ROBERT KOCH INSTITUT

Stand: 07. Juli 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 inklusive ad-hoc Erhebung zu B.1.617.2 (Delta) ..... 12
3. Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) ..... 13

Hintergrund ..... 20

# 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?**
Seit Ende Juni 2021 ist die Variante Delta (B.1.617.2) mit einem Anteil von 59% die dominierende SARS-CoV-2-Virusvariante in Deutschland. Ihre Verbreitung seit März 2020 hat die Variante Alpha (B.1.1.7), die sich zuvor, in den ersten Monaten 2021 in Europa stark ausgebreitet hat, verdrängt. Der Anteil von Alpha (B.1.1.7) beträgt nur noch 33 %, d.h. diese Variante wird zur Zeit in jeder dritten Proben nachgewiesen. 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 (ca. 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 erstmal die Variante B.1.617.2 (Delta) als dominierende VOC mit einem Anteil von 59%**. Nicht nachgewiesen wurde in KW25/2021 die VOC B.1.351 (Beta). Die VOC P.1. (Gamma) hat einen sehr geringen Anteil von weniger als 1%. Die VOC B.1.1.7 (Alpha) hatte in der Stichprobe einen Anteil von 33% der SARS-CoV-2-Genome.
2. die RKI-Testzahlerfassung; sie zeigt einen **auf 48% gestiegenen Anteil von B.1.617.2 in KW26/2021**. Der Anteil von B.1.1.7 ist deutlich gesunken und liegt bei nur noch 38%. Die anderen VOC B.1.351 und P.1 haben einen weiterhin sehr niedrigen Anteil von < 1%.
3. eine Zusammenfassung der Meldedaten gemäß IfSG; bezogen auf alle Fälle für die Informationen zur Bestimmung der Variante, d.h. diagnostischer Verdacht auf oder Nachweis der VOC, vorlagen, lag der **Anteil von B.1.315 und P.1 in KW26/2021 bei je ca. 0,8%, B.1.617.2 bei nun 55%, der Anteil von B.1.1.7 ist auf 39% gesunken.** Damit überwiegt in den Meldedaten erstmals die Variante B.1.617.2.

