




# GISAID Österreich-Report

Nr. 3



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

*des Zeitraums 01.05.21-31.05.21  
und zusammenfassend von 03.04.20-31.05.21*

S. SCHINDLER, P. WANKA, J. KLIKOVITS, A. INDRA, P. HUFNAGL, F. HEGER, F.  
ALLERBERGER

## 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. 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.

In diesem Bericht Nummer 3 sind die Ergebnisse der österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.05.2021 bis 31.05.2021 und zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 31.05.21 angeführt. Sequenzierungsdaten von Laboratorien, welche ihre Ergebnisse nicht auf dieser Datenbank zur Verfügung stellen, sind nicht Teil dieses Berichts.

Seit März 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 27434 SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im Berichtszeitraum des Reports von 01.05.2021 bis 31.05.2021 wurden 1493 Sequenzdatensätze aus Österreich hochgeladen. Sequenzierungsdaten von Laboratorien, welche ihre Ergebnisse nicht auf dieser Datenbank zur Verfügung stellen, sind nicht Teil dieses Berichts.

Im aktuellen Berichtszeitraum (1.5.2021 bis 31.05.2021) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit mit 1246 Einträgen in der Datenbank in 83,5% der Fälle identifiziert. Davon waren 1150 ohne die Mutation E484K, 96 zeigten diese Mutation. Die Variante of Concern (VOC) B.1.351 wurde zu 16, die VOC P.1 zu drei und die VOC B.1.617.2 zu vier Datensätzen zugeordnet. Von den aktuellen VOI nach ECDC wurden sechs Sequenzen der Variante B.1.525 und eine der indischen Variante B.1.617.1 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 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.

This report number 3 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.

Since March 2020, Austrian laboratories have published 27434 SARS-CoV-2 genome data via GISAID. In the reporting period of the report from May 1, 2021 to May 31, 2021, 1493 data sets were uploaded from Austria. Sequencing data from laboratories that do not make their results available on this database are not part of this report.

In the current reporting period (May 1, 2021 to May 31, 2021), variant B.1.1.7 was identified throughout Austria with 1246 entries in the database in 83.5% of the cases. Of these, 1150 were without the mutation E484K, 96 showed this mutation. The variant of concern (VOC) B.1.351 was assigned to 16, the VOC P.1 to three and the VOC B.1.617.2 to four data records. Of the current VOI according to ECDC, six sequences were assigned to variant B.1.525 and one to the Indian variant B.1.617.1.

## 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](http://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), 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.<sup>1</sup>

Das European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) listet derzeit die folgenden Varianten als VOC und VOI:<sup>2</sup>

### Variants of Concern (VOC)

- B.1.1.7<sup>3</sup>
- B.1.1.7 mit E484K
- B.1.351<sup>4</sup>
- P.1<sup>5</sup>
- B.1.617.2<sup>6</sup>

### Variants of Interest (VOI)

- B.1.525<sup>7</sup>
- B.1.427<sup>8</sup>/B.1.429<sup>9</sup>
- P.3<sup>10</sup>
- B.1.616<sup>11</sup>
- B.1.617.1<sup>12</sup>
- B.1.620<sup>13</sup>
- B.1.621<sup>14</sup>

---

<sup>1</sup> 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 04.06.2021]

<sup>2</sup> European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 24 May 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 04.06.2021]

<sup>3</sup> [https://cov-lineages.org/global\\_report\\_B.1.1.7.html](https://cov-lineages.org/global_report_B.1.1.7.html)

<sup>4</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.351.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html)

<sup>5</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_P.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html)

<sup>6</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.617.2.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.html)

<sup>7</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.525.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html)

<sup>8</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.427.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.427.html)

<sup>9</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.429.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.429.html)

<sup>10</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_P.3.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.3.html)

<sup>11</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.616.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.616.html)

<sup>12</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.617.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.1.html)

<sup>13</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.620.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.620.html)

<sup>14</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.621.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.621.html)

## 1.3 PANGO Lineages

---

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak (PANGO) Lineages ist ein Software-Tool, das von Mitgliedern des Rambaut Lab<sup>15</sup> entwickelt wurde. Die zugehörige Webanwendung ([www.cov-lineages.org](http://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

---

<sup>15</sup> 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 dritten Österreich GISAID-Berichtes wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.05.21-31.05.21 (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:<sup>16</sup>

- 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)

---

<sup>16</sup> 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 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 31.05.2021).

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 bisherigen Daten jeweils eine aktualisierte Abfrage aus GISAID. Dieser beinhaltet demnach die aktuellste Version der PANGO-Nomenklatur der jeweiligen Sequenzen. Dies betrifft nur die Datensätze, welche Ganzgenomdaten beinhalten. Bei den S-Genom-Daten erfolgte keine neue Abfrage und manuelle Zuordnung zur Lineage.



### 3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

---

#### 3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

---

Im Zeitraum vom 01.05.2021 bis 31.05.2021 wurden aus Österreich insgesamt 1493 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt.

