



Stand: 02. Juni 2021

Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland

Inhaltsverzeichnis

Kurzübersicht.....	2
Zusammenfassung.....	3
Einleitung.....	4
Virusvarianten.....	4
Besorgniserregende Varianten - variants of concern (VOC).....	4
Unter Beobachtung stehende Varianten - variants of interest (VOI).....	5
1. Gesamtgenomsequenzierung.....	6
2. RKI-Testzahlerfassung.....	9
3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG).....	10
Fazit.....	15

Kurzübersicht

Welche Varianten werden aktuell beobachtet?

Zurzeit werden sowohl weltweit als auch in Deutschland verschiedene Varianten beobachtet, darunter die besorgniserregenden Varianten (*Variants of Concern, VOC*) B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1. (Gamma) und B.1.617.2 (Delta). Diese besorgniserregenden Varianten weisen verschiedene Mutationen auf, die mit besonderen Eigenschaften wie höherer Übertragbarkeit und einer veränderten Immunantwort im Zusammenhang stehen können.

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

Auf diese drei Datenquellen greift das RKI zu...:

1. 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).

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 VOC untersuchen. Einige dieser Labore melden dem RKI wöchentlich diese Zahlen.

3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz: Die Anzahl der Nachweise und Verdachtsfälle von VOC werden dem RKI gemäß Infektionsschutzgesetzes, IfSG, übermittelt.

...und generiert daraus Wissen:

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

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

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

Wo kommen die Varianten aktuell vor?

Die jeweiligen VOC sind ausgehend von den Ländern in denen sie erstmals gefunden wurden, B.1.1.7 in Großbritannien, B.1.351 in Südafrika, P.1 in Brasilien und B.1.617.2 in Indien, mittlerweile in vielen Ländern weltweit vertreten. In diesen Ländern machen sie aktuell jeweils einen großen Anteil der gefundenen Varianten aus. Aktuell wird die bei uns am stärksten verbreitete VOC B.1.1.7 in ca. 90% der untersuchten positiven Proben gefunden, also in ungefähr 9 von 10 Proben.

Wie verbreiten sich die Varianten aktuell?

Die Variante B.1.1.7 hat sich in den ersten Monaten 2021 in Europa stark ausgebreitet 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 erhöht und stagniert seit einigen Wochen auf hohem Niveau. In Deutschland ist keine starke Ausbreitung der Varianten B.1.351 und P.1 zu beobachten, ihr Anteil war in den letzten Wochen konstant. Die ebenfalls als VOC eingestufte Variante B.1.617.2 wurde bisher nur in ca. 2% der Proben nachgewiesen.

Immer wieder werden neue oder veränderte Virusvarianten entdeckt, deren Ausbreitung vom RKI genau beobachtet und deren Eigenschaften beispielsweise hinsichtlich Übertragbarkeit oder Impfwirksamkeit genau untersucht werden.

Zusammenfassung

In diesem Bericht werden Ergebnisse aus drei unterschiedlichen Datenquellen zum Vorkommen von besorgniserregenden SARS-CoV-2-Virusvarianten (*variants of concern; VOC*) dargestellt. Dies ermöglicht eine Einschätzung der aktuellen Situation in Deutschland. Der vorliegende Bericht enthält:

1. die Analyse von Gesamtgenomsequenzierungen; sie zeigt einen **gesamten Anteil von 3,6% für die VOC B.1.315 (Beta), P.1. (Gamma) und B.1.617.2 (Delta) und 93% für die VOC B.1.1.7 (Alpha) in SARS-CoV-2-Genomen in KW20/2021 in den Stichproben.**
2. die RKI-Testzahlerfassung; sie zeigt einen stabil niedrigen Anteil für die VOC B.1.351 und P.1, **von insgesamt 1%** und einen stabil **hohen Anteil der VOC B.1.1.7 von 89%** in KW21/2021.
3. eine Zusammenfassung der Meldedaten gemäß IfSG; bezogen auf alle Fällen für die Informationen zur Bestimmung der Variante, d.h. diagnostischen Verdacht auf oder Nachweis der VOC vorlagen, lag der **gesamte Anteil von B.1.315 (Beta), P.1. (Gamma) und B.1.617.2 (Delta) lag bei 1,1%**, der von **B.1.1.7 (Alpha) bei 94%** in KW21/2021.

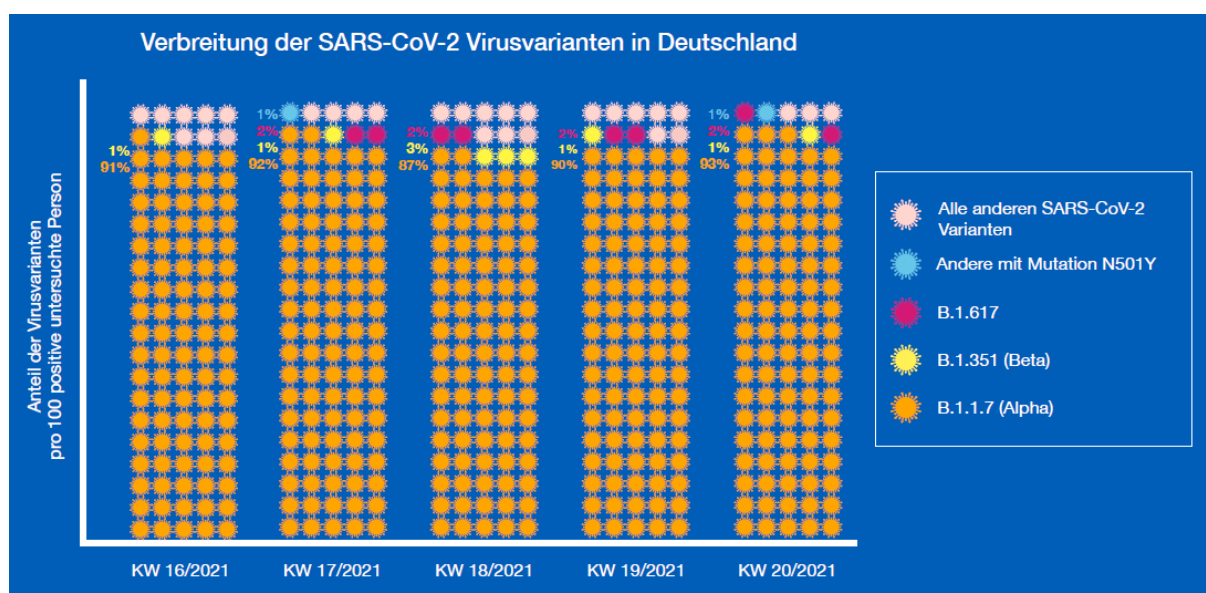


Abbildung 1 illustriert den relativen Anteil der untersuchten positiven Proben, in denen besorgniserregende SARS-CoV-2-Virusvarianten und andere Varianten nachgewiesen wurden. Die Darstellung basiert auf Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung.

