



GISAID Österreich-Report

Nr. 11

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

*des Zeitraums 01.01.22-31.01.22
und zusammenfassend von 03.04.20-31.01.22*

J. KLIKOVITS, M. MARKOWICZ, J. REICHL, M. HASLACHER, 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 11 sind die Ergebnisse aller österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.01.22 bis 31.01.22 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 31.01.22 angeführt.

Seit April 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 83452 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im aktuellen Berichtszeitraum (01.01.22 bis 31.01.22) wurden 2507 Datensätze hochgeladen. Österreichweit zeigt sich nach wie vor eine Dominanz der Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) mit 1513 (60,35 %) Einträgen gefolgt von Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) mit aktuell 854 (34,06 %) Einträgen. Darüber hinaus wurde die Variante B.1.1.7 37 Mal in der Datenbank in 1,48 % der Genomdaten identifiziert.

Schlüsselwörter

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

Summary

GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) is a global science initiative with the aim of achieving free access and availability of genome data on influenza viruses and SARS-CoV-2 as well as ensuring rapid and straightforward exchange of all available data. Most of the laboratories and institutes in Austria that are involved in the sequencing of SARS-CoV-2 are already providing access to their results as part of the GISAID initiative.

This report number 11 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from January 1st, 2021 to January 31st, 2022 and summarized for the period April 3rd, 2020 to January 31st, 2022.

Since April 2020, Austrian laboratories have published 83452 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the current reporting period (January 1st, 2021 to January 31st, 2021), 2507 data sets were uploaded in total. The Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) was identified most frequently with 1513 (60.35%) records, followed by the Variant of Concern B.1.1.529 (Omicron) with 854 (34.06%) data sets. B.1.1.7 (Alpha) was identified 37 times throughout Austria, corresponding to 1.48 % of the genome data.

Keywords

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

1 Hintergrund

1.1 Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

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

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

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

1.2 Variants of Concern und Variants of Interest

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

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

diagnostischen Auswirkungen führen oder Veränderungen die mit einer Zunahme der Übertragbarkeit oder der Schwere der Erkrankung in Verbindung gebracht wurden.¹

Das European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) listet derzeit die folgenden Varianten als Variants of Concern und Variants of Interest:²

Variants of Concern (VOC)

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

Variants of Interest (VOI)

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

¹ Centers for Disease Control and Prevention (2021): SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions, aufrufbar unter: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html> [Zuletzt abgerufen am 04.02.2022]

² European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 03 February 2022, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 04.02.2022]

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

⁴ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html

⁵ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html

⁶ https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.529.html

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

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

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

2 Durchführung und Methoden

2.1 Aktueller Berichtszeitraum

Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak (PANGO) Lineages ist ein Software-Tool, das von Mitgliedern des Rambaut Lab¹⁰ entwickelt wurde, und ist über die Webanwendung (www.cov-lineages.org) verfügbar.

Zur Erstellung des achten Österreich GISAID-Berichts wurden zunächst alle zur Verfügung stehenden Daten aus dem Berichtszeitraum 01.01.22-31.01.22 (Upload-Zeitpunkt) der SARS-CoV-2-Genomsequenzierungen heruntergeladen. Diese Daten beinhalten die genaue Bezeichnung der SARS-CoV-2-Virusvarianten gemäß PANGO-Nomenklatur.

Aufgrund der Vielzahl an berichteten Varianten in diesem Datensatz, wurde eine Vorauswahl der relevantesten Varianten getroffen. Die Auswahl erfolgte auf folgender Basis:¹¹

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

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

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

¹⁰ Rambaut, A., Holmes, E.C., O’Toole, Á. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol 5, 1403–1407 (2020).

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

2.2 Zusammenfassung aller bisheriger Daten

Zur zusammenfassenden Darstellung gibt es in diesem Bericht eine Übersicht aller österreichischer Sequenzierungsdaten, welche insgesamt bis zum Zeitpunkt der Erstellung des Berichts hochgeladen wurden (03.04.20 bis 31.01.22).

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

3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 01.01.22 bis 31.01.22 wurden aus Österreich insgesamt 2507 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 1513 Datensätzen (60,35 %) wurde die Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) am häufigsten nachgewiesen. Die Variante zeichnet sich durch die Mutationen L452R und P681R aus, die Mutationen E484Q und N501Y liegen nicht vor. Ein eindeutiger Anstieg in der Häufigkeit der Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) wurde verzeichnet. Diese Variante, die sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa S371L bzw. S371F, S373P, N501Y und E484A auszeichnet, wurde bei 854 Datensätzen (34,06 %) festgestellt. Die Variante B.1.1.7 (Alpha) wurde bei 37 Genomsequenzen (1,48 %) identifiziert. Es handelt es sich dabei um eine Variante mit der Spike-Gen (S-Gen) Mutation N501Y und einer Deletion der Aminosäuren H69 und V70 des Spike-Proteins. Variants of Concern B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) wurden nicht nachgewiesen. Es gab außerdem keine Fälle der Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda).

