




GISAID Österreich-Report

Nr. 4



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

*des Zeitraums 01.06.21-30.06.21
und zusammenfassend von 03.04.20-30.06.21*

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

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 4 sind die Ergebnisse der österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.06.2021 bis 30.06.2021 und zusammenfassend für die Periode 03.04.2020 bis 30.06.2021 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 28520 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im Berichtszeitraum des Reports von 01.06.2021 bis 30.06.2021 wurden 1086 auswertbare 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 (01.06.2021 bis 30.06.2021) wurde die Variante B.1.1.7 österreichweit mit 813 Einträgen in der Datenbank in 74,86 % der Genomdaten identifiziert und ist damit die vorherrschende Variante. Darüber hinaus zeigt sich ein Anstieg der Variante B.1.617.2 (Delta) auf aktuell 79 Daten (7,27 %), von denen der Großteil (73) aus Wien stammt (Vormonat: 4 Datensätze, 0,01 %). Die Variante of Concern (VOC) B.1.351 (Beta) wurde zu 6 und die VOC P.1 (Gamma) zu 17 Datensätzen zugeordnet.

Schlüsselwörter

GISAID, SARS-CoV-2, Genomdaten, Ganzgenomsequenzierung, Genomsequenzierung, Datenbank

Summary

GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) is a global science initiative with the aim of achieving free access and availability of genome data on influenza 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 4 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from June 1st, 2021 to June 30th, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to June 30th, 2021. 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 28520 SARS-CoV-2 genome data via GISAID. In the reporting period of the report from June 1st, 2021 to June 30th, 2021, 1086 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 (June 1st, 2021 to June 30th, 2021), variant B.1.1.7 was identified throughout Austria with 813 entries in the database in 74.86% of the genome data, remaining it the predominant variant. In addition, there is an increase in variant B.1.617.2 (Delta) to currently 79 data (7.27%), most of which (73) come from Vienna (previous month: 4 data sets, 0.01%). The variant of concern (VOC) B.1.351 (Beta) was assigned to 6 and the VOC P.1 (Gamma) to 17 data records.

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), 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.¹

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

Variants of Concern (VOC)

- B.1.1.7³ (Alpha)
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K)
- B.1.351⁴ (Beta)
- P.1⁵ (Gamma)
- B.1.617.2⁶ (Delta)

Variants of Interest (VOI)

- B.1.525⁷ (Eta)
- B.1.427⁸/B.1.429⁹ (Epsilon)
- P.3¹⁰ (Theta)
- B.1.616¹¹
- B.1.617.1¹² (Kappa)
- B.1.620¹³
- B.1.621¹⁴

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 30.06.2021]

² European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 24 June 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 30.06.2021]

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_B.1.617.2.html

⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html

⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.427.html

⁹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.429.html

¹⁰ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.3.html

¹¹ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.616.html

¹² https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.1.html

¹³ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.620.html

¹⁴ 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 Lab¹⁵ 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

¹⁵ 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 vierten Österreich GISAID-Berichtes wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.06.2021-30.06.2021 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen.

Diese Daten entstammen Verfahren der Ganzgenomsequenzierung, sie 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:¹⁶

- 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)
- 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.

¹⁶ Von der Auswahl ausgenommen wurden wenig differenzierte Varianten (wie z.B. B.1, A.1)

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 30.06.2021).

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 01.06.2021 bis 30.06.2021 wurden aus Österreich insgesamt 1086 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 813 Datensätzen (74,86 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Es handelt es sich dabei um eine Variante mit der Spike-Gen (S-Gen) Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren H69 und V70 des Spike-Proteins. Bei 12 Datensätzen, die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K im Spike-Gen. Bei den anderen 801 Genomdaten der Variante B.1.1.7 wurde diese Mutation nicht nachgewiesen. Dies entspricht 1,10 % bzw. 73,76 % aller Datensätze.

Die Variante B.1.617.2 (Delta) wurde bei 79 Genomsequenzen (7,27 %) identifiziert. Sie zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor. Die Varianten B.1.617.1 (Kappa) und B.1.617.3 wurden nicht gefunden.

Bei 48 Datensätzen (4,42 %) wurde die Variante B.1.623¹⁷ gefunden. Bei dieser handelt es sich um eine hauptsächlich in den USA auftretende Variante mit den Mutationen N501Y und E484K des S-Gens. 24 Datensätze (2,21 %) wurden der Variante B.1.1.318¹⁸ zugeordnet. Diese ist eine vor allem in den USA und Europa häufig auftretende Variante, welche unter anderem die Mutation E484K des S-Gens trägt. Keine der beiden ist vom ECDC als VOC oder VOI gelistet.¹⁹

Die Variante C.36.3 wurde insgesamt 20 Datensätzen (1,84 %) zugeordnet. Die SARS-CoV-2-Variante C.36 – mit ihren Sublineages C.36.1, C.36.2, C.36.3 und C.36.3.1 – wurde in Österreich kürzlich vermehrt durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt. Die Sublineage C.36.3 trägt die Mutation L452R im S-Gen. C.36.3 wird

¹⁷ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.623.html

¹⁸ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.318.html

¹⁹ European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 24 June 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 30.06.2021]

vom ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) als sogenannte „Variant under Monitoring“ gelistet.²⁰

Die Variante P.1 (Gamma) wurde bei 17 Datensätzen (1,57 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus.

