



# GISAID Österreich-Report

Nr. 8



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

*des Zeitraums 01.10.21-31.10.21  
und zusammenfassend von 03.04.20-31.10.21*

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

## Zusammenfassung

GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) ist eine globale Wissenschaftsinitiative, deren Ziel es ist, Genomdaten zu Influenzaviren bzw. SARS-CoV-2 frei zugänglich zu machen. Ein Großteil der in Österreich mit der Sequenzierung von SARS-CoV-2 beschäftigten Laboratorien und Institute stellt deren Ergebnisse bereits im Rahmen der GISAID-Initiative zur Verfügung (siehe Anhang 1).

In diesem Bericht Nummer 8 sind die Ergebnisse aller österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.10.21 bis 31.10.21 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 31.10.21 angeführt.

Seit April 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 65693 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im aktuellen Berichtszeitraum (01.10.21 bis 31.10.21) zeigt sich bei insgesamt 6051 Einträgen österreichweit weiterhin eine Dominanz der Variante B.1.617.2 (Delta) mit aktuell 6021 (99,50 %) Datensätzen. Darüber hinaus wurde die Variante B.1.1.7 mit 3 Einträgen in der Datenbank in 0,05 % der Genomdaten identifiziert. Die Variant of Concern (VOC) P.1 (Gamma) wurde 1 Datensatz 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 viruses and SARS-CoV-2 as well as ensuring rapid and straightforward exchange of all available data. Most of the laboratories and institutes in Austria that are involved in the sequencing of SARS-CoV-2 are already providing access to their results as part of the GISAID initiative.

This report number 8 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from October 1st, 2021 to October 31st, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to October 31st, 2021.

Since April 2020, Austrian laboratories have published 65693 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the current reporting period (October 1st, 2021 to October 31st, 2021), 6051 data sets were uploaded in total. B.1.617.2 (Delta) remains the dominant variant with currently 6021 (99.50%) entries. In addition, variant B.1.1.7 (Alpha) was identified throughout Austria with 3 entries in the database in 0.05% of the genome data. The Variant of Concern (VOC) P.1 (Gamma) was assigned to 1 data record.

## Keywords

GISAID, SARS-CoV-2, Genome Data, Whole Genome Sequencing, Genome Sequencing, Database

# 1 Hintergrund

---

## 1.1 Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

---

GISAID ([www.gisaid.org](http://www.gisaid.org)) ist eine globale Wissenschaftsinitiative mit dem Ziel, Genomdaten zu Inflenzaviren bzw. SARS-CoV-2 frei zugänglich zu machen sowie den schnellen und unkomplizierten Austausch aller verfügbarer Daten zu gewährleisten. Es handelt sich hierbei um die größte öffentlich zugängliche Sequenzdatenbank für Inflenzaviren und – seit Beginn der COVID-19 Pandemie – auch für SARS-CoV-2.

Um eine unbürokratische und allgemeine Zugänglichkeit dieser Informationen zu gewährleisten, stellt die Initiative alle in GISAID erfassten Daten kostenlos allen Personen zur Verfügung, die sich bereit erklären, sich gemäß guter wissenschaftlicher Praxis zu verhalten und sich mit der Initiative sowie deren Werten zu identifizieren. Die Zurverfügungstellung der Daten auf GISAID erfolgt auf freiwilliger Basis vonseiten der sequenzierenden Laboratorien.

Die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES) hat es sich zum Ziel gesetzt, die GISAID-Ergebnisse der Genomsequenzierungen aufzubereiten und so das Auftreten von verschiedenen Varianten von SARS-CoV-2 in Österreich zu verfolgen sowie etwaige Entwicklungen und Veränderungen in diesem Bereich sichtbar zu machen.

## 1.2 Variants of Concern und Variants of Interest

---

Nationale und internationale Gesundheitsorganisationen und -behörden (z.B. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (US), Public Health England (PHE), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)) klassifizieren individuell auf Basis diverser Kriterien, welche SARS-CoV-2 Varianten als „Variant of Concern“ (VOC), „Variant of Interest“ (VOI), „Variant of High Consequence“ oder als „Variant under Monitoring“ einzustufen sind.