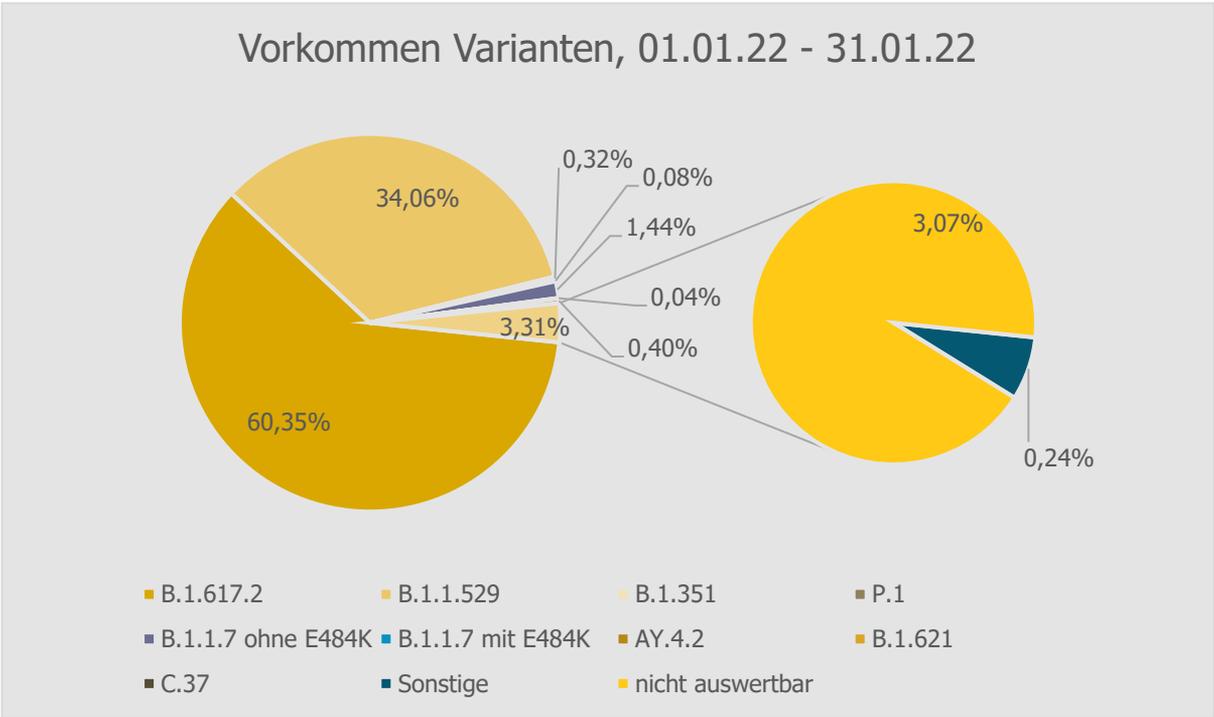


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2 Varianten in Österreich von 01.01.22-31.01.22 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 0,01 %). Von den insgesamt 2507 hochgeladenen Proben wurde der Großteil im Zeitraum von November 21 bis Jänner 22 isoliert.