Insgesamt sechs Genomsequenzen (0,55 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta) zugeordnet. Diese weist unter anderem die Mutationen E484K und N501Y des Spike-Gens auf.

Je ein Datensatz wurden den Variants of Interest B.1.525 (Eta) und B.1.621 zugeordnet (je 0,09 %). Die Variante B.1.525 weist eine Deletion der Aminosäuren H69 und V70 sowie die Mutationen E484K und Q677H auf. B.1.621 kommt in Amerika und Europa vor und weist diverse Spike-Gen-Mutationen auf.

Insgesamt 77 Datensätze (7,09 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

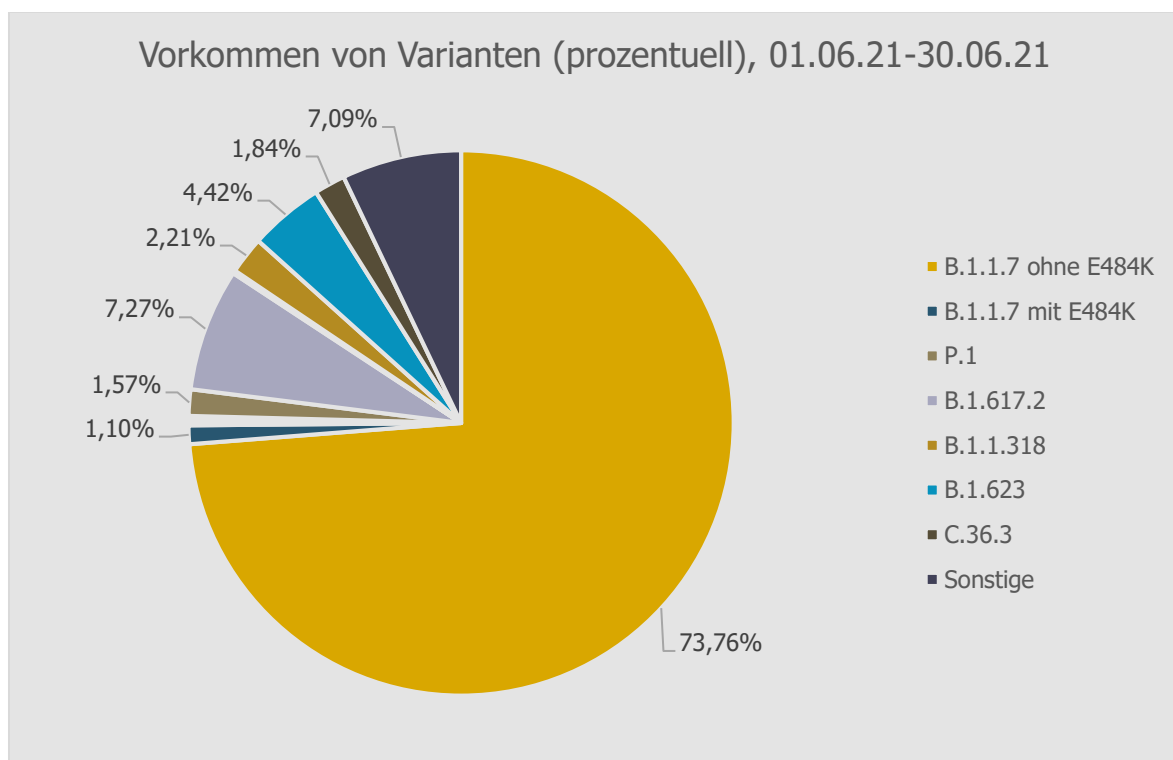


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 01.06.21-30.06.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 1,0 %)

²⁰ European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 24 June 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 30.06.2021]