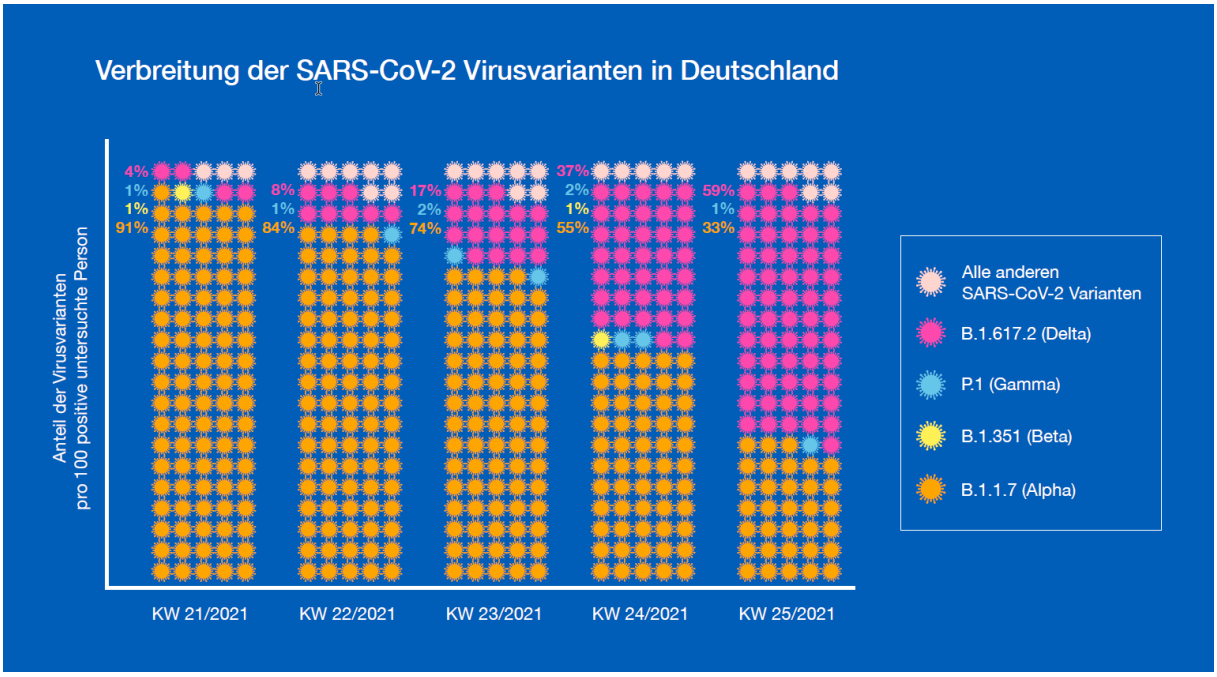


*Abbildung 1 illustriert den relativen Anteil der untersuchten positiven Proben, in denen besorgniserregende SARS-CoV-2-Virusvarianten und andere Varianten nachgewiesen wurden. Die Darstellung basiert auf Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung.*

Der Anteil der Virusvarianten, die als *variants of concern* (VOC) bezeichnet werden liegt weiterhin über 90%. Dies sind Ergebnisse der Analysen der Daten aus Gesamtgenomsequenzierungen für KW25. Ein Vergleich der Erfassungsinstrumente zeigt, dass der Anteil der Variante B.1.617.2 weiterhin stark zunimmt und sich der Anteil dieser VOC wiederum innerhalb einer Woche fast verdoppelte (von 37% auf 59%). Diese starke Zunahme des Anteils der Variante B.1.617.2 geht mit einer leichten Zunahme der Fallzahlen und einem niedrigen einstelligen Niveau der 7-Tage-Inzidenz einher.

Mit dem überwiegenden Anteil von B.1.617.2 Nachweisen in der Stichprobe der Genomsequenzierung ist anzunehmen, dass es sich bei knapp 2/3 der PCR-bestätigten SARS-CoV—2 Fälleum eine Infektion mit der VOC B.1.617.2 und bei 1/3 um eineInfektionmit B.1.1.7 handelt. Die starke Verbreitung der VOC begründen eine variantenspezifische Testung auf besorgniserregende Mutationen und Varianten sowie Gesamtgenomsequenzierung um die Ausbreitung dieser und anderer VOC sowie VOI zu detektieren und Public Health-Maßnahmen entsprechend anzupassen.

# 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 inklusive der ad-hoc Erhebung** 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. **In die Testzahlerfassung dieser Woche ist eine ad-hoc Erhebung eingeschlossen. Diese besteht in derintensivierten Testung auf B.1.617.2 in den beteiligten Laboren, mittels Punkmutationsanalyse für alle eingegangenen SARS-CoV-2 positiven Proben.**
3. Daten zu Fällen mit dem Nachweis einer speziellen Virusvariante, wie B.1.1.7, werden über das **Meldesystem gemäß IfSG** 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. Diese laborexperimentellen Ergebnisse deuten darauf hin, dass nach vollständiger Impfung der Schutz vor Erkrankung durch B.1.617.2 und dem Schutz vor Erkrankung durch B.1.1.7 nahezu gleich hoch ist. Insbesondere besteht nach zweifacher Impfung ein hoher Schutz gegen schwere Verläufe einer B.1.617.2 Infektion. Weitere 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[1]. Dafür spricht auch die zunehmende Verbreitung in Deutschland bei gleichzeitigem Rückgang der Infektionen mit B.1.1.7.

*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 |

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

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 Anteile 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 und AY.2 (B.1.617.2 + Aminosäureaustausch K417N, auch *Delta plus* genannt). Zur Verdeutlichung sind die Anteile der Sublinien in Abbildung 3 dargestellt. In den Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz werden diese Sublinien nicht gesondert erfasst.

**Ebenfalls am 31. Mai 2021 stellte die WHO eine neue Nomenklatur[2] für VOC und VOI vor**, für die 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 (VOI) lag in KW25/2021 bei 3,3 %.

[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 | G142D, E154K, L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H |
| 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*

[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

*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 196.363 SARS-CoV-2-Gesamtgenomsequenzen aus dem Jahr 2021 vor (Datenstand, 05.07.2021, 0:00Uhr). **77.228 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 1.227 Sequenzen aus dem *Labornetzwerk IMS-SARS-CoV-2 (IMSSC2-Netzwerk)* des RKI, während 76.001 Sequenzen via DESH an das RKI übermittelt wurden. Für die Analyse und die zeitliche Einordnung wurde das Datum der Probenentnahme verwendet.