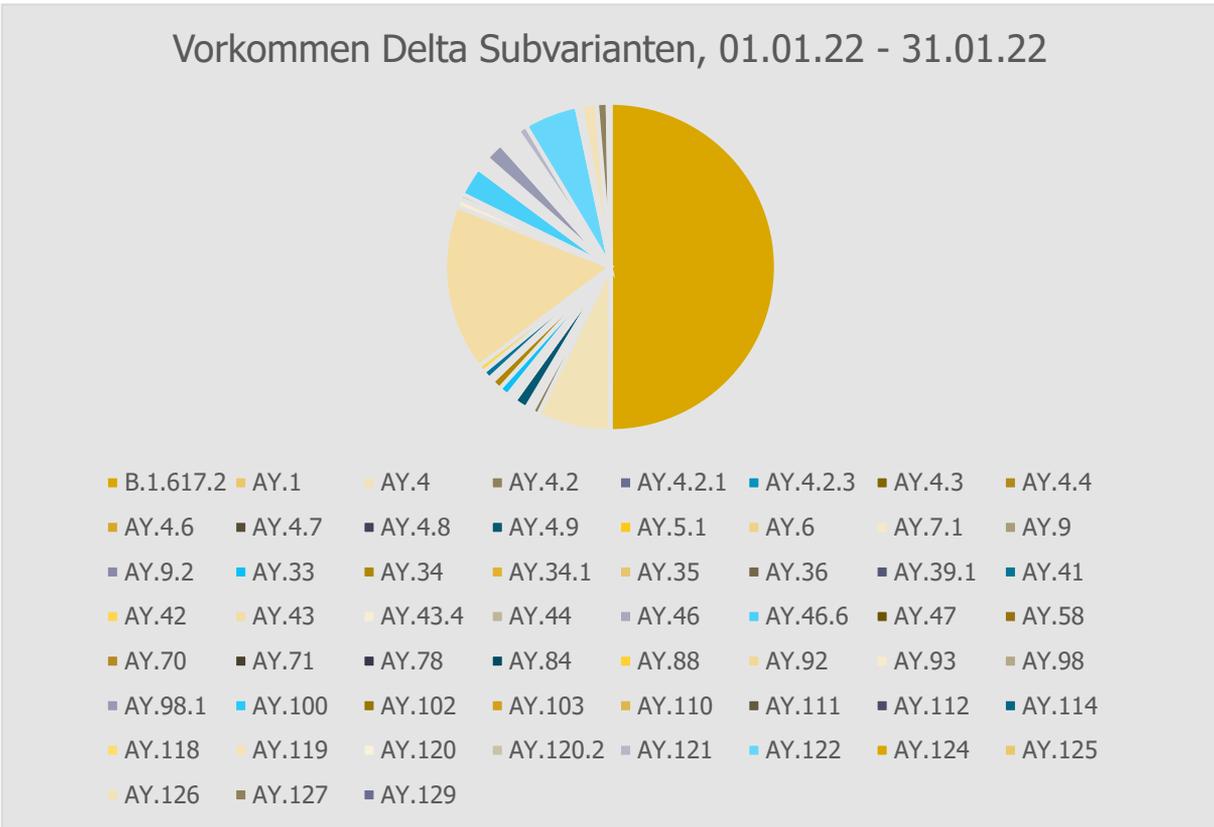


Abbildung 2: Unterteilung der Genomsequenzen, die der Delta Variante zugeordnet wurden, in deren Subvarianten AY.1 bis AY.133. Die Daten beziehen sich auf die aus Österreich auf GISAID hochgeladenen Sequenzen im Zeitraum von 01.01.22-31.01.22 und die Zuordnung zu den Delta Sublineages basiert auf der PANGO Version v.3.1.17 2021-12-09.

3.2 Variants of Concern und Interest in Österreich

Von den in Punkt 1.2 angeführten Variants of Concern konnten auf Basis der GISAID-Daten in Österreich (01.01.22-31.01.22) folgende gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 1513
- B.1.1.529 (Omikron): 854

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 775 (31,91 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Salzburg mit 501 (19,98 %) und der Steiermark mit 263 (10,49 %) Datensätzen. In allen Bundesländern wurde die Variante B.1.617.2 (Delta) am häufigsten nachgewiesen. Die Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) wurde ebenfalls in allen Bundesländern nachgewiesen. Eine zusammenfassende Darstellung dieser Daten ist in der Tabelle 1 dargestellt.

An dieser Stelle muss erwähnt werden, dass einzelne Proben üblicherweise zur Qualitätssicherung von mehr als einem Labor sequenziert werden und es daher nicht auszuschließen ist, dass die Genomdaten dieser Fälle doppelt auf GISAID hochgeladen wurden.

Tabelle 1: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 01.01.22-31.01.22 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.529	B.1.1.7 ohne E484K	AY.4.2	Sonstige	Nicht zuweisbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	89	31	0	0	0	2	122
Kärnten	76	20	0	0	0	1	97
Niederösterreich	74	21	0	0	2	7	104
Oberösterreich	44	37	0	0	0	7	88
Salzburg	348	146	1	3	0	3	501
Steiermark	246	12	0	0	0	5	263
Tirol	16	5	0	0	0	3	24
Vorarlberg	181	6	0	5	0		192
Wien	193	529	0	2	3	48	775
Unbekannt	246	47	35	0	1	1	341
Gesamt nach Variante	1513	854	36	10	6	77	2507

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.20 bis 31.01.22 wurden aus Österreich 83452 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 21877 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 61575 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Insgesamt 36665 Datensätze (43,94 %) wurden der Variante B.1.167.2 (Delta) zugeordnet. Seit Juli 2021 ist es die prädominante Variante, die seit kurzem von der Omikron Variante abgelöst wird. Datensätze, die der Variante B.1.1.529 (Omikron) zugeordnet werden, wurden insgesamt 2493 Mal hochgeladen.

Mit 34135 Datensätzen (40,90 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am zweithäufigsten identifiziert. Bei 1168 Genomsequenzen (1,40 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Die Variante wurde seit Juli 2021 kaum mehr nachgewiesen. 1129 Datensätze (1,35 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta) und 148 (0,18 %) der Variante P.1 (Gamma) zugewiesen.