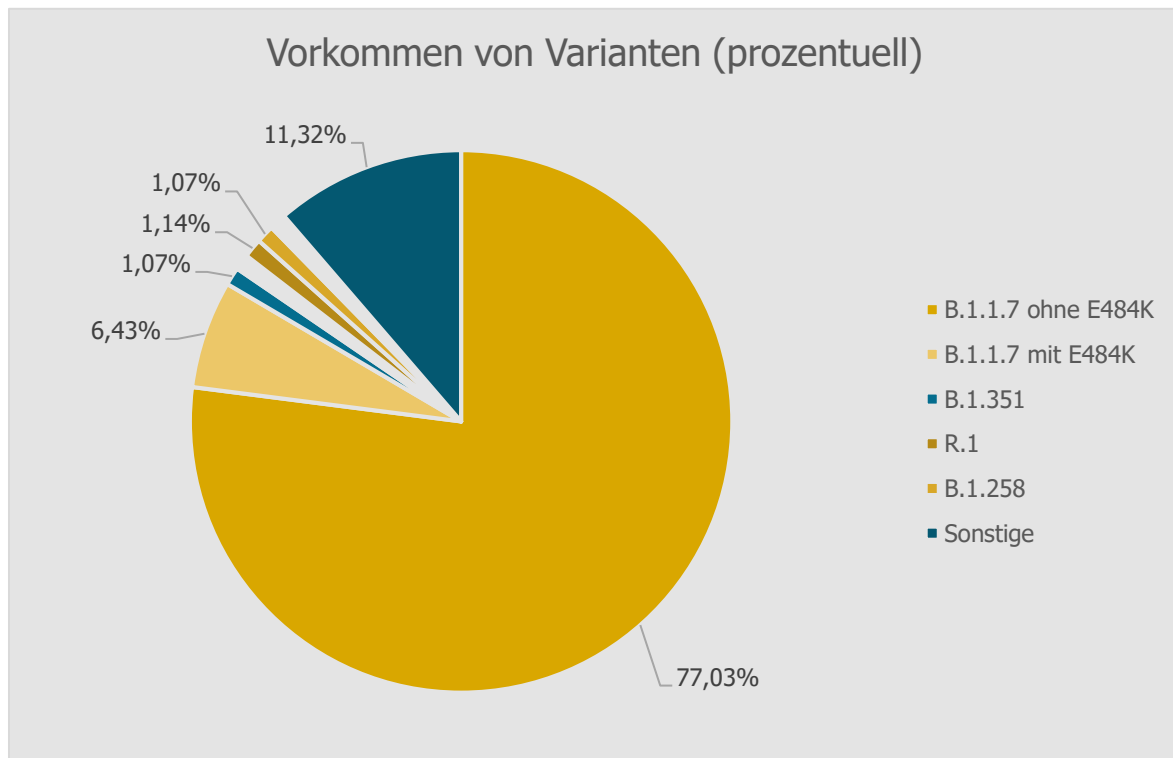


Abbildung 1 und Abbildung 2 geben einen Überblick über die in Österreich berichteten Varianten in diesem Berichtszeitraum sowie deren Häufigkeiten.

Mit 1246 Datensätzen (83,46 %) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit am häufigsten identifiziert. Es handelt es sich dabei um die sogenannte britische Variante mit der Spike-Gen (S-Gen) Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren H69 und V70 des Spike-Proteins. Bei 96 Datensätzen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K im Spike-Gen. Bei den anderen 1150 Genomdaten der Variante B.1.1.7 wurde diese Mutation nicht nachgewiesen. Dies entspricht 6,43 % bzw. 77,03 % aller Datensätze.

Insgesamt 16 Genomsequenzen (1,07 %) wurden der Variante B.1.351 zugeordnet, bei dieser handelt es sich um die südafrikanische Variante. Diese weist unter anderem die Mutationen E484K und N501Y des Spike-Gens auf.

Bei 16 Datensätzen (1,07 %) wurde die Variante B.1.258<sup>17</sup>, bei 14 (0,94 %) die Variante B.1.258.17<sup>18</sup> identifiziert. Bei diesen Varianten handelt es sich um in ganz Europa häufig gefundene Varianten. Sie weisen eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutation N439K des S-Proteins auf und sind von der ECDC nicht als VOC oder VOI gelistet.

Bei 17 Datensätzen (1,14 %) wurde die Variante R.1<sup>19</sup> identifiziert (vormals Variante B.1.1.316.1). In dieser Variante findet sich die Mutation E484K. Die Variante B.1.525 wurde 6 Genomsequenzen (0,40 %) zugeordnet. 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 Datensätzen (0,2 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus. Die Variante B.1.526<sup>20</sup> wurde bei einem Datensatz (0,07 %) gefunden. Bei dieser handelt es sich um eine Variante, die bisher hauptsächlich in New York nachgewiesen werden konnte und die Mutation E484K im S-Gen trägt.

Die Variante B.1.617.2 – eine von bisher drei sogenannten „Indischen Varianten“ – wurde bei vier Genomsequenzen (0,27 %) identifiziert. Sie zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor (siehe Punkt 5.1.1). Die Variante B.1.617.1 wurde einmal (0,07 %) gefunden. Bei ihr können die Mutationen P681R, L452R und E484Q vorliegen.

Insgesamt 169 Datensätze (11,32 %) als „Sonstige“ zusammengefasst.

---

<sup>17</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.258.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html)

<sup>18</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.258.17.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html)

<sup>19</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_R.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html)

<sup>20</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.526.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.526.html)