Die Einstufung erfolgt im Allgemeinen nach Kriterien in Bezug auf das Vorhandensein von Änderungen der Rezeptorbindestellen im S-Gen, die zu einer verringerten Wirkung neutralisierender Antikörper führen können, Mutationen die zu potenziellen

diagnostischen Auswirkungen führen oder Veränderungen die mit einer Zunahme der Übertragbarkeit oder der Schwere der Erkrankung in Verbindung gebracht wurden.<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.1.617.2<sup>3</sup> (Delta)
- B.1.351<sup>4</sup> (Beta)
- P.1<sup>5</sup> (Gamma)

### Variants of Interest (VOI)

- B.1.621<sup>6</sup> (My)
- C.37<sup>7</sup> (Lambda)

## 2 Durchführung und Methoden

---

### 2.1 Aktueller Berichtszeitraum

---

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak (PANGO) Lineages ist ein Software-Tool, das von Mitgliedern des Rambaut Lab<sup>8</sup> entwickelt wurde, und ist über die Webanwendung ([www.cov-lineages.org](http://www.cov-lineages.org)) verfügbar.

---

<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 05.11.2021]

<sup>2</sup> European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 26 August 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 05.11.2021]

<sup>3</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.617.2.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.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.1.621.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.621.html)

<sup>7</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_C.37.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.37.html)

<sup>8</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).

Zur Erstellung des achten Österreich GISAID-Berichts wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.10.21-31.10.21 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen. Diese Daten beinhalten die genaue Bezeichnung der SARS-CoV-2-Virusvarianten gemäß PANGO-Nomenklatur.

Aufgrund der Vielzahl an berichteten Varianten in diesem Datensatz, wurde eine Vorauswahl der relevantesten Varianten getroffen. Die Auswahl erfolgte auf folgender Basis:<sup>9</sup>

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

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

Die Verteilung der Variante B.1.617.2 (Delta) in deren Sublineages wird im Kapitel 3.1 „Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich“ sowie in Kapitel 5 „Sonstiges“ näher beschrieben.

## 2.2 Zusammenfassung aller bisheriger Daten

---

Zur zusammenfassenden Darstellung gibt es in diesem Bericht eine Übersicht aller österreichischer Sequenzierungsdaten, welche insgesamt bis zum Zeitpunkt der Erstellung des Berichts hochgeladen wurden (03.04.20 bis 31.10.21).

Da das PANGO Lineage Assignment ein dynamisches Nomenklatur-System ist, bei dem im Laufe der Zeit immer neue Lineages hinzukommen, erfolgt für den Bericht der Zusammenfassung aller bisheriger Daten jeweils eine aktualisierte Abfrage aus GISAID. Dieser beinhaltet demnach die aktuellste Version der PANGO-Nomenklatur der jeweiligen Sequenzen. Betroffen sind nur die Datensätze, welche Ganzgenomdaten beinhalten, bei den S-Genom-Daten erfolgte keine erneute Abfrage und manuelle Zuordnung zur Lineage.

---

<sup>9</sup> Von der Auswahl ausgenommen wurden wenig differenzierte Varianten (wie z.B. B.1, A.1)

## 3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

---

### 3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

---

Im Zeitraum vom 01.10.21 bis 31.10.21 wurden aus Österreich insgesamt 6051 auswertbare SARS-CoV-2 Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Abbildung 1 gibt einen Überblick über die in Österreich berichteten Varianten in diesem Berichtszeitraum sowie deren Häufigkeiten.

Mit 6021 Datensätzen (99,50 %) wurde die Variante B.1.617.2 (Delta) österreichweit bei weitem am häufigsten identifiziert. Die Variante zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor.

Die Variante B.1.1.7 (Alpha) wurde bei 3 Genomsequenzen (0,05 %) 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. Die Variant of Concern P.1 (Gamma) wurde bei 1 Datensatz (0,02 %) festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa E484K, K417T und N501Y, aus. Variant of Concern B.1.351 (Beta) wurde nicht nachgewiesen. Auch die Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda) wurden in keiner der Proben identifiziert. Insgesamt 6 Datensätze (0,10 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