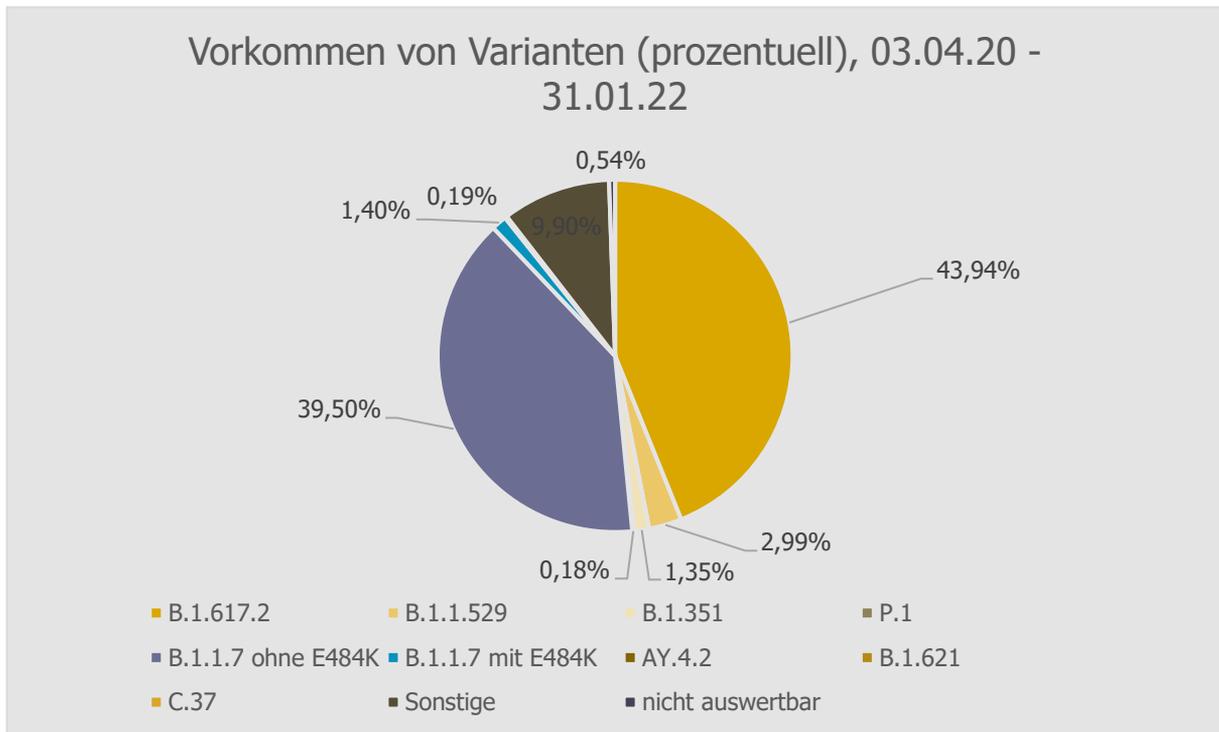


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-31.01.22 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 0,01 %)