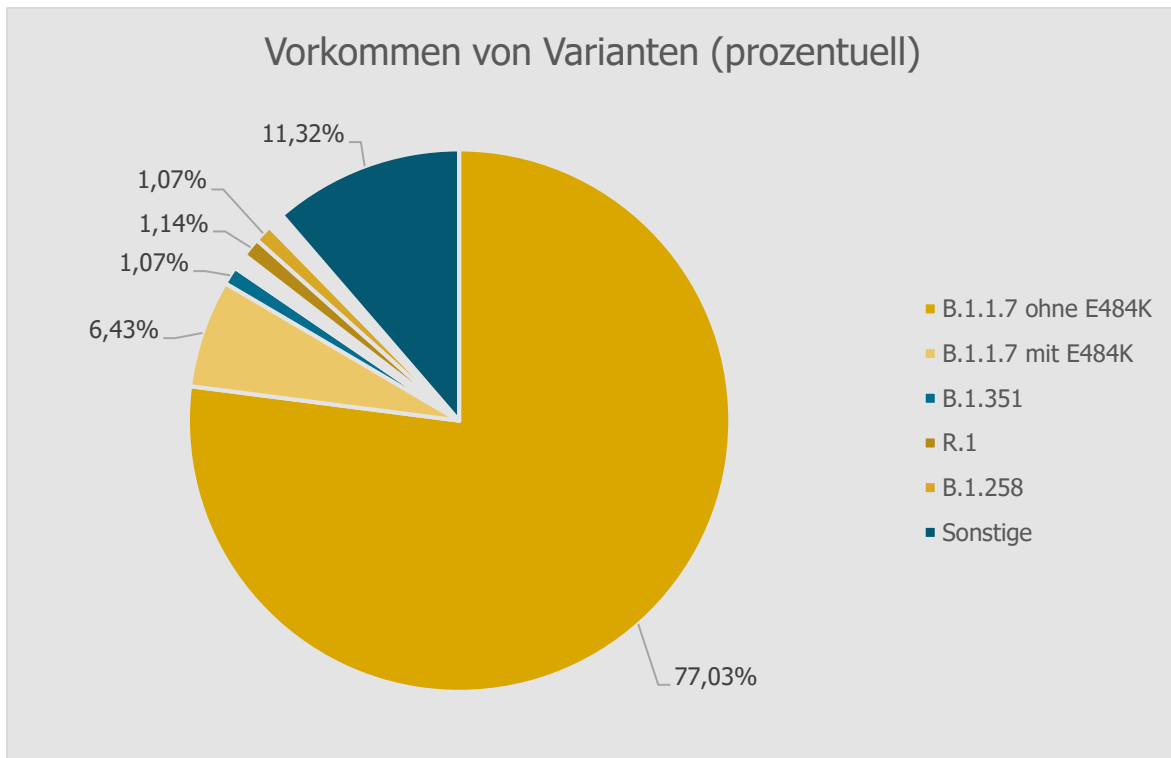


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 01.05.21-31.05.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 1,0 %)

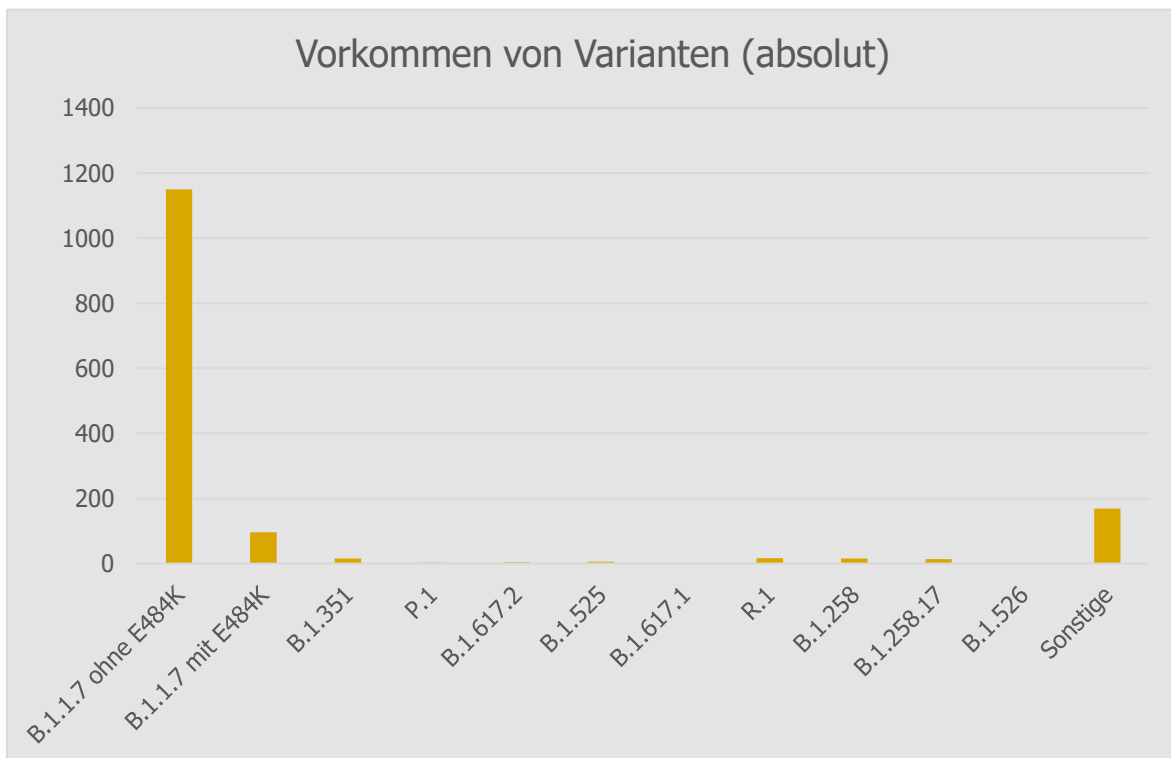


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten in Österreich 01.05.21-31.05.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

## 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 (01.05.21-31.05.21) folgende gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (1150)
- B.1.1.7 mit E484K (96)
- B.1.351 (16)
- P.1 (3)
- B.1.617.2 (4)

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of Interest konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (01.05.21-31.05.21) folgende gefunden werden:

- B.1.525 (6)
- B.1.617.1 (1)

Die Variants of Interest B.1.427, B.1.429, P.3, B.1.616, 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 01.05.2021 bis 31.05.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 1493 Daten konnten 25 (1,67 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 369 (24,72 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 276 (18,49 %) und Oberösterreich mit 188 (12,59 %) Datensätzen. Aus Niederösterreich stammen 162 (10,85 %), aus der Steiermark 122 (8,17 %), aus Kärnten 114 (7,64 %), aus Vorarlberg 110 (7,37 %), aus Salzburg 92 (6,16 %) und aus dem Burgenland 35 (2,34 %) Genomdaten.

