreich GISAID-Berichtes wurden alle zum Zeitpunkt der Erstellung (20.04.2021) des Berichts zur Verfügung stehenden Daten der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen. Diese Daten 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 den Sequenzierungsergebnissen des Institute of Molecular Biotechnology (IMBA) und des Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences (CeMM) des gleichen Beobachtungszeitraumes (sofern verfügbar)
- Die fünf häufigsten Varianten aus dem GISAID-Bericht des jeweiligen Beobachtungszeitraums
- Aktuelle Lineages of concern
- Aktuelle Lineages of Interest
- Alle Varianten aus dem COVID-Whole Genome Sequencing-Surveillance System Sentinel-Labore des gleichen Beobachtungszeitraumes (sofern verfügbar)

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.

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

3 Ergebnisse

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 03.04.2020 bis 20.04.2021 wurden aus Österreich insgesamt 3833 von PANGO lineage assignment auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Abbildung 1 und Abbildung 2 geben einen Überblick über die in Österreich gefundenen Varianten sowie deren Häufigkeiten.

Insgesamt wurden 137 in Österreich vorkommende Varianten beschrieben. Davon wurden acht nach den in Punkt 0 genannten Kriterien als relevanteste Varianten definiert, alle übrigen 129 wurden als „sonstige“ zusammengefasst.

Mit 1077 Fällen (28,1%) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit am häufigsten gefunden. Bei dieser Variante handelt es sich um die sogenannte britische Variante mit der Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren H69 und V70 des Spike-Proteins. Laut GISAID ist das früheste Diagnosedatum für einen Fall von B.1.1.7 in Österreich der 22.12.2020. Bei zwei Fällen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden fand sich zusätzlich die Mutation E484K.

Die Variante B.1.160, eine häufig in Europa vorkommende Variante, wurde bei 348 Fällen (9,1%) detektiert. Insgesamt 236 Fälle (6,2%) wurden der Variante B.1.351 zugeordnet, bei dieser handelt es sich um die südafrikanische Variante, diese weist die Mutationen E484K und N501Y auf.

Bei 262 Fällen (6,8%) wurde die Variante B.1.258¹⁵, bei 149 Fällen (3,9%) die Variante B.1.258.17¹⁶ und bei 67 (1,7%) Fällen die Variante B.1.177 gefunden. Bei diesen Varianten handelt es sich um in ganz Europa häufig bestimmte Varianten. Die Varianten B.1.258.17 und B.1.258 weisen eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutation N439K des S-Proteins auf.

Bei 64 Fällen (1,7%) wurde die Variante R.1¹⁷ identifiziert, (vormals Variante B.1.1.316.1). In dieser Variante findet sich die Mutation E484K. Die Variante B.1.525 wurde bei neun Fällen (0,2%) detektiert. Diese Variante weist eine Deletion der

¹⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html

¹⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html

¹⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html

Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutationen E484K und Q677H auf. Insgesamt 1621 Fälle (42,3%) wurden sonstigen Varianten zugeordnet.

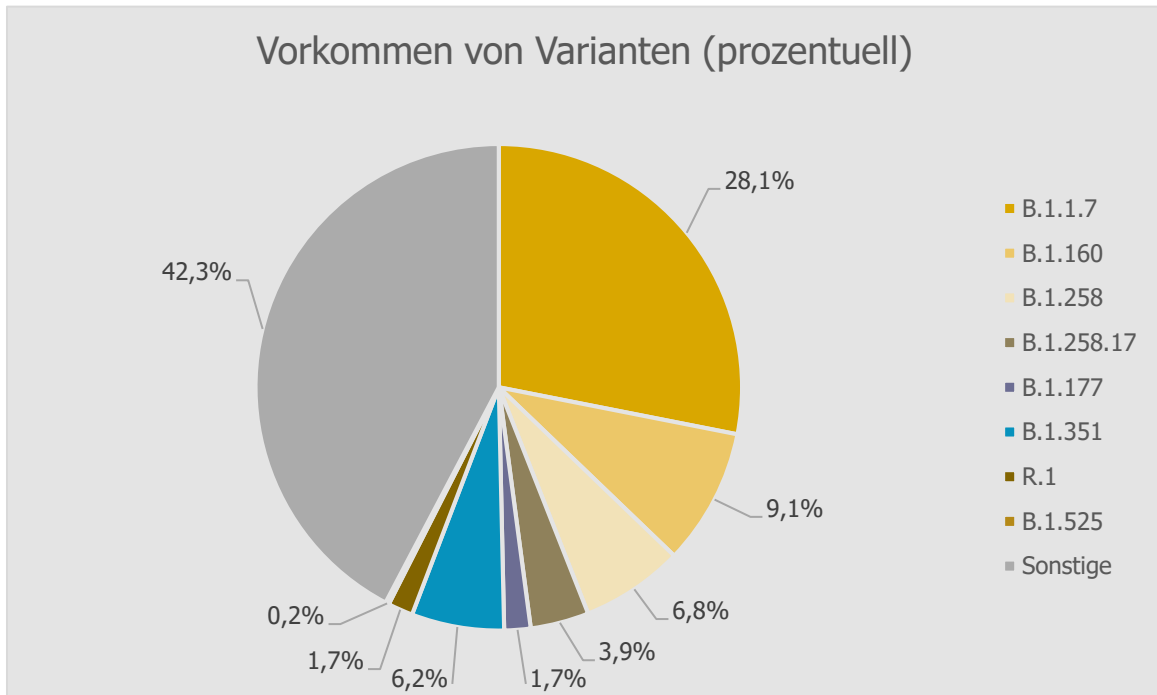


Abbildung 1: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-20.04.21 (prozentuell)