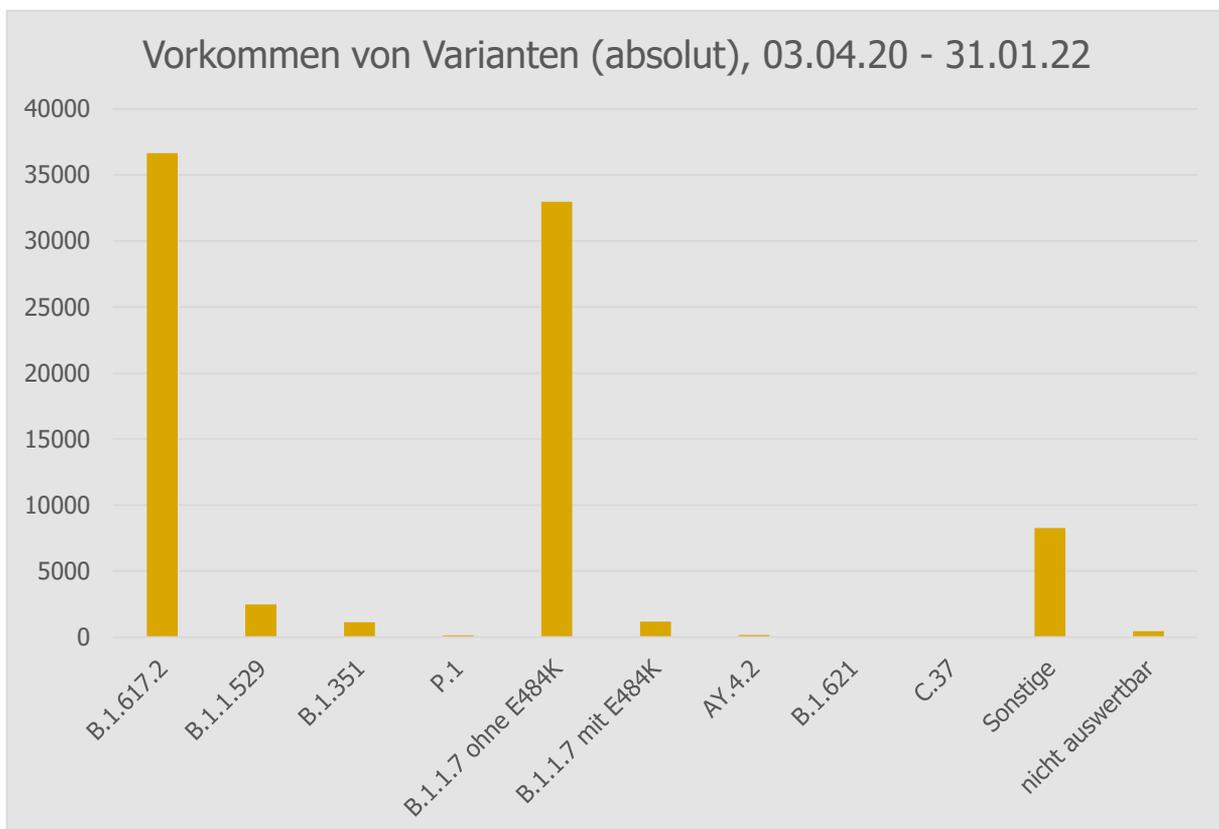


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-31.01.22 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 31.01.22 die Folgenden gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 36665
- B.1.1.529 (Omikron): 2493
- B.1.351 (Beta): 1129
- P.1 (Gamma): 148

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

- B.1.621 (My): 2
- C.37 (Lambda): 1
- AY.4.2: 160

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Aus Wien liegen mit insgesamt 28292 (33,90 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 14309 (17,15 %) und Salzburg mit 9272 (11,11 %) Datensätzen.

Die Variante B.1.1.7 (Alpha), die Variante B.1.1.529 (Omikron) sowie die Variante B.1.617.2 (Delta), die mit 36665 Datensätzen die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland ist, sind die einzigen Varianten, die in jedem Bundesland identifiziert wurden. Mit 16929 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien. Die meisten Datensätze der Variante B.1.1.529 (Omikron) wurden ebenfalls aus Wien (1293 Daten) hochgeladen.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde mit 739 Datensätzen in Tirol am häufigsten detektiert. 101 der 148 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden ebenfalls dem Bundesland Tirol zugeordnet.

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.20 bis 31.01.22 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-31.01.22 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

	B.1.617.2	B.1.1.529	B.1.351	P.1	B.1.1.7 ohne E484K	B.1.1.7 mit E484K	AY.4.2	B.1.621	C.37	Sonstige	Nicht zuweisbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	1303	33	0	1	461	1	1	0	0	259	23	2082
Kärnten	1998	21	3	1	1175	0	3	0	0	933	23	4157
Niederösterreich	529	28	3	0	599	3	0	0	0	506	62	1730
Oberösterreich	915	38	4	0	1265	1	0	0	0	229	18	2470
Salzburg	4491	146	23	8	3580	38	29	1	0	943	13	9272
Steiermark	1945	12	7	0	2445	23	1	0	0	768	33	5234
Tirol	1586	10	739	101	8839	1042	5	0	0	1945	42	14309
Vorarlberg	3585	7	2	13	616	0	15	0	0	366	30	4634
Wien	16929	1293	250	20	8301	50	96	1	1	1239	112	28292
Unbekannt	1871	51	90	2	5648	9	0	0	0	1071	21	8763
Gesamt nach Variante	<i>36665</i>	<i>2493</i>	<i>1129</i>	<i>148</i>	<i>32967</i>	<i>1168</i>	<i>160</i>	<i>2</i>	<i>1</i>	<i>8265</i>	<i>454</i>	83452

5 Sonstiges

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

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

Abbildung 5 und Abbildung 6 zeigen das Vorkommen der Delta Sublineages in österreichischen Proben in der KW05/22 nach Bundesland. Die Daten beziehen sich auf die im Zuge des Sentinel Projekts sequenzierten Proben des aktuellen Berichtszeitraums.