In allen Bundesländern ist die Variante B.1.1.7 (ohne E484K) die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland. Nur die Variante B.1.1.7 ohne E484K wurde aus allen Bundesländern berichtet.

Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der Mutation E484K wurden am häufigsten aus Tirol mit 92 Genomdaten gemeldet. Darüber hinaus wurde diese Variante in der Steiermark (2), in Salzburg (1) und in Wien (1) identifiziert.

Die Variante B.1.351 („Südafrikanische Variante“) wurde 13 Mal in Wien, zwei Mal in Tirol und einmal in Oberösterreich identifiziert. Sequenzen der brasilianische Variante P.1 wurde drei Mal hochgeladen. Zwei dieser drei Datensätze der Variante P.1 stammen aus Tirol, einer aus Wien.

Vier der auf GISAID hochgeladenen Datensätze wurden der Variante B.1.617.2 zugeordnet. Zwei davon stammen aus Wien, je einer Proben aus Oberösterreich und der Steiermark. Die Variante B.1.617.1 wurde einmal in Wien gefunden. Die sechs Datensätze von B.1.525 stammen aus Salzburg (5) und Oberösterreich (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 die Genomdaten dieser Fälle doppelt auf GISAID hochgeladen wurden.

Tabelle 1: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 01.05.21-31.05.21 (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	R.1	B.1.258	B.1.258.17	B.1.526	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	31	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	3	35
Kärnten	83	0	0	0	0	0	0	3	2	5	0	21	114
Niederösterreich	126	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	34	162
Oberösterreich	165	0	1	0	1	1	0	3	2	3	0	12	188
Salzburg	70	1	0	0	0	5	0	10	0	1	0	5	92
Steiermark	96	2	0	0	1	0	0	0	4	0	0	19	122
Tirol	145	92	2	2	0	0	0	0	0	3	0	32	276
Vorarlberg	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	110
Wien	303	1	13	1	2	0	1	1	5	2	1	39	369
Unbekannt	24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	25
Gesamt nach Variante	1150	96	16	3	4	6	1	17	16	14	1	169	1493

## 4 Zusammenfassung

---

### 4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

---

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.2020 bis 31.05.2021 wurden aus Österreich 27434 SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 5554 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 21880 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zu Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte. Nicht auswertbare Datensätze wurden nicht in den Bericht miteinbezogen.

Abbildung 3 und Abbildung 4 geben einen Überblick über die in Österreich gefundenen Varianten des gesamten Zeitraums 03.04.2020 bis 31.05.2021 sowie deren Häufigkeiten.

Mit 19007 Datensätzen (69,28 %) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 653 Genomsequenzen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K.

Insgesamt 999 Datensätze (3,64 %) wurden der Variante B.1.351 zugeordnet. Die Variante P.1 (Brasilianische Variante) wurde bei 6 Datensätzen (0,02 %) identifiziert. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutation im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus.

Von den drei sogenannten „Indischen Varianten“ wurde eine Genomsequenz der Variante B.1.617.1 und vier der Variante B.1.167.2 zugeordnet. Die Variante B.1.617.3 wurde bisher aus Österreich nicht auf GISAID hochgeladen.

Die Variante B.1.525 wurde bei 162 Genomdaten (0,59 %) detektiert. Diese Variante weist eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutationen E484K und Q677H auf. Je ein Datensatz wurde den VOI B.1.427 und B.1.620 zugeordnet.

Bei 1097 Genomsequenzen (4,00 %) wurde die Variante B.1.258<sup>21</sup>, bei 1157 Fällen (4,22 %) die Variante B.1.258.17<sup>22</sup> 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.

Die Variante B.1.160, eine häufig in Europa vorkommende Variante, wurde bei 839 Fällen (3,06 %) detektiert.

Insgesamt 611 Genomsequenzen (2,23 %) wurden als „Normvariante“ ohne auffällige Mutationen im S-Gen auf GISAID hochgeladen. Insgesamt 3549 Datensätze (12,94 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet. Innerhalb dieser wurde bei 83 Daten die Mutation N501Y, bei 11 Daten die Mutation E484K gefunden – die genaue Variante dieser Datensätze konnte aufgrund schlechter Sequenzqualität nicht identifiziert werden.

