ROBERT KOCH INSTITUT

Stand: 23. 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) 5
- Unter Beobachtung stehende Varianten - variants of interest (VOI) 6

1. Gesamtgenomsequenzierung 8
2. RKI-Testzahlerfassung 12
3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) 13

Hintergrund 19

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...:	...und generiert daraus Wissen:
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).	Das RKI führt die eigens erstellten und übermittelten Genomsequenzen zusammen und überprüft sie auf das Vorkommen von VOC und Mutationen.
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.	Das RKI führt diese Daten zusammen und wertet sie statistisch aus.
3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz: Die Anzahl der Nachweise und Verdachtsfälle von VOC werden dem RKI gemäß Infektionsschutzgesetzes, IfSG, übermittelt.	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 stagnierte dann einige Wochen auf hohem Niveau (ca.90%). Mit der zunehmenden Verbreitung der Variante Delta (B.1.617.2) nimmt der Anteil von Alpha bei gleichzeitig zurückgehender Inzidenz ab. Delta wurde bisher in 15% der Proben nachgewiesen, der Anteil von Alpha lag zuletzt bei 75%. 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%).
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), 15% für B.1.617.2 (Delta) und 74% für die VOC B.1.1.7 (Alpha) in SARS-CoV-2-Genomen in KW23/2021 in den Stichproben**.
2. die RKI-Testzahlerfassung; sie zeigt einen stabil **niedrigen Anteil für die VOC B.1.351 und P.1, von zusammen 1,1%**, einen **auf 7,4% gestiegenen Anteil von B.1.617.2** sowie einen reduzierten, aber weiterhin **hohen Anteil der VOC B.1.1.7 von 79% in KW24/2021**.
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 nun 13% und B.1.1.7 (Alpha) bei 79% in KW24/2021.**

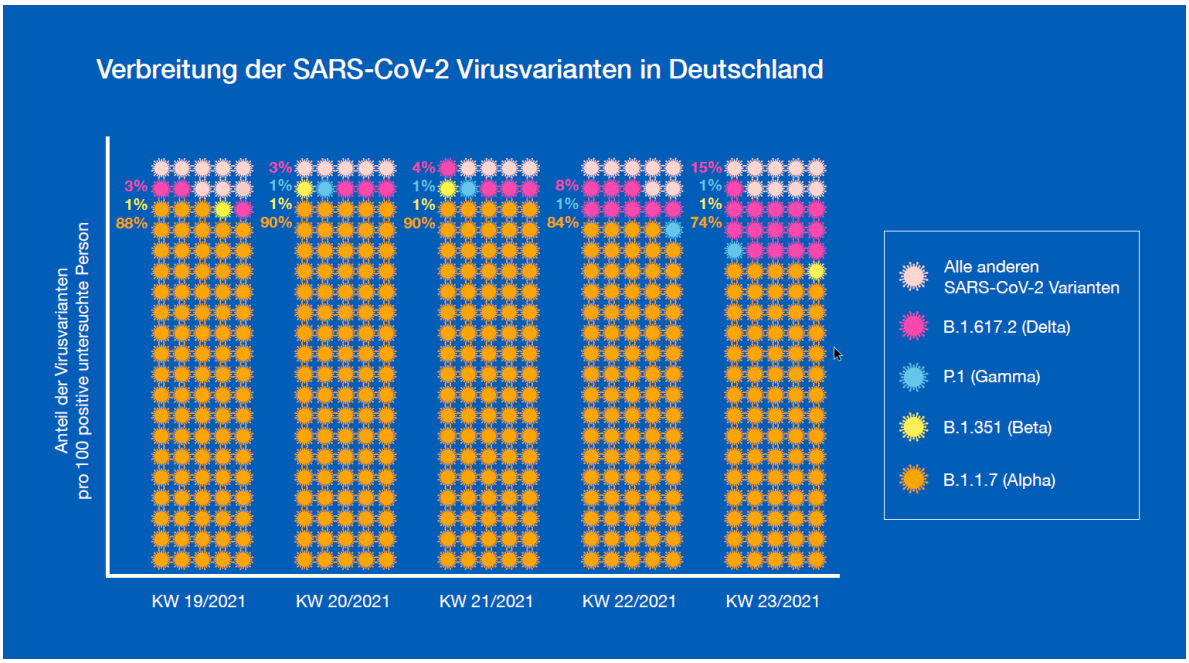

Abbildung 1 illustriert den relativen Anteil der untersuchten positiven Proben, in denen besorgniserregende SARS-CoV-2-Virusvarianten und andere Varianten nachgewiesen wurden. Die Darstellung basiert auf Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung.

Der Anteil der Virusvarianten, die als *variants of concern* (VOC) bezeichnet werden ist leicht gesunken, liegt aber weiterhin über 90%. Der leichte Abfall ist auf eine Zunahme der *variants of interest* (VOI) auf 5% zurückzuführen. Dies sind Ergebnisse der Analysen der Daten aus Gesamtgenomsequenzierungen für KW23. Ein Vergleich der Erfassungsinstrumente zeigt, dass der Anteil der Variante B.1.617.2 (Delta) weiterhin zunimmt und sich der Anteil dieser VOC innerhalb einer Woche verdoppelte. Diese starke Zunahme der Anteile geht mit einer leichten Zunahme der Delta-Fallzahlen im Vergleich zur Vorwoche bei weiterhin abnehmender Inzidenz einher.

Die aktuelle Verbreitung der Varianten in Deutschland zeigt, dass damit zu rechnen ist, dass die VOC B.1.617.2 (Delta) sich gegenüber den anderen Varianten, insbesondere auch gegenüber der dominierenden VOC B.1.1.7 (Alpha) durchzusetzen wird. Noch 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. Dennoch ist mit der zunehmenden Verbreitung von B.1.617.2 eine varianten-spezifische Testung auf besorgniserregende Mutationen und Varianten zielführend, um die Ausbreitung der VOC und VOI zu detektieren, Maßnahmen entsprechend anzupassen und für diese Proben eine Gesamtgenomsequenzierung durchzuführen.
Um die Situation genau zu beobachten wird in der nächsten Kalenderwoche eine Ad-Hoc Erhebung zur Verbreitung der Delta-Variante im Rahmen der RKI-Testzahlerfassung, wie schon im Frühjahr für B.1.1.7 (Alpha), durchgeführt.