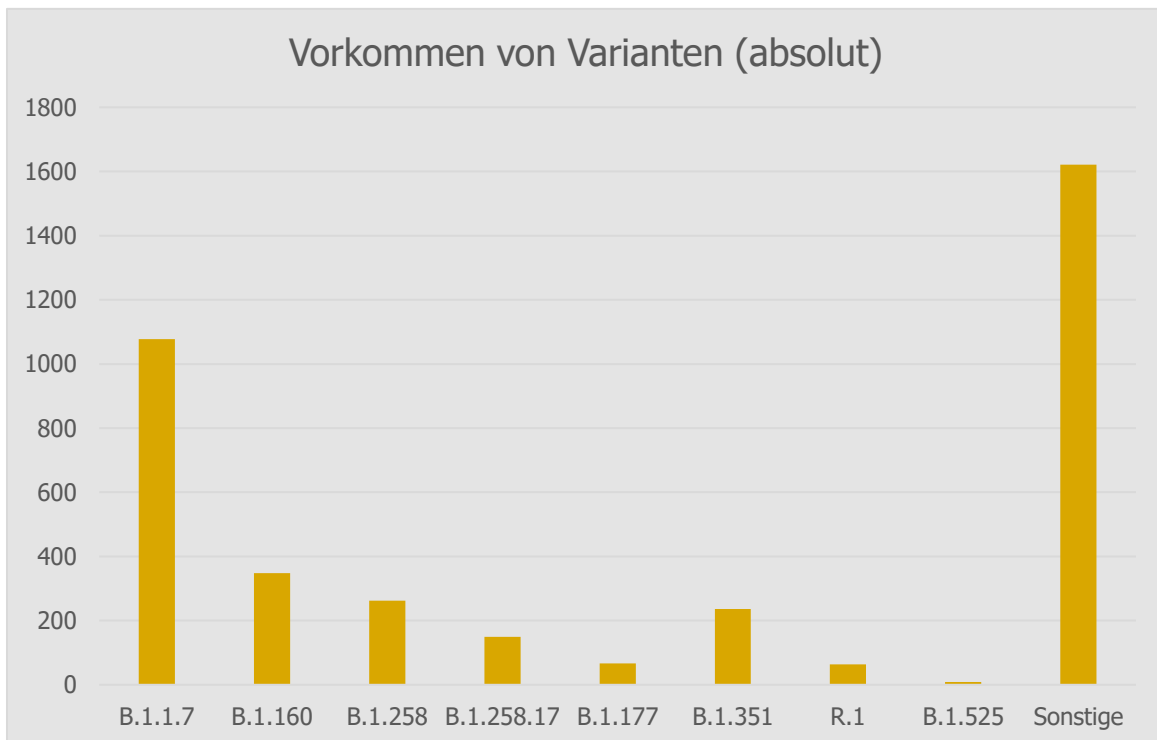


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-20.04.21 (absolut)

3.2 Variants of Concern und Interest in Österreich

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

- B.1.1.7 (1077 Fälle)
- B.1.351 (236 Fälle)
- B.1.1.7 mit E484K (2 Fälle)

Die VOC P.1, wurde bisher fünf Mal in Österreich identifiziert (Basis EMS), jedoch findet sich kein Upload in der GISAID Datenbank.

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

- P.2 (2 Fälle)
- B.1.525 (18 Fälle)

Die VOI A.23.1 mit E484K, B.1.1.318, B.1.324.1 mit E484K, P.3, B.1.617.1 mit E484Q wurden nicht identifiziert.

Tabelle 1 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.2020 bis 20.04.2021 für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 3833 Daten konnten 921 keinem Bundesland zugeordnet werden. Zwei Proben wurden in Österreich sequenziert, jedoch wurden Regionen außerhalb Österreichs als Ursprung angeführt. Aus Wien liegen mit insgesamt 825 die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 408 und Oberösterreich mit 367 Datensätzen. Aus dem Burgenland stammen 285, aus Kärnten 261, aus der Steiermark 249, aus Niederösterreich 239, aus Salzburg 161 und aus Vorarlberg 115 Genomdaten.

Mit Ausnahme des Burgenlandes und Tirols ist die Variante B.1.1.7 die am häufigsten gefundene Variante pro Bundesland. Im Burgenland ist die Variante B.1.160, in Tirol die Variante B.1.351 dominierend.

