



GISAID Österreich-Report

Nr. 9

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

*des Zeitraums 01.11.21-30.11.21
und zusammenfassend von 03.04.20-30.11.21*

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 9 sind die Ergebnisse aller österreichischen GISAID-Daten des Upload-Zeitraums 01.11.21 bis 30.11.21 sowie zusammenfassend für die Periode 03.04.20 bis 30.11.21 angeführt.

Seit April 2020 wurden von österreichischen Laboratorien 72070 auswertbare SARS-CoV-2 Genomdaten über GISAID publiziert. Im aktuellen Berichtszeitraum (01.10.21 bis 30.11.21) wurden 6377 Datensätze hochgeladen. Österreichweit zeigt sich weiterhin eine Dominanz der Variante B.1.617.2 (Delta) mit aktuell 6305 (98,87 %) Einträgen. Darüber hinaus wurde die Variante B.1.1.7 einmal in der Datenbank in 0,01 % der Genomdaten identifiziert. Auffällig ist der erstmalige Nachweis der Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) in 4 Datensätzen (0,04 %).

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 9 lists the results of the Austrian GISAID data for the upload period from November 1st, 2021 to November 30th, 2021 and summarized for the period April 3rd, 2020 to November 30th, 2021.

Since April 2020, Austrian laboratories have published 72070 SARS-CoV-2 genome data sets via GISAID. In the current reporting period (November 1st, 2021 to November 30th, 2021), 6377 data sets were uploaded in total. B.1.617.2 (Delta) remains the dominant variant with currently 6305 (98.87%) entries. In addition, variant B.1.1.7 (Alpha) was identified once throughout Austria, corresponding to 0.01% of the genome data. Strikingly, Variant of Concern (VOC) B.1.1.529 (Omicron) was assigned to 4 (0.04%) data records.

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 10.12.2021]

² European Centre for Disease Prevention and Control (2021): SARS-CoV-2 variants of concern as of 3 Decemer 2021, aufrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Zuletzt abgerufen am 10.12.2021]

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 01.11.21-30.11.21 (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: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 30.11.21).

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.

3 Ergebnisse des aktuellen Berichtszeitraums

3.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im Zeitraum vom 01.10.21 bis 30.11.21 wurden aus Österreich insgesamt 6377 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 6305 Datensätzen (98,87 %) 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 einer Genomsequenz (0,01 %) 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 B.1.1.529 (Omikron) wurde in 4 (0,06%) Datensätzen festgestellt. Sie zeichnet sich durch eine Vielzahl an Mutationen im Spike-Protein, wie etwa S371L, S373P, N501Y und E484A aus. Variants of Concern B.1.351 (Beta) und P.1 wurden nicht nachgewiesen. Die Variant of Interest AY.4.2. wurde in 31 (0,49%) der Proben nachgewiesen. Es gab keine Fälle der Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda). Insgesamt 7 Datensätze (0,11 %) wurden als „Sonstige“ zusammengefasst.