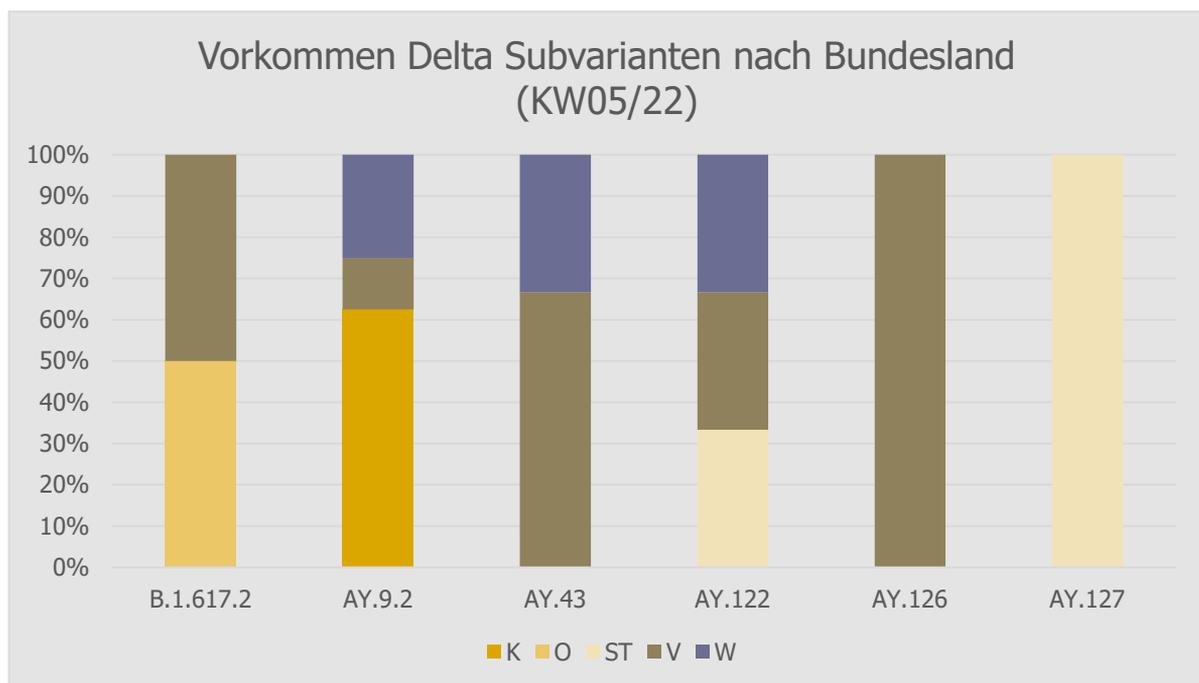


Abbildung 5: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland

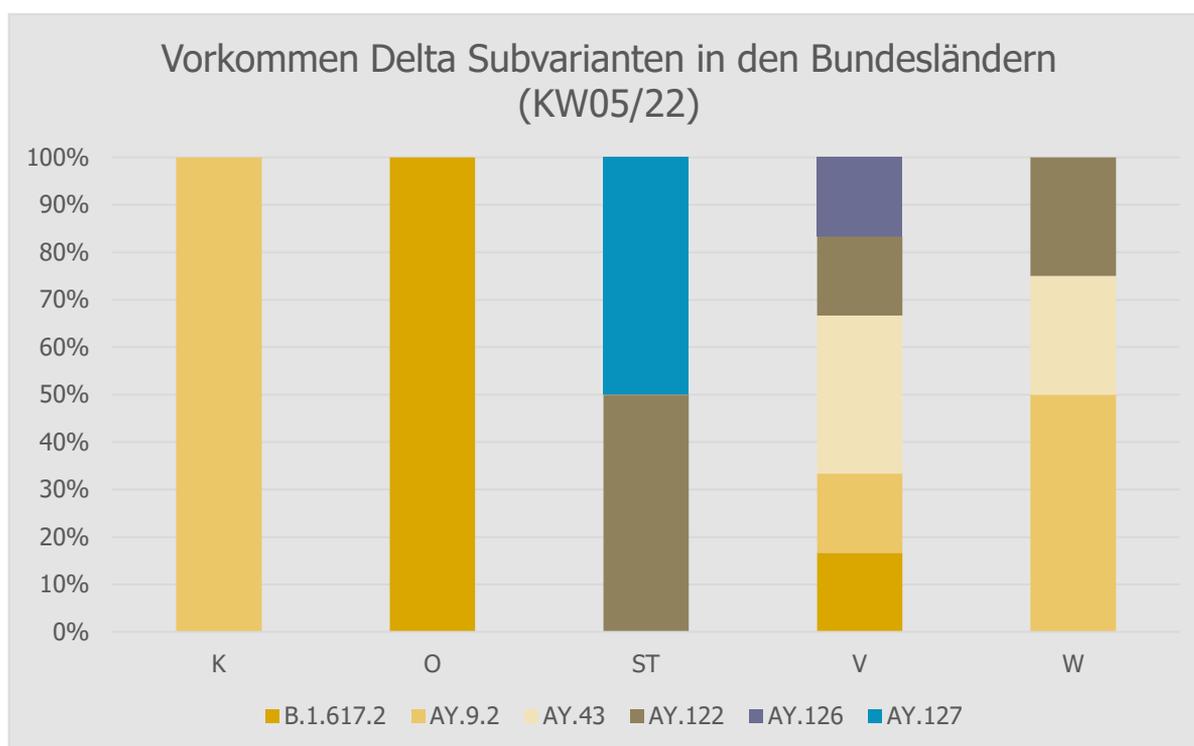


Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern nach Variante

5.2 Omikron-Sublineages BA.1, BA.1.1, BA.2 und BA.3

Seit 7. Jänner 2022 wird die Omikron Variante nun in vier Sublineages unterteilt – BA.1, BA.2, BA.3 sowie seit neuestem BA.1.1¹². Die Varianten unterscheiden sich an mehreren Positionen – verteilt über das gesamte Genom. Der wesentliche Unterschied der Sublineages sind das Vorhandensein der Deletion an der Position 69 des S-Gens sowie die Mutation S371L bzw. S371F. Die Sublineage BA.1.1 zeichnet sich zusätzlich durch das Vorhandensein der Mutation R346K¹³ aus, die bereits bei der My Variante zu finden war und einen Fitnessvorteil bewirken könnte.