Einleitung

Erhebungsinstrumente

Der Bericht stützt sich im Wesentlichen auf drei Datenquellen.

1. **Gesamtgenomsequenzierungen** von SARS-CoV-2-Genomen **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. Bei dieser Erhebung handelt es sich weder um eine vollständige Erfassung, noch um eine zufällige Auswahl von Proben für die die Untersuchungen durchgeführt werden, daher kann zu größeren Verzerrungen kommen, als bei den anderen Erhebungsinstrumenten.
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)

Seit Mitte Dezember 2020 wurde 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 breiteten sich Ende 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. Seit November 2020 zirkuliert, anfangs hauptsächlich im brasilianischen Bundesstaat Amazonas, die SARS-CoV-2-Variante **P.1 (VOC Gamma)**, die von der Linie B.1.1.28 abstammt. Sie weist, wie die VOC Alpha und Beta, eine Reihe von Polymorphismen im S-Protein auf. Die N501Y-Mutation innerhalb des S-Proteins ist kennzeichnend für diese drei momentan unter Beobachtung stehenden VOC (B.1.1.7, B.1.351 und P.1); bei Nachweis dieses Aminosäureaustauschs 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 Ende Mai 2021 wird von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) auch **die Variante B.1.617.2 (VOC Delta)** zu den VOC gezählt. 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. Der Austausch 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 verglichen[1].

Durch das kontinuierliche Auftreten neuer genomischer Varianten werden auch die Definitionen der Viruslinien stetig angepasst, erweitert und verfeinert. Zudem werden die Algorithmen und bioinformatischen Verfahren, die die Genomsequenzen auf Basis der Definitionen den einzelnen Linien zuordnen, stetig verbessert. Neue Linien stammen grundsätzlich von bereits existierenden Linien ab, von denen sie sich aufgrund spezifischer Mutationen unterscheiden. Das betrifft auch die als VOC eingestuften Varianten, so wurden sowohl zu B.1.351, P.1 und B1.617.2 Sublinien definiert. Der Anteil von Sublinien ist zumeist sehr gering. Bis gezeigt wird, dass diese Sublinien weniger besorgniserregend sind, werden ihre Anteil in diesem Bericht zu den übergeordneten und als VOC eingestuften Varianten gezählt. Im Detail betrifft das die Linien B.1.351.1, B.1.351.2 und B.1.351.3 die zu B.1.351 gezählt werden, P.1.1 und P.1.2 die zu P.1 gezählt werden, sowie AY.1 (B.1.617.2 + Aminosäureaustausch K417N). Zur Verdeutlichung sind die Anteile der Sublinien in Abbildung 3 dargestellt. In den Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz werden diese Sublinien nicht gesondert erfasst.

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

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

Ein-stufung	Pangolin Bezeich-nungen	WHO Bezeich-nung *NEU*	Alternative Bezeichner/ Klassifizierungen	Erstmalig nachgewiesen		Aminosäure-Austausche im Spike Protein
VOC	B.1.1.7	*Alpha*	VOC202012/01, GRY (früher GR/501Y.V1), 20I/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/501Y.V2	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/501Y.V3	BRA	Nov 2020	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, 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 Nomenklatur[2] 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. Tabelle 1 zeigt neben alternativen Bezeichnungen der vier VOCs auch separat die von der WHO eingeführte Nomenklatur, auf Basis griechischer Buchstaben (siehe Tabelle 2) In diesem Bericht wird für die Bezeichnung der Varianten 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. 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 KW23/2021 bei 5,1%.

[2] https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/

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 *NEU*	Alternative Bezeichner/ Klassifizierungen	Erstmalig nachgewiesen		Aminosäure-Austausche im Spike Protein
VOI	B.1.427 / B.1.429	*Epsilon*	CAL.20C GH/452R.V1 20C/S:452R	USA	Mar 2020	S13I, W152C, L452R, D614G
VOI	P.2	*Zeta*	VUI-21JAN-01 GR 20B/S:484K	BRA	Apr 2020	S477N, E484K, D614G, V1176F
VOI	B.1.525	*Eta*	VUI-202102/03 G/484K.V3 20A/S:484K	Angola	Dez 2020	Q52R, A67V, del69/70, del144/145, E484K, D614G, Q677H, F888L
VOI	P.3	*Theta*	VUI-21MAR-02 GR 20B/S:265C	Philip-pinen	Jan 2021	del141/143, E484K, N501Y, D614G, P681H, E1092K, H1101Y, V1176F
VOI	B.1.526	*Iota*	GH 20C/S:484K	USA	Nov 2020	L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V
VOI	B.1.617.1	*Kappa*	UI-21APR-01 G/452R.V3 21A/S:154K	Indien	Okt 2020	L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V
VOI	C.37	*Lambda*	GR/452Q.V1 20D	Peru	Aug 2020	D614G T859N F490S L452Q T76I G75V del247/253
VOI-D	A.23.1	*Nicht vergeben*	VUI-21FEB-01 (+ E484K)	GB	Okt 2020	F157L, V367F, Q613H, P681R
VOI-D	A.27	*Nicht vergeben*		FR	Dez 2020	L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V
VOI-D	B.1.1.318	*Nicht vergeben*	VUI-202102/04	GB	Feb 2021	T95I, del144/145, E484K, D614G, P681H, D796H
VOI-D	B.1.620	*Nicht vergeben*			Nov 2020	P26S, del69/79, V126A, del144/145, S477N, E484K, D614G, P681H, T1027, D1118H
VOI-D	B.1.617.3	*Nicht vergeben*	VUI-21APR-03	Indien	Feb 2021	T19R, L452R, E484Q, D614G, P681R
VOI-D	C.36.3	*Nicht vergeben*	VUI-21MAY-02		Feb 2021	Q677H, A899S, D614G, R346S L452R, W152R, S12F, del69/70

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[3,4]) 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. Die vollständige Tabelle mit Anzahlen und Anteile der VOC und VOI in der Stichprobe stehen als csv-Datei zum Download auf der RKI-Internetseite bereit.

