



GISAID Österreich-Report

Nr. 10

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

*des Zeitraums 01.12.21-31.12.21
und zusammenfassend von 03.04.20-31.12.21*

J. KLIKOVITS, M. MARKOWICZ, P. WANKA, S. SCHINDLER, 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 10 sind die Ergebnisse aller österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.12.21 bis 31.12.21 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 31.12.21 angeführt.

Seit April 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 78438 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im aktuellen Berichtszeitraum (01.12.21 bis 31.12.21) wurden 6662 Datensätze hochgeladen. Österreichweit zeigt sich eine Dominanz der Variant of Interest AY.4.2. mit 4498 (67,52%) Einträgen gefolgt von Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) mit aktuell 1331 (19,98 %) Einträgen. Die Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) wurde in 783 Datensätzen (11,75 %) bestätigt. Darüber hinaus wurde die Variante B.1.1.7 7 Mal in der Datenbank in 0,11 % der Genomdaten identifiziert.

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 10 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from December 1st, 2021 to December 31st, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to December 31st, 2021.

Since April 2020, Austrian laboratories have published 78438 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the current reporting period (December 1st, 2021 to December 31st, 2021), 6662 data sets were uploaded in total. The Variant of Interest AY.4.2. was identified most frequently with 4498 (67.52%) records, followed by the Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) with 1331 (19.98%) records. The Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) was confirmed in 783 (11.75%) data sets. B.1.1.7 (Alpha) was identified 7 times throughout Austria, corresponding to 0.11% of the genome data.

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 Variants of Concern und Variants of Interest:²

Variants of Concern (VOC)

- B.1.617.2³ (Delta)
- B.1.351⁴ (Beta)
- P.1⁵ (Gamma)
- B.1.1.529⁶ (Omikron)

Variants of Interest (VOI)

- B.1.621⁷ (My)
- C.37⁸ (Lambda)
- AY.4.2⁹

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 14.01.2022]

² European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 13 January 2022, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 14.01.2022]

³ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.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.1.1.529.html

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

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

⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_AY.4.2.html

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 Lab¹⁰ entwickelt wurde, und ist über die Webanwendung (www.cov-lineages.org) verfügbar.

Zur Erstellung des achten Österreich GISAID-Berichts wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.12.21-31.12.21 (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:¹¹

- 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)

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

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.

¹⁰ 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).

¹¹ Von der Auswahl ausgenommen wurden wenig differenzierte Varianten (wie z.B. B.1, A.1)

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 31.12.21).

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.

3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 01.12.21 bis 31.12.21 wurden aus Österreich insgesamt 6662 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 4498 Datensätzen (67,52 %) wurde die Variant of Interest AY.4.2. am häufigsten nachgewiesen. B.1.617.2 (Delta) wurde bei 1331 Datensätzen (19,98 %) österreichweit identifiziert. Die Variante zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor. Ein Anstieg in der Häufigkeit der Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) wurde verzeichnet. Diese Variante, die sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa S371L, S373P, N501Y und E484A auszeichnet, wurde bei 783 Datensätzen (11,75 %) festgestellt. Die Variante B.1.1.7 (Alpha) wurde bei 7 Genomsequenzen (0,11 %) 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. Variants of Concern B.1.351 (Beta) und P.1 wurden nicht nachgewiesen. Es gab keine Fälle der Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda). Insgesamt 20 Datensätze (0,3 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