Auf GISAID sind 1677 der aus Österreich hochgeladenen Omikron-Sequenzen der Variante BA.1 und lediglich 153 Uploads der Variante BA.2 zuzuordnen. 81 Datensätze wurden als Variante BA.1.1 klassifiziert. Weltweit wurden auf GISAID bisher 612048 Sequenzen der Variante BA.1 zugewiesen, 41121 der Variante BA.2 und lediglich 351 Datensätze der Variante BA.3. Der neuerlich auftretenden Variante BA.1.1 wurden bereits 301921 Uploads zugeordnet. (Stand 04.02.22 15:30).

¹² <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/360>

¹³ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34915551/>
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34981042/>

In Tabelle 3 sind die Spike-Mutationen der vier Omikron-Subvarianten ersichtlich.¹⁴

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

	BA.1	BA.1.1	BA.2	BA.3
HV69del	+	+	-	+
R346K	-	+	-	-
S371L	+	+	-	-
S371F	-	-	+	+
S373P	+	+	+	+
E484A	+	+	+	+
N501Y	+	+	+	+
Y505H	+	+	+	+
P681H	+	+	+	+

¹⁴ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/361>

Abbildung 7 zeigt die Schmelzkurven der Omikron Varianten BA.1, BA.1.1 und BA.2 sowie die der Delta Variante im Mutationsscreening auf S371L/S373P. Der Schmelzpunkt der Sublineage BA.2 liegt bei 54°C (S371F/S373P), der der Sublineages BA.1 sowie BA.1.1 liegt bei 62°C (S371L/S373P).

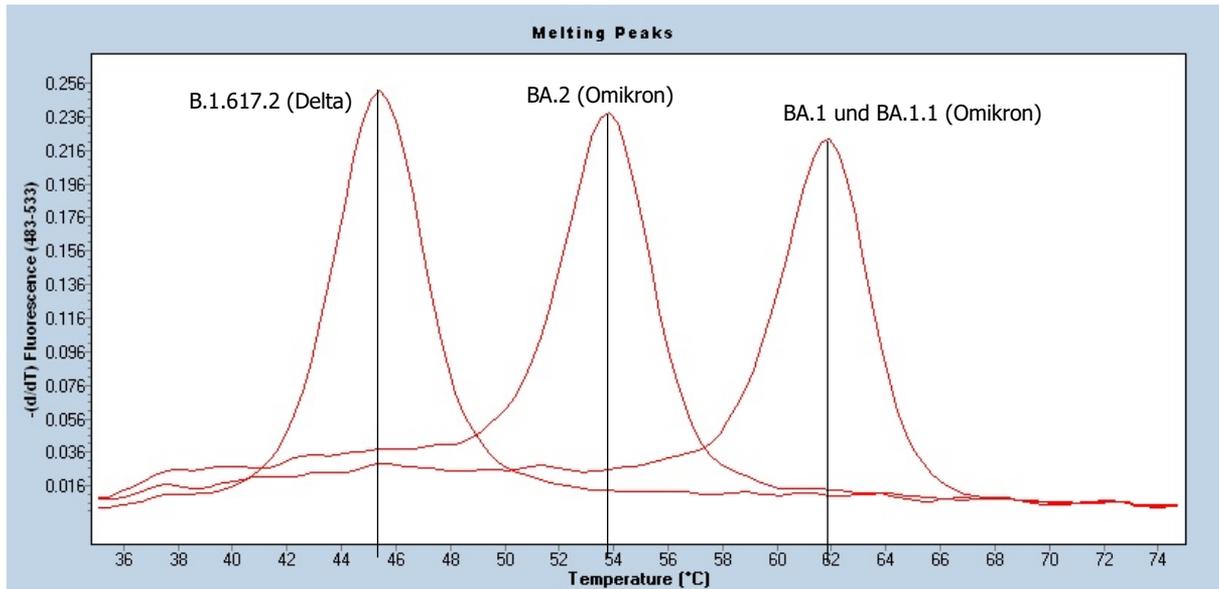


Abbildung 7: Schmelzkurven der Omikron Varianten BA.1, BA.1.1 und BA.2

5.3 Mutationsscreening Schmelzkurvenanalyse

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

5.3.1 Mutationsscreening N501/E484

Abbildung 8 zeigt die N501 und E484 spezifischen Schmelzkurven des Mutationscreenings. Bei der Omikron Variante zeigen sich hier Peaks bei etwa 46°C für E484A und 57°C für N501Y. Bei der Delta Variante sind die Peaks bei ca. 55°C für E484 und 60°C für N501 und somit sind die beiden Varianten gut zu unterscheiden.