Vorkommen von Varianten, 01.11.2021 - 30.11.2021

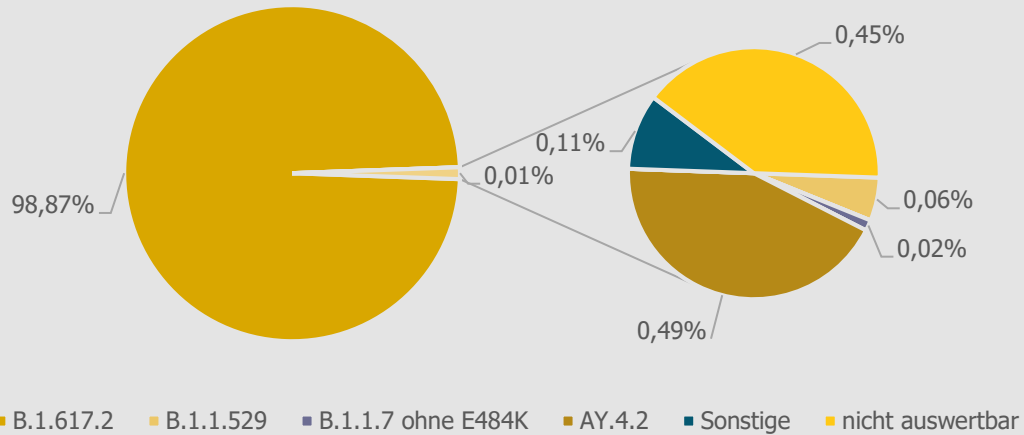


Abbildung 1: Vorkommen der SARS-CoV-2 Varianten in Österreich von 01.11.21-30.11.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in relativen Zahlen (alle Varianten ab 0,01 %). Von den insgesamt 6377 hochgeladenen Proben wurden 6344 im Zeitraum von September bis November 2021 isoliert.

Vorkommen Delta Subvarianten, 01.11.2021 - 30.11.2021

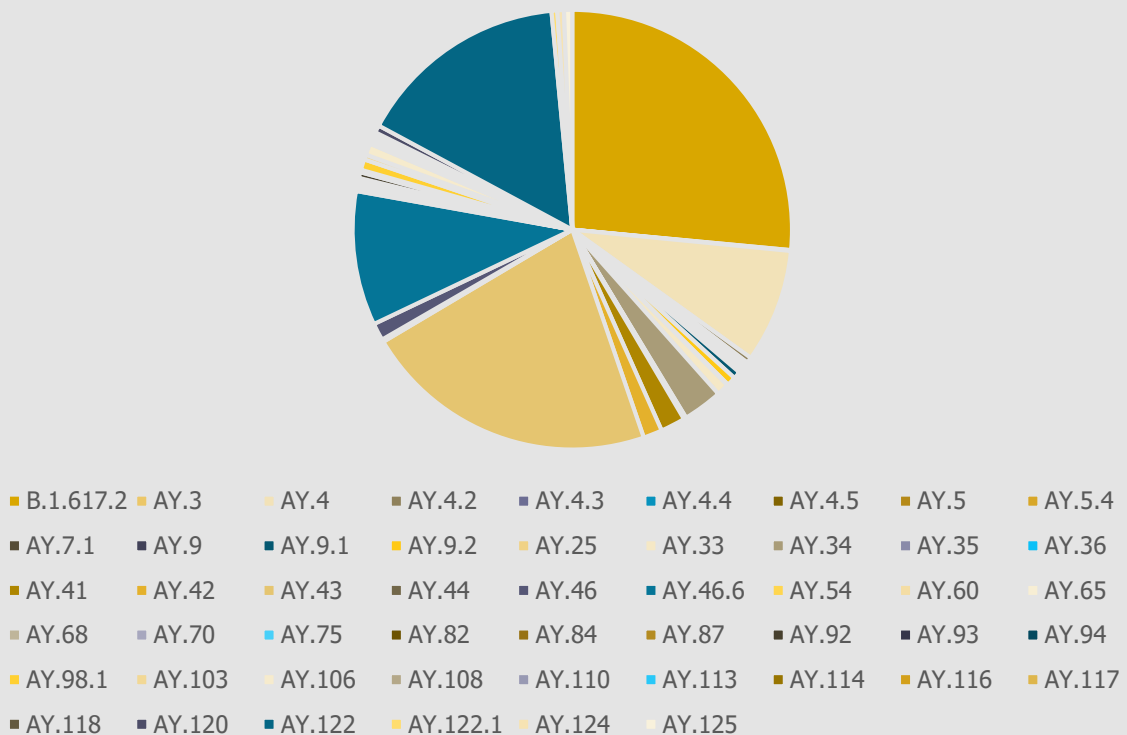


Abbildung 2: Unterteilung der Genomsequenzen, die der Delta Variante zugeordnet wurden, in deren Subvarianten AY.1 bis AY.126. Die Daten beziehen sich auf die aus Österreich auf GISAID hochgeladenen Sequenzen im Zeitraum von 01.11.21-30.11.21 und die Zuordnung zu den Delta Sublineages basiert auf der 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 (01.11.21-30.11.21) folgende gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 6305
- B.1.1.529 (Omikron): 4

