


# COVID-Whole Genome Sequencing-Surveillance System Sentinel-Labore



**Ganzgenomsequenzierung zur Erfassung der  
aktuellen Situation in Österreich betreffend  
die Mutationsvarianten von SARS-CoV-2  
*KW40 inkl. Monatsabschluss September 2021***

## Zusammenfassung

Ziel des COVID-WGS-Surveillance Systems Sentinel-Labore ist es, einen Überblick über die aktuelle Situation in Österreich betreffend die Mutationen beziehungsweise Varianten von SARS-CoV-2 zu bekommen.

Im gesamten Zeitraum seit Start des Sentinel-Systems (KW14-KW40) konnten 18 verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden. Darunter die Variants of Concern B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma) und B.1.617.2 (Delta) sowie die Variant of Interest B.1.621 (My).

Im Zeitraum September 2021 wurden im Zuge des Projekts drei verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 bestimmt. Bei den gefundenen Varianten handelt es sich um die Variants of Concern B.1.617.2 (Delta) inklusive den Delta-Sublineages und B.1.351 (Beta) sowie die Variante B.1.1.10.

In der KW40 konnten zwei Varianten von SARS-CoV-2 festgestellt werden – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) inklusive den Delta-Sublineages und B.1.

## Schlüsselwörter

COVID-19, SARS-CoV-2, Sentinel, Ganzgenomsequenzierung, Sequenzierung

## Summary

The aim of the COVID-WGS-Surveillance System Sentinel Laboratories is to obtain an overview of the current situation in Austria regarding mutations and variants of SARS-CoV-2.

In the entire reporting period since the start of the Sentinel System (KW14-KW40), 18 different variants of SARS-CoV-2 could be detected by whole genome sequencing. Among them are Variants of Concern B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma) and B.1.617.2 (Delta) as well as Variant of Interest B.1.621 (My).

In the reporting period of September 2021, two different variants of SARS-CoV-2 were determined in the course of the project – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) as well as the Delta-sublineages.

In the current reporting week (KW40), two variants of SARS-CoV-2 were detected in the course of the project – Variant of Concern B.1.617.2 (Delta) including its sublineages and B.1.

## Keywords

COVID-19, SARS-CoV-2, sentinel, whole genome sequencing, sequencing

# COVID-WGS-System Sentinel-Labore

---

Folgende teilnehmende Laboratorien des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore senden auf regelmäßiger Basis Proben ein:

- Kärnten: ILV Kärnten
- Steiermark: Medizinische Universität Graz
- Vorarlberg: Landeskrankenhaus Feldkirch
- Tirol: Institut für Virologie der Universität Innsbruck
- Salzburg: Medilab Mustafa
- Oberösterreich: Krankenhaus Wels-Grieskirchen
- Niederösterreich: Zentrallabor St. Pölten
- Burgenland: AGES IMED-VIE
- Wien: AGES IMED-VIE, Labor Doz. DDr. Stefan Mustafa (Flughafenproben)

Die Proben, die im Zuge des Projekts auf verschiedene Varianten von SARS-CoV-2 analysiert werden, stammen aus den 9 Bundesländern sowie vom Flughafen Wien als zehnter Teilnehmer. Die Proben werden in der AGES Wien Währinger Straße gesammelt, wo deren RNA eluiert wird. Einmal pro Woche werden die Proben schließlich an das CeMM weitergeleitet, wo eine Ganzgenomsequenzierung stattfindet.

Das CeMM (Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences) führt bereits seit Anfang vergangenen Jahres Ganzgenomsequenzierungen von auffälligen Proben aus verschiedenen Laboratorien und Instituten in ganz Österreich durch. Dabei wird – anders als bei einer herkömmlichen PCR auf Mutationen – das gesamte Genom sequenziert und im Anschluss analysiert, um so das Auftreten von verschiedenen Varianten von SARS-CoV-2 zu erkennen sowie etwaige Entwicklungen und Veränderungen in diesem Bereich sichtbar zu machen.

Bei den Proben, die im Zuge des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore getestet werden, handelt es sich nicht zwangsläufig um Proben, bei denen konkret die Vermutung auf eine Mutation besteht, sondern vielmehr um stichprobenartig ausgewählte SARS-CoV-2 positive Proben. Durch das COVID-WGS-System Sentinel-Labore wird die Gesamtsituation betreffend das Vorkommen von Mutationen beziehungsweise Varianten von SARS-CoV-2 in Österreich über einen längeren Zeitraum erfasst sowie überblicksmäßig präsentiert.