Vorkommen von Varianten, 01.12.2021 - 31.12.2021

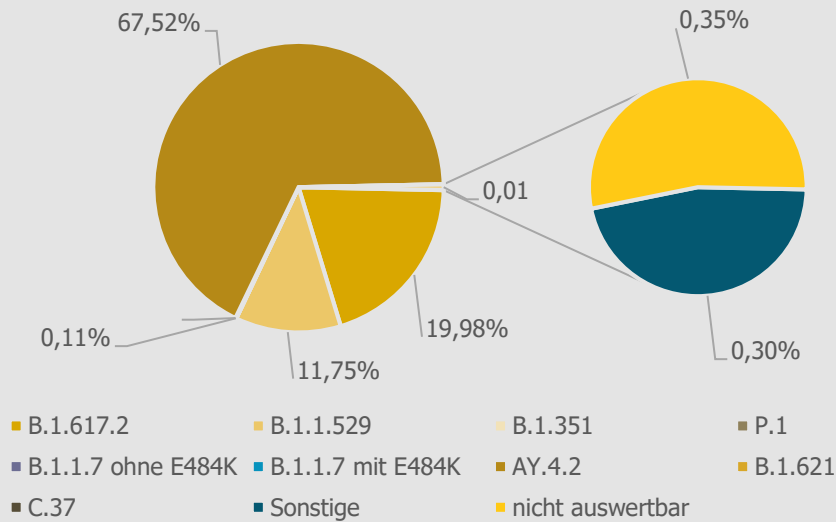


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2 Varianten in Österreich von 01.12.21-31.12.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 0,01 %). Von den insgesamt 6662 hochgeladenen Proben wurden 6138 im Zeitraum von November bis Dezember 2021 isoliert.

Vorkommen Delta Subvarianten, 01.12.2021 - 31.12.2021

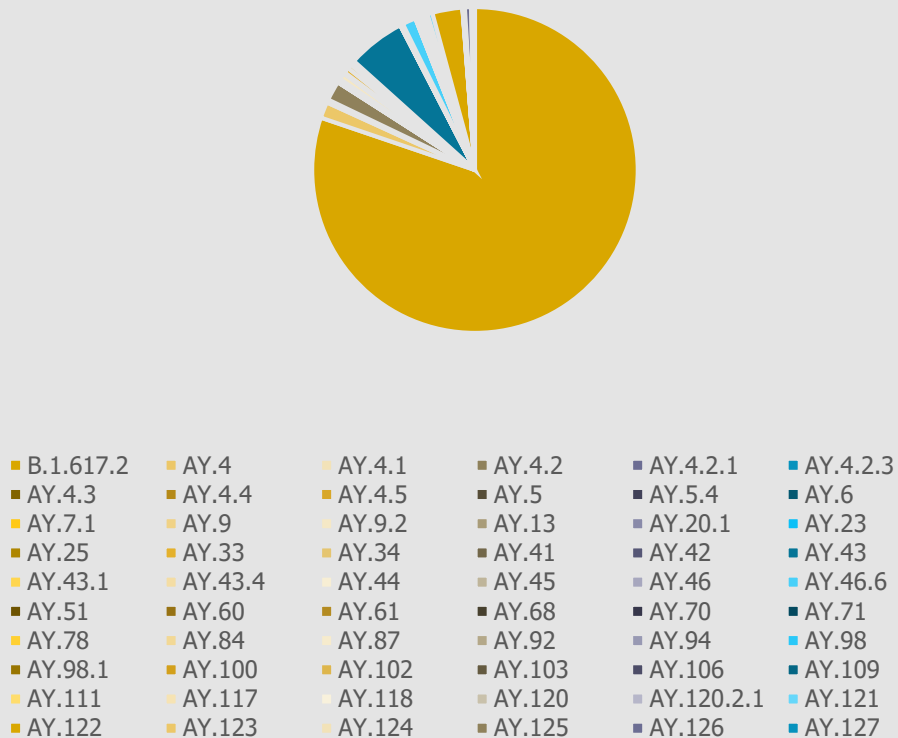


Abbildung 2: Unterteilung der Genomsequenzen, die der Delta Variante zugeordnet wurden, in deren Subvarianten AY.1 bis AY.133. Die Daten beziehen sich auf die aus Österreich auf GISAID hochgeladenen Sequenzen im Zeitraum von 01.12.21-31.12.21 und die Zuordnung zu den Delta Sublineages basiert auf der PANGO Version v.3.1.17 2021-12-09.

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 (01.12.21-31.12.21) folgende gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 1331
- B.1.1.529 (Omikron): 783

Die Variant of Interest AY.4.2 wurde in 4498 Datensätzen identifiziert. Die Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda) wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Aus Wien liegen mit insgesamt 3672 (55,12 %) die meisten Daten vor, gefolgt von der Steiermark mit 1343 (14,06 %), Salzburg mit 641 (9,62 %) und Vorarlberg mit 293 (4,40 %) Datensätzen. 285 (4,28 %) Datensätze stammen aus Kärnten und 183 (2,75 %) aus dem Burgenland. 124 (1,86 %) Datensätze konnten Proben aus Tirol zugeordnet werden sowie 107 (1,61 %) Proben aus Oberösterreich. Aus Niederösterreich wurden 101 (1,52 %) Genomdaten erhoben. Von den insgesamt 6662 Daten konnten 319 (4,79 %) keinem Bundesland zugeordnet werden.