Die Variants of Interest B.1.621 (My) und C.37 (Lambda) wurden im Untersuchungszeitraum nicht identifiziert. Die Variant of Interest AY.4.2 wurde in 31 Datensätzen identifiziert.

3.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Aus Wien liegen mit insgesamt 2054 (32,21 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Salzburg mit 1343 (21,06 %), Tirol mit 995 (15,60 %) und Vorarlberg mit 629 (9,86 %) Datensätzen. 451 (7,07 %) Datensätze stammen aus der Steiermark und 300 (4,70 %) aus Kärnten. 212 (3,32 %) Datensätze konnten Proben aus Oberösterreich zugeordnet werden sowie 134 (2,10 %) solchen aus Niederösterreich. Aus dem Burgenland wurden 97 (1,52 %) Genomdaten erhoben. Von den insgesamt 6377 Daten konnten 162 (2,54 %) keinem Bundesland zugeordnet werden.

In allen Bundesländern ist die Variante B.1.617.2 (Delta) die am häufigsten berichtete Variante. Nur diese Variante wurde aus allen Bundesländern berichtet. Die Variant of Concern B.1.1.529 (Omikron) wurde einmal in Niederösterreich und 3 Mal in Tirol identifiziert. Der einzige Nachweis der Variante B.1.1.7 stammt aus Wien. Die meisten Meldungen der Variante AY.4.2 stammen aus Wien mit 11 Datensätzen und aus Vorarlberg mit 10 Datensätzen. 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 01.11.21-30.11.21 (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	97	0	0	0	0	0	97
Kärnten	298	0	0	2	0	0	300
Niederösterreich	131	1	0	0	0	2	134
Oberösterreich	209	0	0	0	0	3	212
Salzburg	1339	0	0	3	0	1	1343
Steiermark	433	0	0	2	6	10	451
Tirol	988	3	0	3	0	1	995
Vorarlberg	617	0	0	10	0	2	629
Wien	2037	0	1	11	1	4	2054
Unbekannt	156	0	0	0	0	6	162
Gesamt nach Variante	6305	4	1	31	7	29	6377

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

4.1 Ergebnisse aus dem gesamten Bundesgebiet Österreich

Im gesamten Zeitraum vom 03.04.20 bis 30.11.21 wurden aus Österreich 72070 auswertbare SARS-CoV-2-Sequenzierungsdaten auf GISAID zur Verfügung gestellt. Davon waren 14620 Daten aus Ganzgenomsequenzierungen, bei welchen eine Zuordnung zur Variante über PANGO Lineage Assignment erfolgte. 57450 Datensätze beinhalten partielle Sequenzen des S-Proteins, bei welchen das Assignment (Zuordnung zur Variante) manuell auf Basis der vorliegenden Sequenzdaten erfolgte.

Insgesamt 27914 Datensätze (38,73 %) 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. Datensätze, die der Variante B.1.1.529 (Omikron) zugeordnet werden, wurden insgesamt 4 Mal hochgeladen.

Mit 34074 Datensätzen (47,28 %) wurde die Variante B.1.1.7 (Alpha) österreichweit am häufigsten identifiziert. Bei 1166 Genomsequenzen (1,62 %), die der Variante B.1.1.7 zugeordnet wurden, fand sich zusätzlich die Mutation E484K. Die Variante wurde seit Juli 2021 kaum mehr nachgewiesen. 1118 Datensätze (1,55 %) wurden der Variante B.1.351 (Beta) und 161 (0,22 %) der Variante P.1 (Gamma) zugewiesen.

