



Stand: 16. 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 (<i>nicht aktualisiert</i>).....	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*) Alpha (B.1.1.7) , Beta (B.1.351), Gamma(P.1) und Delta (B.1.617.2). 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.

Wie verbreiten sich die Varianten aktuell?

Die Variante Alpha (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, zuerst jede Woche erhöht und stagniert jetzt seit einigen Wochen auf hohem Niveau. In Deutschland ist keine starke Ausbreitung der Varianten Beta (B.1.351) und Gamma (P.1) zu beobachten, ihr Anteil war in den letzten Wochen konstant niedrig (<1%). Die Variante Delta (B.1.617.2) wurde bisher in > 6% der Proben nachgewiesen, ihr Anteil stieg in den letzten Wochen deutlich 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 **Anteil von <1% für die VOC B.1.351 (Beta) und P.1. (Gamma), 6% für B.1.617.2 (Delta) und 86% für die VOC B.1.1.7 (Alpha) in SARS-CoV-2-Genomen in KW22/2021 in den Stichproben.**
2. *[Nicht aktualisiert]* 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 Fällen für die Informationen zur Bestimmung der Variante, d.h. diagnostischen Verdacht auf oder Nachweis der VOC vorlagen, lag der **Anteil von B.1.315 (Beta) und P.1. (Gamma) bei je 0,5%**, **B.1.617.2 (Delta) bei 3,2%** und **B.1.1.7 (Alpha) bei 90%** in **KW23/2021.**

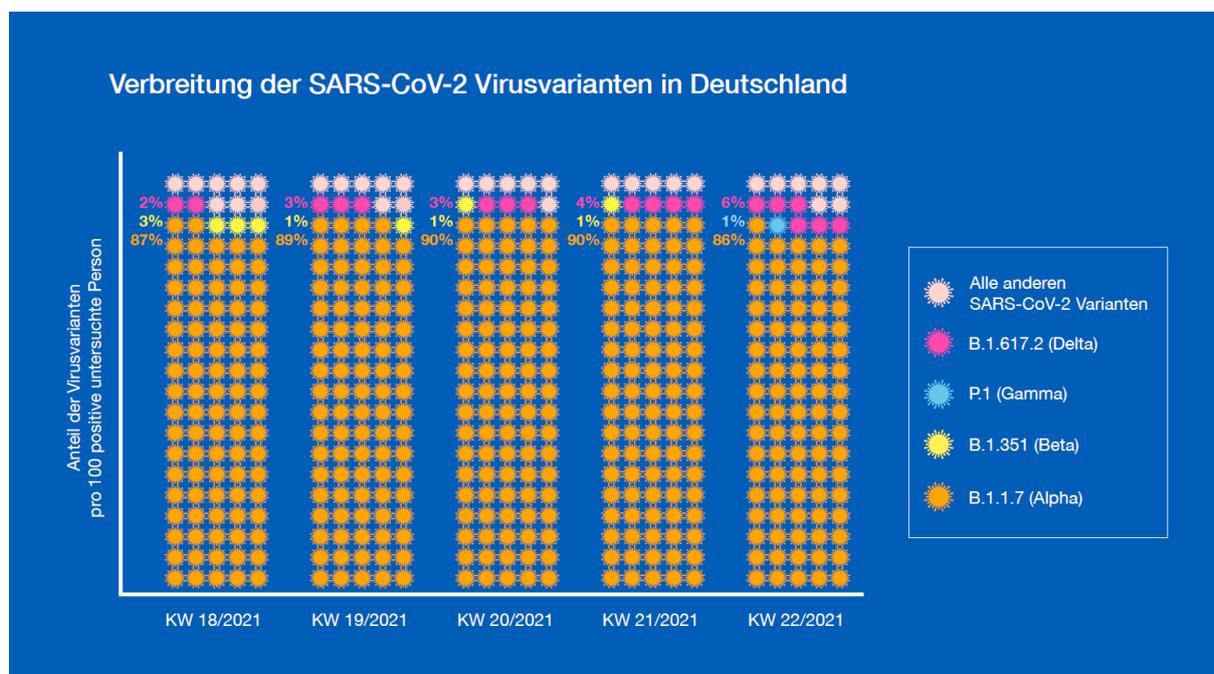


Abbildung 1 illustriert den relativen Anteil der untersuchten positiven Proben, in denen besorgniserregende SARS-CoV-2-Virusvarianten und andere Varianten nachgewiesen wurden. Die Darstellung basiert auf Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung.