In Niederösterreich, Oberösterreich und dem Burgenland wurde die Variante B.1.617.2 (Delta) am häufigsten nachgewiesen. In den restlichen Bundesländern war die Lineage AY.4.2. am häufigsten. Beide Varianten kamen in allen Bundesländern vor. Der Anteil der Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) an der Gesamtzahl der hochgeladenen Datensätze war in Wien am höchsten (20,83%). Diese Variante wurde auch vereinzelt in allen Bundesländer außer der Steiermark nachgewiesen. Der Nachweis der Variante B.1.1.7 (Alpha) stammt aus Wien und Tirol. Eine zusammenfassende Darstellung dieser Daten ist in der Tabelle 1 dargestellt.

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 01.12.21-31.12.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.529	B.1.1.7 ohne E484K	AY.4.2	Sonstige	Nicht zuweisbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	160	2	0	20	0	1	183
Kärnten	40	1	0	244	0	0	285
Niederösterreich	90	6	0	1	0	4	101
Oberösterreich	91	1	0	14	0	1	107
Salzburg	73	1	0	567	0	0	641
Steiermark	155	0	0	775	7	0	937
Tirol	46	2	2	57	12	5	124
Vorarlberg	26	1	0	265	0	1	293
Wien	339	765	4	2555	1	8	3672
Unbekannt	311	4	1	0	0	3	319
Gesamt nach Variante	1331	783	7	4498	20	23	6662

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.20 bis 31.12.21 wurden aus Österreich 78438 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 20988 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 57450 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Insgesamt 33639 Datensätze (42,89 %) wurden der Variante B.1.167.2 (Delta) zugeordnet. Seit Juli 2021 ist es die prädominante Variante, die seit kurzem von der Omikron Variante abgelöst wird. Datensätze, die der Variante B.1.1.529 (Omikron) zugeordnet werden, wurden insgesamt 785 Mal hochgeladen.

Mit 34061 Datensätzen (43,42 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 1166 Genomsequenzen (1,49 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Die Variante wurde seit Juli 2021 kaum mehr nachgewiesen. 1113 Datensätze (1,42 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta) und 144 (0,22 %) der Variante P.1 (Gamma) zugewiesen.

52 Genomsequenzen wurden der Variant of Interest B.1.621 (My) zugeordnet sowie eine der VOI C.37 (Lambda). Die Variant of Interest AY.4.2 wurde in 140 Datensätzen gefunden. Insgesamt 8253 Datensätze (10,52 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet.