Für die Analyse des Vorkommens von SARS-CoV-2-Virusvarianten liegen dem RKI Informationen zu insgesamt 190.318 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen aus dem Jahr 2021 vor (Datenstand, 21.06.2021, 0:00Uhr). **74.020 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 73.041 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 24/2021 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 deutlich zurück. **In KW 23/2021 verringerte sich der Anteil von B.1.1.7 wie schon in der Vorwoche und lag bei 74,1%.** Darin enthalten sind **32 B.1.1.7 positive Proben, die die Mutation E484K aufweisen (6%). Es wurde keine Probe der Linie B.1.1.7 mit der Mutation E484Q detektiert.**
Auch der Anteil der **VOC B.1.351 lag in KW23/2021 bei 0,7%**, darin enthalten sind die Unterlinien B.1.351.1/.2 und .3 mit 0% bzw. 0,3% Anteil. Die VOC **P.1 hat ebenfalls einen sehr geringen Anteil von 0,7%, darin enthalten sind die Untervarianten P.1.1 und P.1.2 mit 0,4% und 0%**. Der Anteil der **VOC B.1.617.2 steigt kontinuierlich weiter an und liegt für die KW 23/2021 bei 15,1%. Das entspricht einer Verdopplung des Anteils seit KW 22/2021.** Eine seit kurzem vielfach in Großbritannien detektierte Form der VOC B.1.617.2, die zusätzlich die Mutation K417N aufweist (Pangolin-Bezeichnung AY.1) wurde bisher nicht in der Stichprobe detektiert.
Es ist wie schon in vorherigen Berichten zu beachten, dass der Anteil der VOC B.1.617.2 durch Nachmeldungen gestiegen ist, für KW22/2021 von 6,1% auf 7,9% (siehe Tabelle 1). Da wie in den

[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

Vorwochen auch für den aktuellen Zeitraum mit Nachmeldungen gerechnet wird, können sich die Anteile der Variante, auch weiterhin nachträglich ändern (siehe Vorbemerkung).

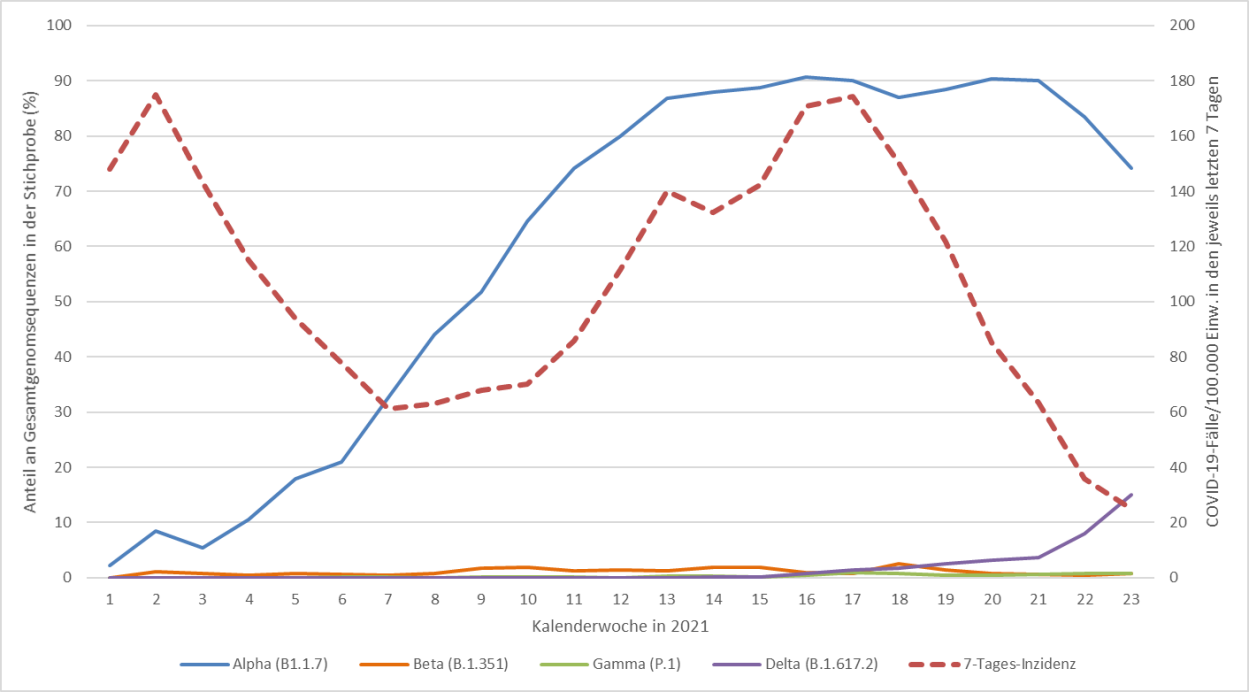

Abbildung 2: Anteil der VOC in der Stichprobe pro Kalenderwoche in 2021. In rot zur Einordnung die 7-Tage-Inzidenz für Deutschland. Deutlich zu sehen ist der Abfall des Anteils von B.1.1.7 ab KW21/2021 bei gleichzeitigem deutlich Anstieg von B.1.617.2 in der gleichen Kalenderwoche.

Die Anzahl der in der Stichprobe detektierten B.1.617.2-Genomsequenzen liegt in den letzten Wochen (KW 19-23) fortwährend zwischen 90 und 151 pro Woche. Der stark gestiegene Anteil dieser Variante geht mit einer gleichzeitigen Abnahme des Anteils von B.1.1.7 einher (siehe Abbildung 2). Die Anzahl und damit die 7-Tage-Inzidenzen aller COVID-19 Fälle in Deutschland nehmen weiterhin ab.

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 die KW 14-23/2021 aufgeteilt nach Kalenderwochen. Anteile basieren auf Linienzuweisungen, die wöchentlich für den gesamten Berichtszeitraum auf Basis der jeweils aktuell verwendeten Pangolin Version neu berechnet werden. ***Wichtig ist dabei zu beachten, dass Sublinien der VOC in den Anteilen enthalten sind, da bis zum Beweis des Gegenteils davon ausgegangen werden muss, dass sie genauso besorgniserregend sind, wie die Varianten von den sie abgeleitet sind.*** *Neben den üblichen Nachmeldungen kam es dadurch zu weiteren Veränderungen gegenüber vorherigen Berichten. Die vollständige Tabelle ab KW01 inkl. Anzahlen findet sich hier: www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/VOC_VOI_Tabelle.html*