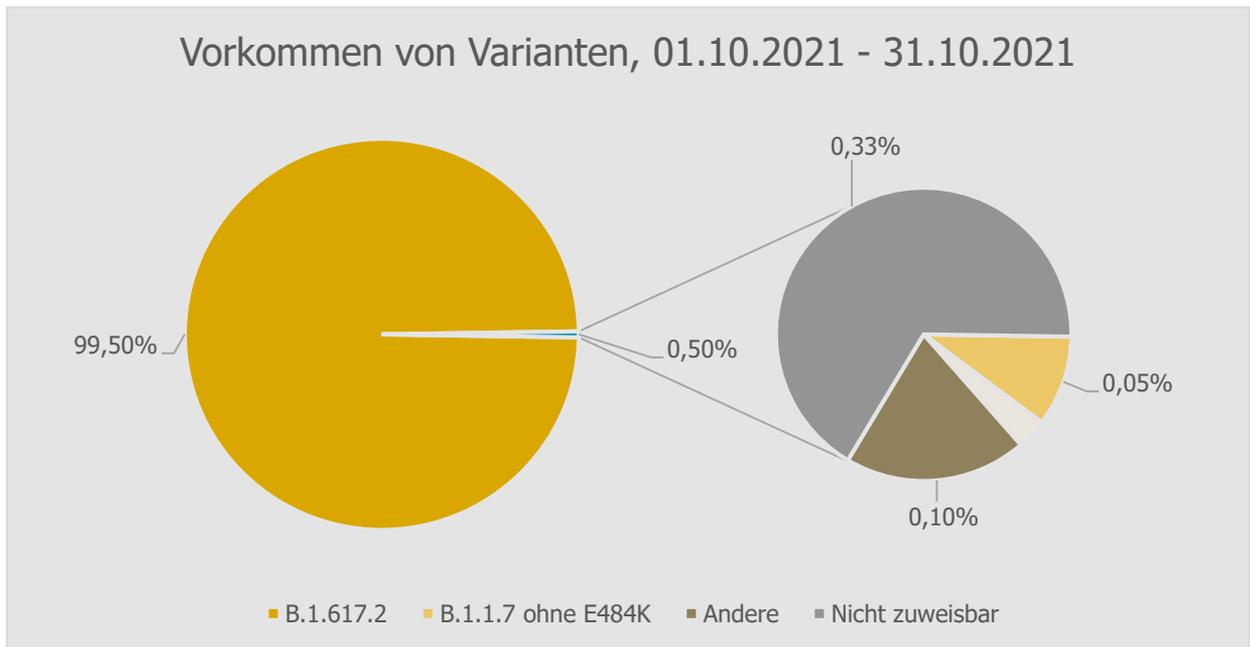


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2 Varianten in Österreich von 01.10.21-31.10.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 0,05 %). Von den insgesamt 6051 hochgeladenen Proben wurden 6046 im Zeitraum von August bis Oktober 2021 isoliert.