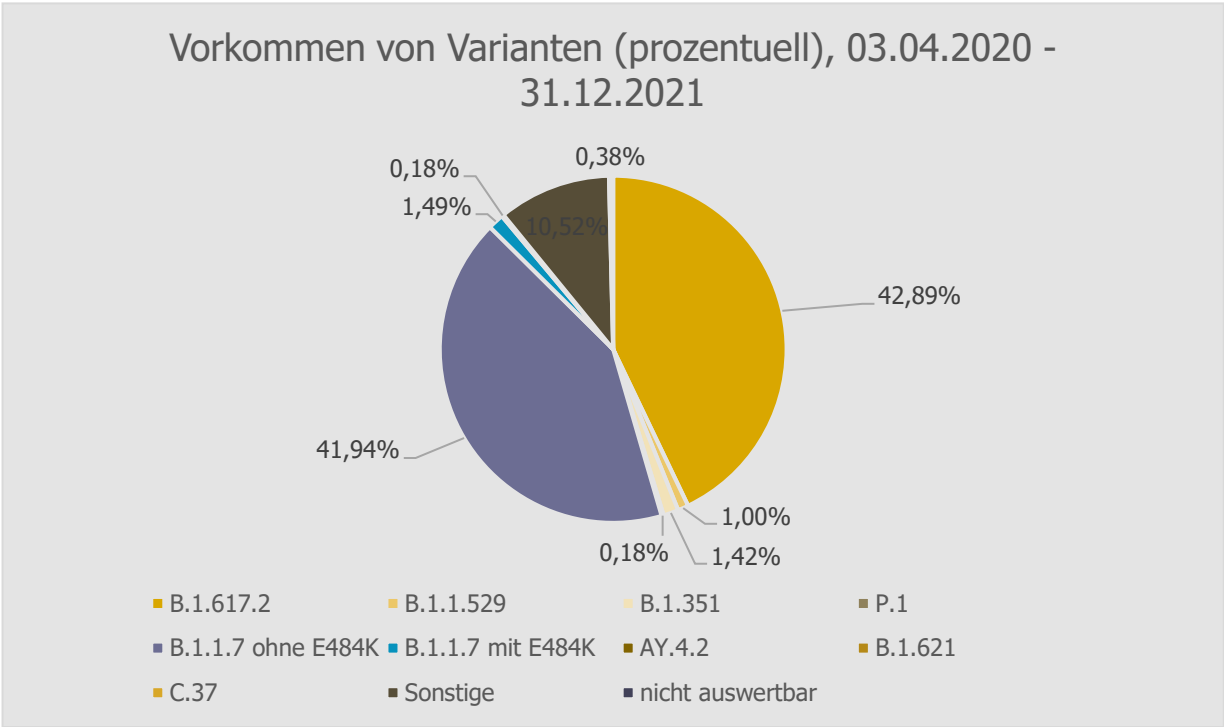


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-31.12.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 0,01 %)