KW 2021	B.1.1.7 (Alpha) in %	B.1.351 (Beta) in %	P.1 (Gamma) in %	B.1.617.2 (Delta) in %
01-23	66,9	1,2	0,3	1
14	88	1,9	0,3	0,1
15	88,8	1,9	0,2	0,1
16	90,7	0,9	0,4	0,7
17	90,1	0,8	0,9	1,4
18	87,0	2,5	0,8	1,8
19	88,4	1,4	0,4	2,5
20	90,4	0,7	0,5	3,1
21	90,1	0,6	0,6	3,6
22	83,5	0,4	0,8	7,9
23	74,1	0,7	0,7	15,1

Neben den besorgniserregenden Varianten, den VOC, gibt es weitere unter Beobachtung stehende Varianten, sogenannte *variants of interest (VOI)*. Tabelle 4 listet den Anteil der in den letzten 10 Kalenderwochen detektierten VOI in der Stichprobe der 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 Basisdaten[5] zu finden.
Abbildung 3 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. 21% aller in der Stichprobe detektierten SARS-CoV-2 Genome, aus. Deutlich in Abbildung 3 zu sehen ist die Zunahme des Anteils von B.1.617.2 in den letzten Wochen.

Tabelle 4: Zeigt die Anteile der in der Stichprobe detektierten unter Beobachtung stehenden Varianten (VOI). Nicht aufgeführt sind die VOI A.23.1, B.1.427, B.1.324.1 und P.2, da für diese seit KW14/2021 in Deutschland nicht nachgewiesen wurden (Datenstand 21.06.2021). Neben den üblichen Nachmeldungen, kam es dadurch zu weiteren Veränderungen gegenüber früheren Berichten (siehe Vorbemerkung). Die vollständige Tabelle ab KW01 inkl. Anzahlen findet sich hier: www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/VOC_VOI_Tabelle.html

KW 2021	A.27 (in %)	B.1.1.318 (in %)	B.1.429 (in %)	B.1.525 (in %)	B.1.526 (in %)	B.1.617.1 (in %)	B.1.620 (in %)	C.36.3 (in %)	C.37 (in %)	P.3 (in %)
01-23	0,3	0,8	0	0,7	0,1	0,1	0	0,2	0,1	0
14	0,3	0,6	0	1,0	0,3	0,1	0	0,1	0,2	0,1
15	0,2	1,5	0	1,2	0,3	0,2	0,1	0,2	0,1	0
16	0,2	1,6	0	1,0	0,1	0,2	0	0,2	0,1	0
17	0,2	0,9	0	0,9	0,1	0,5	0	0,2	0,2	0
18	0,1	1,4	0	1,4	0,2	0,6	0,1	0,4	0,1	0
19	0,1	2,3	0	0,7	0,1	0,2	0,1	0,5	0,2	0
20	0,1	0,8	0	0,4	0	0,2	0,1	0,2	0,1	0
21	0,1	0,7	0	0,2	0	0	0,1	0,4	0,1	0
22	0,2	0,9	0	0,8	0,2	0,2	0,1	0,5	0,2	0
23	0	1,7	0	1,0	0	0,5	0	1,7	0,1	0

Insgesamt (Stichprobe + Verdachtsproben) wurden seit KW01/2021 190.318 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 23/2021** in Deutschland ein **Anteil sequenzierter Proben (Gesamtgenomsequenzierung) an SARS-CoV-2-positiv getesteten Proben von 19%**. 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. 19%. Abbildung 4 zeigt den Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen seit KW01/2021 bis KW23/2021.

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

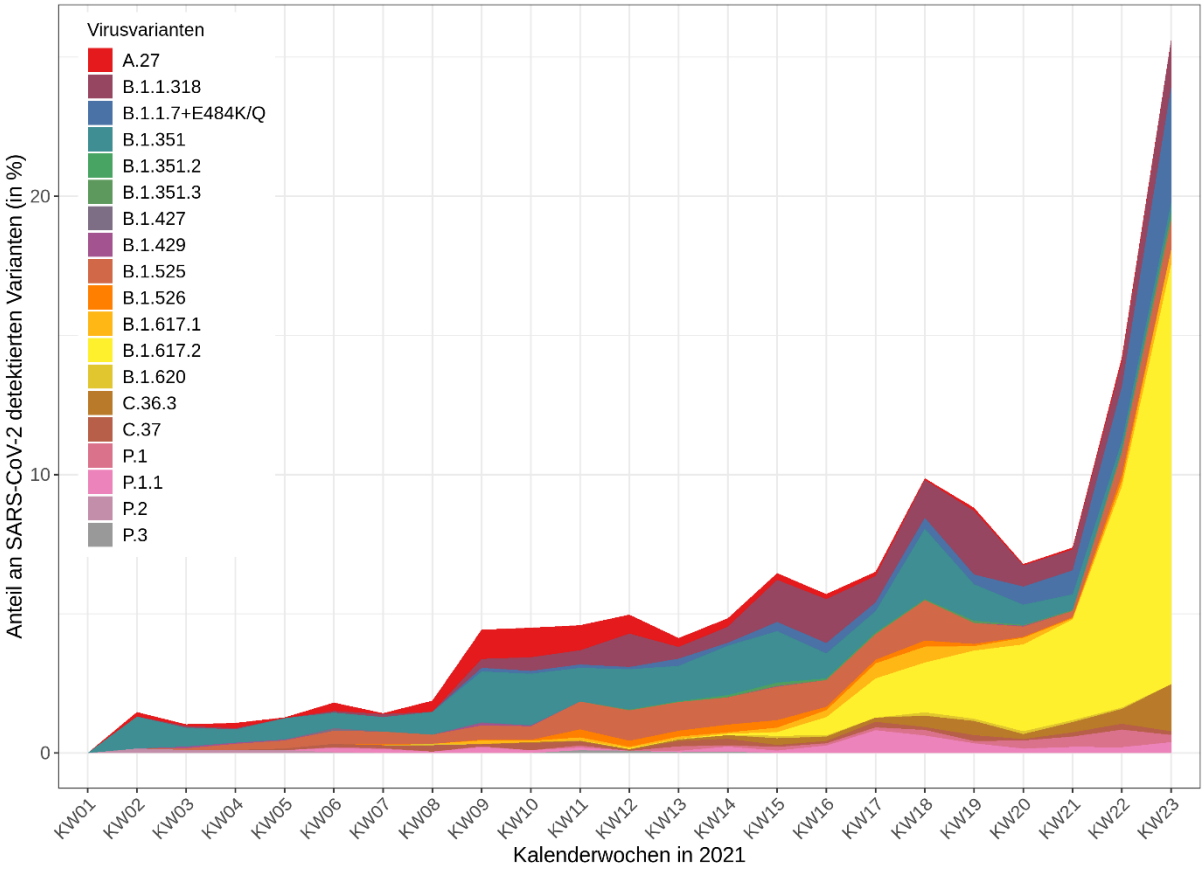

Abbildung 3: zeigt die prozentualen Anteile der VOC (bezogen auf sequenzierten Anteilen aus (s. Tabelle 2) und VOI (s. Tabelle 4) ohne B.1.1.7, an allen im Rahmen der zufälligen Auswahl sequenzierten Proben (Stichprobe).