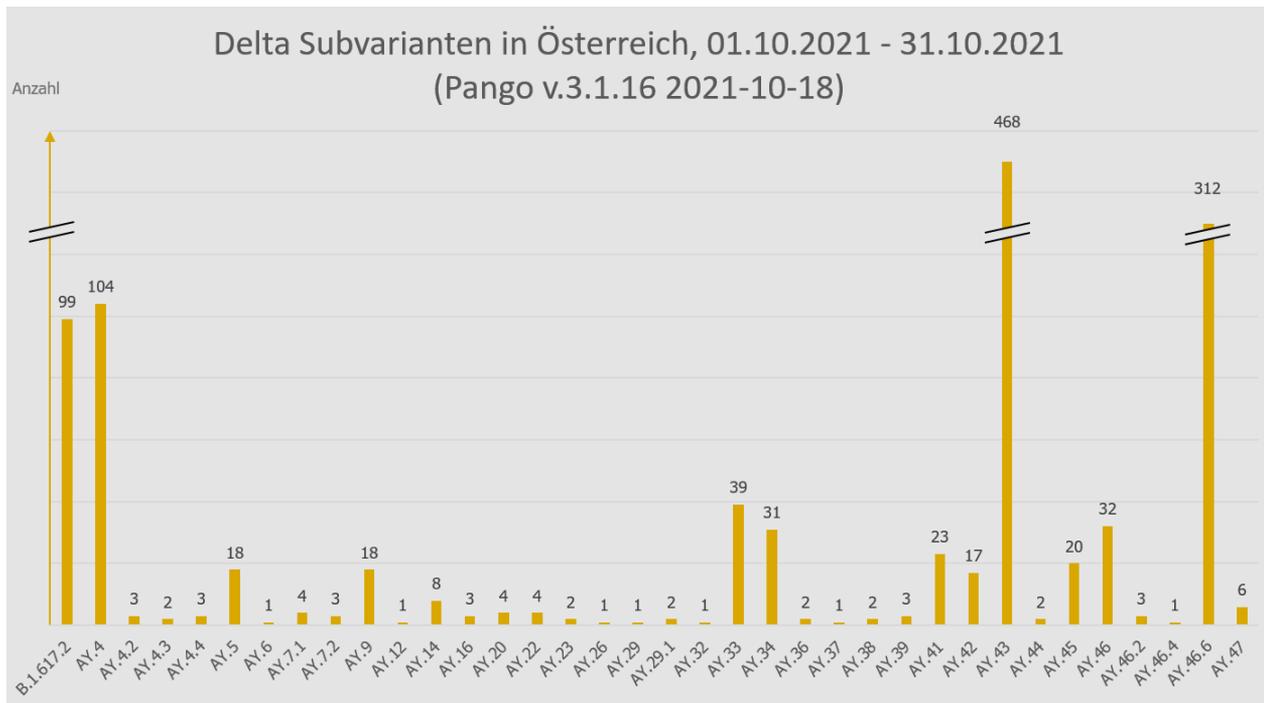


Abbildung 2 zeigt die Unterteilung der Genomsequenzen, die der Delta Variante zugeordnet wurde, in deren Subvarianten AY.1 bis AY.117. Die Daten beziehen sich auf die aus Österreich auf GISAID hochgeladenen Sequenzen im Zeitraum von 01.10.21-31.10.21 und die Zuordnung zu den Delta Sublineages basiert auf der PANGO Version v.3.1.16 2021-10-18.

## 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 (01.10.21-31.10.21) Folgende gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 6021
- P.1 (Gamma): 1

Die Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda) wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert.

## 3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

---

Aus Wien liegen mit insgesamt 3246 (53,64 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Vorarlberg mit 709 (11,71 %), Salzburg mit 696 (11,50 %) und Kärnten mit 272 (4,49 %) Datensätzen. 229 (3,78%) Datensätze stammen aus Tirol und 181 (2,99 %) aus dem Burgenland. 136 (2,24 %) Datensätze konnten Proben aus der Steiermark zugeordnet werden sowie 110 (2,99 %) solchen aus Oberösterreich. Aus Niederösterreich wurden 93 (1,53 %) Genomdaten erhoben. Von den insgesamt 6051 Daten konnten 379 (6,26 %) keinem Bundesland zugeordnet werden.

In allen Bundesländern ist die Variante B.1.617.2 (Delta) die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland. Nur diese Variante wurde aus allen Bundesländern berichtet. Die Variante P.1 (Gamma) wurde einmal in Wien identifiziert, sonst jedoch in keinem anderen Bundesland. Die Variante B.1.1.7 wurde 3 Mal identifiziert. Eine Probe stammt aus der Steiermark, 2 konnten keinem Bundesland zugeordnet werden.

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 01.10.21-30.10.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.7 ohne E484K	P.1	Sonstige	Nicht zuweisbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	173	0	0	1	7	181
Kärnten	272	0	0	0		272
Niederösterreich	90	0	0	0	3	93
Oberösterreich	109	0	0	1		110
Salzburg	695	0	0	1		696
Steiermark	135	1	0	0		136
Tirol	225	0	0	2	2	229
Vorarlberg	707	0	0	0	2	709
Wien	3240	0	1	0	5	3246
Unbekannt	375	2	0	1	1	379
Gesamt nach Variante	6021	3	1	6	20	6051

## 4 Zusammenfassung der Ergebnisse

---

### 4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

---

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.20 bis 31.10.21 wurden aus Österreich 65693 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 12929 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 52764 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Insgesamt 21613 Datensätze (32,90 %) wurden der Variante B.1.167.2 (Delta) zugeordnet. Seit Juli 2021 ist es die prädominante Variante und es wurden seither nur noch wenige andere Varianten festgestellt.

Mit 34129 Datensätzen (51,95 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 1166 Genomsequenzen (1,77 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Die Variante wurde seit Juli 2021 kaum mehr nachgewiesen. 1121 Datensätze (1,71 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta) und 161 (0,25 %) der Variante P.1 (Gamma) zugewiesen.

56 Genomsequenzen wurden der Variant of Interest B.1.621 (My) zugeordnet sowie eine der VOI C.37 (Lambda). Insgesamt 8114 Datensätze (12,35 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet.