50 Genomsequenzen wurden der Variant of Interest B.1.621 (My) zugeordnet sowie eine der VOI C.37 (Lambda). Die Variant of Interest AY.4.2 wurde in 34 Datensätzen gefunden. Insgesamt 8109 Datensätze (11,25 %) wurden „sonstigen“ Varianten zugeordnet.

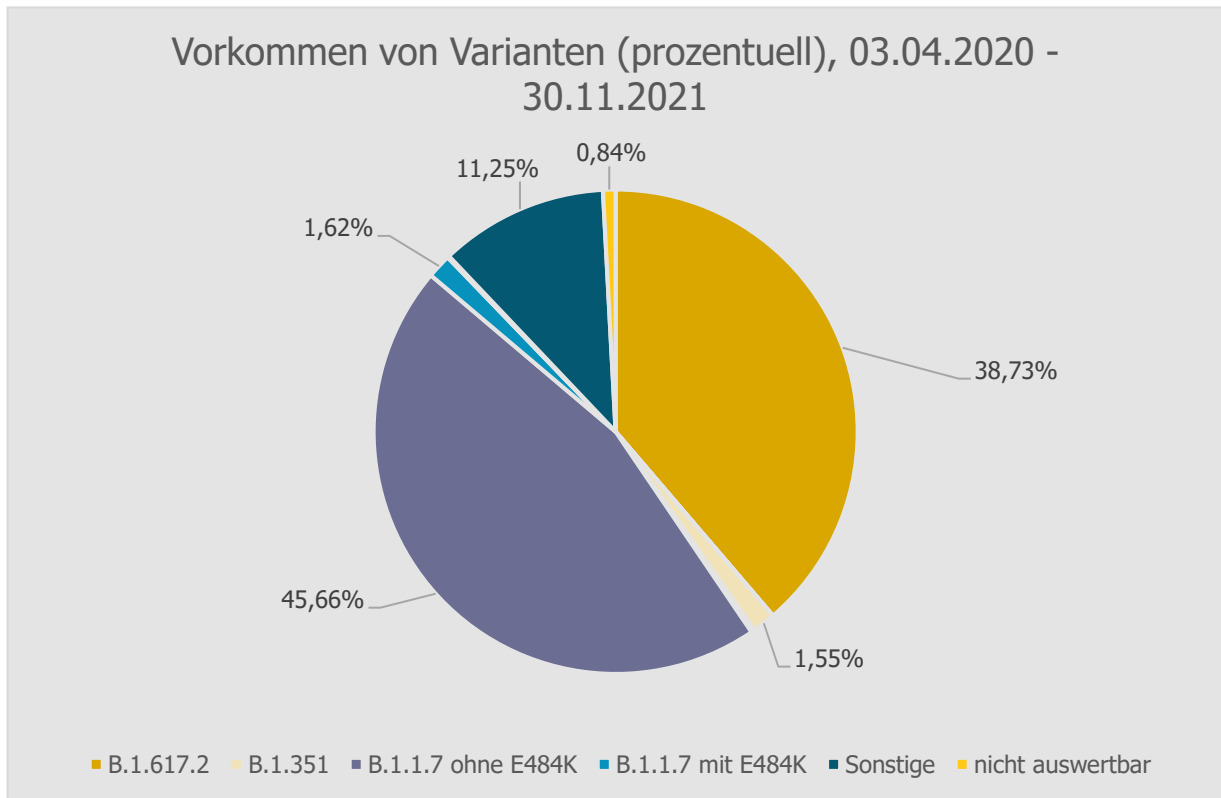


Abbildung 3: Vorkommen der SARS-CoV-2-Varianten in Österreich von 03.04.20-30.11.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), prozentuell (alle Varianten ab 0,75 %)