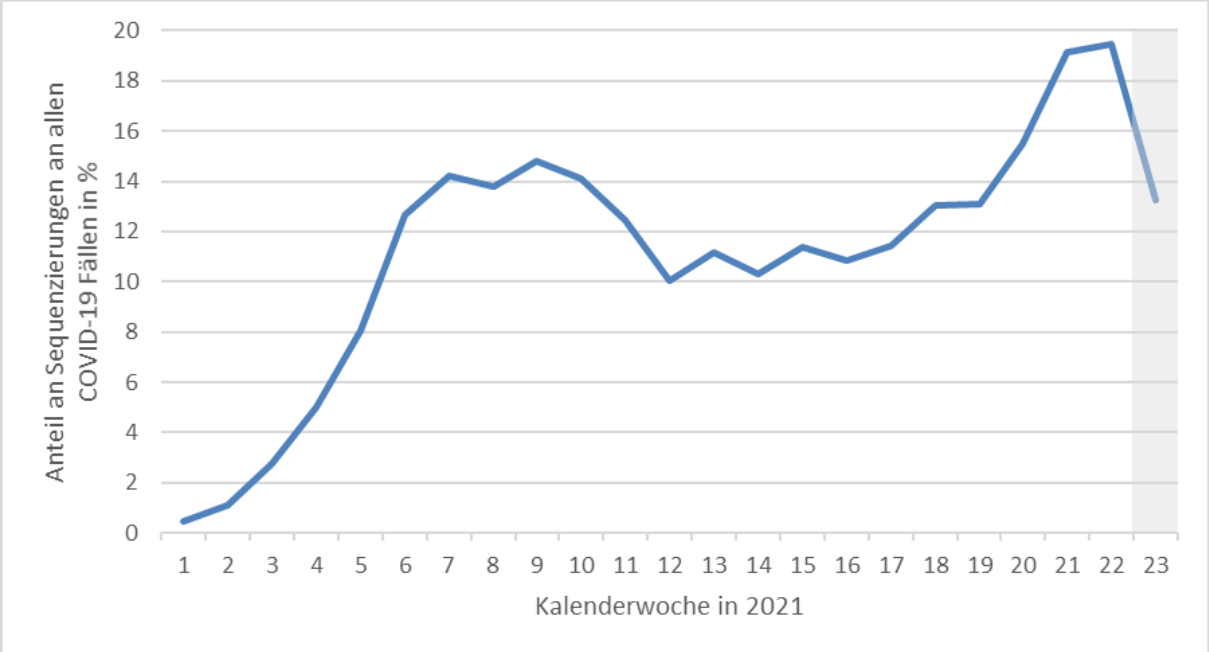

Abbildung 4: Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen an COVID-19 Fällen. Die Abbildung zeigt den Anteil der erfolgreich durchgeführten und übermittelten Gesamtgenomsequenzierungen an der Anzahl der in der jeweiligen KW gemäß IfSG an das RKI gemeldeten COVID-19 Fällen. Für den grau markierten Bereich ist mit weiteren Übermittlungen zu rechnen, so dass dieser Anteil nachträglich steigen kann.

2. RKI-Testzahlerfassung

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.

*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. * In KW23/2021 fand keine Testzahlerfassung zu VOC statt.*

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%
23*											
24	122	15.395	87,6%	13.896	79,1%	126	0,7%	79	0,4%	1.294	7,4%

Aus **KW24/2021** wurden dem RKI insgesamt **17.577 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 15.395 positiv. **Insgesamt ist den übermittelten Daten ein weiterhin sehr hoher Anteil von VOC pro KW zu entnehmen,** siehe Tabelle 5.

In der Erhebung betrug der Anteil von Proben der VOC B.1.1.7 in KW 24/2021 79%, und nahm damit gegenüber den Vorwochen ab. Die Anteile der **VOC B.1.351 (0,7%) und P.1 (0,4%,) blieben konstant** auf sehr niedrigem Niveau. Der Anteil von **B.1.617.2 liegt bei 7,4%.** Hier 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 für die Punktmutationsanalyse zusammen betrachtet werden. Zudem befinden sich die PCR-Testung zum Nachweis der Varianten der Gruppe B.1.617 in einigen Laboren im Aufbau, so dass noch nicht alle Labore diese Variante mittels PCR detektieren können. Seit Mai 2021 wurden zudem mittels Gesamtgenomsequenzierung die Varianten B.1.617.1 und B.1.617.3 nur extrem selten detektiert, so dass ihr Anteil als zu vernachlässigen angenommen wird. 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 22.06.2021 (0:00Uhr) wurden dem RKI **702.650 SARS-CoV-2-Meldungen der VOC B.1.1.7, 6.361 Meldungen der VOC B.1.315, 1.125 Meldungen für P.1 und 2.102 Meldungen der VOC B.1.617.2** für die Meldewochen (MW) 01-24/2021 in Deutschland übermittelt. Die eingeschlossenen Meldungen enthalten sowohl PCR-basierte Verdachtsfälle als auch Nachweise mittels Teil- und Gesamtgenomsequenzierung. In Abbildung 5 sind die Fälle verschiedener VOCs nach Bundesländern für MW 01-24/2021 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.

