



Stand: 17. März 2021

# Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur *Variant of Concern (VOC) B.1.1.7*

## Inhaltsverzeichnis

Kurzübersicht.....	2
Zusammenfassung.....	3
Einleitung.....	4
1. Erhebung Laborverbund.....	5
2. RKI-Testzahlerfassung.....	7
3. Gesamtgenomsequenzierung.....	8
4. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) .....	10
Fazit.....	12

## Kurzübersicht

### Welche Varianten werden aktuell beobachtet?

Zurzeit werden sowohl weltweit als auch in Deutschland verschiedene Varianten beobachtet, darunter die besorgniserregenden Varianten (*Variants of Concern, VOCs*) B.1.1.7, B.1.351 und P.1. Diese besorgniserregenden Varianten weisen als wichtige Gemeinsamkeit die Mutation N501Y auf und wurden jeweils zuerst in Großbritannien, Südafrika und Brasilien nachgewiesen.

### Welche Daten und Methoden nutzt das RKI, um die Varianten in Deutschland zu überblicken?

#### Auf diese vier Datenquellen greift das RKI zu...:

**1. Erhebung Laborverbund:** In fünf Laborverbünden werden SARS-CoV-2-positive Proben auf das Vorkommen von VOCs untersucht. Die Ergebnisse werden an das RKI gemeldet.

**2. RKI-Testzahlerfassung:** Es gibt klinische Labore, ambulante Labore, Labore in Universitätskliniken und Labore in Forschungseinrichtungen, die auf SARS-CoV-2 testen und ihre Proben auf das Vorkommen von VOCs untersuchen. Einige dieser Labore melden dem RKI wöchentlich diese Zahlen.

**3. Gesamtgenomsequenzen:** Das RKI sequenziert SARS-CoV-2-positive Proben oder erhält die Genomsequenzen von seinem Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 oder über den Deutschen Elektronischen Sequenzdaten-Hub (DESH).

**4. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz:** Die Anzahl der Nachweise und Verdachtsfälle von VOCs werden dem RKI mit den Fallmeldungen gemäß Infektionsschutzgesetzes, IfSG, übermittelt.

#### ...und generiert daraus Wissen:

Das RKI führt diese Daten zusammen und wertet sie statistisch aus.

Das RKI führt diese Daten zusammen und wertet sie statistisch aus.

Das RKI führt die eigens erstellten und übermittelten Genomsequenzen zusammen und überprüft sie auf das Vorkommen von VOCs und Mutationen.

Das RKI führt diese Daten zusammen und wertet die Daten statistisch aus.

### Wo kommen die Varianten aktuell vor?

Die jeweiligen VOCs sind aktuell in den Ländern am häufigsten nachgewiesen, in denen sie erstmals gefunden wurden: B.1.1.7 in Großbritannien, B.1.351 in Südafrika und P.1 in Brasilien. In diesen Ländern machen sie aktuell jeweils den größten Anteil der gefundenen Varianten aus. Aktuell wird B.1.1.7 in 72% der untersuchten positiven Proben in Deutschland gefunden, also in 3 von 4 Proben.

### Wie verbreiten sich die Varianten aktuell?

Der Anteil der VOCs ist in den letzten Wochen exponentiell gestiegen. Die Variante B.1.1.7 breitet sich aktuell in Europa stark aus und ist in vielen Ländern die dominierende Variante. Seitdem diese Variante in Deutschland nachgewiesen wird, hat sich der Anteil der Proben, in denen die Variante gefunden wird, jede Woche deutlich erhöht. Weltweit und auch in Deutschland ist die Ausbreitung der Variante B.1.351 geringer, in Deutschland sogar etwas rückläufig. Die Variante P.1 wurde bisher nur vereinzelt in Deutschland nachgewiesen.

## Zusammenfassung

In diesem Bericht werden Ergebnisse aus vier unterschiedlichen Datenquellen zum Vorkommen von besorgniserregenden SARS-CoV-2 Virusvarianten (*Variants of Concern; VOC*), speziell der Variante B.1.1.7 (erstmals aufgetreten in Großbritannien), der aktuell verbreitetsten VOC, dargestellt. Dies ermöglicht eine Einschätzung der aktuellen Situation in Deutschland. Der Bericht enthält:

- (1) die **Erhebung des Laborverbundes**, sie zeigt eine Detektionsrate von **VOC B.1.1.7** in 20.335 von insgesamt ca. 28.154 (**72,2%**) auswertbaren, nicht vorselektierten Untersuchungen auf SARS-CoV-2 in **KW10/2021** (KW08: 46,1%).
- (2) die RKI-Testzahlerfassung, sie zeigt eine kontinuierliche Steigerung des Anteils der **VOC B.1.1.7** auf ca. 64% in **KW10/2021** (KW09: 55%).
- (3) die Analyse von Gesamtgenomsequenzierungen, sie zeigen einen Anteil von 48,3% der **VOC B.1.1.7 in SARS-CoV-2-Genomen in KW09/2021** an. Dies bedeutet einen Anstieg gegenüber den Vorwochen (KW08: 42%).
- (4) eine Zusammenfassung der Meldedaten gemäß IfSG zum Nachweis und diagnostischen Verdacht von VOC-Fällen, sie zeigt, eine **Steigerung des Anteils der VOC B.1.1.7 auf 25% in KW10/2021**. Für KW09/2021 führten erwartete Nachübermittlungen der VOC zu einer nachträglichen Erhöhung des Anteils von 19% auf 27%.

Mittlerweile ist die VOC B.1.1.7 die dominierende SARS-CoV-2-Variante in Deutschland. Das ist besorgniserregend, weil B.1.1.7 nach bisherigen Erkenntnissen ansteckender als andere Varianten ist. Die Analyse der 7-Tagesinzidenzen der letzten Wochen zeigen einen **exponentiell ansteigenden Trend der 7-Tages Inzidenz der VOC B.1.1.7** seit Kalenderwoche 2. Auf Grund des nun hohen Anteils von B.1.1.7 ist insgesamt weiter mit einem exponentiellen Anstieg der COVID-19 Fälle in Deutschland zu rechnen.