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. [nicht aktualisiert] 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 Bundesstaaten und wurde bereits in Großbritannien ebenso wie in Deutschland 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. Darüber hinaus werden die Aminosäureaustausche L452R und P681R mit einer eventuell erhöhten Übertragbarkeit in Verbindung gebracht. 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, aber auch bei Infektionen mit B.1.617.2 nach vollständiger Impfung ein hoher Schutz gegen schwere Verläufe besteht. Weitere vorläufige Ergebnisse aus England zur Übertragbarkeit von B.1.617.2 deuten darauf hin, dass diese Variante 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 NEU	Alternative Bezeichner/ Klassifizierungen	Erstmalig nachgewiesen	Mutationen im Spike Protein
VOC	B.1.1.7	Alpha	VOC202012/01, GRY, 20I/S:501Y.V1	GB Sep 2020	del69/70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H
VOC	B.1.351	Beta	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	Gamma	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	Delta	VOC202104/01, G/452R.V3, 21A/S:478K	IND 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.

¹ https://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 vier VOCs auch separat die neu eingeführte Nomenklatur der WHO, auf Basis griechischer Buchstaben. In diesem Bericht wird für die Bezeichnung der Varianten nur die Pangolin-Nomenklatur (z.B. „B.1.1.7“) 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). Neben den von der WHO als VOI eingestuften 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. Der Gesamtanteil der unter Beobachtung stehenden Varianten lag in KW22/2021 bei 3,6%.

Tabelle 2: Übersicht über die aktuell unter Beobachtung stehenden SARS-CoV-2-Varianten – VOI (variant of interest, nach WHO) und VOI-D (in Deutschland unter Beobachtung stehend).

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 (CorSurV³) 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 beschrieben 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.

Für die Analyse des Vorkommens von SARS-CoV-2-Virusvarianten liegen dem RKI Informationen zu insgesamt 185.629 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen aus dem Jahr 2021 vor (Datenstand, 14.06.2021, 0:00Uhr). 72.002 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 979 Sequenzen aus dem *Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 (IMSSC2-Netzwerk)* des RKI, während 71.023 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 23/2021 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 auf 91% in KW16/2021, seit KW 21/2021 geht er zurück. **In KW 22/2021 verringerte sich der Anteil von B.1.1.7 wie in der Vorwoche leicht und lag bei 86,4%.** Darin enthalten sind **28 B.1.1.7 positive Proben (2,7%), die die Mutation E484K und eine Probe (0,1%), die die Mutation E484Q aufweist.**

Auch der Anteil der VOC B.1.351 verringerte sich weiter auf 0,2% in KW 22/2021. Die VOC P.1 hat ebenfalls einen sehr geringen Anteil von 0,6%. Der Anteil der VOC B.1.617.2 steigt kontinuierlich weiter und liegt für die KW 22/2021 bei 6,2%. Das entspricht nahezu einer Verdopplung des Anteils seit KW 20/2021. Eine seit Kurzem vielfach in Großbritannien detektierte Form der VOC B.1.617.2, die zusätzlich die Mutation K417N aufweist, wurde bisher nicht in Deutschland detektiert. Gleiches gilt für die VOC B.1.617.2 mit zusätzlicher Deletion del/Y144 im Spike Protein.

Es ist wie schon in vorherigen Berichten zu beachten, dass der Anteil der VOC B.1.617.2 durch Nachmeldungen gestiegen ist, für KW21/2021 von 2,5 auf 3,7% (siehe Tabelle 1). Da wie in den Vorwochen auch für den aktuellen Zeitraum mit Nachmeldungen gerechnet wird, können sich die Anteile der Variante, auch weiterhin nachträglich ändern (siehe Vorbemerkung).

³ https://www.bundesgesundheitsministerium.de/fileadmin/Dateien/3_Downloads/C/Coronavirus/Verordnungen/CorSurV_BAnz_AT_19.01.2021_V2.pdf

⁴ <https://www.bundesanzeiger.de/pub/publication/PL66v7qmljQmve8nTDt/content/PL66v7qmljQmve8nTDt/BAnz%20AT%2010.06.2021%20V1.pdf>

Tabelle 3 zeigt den Anteil sequenzierter VOC B.1.1.7, B.1.351, P.1 sowie B.1.617.2 in der Menge der zufällig für die Sequenzierung ausgewählten Proben (Stichprobe) für das bisherige Jahr 2021 aufgeteilt nach Kalenderwochen. Die Zahlen und Anteile basieren auf Linienzuweisungen, die wöchentlich für den gesamten Berichtszeitraum auf Basis der jeweils aktuellen Pangolin Version neu berechnet werden. Neben den üblichen Nachmeldungen, kam es dadurch zu weiteren Veränderungen gegenüber vorherigen Berichten.