## Ergebnisse – kumuliert KW14-KW40

---

Ergebnisse des COVID-WGS-Systems Sentinel-Labore des gesamten Projektzeitraums (KW14-KW40):

Es wurden insgesamt 1920 Proben aus 9 Bundesländern bzw. dem Flughafen Wien zur Ganzgenomsequenzierung eingesandt – 287 Proben aus Kärnten, 267 aus Vorarlberg, 249 aus Oberösterreich, 228 aus Wien, 223 aus dem Burgenland, 202 aus Salzburg, 187 aus der Steiermark, 122 aus Niederösterreich, 28 aus Tirol sowie 127 vom Flughafen Wien. Bei den Ergebnissen der Ganzgenomsequenzierung besagter Proben handelt es sich um folgende Varianten:

- B.1<sup>1</sup> – detektiert bei 6 Proben, entspricht 0,3 % der erfassten Proben
- B.1.1<sup>2</sup> – detektiert bei 6 Proben, entspricht 0,3 % der erfassten Proben
- B.1.1.10<sup>3</sup> – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.1.318<sup>4</sup> – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.1.370<sup>5</sup> – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.1.7<sup>6</sup> – detektiert bei 1016 Proben, entspricht 53% der erfassten Proben
  
- B.1.177<sup>7</sup> – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.258<sup>8</sup> – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.258.17<sup>9</sup> – detektiert bei 8 Proben, entspricht 0,4 % der erfassten Proben
- B.1.351<sup>10</sup> – detektiert bei 5 Proben, entspricht 0,3 % der erfassten Proben
- B.1.525<sup>11</sup> – detektiert bei 3 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben
- B.1.526<sup>12</sup> – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- B.1.617.2<sup>13</sup> – detektiert bei 758 Proben, entspricht 39 % der erfassten Proben
- B.1.621<sup>14</sup> – detektiert bei 2 Probe, entspricht 0,1 % der erfassten Proben

---

<sup>1</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.html)

<sup>2</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.html)

<sup>3</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.1.10.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.10.html)

<sup>4</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.1.318.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.318.html)

<sup>5</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.1.370.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.370.html)

<sup>6</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.1.7.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.1.7.html)

<sup>7</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.177.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.177.html)

<sup>8</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.258.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.html)

<sup>9</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.258.17.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html)

<sup>10</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.351.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.351.html)

<sup>11</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.525.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.525.html)

<sup>12</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.526.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.526.html)

<sup>13</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.617.2.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.2.html)

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

- B.1.623<sup>15</sup> – detektiert bei 2 Proben, entspricht 0,1 % der erfassten Proben
- C.36<sup>16</sup> – detektiert bei 3 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben
- P.1<sup>17</sup> – detektiert bei 10 Proben, entspricht 0,5 % der erfassten Proben
- R.1<sup>18</sup> – detektiert bei 4 Proben, entspricht 0,2 % der erfassten Proben

Bei 89 Proben (5 % der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Im Folgenden ist das absolute Vorkommen der Varianten für den gesamten Projektzeitraum seit 02.04.2021 (KW14-KW39) dargestellt. Abbildung 1 zeigt das Auftreten der Varianten Alpha (B.1.1.7) und Delta (B.1.617.2) im Vergleich zu den restlichen detektierten Varianten, die unter „Andere“ zusammengefasst werden. Abbildung 2 schlüsselt die Ergebnisse für „andere“ Varianten im gesamten Projektzeitraum auf.