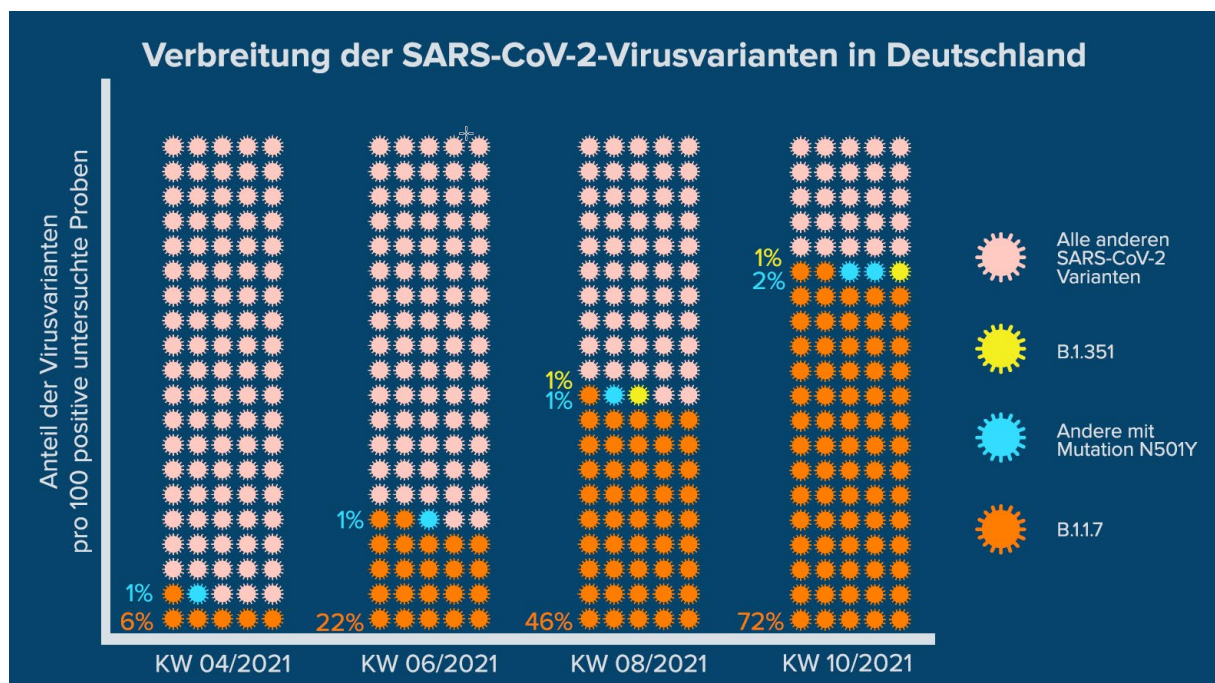


Abbildung 1 illustriert den relativen Anteil der untersuchten positiven Proben, in denen besorgniserregende SARS-CoV-2-Virusvarianten und andere Varianten nachgewiesen wurden. Die illustrierten Anteile entstammen den Analysen der Erhebung des Laborverbundes.

# Einleitung

## Virusvarianten und Variants of Concern (VOCs)

Seit Beginn der Zirkulation von SARS-CoV-2 im Menschen erwerben die Viren eine zunehmende Anzahl von Variationen (Nukleotidpolymorphismen, Deletionen) innerhalb ihres Genoms. Anhand dieser Genomveränderungen werden die Viren in Kladen bzw. Linien unterteilt. Seit Mitte Dezember 2020 wurde aus **Großbritannien** über die zunehmende Identifizierung und Verbreitung der sogenannten SARS-CoV-2 VOC 202012/01 Variante (**VOC: variant of concern**) berichtet. Diese Viren gehören der **Linie B.1.1.7 (501Y.V1)** an und breiten sich seit September 2020 mit Schwerpunkt im Süden und Südosten Großbritanniens aus. Ebenfalls im Dezember 2020 wurde zudem erstmals vom vermehrten Auftreten einer **SARS-CoV-2 Variante in Südafrika (B.1.351, 501Y.V2)** berichtet. **Im brasilianischen Bundesstaat Amazonas zirkuliert** derzeit die SARS-CoV-2 Variante **P.1 (501Y.V.3)**, die von der Linie B.1.1.28 abstammt. Sie weist, wie die anderen VOCs, eine Reihe von Polymorphismen im S-Protein auf. Alle drei VOCs (besorgniserregenden Varianten) wurden bereits in Deutschland nachgewiesen. Im Folgenden wird nur noch die sog. Pangolin-Nomenklatur verwendet, also B.1.1.7 oder B.1.351 und P.1.

## Der Bericht stützt sich im Wesentlichen auf vier Datenquellen.

1. Im Rahmen einer mehrteiligen Erhebung eines Laborverbundes, initiiert durch das BMG und durchgeführt von fünf Laborgruppen, wurden bereits in Kalenderwoche (KW) 04, 06, 08 und jetzt 10/2021 **SARS-CoV-2 -positiven Proben** mittels **Punktmutationsanalysen** auf das Vorkommen von VOCs untersucht. Bei Punktmutationsanalysen kann mittels quantitativer Real-Time (qRT)-PCR ermittelt werden, ob Mutationen in vordefinierten Genombereichen der Probe vorhanden sind. Die N501Y-Mutation ist kennzeichnend für alle drei der momentan unter Beobachtung stehenden VOCs (B.1.1.7, B.1.351 und P.1), bei ihrem Nachweis liegt mit hoher Wahrscheinlichkeit eine dieser Varianten vor. Wird mindestens eine weitere charakteristische Mutation (delH69/V70 - VOC B.1.1.7; K417N - VOC B.1.351) nachgewiesen, so besteht ein labordiagnostischer Verdacht. Die Daten werden unter Berücksichtigung des Datums der Probennahme ausgewertet und direkt an das RKI übermittelt.
2. Mittels der **RKI-Testzahlerfassung** werden Daten zu Genomsequenzierungen und Punktmutationsanalysen in SARS-CoV-2 testenden Laboren in Deutschland erhoben. Hierzu werden deutschlandweit Daten von Universitätskliniken, Forschungseinrichtungen sowie klinischen und ambulanten Laboren zusammengeführt. Die Daten werden unter Berücksichtigung des Datums der Probennahme ausgewertet und direkt an das RKI übermittelt.
3. **Gesamtgenomsequenzierungen** von SARS-CoV-2 Genomen, wie sie in Deutschland zunehmend durchgeführt werden, **liefern einen eindeutigen Nachweis**, dass es sich bei dem detektierten Genom um eine entsprechende Variante handelt. Dabei können meist alle Mutationen, welche das untersuchte Virusgenom von der Ursprungssequenz (Referenz) unterscheiden, detektiert und mit denen anderer Isolate verglichen werden. Über den Nachweis dieser Mutationen und des vorliegenden Mutationsmusters gelingt die Zuordnung zu der entsprechenden Viruslinie. Die Daten werden unter Berücksichtigung des Datums und des geographischen Orts der Probennahme ausgewertet.
4. Daten zu Fällen mit dem Nachweis einer speziellen Virusvariante, wie B.1.1.7, werden über das **Meldesystem gemäß IfSG** an das RKI übermittelt. Die Daten werden elektronisch an