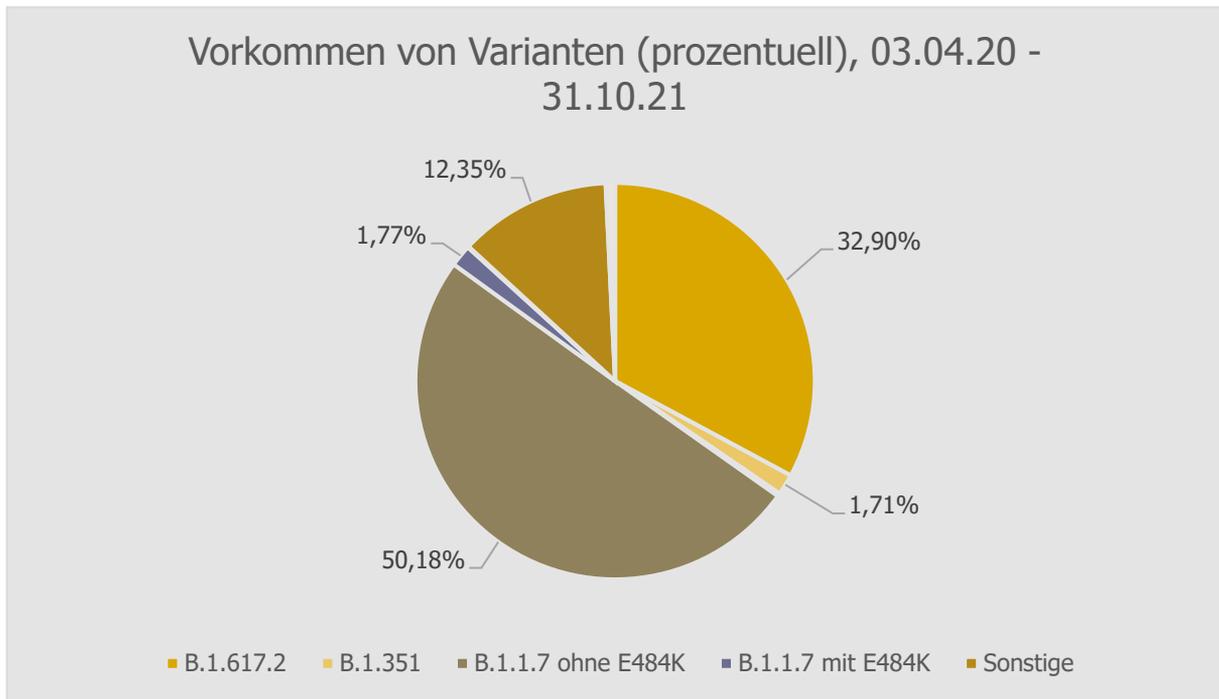


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-31.10.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 1,0 %)

