




GISAID Österreich-Report

Nr. 2



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

*des Zeitraums 21.04.21-30.04.21 und
zusammenfassend von 03.04.20-30.04.21*

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 (Ganz)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 2 sind die Ergebnisse der österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 21.04.2021 bis 30.04.2021 und zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 30.04.21 angeführt. Sequenzierungsdaten von Laboratorien, welche ihre Ergebnisse nicht auf dieser Datenbank zur Verfügung stellen, sind nicht Teil dieses Berichts.

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 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 (whole) 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 2 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from April 21st, 2021 to April 30th, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to April 30th, 21st. Sequencing data from laboratories that do not make their results available on this database are not part of this report.

Keywords

GISAID, SARS-CoV-2, (Whole) 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 individuell 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 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

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

Variants of Concern (VOC)

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

Variants of Interest (VOI)

- P.2⁶
- A.23.1⁷ mit E484K
- B.1.525⁸
- B.1.1.318⁹
- B.1.324.1¹⁰ mit E484K
- P.3¹¹
- B.1.617.1 mit E484Q

Das Robert Koch Institut nennt aktuell Variante B.1.617¹² mit allen Untervarianten (B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3) als VOI.¹³

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 05.05.2021]

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 05.05.2021]

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

¹³ Robert Koch Institut (2021): Berichte zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur Variant of Concern (VOC) B.1.1.7. 7. Bericht vom 28.04.2021, aufrufbar unter: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Berichte-VOC-tab.html [Zuletzt abgerufen am 03.05.2021]

1.3 PANGO Lineages

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak (PANGO) Lineages ist ein Software-Tool, das von Mitgliedern des Rambaut Lab¹⁴ 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 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 regelmäßigen Berichten

¹⁴ 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 und so 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 Österreich GISAID-Berichtes Nummer 2 wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 21.04.21-30.04.21 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen.

Ein Teil dieser Daten entstammt Verfahren der Ganzgenomsequenzierung, diese Daten beinhalteten die genaue Bezeichnung der SARS-CoV-2-Virusvarianten gemäß PANGO-Nomenklatur. Die meisten Daten beinhalten Sequenzen des S-Proteins, bei denen ein PANGO Lineage Assignment nicht immer möglich ist, weshalb bei diesen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Aufgrund der Vielzahl an berichteten Varianten in diesem Datensatz, wurde eine Vorauswahl der relevantesten Varianten getroffen. Die Auswahl erfolgte auf folgender Basis:¹⁵

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

¹⁵ Von der Auswahl ausgenommen wurden wenig differenzierte Varianten (wie z.B. B.1, A.1)

- Alle Varianten aus dem COVID-Whole Genome Sequencing-Surveillance System Sentinel-Labore des gleichen Beobachtungszeitraumes (sofern verfügbar)

Normvarianten und nicht auswertbare Daten werden ebenso extra angeführt. 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 bisherigen Daten

Zur zusammenfassenden Darstellung wurden in diesem Bericht eine Übersicht aller österreichischen Sequenzierungsdaten, welche insgesamt bis zum Zeitpunkt der Erstellung des Berichtes hochgeladen wurden (03.04.2020 bis 30.04.2021).

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)

Normvarianten und nicht auswertbare Daten werden ebenso extra angeführt. Alle anderen Varianten werden im Folgenden als „Sonstige“ zusammengefasst.

3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 21.04.2021 bis 30.04.2021 wurden aus Österreich insgesamt 323 von PANGO lineage assignment auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten (Ganzgenom) auf GISAID zur Verfügung gestellt. Darüber hinaus erfolgte am 28.04.2021 durch das Institute of Molecular Biotechnology (IMBA) Wien (Dr. Elling Group) ein Upload von 22166 Datensätzen, welche partielle S-Sequenzen beinhalten. Der hochgeladene Datensatz umfasst den Zeitraum 01.12.2020-18.04.2021 (Datum der Probennahme). Insgesamt wurden 22489 Datensätze im Berichtszeitraum hochgeladen.

Abbildung 1 und Abbildung 2 geben einen Überblick über die in Österreich gefundenen Varianten in diesem Berichtszeitraum sowie deren Häufigkeiten.