KW 2021	B.1.1.7		B.1.351		P.1		B.1.617.2	
	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anteil (%)
01-2122	47.904	66,5	860	1,2	65	0,1	552	0,8
01	5	2,2	0	0,0	0	0	0	0
02	52	8,5	7	1,1	0	0	0	0
03	96	5,4	12	0,7	0	0	0	0
04	285	10,6	13	0,5	0	0	0	0
05	557	17,9	24	0,8	0	0	0	0
06	712	21	19	0,6	1	0	0	0
07	1.201	32,6	19	0,5	1	0	0	0
08	1.887	44	35	0,8	0	0	0	0
09	1.926	51,7	68	1,8	1	0	0	0
10	2.495	64,5	72	1,9	0	0	0	0
11	3.051	74,1	50	1,2	3	0,1	0	0
12	2.923	79,9	53	1,4	0	0	1	0
13	3.286	86,9	48	1,3	6	0,2	0	0
14	3.498	88	71	1,8	2	0,1	2	0,1
15	3.977	88,8	83	1,9	6	0,1	6	0,1
16	4.420	90,7	44	0,9	4	0,1	32	0,7
17	3.518	90	30	0,8	4	0,1	55	1,4
18	4.271	87	124	2,5	10	0,2	86	1,8
19	3.303	88,5	45	1,2	3	0,1	92	2,5
20	3.241	90,1	26	0,7	11	0,3	114	3,2
21	2.148	89,9	15	0,6	6	0,3	89	3,7
22	1.052	86,4	2	0,2	7	0,6	75	6,2

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 zu den Virusvarianten sind auf der Internetseite des RKI unter virologischen Basisdaten⁵ zu finden. 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 (nicht gezeigt) machen die anderen VOC und die VOI einen zunehmenden Anteil, insgesamt ca. 11,5% 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.

⁵https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virologische_Basisdaten_Uebersichtstabelle.pdf

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 wurde (Datenstand 14.06.2021). Die Fallzahlen wurden für den vorliegenden Bericht auf Basis der neuen Pangolin Version 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	P.2	P.3
01-22	12	238	540	4	9	525	85	105	26	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	1	1	0	0	0	2	0
04	0	5	1	0	1	6	0	0	0	3	0
05	0	1	0	0	1	9	0	0	0	3	0
06	1	10	2	3	0	16	0	0	0	1	0
07	0	1	4	0	0	17	1	0	0	0	0
08	5	17	0	0	0	14	0	0	2	0	0
09	4	39	12	1	3	19	1	5	0	0	0
10	1	41	19	0	1	19	1	2	0	0	0
11	1	37	21	0	0	41	12	4	1	0	4
12	0	25	44	0	0	40	8	2	0	0	3
13	0	12	16	0	0	39	8	3	1	0	1
14	0	12	23	0	0	39	11	2	0	0	2
15	0	11	68	0	1	54	12	7	4	0	0
16	0	9	77	0	0	47	6	12	2	0	0
17	0	6	37	0	0	36	5	21	0	0	0
18	0	3	67	0	0	71	11	28	6	0	0
19	0	4	86	0	0	28	3	6	3	0	0
20	0	2	28	0	1	14	1	9	4	0	0
21	0	1	19	0	0	5	1	1	2	0	0
22	0	0	15	0	0	10	4	3	1	0	0

Insgesamt (Stichprobe + Verdachtsproben) wurden seit KW01/2021 von den 185.629 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 22/2021** in Deutschland ein **Anteil sequenzierter Proben (Gesamtgenomsequenzierung) an SARS-CoV-2-positiv getesteten Proben von 14%**. 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 21/2021 steigerten den Anteil nachträglich auf ca. 17%. Abbildung 3 zeigt den Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen seit KW01/2021 bis KW22/2021.

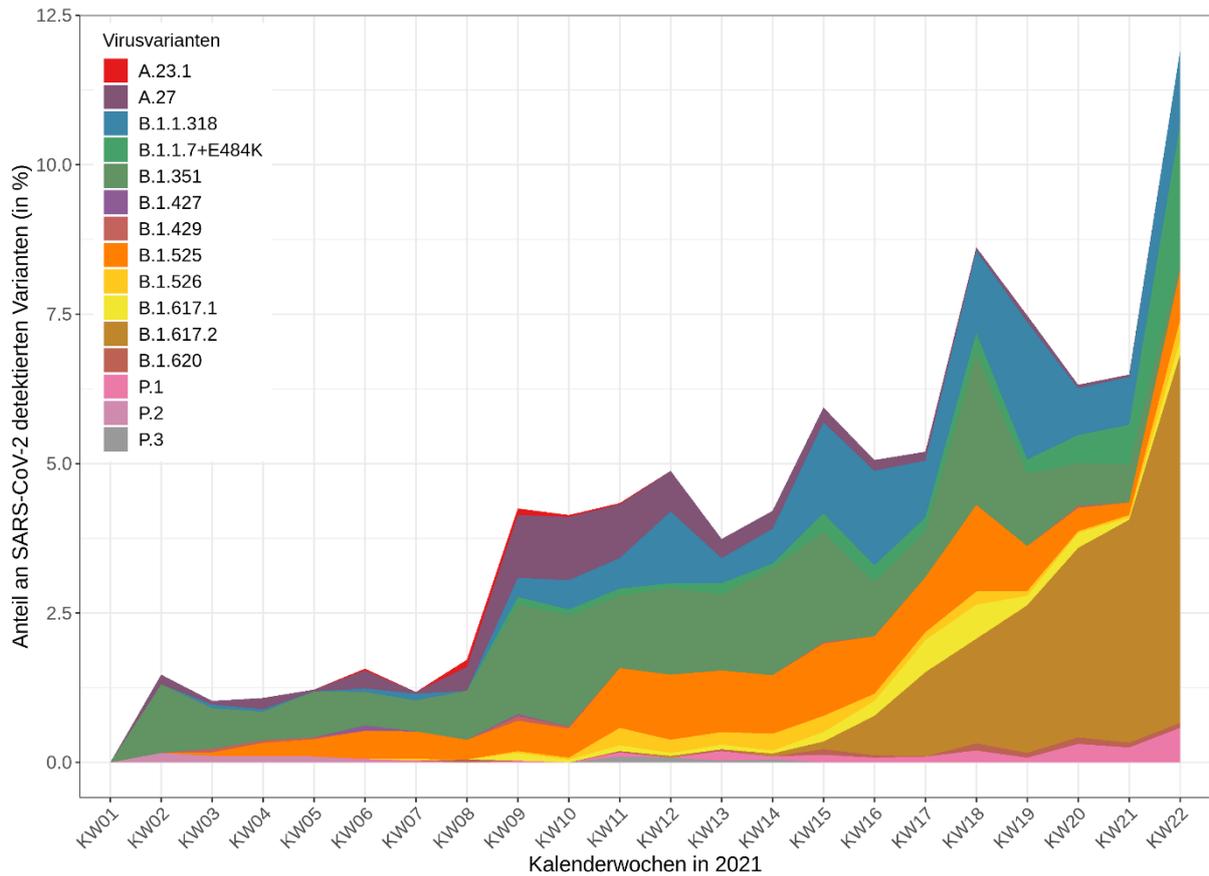


Abbildung 2: zeigt die prozentualen Anteile der VOC (bezogen auf sequenzierten Anteilen aus Tabelle 3) und VOI (s. Tabelle 4) ohne B.1.1.7, an allen im Rahmen der zufälligen Auswahl sequenzierten Proben (Stichprobe).

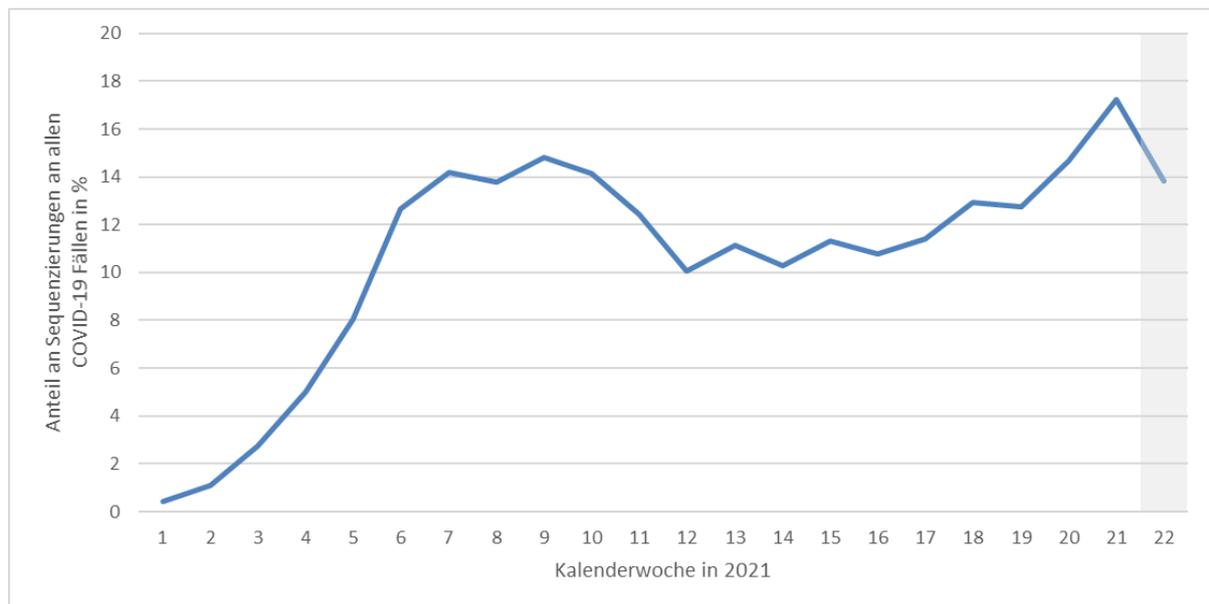


Abbildung 3: Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen an COVID-19 Fällen. Die Abbildung zeigt den Anteil der erfolgreich durchgeführten und übermittelten Gesamtgenomsequenzierungen an der Anzahl der in der jeweiligen KW gemäß IfSG an das RKI gemeldeten COVID-19 Fällen. Für den grau markierten Bereich ist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

2. RKI-Testzahlerfassung (nicht aktualisiert)

Anmerkung: Für die Kalenderwoche 23/2021 liegen keine Daten aus der RKI-Testzahlerfassung vor. 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 15.06.2021 (0:00Uhr) wurden dem RKI 697.099 SARS-CoV-2-Meldungen der VOC B.1.1.7, 6.329 Meldungen der VOC B.1.315, 993 Meldungen für P.1 und 1.305 Meldungen der VOC B.1.617.2 für die Meldewochen (MW) 01-23/2021 in Deutschland übermittelt. Die eingeschlossenen Meldungen enthalten sowohl PCR-basierte Verdachtsfälle als auch Nachweise mittels Teil- und Gesamtgenomsequenzierung. In Tabelle 6 sind die Fälle verschiedener VOCs nach Bundesländern für MW 01-23/2021 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 Nachweise mittels Punktmutationsanalysen von B.1.617.2 und B.1.617 zusammengefasst.

Im Gegensatz zu Berichten bis einschließlich KW16/2021 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 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.

Abbildung 4 illustriert die übermittelten Meldefälle zu den einzelnen VOC für die letzten vier Kalenderwochen, wie in den Tabellen 7-10 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= 763.189), für die Meldeweche 01-23/2021, 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 „andere Varianten“ 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	Andere Varianten
Baden-Württemberg	29.788	102.656	550	717	99	159	132	151	7.002
Bayern	7.396	129.257	333	789	112	126	103	91	14.753
Berlin	1.720	25.407	67	226	11	6	68	56	1.233
Brandenburg	1.931	17.852	29	148	3	6	11	27	861
Bremen	836	5.299	11	9	0	0	8	1	382
Hamburg	2.163	8.696	27	21	9	8	24	3	692
Hessen	4.297	39.324	79	406	13	16	48	65	2.528
Mecklenburg-Vorpommern	651	8.014	22	21	85	137	1	1	1.166
Niedersachsen	2.447	41.441	8	87	1	20	15	44	3.072
Nordrhein-Westfalen	17.064	154.172	260	1.297	30	93	110	157	4.608
Rheinland-Pfalz	4.085	23.118	111	168	21	16	21	48	1.885
Saarland	1.119	4.670	75	460	0	1	2	26	231
Sachsen	4.841	20.502	29	161	2	7	21	14	14.750
Sachsen-Anhalt	2.637	9.545	26	120	1	3	9	7	1.826
Schleswig-Holstein	1.077	7.668	3	23	5	2	11	20	1.210
Thüringen	4.278	13.065	18	24	0	1	5	3	1.353
Summe	86.330	610.686	1.648	4.677	392	601	589	714	57.552

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 20-23/2021 (Datenstand 15.06.2021, 0:00 Uhr).

Meldewoche	20		21		22		23	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	96%	6.592	94%	3.490	91%	2.206	91%	1.365
Bayern	92%	4.976	93%	3.131	92%	2.039	90%	1.388
Berlin	92%	944	88%	563	91%	378	82%	161
Brandenburg	94%	704	93%	291	85%	168	98%	43
Bremen	97%	194	100%	112	100%	111	97%	35
Hamburg	96%	292	92%	183	89%	136	95%	52
Hessen	96%	1.666	93%	914	93%	618	90%	272
Mecklenburg-Vorpommern	66%	171	93%	75	61%	37	100%	10
Niedersachsen	95%	1.432	94%	789	90%	456	87%	176
Nordrhein-Westfalen	97%	6.932	97%	4.152	96%	2.748	95%	1.232
Rheinland-Pfalz	95%	922	91%	457	93%	351	93%	213
Saarland	91%	239	88%	113	89%	87	90%	54
Sachsen	68%	1.019	67%	494	61%	253	58%	95
Sachsen-Anhalt	88%	467	89%	244	84%	134	72%	26
Schleswig-Holstein	92%	266	90%	165	75%	83	57%	33
Thüringen	91%	748	91%	330	93%	194	95%	77
Gesamt	93%	27.564	93%	15.503	91%	9.999	90%	5.232

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 20-23/2021 (Datenstand 15.06.2021).

Meldewoche	20		21		22		23	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,3%	21	0,2%	9	0,3%	7	0,1%	1
Bayern	0,4%	21	0,7%	25	1,0%	22	1,1%	17
Berlin	0,1%	1	0,3%	2	0,2%	1	2,0%	4
Brandenburg	0,9%	7	0,3%	1	1,5%	3	0,0%	0
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Hamburg	0,3%	1	2,0%	4	0,0%	0	0,0%	0
Hessen	0,0%	0	1,4%	14	1,7%	11	1,0%	3
Mecklenburg-Vorpommern	0,4%	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Niedersachsen	0,2%	3	0,4%	3	0,8%	4	0,0%	0
Nordrhein-Westfalen	0,2%	17	0,3%	15	0,3%	9	0,2%	2
Rheinland-Pfalz	0,1%	1	0,6%	3	0,0%	0	0,4%	1
Saarland	3,8%	10	3,1%	4	3,1%	3	3,3%	2
Sachsen	0,2%	3	0,0%	0	0,0%	0	0,6%	1
Sachsen-Anhalt	0,2%	1	0,0%	0	0,6%	1	0,0%	0
Schleswig-Holstein	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Thüringen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Gesamt	0,3%	87	0,5%	80	0,6%	61	0,5%	31

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 20-23/2021 (Datenstand 15.06.2021).

Meldewoche	20		21		22		23	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,5%	36	0,2%	9	0,6%	15	1,0%	15
Bayern	0,3%	14	0,3%	11	0,2%	5	0,4%	5
Berlin	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Brandenburg	0,1%	1	1,6%	5	1,0%	2	0,0%	2
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Hamburg	1,3%	4	0,0%	0	0,7%	1	0,0%	1
Hessen	0,1%	1	0,5%	5	0,0%	0	0,0%	0
Mecklenburg-Vorpommern	5,4%	14	2,5%	2	3,3%	2	0,0%	2
Niedersachsen	0,0%	0	0,2%	2	0,6%	3	1,0%	3
Nordrhein-Westfalen	0,2%	17	0,1%	6	0,1%	4	0,1%	4
Rheinland-Pfalz	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,9%	0
Saarland	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Sachsen	0,2%	3	0,1%	1	0,2%	1	1,8%	1
Sachsen-Anhalt	0,2%	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Schleswig-Holstein	0,3%	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Thüringen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Gesamt	0,3%	92	0,2%	41	0,3%	33	0,5%	33

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 20-23/2021 (Datenstand 15.06.2021).

Meldewoche	20		21		22		23	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,5%	35	1,8%	67	3,1%	75	3,1%	47
Bayern	0,8%	41	0,7%	25	1,2%	26	1,9%	30
Berlin	1,4%	14	2,8%	18	4,3%	18	9,2%	18
Brandenburg	0,5%	4	3,8%	12	6,1%	12	2,3%	1
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	2,8%	1
Hamburg	0,3%	1	2,5%	5	5,3%	8	0,0%	0
Hessen	1,3%	23	1,5%	15	2,6%	17	8,3%	25
Mecklenburg-Vorpommern	0,8%	2	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Niedersachsen	0,9%	14	0,7%	6	0,4%	2	6,9%	14
Nordrhein-Westfalen	0,7%	49	1,4%	59	1,5%	44	1,6%	21
Rheinland-Pfalz	1,3%	13	2,4%	12	4,5%	17	3,9%	9
Saarland	1,9%	5	5,4%	7	2,0%	2	5,0%	3
Sachsen	0,2%	3	1,2%	9	1,2%	5	3,6%	6
Sachsen-Anhalt	0,4%	2	2,9%	8	1,9%	3	0,0%	0
Schleswig-Holstein	1,0%	3	1,1%	2	6,4%	7	20,7%	12
Thüringen	0,2%	2	0,0%	0	1,0%	2	0,0%	0
Gesamtergebnis	0,7%	211	1,5%	245	2,2%	238	3,2%	187

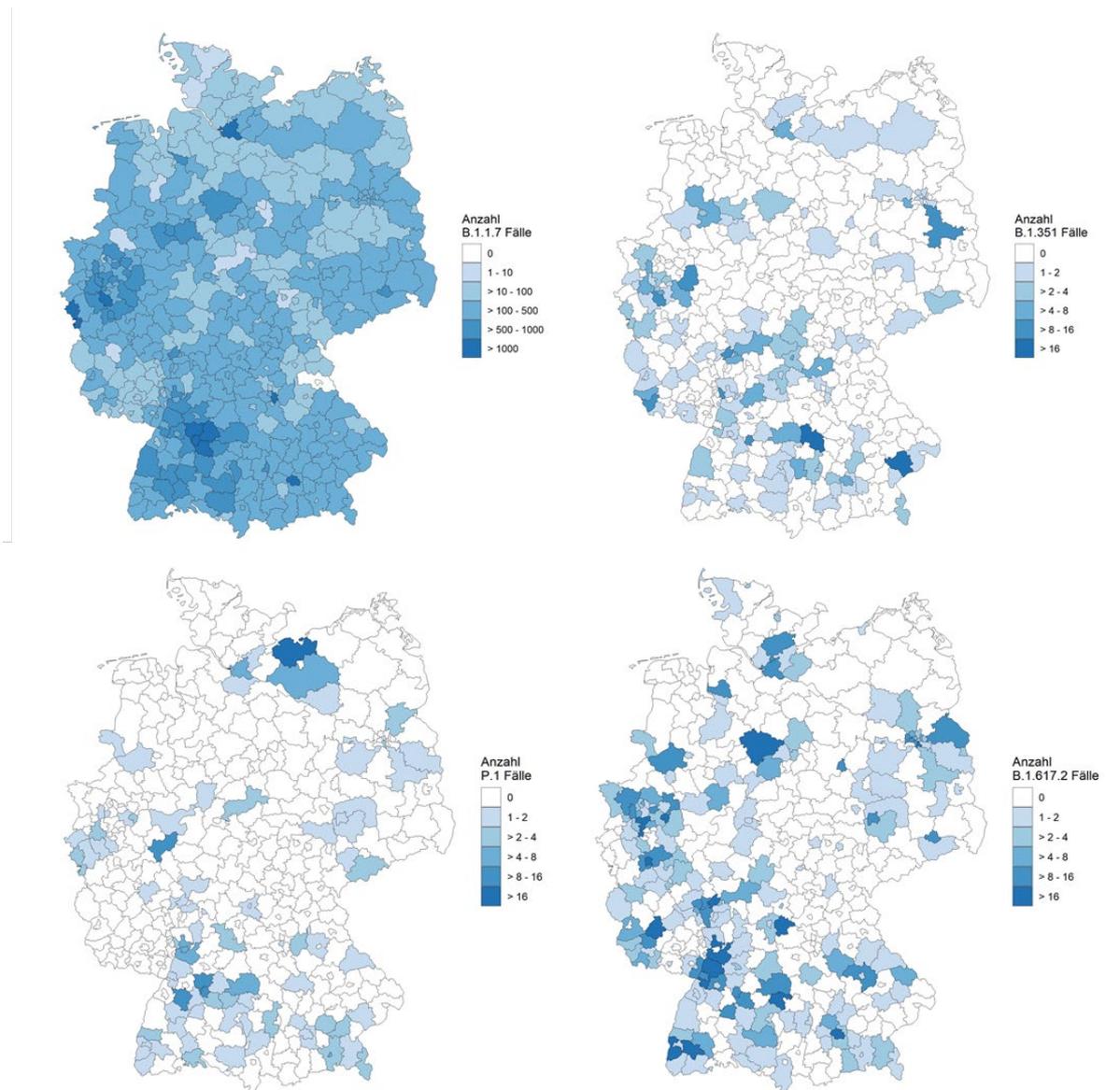


Abbildung 4: Die Karten stellen für jede der vier VOC (v.l.o.n.r.u. B.1.1.7, B.1.351, P.1, B.1.617.2) die Anzahl der gemeldeten Fälle (Verdachtsfälle oder Nachweise) pro Landkreis, die zwischen KW20-23/2021 an das RKI übermittelt wurden (Datenstand: 15.06.2021). Wichtig ist zu beachten, dass für B.1.1.7 (Alpha) die Farbskala auf Grund der hohen Fallzahlen anders als bei den anderen VOC gehalten ist.

Die VOC B.1.617.2 breitet sich zunehmend in Deutschland aus. Sie wurde in den vergangenen vier Woche in allen Bundesländern nachgewiesen, zu 881 Fällen liegen in diesem Zeitraum Informationen aus dem Meldesystem vor. Die absolute Zahl an Delta-Fällen lag konstant bei etwa 220 pro Woche, der Anteil hat sich aufgrund der insgesamt sinkenden Fallzahlen verdreifacht (0,7% in KW20 auf 2,2% in KW22). Es handelt sich überwiegend um autochthone Übertragung, nur 10% der Fälle gab eine Exposition im Ausland an. Darunter wurden Indien (n=76) und Italien (n=12) am häufigsten angegeben. Die meisten Übertragungen fanden in privaten Haushalten statt, aber auch der Arbeitsplatz wurde als Expositionsort genannt sowie (Urlaubs-)reisen, z.B. in Zusammenhang mit Hotelübernachtungen, Kreuzfahrten oder Flugreisen. Von den B.1.617.2-Infizierten sind 91% unter 60 Jahre alt, diese Altersgruppe macht 67% der Hospitalisierungen aus (42/63, zu 772 Fällen Angaben zur Hospitalisierung vorhanden).

Fazit

Der Anteil der Virusvarianten, die als *variants of concern* (VOC) bezeichnet werden, liegt weiterhin über 90%. Der Anteil der VOC **B.1.617.2 (Delta) ist gestiegen und liegt in KW 22/2021 bei 6,2%**. B.1.1.7 (Alpha) ist mit einem Anteil von 86% auch weiterhin die dominierende SARS-CoV-2 Variante in Deutschland, wobei davon auszugehen ist, dass der Rückgang von B.1.1.7 mit dem steigenden Anteil von B.1.617.2 einhergeht und damit zu rechnen ist, dass sich diese Entwicklung fortsetzt. Die Analysen 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 3,3% in KW22/2021. Die Informationen aus dem Meldesystem gemäß IfSG zeigen einen vergleichbar hohen Anteil der VOC B.1.1.7 (KW22/2021:91%, KW23/2021:90%). **Für die VOC B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) zeigte sich in den letzten Wochen ein rückläufiger Trend (0,3-0,8%) für B.1.351 und ein konstant niedriger Anteil von 0,2-0,6% für P.1 in allen Erhebungen.** Der Anteil der VOC **B.1.617.2 nimmt in allen Erhebungen zu und liegt in KW 22/2021 zwischen 2,0% und 6,2%.**

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 die Ausbreitung anderer VOC und 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** veranlasst durch die Gesundheitsämter 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 vorkommenden SARS-CoV-2 Varianten für die Analyse und Bewertung der Situation zur Verfügung steht.

Die molekulare Surveillance auf Basis von Gesamtgenomsequenzen ist ein unverzichtbares Werkzeug, um Auftreten und Verbreitung bekannter und neuer SARS-CoV-2 Varianten in Deutschland zuverlässig erfassen und zu verfolgen. Sie bietet darüber hinaus den Vorteil, dass abhängig von der Sequenzqualität für nahezu alle untersuchten Proben eine zweifelsfreie Variantenzuordnung erfolgen kann. Somit können insbesondere neu in Deutschland auftretende 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.1.617.2 (Delta) 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.