Tabelle 6: Dargestellt sind die COVID-19-Fälle, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist (n= 769.704), für die Meldewoche 01-24/2021, 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	30.579	102.877	554	718	142	179	198	261	30.579
Bayern	7.759	130.106	341	782	141	138	155	181	7.759
Berlin	1.767	25.544	67	226	12	6	77	68	1.767
Brandenburg	1.959	17.886	29	149	3	6	16	31	1.959
Bremen	852	5.319	11	10	2		8	8	852
Hamburg	2.207	8.729	29	22	11	7	56	37	2.207
Hessen	4.400	39.505	79	405	20	23	108	115	4.400
Mecklenburg-Vorpommern	661	8.034	22	21	87	137	3	5	661
Niedersachsen	2.545	41.866	9	86	1	20	18	102	2.545
Nordrhein-Westfalen	17.385	154.840	263	1.305	33	96	104	269	17.385
Rheinland-Pfalz	4.186	23.623	112	172	21	21	32	79	4.186
Saarland	1.153	4.749	78	465	1	1	3	26	1.153
Sachsen	5.157	20.479	30	162	1	2	31	32	5.157
Sachsen-Anhalt	2.677	9.571	26	120	1	3	14	5	2.677
Schleswig-Holstein	1.091	7.717	3	23	5	2	13	33	1.091
Thüringen	4.281	13.146	18	24	0	3	9	5	4.281
Summe	**88.659**	**613.991**	**1.671**	**4.690**	**481**	**644**	**845**	**1.257**	**88.659**

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 21-24/2021 (Datenstand 22.06.2021, 0:00 Uhr).

Meldewoche	21		22		23		24	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	94%	3.509	91%	2.325	86%	1.635	80%	559
Bayern	93%	3.153	91%	2.082	89%	1.574	77%	489
Berlin	88%	569	90%	409	80%	206	94%	62
Brandenburg	93%	293	85%	173	87%	72	90%	28
Bremen	99%	112	100%	113	94%	51	60%	9
Hamburg	92%	186	85%	143	64%	65	51%	36
Hessen	92%	932	88%	644	84%	366	74%	102
Mecklenburg-Vorpommern	93%	77	67%	50	88%	21	45%	5
Niedersachsen	93%	808	89%	493	82%	272	78%	83
Nordrhein-Westfalen	97%	4.168	95%	2.820	92%	1.537	87%	526
Rheinland-Pfalz	91%	504	92%	388	89%	247	76%	78
Saarland	88%	118	93%	143	90%	76	81%	22
Sachsen	76%	579	69%	309	59%	110	48%	34
Sachsen-Anhalt	90%	251	84%	152	81%	44	65%	13
Schleswig-Holstein	90%	169	76%	89	67%	51	57%	21
Thüringen	91%	330	93%	206	88%	106	92%	24
Gesamt	**93%**	**15.758**	**90%**	**10.539**	**87%**	**6.433**	**79%**	**2.091**

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 21-24/2021 (Datenstand 22.06.2021).

Meldewoche	21		22		23		24	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,3%	10	0,2%	6	0,1%	2	0,0%	0
Bayern	0,7%	25	0,6%	14	1,0%	18	0,6%	4
Berlin	0,3%	2	0,2%	1	1,6%	4	0,0%	0
Brandenburg	0,3%	1	1,5%	3	1,2%	1	0,0%	0
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	6,7%	1
Hamburg	2,5%	5	0,0%	0	0,0%	0	2,9%	2
Hessen	1,4%	14	1,4%	10	0,7%	3	0,0%	0
Mecklenburg-Vorpommern	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Niedersachsen	0,3%	3	0,7%	4	0,0%	0	0,0%	0
Nordrhein-Westfalen	0,3%	15	0,3%	10	0,3%	5	0,5%	3
Rheinland-Pfalz	0,5%	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Saarland	3,0%	4	2,6%	4	3,6%	3	14,8%	4
Sachsen	0,0%	0	0,0%	0	0,5%	1	1,4%	1
Sachsen-Anhalt	0,0%	0	0,6%	1	0,0%	0	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	**0,5%**	**82**	**0,5%**	**53**	**0,5%**	**37**	**0,6%**	**15**

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 21-24/2021 (Datenstand 22.06.2021).

Meldewoche	21		22		23		24	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	0,6%	21	0,7%	18	1,9%	36	1,0%	7
Bayern	0,4%	13	0,9%	21	0,7%	13	0,2%	1
Berlin	0,2%	1	0,0%	0	0,4%	1	0,0%	0
Brandenburg	1,3%	4	1,0%	2	0,0%	0	0,0%	0
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Hamburg	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Hessen	0,7%	7	0,3%	2	1,6%	7	0,0%	0
Mecklenburg-Vorpommern	2,4%	2	2,7%	2	0,0%	0	0,0%	0
Niedersachsen	0,2%	2	0,5%	3	0,6%	2	0,0%	0
Nordrhein-Westfalen	0,1%	6	0,2%	5	0,2%	4	0,0%	0
Rheinland-Pfalz	0,0%	0	0,0%	0	1,1%	3	0,0%	0
Saarland	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Sachsen	0,0%	0	0,0%	0	0,5%	1	0,0%	0
Sachsen-Anhalt	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Schleswig-Holstein	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0
Thüringen	0,0%	0	0,0%	0	0,8%	1	3,8%	1
Gesamt	**0,3%**	**56**	**0,5%**	**53**	**1,0%**	**68**	**0,4%**	**9**

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 21-24/2021 (Datenstand 22.06.2021).

Meldewoche	21		22		23		24	
	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl
Baden-Württemberg	1,9%	70	3,2%	82	6,3%	120	12,6%	88
Bayern	0,9%	29	2,5%	57	3,6%	64	9,4%	59
Berlin	2,8%	18	5,7%	26	10,5%	27	3,0%	2
Brandenburg	3,8%	12	5,9%	12	7,2%	6	9,7%	3
Bremen	0,0%	0	0,0%	0	5,6%	3	33,3%	5
Hamburg	3,0%	6	10,7%	18	27,7%	28	38,6%	27
Hessen	2,4%	24	7,8%	57	12,4%	54	21,2%	29
Mecklenburg-Vorpommern	0,0%	0	2,7%	2	0,0%	0	36,4%	4
Niedersachsen	0,7%	6	1,6%	9	12,7%	42	17,0%	18
Nordrhein-Westfalen	1,4%	59	1,8%	52	4,4%	74	10,2%	62
Rheinland-Pfalz	2,3%	13	4,7%	20	6,9%	19	18,6%	19
Saarland	5,2%	7	1,3%	2	3,6%	3	3,7%	1
Sachsen	1,7%	13	1,3%	6	6,5%	12	21,1%	15
Sachsen-Anhalt	2,9%	8	2,2%	4	0,0%	0	10,0%	2
Schleswig-Holstein	1,1%	2	6,0%	7	21,1%	16	27,0%	10
Thüringen	0,0%	0	1,8%	4	3,3%	4	0,0%	0
Gesamtergebnis	**1,6%**	**267**	**3,1%**	**358**	**6,4%**	**472**	**13,0%**	**344**