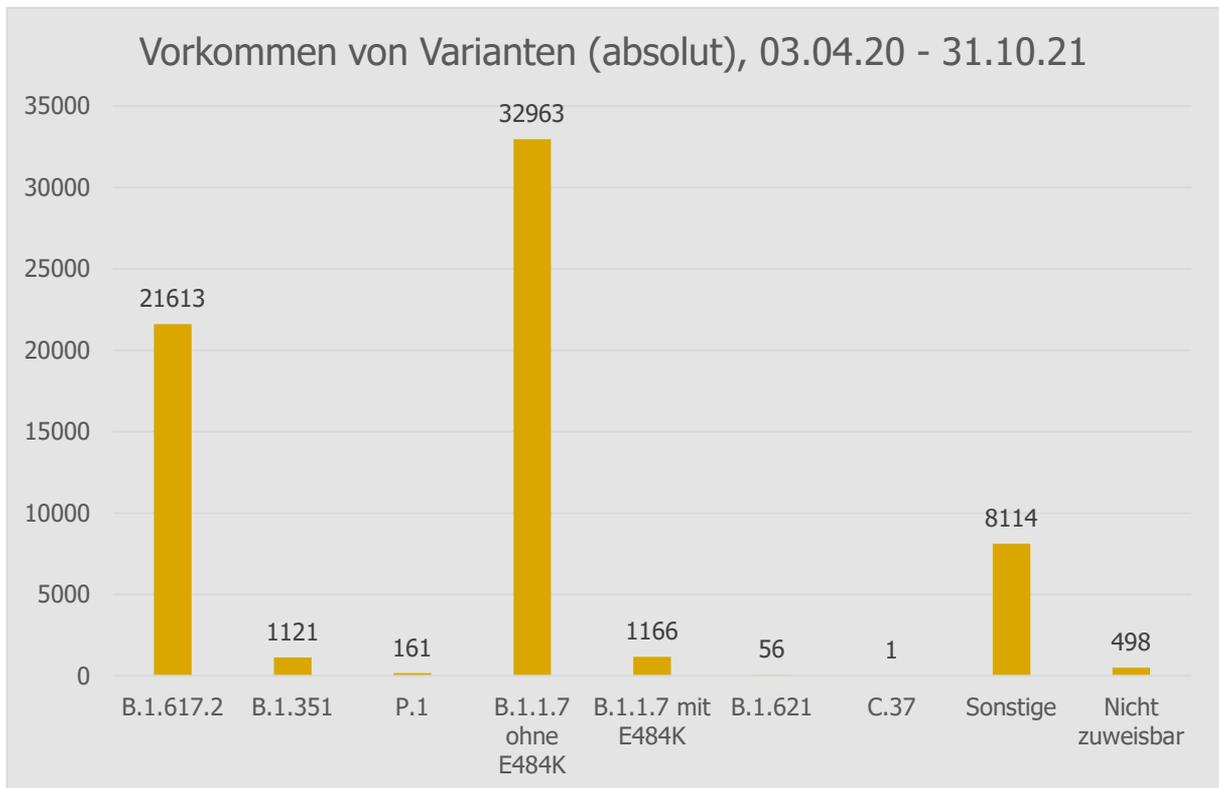


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-30.09.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

## 4.2 Variants of Concern und Interest in Österreich

---

Von den in Punkt 1.2 angeführten VOC konnten in Österreich auf Basis der GISAID-Daten aus dem Zeitraum 03.04.20 bis 31.10.21 die Folgenden gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 21613
- B.1.351 (Beta): 1121
- P.1 (Gamma): 161

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

- B.1.621 (My): 56
- C.37 (Lambda): 1

## 4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

---

Aus Wien liegen mit insgesamt 21880 (33,31 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 13226 (20,13 %), Salzburg mit 6818 (10,38 %), der Steiermark mit 3615 (5,50 %) und Vorarlberg mit 3525 (5,37 %) Datensätzen. Aus Kärnten stammen 3486 (5,31 %), aus Oberösterreich 2056 (3,13 %), aus dem Burgenland 1685 (2,56 %) und aus Niederösterreich 1406 (2,14 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.617.2 (Delta) sowie die Variante B.1.1.7 (Alpha), die mit 32963 Datensätzen die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland ist, sind die einzigen Varianten, die in jedem Bundesland identifiziert wurden. Mit 11887 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde mit 750 Datensätzen in Tirol am häufigsten detektiert. 104 der 161 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden ebenfalls dem Bundesland Tirol zugeordnet. Jene Genomsequenz, die der Variante C.37 (Lambda) zugeordnet wurde, wurde aus Wien hochgeladen, die 56 Daten zu B.1.621 (My) aus Vorarlberg (50 Datensätze), Wien bzw. Salzburg (je 2 Datensätze) sowie Niederösterreich und Kärnten (je ein Datensatz).

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.20 bis 31.10.21 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-31.10.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.1.7 mit E484K	B.1.351	P.1	B.1.621	C.37	Sonstige	Nicht auswertbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	938	462	1	0	1	0	0	259	24	1685
Kärnten	1341	1184	0	3	2	1	0	924	31	3486
Niederösterreich	233	616	3	3	3	1	0	491	56	1406
Oberösterreich	556	1262	1	5	1	0	0	224	7	2056
Salzburg	2188	3589	38	24	11	2	0	939	27	6818
Steiermark	335	2450	23	7	0	0	0	755	45	3615
Tirol	481	8841	1042	740	104	0	0	1928	90	13226
Vorarlberg	2496	629	0	2	14	50	0	312	22	3525
Wien	11887	8315	50	255	25	2	1	1213	132	21880
Unbekannt	1158	5613	8	82	0	0	0	1069	64	7994
Ausland	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Gesamt nach Variante	21613	32963	1166	1121	161	56	1	8114	498	65693

## 5 Sonstiges

### 5.1 Delta (B.1.617.2) und Sublineages (AY.1-AY.117)

In den Resultaten laut Abbildung 2 wurde die Einteilung der im aktuellen GISAID Berichtszeitraum (01.09.21-31.10.21) ganzgenomsequenzierten B.1.617.2 Varianten in die Delta Subvarianten AY.1 bis AY.117 (nach Pango Version v.3.1.16 2021-10-18) gezeigt. In Abbildung 5 ist dazu ersichtlich wie sich die B.1.617.2 Proben eines Bundeslandes auf die Subvarianten aufteilen. Für die Zuweisung in Delta Subvarianten konnten nur ganzgenomsequenzierte Proben berücksichtigt werden, da die Einteilung in Delta Sublineages auch auf Basis von Mutationen außerhalb des Spike-Proteins erfolgt.