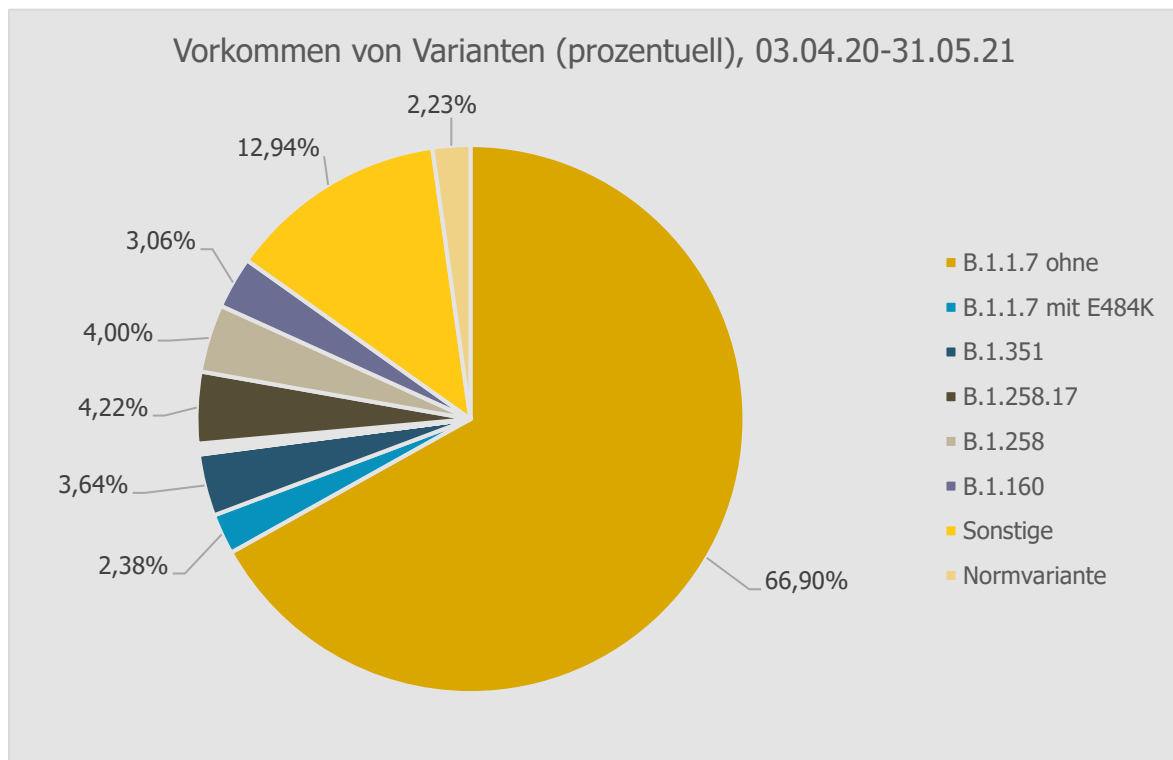


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-31.05.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

<sup>21</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.258.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html)

<sup>22</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.258.17.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html)



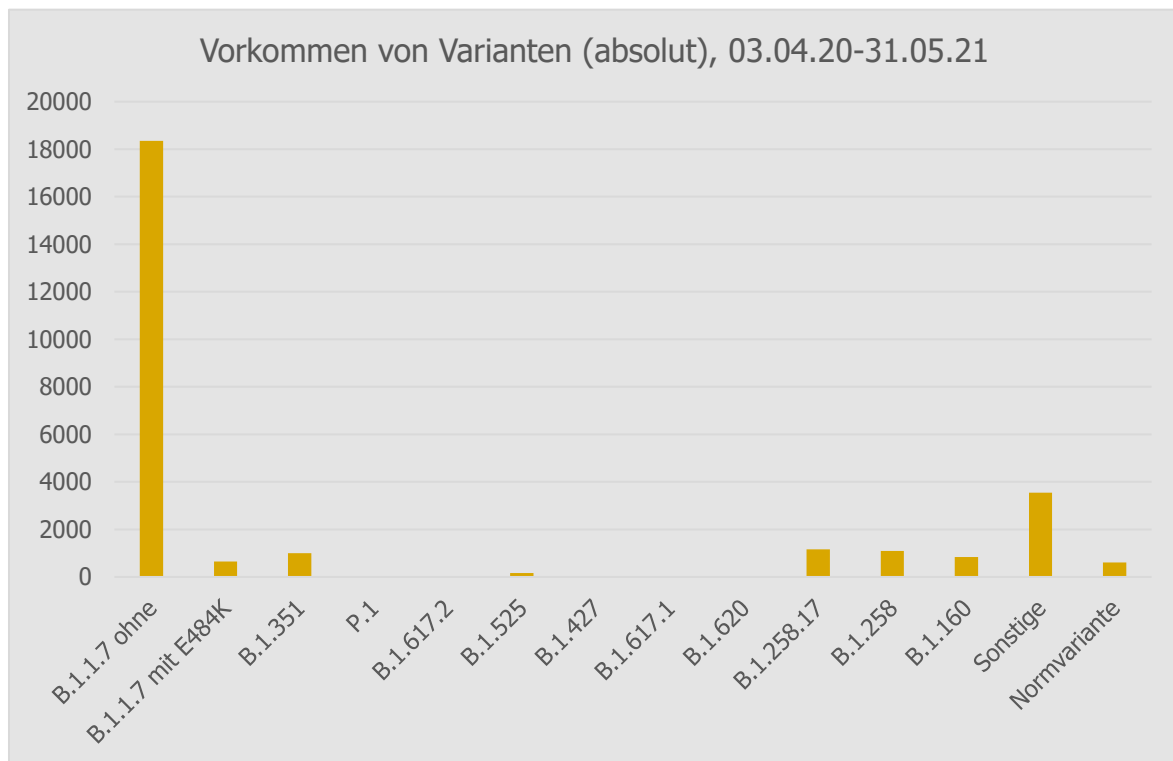


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-31.05.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

## 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 31.05.2021 die folgenden gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (18354)
- B.1.1.7 mit E484K (653)
- B.1.351 (999)
- P.1 (6)
- B.1.617.2 (4)

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

- B.1.525 (162)
- B.1.427 (1)
- B.1.617.1 (1)
- B.1.620 (1)

## 4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

---

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.2020 bis 31.05.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 27434 Daten konnten 5114 (18,38 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Tirol liegen mit insgesamt 7437 (27,11 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Wien mit 3929 (14,32 %) und der Steiermark mit 3033 (11,06 %) Datensätzen. Aus Salzburg stammen 2913 (10,62 %), aus Kärnten 1573 (5,73 %), aus Oberösterreich 1256 (4,58 %), aus Niederösterreich 1054 (3,84 %), aus dem Burgenland 655 (2,39 %) und aus Vorarlberg 468 (1,71 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.1.7 ist die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland. Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der S-Gen Mutation E484K wurden am häufigsten aus Tirol mit 623 Fällen gemeldet. Gefolgt von der Steiermark (21), Wien (5), Salzburg (3) und Oberösterreich (1).