das RKI übermittelt. Prinzipiell ist die strukturelle Erfassung der Daten möglich. In Gesundheitsämtern, die derzeit noch eine ältere Softwareversion nutzen, werden die Angaben teilweise im Freitext erfasst oder müssen zusätzlich abgefragt werden. Dies führt zu Abweichungen zwischen den von den Landesbehörden und den vom RKI berichteten Anzahl und Anteilen der VOCs. Die Daten werden unter Berücksichtigung des Meldedatums ausgewertet.

## 1. Erhebung Laborverbund

Um einen raschen Überblick zu in Deutschland zirkulierenden VOCs oder relevanten SARS-CoV-2-Punktmutationen zu bekommen, wurden **SARS-CoV-2 positive Proben im Zeitraum 08.-14. März (KW10/2021) auf das Vorkommen von VOCs überprüft.**

Die fünf Laborverbünde (Amedes, LADR, Limbachgruppe, Sonic Healthcare, Synlab) führten insgesamt 518.425 SARS-CoV-2-PCR-Testungen von Proben aus dem Zeitraum 08. bis 14.03.2021 durch. Davon wurden 38.500 Tests positiv befundet (Positivquote 7,4%). Von diesen Positivtesten **wurden** in einem nachfolgenden Schritt **30.968 Proben mit den Punktmutations-Assays (N501Y, E484K, K417N und delH69/V70) weiter untersucht.** Diese Nachtestung fand in 34 Laboren statt. Die Auswahl der Proben in den Laboren fand innerhalb des jeweiligen Laborverbundes statt, also möglichst bundesweit. Abbildung 2 zeigt u.a. die Verteilung der Labore, die an der Erhebung teilgenommen haben (rot markiert).

Im Rahmen der Nachtestung waren **28.154** der 30.68 **Teste auswertbar**, bei 2.814 Tests war kein Ergebnis messbar (i.d.R. bedingt durch eine zu geringe Viruslast in der Ausgangsprobe). **In 20.335 dieser 28.154 Proben (72,2%) wurde die VOC B.1.1.7 detektiert.** Alle auswertbaren Proben wurden auch auf das wahrscheinliche Vorkommen der Variante B.1.351 untersucht, hier waren **234 Proben (0,8%) positiv.** In 518 Proben wurde nur die N501Y-Mutation detektiert. Aus dem Vorhandensein dieser Mutation allein lässt sich nicht zwingend auf das Vorliegen einer VOC schließen, in diesen Proben wurde der Hinweis auf das Vorliegen einer VOC daher nicht bestätigt.

Der Anteil aller Proben mit der N501Y-Mutation entspricht 75% der auswertbaren, nachgetesteten Positivproben.

*Tabelle 1: Vergleich der Ergebnisse aus den Erhebungen aus KW04-KW10/2021. n.d.\*= spezifische Analyse wurde nicht durchgeführt.*

KW 2021	Getestete PCR Proben	Davon SARS-CoV-2 positiv (%)	Davon weiter auf VOC untersucht	Davon auswertbar	Anzahl B.1.1.7 (%)	Anzahl B.1.351 (%)	Zusätzliche Proben (nur N501Y)
04	516.250	53.269 (10,3%)	37.749	33.735	1.902 (5,6%)	n.d.*	357 (1,1%)
06	445.236	33.469 (7,5%)	25.490	23.330	5.134 (22%)	83 (0,4%)	244 (1,0%)
08	475.174	34.103 (7,2%)	26.260	24.707	11.401 (46,1%)	248 (1,0%)	298 (1,2%)
10	518.425	38.500 (7,4%)	30.968	28.154	20.335 (72,2%)	234 (0,8%)	518 (1,8%)



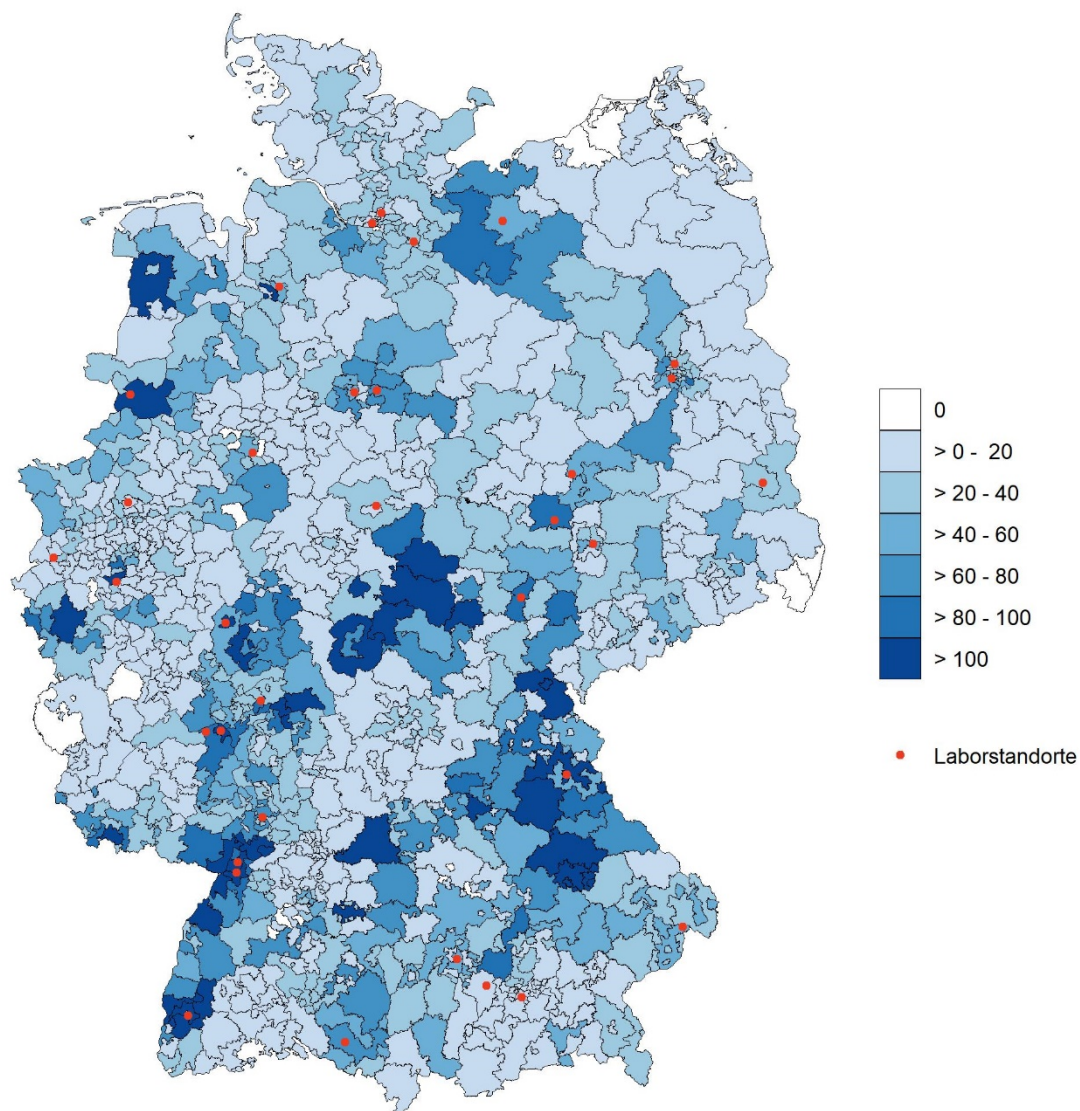


Abbildung 2 zeigt die Anzahl der Proben pro Postleitzahlbereich bei denen in KW10/2021 die Variante B.1.1.7 ( $n=20.335$ ) mittels Punktmutationsanalysen innerhalb der Erhebung detektiert wurde (blaue Farbgebung, Legende s. anbei). Es liegen keine Daten zur Herkunft der 30.968 ausgewählten und untersuchten Proben vor, sondern nur zu den 28.154 auswertbaren Proben. Die roten Markierungen auf der Karte zeigen, die Standorte der an der Erhebung beteiligten Labore.

**Limitationen** der Erhebung: Die Auswertung der SARS-CoV-2-positiven Proben, die mittels Punktmutationsanalysen auf das Vorkommen von VOC untersucht wurden, unterliegt einem Bias, da a) nicht alle SARS-CoV-2-testenden Labore in Deutschland an dem Projekt teilgenommen haben und b) nur eine Teilmenge der SARS-CoV-2-positiven Proben in Deutschland untersucht wurde. Weiterhin wurden die Proben aus den regionalen Verbundlaboren der Laborverbünde an den 34 „nachtestenden“ Standorten konsolidiert (bspw. bei Sonic Healthcare: Nachtestung in 6 Laboren für Proben aus 28 Standorten bundesweit). Der Anteil der identifizierten VOCs kann daher nicht sicher auf alle SARS-CoV-2-positiven Proben in Deutschland übertragen werden.

An dieser Stelle möchten wir uns sehr herzlich bei den Kolleginnen und Kollegen aus den Verbünden Limbach Gruppe, Synlab, LADR, Amedes und Sonic Healthcare bedanken, die zusätzlich zur Tagesroutine die Daten für die Auswertung erhoben und bereitgestellt haben.

## 2. RKI-Testzahlerfassung

In der RKI-Testzahlerfassung werden Daten zu Genomsequenzierungen/ Punktmutationsanalysen in SARS-CoV-2 testenden Laboren in Deutschland erhoben. Hierzu werden deutschlandweit Daten von Universitätskliniken, Forschungseinrichtungen sowie klinischen und ambulanten Laboren zusammengeführt. Die Erfassung basiert auf einer **freiwilligen** Mitteilung der Labore und erfolgt über eine webbasierte Plattform (VOXCO, RKI-Testlaborabfrage) oder in Zusammenarbeit mit der Abfrage eines labormedizinischen Berufsverbands. Bei den erhobenen Daten handelt es sich um eine freiwillige und keine verpflichtende Angabe der Labore, ferner können retrospektiv ergänzende bzw. korrigierte Angaben auch für vergangene Kalenderwochen übermittelt werden. Daher können sich die übermittelten Daten nachträglich ändern.

Von **KW02/2021 bis einschließlich KW10/2021** wurden dem RKI insgesamt 53.272 **Ergebnisse zu Genomsequenzierungen oder Punktmutationsanalysen** von SARS-CoV-2 positiven Proben zur Feststellung eines Hinweises, eines Verdachts oder eines Nachweises auf Vorkommen einer VOC übermittelt, davon waren 34.314 positiv. **Insgesamt ist in den übermittelten Daten ein starker Anstieg des Anteils von VOCs pro KW zu verzeichnen**, s. Tabelle 2. Es ist wichtig anzumerken, dass diese Zahlen Verzerrungen unterliegen, da z.B. nicht alle testenden Labore in Deutschland an der Abfrage teilnehmen. Außerdem ist anzumerken, dass einige der Labore sowohl Daten für die Erhebung des Laborverbundes (Teil 1) als auch für die RKI-Testzahlerfassung bereitstellen.

*Tabelle 2: Anzahl der erfassten VOCs (Bestätigung durch Sequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR). Die Daten werden im Rahmen der RKI-Testzahlerfassung seit KW05/2021 zusätzlich erfasst und können auch rückwirkend übermittelt werden, dadurch kann es auch zu Veränderungen in bereits berichteten Zeiträumen kommen. **\*Aktualisierung vom 18.03.2021: Die Anzahl der VOC B.1.1.7, B.1.351 und P.1 für KW 10 wurden korrigiert, die Anteile waren korrekt.***

KW 2021	Meldende Labore	Tests auf VOC	Anzahl VOC	Anteil VOC	Anzahl B.1.1.7 (Anteil)	Anzahl B.1.351 (Anteil)	Anzahl P.1 (Anteil)
02	2	49	1	2,0%	1 (2,0%)	0 (0,0%)	0 (0,0%)
03	17	3.344	122	3,6%	122 (3,6%)	0 (0,0%)	0 (0,0%)
04	36	30.449	1.537	5,0%	1.441 (4,7%)	95 (0,3%)	1 (0,0%)
05	56	26.849	2.105	7,8%	1.931 (7,2%)	174 (0,6%)	0 (0,0%)
06	59	33.943	6.380	18,8%	5.978 (17,6%)	385 (1,1%)	17 (0,1%)
07	69	29.770	7.935	26,7%	7.698 (25,9%)	210 (0,7%)	27 (0,1%)
08	83	45.581	18.763	41,2%	18.224 (40,0%)	502 (1,1%)	37 (0,1%)
09	84	35.755	19.832	55,5%	19.472 (54,5%)	345 (1,0%)	15 (0,0%)
10	84	53.272	34.314	64,4%	33.812* (63,5%)	490* (0,9%)	12* (0,0%)

### 3. Gesamtgenomsequenzierung

**Vorbemerkung zur Erhebung:** Im Vergleich zum 1. Bericht (vom 05.02.2021) wurden für die Analyse der Genomsequenzen aus den KW 01-09/2021 nur Genome verwendet, die am RKI sequenziert wurden oder dem RKI im Rahmen der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) via DESH (Deutscher Elektronischer Sequenzdaten-Hub) übermittelt wurden. Außerdem wurden diese Daten auf Genomsequenzen von Proben beschränkt, die nicht auf Grund eines bestehenden labordiagnostischen Verdachts bereits als VOC zur Sequenzierung eingeschickt wurden. Ziel war es die Verzerrungen im Datensatz zu minimieren und die Überschätzung des Anteils der VOC zu reduzieren. Dies gilt nicht für die Daten aus dem Jahr 2020.

Für die Analyse des Vorkommens von SARS-CoV-2 Virusvarianten liegen dem RKI Informationen zu 19.072 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen aus dem Jahr 2021 vor (Datenstand, 15.03.2021, 0:00Uhr), die ohne vorliegenden labordiagnostischen Verdacht auf eine VOC analysiert wurden. Von diesen stammen 363 Sequenzen aus dem *Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 (IMSSC2-Netzwerk)* des RKI während 18.709 Sequenzen via DESH an das RKI übermittelt wurden. Für die Analyse und die zeitliche Einordnung wurde das Datum der Probenentnahme verwendet. Wie in Tabelle 3 aufgelistet steigt basierend auf diesen Analysen der **Anteil der VOC B.1.1.7 in den ersten Kalenderwochen kontinuierlich von 2,6% auf 48,3%** in KW09/2021. Für **VOC B.1.351** wurden für KW 02-08/2021 Anteile von 0,4% bis 0,8% festgestellt, in **KW 09/2021 lag der Anteil bei 0,8%**. Die VOC P.1 hat weiterhin einen Anteil von ca. 0,2%. Da zwischen Probeneinsendung, Gesamtgenomsequenzierung und Datenübermittlung in der Regel jeweils mehrere Tage liegen, werden die bisher verfügbaren Genomsequenzen aus KW 10/2021 nicht für die Analyse der Anteile der VOCs verwendet, da mit zahlreichen Nachmeldungen gerechnet werden muss. Es sei an dieser Stelle nochmals darauf hingewiesen, dass dem RKI kontinuierlich Sequenzen, auch für bereits berichtete Zeiträume, übermittelt und in die Analyse eingeschlossen werden, somit können sich die Angaben zu früheren Datenständen ändern.

*Tabelle 3 zeigt den Anteil sequenzierter VOC B.1.1.7, B.1.351 und P.1 in der Stichprobe für das bisherige Jahr 2021 aufgeteilt nach Kalenderwochen.*

KW 2021	B.1.1.7		B.1.351		P.1		alle VOC
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
	4.949	25,9%	108	0,6%	14	0,1%	5.134
01	4	2,6%	0	0%	0	0%	4
02	47	8,8%	2	0,4%	0	0%	49
03	77	4,9%	11	0,7%	0	0%	89
04	261	10,7%	12	0,5%	0	0%	279
05	495	17,7%	22	0,8%	0	0%	527
06	649	20,8%	19	0,6%	5	0,2%	686
07	1.071	33,2%	16	0,5%	5	0,2%	1.106
08	1.522	42,9%	12	0,3%	1	0%	1.546
09	823	48,3%	14	0,8%	3	0,2%	848

In Tabelle 4 sind die Anteile der am häufigsten detektierten Viruslinien für das Jahr 2020 sowie des Jahres 2021 bis einschließlich KW09/2021 aufgelistet. Dabei ist zu beachten, dass a) die Zeiträume und die jeweils zugrundeliegende Anzahl verfügbarer Genomsequenzen sehr unterschiedlich sind und b) die Proben im Datensatz für 2020 nicht ausschließlich zufällig gezogen wurden (siehe Erläuterung im 1. Bericht<sup>1</sup> zu VOC vom 05.02.2021), sondern die Sequenzierungen auch im Rahmen

<sup>1</sup> [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/DESH/Berichte-VOC-tab.html](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Berichte-VOC-tab.html)

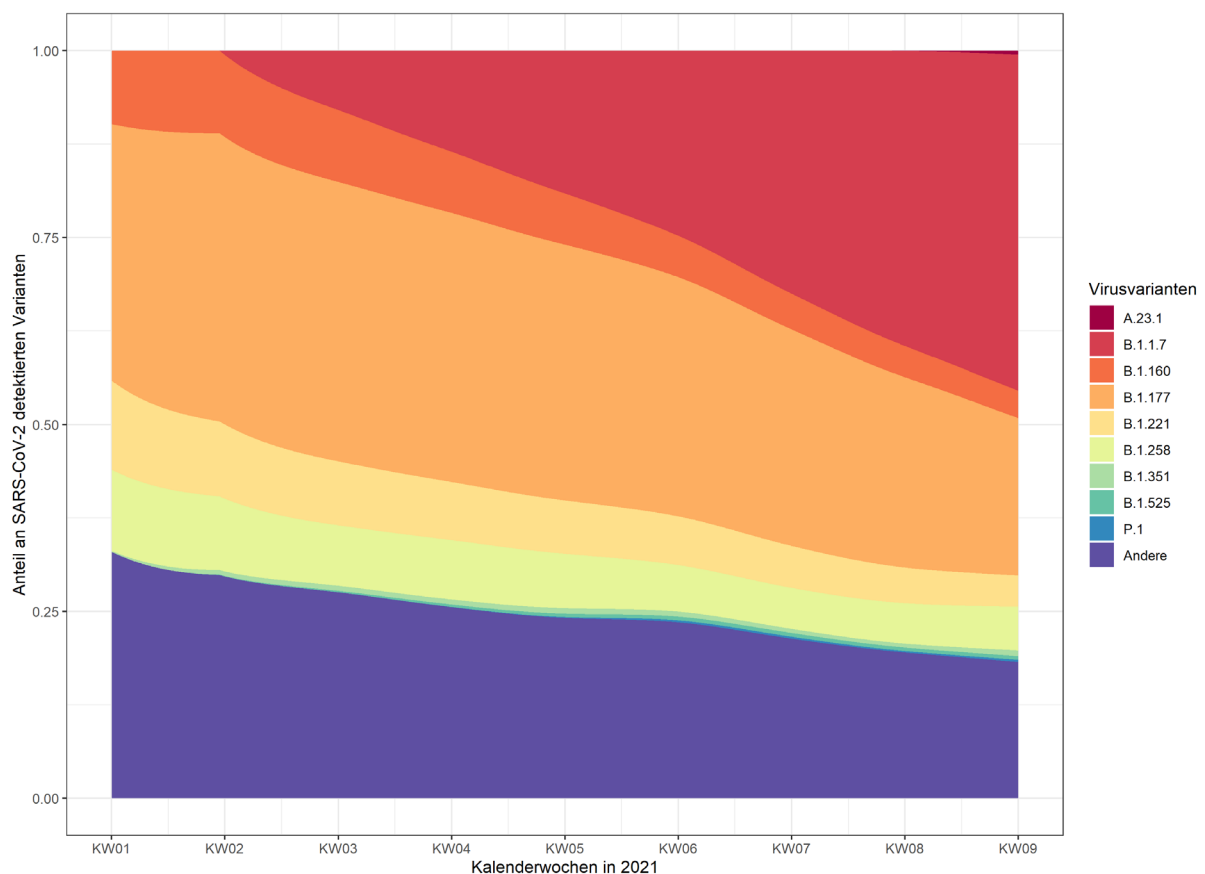


von besonderen Fragestellungen, wie bspw. Ausbruchsuntersuchungen durchgeführt wurden. Somit unterliegen die Daten aus dem Jahr 2020 selektionsbedingten Verzerrungen.

*Tabelle 4: Die fünf am häufigsten mittels Gesamtgenomsequenzierung detektierten Virusvarianten im Jahr 2020 und 2021 (KW01-09). Der Datensatz für 2020 unterliegt starken Verzerrungen (Bias), da er gezielte Untersuchungen von Proben beinhaltet, bspw. aus Ausbruchsuntersuchungen oder für die der Verdacht auf Vorliegen einer VOC bestand).*

Top 5	2020			2021		
	Variante	Anzahl	Anteil	Variante	Anzahl	Anteil
01	B.1	1.150	26,0%	B.1.1.7	12.237	38,9%
02	B.1.177	457	10,3%	B.1.177	7.615	24,2%
03	B.1.1.119	238	5,4%	B.1.258	1.815	5,8%
04	B.1.329	233	5,3%	B.1.160	1.603	5,1%
05	B.1.258	184	4,2%	B.1.221	1.513	4,8%

Durch Genomanalysen konnte in Deutschland der Nachweis für sämtliche international bekannten Virusvarianten von SARS-CoV-2 im Datensatz aller Gesamtgenomsequenzen geführt werden, einschließlich der VOC B.1.351 (n=512) und der VOC P.1 (n=34), die beide nicht zu den fünf am häufigsten nachgewiesenen Virusvarianten in Deutschland gehören (Datenstand 15.03.2021). Außerdem wurde seit KW 03/2021 auch die unter Beobachtung stehenden Variante B.1.525 (n=88) sowie die Variante A.23.1 (n=2) detektiert. Abbildung 3 zeigt die relativen Anteile der häufigsten Varianten seit KW01/2021. **Seit KW 02/2021 befindet sich die VOC B.1.1.7 stets zu den fünf häufigsten (Top 5) in Deutschland nachgewiesenen Varianten und ist nun die häufigste Variante.**



*Abbildung 3 illustriert den Anteil der fünf häufigsten Virusvarianten und VOCs sowie unter Beobachtung stehender Viruslinien in 2021 für den oben beschriebenen Datensatz. Der farbig dargestellte Bereich zeigt den relativen Anteil der jeweiligen Linie bezogen auf alle zum Zeitpunkt detektierten Virusvarianten. Auch in dieser Abbildung wird die KW 10/2021 nicht eingeschlossen.*

Rein rechnerisch ergibt sich aus der Zahl verfügbarer Genomsequenzen und bekannter laborbestätigter Infektionen **für die KW 09/2021** (Datenstand 15.03.2021: n=58.429) in Deutschland ein **Anteil sequenzierter Proben (Gesamtgenomsequenzierung) an SARS-CoV-2-positiv getesteten Proben von 6,7%**. Allerdings ist hierbei zu beachten, dass sich nicht jede qRT-PCR positive Patientenprobe technisch für die Gesamtgenomsequenzierung eignet.

#### 4. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG)

Mit Stand 16.03.2021 (0:00 Uhr) wurden dem RKI **68.729 SARS-CoV-2-Nachweise der VOC B.1.1.7** für die Meldewochen (MW) 01-10/2021 in Deutschland übermittelt (darin enthalten sind sowohl PCR-basierte Verdachtsfälle als auch Nachweise mittels Teil- und Gesamtgenomsequenzierung). **Der Anteil von übermittelten Fällen mit Hinweis, Verdacht oder Nachweis auf Vorliegen einer VOC liegt für ganz Deutschland in MW10/2021 bei 33%.** In Tabelle 5 sind die Meldungen verschiedener VOCs nach Bundesländern für MW01-10/2021 aufgeführt. Auch die Meldedaten gemäß IfSG unterliegen einer Verzögerung, so kommt es auf Grund der zusätzlichen Testungen, der anschließenden Übermittlung der Befunde von den Laboren an die Gesundheitsämter, sowie den Nachtragungen der Laborergebnissen auch für weiter zurückliegende Zeiträume zu Änderungen der Anzahl und Anteile. Diese Verzögerungen tragen auch zu den geringeren Anteilen der VOCs bei, die aus den Meldedaten berechnet werden. Die Angaben zu den weiterführenden Untersuchungen zur Bestimmung des Hinweises, Verdachts oder Nachweises einer VOC müssen aktiv durch die Gesundheitsämter nachgetragen werden.

*Tabelle 5: Dargestellt sind die Fallzahlen für die drei VOC B.1.1.7, B.1.351 und P.1 für die Meldewoche 01-10/2021, aufgeteilt nach Hinweis auf VOC, Bestätigung einer Linie durch Sequenzierung bzw. Verdacht aufgrund von variantenspezifischen Punktmutationsanalysen.*

Bundesland (BL)	Hinweis zu VOC	Seq. B.1.1.7	Verdacht B.1.1.7	Seq. B.1.351	Verdacht B.1.351	Seq. P.1	Verdacht P.1	Summe / BL
Baden-Württemberg	1.722	1.253	8.453	90	235	4	59	11.816
Bayern	3.342	720	15.324	79	263	24	240	19.992
Berlin	1.041	266	1.858	0	35	0	1	3.201
Brandenburg	353	76	1.230	2	17	0	0	1.678
Bremen	118	113	553	1	0	0	0	785
Hamburg	60	235	1.557	0	12	0	7	1.871
Hessen	1.191	629	4.576	15	77	1	8	6.497
Mecklenburg-Vorpommern	154	79	1.185	10	4	0	2	1.434
Niedersachsen	1.321	174	5.278	2	25	0	3	6.803
Nordrhein-Westfalen	4.262	952	15.064	33	517	4	15	20.847
Rheinland-Pfalz	620	505	2.582	20	37	0	7	3.771
Saarland	341	106	448	20	235	0	1	1.151
Sachsen	282	190	1.157	0	33	0	3	1.665
Sachsen-Anhalt	486	266	597	1	4	0	0	1.354
Schleswig-Holstein	441	85	1.837	0	2	1	1	2.367
Thüringen	721	106	1.275	3	20	0	2	2.127
Summe/ MW	16.455	5.755	62.974	276	1.516	34	349	87.359

Tabelle 6: Anteile der VOC B.1.1.7 (Bestätigung durch Sequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR) an COVID-19-Fällen und Anzahl pro MW in allen Bundesländern für MW 06-10/2021 (Datenstand 16.03.2021, 0:00 Uhr).

Meldewoche	6		7		8		9		10	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	15%	805	20%	997	28%	1.682	37%	2.551	31%	2.682
Bayern	18%	1.386	28%	2.222	35%	3.086	34%	3.328	36%	4.196
Berlin	12%	261	14%	303	20%	500	18%	470	9%	260
Brandenburg	5%	96	10%	161	14%	227	20%	322	21%	433
Bremen	18%	75	22%	112	28%	165	29%	126	24%	126
Hamburg	17%	215	24%	325	34%	514	29%	447	8%	147
Hessen	10%	350	14%	523	21%	893	27%	1.236	28%	1.570
Mecklenburg-Vorpommern	8%	82	14%	163	22%	250	32%	362	31%	333
Niedersachsen	12%	637	14%	750	25%	1.373	23%	1.186	16%	1.030
Nordrhein-Westfalen	12%	1.274	20%	2.180	28%	3.296	32%	3.828	29%	4.232
Rheinland-Pfalz	16%	340	23%	520	26%	542	33%	676	29%	732
Saarland	6%	42	11%	69	15%	112	21%	121	26%	150
Sachsen	2%	62	6%	186	8%	297	8%	300	9%	427
Sachsen-Anhalt	2%	28	5%	106	11%	225	11%	211	11%	256
Schleswig-Holstein	16%	267	21%	314	26%	374	25%	334	23%	336
Thüringen	5%	102	4%	116	12%	335	10%	297	12%	447
Gesamt	12%	6.022	17%	9.047	25%	13.871	27%	15.795	25%	17.357

Tabelle 7: Anteile der VOC B.1.351 (Bestätigung durch Gesamtgenomsequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR) an COVID-19-Fällen und Anzahl pro MW in allen Bundesländern für MW 06-10/2021 (Datenstand 16.03.2021).

Meldewoche	6		7		8		9		10	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0%	18	2%	90	1%	79	1%	76	0%	24
Bayern	0%	33	1%	42	1%	63	1%	69	0%	28
Berlin	0%	3	0%	2	0%	7	0%	5	0%	3
Brandenburg	0%	0	0%	2	0%	2	0%	3	0%	5
Bremen	0%	0	0%	0	0%	0	0%	1	0%	0
Hamburg	0%	0	0%	2	0%	1	0%	5	0%	1
Hessen	0%	12	0%	13	0%	12	1%	24	0%	22
Mecklenburg-Vorpommern	0%	0	0%	0	0%	5	1%	7	0%	2
Niedersachsen	0%	6	0%	4	0%	7	0%	3	0%	3
Nordrhein-Westfalen	1%	89	1%	88	1%	80	1%	83	0%	64
Rheinland-Pfalz	0%	2	0%	8	1%	17	0%	8	1%	13
Saarland	4%	25	5%	33	11%	83	10%	56	9%	51
Sachsen	0%	0	0%	0	0%	0	0%	4	0%	21
Sachsen-Anhalt	0%	1	0%	1	0%	2	0%	1	0%	0
Schleswig-Holstein	0%	0	0%	2	0%	0	0%	0	0%	0
Thüringen	0%	2	0%	2	0%	1	0%	4	0%	5
Gesamt	0%	191	1%	289	1%	359	1%	349	0%	242

## Fazit

Der Anteil der Virusvarianten, die als *Variants of Concern* (VOCs) bezeichnet werden, ist weiter gestiegen. Der Anstieg geht ausschließlich auf die Varianten B.1.1.7 zurück. Sie ist, gemessen im Rahmen der Erhebung des Laborbundes, mit einem Anteil von ca. 72% die häufigste SARS-CoV-2-Variante der KW 10/2021 in Deutschland. In der RKI-Testzahlerfassung für KW 10/2021 beträgt der Anteil von B.1.1.7 64%. Damit zeigt sich in diesen beiden Erhebungsinstrumenten ein exponentieller Anstieg der Variante.

Die Analyse der Daten aus Gesamtgenomsequenzierungen in KW09/2021 zeigt einen Anteil der VOC B.1.1.7 von ca. 48%, und damit ebenfalls eine deutliche Steigerung (KW08/2021: 42%). Der Anteil der mittels Gesamtgenomsequenzierung untersuchten SARCoV-2 positiven Proben aus KW09/2021, lag bei 6,7% und bei 8,7% für Proben aus KW 08/2021.

Die Ergebnisse aus diesen Untersuchungen bestätigen den erwarteten Trend und lassen eine weiterhin stark steigende Inzidenz von COVID-19 Fällen in Deutschland erwarten (siehe Lagebericht des RKI vom 12.03.2021). Die Informationen aus dem Meldesystem gemäß IfSG zeigen einen deutlich geringen Anteil der VOC B.1.1.7, die Ursache für diesen Unterschied, speziell für die VOC B.1.1.7 wird untersucht. Bei den VOC B.1.351 und P.1 zeigt sich ein konstanter Anteil in den letzten Wochen von ca. 1% für B.1.351 und 0-1% für P.1 aus allen Erhebungen.

Aus den aktuellen Erhebungen und den Informationen aus den unterschiedlichen Datenquellen, lassen sich auch weiterhin zwei zentrale Aufgaben ableiten:

- (1) Es ist wichtig, die Verbreitung von bekannten Virusvarianten genau zu untersuchen und dafür das zur Verfügung stehende Methodenspektrum zu nutzen.
- (2) Es müssen die verfügbaren Methoden, insbesondere die Gesamtgenomsequenzierung genutzt werden, um zukünftig weitere, bislang unbekannte, neu auftretende oder eingebrachte Virusvarianten zu detektieren.

Für (1) ist es möglich, Methoden und Techniken wie die *Erhebung der Laborverbunde* und die *RKI-Testzahlerfassung* zu nutzen, um gezielt nach bekannten Mutationen und Virusvarianten zu suchen und deren Vorkommen zu bestimmen. Darüber hinaus ist es von hoher Wichtigkeit, dass diese Informationen zeitnah und zusammen mit allen notwendigen Informationen zur Diagnostik (Methoden) und Bewertung (Virusvariante/Mutationen) an die Gesundheitsämter gemeldet und in das Meldesystem überführt werden.

Weiterhin sind die Entwicklung und der Einsatz von diagnostischen Verfahren, wie Punktmutationsanalysen, wichtige Bausteine für die Überwachung und schnelle Detektion bekannter Virusvarianten. Ihr Einsatz kann beispielsweise in komplexen Ausbruchsgeschehen helfen, Proben auf VOC zu testen, um schnell die entsprechend angepassten Maßnahmen anzuwenden.

Für (2) muss außerdem die Zahl der erfassten Gesamtgenomsequenzierungen konstant bleiben und die verpflichtende Übermittlung der IMS-ID (Typisierungs-ID) an die Gesundheitsämter noch besser umgesetzt werden, um ein repräsentatives Bild der zirkulierenden Virusvarianten, aber auch der einzelnen Mutationen erheben zu können und neue Varianten sowie Mutationen und regionale Ausbreitung frühzeitig zu detektieren. Auf diese Maßnahmen zielt die Umsetzung der Coronavirus-Surveillanceverordnung ab. Essentiell für eine aussagekräftige Surveillance von Virusvarianten und ihre Verbreitung, ist die flächendeckende Nutzung der etablierten Gesamtgenomsequenzierung.

**Diese muss dann in einem zweiten Schritt** mit den Daten des Meldesystems gemäß IfSG im Rahmen der integrierten molekularen Surveillance (IMS) analysiert werden. Erst die IMS ermöglicht eine Aussage über die Bedeutung der Virusvarianten für den klinischen Verlauf und Schweregrad der Infektion sowie ihren Anteil am Transmissionsgeschehen in Deutschland.

Alle verfügbaren Informationen müssen weiterhin in die Ableitung von Maßnahmen und die Anpassung der Strategie zur Pandemiebewältigung einfließen. Alle effektiven Werkzeuge für die engmaschige Analyse und Bewertung der Viruspopulation in Deutschland, der Virulenz und Prävalenz von SARS-CoV-2 müssen genutzt werden.