Die Varianten B.1.1.7, B.1.160, B.1.258.17 und B.1.177 wurden in allen Bundesländern gefunden. Die Variante B.1.258 wurde mit Ausnahme von Vorarlberg ebenso in allen Bundesländern gefunden. Die Variante B.1.351 wurde außerhalb

Tirols nur in Wien (16) Oberösterreich (4) und Kärnten (2) gefunden. Die Variante R.1 wurde am häufigsten in Wien (40) gefunden, darüber hinaus auch in Oberösterreich (9) und Salzburg (5). Die Variante B.1.525 wurde insgesamt am seltensten (9 Mal in ganz Österreich) gefunden. An dieser Stelle sei jedoch noch einmal die große Anzahl an Daten, die keiner Region zuordenbar sind, erwähnt.

Tabelle 1: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern (in absoluten Zahlen; 03.04.20-20.04.21)

	B.1.1.7	B.1.160	B.1.258	B.1.258.17	B.1.177	B.1.351	R.1	B.1.525	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	32	87	49	21	15	0	0	0	81	285
Kärnten	76	13	29	31	4	2	0	1	105	261
Niederösterreich	138	18	17	2	4	0	0	1	59	239
Oberösterreich	197	20	31	22	4	4	9	0	80	367
Salzburg	59	22	6	5	4	0	5	0	60	161
Steiermark	36	28	23	28	1	0	0	0	133	249
Tirol	30	4	20	10	7	152	0	1	184	408
Vorarlberg	37	11	0	6	5	0	0	0	56	115
Wien	373	34	35	14	13	16	40	4	296	825
Ausland	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Unbekannt	97	111	52	10	10	62	10	2	567	921
Gesamt nach Variante	1077	348	262	149	67	236	64	9	1621	3833

4 Links

www.gisaid.org

www.cov-lineages.org

5 Anhänge

Anhang 1 – 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
- Diagnostic- and Research Institute of Pathology, Medical University of Graz
- Institute of Virology, Department of Hygiene, Microbiology and Public Health at Innsbruck Medical University
- Salzkammergutklinikum Vöcklabruck, Institut für Pathologie
- Department of Medicine I, Division of Infectious Diseases and Tropical Medicine, Steininger Laboratory, Medical University of Vienna

Anhang 2 – Einsendende Laboratorien

In der folgenden Liste befinden sich all jene Laboratorien, welche Proben an die sequenzierenden Laboratorien (siehe Anhang 1) gesendet haben („Originating Labs“).

- 3. Medizinische Abteilung, Hanusch Krankenhaus, Wien
- AKH Wien, Klinik für Notfallmedizin, Notfallambulanz
- Austrian Agency for Health and Food Safety (AGES)
- BKH Schwaz
- Center for Virology, Medical University of Vienna
- Department of Laboratory Medicine, Division of Clinical Virology, University of Medicine, Vienna
- Department of Microbiology, University Innsbruck
- Department of Pathology, Landeskrankenhaus Graz II, Medical University Graz
- Diagnostic & Research Institute of Hygiene, Microbiology and Environmental Medicine, Medical University Graz
- Diagnostic- and Research Institute of Pathology, Medical University of Graz
- Dr. Gernot Walder GmbH, Außervillgraten (Tirol)
- Elling group, Institute of Molecular Biotechnology (IMBA), Vienna
- HG Pharma GmbH, Kirchberg (Tirol)

- ILV Kärnten, Klagenfurt
- IMP - Research Institute of Molecular Pathology, Vienna
- Institut für Pathologie am Landeskrankenhaus Feldkirch
- Institut für Pathologie, Salzkammergut Klinikum Vöcklabruck
- Institut für Virologie am Department für Hygiene, Mikrobiologie und Public Health, Medizinische Universität Innsbruck
- Institute for Hygiene and Microbiology, Medical University of Vienna
- Institute for Laboratory Diagnostics and Microbiology, Klinikum Klagenfurt am Wörthersee
- Institute for Medical and Chemical Laboratory Diagnostics, Kepler Universitätsklinikum, Linz
- Institute for Water Quality and Resource Management, Technical University Vienna
- Institute of Legal Medicine, Medical University of Innsbruck
- Klinikum Wels-Grieskirchen
- Labor Mustafa, Wien
- Ludwig Boltzmann Institut für Experimentelle und Klinische Traumatologie, Lorenz Böhler UKH, Wien
- Pathologie-Labor Dr. Obrist, Dr. Brunhuber, Zams (Tirol)
- Pharmgenetix GmbH, Salzburg
- Salzkammergutklinikum Vöcklabruck, Institut für Pathologie
- Department of Medicine I, Division of Infectious Diseases and Tropical Medicine, Steiner Laboratory, Medical University of Vienna
- Tauernklinikum - Standort Zell am See
- Universitätsklinik für Innere Medizin II, Innsbruck
- Vienna COVID-19 Detection Initiative (VCDI), Vienna
- Zentralinstitut für med. u. chem. Labordiagnostik (ZIMCL), Medical University of Innsbruck