Die Variante B.1.351 wurde außerhalb Tirols (690 Fälle) in Wien (196), Salzburg (19) und Steiermark (7), Oberösterreich (5), Niederösterreich (3) und Kärnten (3) gefunden. Vier der sechs Fälle der Variante P.1 wurden dem Bundesland Tirol zugeordnet, zwei Wien – Bei diesen handelt es sich vermutlich um jeweils doppelt sequenzierte und auf GISAID hochgeladene Datensätze von insgesamt drei Proben.

Die 162 Datensätze, die der Variante B.1.525 zugeordnet wurden, stammen aus Salzburg (81), Wien (68), Niederösterreich (4), Steiermark (2), Kärnten (2), Vorarlberg (1), Oberösterreich (1) und Tirol (1). Bei zwei Fällen ist die Herkunft unbekannt.

Zwei Datensätze der Variante B.1.617.2 stammen von Proben aus Wien und je einer aus der Steiermark und Oberösterreich. Jener Datensatz, der der Variante B.1.617.1 zugeordnet wurde entstammt einer Wiener Probe.

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 diese Fälle doppelt auf GISAID hochgeladen wurden.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-31.05.21 (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.1.427	B.1.617.1	B.1.620	B.1.258.17	B.1.258	B.1.160	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	398	0	0	0	0	0	0	0	0	20	50	86	99	655
Kärnten	717	0	3	0	0	2	0	0	0	277	171	74	205	1573
Niederösterreich	581	0	3	0	0	4	0	0	0	7	138	102	145	1054
Oberösterreich	1047	1	5	0	1	1	0	0	0	29	42	20	110	1256
Salzburg	1994	3	19	0	0	81	0	0	1	299	102	52	354	2913
Steiermark	2250	21	7	0	1	2	1	0	0	225	102	67	261	3033
Tirol	4372	623	690	4	0	1	0	0	0	189	325	202	825	7437
Vorarlberg	174	0	0	0	0	1	0	0	0	36	23	51	130	468
Wien	2755	5	196	2	2	68	0	1	0	32	66	57	708	3929
Unbekannt	4064	0	76	0	0	2	0	0	0	43	78	128	712	5114
Ausland	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Gesamt nach Variante	18354	653	999	6	4	162	1	1	1	1157	1097	839	3549	27434

## 5 Sonstiges

---

In diesem Kapitel werden neue Informationen und Erkenntnisse zu den Themen Mutationen und SARS-CoV-2 Virusvarianten angeführt. Im Kapitel 5.1 werden spezielle Informationen in Bezug auf das Vorscreening-Verfahren für untersuchende Laboratorien eingegangen. In Kapitel 5.2 finden sich allgemeine Hinweise und Erkenntnisse.

### 5.1 Vorscreening

---

#### 5.1.1 Mutationen der Varianten B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3

---

Die sogenannte „indische Variante“ wird in drei Lineages – B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3 – unterteilt und konnte kürzlich vermehrt in europäischen Ländern, so auch in Österreich, nachgewiesen werden.

Alle drei Varianten zeigen die Spike-Gen Mutation L452R und P681R. Nur für die Varianten B.1.617.1 und B.1.617.3 ist die Mutation E484Q im S-Gen charakteristisch. Keine der drei zeigt eine Mutation an Aminosäureposition 501 des S-Gens. Die derzeit vorliegenden S-Gen-Sequenzierungsdaten des IMBA (Elling group, Institute of Molecular Biotechnology, Vienna) zeigen klar, dass bei Proben, die im Vorscreening **negativ auf N501Y und positiv auf P681R** getestet wurden, von einer Indischen Variante ausgegangen werden kann. Eine positive Testung durch Schmelzpunkt-PCR auf L452R in Kombination mit einem negativen PCR-Ergebnis auf N501Y ist hierfür nicht eindeutig genug.

Aus diesem Grund sollten SARS-CoV-2 Proben, die im Vorscreening **negativ auf E484K sowie N501Y getestet wurden, zusätzlich durch Schmelzpunkt-PCR auf P681H getestet werden** (bei Vorliegen der Mutation P681R zeigt sich in dieser eine Verschiebung der Schmelzpunkt-Kurve), um eine der indischen Varianten nicht zu übersehen.

In der Abbildung 5 wird das Vorkommen relevanter Mutationen in den Indischen Varianten B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3 dargestellt.

	B.1.617.1	B.1.617.2	B.1.617.3
N501Y	-	-	-
T19R	-	+*	+*
E154K	+*	-	-
E156G	-	+*	+/-
Δ157/158	-	+*	+/-
L452R	+	+	+
T478K	-	+	-
E484Q	+	-	+
P681R	+	+	+
D950N	-	+	+*

Abbildung 5: Mutationen der Varianten B.1.617 (Indische Variants of Interest)

„+“ = >90% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

„+\*“ = 67-90% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

„+/-“ = 33-66% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

„-“ = weniger als 10% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

## 5.1.2 Mutationen der Varianten B.1.1.318 und R.1

Bei den Varianten B.1.1.318 sowie R.1 handelt es sich um zwei Varianten, die in Österreich kürzlich häufiger aufgetreten sind. Sie zeigen eine E484K Mutation, jedoch keine für die Südafrika und Brasilien Varianten typische N501Y Mutation. Die Variante R.1 konnte bereits in zahlreichen Ländern weltweit nachgewiesen werden.