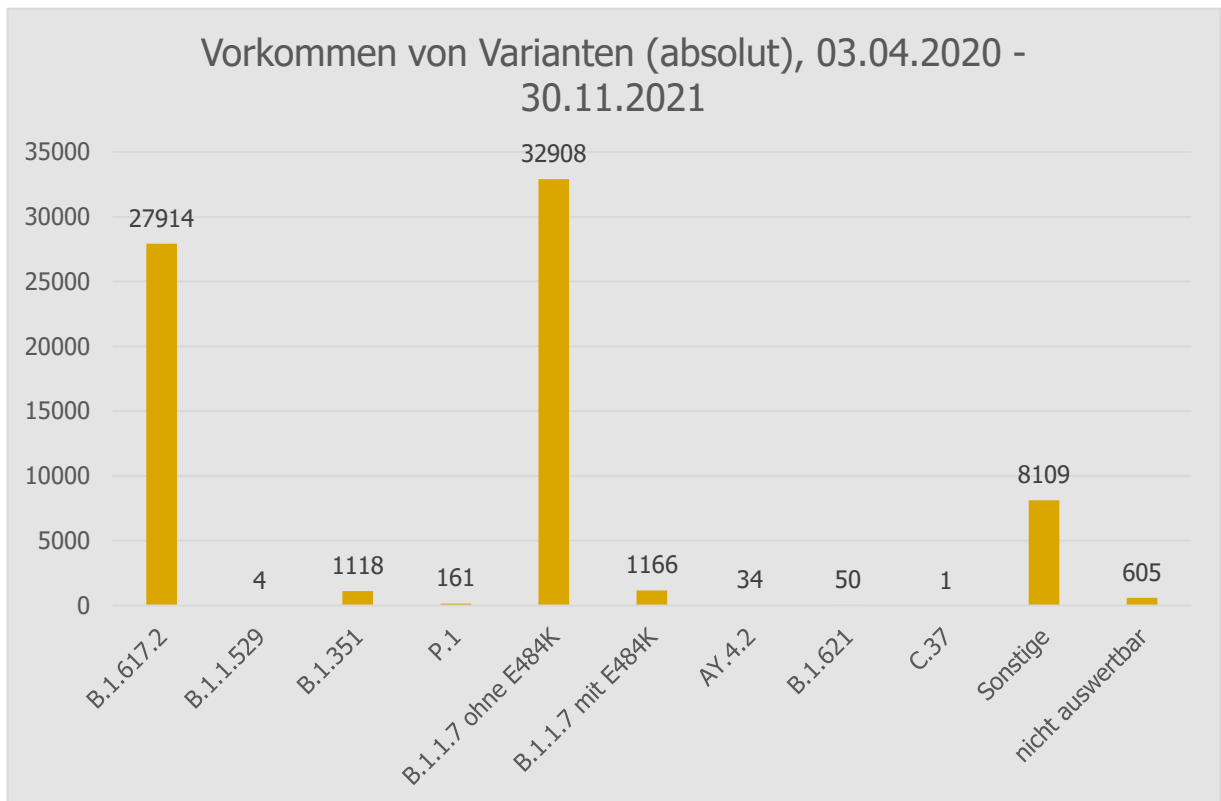


Abbildung 4: Vorkommen der Varianten in Österreich 03.04.20-30.11.21 (GISAID-Upload-Zeitraum), in absoluten Zahlen

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 30.11.21 die Folgenden gefunden werden:

- B.1.617.2 (Delta): 27914
- B.1.351 (Beta): 1118
- P.1 (Gamma): 161
- B.1.1.529 (Omikron): 4

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

- B.1.621 (My): 50
- C.37 (Lambda): 1
- AY.4.2: 34

4.3 Ergebnisse der einzelnen Bundesländer

Aus Wien liegen mit insgesamt 23934 (33,21 %) die meisten Daten vor, gefolgt von Tirol mit 14221 (19,73 %), Salzburg mit 8153 (11,31 %), Vorarlberg mit 4154 (5,76 %) und der Steiermark mit 4066 (5,64 %) Datensätzen. Aus Kärnten stammen 3786 (5,25 %), aus Oberösterreich 2276 (3,16 %), aus dem Burgenland 1782 (2,47 %) und aus Niederösterreich 1540 (2,14 %) Genomdaten.