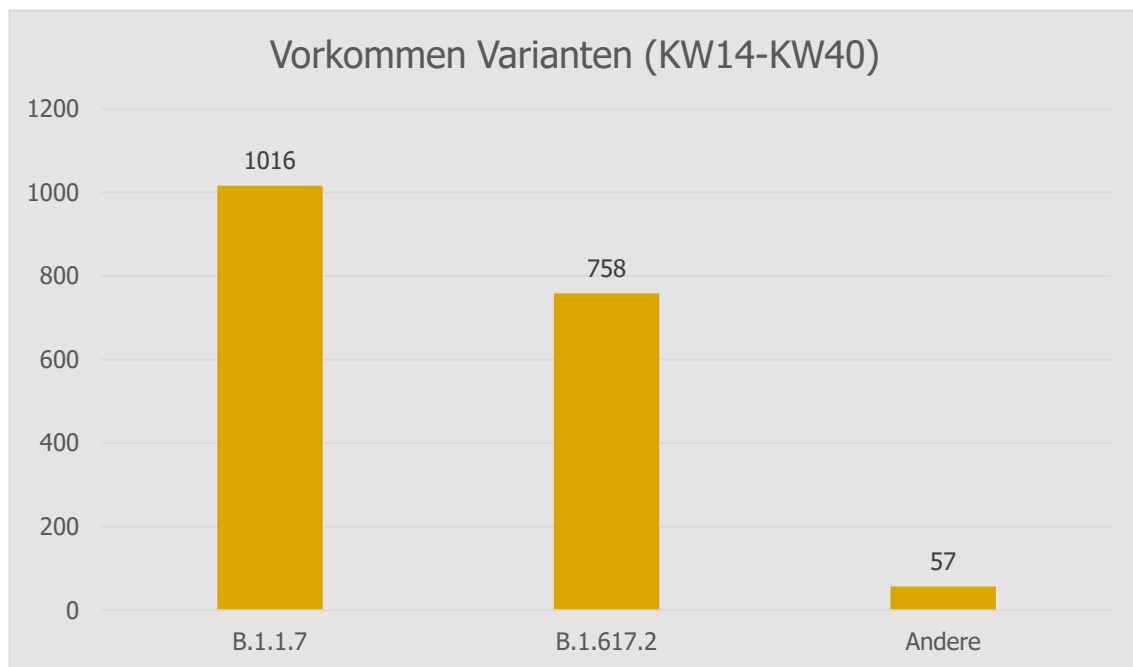


Abbildung 1: Absolutes Vorkommen der Varianten seit 02.04.2021

<sup>15</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.623.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.623.html)

<sup>16</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_C.36.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_C.36.html)

<sup>17</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_P.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_P.1.html)

<sup>18</sup> [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_R.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_R.1.html)

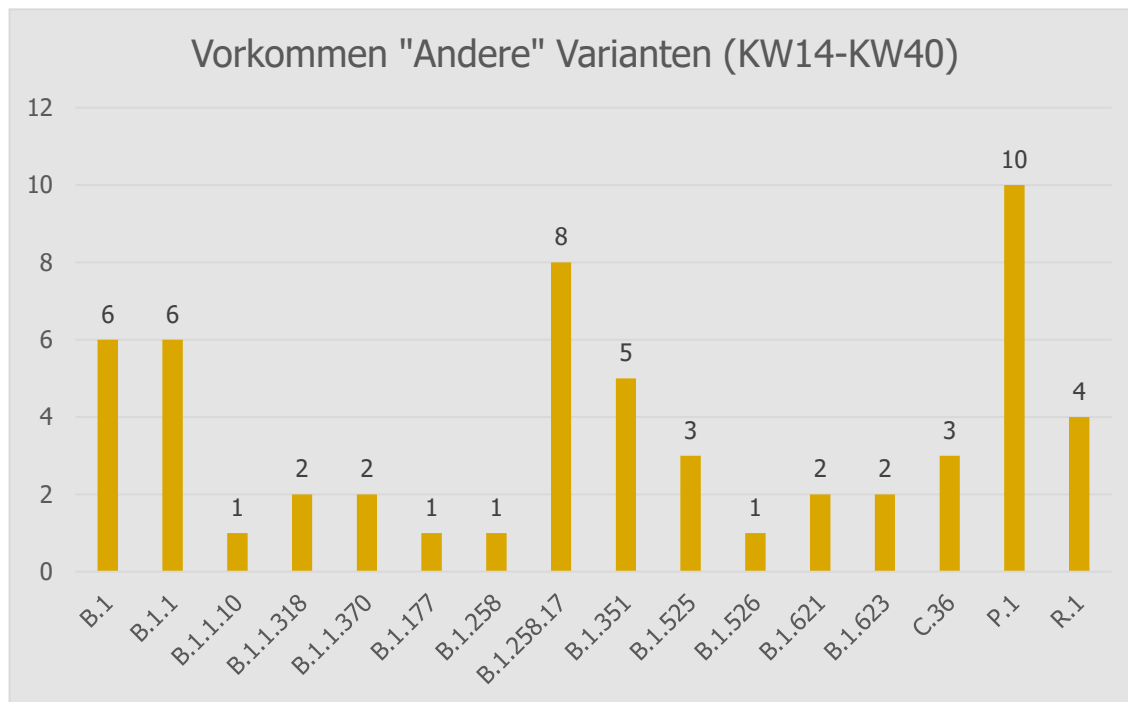


Abbildung 2: Absolutes Vorkommen „Andere“ Varianten seit 02.04.2021

## Ergebnisse September 2021

Es wurden im Zeitraum September 2021 insgesamt 314 Proben aus 8 Bundesländern bzw. vom Flughafen Wien eingesandt – 50 Proben aus Salzburg, je 40 aus Kärnten, Oberösterreich und Wien, 39 aus dem Burgenland, 38 aus der Steiermark, 31 aus Vorarlberg, 23 aus Niederösterreich sowie 13 Proben vom Flughafen Wien. Bei den Ergebnissen der Ganzgenomsequenzierung besagter Proben handelt es sich um folgende Varianten:

- B.1.617.2 – detektiert bei 303 Proben, entspricht 96 % der erfassten Proben
- B.1.1.10 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,3 % der erfassten Proben
- B.1.351 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 0,3 % der erfassten Proben

Bei 9 Proben (3 % der erfassten Proben) konnte kein eindeutiges Ergebnis bestimmt werden.