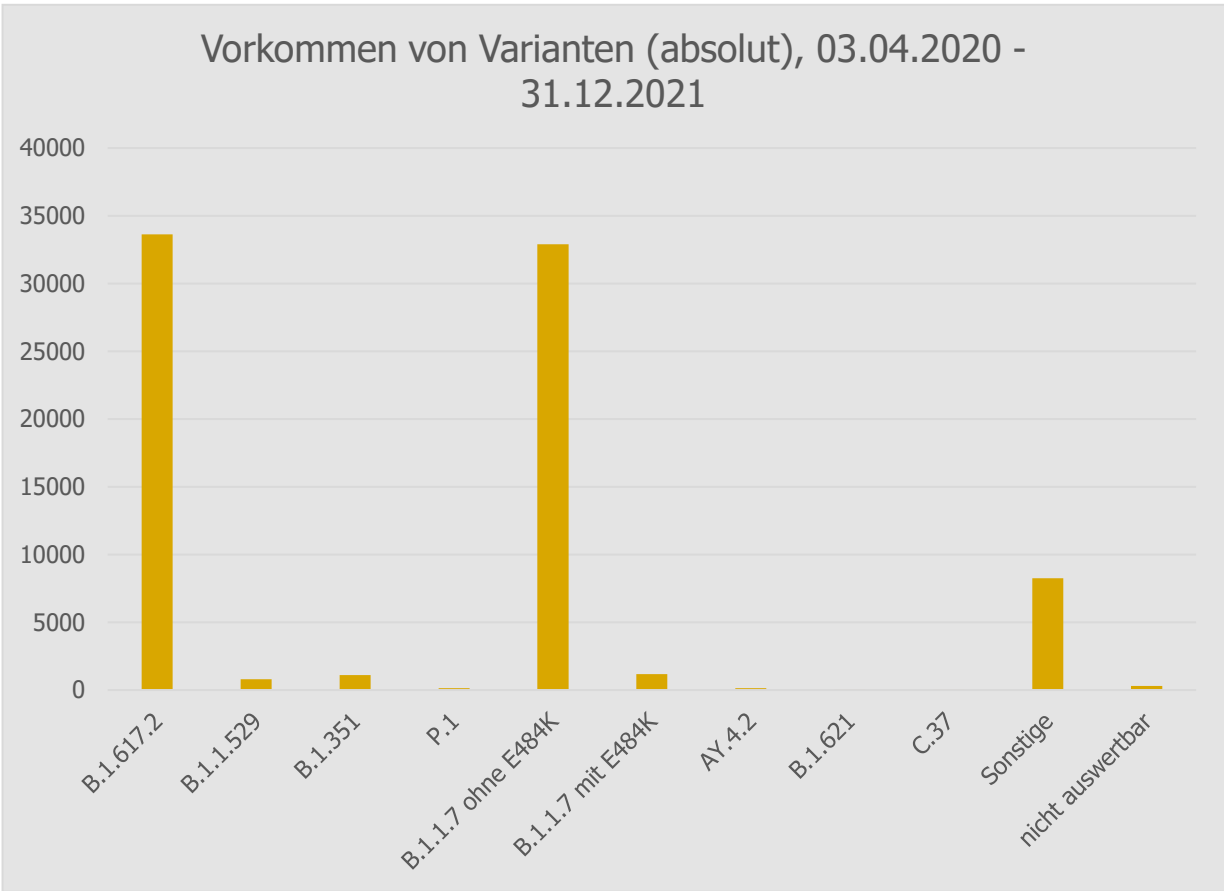


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-31.12.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 31.12.21 die Folgenden gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 33639
- B.1.351 (Beta): 1113
- P.1 (Gamma): 144
- B.1.1.529 (Omikron): 785

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

- B.1.621 (My): 52
- C.37 (Lambda): 1
- AY.4.2: 140

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Aus Wien liegen mit insgesamt 27517 (35,08 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 14285 (18,21 %), Salzburg mit 8771 (11,18 %), Vorarlberg mit 4442 (5,66 %) und der Steiermark mit 6,34 (4971 %) Datensätzen. Aus Kärnten stammen 4060 (5,18 %), aus Oberösterreich 2382 (3,04 %), aus dem Burgenland 1960 (2,50 %) und aus Niederösterreich 1626 (2,07 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.617.2 (Delta) sowie die Variante B.1.1.7 (Alpha), die mit 34061 Datensätzen die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland ist, sind die einzigen Varianten, die in jedem Bundesland identifiziert wurden. Mit 16736 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien. Die meisten Datensätze der Variante B.1.1.529 (Omikron) wurden aus Wien (764 Daten) hochgeladen.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde mit 739 Datensätzen in Tirol am häufigsten detektiert. 101 der 144 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden ebenfalls dem Bundesland Tirol zugeordnet.

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.20 bis 31.12.21 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-31.12.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.529	B.1.351	P.1	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.1.7 mit E484K	AY.4.2	B.1.621	C.37	Sonstige	Nicht zuweisbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	1214	2	0	1	461	1	1	0	0	259	21	1960
Kärnten	1922	1	3	1	1175	0	3	0	0	933	22	4060
Niederösterreich	455	7	3	0	599	3	0	0	0	504	55	1626
Oberösterreich	871	1	4	0	1265	1	0	0	0	229	11	2382
Salzburg	4143	0	23	8	3579	38	26	1	0	943	10	8771
Steiermark	1699	0	7	0	2445	23	1	0	0	768	28	4971
Tirol	1570	5	739	101	8839	1042	5	0	0	1945	39	14285
Vorarlberg	3404	1	2	13	616	0	10	0	0	366	30	4442
Wien	16736	764	250	20	8301	50	94	1	1	1236	64	27517
Unbekannt	1625	4	82	0	5613	8	0	0	0	1070	20	8422
Gesamt nach Variante	33639	785	1113	144	32895	1166	140	2	1	8253	300	78438

5 Sonstiges

5.1 Delta (B.1.617.2) und Sublineages (AY.1-AY.133)

Die Entwicklungen der letzten Monate spiegeln sich in den zahlreichen Delta Sublineages (AY.1-AY.133) wider. Bis dato konnte bei keiner der in den Sublineages vorhandenen Mutationen eine erhöhte Transmissibilität festgestellt werden.

Abbildung 5 und Abbildung 6 zeigen das Vorkommen der Delta Sublineages in österreichischen Proben in der KW02/22 nach Bundesland. Die Daten beziehen sich auf die im Zuge des Sentinel Projekts sequenzierten Proben des aktuellen Berichtszeitraums.