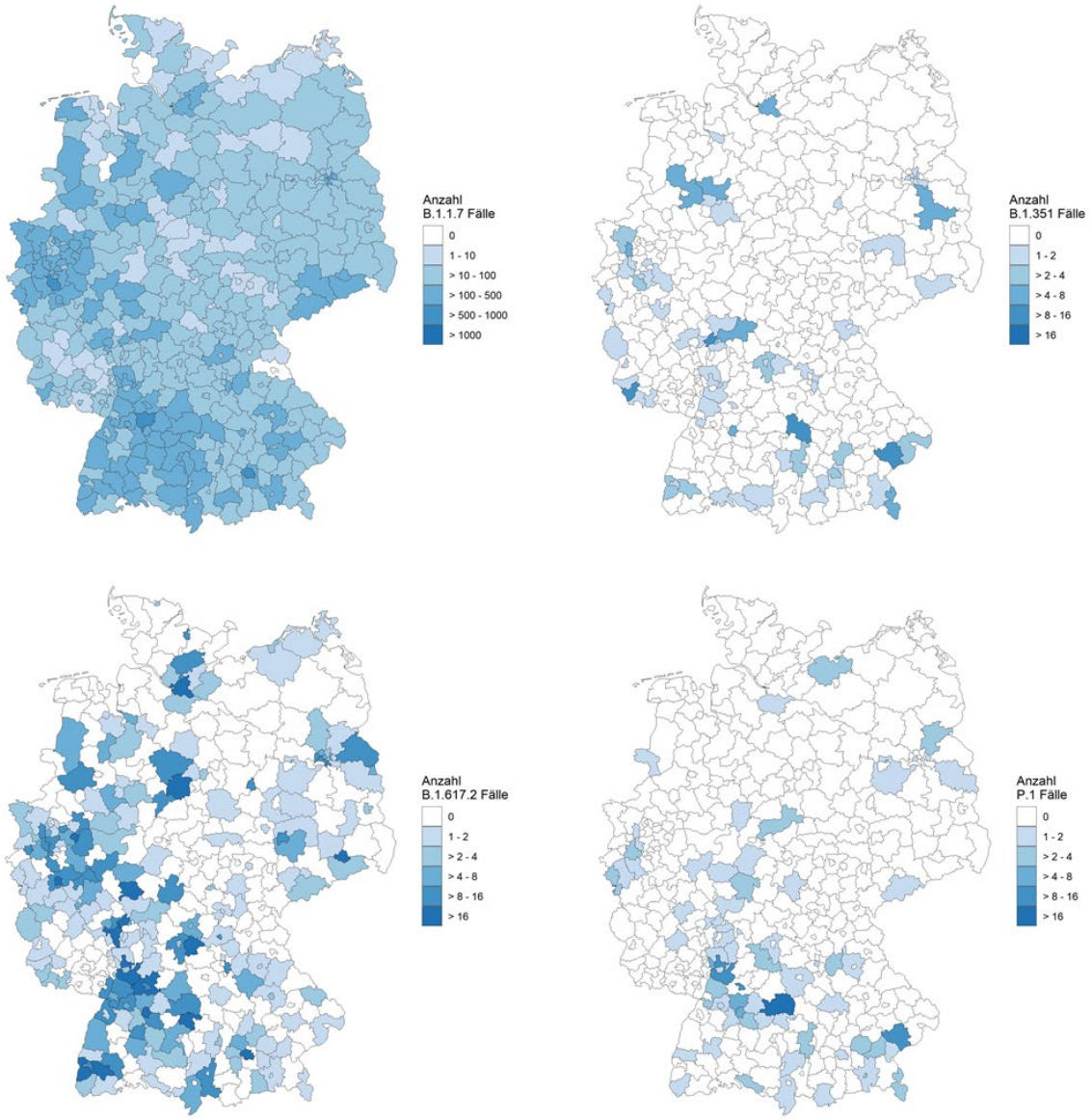

Abbildung 5: Die Karten stellen für jede der vier VOC (v.l.o.n.r.u. B.1.1.7, B.1.351, B.1.617.2, P.1) die Anzahl der gemeldeten Fälle (Verdachtsfälle oder Nachweise) pro Landkreis, die zwischen KW21-24/2021 an das RKI übermittelt wurden (Datenstand: 22.06.2021). Wichtig ist zu beachten, dass für B.1.1.7 (Alpha) die Farbskala auf Grund der hohen Fallzahlen anders als bei den anderen VOC gehalten ist.

Auch die Meldedaten gemäß IfSG zeigen, dass die VOC B.1.617.2 sich zunehmend in Deutschland ausbreitet. Sie wurde in den vergangenen vier Woche in allen Bundesländern nachgewiesen, zu 1.441 Fällen liegen in diesem Zeitraum Informationen aus dem Meldesystem vor. Die absolute Zahl an Delta-Fällen hat seit MW21 zugenommen, von ca. 270 Fällen pro Woche auf ca. 470 Fälle in KW23 (unter Berücksichtigung von Nachmeldungen). Der Trend wird auch in Abbildung 6, insbesondere im direkten Vergleich mit Abbildung 7 für B.1.1.7 deutlich dargestellt. Der Anteil hat sich aufgrund der insgesamt sinkenden Fallzahlen vervierfacht (1,6% in KW21 auf 6,7% in KW23). Es handelt sich überwiegend um autochthone Übertragung. Während auch die Anzahl der Eintragungen zunahm, ist der Anteil mit 9% an allen Delta Fällen die eine Exposition im Ausland Angaben stabil. Die meistgenannten Länder waren Afghanistan (n=19), die Russische Föderation (n=16) und Italien (n=14). Die meisten Übertragungen fanden in privaten Haushalten statt zudem gab es größere Ausbrüche (>5 Personen) am Arbeitsplatz und in Schulen mit bis zu 24 Personen.

Von den B.1.617.2-Infizierten sind 91% unter 60 Jahre alt (s. Abbildung 6), diese Altersgruppe macht 77% der Hospitalisierungen aus (69/90, zu 1.157 Fällen mit Angaben zur Hospitalisierung). Damit nehmen Anzahl und Anteil der Hospitalisierten der unter 60-Jährigen zu.