Einleitung

Virusvarianten

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 Varianten bzw. Linien unterteilt.

Besorgniserregende Varianten - variants of concern (VOC)

Seit Mitte Dezember 2020 wurde aus Großbritannien über die zunehmende Identifizierung und Verbreitung der sogenannten SARS-CoV-2 VOC 202012/01 Variante 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 VOC, eine Reihe von Polymorphismen im S-Protein auf. Alle drei besorgniserregenden Varianten wurden bereits in Deutschland nachgewiesen. Die N501Y-Mutation innerhalb des S-Proteins ist kennzeichnend für drei der momentan unter Beobachtung stehenden VOC (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 innerhalb des S-Proteins (delH69/V70 - VOC B.1.1.7; K417N - VOC B.1.351) nachgewiesen, so besteht ein labordiagnostischer Verdacht.

Seit 31. Mai 2021 wird von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) nur noch **die Variante B.1.617.2 zu den VOC gezählt. Die vorherige Einteilung der Variante B.1.617 und damit aller drei Subvarianten als VOC entfällt.** Die Subvariante B.1.617.1 gilt damit als VOI, während für die Subvariante B.1.617.3 keine VOC/VOI Einstufung vorliegt. Die Variante B.1.617.2 wurde zuerst im indischen Bundesstaat Maharashtra gefunden und verbreitet sich dort stark. Sie zirkuliert auch in anderen indischen Bundestaaten und wurde bereits in Großbritannien ebenso wie in Deutschland vereinzelt nachgewiesen. B.1.617.2 zeichnet sich unter anderem durch Aminosäureaustausche im viralen Spike Protein aus (L452R, P681R). L452R wird mit einer reduzierten Wirksamkeit der humoralen und zellulären Immunantwort in Verbindung gebracht werden. Darüber hinaus werden die Aminosäureaustausche L452R und P681R mit einer eventuell erhöhten Übertragbarkeit in Verbindung gebracht, beispielsweise über eine Verstärkung der Bindung an den Rezeptor ACE-2 der Wirtszellen. Die Mutation N501Y liegt in dieser Variante nicht vor. Wie bereits in der Vergangenheit für andere Varianten führen Forschergruppen weltweit sogenannte Neutralisationstests durch, um die Wirksamkeit einer wichtigen Komponente der Immunantwort (neutralisierende Antikörper) gegen B.1.617.2 laborexperimentell zu bewerten. Erste vorläufige Ergebnisse deuten darauf hin, dass derzeitige Impfungen etwas besser vor einer Infektion mit B.1.1.7 als einer mit B.1.617.2 schützen. Vorläufige Ergebnisse zur Übertragbarkeit von B.1.617.2 in England deuten darauf hin, dass die Variante B.1.617.2 zudem leichter übertragbar ist als bspw. die Variante B.1.1.7. Dazu wurden für die verschiedenen Virusvarianten die beobachteten Übertragungen verglichen¹.

Ebenfalls am 31. Mai 2021 stellte die WHO eine neue Nomenklatur² für VOC und VOI vor. Fortan sollen die Buchstaben des griechischen Alphabets genutzt werden. Zum einen soll dies die Kommunikation erleichtern, da insbesondere für nicht-wissenschaftliche Zielgruppen die griechischen Buchstaben leichter auszusprechen und praktischer zu handhaben sind als die

¹https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/988619/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_12_England.pdf

²<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

bislang üblichen Buchstaben-Zahlen-Kombinationen. Zum anderen soll vermieden werden, Virusvarianten nach dem Land des ersten Nachweises zu benennen, um somit Stigmatisierung des jeweiligen Landes und dessen Bevölkerung zu verhindern. Die etablierte Nomenklatur von Pangolin, GISAID und Nextstrain soll weiterhin von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern genutzt werden. Tabelle 1 zeigt neben alternativen Bezeichnungen der Varianten die zur den VOC zählen auch separat die neu eingeführt Nomenklatur der WHO, auf Basis griechischer Buchstaben.

Tabelle 1 enthält eine Übersicht über die aktuell laut WHO als VOC kategorisierten Varianten. In diesem Bericht wird nur die Pangolin-Nomenklatur (z.B. „B.1.1.7“) für die Bezeichnung der Varianten verwendet.

Tabelle 1: Übersicht über die aktuell als VOC (variant of concern) eingestuft SARS-CoV-2-Varianten

Bezeichnungen (Pangolin)	WHO Bezeichnung <i>NEU</i>	Alternative Bezeichnung (PHE, GISAID, Nextstrain)	Erstmalig nachgewiesen in	Früheste Detektion	Charakteristische Mutationen
B.1.1.7	Alpha	VOC202012/01, GRY, 201/S:501Y.V1	Großbritannien	09/2020	69/70del, 144del, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H
B.1.351	Beta	VOC202012/02, GH/501Y.V2, 20H/S:501Y.V1	Südafrika	05/2020	D80A, D215G, 241/243del, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V
B.1.1.28.1, alias P.1	Gamma	VOC202101/02, GR/501Y.V3, 20J/S:501Y.V3	Brasilien	11/2020	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G H655Y, T1027I, V1176F
B.1.617.2	Delta	VOC202104/01, G/452R.V3, 21A/S:478K	Indien	10/2020	L452R, D614G, P681R, T19R, del157/158, T478K, D950N

Unter Beobachtung stehende Varianten - variants of interest (VOI)

Im Bericht (Abschnitt Genomsequenzierung) werden zusätzliche Informationen und Kennzahlen zu **unter Beobachtung stehenden Varianten** (*variant of interest; VOI*) aufgeführt. Zur Gruppe der VOI gehören aktuell SARS-CoV-2-Varianten, die Mutationen aufweisen, welche mit einer erhöhten Übertragbarkeit und/oder veränderter Immunantwort assoziiert sind (s. Tabelle 3, Seite 8). Der Gesamtanteil der unter Beobachtung stehenden Varianten lag in KW20/2021 bei 0,7%. **Der Bericht stützt sich im Wesentlichen auf drei Datenquellen.**

1. **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 der Probennahme ausgewertet.

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. 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 VOC. Die Daten werden unter Berücksichtigung des Meldedatums ausgewertet.

1. Gesamtgenomsequenzierung

***Vorbemerkung zur Erhebung:** Die Analyse der Genomsequenzen beinhaltet Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung am RKI oder Sequenzdaten die dem RKI im Rahmen der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) via DESH (Deutscher Elektronischer Sequenzdaten-Hub) übermittelt wurden. Für die Analyse werden Genomsequenzen unterschieden, die ohne Auswahlkriterien sequenziert wurden (zufällige Auswahl) und Proben die aufgrund eines bestehenden labordiagnostischen Verdachts bereits als VOC zur Sequenzierung eingeschickt wurden. Ziel ist es Verzerrungen im Datensatz für die Analyse der Anteile einzelner Varianten zu minimieren und die Überschätzung des Anteils der VOC zu reduzieren.*

Für die Analyse des Vorkommens von SARS-CoV-2-Virusvarianten liegen dem RKI Informationen zu insgesamt 168.866 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen aus dem Jahr 2021 vor (Datenstand, 25.05.2021, 0:00Uhr). 64.883 wurden **ohne vorliegenden labordiagnostischen Verdacht** auf eine VOC analysiert (**Stichprobe**). Von dieser Stichprobe stammen 961 Sequenzen aus dem *Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 (IMSSC2-Netzwerk)* des RKI, während 63.922 Sequenzen via DESH an das RKI übermittelt wurden. Für die Analyse und die zeitliche Einordnung wurde das Datum der Probenentnahme verwendet. Zwischen Probeneinsendung, Gesamtgenomsequenzierung und Datenübermittlung liegen in der Regel jeweils mehrere Tage; die bisher verfügbaren Genomsequenzen aus KW 21/2021 werden nicht für die Analyse der Anteile der VOC und VOI verwendet, da mit zahlreichen Nachmeldungen gerechnet werden muss. Es sei an dieser Stelle darauf hingewiesen, dass dem RKI kontinuierlich Sequenzen, auch für bereits berichtete Zeiträume, übermittelt werden, die dann in die Analyse eingeschlossen werden; somit können sich die Angaben zu früheren Datenständen ändern.

Wie in Tabelle 2 aufgelistet, stieg der Anteil der VOC B.1.1.7 in den ersten Kalenderwochen 2021 kontinuierlich an und liegt seit KW 13/2021 bei um die 90% in der Menge der zufällig für die Sequenzierung ausgewählten Proben (Stichprobe). **In KW 20/2021 lag der Anteil von B.1.1.7 bei 93,4%.** Darin enthalten sind **7 B.1.1.7 positive Proben die Mutation E484K und zwei Proben, die die Mutation E484Q aufwiesen.**

Für VOC B.1.351 wurden für KW 20/2021 ein Anteil von 0,8% festgestellt. Die VOC P.1 hat ebenfalls einen sehr geringen Anteil von 0,7%, der Anteil der VOC B.1.617.2 liegt bei 2,1%. Da auch für den aktuellen Zeitraum mit Nachmeldungen gerechnet wird, können sich die Anteile der Variante wie bisher nachträglich ändern.

Tabelle 2 zeigt den Anteil sequenzierter VOC B.1.1.7, B.1.351, P.1 sowie B.1.617.2 (bisher alle Subgruppen von B.1.617) in der Menge der zufällig für die Sequenzierung ausgewählten Proben (Stichprobe) für das bisherige Jahr 2021 aufgeteilt nach Kalenderwochen.

KW 2021	B.1.1.7		B.1.351		B.1.617.2		P.1	
	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)
01-20	41.734	64,3	824	1,3	287	0,4	184	0,3
01	5	2,2	0	0	0	0	0	0
02	52	8,5	6	1	0	0	0	0
03	96	5,4	12	0,7	0	0	0	0
04	282	10,4	13	0,5	0	0	0	0
05	554	17,8	24	0,8	0	0	0	0
06	712	21	19	0,6	0	0	6	0,2
07	1.218	33,1	21	0,6	0	0	6	0,2
08	1.891	44,1	34	0,8	0	0	2	0
09	1.965	52,8	69	1,9	0	0	8	0,2
10	2.506	64,8	72	1,9	0	0	4	0,1
11	3.059	74,3	49	1,2	0	0	8	0,2
12	2.936	80,3	56	1,5	1	0	0	0
13	3.293	87,1	49	1,3	0	0	8	0,2
14	3.519	88,8	74	1,9	2	0,1	9	0,2
15	3.796	88,7	85	2	5	0,1	11	0,3
16	4.264	91	45	1	30	0,6	17	0,4
17	3.303	90,2	28	0,8	55	1,5	38	1
18	4.128	87,1	117	2,5	86	1,8	43	0,9
19	2.819	88,2	40	1,3	78	2,4	14	0,4
20	1.336	93,4	11	0,8	30	2,1	10	0,7

Neben den besorgniserregenden Varianten, den VOC, gibt es 11 unter Beobachtung stehende Varianten, sogenannte *variants of interest (VOI)*. Tabelle 3 listet die vom RKI unter Beobachtung stehenden Varianten mit der Anzahl der in der Stichprobe detektierten Genomsequenzen auf. Die VOI haben gemein, dass sie Mutationen aufweisen, die mit erhöhter Übertragbarkeit oder reduzierter Antikörperneutralisation assoziiert werden. Weitere Informationen finden sich in Tabelle zu den virologischen Basisdaten³ auf der Internetseite des RKI.

Abbildung 2 zeigt die jeweiligen Anteile von VOC und VOI auf Basis aller zufällig für die Gesamtgenomsequenzierung ausgewählten Proben (Stichprobe). Neben der dominierenden Variante B.1.1.7 machen die anderen VOC und die VOI nur einen relativ geringen Teil, insgesamt ca. 7,5% aller in der Stichprobe detektierten SARS-CoV-2 Genome aus. Deutlich zu sehen ist dabei die Zunahme des Anteils von B.1.617.2 in den letzten Wochen, wobei dieser Trend sich in KW20/2021 nach aktuell vorliegenden Zahlen nicht fortgesetzt hat.

³https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virologische_Basisdaten_Uebersichtstabelle.pdf

Tabelle 3: Zeigt die Anzahl der in der Stichprobe detektierten unter Beobachtung stehenden Varianten. Nicht aufgeführt ist die VOI B.1.324.1, da diese bisher in Deutschland nicht nachgewiesen wurden (Datenstand 01.06.2021).

KW 2021	A.23.1	A.27	B.1.1.318	B.1.427	B.1.429	B.1.525	B.1.526	B.1.617.1	B.1.620	P.2	P.3
01-19	12	228	442	4	5	471	7	62	19	9	10
01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
02	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
03	0	1	1	0	0	1	0	0	0	2	0
04	0	5	1	0	0	6	0	0	0	2	0
05	0	1	0	0	0	10	0	0	0	3	0
06	1	9	0	3	0	16	0	0	1	1	0
07	0	1	4	0	0	18	1	0	0	0	0
08	5	17	0	0	0	13	0	0	0	0	0
09	4	39	11	1	3	18	1	1	0	0	0
10	1	40	19	0	1	19	0	1	0	0	0
11	1	36	22	0	0	42	0	2	0	0	4
12	0	25	39	0	0	39	0	2	0	0	3
13	0	12	11	0	0	39	0	0	0	0	1
14	0	11	22	0	0	39	0	3	0	0	2
15	0	11	62	0	1	53	0	5	4	0	0
16	0	7	71	0	0	41	0	11	2	0	0
17	0	5	38	0	0	30	4	16	0	0	0
18	0	3	64	0	0	60	1	18	6	0	0
19	0	4	75	0	0	22	0	2	3	0	0
20	0	0	2	0	0	5	0	1	3	0	0

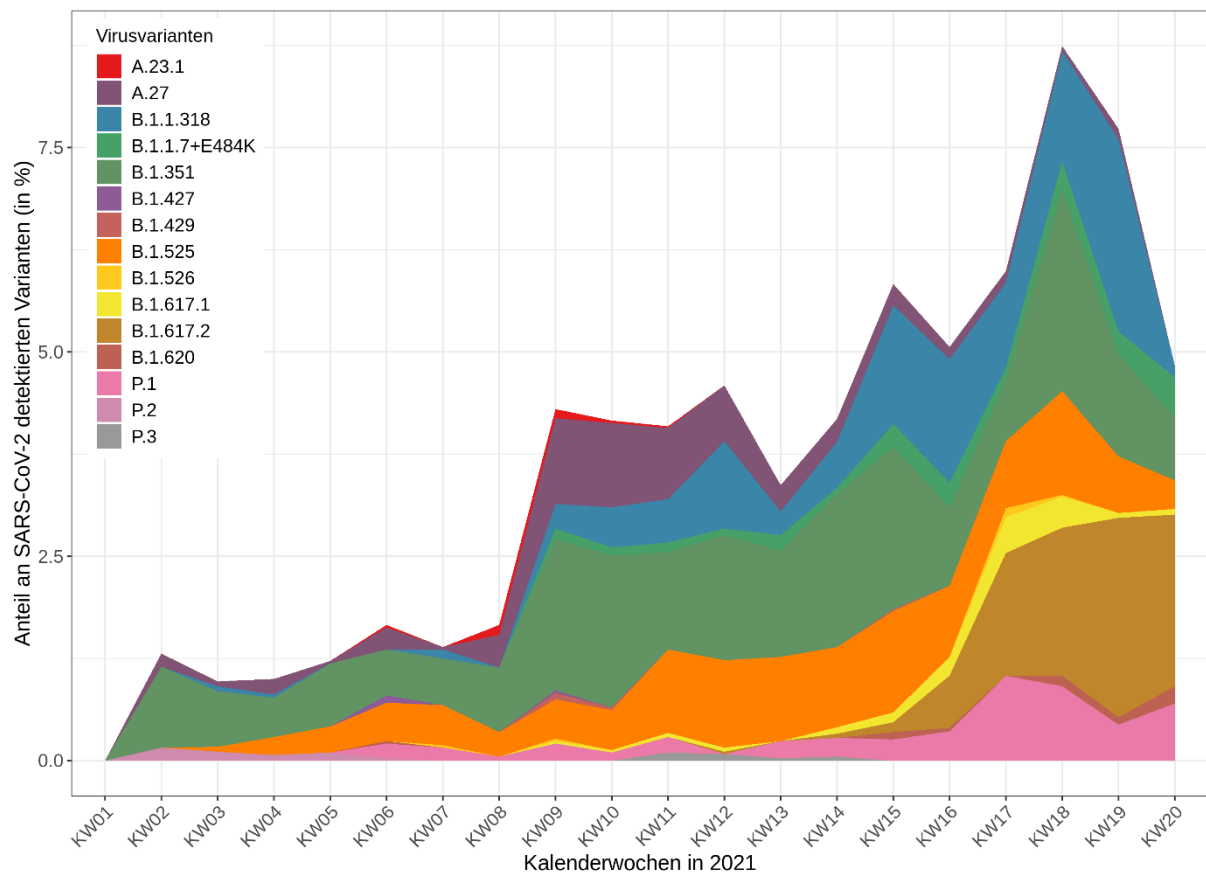


Abbildung 2: zeigt die prozentualen Anteile der VOC (bezogen auf sequenzierten Anteilen aus Tabelle 2) und VOI (s. Tabelle 3) ohne B.1.1.7, an allen im Rahmen der zufälligen Auswahl sequenzierten Proben (Stichprobe).

Mittels der für die Stichprobe verwendeten Proben kann die Veränderung der Häufigkeiten des Vorkommens der Varianten in Deutschland beobachtet werden.

Insgesamt (Stichprobe + Verdachtsproben) wurden seit KW_{01/2021} von den 168.866 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen die VOC B.1.1.7 ca. 129.000-mal, B.1.351 ca. 3.100-mal, P.1 600-mal und B.1.617.2 ca. 500-mal sequenziert und an das RKI übermittelt.

Rein rechnerisch ergibt sich aus der Zahl verfügbarer Genomsequenzen und bekannter laborbestätigter Infektionen für die KW **20/2021** in Deutschland ein **Anteil sequenzierter Proben (Gesamtgenomsequenzierung) an SARS-CoV-2-positiv getesteten Proben von 7%**. Allerdings ist hierbei zu beachten, dass sich nicht jede qRT-PCR positive Patientenprobe technisch für die Gesamtgenomsequenzierung eignet und nicht jede Sequenzierung den RKI-Qualitätsrichtlinien zur Einsendung entspricht. Nachträgliche Übermittlungen zu KW 19/2021 steigerten den Anteil nachträglich auf ca. 10%. Abbildung 3 zeigt den Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen seit KW_{01/2021} bis KW_{20/2021}.

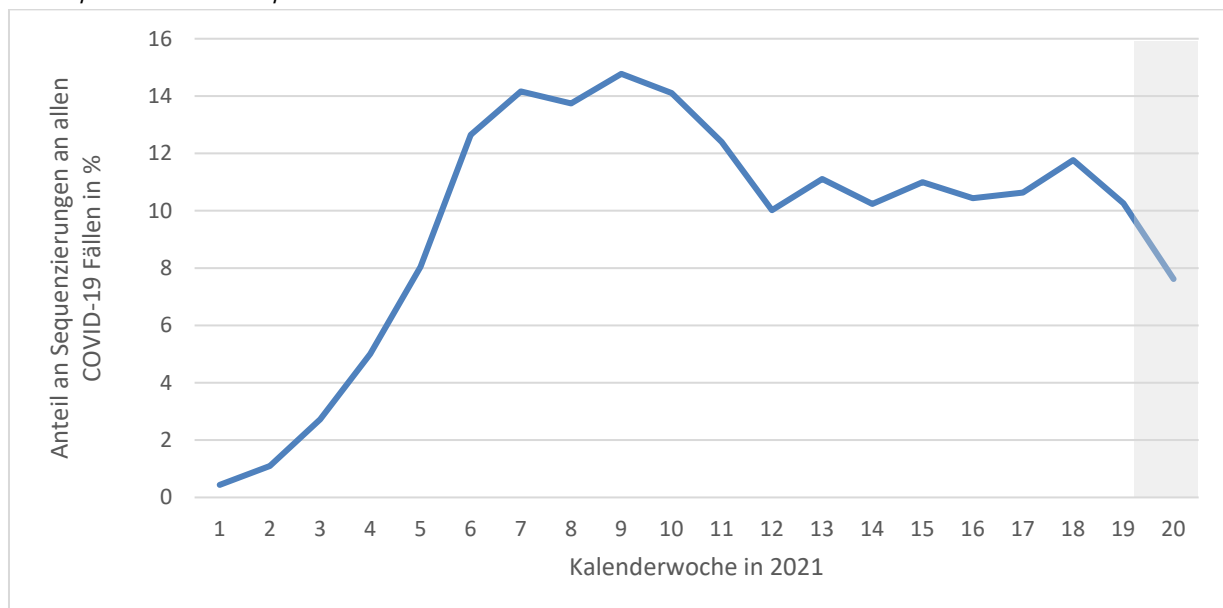


Abbildung 3: Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen an COVID-19 Fällen. Die Abbildung zeigt den Anteil der erfolgreich durchgeführten und übermittelten Gesamtgenomsequenzierungen an der Anzahl der in der jeweiligen KW gemäß IfSG an das RKI gemeldeten COVID-19 Fällen. Für den grau markierten Bereich ist mit weiteren Übermittlungen zu rechnen, so dass dieser Anteil weiter steigen kann.

2. RKI-Testzahlerfassung

In der RKI-Testzahlerfassung werden Daten zu Genomsequenzierungen/Punktmutationsanalysen in auf 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) und 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.

Aus KW_{21/2021} wurden dem RKI insgesamt **23.906 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 21.534 positiv. **Insgesamt ist den übermittelten Daten ein weiterhin sehr hoher Anteil von VOC pro KW zu entnehmen, siehe Tabelle 4.**

In der Erhebung betrug der Anteil von Proben der VOC B.1.1.7 in KW 21/2021 89%, und blieb damit konstant gegenüber den Vorwochen. Die Anteile der **VOC B.1.351 (0,8%)** und **P.1 (0,2%,)** blieben konstant auf sehr niedrigem Niveau. Es ist wichtig anzumerken, dass diese Zahlen Verzerrungen unterliegen, da z. B. nicht alle testenden Labore in Deutschland an der Abfrage teilnehmen.

Tabelle 4: Anzahl der erfassten VOC (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.

KW 2021	Meldende Labore	Tests auf VOC	Anzahl VOC	Anteil VOC	B.1.1.7		B.1.351		P.1	
					Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	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	106	36.157	20.081	55,5%	19.687	54,4%	379	1,0%	15	0,0%
10	123	56.977	36.776	64,5%	36.224	63,6%	540	0,9%	12	0,0%
11	142	62.505	45.209	72,3%	44.580	71,3%	604	1,0%	25	0,0%
12	130	87.987	69.874	79,4%	69.057	78,5%	759	0,9%	58	0,1%
13	134	75.623	62.965	83,3%	62.318	82,4%	589	0,8%	58	0,1%
14	135	78.113	67.330	86,2%	66.585	85,2%	705	0,9%	40	0,1%
15	141	108.316	97.729	90,2%	96.855	89,4%	821	0,8%	53	0,0%
16	141	99.274	90.789	91,5%	89.999	90,7%	719	0,7%	71	0,1%
17	141	86.666	78.350	90,4%	77.727	89,7%	561	0,6%	62	0,1%
18	140	76375	70235	92,0%	69580	91,1%	544	0,7%	111	0,1%
19	140	54340	49817	91,7%	49410	90,9%	334	0,6%	73	0,1%
20	138	43884	39786	90,7%	39417	89,8%	237	0,5%	132	0,3%
21	126	23906	21534	90,1%	21286	89,0%	192	0,8%	56	0,2%

3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG)

Mit Stand 01.06.2021 (0:00Uhr) wurden dem RKI **673.49 SARS-CoV-2-Nachweise der VOC B.1.1.7** für die Meldewochen (MW) 01-21/2021 in Deutschland übermittelt (darin enthalten sind sowohl PCR-basierte Verdachtsfälle als auch Nachweise mittels Teil- und Gesamtgenomsequenzierung). In Tabelle 5 sind die Fälle verschiedener VOCs nach Bundesländern für MW 01-21/2021 aufgeführt. Die übermittelten Informationen (Anzahl und Anteile) zu den VOC B.1.1.7 und B.1.351 sind einzeln für alle Bundesländer in den Tabelle 6 und Tabelle 7 dargestellt. Zusätzlich werden in Tabelle 8 und Tabelle 9 die Informationen für die VOC P.1. und B.1.617.2 aufgeführt. Unter Verdacht auf B.1.617.2 werden dabei alle Angaben von B.1.617.2 und B.1.617 zusammengefasst.

Im Gegensatz zu Berichten bis einschließlich KW16 wird für die Berechnung des Anteils der VOC ein anderer Nenner genutzt, um die Daten mit den anderen Erhebungen besser vergleichen zu können. Die in Tabelle 6 bis Tabelle 9 aufgeführten Anteile beziehen sich auf alle Fälle für die Informationen zu einer durchgeführten Untersuchung (Bestimmung) von Varianten übermittelt wurden (zuvor wurden die Anzahl der VOC auf alle übermittelten COVID-19-Fälle bezogen). Da nur bei einem bestimmten Anteil der labordiagnostisch bestätigten COVID-19-Fälle eine Variantenbestimmung durchgeführt wird, führt diese Änderung des Bezugswertes zu erheblichen Unterschieden in den Anteilen im Vergleich zu den Vorberichten. Gleichzeitig werden einige Angaben zu COVID-19-Fällen mit Verzögerung übermittelt. 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. 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 COVID-19-Fälle, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist (n= 737.373), für die Meldeweche 01-21/2021, aufgeteilt nach Hinweis auf VOC, Bestätigung einer VOC durch Sequenzierung bzw. Verdacht aufgrund von variantenspezifischen Punktmutationsanalysen und keine VOC. VOI und Hinweise auf VOC werden unter „keine VOC“ geführt.

Bundesland (BL)	Seq. B.1.1.7	Verdacht B.1.1.7	Seq. B.1.351	Verdacht B.1.351	Seq. P.1	Verdacht P.1	Seq. B.1.617.2	Verdacht B.1.617.2	Keine VOC
Baden-Württemberg	26.379	101.432	522	721	68	145	45	34	6.731
Bayern	6.423	125.602	308	736	97	121	45	31	14.628
Berlin	1.461	24.834	61	224	11	7	39	12	1.177
Brandenburg	1.762	17.631	30	140	2	6	2	6	835
Bremen	831	5.136	11	9	2	0	1	0	368
Hamburg	1.869	8.541	19	20	6	7	7	3	668
Hessen	3.826	38.316	72	391	11	15	20	23	2.476
Mecklenburg-Vorpommern	539	7.942	23	21	79	137	0	0	1.152
Nieder-sachsen	2.048	40.445	8	79	0	16	2	13	2.998
Nordrhein-Westfalen	15.729	149.963	243	1.266	17	82	51	35	4.435
Rheinland-Pfalz	3.783	22.235	111	163	21	14	5	8	1.840
Saarland	1.051	4.530	73	455	0	1	1	6	211
Sachsen	4.423	20.181	29	161	1	3	13	0	14.595
Sachsen-Anhalt	2.508	8.893	26	96	1	3	0	2	1.789
Schleswig-Holstein	931	7.478	1	21	4	3	3	1	1.128
Thüringen	4.178	12.746	18	24	0	1	1	1	1.323
Summe/ MW	77.741	595.905	1.555	4.527	320	561	235	175	56.354

Tabelle 6: Anteile der VOC B.1.1.7 (Alpha) (Bestätigung durch Sequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR) an COVID-19-Fällen, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist und Anzahl pro MW in allen Bundesländern für MW 18-21/2021 (Datenstand 01.06.2021, 0:00 Uhr).

Meldewoche	18		19		20		21	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	97%	12.466	97%	8.655	97%	6.451	96%	2.732
Bayern	92%	9.972	93%	7.025	92%	4.729	94%	2.582
Berlin	95%	1.898	93%	1.176	93%	875	88%	405
Brandenburg	94%	1.249	96%	896	95%	643	95%	193
Bremen	97%	379	99%	243	98%	191	100%	88
Hamburg	97%	557	98%	344	97%	218	98%	90
Hessen	97%	2.767	97%	2.211	97%	1.548	97%	648
Mecklenburg-Vorpommern	69%	503	83%	274	56%	124	100%	25
Niedersachsen	95%	2.781	93%	1.772	95%	1.317	94%	536
Nordrhein-Westfalen	98%	13.748	99%	9.901	98%	6.629	99%	2.979
Rheinland-Pfalz	96%	1.729	94%	1.147	96%	777	94%	300
Saarland	92%	335	93%	308	94%	216	94%	82
Sachsen	64%	2.120	62%	1.297	66%	933	63%	365
Sachsen-Anhalt	89%	878	90%	636	88%	422	90%	170
Schleswig-Holstein	92%	418	94%	267	95%	223	94%	82
Thüringen	89%	1.316	91%	861	91%	706	88%	232
Gesamt	93%	53.116	94%	37.013	94%	26.002	94%	11.509

Tabelle 7: Anteile der VOC B.1.351 (Beta) (Bestätigung durch Gesamtgenomsequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR) an COVID-19-Fällen, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist und Anzahl pro MW in allen Bundesländern für MW 18-21/2021 (Datenstand 01.06.2021).

Meldewoche	18		19		20		21	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,7%	64	0,5%	15	0,1%	17	0,1%	4
Bayern	0,4%	57	0,4%	26	0,3%	21	0,4%	15
Berlin	1,0%	10	0,5%	3	0,2%	1	0,0%	0
Brandenburg	1,4%	21	1,5%	5	0,3%	3	0,2%	1
Bremen	0,0%	2	0,5%	0	0,0%	0	1,2%	0
Hamburg	0,5%	3	0,5%	2	0,3%	0	0,0%	0
Hessen	0,6%	8	0,3%	5	0,2%	2	0,2%	7
Mecklenburg-Vorpommern	0,3%	7	1,0%	2	0,0%	1	0,6%	0
Niedersachsen	0,1%	4	0,1%	4	0,2%	2	0,1%	1
Nordrhein-Westfalen	0,5%	71	0,5%	29	0,2%	10	0,0%	11
Rheinland-Pfalz	0,5%	11	0,4%	8	0,4%	1	0,0%	2
Saarland	3,1%	11	3,1%	6	1,6%	10	3,5%	3
Sachsen	0,1%	6	0,2%	2	0,1%	3	0,2%	0
Sachsen-Anhalt	0,5%	3	0,2%	2	0,3%	1	0,3%	0
Schleswig-Holstein	0,9%	7	0,9%	2	0,8%	0	0,0%	0
Thüringen	0,0%	2	0,1%	3	0,3%	0	0,2%	0
Gesamt	0,5%	287	0,5%	114	0,2%	72	0,2%	44

Tabelle 8: Anteile der VOC P.1 (Gamma) (Bestätigung durch Gesamtgenomsequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR) an COVID-19-Fällen, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist und Anzahl pro MW in allen Bundesländern für MW 18-21/2021 (Datenstand 01.06.2021).

Meldewoche	18		19		20		21	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,2%	28	0,3%	23	0,4%	25	0,1%	3
Bayern	0,1%	14	0,1%	7	0,2%	8	0,2%	6
Berlin	0,1%	2	0,5%	6	0,0%	0	0,2%	1
Brandenburg	0,0%	0	0,1%	1	0,1%	1	3,0%	6
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	1,0%	2	0,0%	0
Hamburg	0,7%	4	0,3%	1	0,0%	0	0,0%	0
Hessen	0,0%	1	0,1%	2	0,1%	1	0,1%	1
Mecklenburg-Vorpommern	4,9%	36	6,3%	21	5,0%	11	0,0%	0
Niedersachsen	0,0%	1	0,0%	0	0,0%	0	0,2%	1
Nordrhein-Westfalen	0,0%	6	0,0%	5	0,1%	4	0,0%	1
Rheinland-Pfalz	0,1%	2	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Sachsen	0,0%	0	0,0%	0	0,1%	2	0,2%	1
Sachsen-Anhalt	0,0%	0	0,0%	0	0,2%	1	0,0%	0
Schleswig-Holstein	0,2%	1	0,0%	0	0,4%	1	0,0%	0
Gesamt	0,2%	95	0,2%	66	0,2%	56	0,2%	20

Tabelle 9: Anteile der VOC B.1.617.2 (Delta) (Bestätigung durch Gesamtgenomsequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR) an COVID-19-Fällen, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist und Anzahl pro MW in allen Bundesländern für MW 18-21/2021 (Datenstand 01.06.2021).

Meldewoche	18		19		20		21	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,1%	8	0,1%	12	0,2%	11	0,7%	20
Bayern	0,1%	14	0,3%	19	0,4%	20	0,0%	1
Berlin	0,5%	10	0,7%	9	1,0%	9	0,7%	3
Brandenburg	0,2%	3	0,1%	1	0,4%	3	0,0%	0
Hamburg	0,3%	2	0,3%	1	0,0%	0	0,0%	0
Hessen	0,2%	5	0,3%	6	0,9%	15	0,4%	3
Niedersachsen	0,0%	1	0,5%	9	0,1%	2	0,0%	0
Nordrhein-Westfalen	0,2%	28	0,3%	28	0,2%	13	0,0%	0
Rheinland-Pfalz	0,1%	2	0,2%	3	0,7%	6	0,3%	1
Saarland	0,3%	1	0,9%	3	0,4%	1	2,3%	2
Sachsen	0,2%	7	0,1%	3	0,1%	1	0,0%	0
Schleswig-Holstein	0,4%	2	0,0%	0	0,4%	1	0,0%	0
Thüringen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,4%	1
Gesamt	0,1%	83	0,1%	94	0,2%	82	0,7%	31

Abbildung 4 illustriert die übermittelten Meldefälle zu den einzelnen VOC für die letzten vier Kalenderwochen, wie in den Tabellen 6-9 aufgeführt. Es zeigt sich, dass die Geschehen für alle VOC über das Bundesgebiet verteilt sind. Allerdings sind für die VOC P.1 auf Grund geringer Fallzahlen und vereinzelte Ausbruchsgeschehen Landkreis mit erhöhtem Aufkommen deutlich erkennbar, so wie es auch aus Tabelle 8 für Mecklenburg-Vorpommern (KW18-19/2021) abzulesen ist.

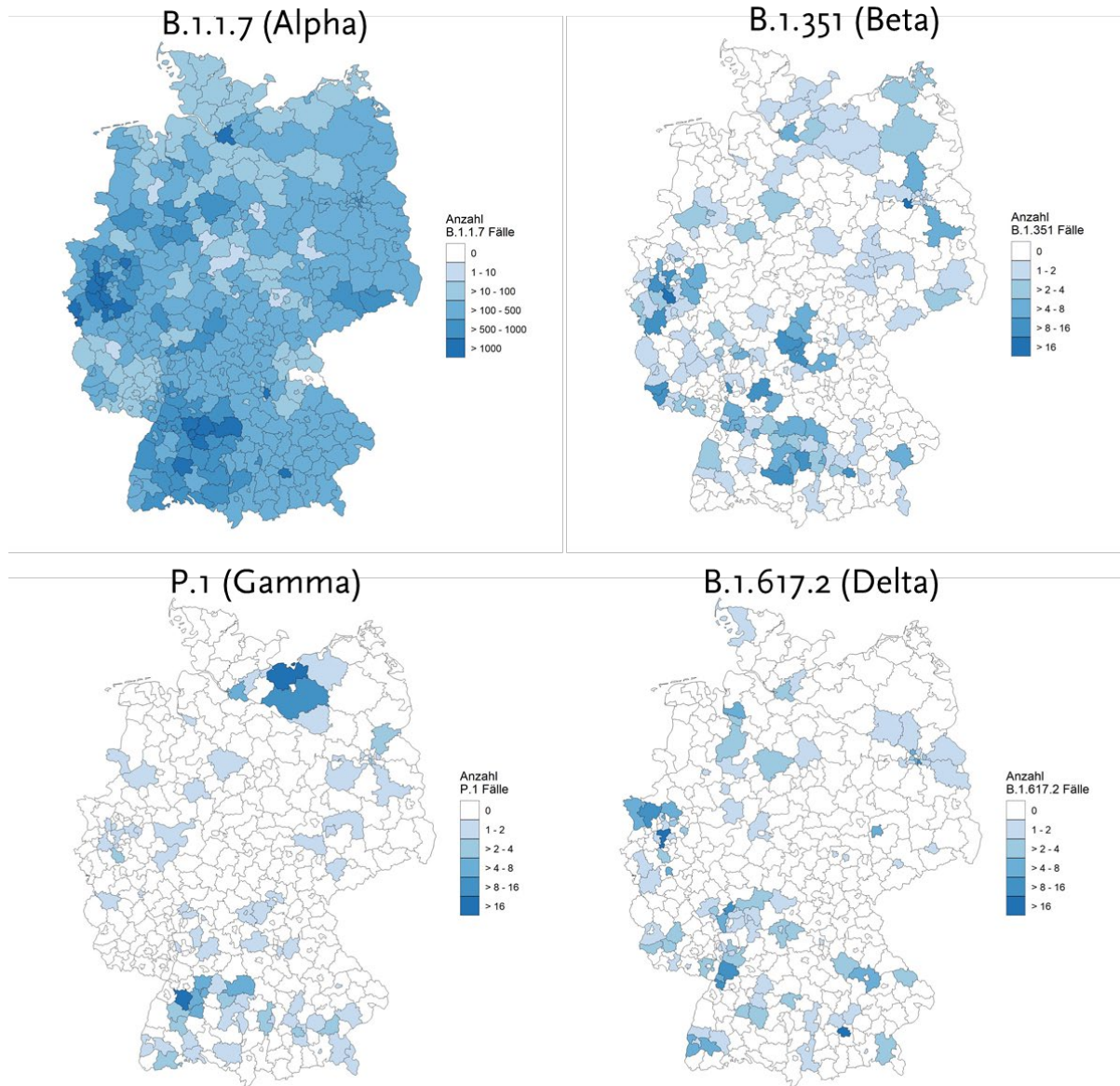


Abbildung 4: Die Karten stellen für jede der vier VOC die Anzahl der gemeldeten Fälle (Verdachtsfälle oder Nachweise) pro Landkreis, die zwischen KW18-21/2021 an das RKI übermittelt wurden (Datenstand: 01.06.2021). Wichtig ist zu beachten, dass für B.1.1.7 (Alpha) die Farbskala auf Grund der hohen Fallzahlen anders als bei den anderen VOC gehalten ist.

Fazit

Der Anteil der Virusvarianten, die als *variants of concern* (VOC) bezeichnet werden, liegt weiterhin über 95%. Der Anteil anderer VOC als B.1.1.7 ist darunter mit < 4% weiterhin sehr gering. **B.1.1.7 (Alpha) ist auch in KW21/2021 die dominierende SARS-CoV-2 Variante in Deutschland. Die seit KW19/2021 als VOC eingestufte Variante B.1.617.2 (Delta) hat bisher nur einen geringen Anteil von 2,1%.**

Die Analyse der Daten aus Gesamtgenomsequenzierungen zeigen darüber hinaus das Auftreten von sogenannten *variants of interest* (VOI), unter Beobachtung stehenden Varianten, die häufig besonders besorgniserregende Mutationen aufweisen. Ihr Anteil in den zufällig für die Gesamtgenomsequenzierung ausgewählten SARS-CoV-2-positiven Proben lag bei 0,8% in KW20/2021. In der **RKI-Testzahlerfassung** für KW 21/2021 beträgt der Anteil von B.1.1.7 89%. Die **Informationen aus dem Meldesystem gemäß IfSG** zeigen nach Umstellung der Berechnung einen vergleichbar hohen Anteil der VOC B.1.1.7 (KW20/2021:94%, KW21/2021:94%). **Für die VOC B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) zeigte sich in den letzten Wochen ein konstanter Anteil von 0,2-2,5% für B.1.351 und 0,1-0,9% für P.1 in allen Erhebungen.**

Die VOC B.1.1.7 ist weiterhin die vorherrschende SARS-CoV-2-Variante in Deutschland. Dementsprechend besteht bei einer PCR-bestätigten SARS-CoV-2 Infektion mit hoher Wahrscheinlichkeit eine Infektion mit der VOC B.1.1.7, auch wenn keine weitergehenden Informationen zur Epidemiologie oder Genotypisierung vorliegen. In der aktuellen Situation ist eine verstärkte Testung auf besorgniserregende Mutationen und Varianten zielführend, um beispielsweise früh das Auftreten von unter Beobachtung stehenden Varianten zu detektieren, Maßnahmen entsprechend anzupassen und für diese Proben eine Gesamtgenomsequenzierung durchzuführen.

Die **Einstufung als VOC erlaubt es die Surveillance der entsprechenden Varianten zu intensivieren**, beispielsweise durch **gezielte PCR-Untersuchung** und **Gesamtgenomsequenzierung** im Rahmen der **Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV)**. Somit kann das Infektionsgeschehen in Deutschland besser beobachtet und bewertet werden.

Da seit KW 19/2021 die wöchentliche Zahl von Neuinfektionen in Deutschland unter 70.000 Fällen liegt, erlaubt es die CorSurV für bis zu 10% der wöchentlichen SARs-CoV-2-positiven Proben eine Gesamtgenomsequenzierung durchgeführt und gemäß CorSurV vergütet werden kann. Damit soll gewährleistet werden, dass auch in Phasen niedriger Inzidenz ein umfassendes Bild mittels Gesamtgenomsequenzierung zu den in Deutschland vorkommen SARs-CoV-2 Varianten für die Analyse und Bewertung der Situation zur Verfügung steht.

Die molekulare Surveillance auf Basis Gesamtgenomsequenzen ist ein unverzichtbares Werkzeug, um Auftreten und Verbreitung von bekannter und neuer SARS-CoV-2 Varianten in Deutschland zuverlässig erfassen und zu verfolgen. Sie bietet darüber hinaus den Vorteil, dass für nahezu alle untersuchten Proben eine zweifelsfreie Variantenzuordnung erfolgen kann. Somit können insbesondere neu in Deutschland auftretenden Varianten erfasst und retrospektive Analysen durchgeführt werden, sowie fortlaufend die Charakterisierung und Bewertung der auftretenden Varianten an Hand der nachgewiesenen Mutationen erfolgen. So wurde das vermehrte Auftreten der VOC B.1.617 in Deutschland auch im Rahmen der Gesamtgenomsequenzierung von zufällig ausgewählten Proben gemäß CorSurV bereits früh detektiert und zeigt die Wirksamkeit dieses Werkzeugs.

Aus der erfolgreichen Anwendung der verschiedenen Erhebungsinstrumente für die kontinuierliche Bewertung der Situation in Deutschland sowie der Ableitung von gezielten Maßnahmen, 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) Insbesondere die Gesamtgenomsequenzierung muss fortlaufend auch in Zukunft genutzt werden, um weitere, bislang unbekannte, neu auftretende oder eingebrachte Virusvarianten zu detektieren.

Für (1) ist es möglich, Methoden und Techniken wie die PCR-basierte Diagnostik (siehe frühere *Erhebung der Laborverbunde* und die *RKI-Testzahlerfassung*) **bei Bedarf** zu nutzen, um **gezielt und zeitnah** nach bekannten Mutationen und Virusvarianten zu suchen und deren Vorkommen zu bestimmen. **Die Informationen müssen zeitnah und zusammen mit allen notwendigen Informationen zur Diagnostik (Methoden) und Bewertung (Virusvariante/Mutationen) an die Gesundheitsämter gemeldet und in das Meldesystem überführt werden.**

Für (2) muss außerdem die Zahl der erfassten Gesamtgenomsequenzierungen konstant bleiben und die **verpflichtende Meldung der IMS-ID (Typisierungs-ID) an die Gesundheitsämter** noch besser, d. h. korrekt umgesetzt werden, um das repräsentative Bild der zirkulierenden Virusvarianten, aber auch der einzelnen Mutationen erhalten zu können und neue Varianten bzw. Mutationen und deren regionale Ausbreitung frühzeitig zu detektieren. Auf diese Maßnahmen zielt die Umsetzung der Coronavirus-Surveillanceverordnung (CorSurV) ab. **Essenziell 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 den Anteil der Virusvarianten am Transmissionsgeschehen in Deutschland sowie 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.