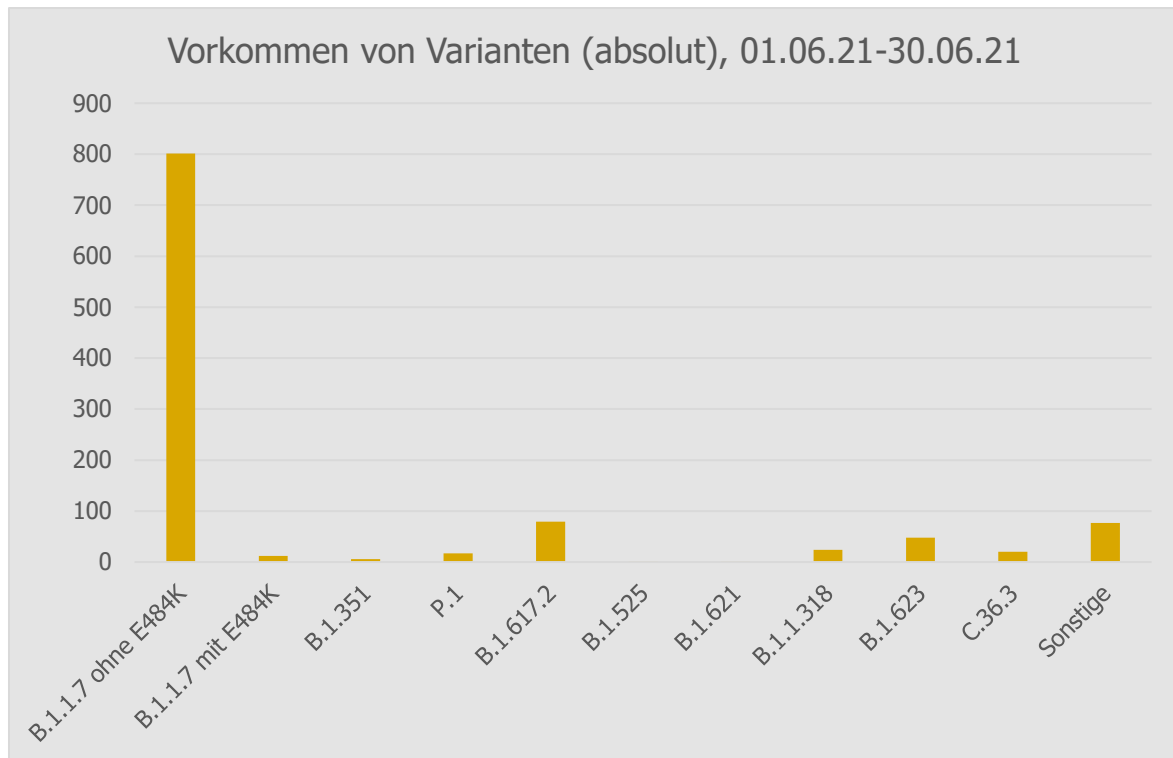


Abbildung 2: Vorkommen der Varianten in Österreich 01.06.21-30.06.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 (01.06.2021-30.06.2021) folgende gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (Alpha): 801
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha): 12
- B.1.351 (Beta): 6
- P.1 (Gamma): 17
- B.1.617.2 (Delta): 79

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of Interest konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (01.06.2021-30.06.2021) folgende gefunden werden:

- B.1.525 (Eta): 1
- B.1.621: 1

Die Variants of Interest B.1.427/B.1.429 (Epsilon), P.3 (Theta), B.1.616, B.1.617.1 (Kappa) und B.1.620 wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 1 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 01.06.2021 bis 30.06.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 1086 Daten konnten 39 (3,59 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Wien liegen mit insgesamt 582 (53,59 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Vorarlberg mit 118 (10,87 %) und Kärnten mit 109 (10,04 %) Datensätzen. Aus Oberösterreich stammen 66 (6,08 %), aus Tirol 63 (5,80 %), aus Niederösterreich 39 (3,59 %), aus dem Burgenland 26 (2,39 %), aus Salzburg 25 (2,30 %) und aus der Steiermark 19 (1,75 %) Genomdaten.

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

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde sechs Mal in Wien und sonst in keinem Bundesland identifiziert. Sequenzen der brasilianische Variante P.1 (Gamma) wurden 17 Mal hochgeladen – Sieben Mal aus Tirol, fünf Mal aus Wien, vier Mal aus Vorarlberg und einmal aus Kärnten.

79 der auf GISAID hochgeladenen Datensätze wurden der Variante B.1.617.2 (Delta) zugeordnet. 73 davon stammen aus Wien, je zwei Daten aus Tirol und Vorarlberg, eine aus Salzburg und bei einer ist die Herkunft unbekannt.

Der Datensatz, welcher der Variante B.1.525 (Eta) zugeordnet wurde, entstammt einer Tiroler Probe, jener der der Variante B.1.621 zugeordnet wurde einer Wiener Probe.

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 01.06.21-30.06.21 (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.1.621	B.1.1.318	B.1.623	C.36.3	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	25	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26
Kärnten	53	0	0	1	0	0	0	7	0	0	48	109
Niederösterreich	28	1	0	0	0	0	0	9	0	0	1	39
Oberösterreich	53	0	0	0	0	0	0	1	0	10	2	66
Salzburg	21	0	0	0	1	0	0	0	0	2	1	25
Steiermark	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19
Tirol	42	2	0	7	2	1	0	0	0	0	9	63
Vorarlberg	58	0	0	4	2	0	0	2	48	0	4	118
Wien	469	8	6	5	73	0	1	3	0	7	10	582
Unbekannt	33	0	0	0	1	0	0	2	0	1	2	39
Gesamt nach Variante	801	12	6	17	79	1	1	24	48	20	77	1086

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.2020 bis 30.06.2021 wurden aus Österreich 28520 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 6640 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 30.06.2021 sowie deren Häufigkeiten.