Mit 16702 Fällen (74,27 %) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit am häufigsten gefunden. Es handelt es sich dabei um die sogenannte britische Variante mit der Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren H69 und V70 des Spike-Proteins. Bei 559 Fällen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Bei den anderen 16143 Fällen der Variante B.1.1.7 wurde diese Mutation nicht nachgewiesen. Dies entspricht 2,49 % bzw. 71,78 % aller Datensätze.

Bei 813 Fällen (3,62 %) wurde die Variante B.1.258¹⁶, bei 1002 Fällen (4,46 %) die Variante B.1.258.17¹⁷ identifiziert. Bei diesen Varianten handelt es sich um in ganz Europa häufig bestimmte Varianten. Sie weisen eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutation N439K des S-Proteins auf.

Insgesamt 748 Fälle (3,33 %) wurden der Variante B.1.351 zugeordnet, bei dieser handelt es sich um die südafrikanische Variante. Diese weist die Mutationen E484K und N501Y auf.

¹⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html

¹⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html

Bei 556 Fällen (2,47 %) wurde die Variante R.1¹⁸ identifiziert (vormals Variante B.1.1.316.1). In dieser Variante findet sich die Mutation E484K. Die Variante B.1.160, eine häufig in Europa vorkommende Variante, wurde bei 486 Fällen (2,16 %) detektiert. Die Variante B.1.525 wurde bei 150 Fällen (0,67 %) gefunden. Diese Variante weist eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutationen E484K und Q677H auf. Die Variante P.1 (Brasilianische Variante) wurde bei 3 Fällen (0,01 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus.

Bei 83 Fällen (0,37%) wurde die Mutation N501Y gefunden, bei 16 Fällen (0,07 %) die Mutation E484K – die genaue Variante dieser Fälle konnte jedoch nicht eindeutig identifiziert werden.

Insgesamt 611 Fälle (2,72 %) entsprechen der Normvariante. Bei 286 Fällen (1,27 %) konnte auf Basis der vorliegenden Daten keine Zuordnung zu einer Variante vorgenommen werden. Insgesamt 1033 Fälle (4,59 %) wurden sonstigen Varianten zugeordnet. Die „Indischen Variante“ B.1.617 (mit den Untervarianten B.1.617.1, B.1.617.2, B.1.617.3) konnte im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert werden.