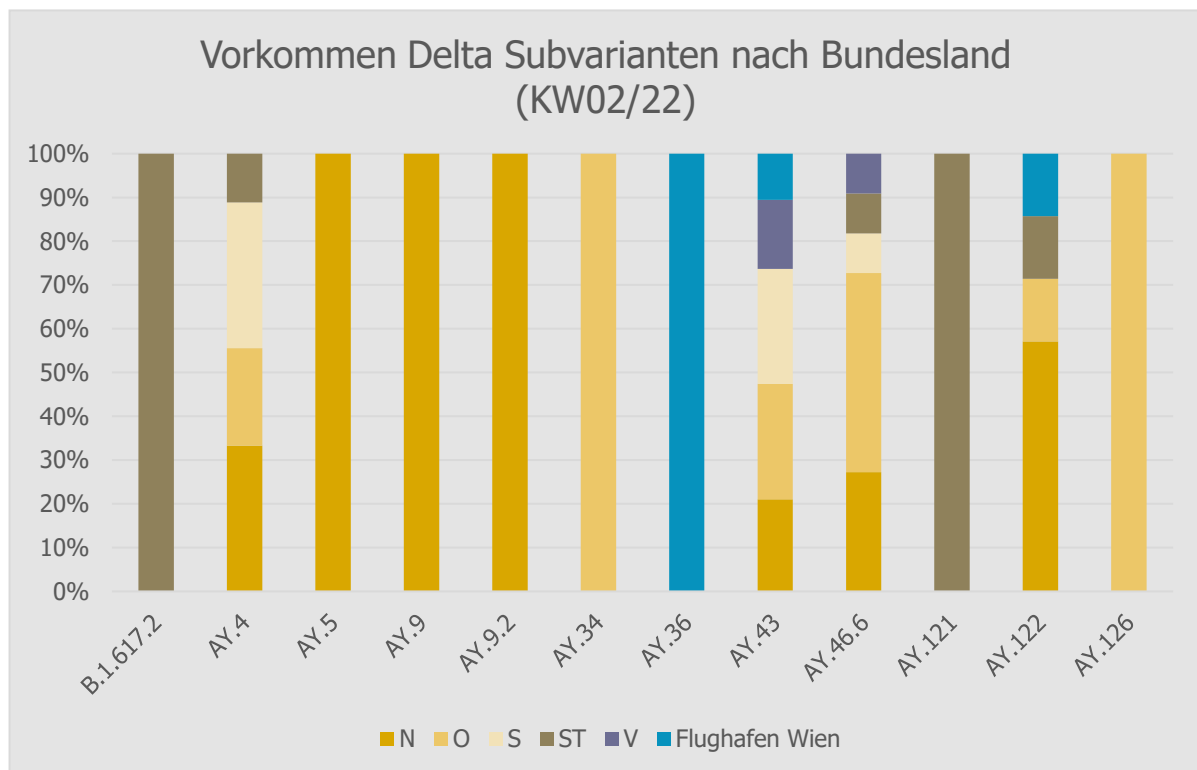


Abbildung 5: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland

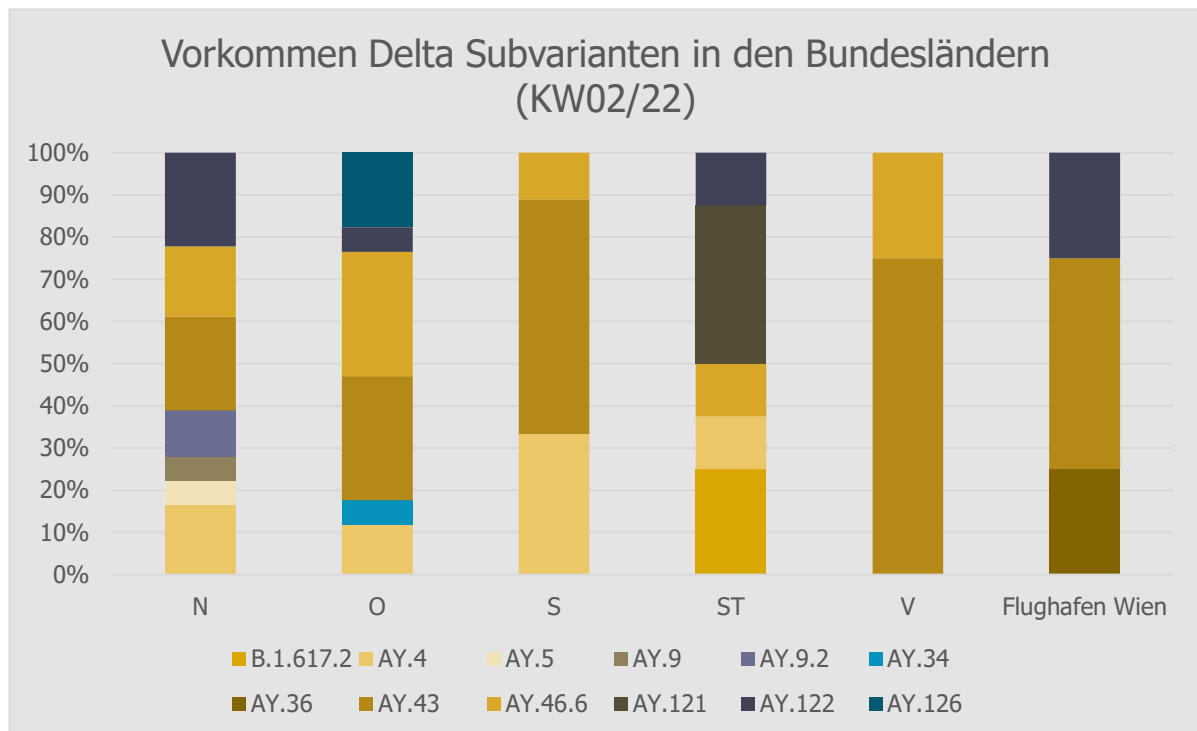


Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern nach Variante

5.2 Omikron-Sublineages BA.1, BA.2 und BA.3

Die Omikron Variante wird in drei Sublineages unterteilt – BA.1, BA.2 und BA.3. Die Varianten unterscheiden sich an mehreren Positionen – verteilt über das gesamte Genom. Der wesentliche Unterschied der Sublineages sind das Vorhandensein der Deletion an der Position 69 des S-Gens sowie die Mutation S371L.

Auf GISAID sind 957 der aus Österreich hochgeladenen Omikron-Sequenzen der Variante BA.1 und lediglich 8 Uploads der Variante BA.2 zuzuordnen. Weltweit wurden auf GISAID bisher 331100 Sequenzen der Variante BA.1 zugewiesen, 4455 der Variante BA.2 und lediglich 40 Datensätze der Variante BA.3 (Stand 07.01.22 13:30).

In **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** sind die Spike-Mutationen der drei Omikron-Subvarianten ersichtlich.¹²

¹² <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/361>

Tabelle 3: Mutationen BA.1, BA.2 und BA.3

	BA.1	BA.2	BA.3
HV69del	+	-	+
S371L	+	-	-
S373P	+	+	+
E484A	+	+	+
N501Y	+	+	+
Y505H	+	+	+
P681H	+	+	+

5.3 Mutationsscreening Schmelzkurvenanalyse

Die Mutationsscreening Methoden, die aktuell angewandt werden und in Hinblick auf Omikron Verdachtsfälle am effektivsten sind, sind N501/E484 und S371/S373. Im Folgenden sind die Schmelzkurven der entsprechenden Mutationsscreening-Methoden dargestellt.

5.3.1 Mutationsscreening N501/E484

Abbildung 7 zeigt die N501 und E484 spezifischen Schmelzkurven des Mutationsscreenings. Bei der Omikron Variante zeigen sich hier Peaks bei etwa 46°C

für E484A und 57°C für N501Y. Bei der Delta Variante sind die Peaks bei ca. 55°C für E484 und 60°C für N501 und somit sind die beiden Varianten gut zu unterscheiden.