Wie in Tabelle 3 aufgelistet, **ist der Anteil der VOC B.1.1.7 seit KW 21/2021 deutlich gesunken, auf nun 33% in KW 25/2021.** Darin enthalten sind **3 B.1.1.7 positive Proben, die die Mutation E484K aufweisen (1%). Es wurde keine Probe der Linie B.1.1.7 mit der Mutation E484Q detektiert.**
Der Anteil der **VOC B.1.617.2 steigt kontinuierlich weiter an und liegt für die KW 25/2021 bei ca. 59%. Damit verdoppelt sich ihr Anteil nahezu, im Vergleich zu Vorwoche, wie es auch schon in den Wochen zuvor beobachtet wurde.** 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 bis KW 25/2021 nicht in der Stichprobe detektiert, aber vereinzelt in Verdachtsproben (20-mal bis KW 25/2021) nachgewiesen. Die VOC **P.1 hat einen sehr geringen Anteil von 0,2%,** darin enthalten sind die Untervarianten P.1.1 und P.1.2, die in KW25/2021 allerdings nicht in der Stichprobe nachgewiesen wurden. Die **VOC B.1.351 und die Unterlinien** (B.1.351.1/.2 und .3) **wurde in KW25/2021 nicht in der Stichprobe detektiert.**
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).

Die Anzahl der in der Stichprobe detektierten B.1.617.2-Genomsequenzen liegt in den letzten Wochen (KW 20-25) fortwährend zwischen 119 und 321 – unter Berücksichtigung der Nachmeldungen ist ein leichter aber kontinuierlicher Anstieg der VOC B.1.617.2 seit KW11/2021 ablesbar[5]. Im Vergleich dazu geht der stark gestiegene Anteil dieser Variante 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 blieben wie in der Vorwoche auf sehr niedrigem Niveau.

[5] Download Excel-Datei mit Fallzahlen und Anteilen der VOC und VOI für alle KW:
https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/VOC_VOI_Tabelle.html