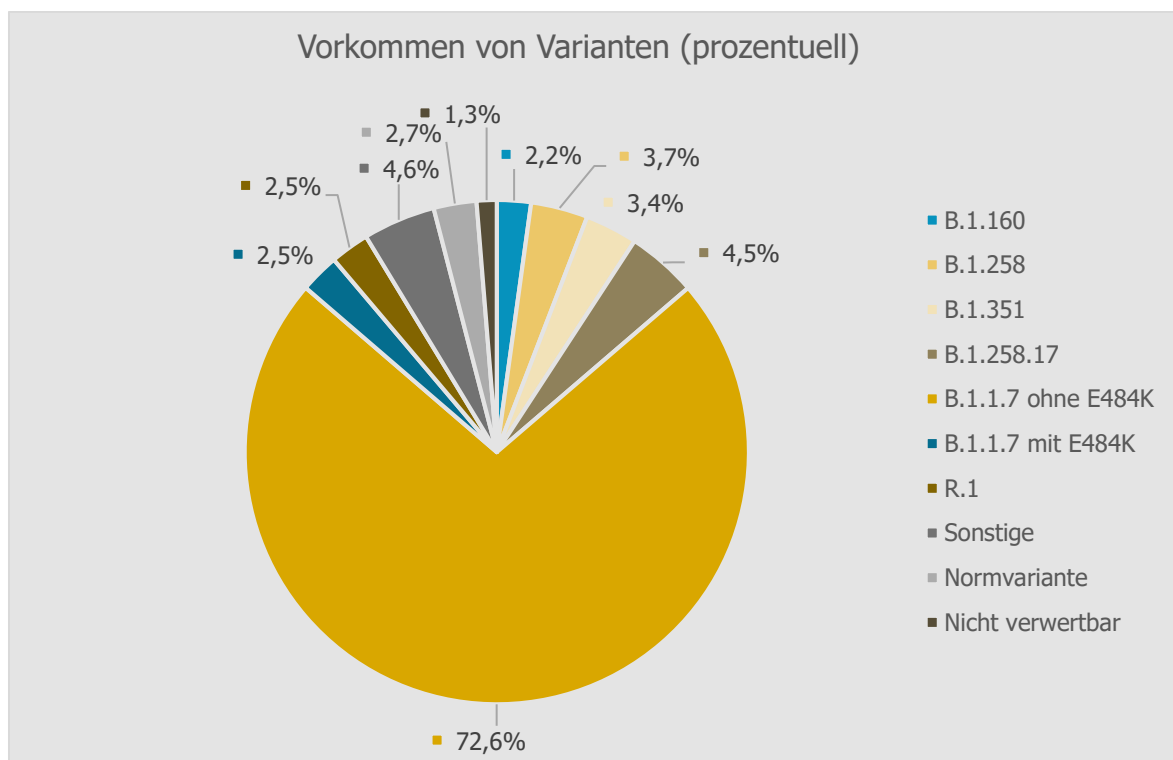


Abbildung 1: Vorkommen der Varianten in Österreich 21.04.21-30.04.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen (alle Varianten ab 1,0 %)

¹⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html

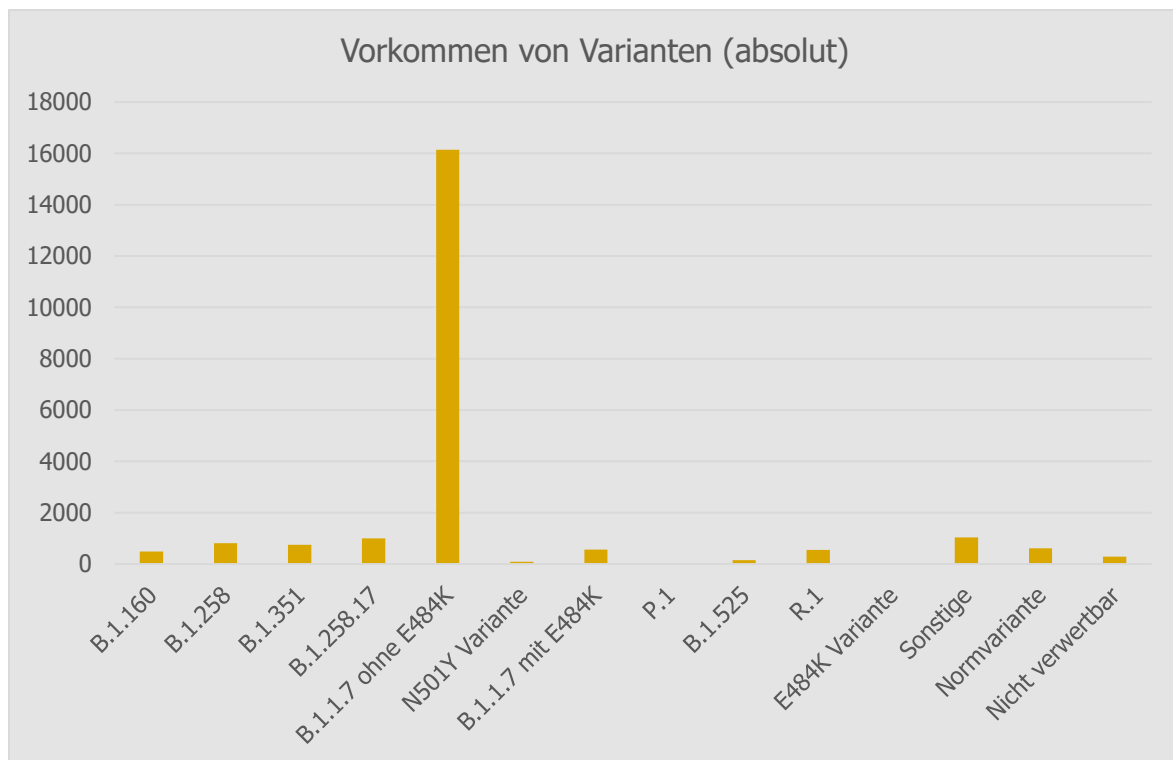


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten in Österreich 21.04.21-30.04.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 (21.04.21-30.04.21) folgende gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (16143 Fälle)
- B.1.351 (748 Fälle)
- B.1.1.7 mit E484K (559 Fälle)
- P.1 (3 Fälle)