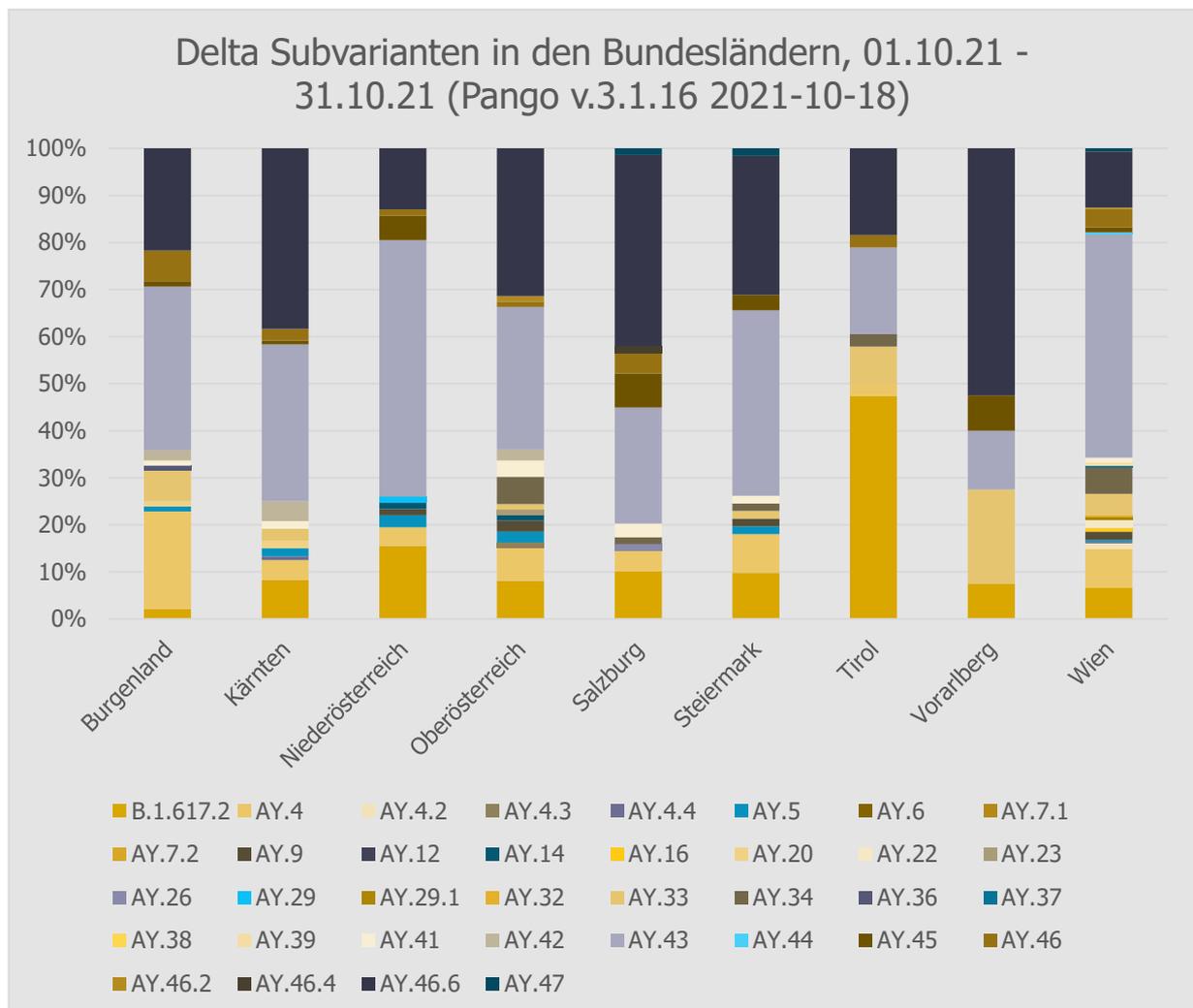


Abbildung 5: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern

Abbildung 6 zeigt die Unterteilung der als Delta klassifizierten Proben, die weltweit im Zeitraum Jänner bis Oktober 2021 auf GISAID hochgeladen wurden (nach Entnahmedatum). Auch hierbei wurden nur all jene Proben berücksichtigt, bei denen ein gesamtes Genom vorliegt. Es gibt keinen Trend zu einer spezifischen Subvariante über die letzten Monate.