Abbildung 3 zeigt das Entnahmedatum der Proben, deren Ergebnisse im Berichtszeitraum September 2021 dargestellt werden. Man kann erkennen, dass der Entnahmezeitpunkt der Proben zurückliegt und die Daten somit nicht die aktuelle Situation beschreiben, sondern eine Retrospektive darstellen.

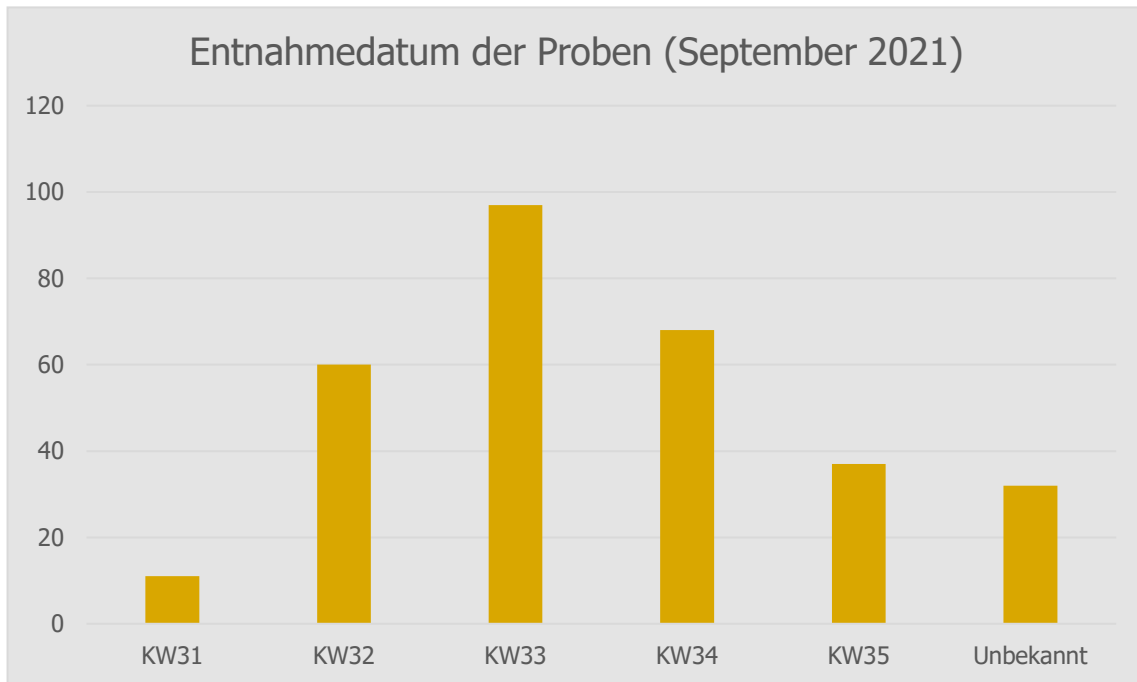


Abbildung 3: Entnahmedatum der Proben für den Berichtszeitraum September 2021

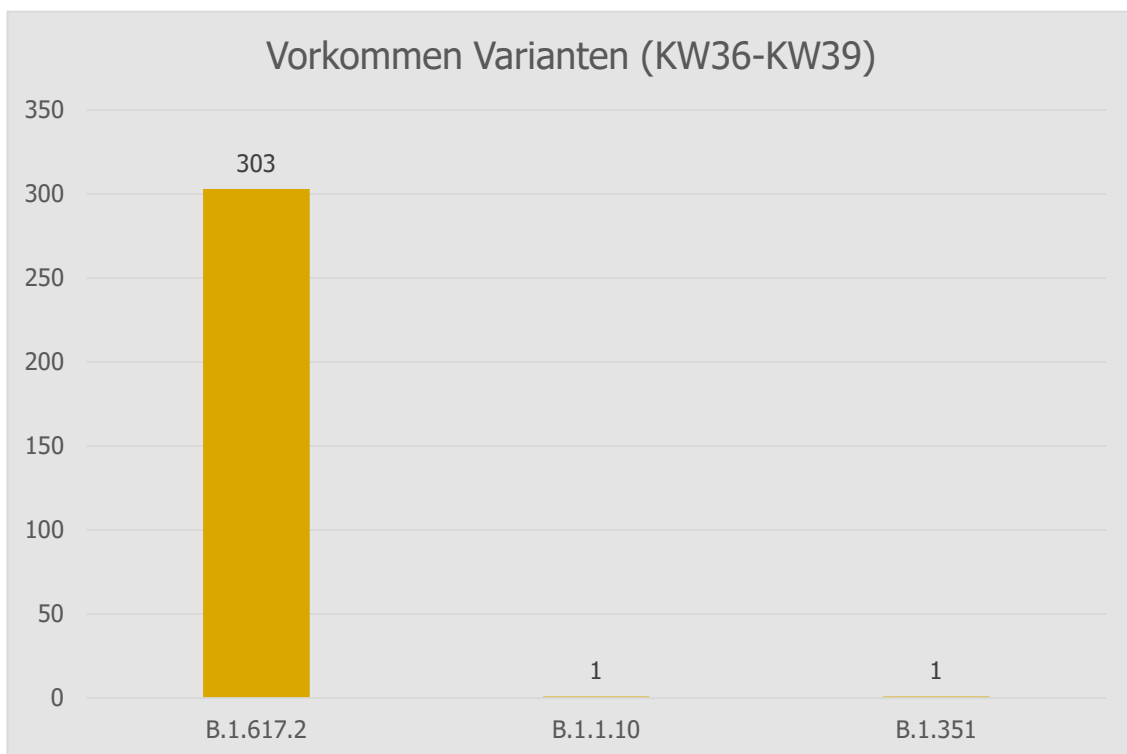


Abbildung 4 zeigt das absolute Vorkommen der Varianten im Zeitraum September 2021



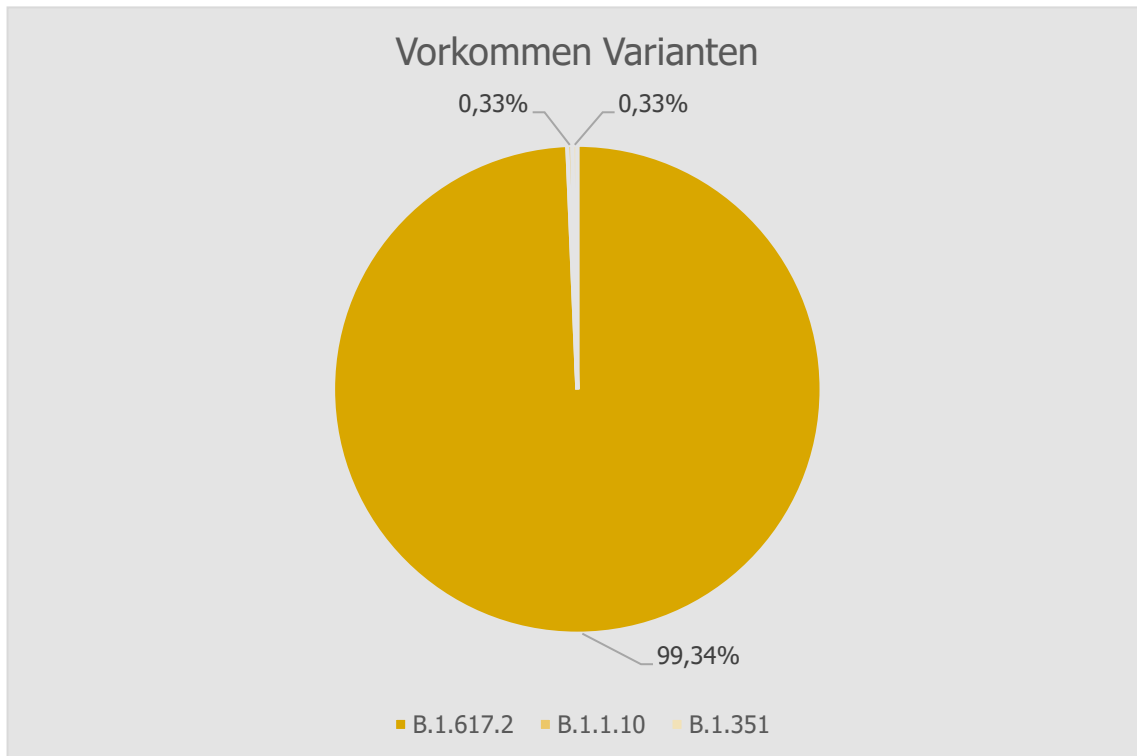


Abbildung 5 zeigt das relative Vorkommen der Varianten im Zeitraum September 2021

## Ergebnisse KW40

---

Es wurden Proben aus 8 Bundesländern sowie vom Flughafen Wien eingesandt – je 20 Proben aus Oberösterreich und der Steiermark, 12 aus Niederösterreich, je 10 aus dem Burgenland, Kärnten, Salzburg, Vorarlberg und Wien sowie 6 Proben vom Flughafen Wien. Die Ergebnisse der Ganzgenomsequenzierung zeigten folgende Varianten:

- B.1.617.2 – detektiert bei 106 Proben, entspricht 98 % der erfassten Proben
- B.1 – detektiert bei 1 Probe, entspricht 1 % der erfassten Proben

Bei einer der Proben (1 %) konnte kein eindeutiges Ergebnis festgestellt werden.

Abbildung 6 zeigt das Entnahmedatum der Proben, deren Ergebnisse im aktuellen Berichtszeitraum (KW40) dargestellt werden. Man kann erkennen, dass der Entnahmezeitpunkt der Proben in den meisten Fällen mindestens 3 Wochen zurückliegt und die Daten somit nicht die aktuelle Situation beschreiben, sondern eine Retrospektive darstellen.