Die Variante B.1.617.2 (Delta) sowie die Variante B.1.1.7 (Alpha), die mit 32908 Datensätzen die am häufigsten berichtete Variante pro Bundesland ist, sind die einzigen Varianten, die in jedem Bundesland identifiziert wurden. Mit 13920 Datensätzen stammt der Großteil der Variante B.1.617.2 (Delta) aus Wien.

Die Variante B.1.351 (Beta) wurde mit 739 Datensätzen in Tirol am häufigsten detektiert. 103 der 161 Datensätze der Variante P.1 (Gamma) wurden ebenfalls dem Bundesland Tirol zugeordnet. Die vier Datensätze der Variante B.1.1.529 (Omikron) wurden aus Tirol (3 Datensätze) bzw. aus Niederösterreich (ein Datensatz) hochgeladen.

Tabelle 2 zeigt die identifizierten SARS-CoV-2-Varianten aus dem Zeitraum von 03.04.20 bis 30.11.21 (Zeitraum des Uploads) für die einzelnen Bundesländer Österreichs auf Basis der GISAID-Daten.

Tabelle 2: Vorkommen der Varianten nach Bundesländern 03.04.20-30.11.21 (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	AY.4.2	B.1.621	C.37	Sonstige bzw. nicht auswertbar	Gesamt pro Bundesland
Burgenland	1035	0	0	1	462	0	0	0	284	2528
Kärnten	1639	0	3	2	1179	2	0	0	961	5926
Niederösterreich	364	1	3	2	605	0	0	0	565	2710
Oberösterreich	766	0	4	0	1267	0	0	0	239	3782
Salzburg	3526	0	24	10	3618	3	1	0	971	12742
Steiermark	768	0	7	0	2469	2	0	0	820	7355
Tirol	1469	3	739	103	9880	3	0	0	2024	26125
Vorarlberg	3113	0	2	16	616	10	48	0	349	5119
Wien	13920	0	254	26	8355	14	1	1	1363	33652
Unbekannt	0	0	16	0	5335	0	0	0	333	11352
Ausland	1314	0	66	1	288	0	0	0	805	3567
Gesamt nach Variante	27914	4	1118	161	34074	34	50	1	8714	114858

Abbildung 6 zeigt die Unterteilung der als Delta klassifizierten Proben, die weltweit im Zeitraum Jänner bis November 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.