Mit 19832 Datensätzen (69,54 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 666 Genomsequenzen (2,34 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K.

Insgesamt 1006 Datensätze (3,53 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta), 23 (0,08 %) der Variante P.1 (Gamma) und 83 (0,29 %) der Variante B.1.167.2 (Delta) zugeordnet. Die Variante B.1.525 (Eta) wurde bei 163 Genomdaten (0,57 %) detektiert. Je ein Datensatz wurde den VOI B.1.617.1 (Kappa) und B.1.621 zugeordnet.

Bei 34 Genomsequenzen (0,12 %) wurde die Variante B.1.1.318, bei 49 Daten (0,17 %) die Variante B.1.623 identifiziert. Die Variante C.36 wurde sieben Mal (0,02 %), die Sublineage C.36.3 35 Mal (0,12 %) gefunden.

Insgesamt 7286 Datensätze (25,55 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet. Innerhalb dieser wurden 611 Daten als „Normvariante“ ohne auffällige Mutationen im S-Gen auf GISAID hochgeladen. Zudem wurde innerhalb der „sonstigen“ Varianten bei 83 Daten die Mutation N501Y, bei 11 Daten die Mutation E484K beschrieben – die genaue Variante dieser Datensätze konnte aufgrund schlechter Sequenzqualität nicht identifiziert werden.

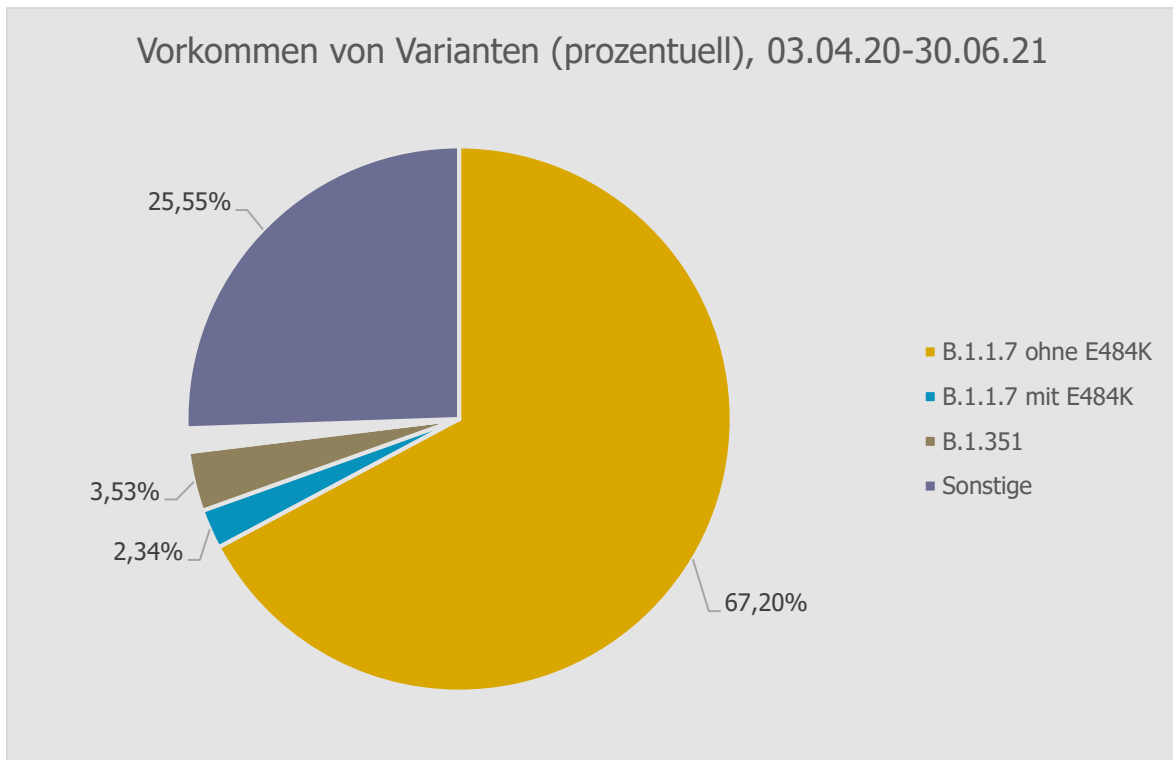


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-30.06.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