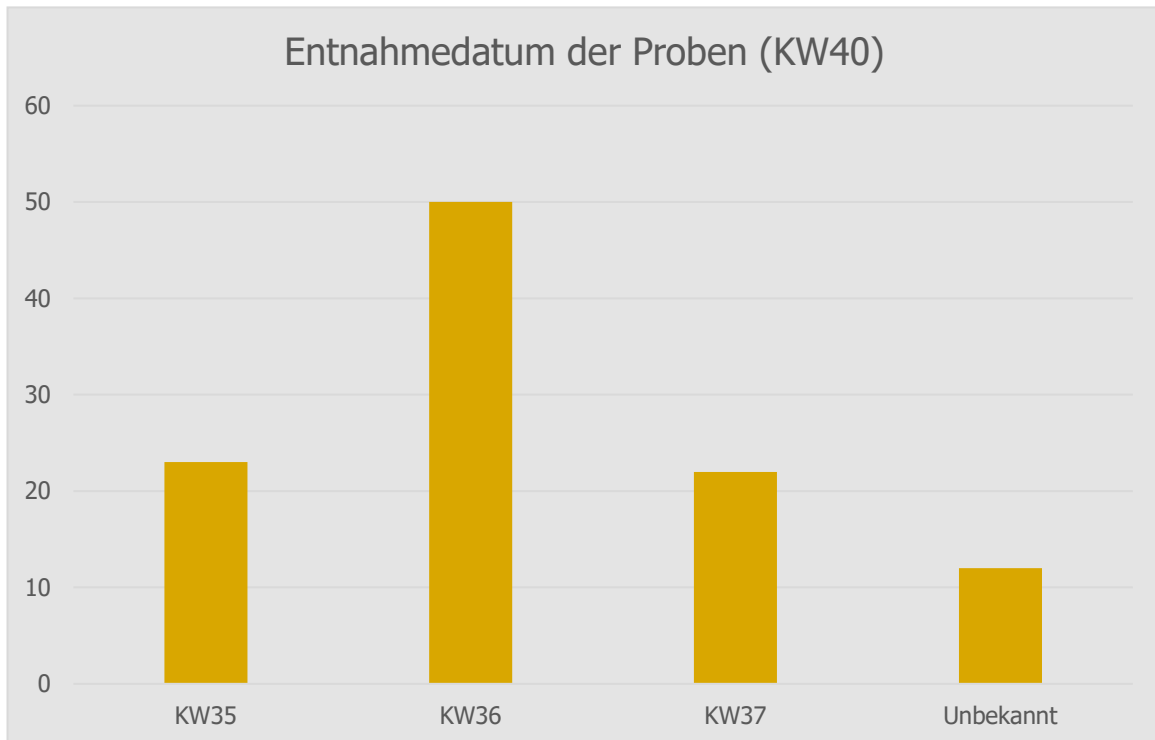


Abbildung 6: Entnahmedatum der Proben des aktuellen Berichtszeitraums (KW40)

## Gefundene Varianten KW40

---

In der Berichtwoche KW40 konnten im Zuge des Projekts mit Sentinel-Laboratorien zwei Varianten von SARS-CoV-2 durch Ganzgenomsequenzierung festgestellt werden. Bei der Variante B.1.617.2 handelt es sich um die sogenannte Delta Variante (Variant of Concern) mit den Mutationen L452R und P681R. Die Variante zeigt keine Mutation an der Aminosäureposition 501 des S-Gen. Bei B.1 handelt es sich um eine wenig differenzierte Variante ohne auffälligen Mutationen im S-Gen.

Die Proben, die in der aktuellen Berichtwoche der Variante B.1.617.2 zugeordnet wurden, lassen sich wie in Abbildung 7 dargestellt in deren Sublineages AY.4, AY.5, AY.7.1, AY.7.2, AY.9 sowie AY.20 unterteilen.