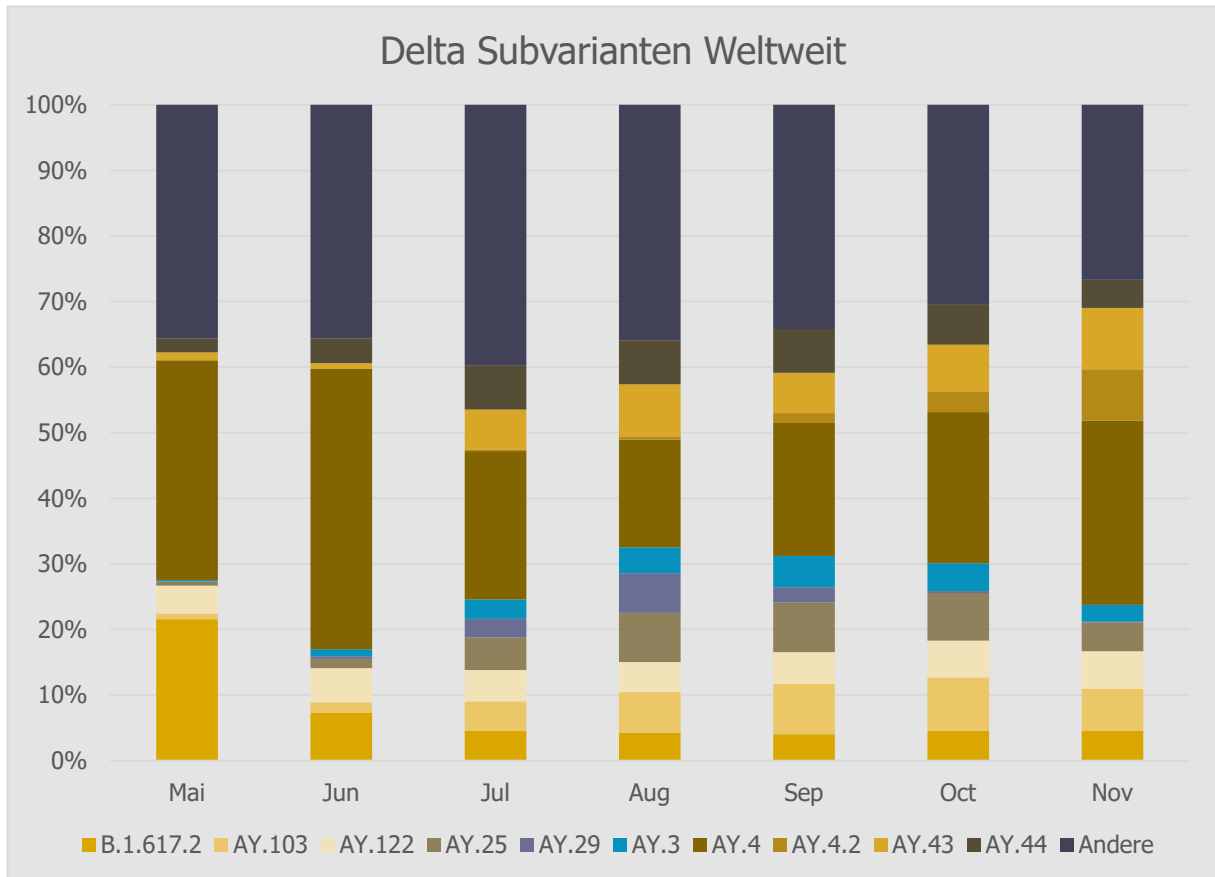


Abbildung 6: Vorkommen Delta Sublineages Weltweit

5.2 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.

5.2.1 Mutationsscreening N501/E484

Abbildung 7 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.