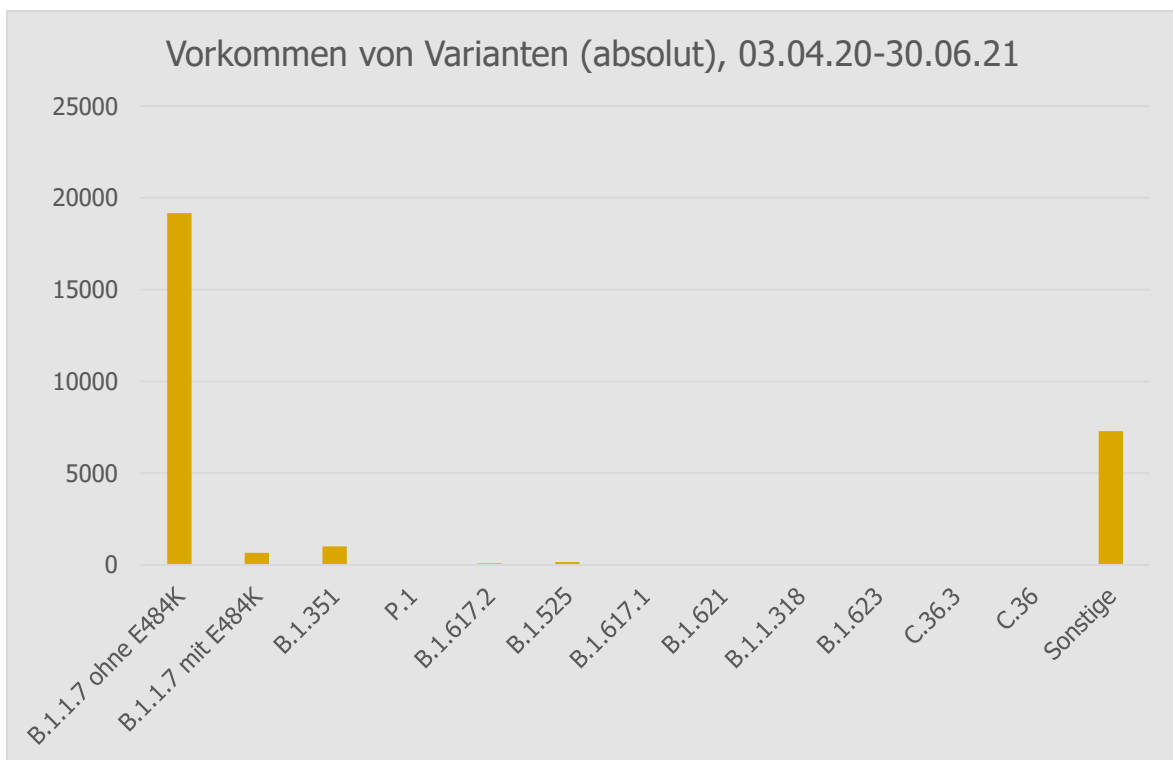


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-30.06.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 30.06.2021 die folgenden gefunden werden:

- B.1.1.7 ohne E484K (Alpha): 19166
- B.1.1.7 mit E484K (Alpha mit E484K): 666
- B.1.351 (Beta): 1006
- P.1 (Gamma): 23
- B.1.617.2 (Delta): 83

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

- B.1.525 (Eta): 163
- B.1.617.1 (Kappa): 1
- B.1.621: 1

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.2020 bis 30.06.2021 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Von den insgesamt 28520 Daten konnten 5153 (18,07 %) keinem Bundesland zugeordnet werden. Aus Tirol liegen mit insgesamt 7500 (26,30 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Wien mit 4511 (15,82 %) und der Steiermark mit 3052 (10,70 %) Datensätzen. Aus Salzburg stammen 2938 (10,30 %), aus Kärnten 1682 (5,90 %), aus Oberösterreich 1322 (4,64 %), aus Niederösterreich 1093 (3,83 %), aus dem Burgenland 681 (2,39 %) und aus Vorarlberg 586 (2,05 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.1.7 (Alpha) ist die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland und die einzige Variante, die in jedem Bundesland identifiziert wurde. Die Variante B.1.1.7 in Kombination mit der S-Gen Mutation E484K wurden am häufigsten aus Tirol mit 626 Daten gemeldet.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde außerhalb Tirols (691) in Wien (202), Salzburg (19) und Steiermark (7), Oberösterreich (5), Niederösterreich (3) und Kärnten (3)

gefunden. Elf der 23 Datensätzen der Variante P.1 (Gamma) wurden dem Bundesland Tirol zugeordnet, sieben Wien, vier Vorarlberg und einer Kärnten.

Mit 75 Datensätze stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien. Zudem stammen je zwei aus Tirol und Vorarlberg, je eine aus Oberösterreich, Salzburg und der Steiermark. Von einem Datensatz ist die Herkunft unbekannt.

Jener Datensatz, der der Variante B.1.617.1 (Kappa) zugeordnet wurde entstammt einer Wiener Probe. Die 163 Datensätze, die der Variante B.1.525 (Eta) zugeordnet wurden, stammen aus Salzburg (81), Wien (68), Niederösterreich (4), Steiermark (2), Kärnten (2), Tirol (2), Vorarlberg (1), und Oberösterreich (1). Bei zwei Daten ist die Herkunft unbekannt. Der Datensatz der Variante B.1.621 wurde aus Wien hochgeladen.

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 03.04.20-30.06.21 (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	B.1.621	B.1.1.318	B.1.623	C.36.3	C.36	Sonstige	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	423	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	257	681
Kärnten	772	0	3	1	0	2	0	0	13	0	0	0	891	1682
Niederösterreich	614	1	3	0	0	4	0	0	10	0	0	0	461	1093
Oberösterreich	1101	1	5	0	1	1	0	0	3	0	14	0	196	1322
Salzburg	2016	3	19	0	1	81	0	0	0	0	2	1	815	2938
Steiermark	2269	21	7	0	1	2	0	0	0	0	0	0	752	3052
Tirol	4415	626	691	11	2	2	0	0	1	0	0	0	1752	7500
Vorarlberg	230	0	0	4	2	1	0	0	2	49	1	0	297	586
Wien	3227	13	202	7	75	68	1	1	3	0	13	8	893	4511
Unbekannt	4097	0	76	0	1	2	0	0	2	0	1	2	972	5153
Ausland	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Gesamt nach Variante	19166	666	1006	23	83	163	1	1	34	49	31	11	7286	28520

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 Sonstiges - Vorscreening

Das Vorscreening mittels Schmelzpunkt-PCR stellt ein wichtiges Instrument zur Detektion auffälliger SARS-CoV-2 Proben dar. Bereits im letzten GISAID-Bericht Nr. 3 wurde darauf hingewiesen, dass eine zusätzliche Schmelzpunkt-PCR auf P681H zur Detektion der aktuell gehäuft vorkommenden Variante B.1.617.2 (Delta) notwendig ist. Die Notwendigkeit der Etablierung weiterer Schmelzpunkt-PCR-Verfahren beim Auftreten neuer Varianten wird durch Betrachtung der Abbildungen 5 und 6 zudem deutlich.

In Abbildung 5 wird die Entwicklung des Anteils der SARS-CoV-2-Varianten, die keine N501Y oder E484K Mutation im S-Gen tragen, für den gesamten Zeitraum 2021 in Europa dargestellt. Sie zeigt den starken Anstieg der Varianten B.1.617.2 (Delta) sowie C.36.3 seit April 2021.

Abbildung 6 zeigt den gesamten Anteil an Varianten, die keine N501Y oder E484K Mutation im S-Gen tragen, im Vergleich zu Varianten, die eine solche Mutation aufzeigen. Es zeigt sich für den Zeitraum Jänner bis April ein Anstieg des Anteils der Varianten, welche eine N501Y und/oder E484K Mutation im S-Gen tragen. Diese Entwicklung geht mit der Zunahme der Variante B.1.1.7 (Alpha) einher. Im Gegensatz dazu zeigt sich ab April ein Anstieg von Varianten ohne N501Y oder E484K Mutation im S-Gen – was auf das vermehrte Auftreten der Variante B.1.617.2 (Delta) zurückzuführen ist.

Die Daten der Abbildungen 5 und 6 beziehen sich auf europäische Referenzdaten der GISAID-Datenbank (Stand 01.07.2021). Die Zeitangaben beziehen sich jeweils auf das Datum der Probennahme.

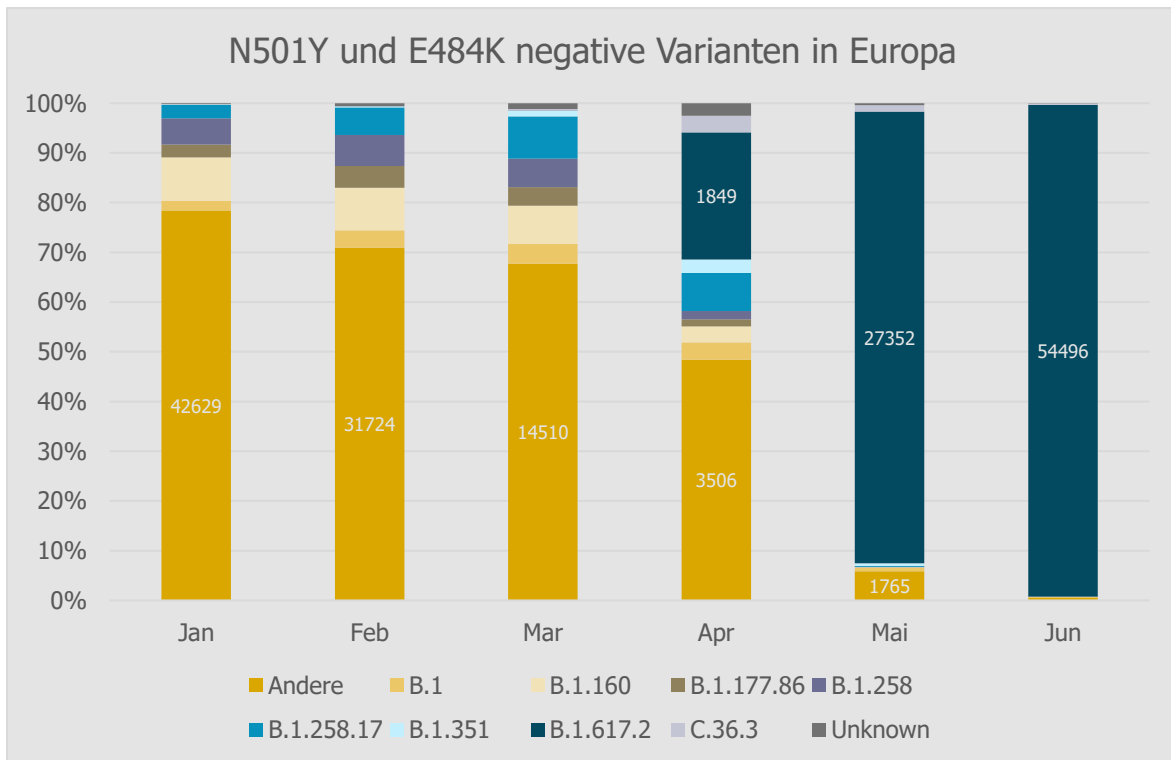


Abbildung 5: Vorkommen der einzelnen N501Y und E484K negativen Varianten in Europa nach Monaten des Jahre 2021 (Datum der Probennahme)

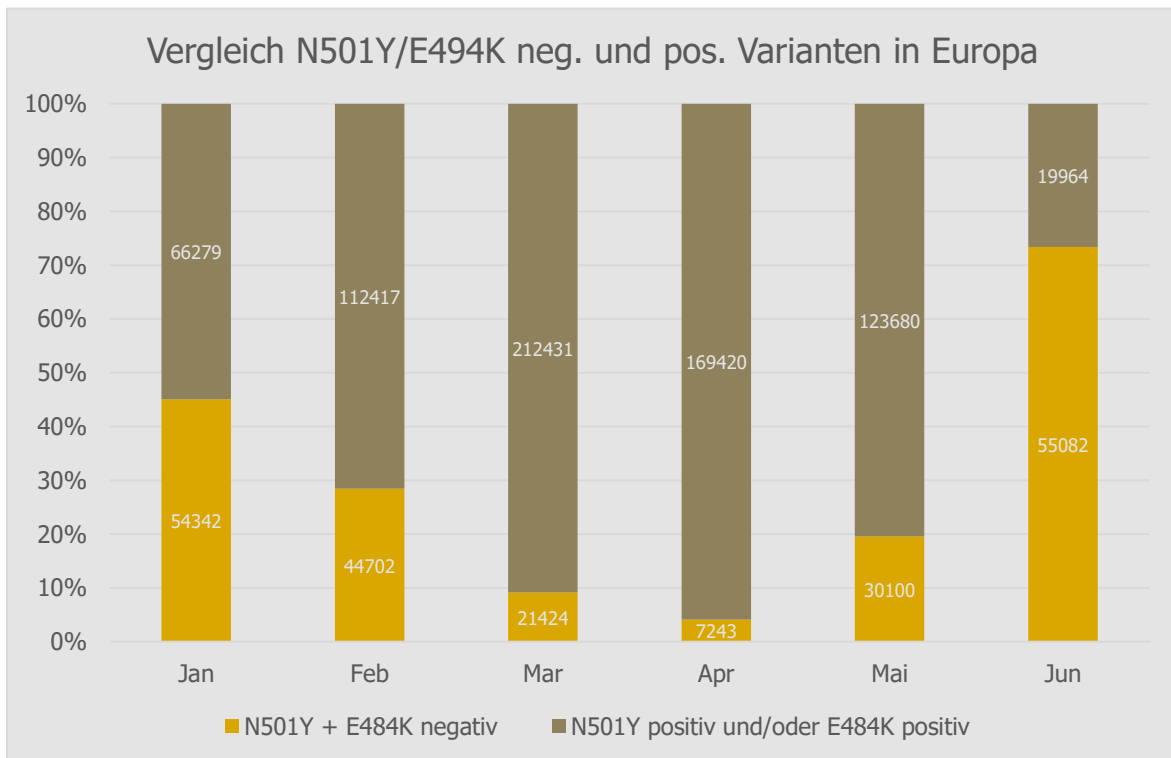


Abbildung 6: Vorkommen der einzelnen N501Y und E484K negativen Varianten in Europa nach Monaten des Jahre 2021 (Datum der Probennahme)

5.2 Sonstiges – Allgemeines

Dieses Kapitel entstand in Zusammenarbeit mit Petr Triska, Fabian Amman, Lukas Endler, Anna Schedl, Andreas Bergthaler (CeMM).

Abbildung 7 zeigt die phylogenetische Analyse von 202 ganzgenomsequenzierten Delta Varianten (B.1.617.2) aus Österreich. Vorliegende Informationen zu Beprobungsort und -datum sind eingefügt. Die österreichischen Virusgenome sind innerhalb eines Referenzdatensatzes von 484 zufällig aus GISAID ausgewählten Delta Sequenzen (max. 10 Sequenzen pro Land, ab 01.05.2021) analysiert. Das Alignment wurde mit MAFFT erstellt, der phylogenetische Baum mit iqtree (AUTO Mode mit Wuhan Referenzsequenz als Root). Österreichische Proben sind mit roten Ästen hervorgehoben.