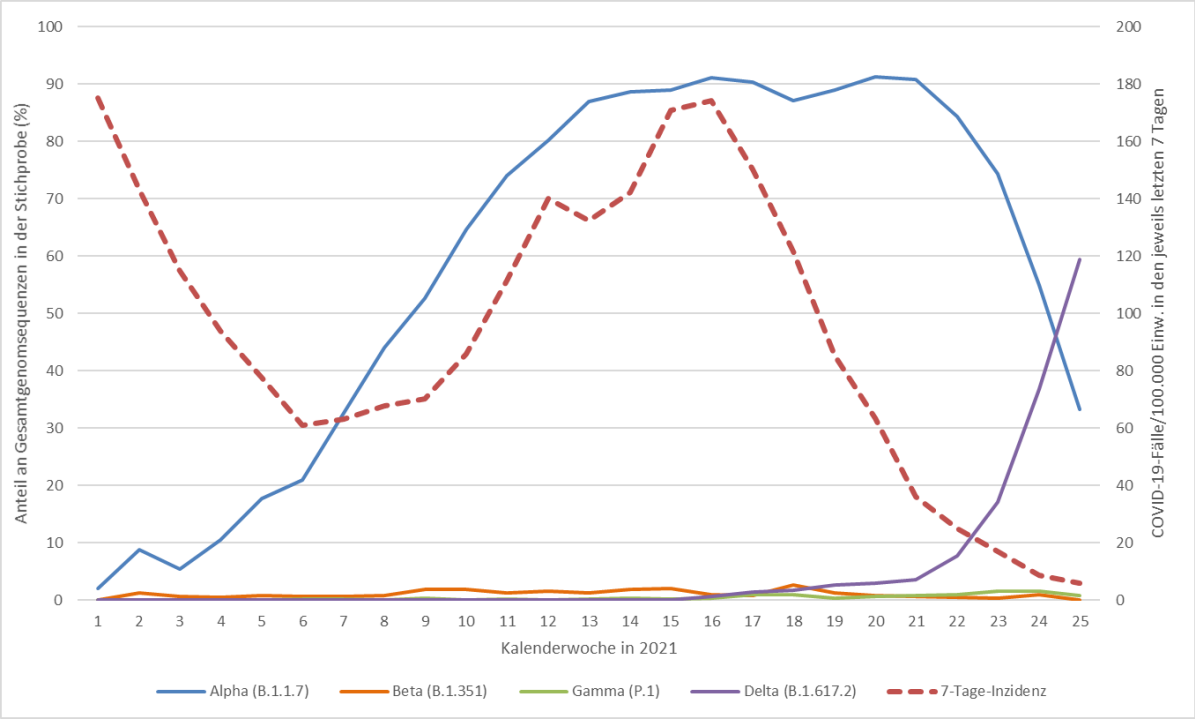


*Abbildung 2: Anteil der VOC in der Stichprobe pro Kalenderwoche in 2021. In Rot zur Einordnung die 7-Tage-Inzidenz aller COVID-19-Fälle für Deutschland. Deutlich zu sehen ist der Abfall des Anteils von B.1.1.7 ab KW21/2021 bei gleichzeitigem Anstieg von B.1.617.2 in der gleichen Kalenderwoche. Seit KW 25/2021 liegt der Anteil von B.167.2 über dem Anteil von B.1.1.7.*

*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 16-25/2021 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 folgende 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:*** *B.1.351.1, B.1.351.2 und B.1.351.3 in B.1.351, P.1.1 und P.1.2 in P.1, sowie AY.1 und AY.2 in B.1.617.2. Die vollständige Tabelle ab KW01/2021 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 % |
|---|---|---|---|---|
| 01-25 | 67,2 | 1,2 | 0,4 | 2,0 |
| 16 | 91,1 | 0,9 | 0,3 | 0,7 |
| 17 | 90,4 | 0,8 | 1,0 | 1,4 |
| 18 | 87,1 | 2,6 | 0,9 | 1,8 |
| 19 | 89,0 | 1,3 | 0,4 | 2,6 |
| 20 | 91,2 | 0,8 | 0,7 | 3,0 |
| 21 | 90,8 | 0,7 | 0,8 | 3,5 |
| 22 | 84,3 | 0,5 | 1,0 | 7,8 |
| 23 | 74,4 | 0,4 | 1,5 | 17,1 |
| 24 | 55,0 | 1,0 | 1,5 | 36,8 |
| 25 | 33,3 | 0 | 0,8 | 59,4 |

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[6] zu finden.
Abbildung 3 zeigt die jeweiligen Anteile von VOC und VOI auf Basis aller zufällig für die Gesamtgenomsequenzierung ausgewählten Proben (Stichprobe). Neben der am häufigsten detektierten Variante B.1.617.2 und der aktuell zweithäufigsten Variante B.1.1.7 machen die anderen VOC und die VOI einen weiterhin geringen Anteil von < 5% 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, sowie die leichte Steigerung des Anteil der VOI-D C.36.3, die in der Stichprobe aus KW 25/2021 insgesamt 10-mal nachgewiesen wurde. Alle anderen VOI wurden im Zeitraum gar nicht oder nur 1- bis 3-mal nachgewiesen.

*Tabelle 4: Zeigt die Anteile der in der Stichprobe detektierten unter Beobachtung stehenden Varianten (VOI). Nicht aufgeführt sind die VOI A.23.1, B.1.324.1, P.2 und P.3, da für diese seit KW16/2021 in Deutschland nicht nachgewiesen wurden (Datenstand 05.07.2021). Die Daten für den gesamten Zeitraum KW 01-25/2021 sind ebenfalls unter www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/VOC_VOI_Tabelle.html abrufbar.*

| KW 2021 | A.27 in % | B.1.1.318 in % | B.1.427 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 % |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 01-25 | 0,3 | 0,9 | 0 | 0 | 0,8 | 0,1 | 0,1 | 0 | 0,2 | 0,1 |
| 16 | 0,2 | 2,3 | 0 | 0 | 1 | 0,1 | 0,2 | 0 | 0,2 | 0,1 |
| 17 | 0,2 | 1,3 | 0 | 0 | 0,9 | 0,1 | 0,4 | 0 | 0,2 | 0,2 |
| 18 | 0,1 | 1,7 | 0 | 0 | 1,5 | 0,2 | 0,4 | 0,1 | 0,4 | 0,1 |
| 19 | 0,1 | 2,3 | 0 | 0 | 0,9 | 0,1 | 0,1 | 0,1 | 0,5 | 0,2 |
| 20 | 0,1 | 0,8 | 0 | 0 | 0,4 | 0 | 0,2 | 0,1 | 0,2 | 0,1 |
| 21 | 0,1 | 0,8 | 0 | 0 | 0,4 | 0,1 | 0 | 0,1 | 0,4 | 0,1 |
| 22 | 0,1 | 0,9 | 0 | 0 | 0,7 | 0,2 | 0 | 0 | 0,5 | 0,4 |
| 23 | 0,1 | 1 | 0 | 0 | 0,8 | 0,1 | 0,1 | 0,1 | 1,3 | 0,1 |
| 24 | 0 | 0,8 | 0 | 0 | 0,9 | 0,1 | 0 | 0 | 1 | 0,1 |
| 25 | 0 | 0,2 | 0 | 0 | 0,2 | 0 | 0,2 | 0,6 | 2,1 | 0 |

Insgesamt (Stichprobe + Verdachtsproben) wurden seit KW01/2021 196.363 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 25/2021** in Deutschland ein **Anteil sequenzierter Proben (Gesamtgenomsequenzierung) an SARS-CoV-2-positiv getesteten Proben von 22%**. Seit KW20 liegt die Anzahl an COVID-Neuinfektionen pro Woche deutlich unter 70.000 und damit 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 24/2021 steigerten den Anteil nachträglich auf 22%. Abbildung 4 zeigt den Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen seit KW01/2021 bis KW25/2021.

[6] https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virologische_Basisdaten_Uebersichtstabelle.pdf
[7] Lagebericht des RKI vom 07.07.2021, abrufbar unter: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html