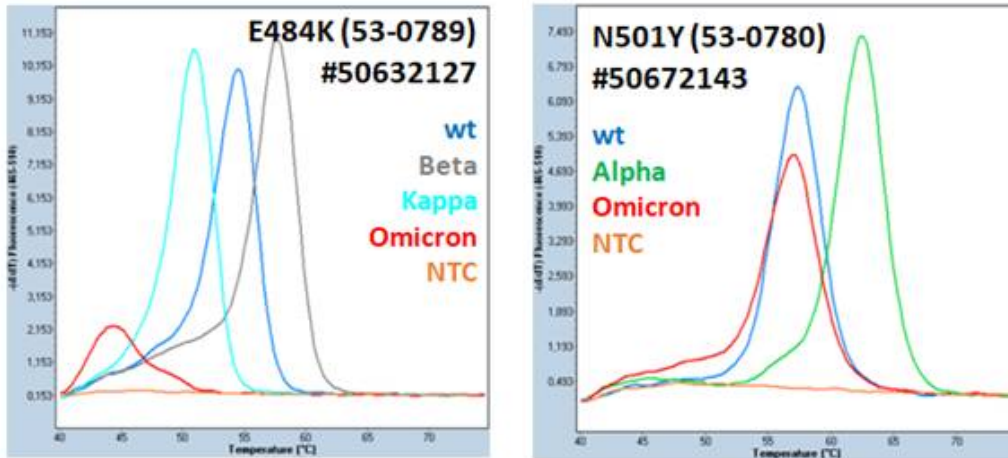


Abbildung 7: Schmelzkurven N501+E484¹³

5.3.2 Mutationsscreening S371/S373

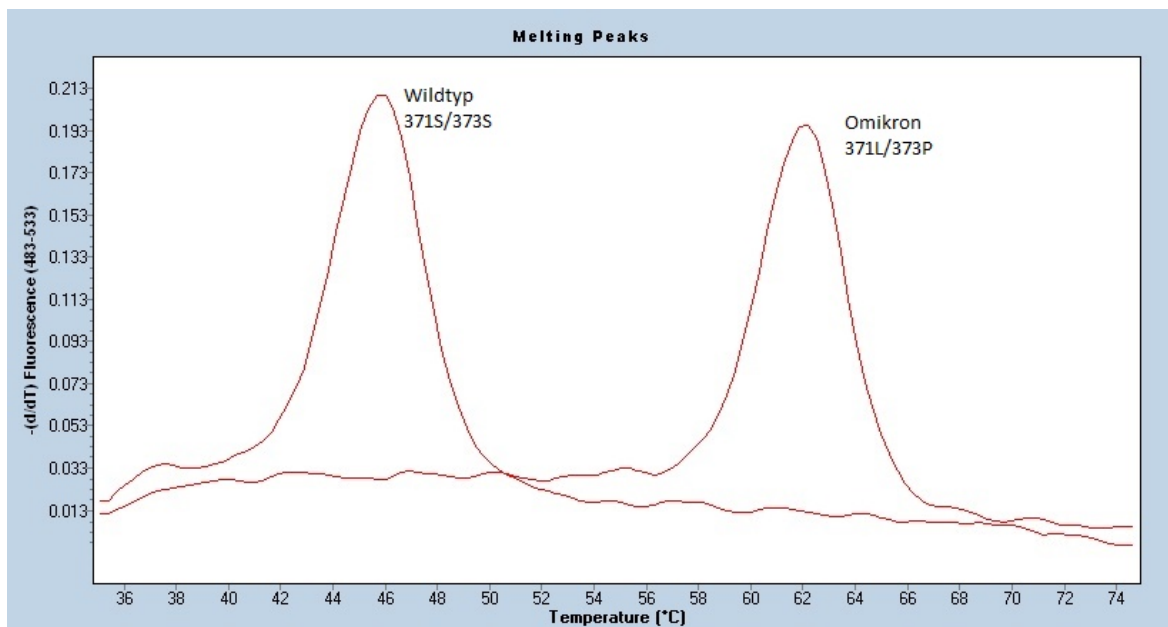


Abbildung 8: Schmelzkurven S371/S373

¹³ Quelle: TIB Molbiol, Berlin: <https://www.tib-molbiol.de/>

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>

<https://www.tib-molbiol.de/>

<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/361>

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
- Lifebrain Covid Labor GmbH
- Tyrolpath Obrist Brunhuber GmbH
- Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie