



Stand: 09. Juni 2021

Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland

Inhaltsverzeichnis

Kurzübersicht.....	2
Zusammenfassung.....	3
Einleitung.....	4
Erhebungsinstrumente.....	4
Virusvarianten.....	4
Besorgniserregende Varianten - variants of concern (VOC).....	4
Unter Beobachtung stehende Varianten - variants of interest (VOI).....	6
1. Gesamtgenomsequenzierung.....	7
2. RKI-Testzahlerfassung.....	11
3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG).....	12
Fazit.....	17

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 niedrig. Die ebenfalls als VOC eingestufte Variante B.1.617.2 wurde bisher nur in < 3% der Proben nachgewiesen, aber ihr Anteil stieg in den letzten Wochen stetig an. 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% für die VOC B.1.351 (Beta), P.1. (Gamma) und B.1.617.2 (Delta) und 94% für die VOC B.1.1.7 (Alpha) in SARS-CoV-2-Genomen in KW21/2021 in den Stichproben.**
2. die RKI-Testzahlerfassung; sie zeigt einen stabil **niedrigen Anteil für die VOC B.1.351 und P.1, von zusammen 0,8%**, einen niedrigen aber leicht steigenden **Anteil von B.1.617.2 von 2%** und einen stabil **hohen Anteil der VOC B.1.1.7 von 88%** in KW22/2021.
3. eine Zusammenfassung der Meldedaten gemäß IfSG; bezogen auf alle Fälle 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 1,5%**, der von **B.1.1.7 (Alpha) bei 92%** in KW22/2021.

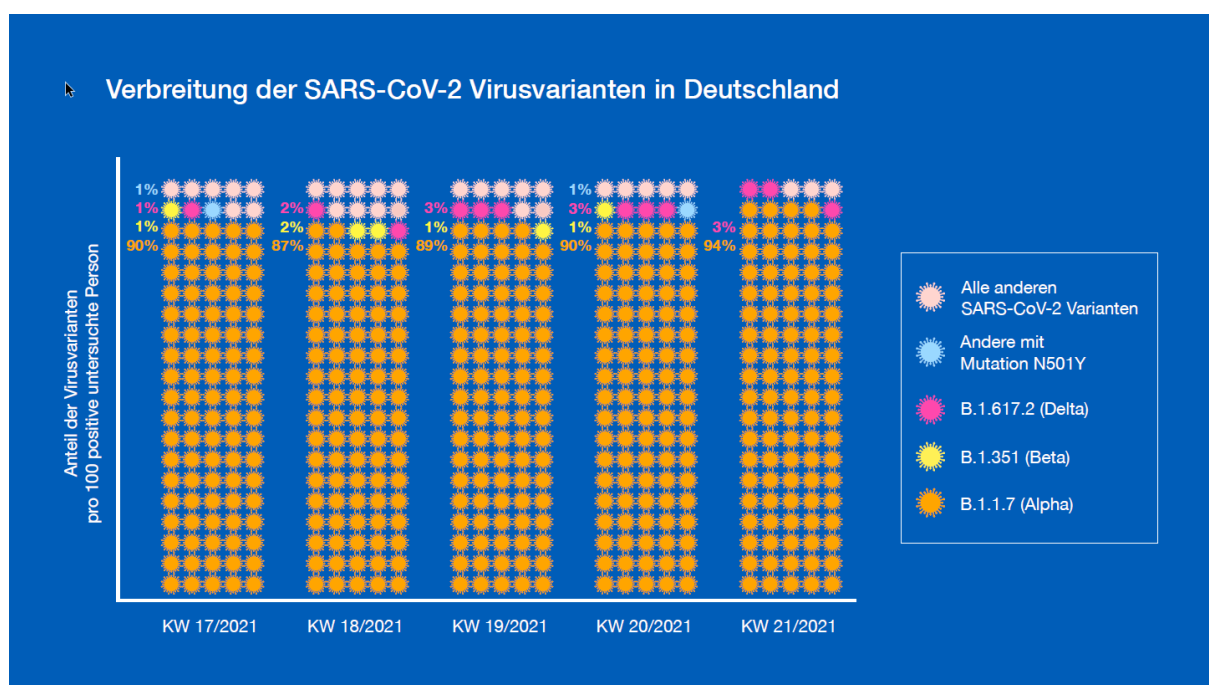


Abbildung 1 illustriert den relativen Anteil der untersuchten positiven Proben, in denen besorgniserregende SARS-CoV-2-Virusvarianten und andere Varianten nachgewiesen wurden. Die Darstellung basiert auf Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung.

Einleitung

Erhebungsinstrumente

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.

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)

Mitte Dezember 2020 wurde aus Großbritannien von der zunehmenden Identifizierung und Verbreitung der mittlerweile benannten SARS-CoV-2 VOC Alpha berichtet. Diese Viren gehören der **Linie B.1.1.7 (VOC Alpha)** 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, VOC Beta**) berichtet. Im brasilianischen Bundesstaat Amazonas zirkuliert weiterhin die SARS-CoV-2-Variante **P.1 (VOC Gamma)**, 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 dieser 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 Mai 2021 wird von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) auch die **Variante B.1.617.2 (VOC Delta)** zu den VOC gezählt. Die vorherige Einteilung der Variante B.1.617 und damit aller drei Subvarianten als VOC entfiel zum 31.05.2021. Die Subvarianten B.1.617.1 (Kappa) und B.1.617.3 (nur in Deutschland) gelten aktuell als VOI. 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.

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

Ein-stufung	Pangolin Bezeichnungen	WHO Bezeichnung <i>NEU</i>	Alternative Bezeichner/ Klassifizierungen	Erstmalig nachgewiesen	Mutationen im Spike Protein	
VOC	B.1.1.7	<i>Alpha</i>	VOC202012/01, GRY, 20I/S:501Y.V1	GB	Sep 2020	del69/70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H
VOC	B.1.351	<i>Beta</i>	VOC202012/02, GH/501Y.V2, 20H/S:501Y.V1	SA	Mai 2020	L18F, D80A, D215G, R246I, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V
VOC	P.1 alias B.1.1.28.1	<i>Gamma</i>	VOC202101/02, GR/501Y.V3, 20J/S:501Y.V3	BRA	Nov 2020	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, H655Y, T1027I, V1176F
VOC	B.1.617.2	<i>Delta</i>	VOC202104/01, G/452R.V3, 21A/S:478K	Indien	Okt 2020	T19R, del157-158, L452R, T478K, D614G, P681R, D950N

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 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.

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/>

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. In diesem Bericht wird nur die Pangolin-Nomenklatur (z.B. „B.1.1.7“) für die Bezeichnung der Varianten verwendet.

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 9). Der Gesamtanteil der unter Beobachtung stehenden Varianten lag in KW₂₁/2021 bei 1,3%. Neben den von der WHO als VOI eingestuft Varianten, gibt es eine Reihe von Varianten, die vom RKI zusätzlich unter Beobachtung stehen, bspw. weil sie trotz geringer globaler Verbreitung, bereits in Deutschland detektiert wurden und Mutationen aufweisen, welche mit einer erhöhten Übertragbarkeit und/oder veränderter Immunantwort assoziiert sind. Diese Varianten sind als VOI-D markiert.

Tabelle 2: Übersicht über die aktuell unter Beobachtung stehenden SARS-CoV-2-Varianten – VOI (variant of interest).

Ein- stufung	Pangolin Bezeich- nungen	WHO Bezeich- nung <i>NEU</i>	Alternative Bezeichner/ Klassifizierungen	Erstmalig nachgewiesen	Mutationen im Spike Protein
VOI	B.1.427 / B.1.429	<i>Epsilon</i>	CAL.20C GH/452R.V1 20C/S.452R	USA Mar 2020	S13I, W152C, L452R, D614G
VOI	P.2	<i>Zeta</i>	VUI-21JAN-01 GR 20B/S.484K	BRA Apr 2020	S477N, E484K, D614G, V1176F
VOI	B.1.525	<i>Eta</i>	VUI-202102/03 G/484K.V3 20A/S484K	Angola Dez 2020	Q52R, A67V, del69/70, del144/145, E484K, D614G, Q677H, F888L
VOI	P.3	<i>Theta</i>	VUI-21MAR-02 GR 20B/S:265C	Philip- pinen Jan 2021	del141/143, E484K, N501Y, D614G, P681H, E1092K, H1101Y, V1176F
VOI	B.1.526	<i>Iota</i>	GH 20C/S:484K	USA Nov 2020	L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V
VOI	B.1.617.1	<i>Kappa</i>	UI-21APR-01 G/452R.V3 21A/S:154K	Indien Okt 2020	L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V
VOI-D	A.23.1	<i>Nicht vergeben</i>	VUI-21FEB-01 (+ E484K)	GB Okt 2020	F157L, V367F, Q613H, P681R
VOI-D	A.27	<i>Nicht vergeben</i>		FR Dez 2020	L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V
VOI-D	B.1.1.318	<i>Nicht vergeben</i>	VUI-202102/04	GB Feb 2021	T95I, del144/145, E484K, D614G, P681H, D796H
VOI-D	B.1.620	<i>Nicht vergeben</i>		Nov 2020	P26S, del69/79, V126A, del144/145, S477N, E484K, D614G, P681H, T1027, D1118H
VOI-D	B.1.617.3	<i>Nicht vergeben</i>	VUI-21APR-03	Indien Feb 2021	T19R, L452R, E484Q, D614G, P681R

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.

Wie schon in früheren Berichten wurden im vorliegenden Bericht die absoluten Zahlen und Anteile für die einzelnen Varianten auf Basis aktualisierter Definitionen der Viruslinien nach Pangolin vorgenommen. Die aktuellen Änderungen in der Pangolin Software führen zu teils größeren Unterschieden in den absoluten und relativen Anteilen relevanter Viruslinien, durch Neuklassifizierungen von Genomsequenzen, auch für zurückliegenden Kalenderwochen. Aufgrund des Auftretens neuer Mutationen und Mutationsprofile in SARS-COV-2, unterliegt auch die Definition der Viruslinien nach Pangolin kontinuierlicher Anpassung. Das kann unter anderem dazu führen, dass Genomsequenzen neu klassifiziert und z.B. einer neuen Unterlinie zugeordnet werden. Das begründet die verringerten Sequenzzahlen für einige Varianten, auch VOCs wie B.1.351 in diesem Bericht. Diese neuen Unterlinien werden jedoch nicht direkt als VOC deklariert. Für die Erstellung dieses Berichtes wurde die Version 3 der Pangolin Software genutzt, die u.a. verbesserte Modelle für zahlreiche Viruslinien zur Verfügung stellt. Um die Vergleichbarkeit der Angaben innerhalb der einzelnen Berichte zu gewährleisten, erfolgt für alle berücksichtigten Genomsequenzen, auch denen aus früheren Berichtswochen, eine erneute, einheitliche Variantenzuordnung.

Davon unabhängig unterliegt die Übermittlung der Genomsequenzen an das RKI prozessbedingten Verzögerungen. So müssen die Proben den sequenzierenden Laboren zugesandt und dort sequenziert werden, bevor die Genomsequenzen erstellt und im Anschluss an das RKI übermittelt werden können. Deshalb können sich auch Zahlen zu bereits berichteten Kalenderwochen nachträglich ändern, wenn es zu zahlreichen „Nachmeldungen“ für den jeweiligen Zeitraum kommt. In dieser Woche führen Nachmeldungen zu einer deutlichen Erhöhung des Anteils der VOC B.1.617.2 rückwirkend für KW20/21.

Für die Analyse des Vorkommens von SARS-CoV-2-Virusvarianten liegen dem RKI Informationen zu insgesamt 180.370 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen aus dem Jahr 2021 vor (Datenstand, 07.06.2021, 0:00Uhr). 69.527 wurden innerhalb einer **Stichprobe** (ohne vorliegenden labordiagnostischen Verdacht auf eine VOC analysiert oder bekannter Zuordnung zu Geschehen wie z.B. Ausbrüche oder Studien) untersucht. Von dieser Stichprobe stammen 961 Sequenzen aus dem Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 (IMSSC2-Netzwerk) des RKI, während 68,566 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 mehrere Tage; die bisher verfügbaren Genomsequenzen aus KW 22/2021 werden nicht für die Analyse der Anteile der VOC und VOI verwendet, da mit zahlreichen Nachmeldungen gerechnet werden muss. Wie in Tabelle 3 aufgelistet, stieg der Anteil der VOC B.1.1.7 in den ersten Kalenderwochen 2021 kontinuierlich an und liegt seit KW 13/2021 zwischen 87 - 94%. **In KW 21/2021 lag der Anteil von B.1.1.7 bei 93,6%.** Darin enthalten sind **vier B.1.1.7 positive Proben, die die Mutation E484K und zwei Proben, die die Mutation E484Q aufweisen.**

Für VOC B.1.351 wurden für KW 21/2021 ein Anteil von 0,4% festgestellt. Die VOC P.1 hat ebenfalls einen sehr geringen Anteil von 0,1%, der Anteil der VOC B.1.617.2 liegt bei 2,5%, hier ist anzumerken, dass wie zu Tabelle 3 angemerkt, der Anteil der VOC B.1.617.2 nachträglich für KW20/2021 auf 3,1% berechnet wurde. Da wie in den Vorwochen auch für den aktuellen Zeitraum mit Nachmeldungen gerechnet wird, können sich die Anteile der Variante, wie schon in vorherigen Berichten, nachträglich ändern (siehe Vorbemerkung).

Tabelle 3 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. Die Zahlen und Anteil wurden für den vorliegend Bericht auf Basis der neuen Pangolin Version 3 neu berechnet. Neben den üblichen Nachmeldungen, kam es dadurch zu weiteren Veränderungen gegenüber früheren Berichten.

KW 2021	B.1.1.7		B.1.351		B.1.617.2		P.1	
	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)
01-21	45.821	65,9	830	1,2	415	0,6	107	0,2
01	5	2,2	0	0	0	0	0	0
02	52	8,5	7	1,1	0	0	0	0
03	97	5,5	12	0,7	0	0	0	0
04	284	10,5	13	0,5	0	0	0	0
05	553	17,8	24	0,8	0	0	0	0
06	711	21	19	0,6	0	0	1	0
07	1.201	32,6	19	0,5	0	0	1	0
08	1.890	44,1	35	0,8	0	0	1	0
09	1.959	52,6	68	1,8	0	0	2	0,1
10	2.498	64,5	72	1,9	0	0	0	0
11	3.049	74,1	49	1,2	0	0	4	0,1
12	2.921	79,9	53	1,4	1	0	0	0
13	3.286	86,9	48	1,3	0	0	7	0,2
14	3.500	88,2	71	1,8	2	0,1	2	0,1
15	3.969	88,9	82	1,8	5	0,1	10	0,2
16	4.412	90,8	42	0,9	31	0,6	9	0,2
17	3.511	90	28	0,7	55	1,4	21	0,5
18	4.257	87,1	118	2,4	86	1,8	18	0,4
19	3.261	88,5	39	1,1	93	2,5	6	0,2
20	3.119	90,2	25	0,7	108	3,1	23	0,7
21	1.286	93,6	6	0,4	34	2,5	2	0,1

Neben den besorgniserregenden Varianten, den VOC, gibt es 11 unter Beobachtung stehende Varianten, sogenannte *variants of interest (VOI)*. Tabelle 4 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.

Tabelle 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 (nicht gezeigt) machen die anderen VOC und die VOI nur einen relativ geringen

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

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.

Tabelle 4: 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 08.06.2021). Die Fallzahlen wurden für den vorliegenden Bericht auf Basis der neuen Pangolin Version 3 neu berechnet. Neben den üblichen Nachmeldungen, kam es dadurch zu weiteren Veränderungen gegenüber früheren Berichten (siehe Vorbemerkung).

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	P2	P3
01-21	12	231	484	4	6	486	8	71	22	10	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	3	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	63	0	1	53	0	5	4	0	0
16	0	7	71	0	0	41	0	11	2	0	0
17	0	5	39	0	0	30	4	17	0	0	0
18	0	3	65	0	0	60	1	18	6	0	0
19	0	4	81	0	0	27	0	3	3	0	0
20	0	2	24	0	1	12	0	8	4	0	0
21	0	1	11	0	0	3	1	0	2	0	0

Insgesamt (Stichprobe + Verdachtsproben) wurden seit KW01/2021 von den 180.370 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen sequenziert und an das RKI übermittelt. Rein rechnerisch ergibt sich aus der Zahl verfügbarer Genomsequenzen und bekannter laborbestätigter Infektionen für die KW 21/2021 in Deutschland ein **Anteil sequenzierter Proben (Gesamtgenomsequenzierung) an SARS-CoV-2-positiv getesteten Proben von 12%**. Seit KW20 liegt mit <70.000 COVID-Fällen pro Woche der zu Sequenzierende Anteil nach CorSurV bei 10%. 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 20/2021 steigerten den Anteil nachträglich auf ca. 14%. Abbildung 3 zeigt den Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen seit KW01/2021 bis KW21/2021.

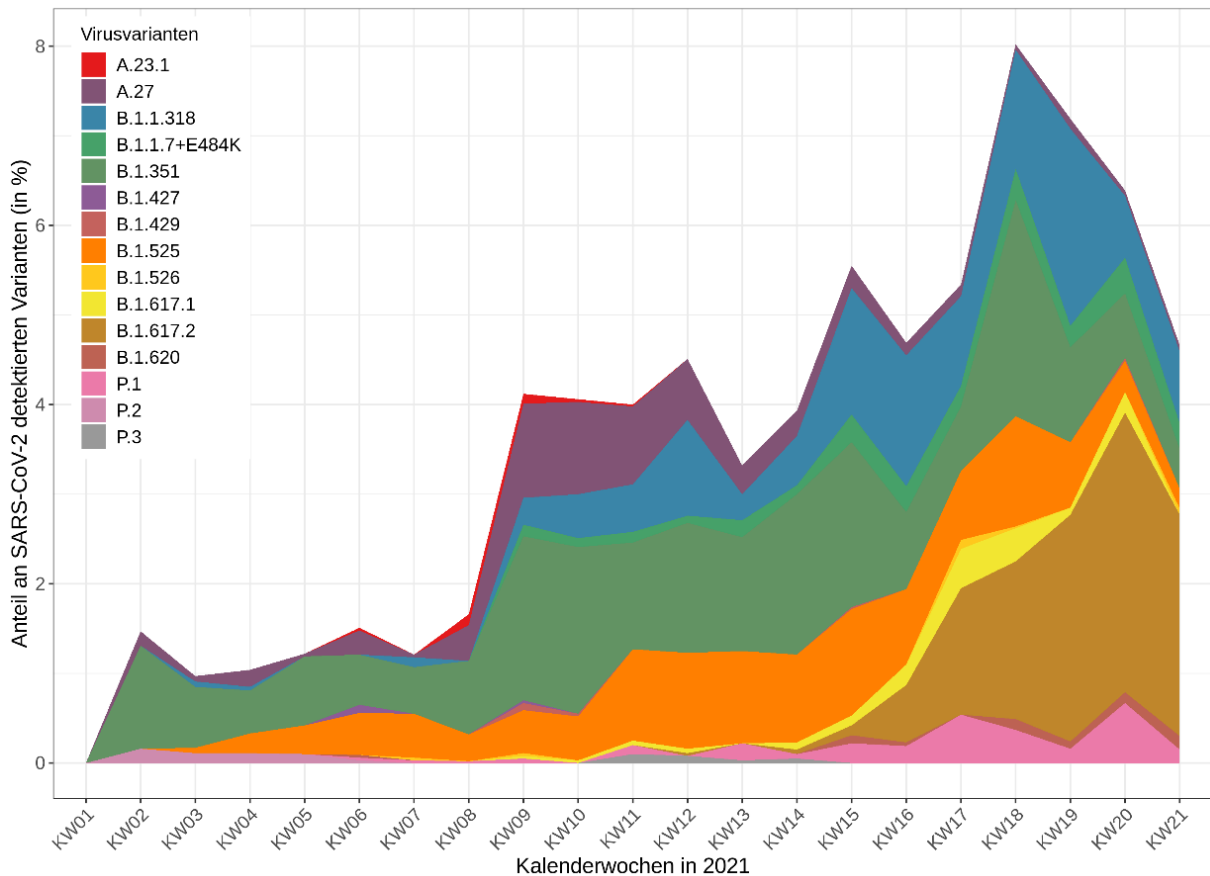


Abbildung 2: zeigt die prozentualen Anteile der VOC (bezogen auf sequenzierten Anteilen aus Tabelle 3) und VOI (s. Tabelle 4) ohne B.1.1.7, an allen im Rahmen der zufälligen Auswahl sequenzierten Proben (Stichprobe).

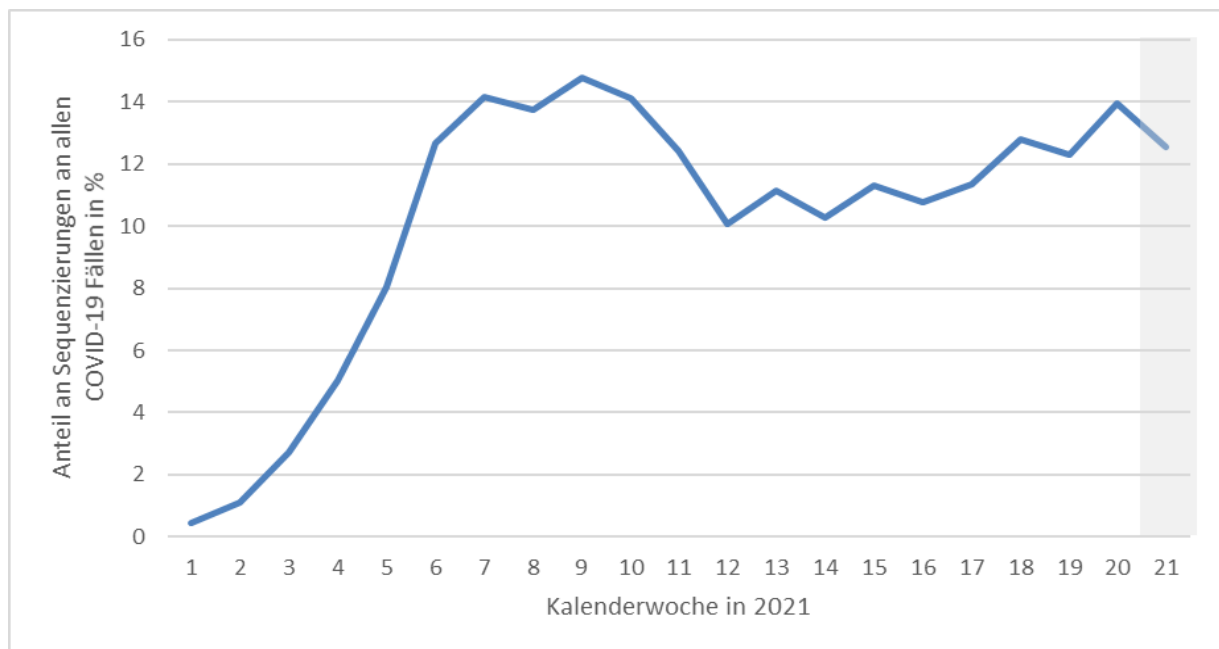


Abbildung 3: Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen an COVID-19 Fällen. Die Abbildung zeigt den Anteil der erfolgreich durchgeführten und übermittelten Gesamtgenomsequenzierungen an der Anzahl der in der jeweiligen KW gemäß IfSG an das RKI gemeldeten COVID-19 Fällen. Für den grau markierten Bereich ist 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 **KW22/2021** wurden dem RKI insgesamt **18.595 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 16.830 positiv. **Insgesamt ist den übermittelten Daten ein weiterhin sehr hoher Anteil von VOC pro KW zu entnehmen**, siehe Tabelle 5.

Tabelle 5: 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	Anzahl VOC	Anteil VOC	B.1.1.7		B.1.351		P.1		B.1.617	
				Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
02	2	1	2,0%	1	2,0%	0	0,0%	0	0,0%		
03	17	122	3,6%	122	3,6%	0	0,0%	0	0,0%		
04	36	1.537	5,0%	1.441	4,7%	95	0,3%	1	0,0%		
05	56	2.105	7,8%	1.931	7,2%	174	0,6%	0	0,0%		
06	59	6.380	18,8%	5.978	17,6%	385	1,1%	17	0,1%		
07	69	7.935	26,7%	7.698	25,9%	210	0,7%	27	0,1%		
08	83	18.763	41,2%	18.224	40,0%	502	1,1%	37	0,1%		
09	106	20.081	55,5%	19.687	54,4%	379	1,0%	15	0,0%	0	0,0%
10	123	36.776	64,5%	36.224	63,6%	540	0,9%	12	0,0%	0	0,0%
11	142	45.209	72,3%	44.580	71,3%	604	1,0%	25	0,0%	0	0,0%
12	130	69.874	79,4%	69.057	78,5%	759	0,9%	58	0,1%	0	0,0%
13	134	62.965	83,3%	62.318	82,4%	589	0,8%	58	0,1%	0	0,0%
14	135	67.330	86,2%	66.585	85,2%	705	0,9%	40	0,1%	0	0,0%
15	141	97.729	90,2%	96.855	89,4%	821	0,8%	53	0,0%	0	0,0%
16	141	90.795	91,5%	89.999	90,7%	719	0,7%	71	0,1%	6	0,0%
17	141	78.377	90,4%	77.727	89,7%	561	0,6%	62	0,1%	28	0,0%
18	140	70.310	92,0%	69.580	91,1%	544	0,7%	111	0,1%	49	0,1%
19	140	49.878	91,7%	49.410	90,9%	334	0,6%	73	0,1%	61	0,1%
20	139	39.894	90,9%	39.431	89,8%	237	0,5%	132	0,3%	94	0,2%
21	133	22.140	90,7%	21.663	88,8%	196	0,8%	56	0,2%	225	0,9%
22	126	16.830	90,5%	16.300	87,7%	88	0,5%	65	0,3%	377	2,0%

In der Erhebung betrug der Anteil von Proben der VOC B.1.1.7 in KW 22/2021 88%, und blieb damit konstant gegenüber der Vorwoche. Die Anteile der VOC B.1.351 (0,5%) und P.1 (0,3%) blieben konstant auf sehr niedrigem Niveau. Mit KW22 wird auch die VOC B.1.617 aufgeführt. Es ist anzumerken, dass eine Differenzierung zwischen den Subvarianten B.1.617.1, B.1.617.2 und B.1.617.3 mittels PCR nicht bei allen Laboren möglich ist, weswegen hier alle drei Subvarianten zusammen betrachtet werden. Aus der Genomsequenzierung (siehe Tabelle 4) ist erkennbar, dass die Subvarianten B.1.617.1 und B.1.617.3 seit Mai 2021 nur selten in Deutschland vorkommen. **Der Anteil der Varianten aus der Gruppe B.1.617 liegt bei 2,0%.** Es ist wichtig anzumerken, dass diese Zahlen Verzerrungen unterliegen, da z. B. nicht alle testenden Labore in Deutschland an der Abfrage teilnehmen.

3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG)

Mit Stand 08.06.2021 (0:00Uhr) wurden dem RKI **687.341 SARS-CoV-2-Nachweise der VOC B.1.1.7, 6.219 Nachweise der VOC B.1.315, 929 Nachweise für P.1 und 766 Nachweise der VOC b.1.617.2** für die Meldewochen (MW) 01-22/2021 in Deutschland übermittelt (darin enthalten sind sowohl PCR-basierte Verdachtsfälle als auch Nachweise mittels Teil- und Gesamtgenomsequenzierung). In Tabelle 6 sind die Fälle verschiedener VOCs nach Bundesländern für MW 01-22/2021 aufgeführt. Die übermittelten Informationen (Anzahl und Anteile) zu den VOC B.1.1.7 und B.1.351 sind einzeln für alle Bundesländer in Tabelle 7 und Tabelle 8 dargestellt. Zusätzlich werden in Tabelle 9 und Tabelle 10 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 7 bis Tabelle 10 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 Laborergebnisse 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.

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.

Tabelle 6: Dargestellt sind die COVID-19-Fälle, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist (n= 752.400), für die Meldewoche 01-22/2021, 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	27.925	102.389	529	722	76	147	62	67	6.888
Bayern	6.831	127.812	317	761	110	122	77	42	14.788
Berlin	1.520	25.215	62	224	11	6	53	28	1.209
Brandenburg	1.847	17.819	29	148	2	6	5	20	851
Bremen	833	5.223	11	9	2	0	7	0	379
Hamburg	2.004	8.637	25	22	9	9	12	3	671
Hessen	3.999	39.013	71	409	11	15	31	38	2.508
Mecklenburg-Vorpommern	581	7.986	22	21	85	137	0	1	1.171
Niedersachsen	2.359	41.181	8	86	0	17	11	25	3.041
Nordrhein-Westfalen	16.448	152.593	249	1.289	21	89	83	105	4.527
Rheinland-Pfalz	3.914	22.638	110	162	21	14	11	31	1.865
Saarland	1.083	4.611	74	458	0	1	1	8	228
Sachsen	4.643	20.429	29	161	2	4	13	6	14.689
Sachsen-Anhalt	2.573	9.482	26	120	1	3	8	5	1.810
Schleswig-Holstein	999	7.595	1	22	5	2	8	3	1.184
Thüringen	4.267	12.892	18	24	0	1	2	0	1.336
Summe	81.826	605.515	1.581	4.638	356	573	384	382	57.145

Tabelle 7: 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 19-22/2021 (Datenstand 08.06.2021, 0:00 Uhr).

Meldewoche	19		20		21		22	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	97%	8.667	96%	6.568	95%	3.384	94%	1.701
Bayern	92%	7.111	91%	4.924	93%	3.061	92%	1.795
Berlin	95%	1.185	92%	921	89%	510	92%	307
Brandenburg	94%	906	94%	698	94%	259	87%	106
Bremen	97%	243	97%	194	100%	111	100%	69
Hamburg	97%	372	97%	261	92%	144	99%	78
Hessen	97%	2.228	96%	1.639	95%	845	95%	561
Mecklenburg-Vorpommern	69%	279	61%	148	95%	52	44%	20
Niedersachsen	95%	1.858	95%	1.418	95%	758	93%	358
Nordrhein-Westfalen	98%	9.967	98%	6.875	97%	3.953	97%	2.064
Rheinland-Pfalz	96%	1.170	94%	883	92%	397	98%	235
Saarland	92%	316	92%	232	88%	106	94%	58
Sachsen	64%	1.426	67%	979	66%	451	54%	191
Sachsen-Anhalt	89%	667	89%	447	88%	211	79%	91
Schleswig-Holstein	92%	291	92%	245	89%	140	73%	56
Thüringen	89%	872	91%	742	91%	308	94%	130
Gesamt	93%	37.558	93%	27.174	93%	14.690	92%	7.820

Tabelle 8: 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 19-22/2021 (Datenstand 08.06.2021).

Meldewoche	19		20		21		22	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,2%	16	0,3%	20	0,3%	9	0,1%	1
Bayern	0,4%	28	0,4%	20	0,6%	20	1,0%	20
Berlin	0,2%	3	0,1%	1	0,2%	1	0,3%	1
Brandenburg	0,5%	5	0,9%	7	0,4%	1	2,5%	3
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Hamburg	0,8%	3	0,0%	0	2,6%	4	0,0%	0
Hessen	0,2%	5	0,0%	0	1,7%	15	2,0%	12
Mecklenburg-Vorpommern	0,6%	2	0,4%	1	0,0%	0	0,0%	0
Niedersachsen	0,2%	4	0,2%	3	0,4%	3	1,0%	4
Nordrhein-Westfalen	0,3%	32	0,2%	16	0,4%	15	0,2%	5
Rheinland-Pfalz	0,6%	7	0,1%	1	0,7%	3	0,0%	0
Saarland	1,8%	6	4,0%	10	3,3%	4	3,2%	2
Sachsen	0,1%	2	0,2%	3	0,0%	0	0,0%	0
Sachsen-Anhalt	0,3%	2	0,2%	1	0,0%	0	0,9%	1
Schleswig-Holstein	1,0%	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Thüringen	0,3%	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Gesamt	0,3%	121	0,3%	83	0,5%	75	0,6%	49

Tabelle 9: 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 19-22/2021 (Datenstand 08.06.2021).

Meldewoche	19		20		21		22	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,2%	22	0,5%	33	0,1%	4	0,2%	4
Bayern	0,1%	7	0,3%	14	0,3%	9	0,3%	5
Berlin	0,4%	5	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Brandenburg	0,1%	1	0,1%	1	2,2%	6	0,0%	0
Bremen	0,0%	0	1,0%	2	0,0%	0	0,0%	0
Hamburg	0,3%	1	1,5%	4	0,0%	0	0,0%	0
Hessen	0,1%	2	0,1%	1	0,1%	1	0,0%	0
Mecklenburg-Vorpommern	6,3%	21	5,3%	13	3,6%	2	4,4%	2
Niedersachsen	0,0%	0	0,0%	0	0,2%	2	0,3%	1
Nordrhein-Westfalen	0,0%	5	0,1%	9	0,1%	4	0,1%	2
Rheinland-Pfalz	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Saarland	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Sachsen	0,0%	0	0,2%	3	0,1%	1	0,3%	1
Sachsen-Anhalt	0,0%	0	0,2%	1	0,0%	0	0,0%	0
Schleswig-Holstein	0,0%	0	0,4%	1	0,0%	0	0,0%	0
Thüringen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Gesamt	0,2%	64	0,3%	82	0,2%	29	0,2%	15

Tabelle 10: 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 19-22/2021 (Datenstand 08.06.2021).

Meldewoche	19		20		21		22	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,2%	18	0,3%	21	1,1%	40	0,7%	13
Bayern	0,3%	23	0,7%	35	0,4%	13	0,1%	2
Berlin	0,9%	11	1,4%	14	1,2%	7	2,4%	8
Brandenburg	0,1%	1	0,5%	4	3,2%	9	4,9%	6
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Hamburg	0,3%	1	0,4%	1	2,6%	4	0,0%	0
Hessen	0,3%	7	1,2%	20	1,2%	11	1,9%	11
Mecklenburg-Vorpommern	0,0%	0	0,4%	1	0,0%	0	0,0%	0
Niedersachsen	0,8%	17	0,9%	13	0,0%	0	0,0%	0
Nordrhein-Westfalen	0,4%	39	0,7%	47	1,0%	41	0,5%	10
Rheinland-Pfalz	1,2%	15	1,5%	14	2,1%	9	0,4%	1
Saarland	0,9%	3	0,0%	0	4,2%	5	0,0%	0
Sachsen	0,1%	3	0,1%	1	0,6%	4	0,9%	3
Sachsen-Anhalt	0,0%	0	0,2%	1	2,9%	7	2,6%	3
Schleswig-Holstein	0,6%	2	1,1%	3	1,3%	2	0,0%	0
Thüringen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Gesamtergebnis	0,4%	140	0,6%	175	1,0%	152	0,7%	57

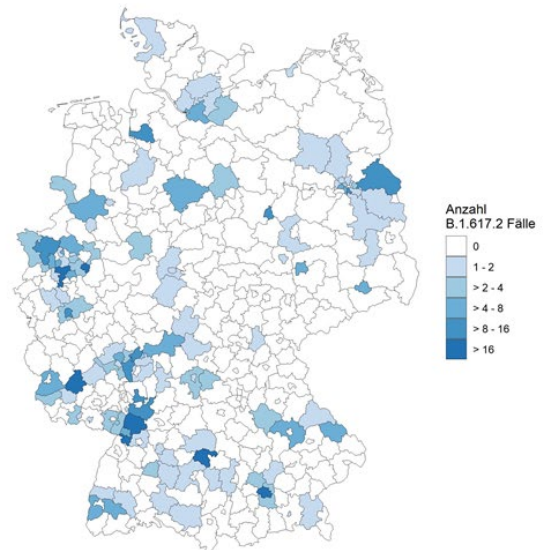
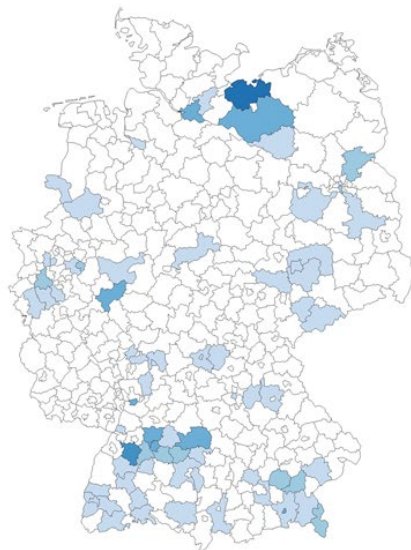
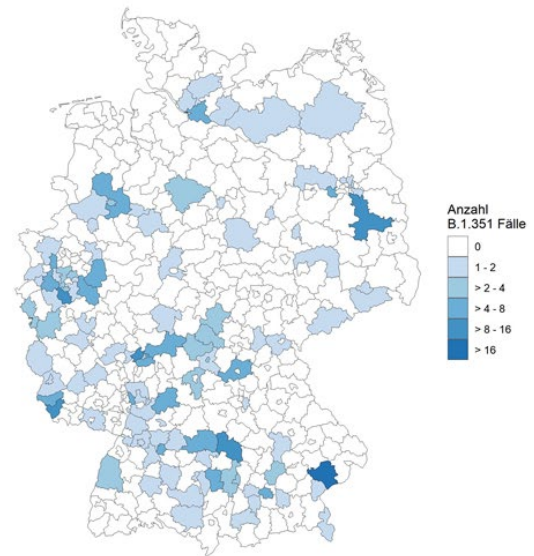
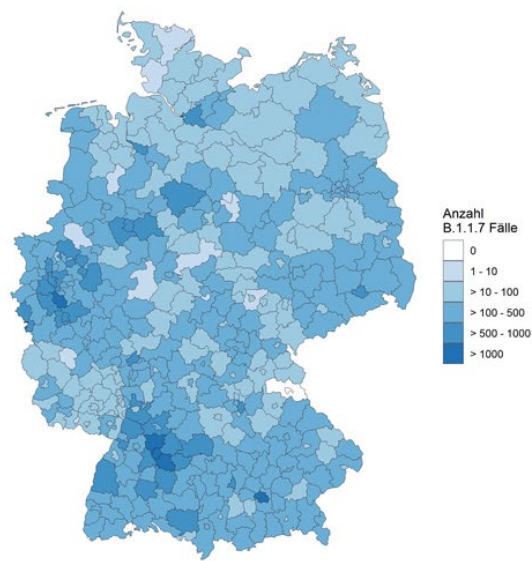


Abbildung 4: Die Karten stellen für jede der vier VOC (v.l.o.n.r.u. B.1.1.7, B.1.351, P.1, B.1.617.2) die Anzahl der gemeldeten Fälle (Verdachtsfälle oder Nachweise) pro Landkreis, die zwischen KW19-22/2021 an das RKI übermittelt wurden (Datenstand: 08.06.2021). Wichtig ist zu beachten, dass für B.1.1.7 (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 beträgt nur 3%, wobei die Variante **B.1.617.2 (Delta)** in **KW 21/2021 insgesamt einen Anteil von 2,5% hat. B.1.1.7 (Alpha) ist auch in KW21/2021 die dominierende SARS-CoV-2 Variante in Deutschland.**

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 1,3% in KW21/2021. In der **RKI-Testzahlerfassung** für KW 22/2021 beträgt der Anteil von B.1.1.7 88%. Die **Informationen aus dem Meldesystem gemäß IfSG** zeigen nach Umstellung der Berechnung einen vergleichbar hohen Anteil der VOC B.1.1.7 (KW21/2021:93%, KW22/2021:92%). **Für die VOC B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) zeigte sich in den letzten Wochen ein konstanter Anteil von 0,3-2,4% für B.1.351 und 0,2-0,7% für P.1 in allen Erhebungen. Der Anteil der VOC B.1.617.2 nimmt in allen Erhebungen zu und liegt zwischen 0,4-3,1%**

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.