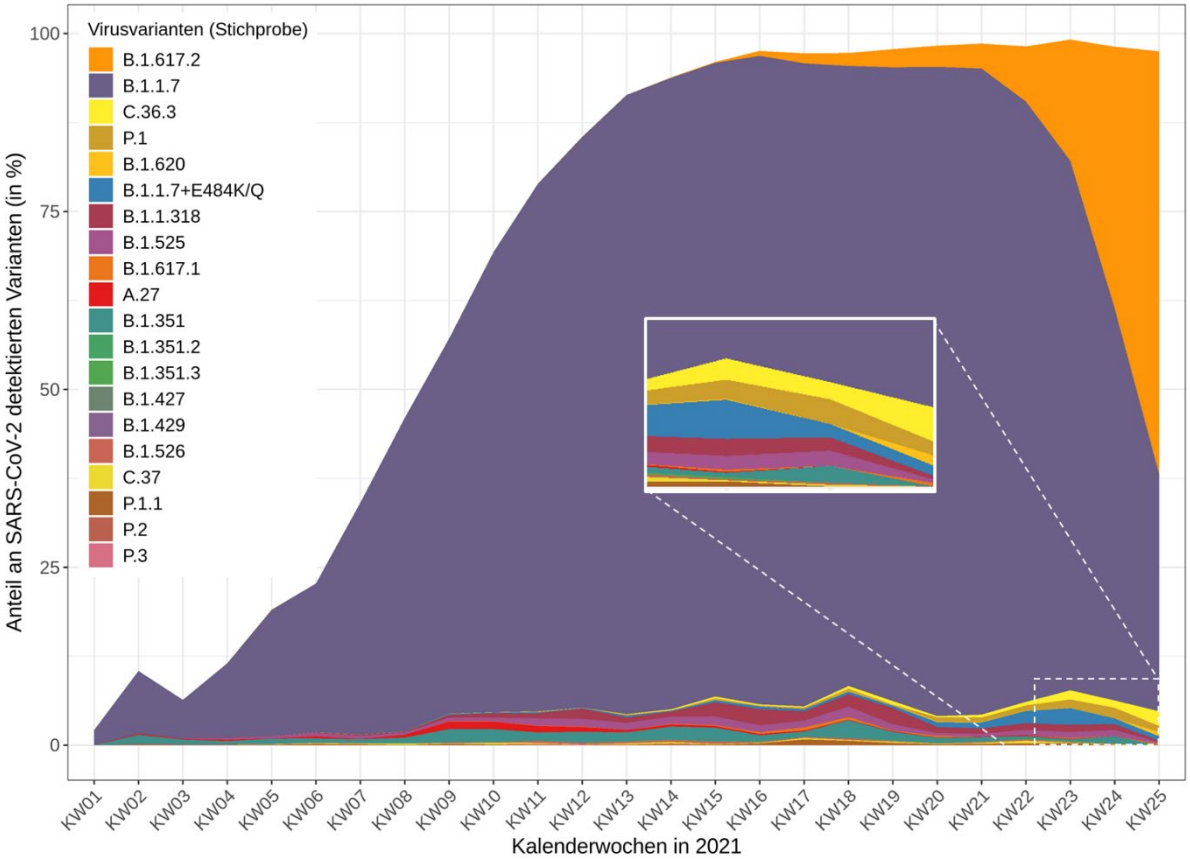


*Abbildung 3: zeigt die prozentualen Anteile der VOC (bezogen auf sequenzierten Anteilen aus (s. Tabelle 2) und VOI (s. Tabelle 4), an allen im Rahmen der zufälligen Auswahl sequenzierten Proben (Stichprobe), absteigend sortiert nach Anteil. Der vergrößerte Ausschnitt im Zentrum der Abbildung soll die Verteilung unter den VOC/VOI mit geringem Anteil (ca. 5%) verdeutlichen.*

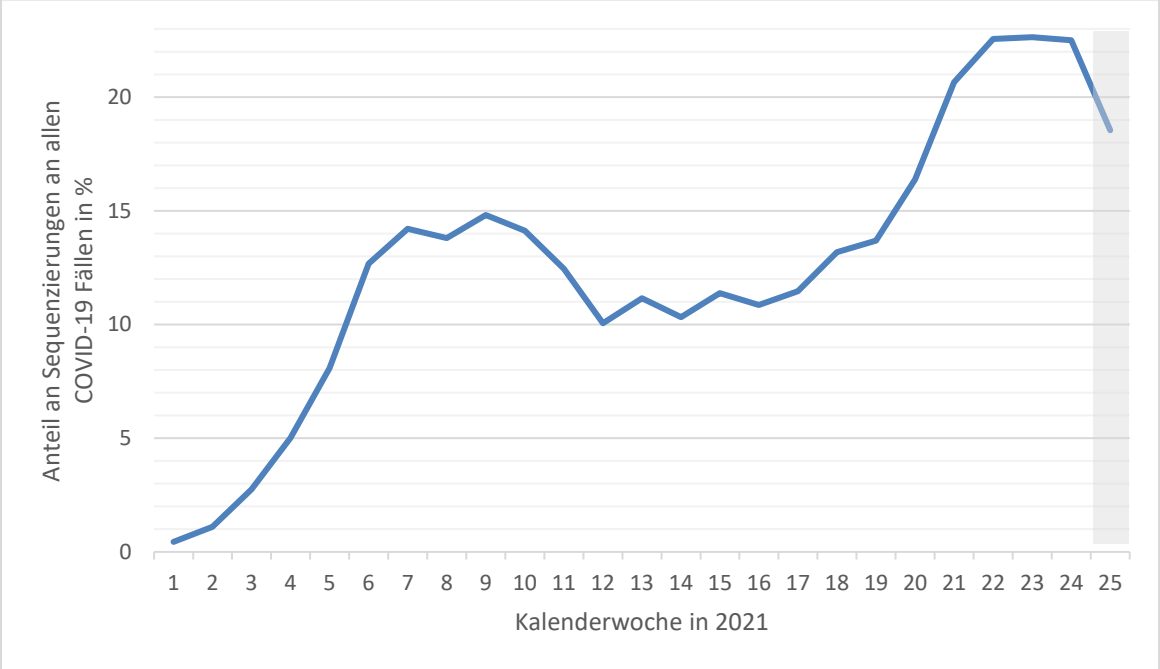


*Abbildung 4: Anteil der Gesamtgenomsequenzierungen an COVID-19 Fällen. Die Abbildung zeigt den Anteil der erfolgreich durchgeführten und übermittelten Gesamtgenomsequenzierungen an der Anzahl der in der jeweiligen KW gemäß IfSG an das RKI gemeldeten COVID-19 Fällen. Für den grau markierten Bereich ist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

## 2. RKI-Testzahlerfassung inklusive ad-hoc Erhebung zu B.1.617.2 (Delta)

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.