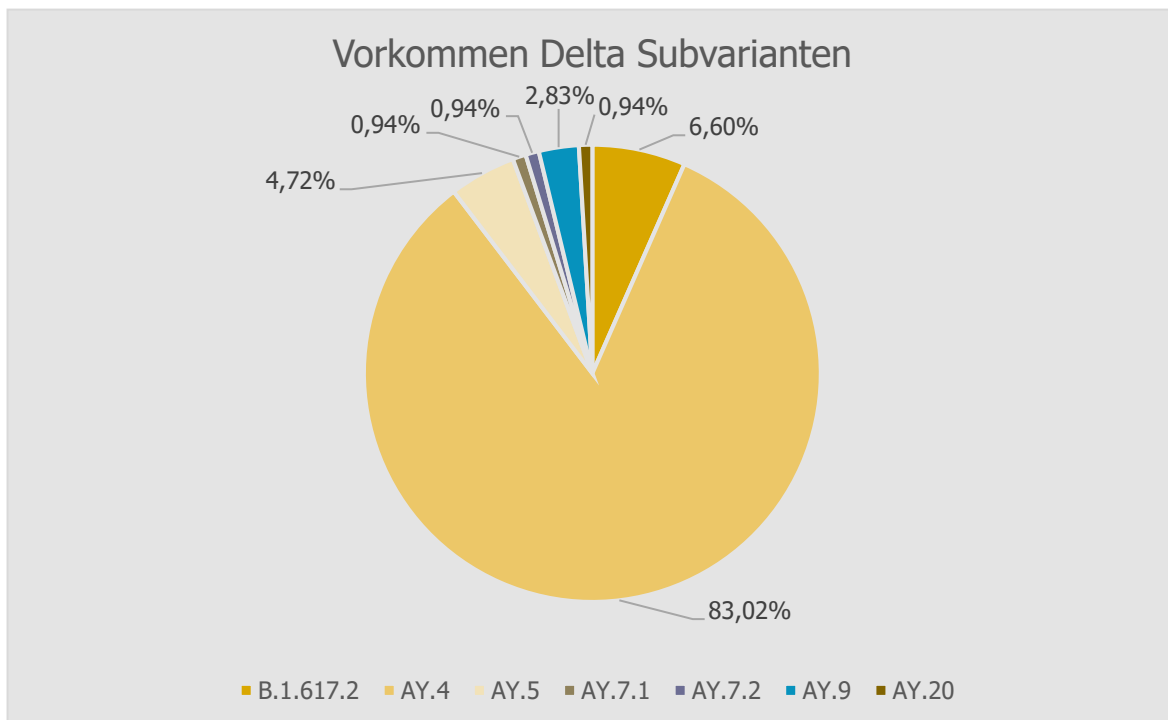


Abbildung 7: Relatives Vorkommen Delta Sublineages (KW40)

Die Variants of Concern B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) sowie die Variants of Interest C.37 (Lambda), B.1.621 (My) und B.1.620 konnten in der Berichtwoche (KW40/2021) in keiner der 108 untersuchten Proben nachgewiesen werden.

## Sonstiges

---

### Delta (B.1.617.2) und Sublineages (AY.1-AY.38)

---

In den vergangenen Wochen wurden immer häufiger die Variant of Concern B.1.617.2 sowie deren Delta-Sublineages (AY.1-AY.38) durch Sequenzierung festgestellt.

Abbildung 8 und Abbildung 9 zeigen das Vorkommen der Delta-Sublineages in österreichischen Proben in der KW40 nach Bundesland. Die Daten beziehen sich auf die im Zuge des Sentinel Projekts sequenzierten Proben des aktuellen Berichtszeitraums.