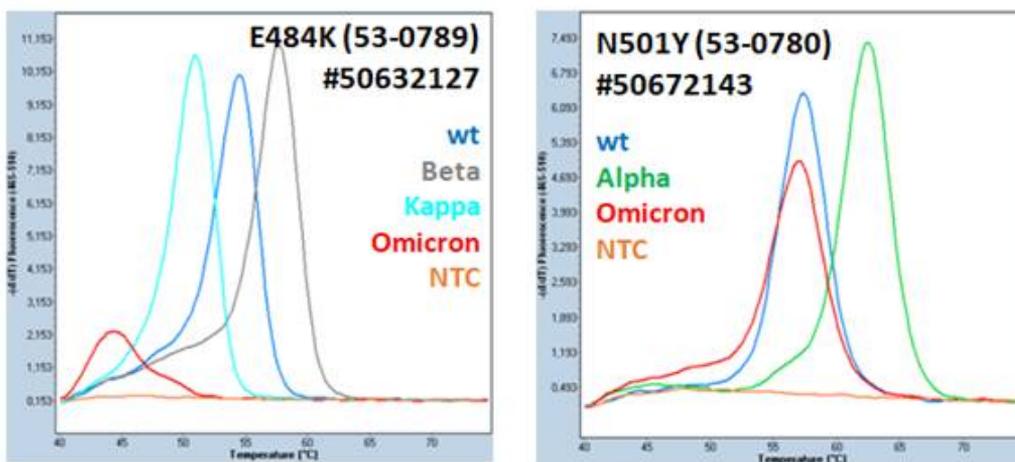


Abbildung 8: Schmelzkurven N501+E484¹⁵

5.3.2 Mutationsscreening S371/S373

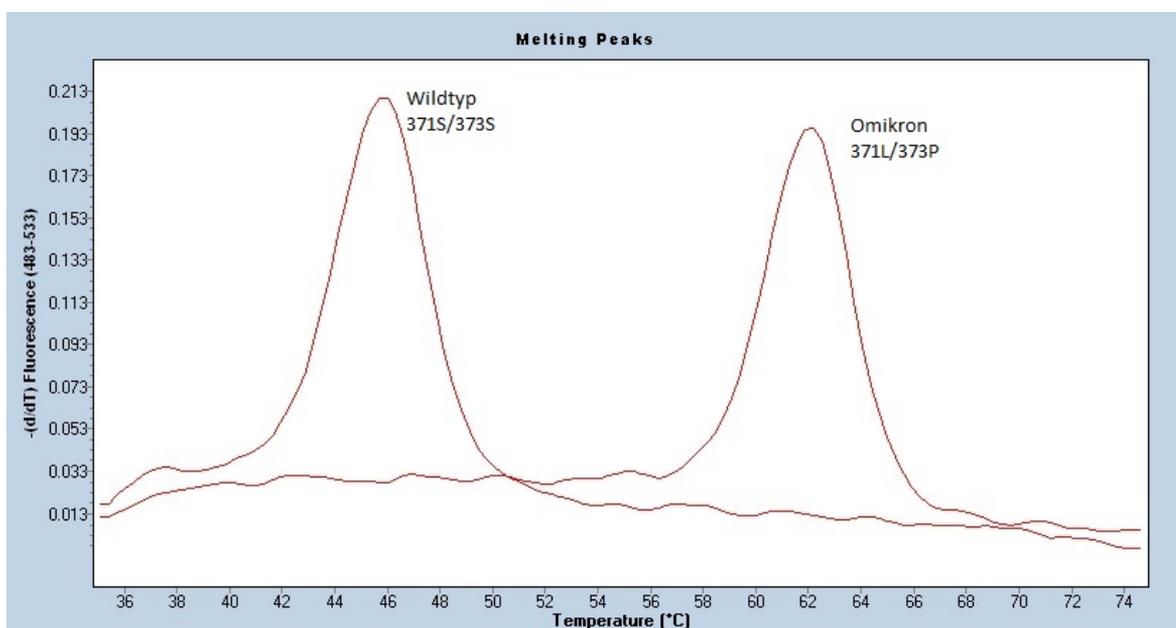


Abbildung 9: Schmelzkurven S371/S373

¹⁵ Quelle: TIB Molbiol, Berlin: <https://www.tib-molbiol.de/>

6 Links

www.gisaid.org

www.cov-lineages.org

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

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

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

<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/360>

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

7 Anhang

Sequenzierenden Laboratorien

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

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