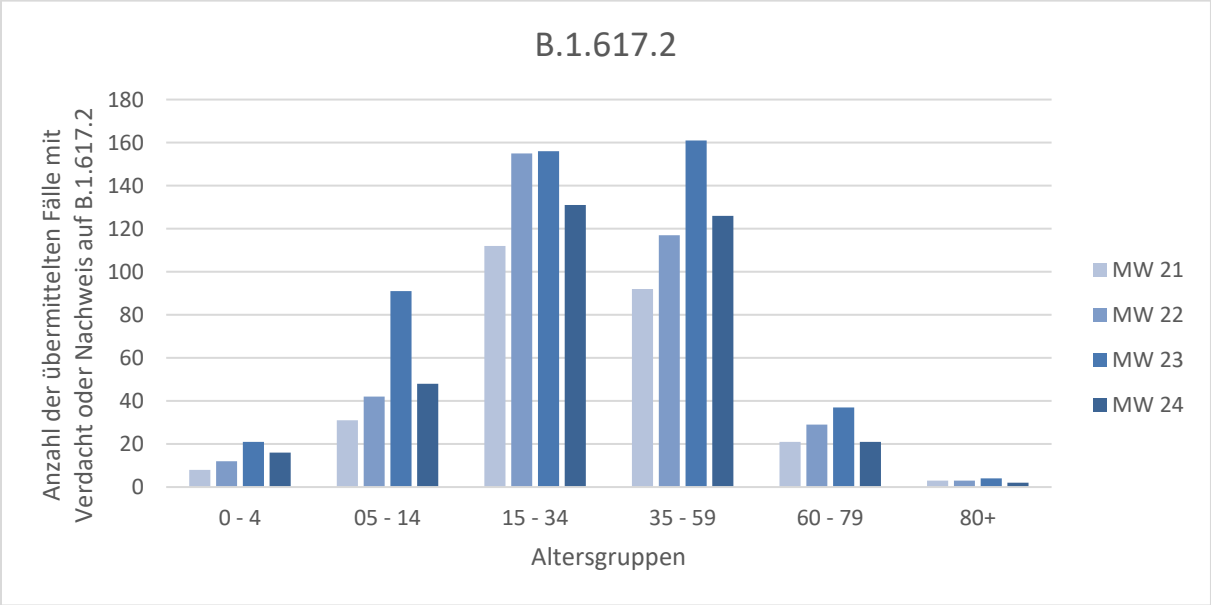

Abbildung 6: Anzahl der übermittelten B.1.617.2 Fälle für die Altersgruppen, stratifiziert nach der Meldewoche. Für alle Altersgruppe ist ein Anstieg der absoluten Fallzahl für B.1.617.2 von Meldewoche 21 bis 23/2021 zu sehen. Für die Meldewoche 24/2021 muss mit Nachmeldungen gerechnet werden, so dass dieser Trend fortgeführt wird.

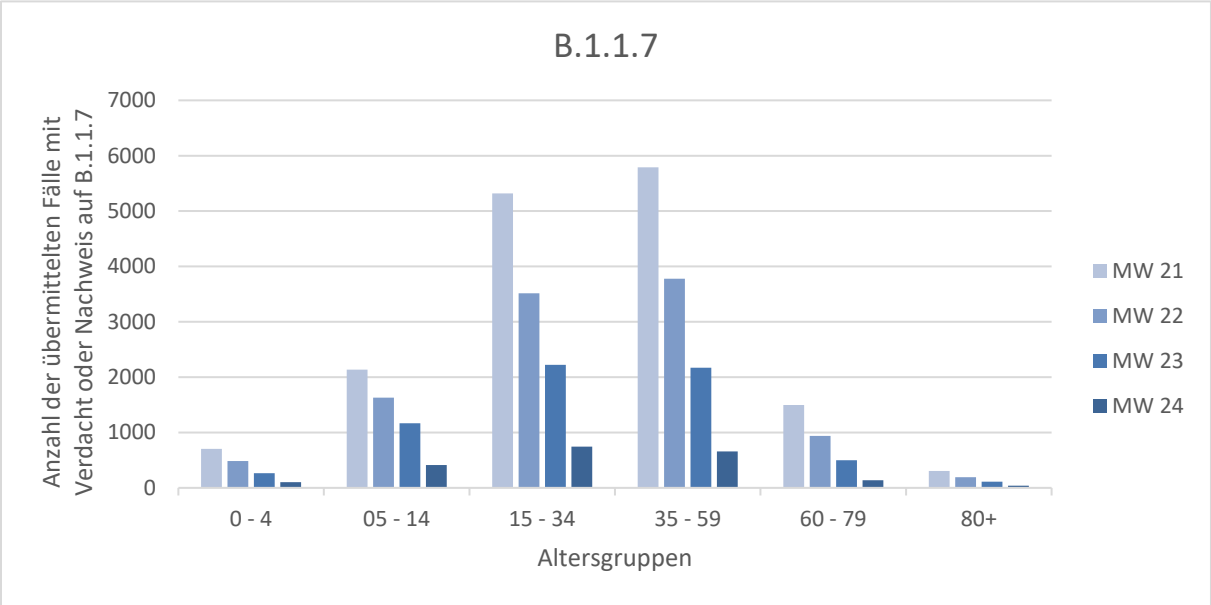

Abbildung 7: Anzahl der übermittelten B.1.1.7 Fälle für die Altersgruppen, stratifiziert nach der Meldewoche. Für alle Altersgruppe ist eine Verringerung der absoluten Fallzahl für B.1.1.7 von Meldewoche 21 bis 24/2021 zu sehen. Dieser Trend entspricht den Beobachtungen im Rahmen der Gesamtgenomsequenzierung, zusätzlich zeigt die Darstellungen der absoluten Fallzahlen, dass die starke Reduktion der Inzidenzen maßgeblich auf der Reduktion der B.1.1.7-Fälle basiert. Auch für B.1.1.7 ist mit Nachmeldungen wie bei B.1.617.2 zu rechnen, allerdings ist der zu erwartende Anteil von Nachmeldungen deutlich geringer als für B.1.617.2, so dass aktuell nicht von einer Trendumkehr für B.1.1.7 auszugehen ist.

Hintergrund

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.