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of interest konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (21.04.21-30.04.21) folgende gefunden werden:

- B.1.525 (150 Fälle)

Die Variants of Interest P.2, A.23.1 mit E484K, B.1.1.318, B.1.324.1+E484K, P.3, B.1.617 (inkl. Untervarianten B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3) wurden nicht identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 1 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 21.04.2021 bis 30.04.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 22489 Daten konnten 4220 (18,76 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Tirol liegen mit insgesamt 6832 (30,38 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Wien mit 2835 (12,61 %) und der Steiermark mit 2701 (12,01 %) Datensätzen. Aus Salzburg stammen 2686 (11,94 %), aus Kärnten 1217 (5,41 %), aus Oberösterreich 709 (3,15 %), aus Niederösterreich 692 (3,08 %), aus dem Burgenland 345 (1,53 %) und aus Vorarlberg 252 (1,12 %) Genomdaten.

Mit Ausnahme von Vorarlberg ist die Variante B.1.1.7 die am häufigsten gefundene Variante pro Bundesland. In Vorarlberg wurde bisher die Variante B.1.160 am öftesten identifiziert.

Nur die Variante B.1.1.7 wurde in allen Bundesländern gefunden. Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der Mutation E484K wurden am häufigsten aus Tirol mit 534 Fällen gemeldet. Gefolgt von der Steiermark (18), Wien (4), Salzburg (2) und Oberösterreich (1). In den übrigen Bundesländern wurden keine Fälle von B.1.1.7 mit E484K identifiziert.

Bei den 559 Fällen von B.1.1.7 mit E484K ist von 142 Fällen das genaue Datum der Probennahme bekannt. 42 Fälle stammen demnach aus der KW 10, 90 Fälle aus der KW 11, zwei Fälle aus der KW 13 und drei Fälle aus der KW 15. Einer dieser Fälle (KW 10) stammt aus der Steiermark, alle anderen aus Tirol. Bei den übrigen 417 Daten ist das das Probennahme-Datum unbekannt.

Die Variante B.1.351 („Südafrikanische Variante“) wurde außerhalb Tirols (537 Fälle) in Wien (167), Salzburg (19) und Steiermark (7), Niederösterreich (3) und Kärnten (1) gefunden. Die Brasilianische Variante P.1 wurde drei Mal in Österreich gefunden. Zwei dieser drei Fälle der Variante P.1 stammen aus Tirol, einer aus Wien.

Die 150 Fälle von B.1.525 stammen aus Salzburg (76), Wien (64), Niederösterreich (5), Steiermark (2), Vorarlberg (2) und Tirol (1).

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 diese Fälle doppelt auf GISAID hochgeladen wurden.

Tabelle 1: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 21.04.21-30.04.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.160	B.1.258	B.1.351	B.1.258.17	B.1.1.7 ohne E484K	N501Y Variante	B.1.1.7 mit E484K	P.1	B.1.525	R.1	E484K Variante	Sonstige	Normvariante	Nicht auswertbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	0	0	0	0	337	1	0	0	0	0	0	0	2	5	345
Kärnten	61	138	1	244	562	0	0	0	0	1	0	75	124	11	1217
Niederösterreich	82	119	3	5	308	5	0	0	5	7	2	67	74	15	692
Oberösterreich	0	9	0	5	688	1	1	0	0	4	0	0	0	1	709
Salzburg	31	92	19	294	1869	0	2	0	76	254	2	17	8	22	2686
Steiermark	39	75	7	198	2119	11	18	0	2	10	0	94	96	32	2701
Tirol	198	305	537	176	4201	9	534	2	1	0	5	601	206	57	6832
Vorarlberg	39	23	0	31	32	0	0	0	2	0	0	67	53	5	252
Wien	19	26	167	16	2084	11	4	1	64	274	7	40	37	85	2835
Unbekannt	17	26	14	33	3943	45	0	0	0	6	0	72	11	53	4220
Gesamt nach Variante	486	813	748	1002	16143	83	559	3	150	556	16	1033	611	286	22489