Der Stammbaum (Abbildung 7) zeigt ein monophylogenetisches Cluster mit Subclustern primär aus Wien, das kann jedoch auch durch die hohe Sequenzierrate von Wiener Patientenproben erklärt werden. Die Daten stammen aus dem Zeitraum 01.06.2021-16.06.2021.

Die anderen österreichischen Sequenzdaten sind innerhalb des Referenzdatensatzes verteilt, was darauf schließen lässt, dass es sich um unabhängige Einträge handelt.

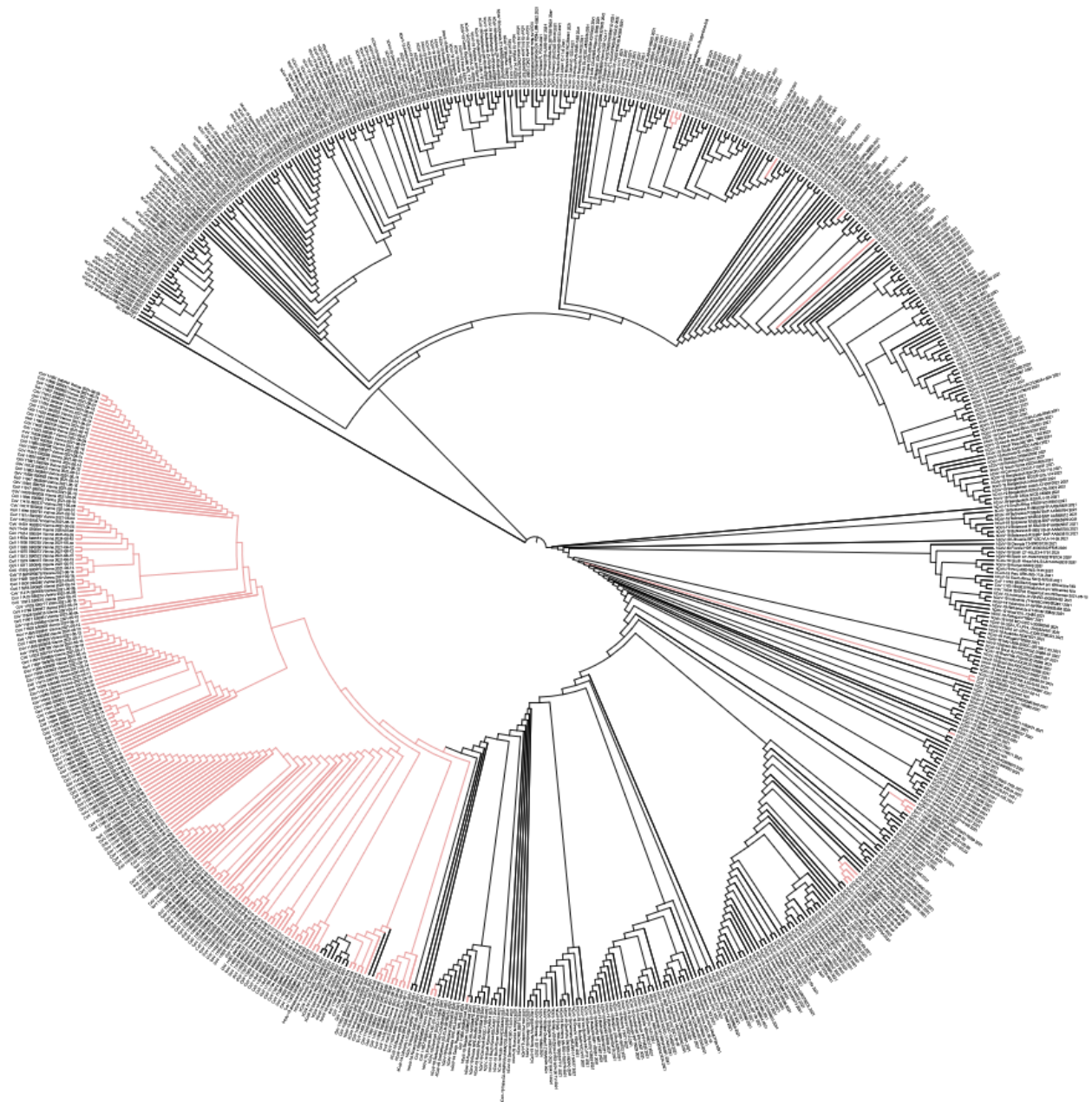


Abbildung 7: Phylogenetische Analyse von 202 ganzgenomsequenzierten Delta Varianten (B.1.617.2) aus Österreich. Erstellt von: Petr Triska, Fabian Amman, Lukas Endler, Anna Schedl, Andreas Bergthaler; CeMM.

6 Links

www.gisaid.org

www.cov-lineages.org

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