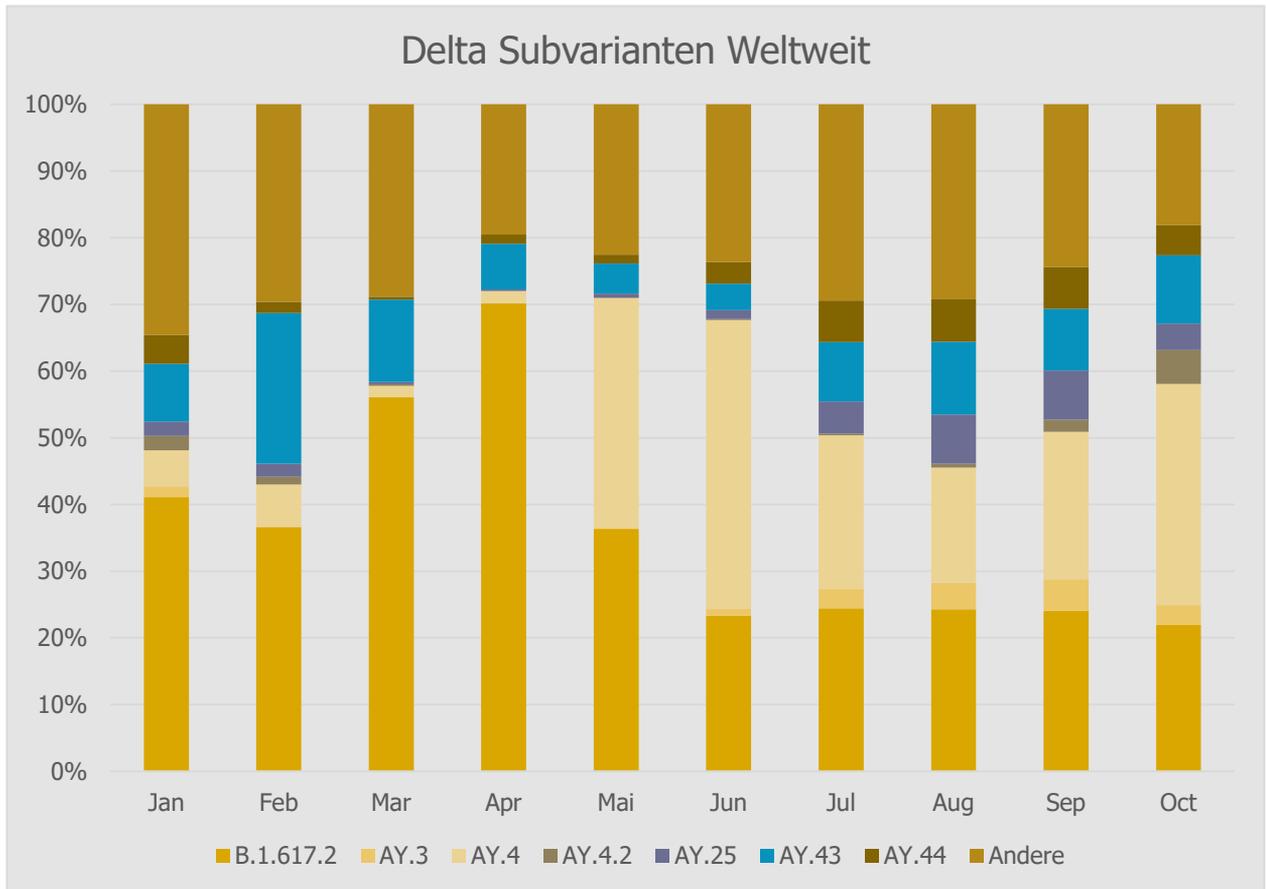


Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages Weltweit

## 6 Links

---

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

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

<https://ec.europa.eu/eurostat/web/gisco/gisco-activities/map-generator>

<https://ecas.ec.europa.eu/cas>

## 7 Anhang

---

### Sequenzierenden Laboratorien

In der folgenden Liste befinden sich all jene Laboratorien, welche in Österreich Genomsequenzierungen im Berichtszeitraum durchgeführt haben und die Ergebnisse auf GISAID zur Verfügung gestellt haben („Submitting Labs“).

- Bergthaler Laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences
- Center for Virology, Medical University of Vienna
- Department of Laboratory Medicine, Medical University of Vienna
- Department of Medicine I, Division of Infectious Diseases and Tropical Medicine, Steininger Laboratory, Medical University of Vienna
- Diagnostic- and Research Institute of Pathology, Medical University of Graz
- Elling Group, Institute of Molecular Biotechnology (IMBA), Vienna
- Institute of Virology, Department of Hygiene, Microbiology and Public Health at Innsbruck Medical University
- Salzkammergutklinikum Vöcklabruck, Institut für Pathologie
- Dr. Gernot Walder GmbH
- AGES Institute for Medical Microbiology and Hygiene
- Pharmgenetix GmbH
- Lifebrain Covid Labor GmbH
- Tyrolpath Obrist Brunhuber GmbH