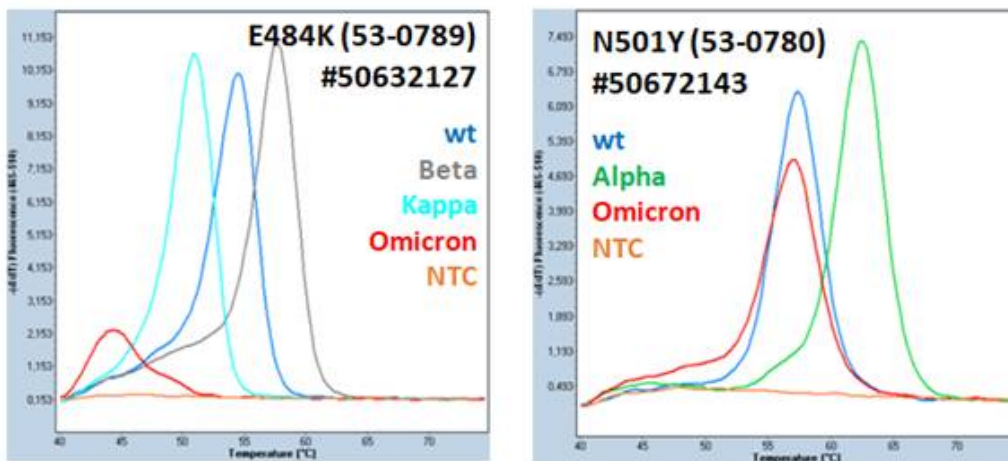


Abbildung 7: Schmelzkurven N501+E484¹²

5.2.2 Mutationsscreening S371/S373

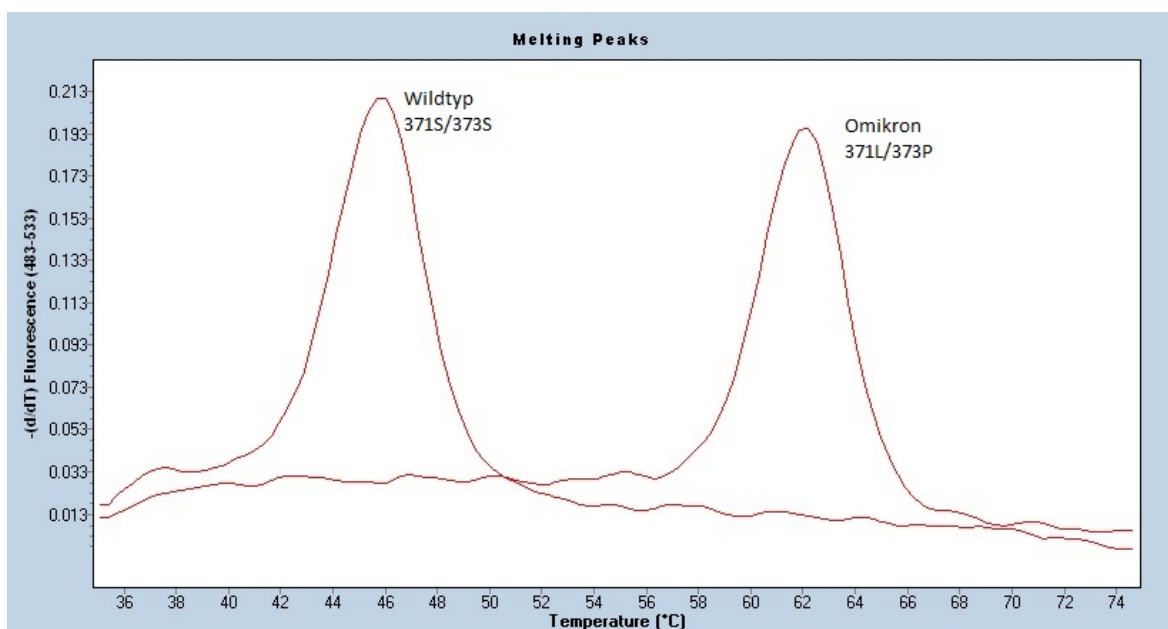


Abbildung 8: Schmelzkurven S371/S373

¹² Quelle: TIB Molbiol, Berlin: <https://www.tib-molbiol.de/>

5.3 Omikron Sublineages BA.1 und BA.2

Die Omikron-Variante B.1.1.529 wurde kürzlich in die beiden Varianten BA.1 und BA.2 gegliedert, welche sich an mehreren Positionen – verteilt über das gesamte Genom – unterscheiden. Der wesentliche Unterschied der beiden Sublineages ist das Vorhandensein der Deletion an der Position 69 des S-Gens.

Auf GISAID sind alle 17 aus Österreich hochgeladenen Omikron-Sequenzen aus Österreich der Variante BA.1 zuzuordnen. Weltweit wurden auf GISAID bisher 1604 Sequenzen der Variante BA.1 zugewiesen, lediglich 7 Sequenzen der Variante BA.2 (Stand 10.12.21 16:00).

In Tabelle 3 sind die Spike-Mutationen der beiden Varianten ersichtlich.¹³

Tabelle 3: Mutationen BA.1 und BA.2

	BA.1	BA.2
HV69del	+	-
S371L	+	-
S373P	+	+
E484A	+	+
N501Y	+	+
Y505H	+	+
P681H	+	+

¹³ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/361>

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/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