Die Variante B.1.1.318 wurde erstmals im Vereinigten Königreich bestätigt und trägt neben der E484K Mutation auch eine P681H Mutation im S-Gen. Im Zuge von routinemäßigen Sequenzierungen konnte die Variante kürzlich in 7 Fällen in zwei niederösterreichischen Flüchtlingsbetreuungsstellen sowie in 2 Fällen in Proben aus Wien nachgewiesen werden. Diese sogenannte Europäische Lineage wird von ECDC als Variant under Monitoring gelistet<sup>23</sup>.

In der Abbildung 6 wird das Vorkommen relevanter Mutationen in den Varianten R.1 und B.1.1.318 dargestellt.

<sup>23</sup> European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 24 May 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 26.05.2021]

	R.1	B.1.1.318
T95I	-	+
ΔH69/V70	-	-
ΔY144	-	+*
W152L	+	-
K417N	-	-
E484K	+	+
N501Y	-	-
D614G	+	+
P681H	-	+
G769V	+	-
D796H	-	+
V1176F	-	-

Abbildung 6: Mutationen der Varianten R.1 und B.1.1.318

„+“ = >98% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

„+\*“ = 80-90% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

„-“ = <10% aller sequenzierten Varianten zeigen diese Mutation/Deletion

## 5.2 Sonstiges – Allgemeines

---

### 5.2.1 B.1.1.7 – Mutationsmuster

---

Die auf GISAID hochgeladenen Genomsequenzen, welche nach PANGO Lineage Assignment der Variante B.1.1.7 zugeordnet werden, weisen oftmals zusätzliche Mutationen auf. Bei den Spike-Gen-Mutationsmustern aller österreichischer B.1.1.7 Genomdaten wurden die folgenden drei Mutationsmuster am häufigsten identifiziert:

- H69del, V70del, Y144del, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I  
(im Folgenden verkürzt "B.1.1.7 V1" genannt)
- H69del, V70del, Y144del, E484K, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I  
(im Folgenden verkürzt "B.1.1.7 V1 mit E484K" genannt)
- H69del, V70del, Y144del, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716V  
(im Folgenden verkürzt "B.1.1.7 V2" genannt)

Das Mutationsprofil B.1.1.7 V1 unterscheidet sich vom Mutationsprofil B.1.1.7 V1 mit Spike E484K nur durch das zusätzliche Vorhandensein der Mutation E484K, vom Mutationsprofil B.1.1.7 V2 durch die Mutation T716I anstatt T716V.

Abbildung 7 zeigt, dass das Mutationsprofil B.1.1.7 V1 mit 43 % am häufigsten aus dem Bundesland Tirol berichtet wurde. Das Mutationsprofil B.1.1.7 V1 mit E484K kommt mit 94 % fast ausschließlich in Tirol vor. Das Mutationsprofil B.1.1.7 V2 stammt zu 61 % aus Wien.