4 Zusammenfassung aller bisherigen Daten

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.2020 bis 30.04.2021 wurden aus Österreich 26323 SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 4157 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO lineage assignment erfolgte. 22166 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zu Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Abbildung 3 und Abbildung 4 geben einen Überblick über die in Österreich gefundenen Varianten des gesamten Zeitraums 03.04.2020 bis 30.04.2021 sowie deren Häufigkeiten.

Insgesamt wurden 138 in Österreich vorkommende Varianten beschrieben.

Mit 17779 Fällen (67,45 %) 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. Bei 561 Fällen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Bei den anderen 17218 Fällen der Variante B.1.1.7 wurde diese Mutation nicht nachgewiesen.

Bei 1075 Fällen (4,08 %) wurde die Variante B.1.258¹⁹, bei 1151 Fällen (4,37 %) die Variante B.1.258.17²⁰ identifiziert. Bei diesen Varianten handelt es sich um in ganz Europa häufig bestimmte Varianten. Sie weisen eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutation N439K des S-Proteins auf.

Insgesamt 984 Fälle (3,74 %) wurden der Variante B.1.351 zugeordnet, bei dieser handelt es sich um die südafrikanische Variante, sie weist die Mutationen E484K und N501Y auf.

¹⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html

²⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html

Bei 620 Fällen (2,36 %) wurde die Variante R.1²¹ identifiziert (vormals Variante B.1.1.316.1). In dieser Variante findet sich die Mutation E484K. Die Variante B.1.160, eine häufig in Europa vorkommende Variante, wurde bei 834 Fällen (3,17 %) detektiert. Die Variante B.1.525 wurde bei 159 Fällen (0,60 %) detektiert. Diese Variante weist eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutationen E484K und Q677H auf. Die Variante P.1 (Brasilianische Variante) wurde bei 3 Fällen (0,01 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutation im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus.

Bei 83 Fällen (0,32%) wurde die Mutation N501Y gefunden, bei 16 Fällen (0,06 %) die Mutation E484K – die genaue Variante dieser Fälle konnte jedoch nicht eindeutig identifiziert werden.

Insgesamt 611 Fälle (2,32 %) entsprechen der Normvariante. Bei 286 Fällen (1,09 %) konnte auf Basis der vorliegenden Daten keine Zuordnung zu einer Variante vorgenommen werden. Insgesamt 2721 Fälle (10,34 %) wurden sonstigen Varianten zugeordnet. Die „Indischen Variante“ B.1.617 (mit den Untervarianten B.1.617.1, B.1.617.2, B.1.617.3) konnte im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert werden.