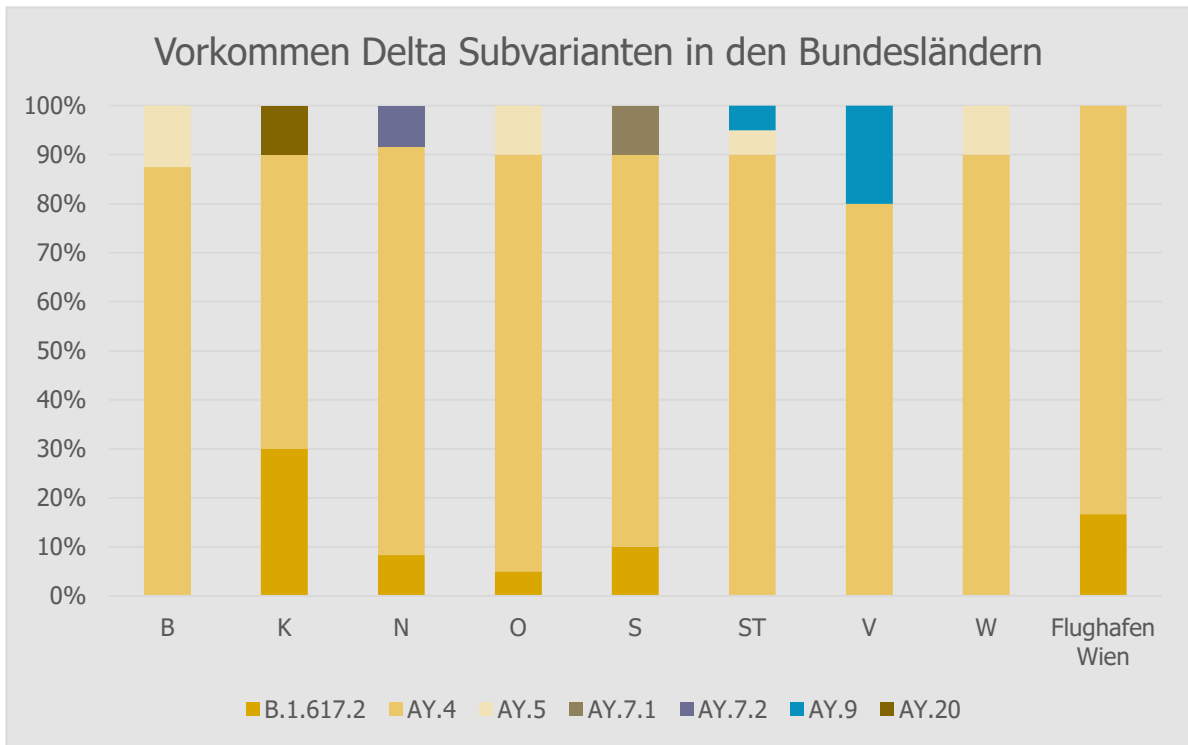


Abbildung 8: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern

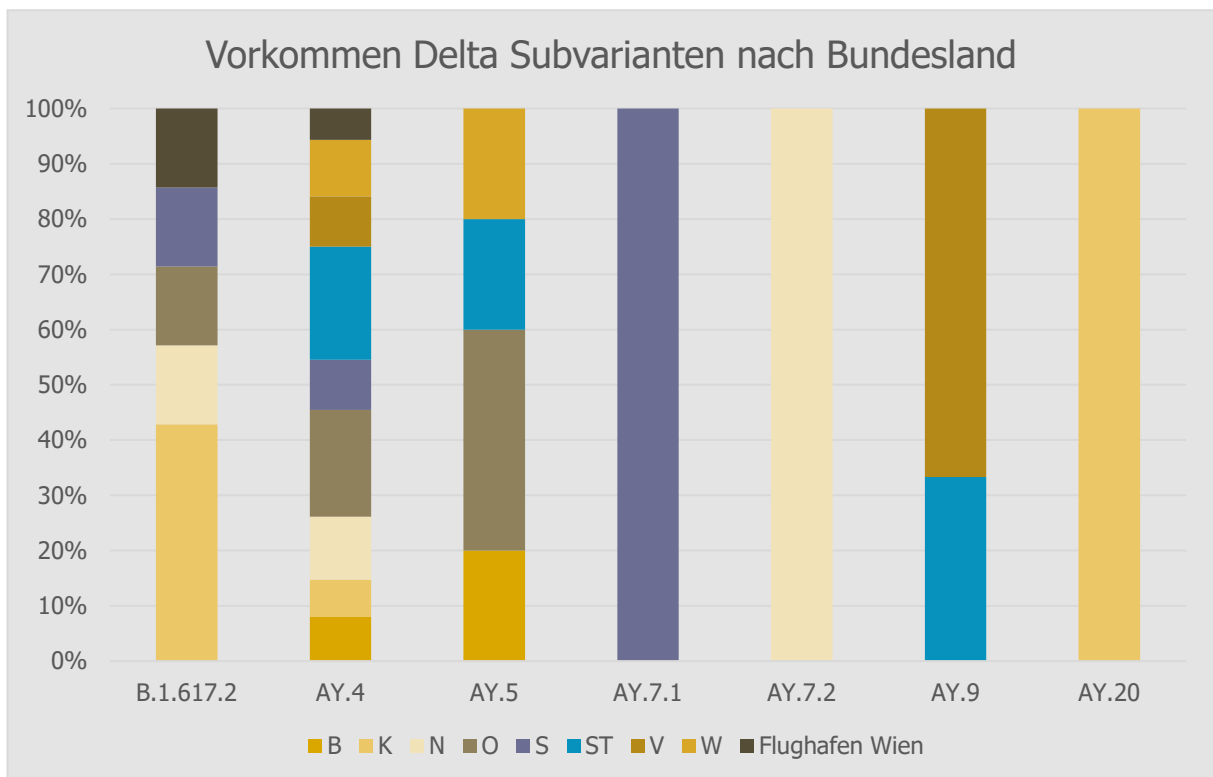


Abbildung 9: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland

## Abbildungsverzeichnis

---

Abbildung 1: Absolutes Vorkommen der Varianten seit 02.04.2021.....	6
Abbildung 2: Absolutes Vorkommen „Andere“ Varianten seit 02.04.2021 .....	7
Abbildung 3: Entnahmedatum der Proben für den Berichtszeitraum September 2021.	8
Abbildung 4 zeigt das absolute Vorkommen der Varianten im Zeitraum September 2021.....	8
Abbildung 5 zeigt das relative Vorkommen der Varianten im Zeitraum September 2021.....	9
Abbildung 6: Entnahmedatum der Proben des aktuellen Berichtszeitraums (KW40)..	10
Abbildung 7: Relatives Vorkommen Delta Sublineages (KW40).....	11
Abbildung 8: Vorkommen Delta Sublineages in den Bundesländern .....	12
Abbildung 9: Vorkommen Delta Sublineages nach Bundesland .....	12