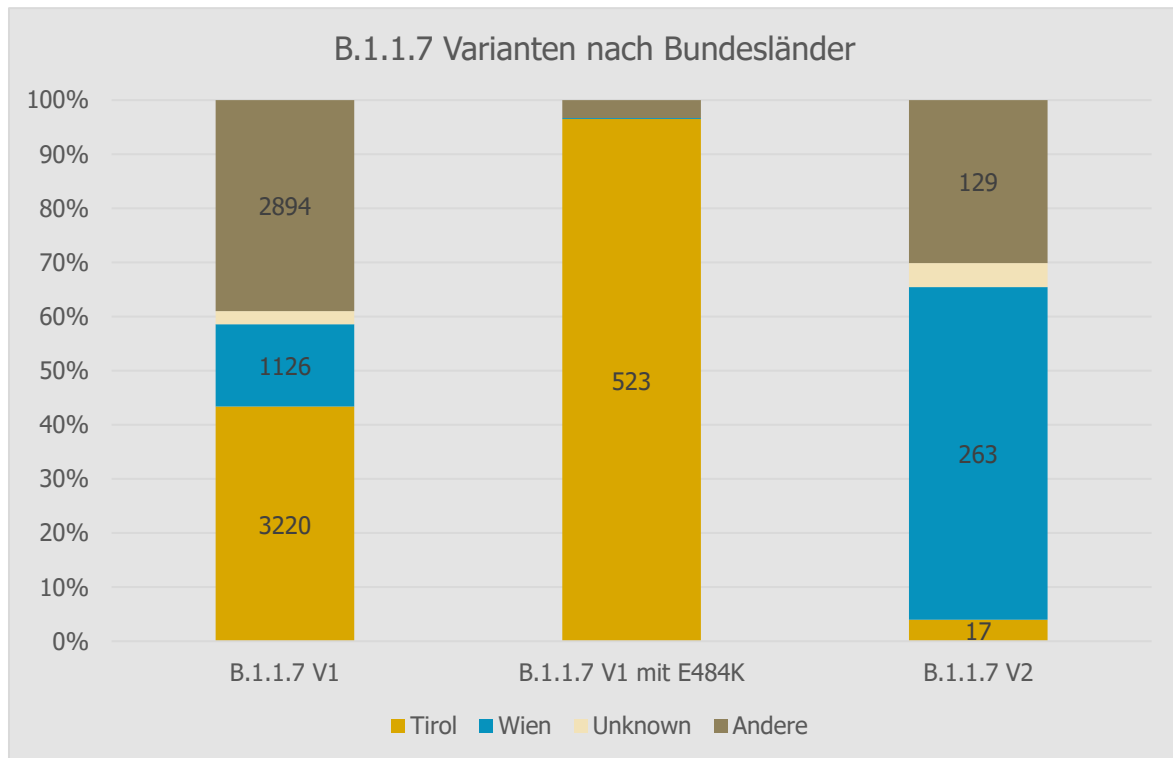


Abbildung 7: B.1.1.7 Varianten nach Bundesländern

Abbildung 8 zeigt das Auftreten der oben genannten Mutationsprofile in Tirol nach Kalenderwochen. Das Mutationsprofil „B.1.1.7 V1 mit E484K“ trat erstmals in der KW 10 auf. Zeitgleich ging die Anzahl (relativen Zahlen) der Datensätze mit dem Mutationsprofil B.1.1.7 V1 ohne E484K zurück.

Das gehäufte Vorkommen der „B.1.1.7 V1 mit E484K“ Mutante in Tirol, lässt auf eine lokale Entstehung dieser Variante schließen. Ganzgenomanalysen dieser Stämme werden in Zukunft genauere Antworten geben.

Der Rückgang der Anzahl an „B.1.1.7 mit E484K“ ab KW12 liefert einen Hinweis auf die erfolgreichen österreichweiten Maßnahmen, die durch die Sequenzdaten bestätigt werden.

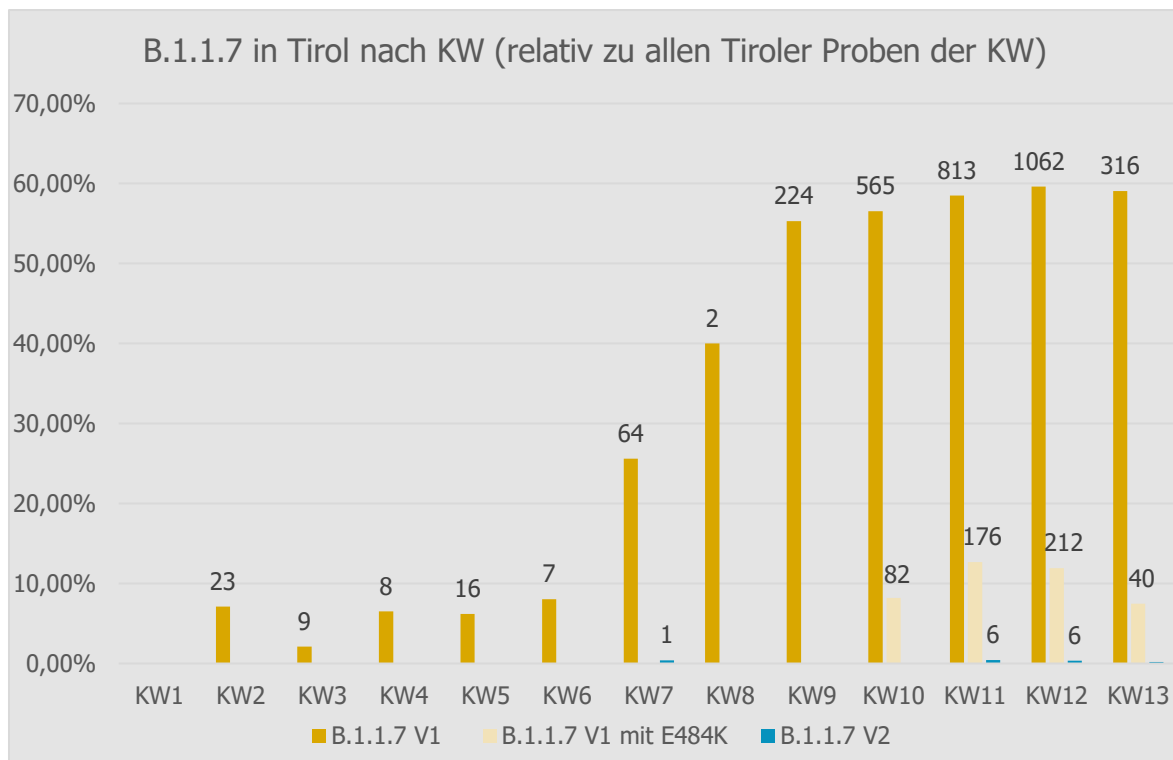


Abbildung 8: B.1.1.7 Varianten in Tirol nach KW (relativ zu allen Tiroler Proben der jeweiligen KW, mit Hinweis auf die absoluten Zahlen)

## 5.2.2 WHO-Nomenklatur

Da die Benennung neuer SARS-CoV-2-Virusvarianten nach den Ländern, in welchen ein erstes Auftreten festgestellt wurde, als diskriminierend eingestuft wurde, empfiehlt die WHO ein neues Nomenklatorsystem<sup>24</sup>. Dieses verwendet Buchstaben aus dem griechischen Alphabet und soll ab dem nächsten GISAID-Bericht berücksichtigt werden.

## 6 Links

[www.gisaid.org](http://www.gisaid.org)

[www.cov-lineages.org](http://www.cov-lineages.org)

<sup>24</sup> Neue SARS-CoV-2 Nomenklatur der WHO, verfügbar unter: <https://www.who.int/news/item/31-05-2021-who-announces-simple-easy-to-say-labels-for-sars-cov-2-variants-of-interest-and-concern> [Zuletzt abgerufen am 04.06.2021]



## 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