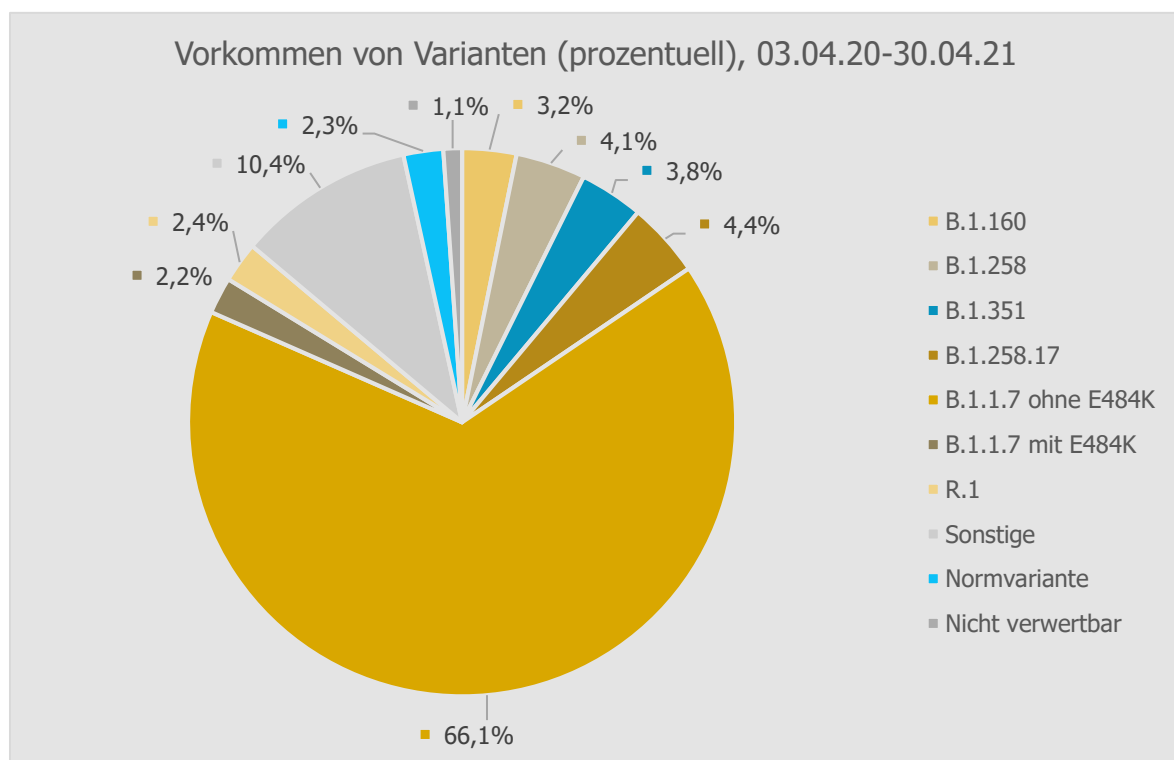


Abbildung 3: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-30.04.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

²¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html

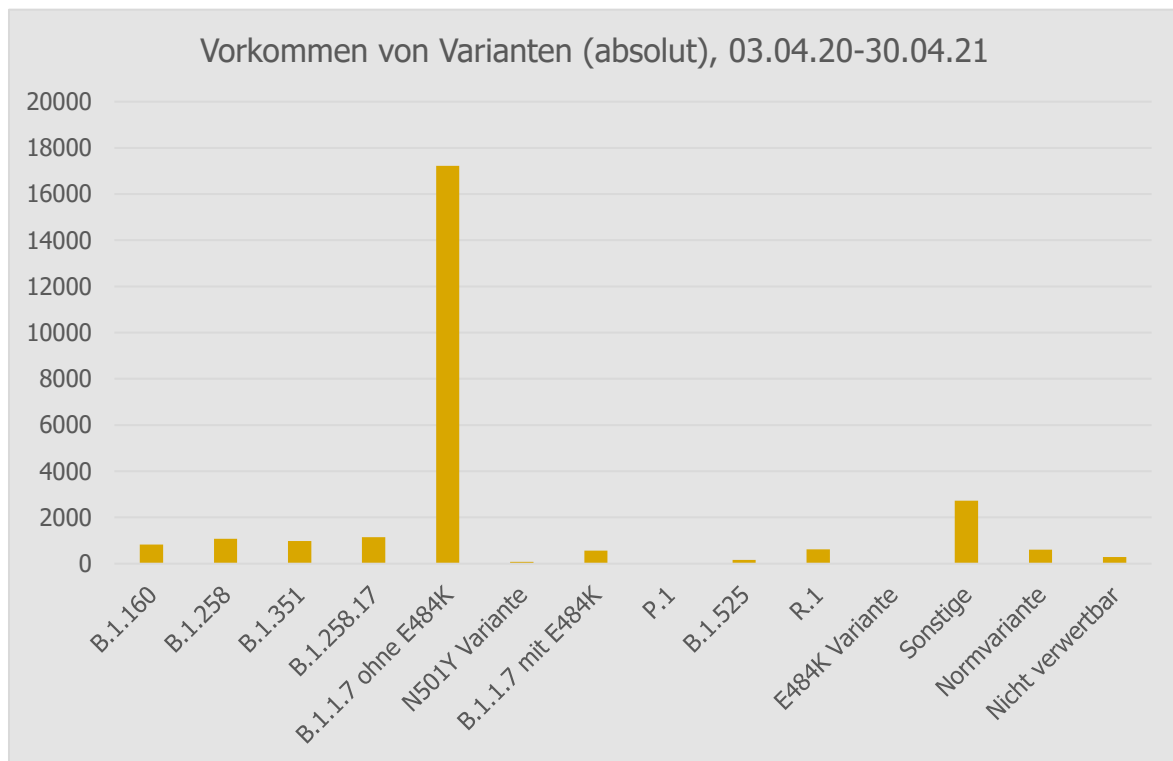


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-30.04.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 30.04.2021 die folgenden gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (17218 Fälle)
- B.1.351 (984 Fälle)
- B.1.1.7 mit E484K (561 Fälle)
- P.1 (3 Fälle)

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

- B.1.525 (159 Fälle)
- P.2 (1 Fall)

Die VOI A.23.1 mit E484K, B.1.1.318, B.1.324.1 mit E484K, P.3, B.1.617 (inkl. Untervarianten B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3) wurden nicht identifiziert.

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.2020 bis 30.04.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 26323 Daten konnten 5141 (19,53 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Tirol liegen mit insgesamt 7240 (27,51 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Wien mit 3661 (13,91 %) und der Steiermark mit 2950 (11,21 %) Datensätzen. Aus Salzburg stammen 2847 (10,82 %), aus Kärnten 1478 (5,62 %), aus Oberösterreich 1076 (4,09 %), aus Niederösterreich 931 (3,54 %), aus dem Burgenland 630 (2,39 %) und aus Vorarlberg 367 (1,39 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.1.7 ist die am häufigsten gefundene Variante pro Bundesland und die einzige, welche in allen Bundesländern gefunden wurde. Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der Mutation E484K wurden am häufigsten aus Tirol mit 534 Fällen gemeldet. Gefolgt von der Steiermark (19), Wien (4), Salzburg (3) und Oberösterreich (1).

Die Variante B.1.351 wurde außerhalb Tirols (689 Fälle) in Wien (183), Salzburg (19) und Steiermark (7), Oberösterreich (4), Niederösterreich (3) und Kärnten (3) gefunden. Zwei der drei Fälle der Variante P.1 stammen aus Tirol, einer aus Wien.

Die 159 Fälle von B.1.525 stammen aus Salzburg (76), Wien (68), Niederösterreich (6), Steiermark (2), Vorarlberg (2) Tirol (2) und Kärnten (1). Bei zwei Fällen ist die Herkunft unbekannt.

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

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-30.04.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.160	B.1.258	B.1.351	B.1.258.17	B.1.1.7 ohne E484K	N501Y Variante	B.1.1.7 mit E484K	P.1	B.1.525	R.1	E484K Variante	P.2	Sonstige	Normvariante	Nicht auswertbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	87	49	0	21	369	1	0	0	0	0	0	0	96	2	5	630
Kärnten	74	167	3	275	638	0	0	0	1	1	0	0	184	124	11	1478
Niederösterreich	100	136	3	7	446	5	0	0	6	7	2	0	130	74	15	931
Oberösterreich	20	40	4	27	885	1	1	0	0	13	0	0	84	0	1	1076
Salzburg	53	98	19	299	1927	0	3	0	76	259	2	0	81	8	22	2847
Steiermark	67	98	7	226	2154	11	19	0	2	10	0	0	228	96	32	2950
Tirol	202	325	689	186	4231	9	534	2	2	0	5	0	792	206	57	7240
Vorarlberg	50	23	0	37	69	0	0	0	2	0	0	0	128	53	5	367
Wien	53	61	183	30	2457	11	4	1	68	314	7	1	349	37	85	3661
Unbekannt	128	78	76	43	4040	45	0	0	2	16	0	0	649	11	53	5141
Ausland	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gesamt nach Variante	834	1075	984	1151	17218	83	561	3	159	620	16	1	2721	611	286	26323

5 Links

www.gisaid.org

www.cov-lineages.org

6 Anhang

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
- 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