Da nicht alle an der Testzahlerfassung beteiligten Labore routinemäßig auf B.1.617.2 (Delta) testen, wurden in KW25/2021 zusätzliche Testungen im Rahmen einer ad-hoc Erhebung durchgeführt, um den Anteil der VOC B.1.617.2 in den SARS-CoV-2-positiven Proben in Deutschland besser zu erfassen. Dabei wurden Proben die den Aminosäure-Austausch (Mutation) E484K im S-Protein nicht aufwiesen (E484K negativ), zusätzliche auf die Mutationen L452R und P681R getestet. Dieses Vorgehen ermöglicht die Feststellung eines starken Verdachtes auf das Vorliegen der VOC B.1.617.2, da, wie aus den Analysen der Gesamtgenomsequenzierungen hervorgeht, in Deutschland nur die Variante B.1.617.2 diese Kombination aus Aminosäure-Austauschen aufweist. Anders als in früheren ad-hoc Erhebungen liegen keine Informationen zu den Patienten, wie Postleitzahl der Meldeadresse vor, so dass keine räumliche Zuordnung erfolgen kann. Eine weitere Erhebung ist für KW 29/2021 geplant.

*Tabelle 5: Anzahl der erfassten VOC (Bestätigung durch Sequenzierung bzw. labordiagnostischer Verdacht aufgrund von variantenspezifischen PCR). Die Daten 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. Eine vollständige Auflistung der Zahlen seit KW02/2021 ist ebenfalls unter www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/NeuartigesCoronavirus/Daten/VOC_VOI_Tabelle.html abrufbar.*

| KW 2021 | Meld-ende 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 |
| 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 | 134 | 22.264 | 90,8% | 21.785 | 88,8% | 197 | 0,8% | 57 | 0,2% | 225 | 0,9% |
| 22 | 132 | 17.133 | 89,6% | 16.617 | 86,9% | 89 | 0,5% | 65 | 0,3% | 362 | 1,9% |
| 23* | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 24 | 132 | 15.722 | 87,2% | 14.149 | 78,4% | 127 | 0,7% | 80 | 0,4% | 1366 | 7,6% |
| 25 | 122 | 4.516 | 82,0% | 3.018 | 54,8% | 42 | 0,8% | 51 | 0,9% | 1405 | 25,5% |
| 26 | 112 | 3.513 | 86,7% | 1.527 | 37,7% | 25 | 0,6% | 23 | 0,6% | 1938 | 47,9% |

Aus KW26/2021 wurden dem RKI insgesamt 4.050 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 4.507 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 25/2021 38%, und nahm damit gegenüber den Vorwochen deutlich ab. **Der Anteil von B.1.617.2 liegt in der Testzahlerfassung nun bei 48%.** Die Anteile der VOC B.1.351 und P.1 (je 0,6%,) blieben konstant auf sehr niedrigem Niveau. Im Gegensatz zu den Vorwochen ermöglicht die Ad-Hoc-Erhebung und die darin enthaltenen spezifische Testung auf B.1.617.2 typische Mutationen eine konkrete Aussage zum Anteil der VOC B.1.617.2 (Delta), die anderen Unterlinien der Gruppe B.1.617 wurde somit nicht erfasst. Aus der Gesamtgenomsequenzierung (siehe Abschnitt 1) ist abzuleiten, 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 06.07.2021 (0:00Uhr) wurden dem RKI **708.093 COVID-19-Fälle mit Angabe der VOC B.1.1.7, 6.421 Fälle der VOC B.1.315, 1.223 Fälle für P.1 und 4.870 Fälle der VOC B.1.617.2** für die Meldewochen (MW) 01-26/2021 in Deutschland übermittelt. Die eingeschlossenen Fälle enthalten sowohl PCR-basierte VOC-Verdachtsfälle als auch Nachweise mittels Teil- und Gesamtgenomsequenzierung. In Tabelle 6 sind die Fälle nach VOC und nach Bundesländern für MW 01-26/2021 aufgeschlüsselt. 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.

Aufgrund von Verzögerungen, die vor allem durch die zusätzlichen Testungen im Rahmen der Genomsequenzierung entstehen, teilweise aber auch durch die anschließenden Meldung der Befunde von den Laboren an die Gesundheitsämter sowie den Nachtragungen der Laborergebnissen könne sich die berichtete Anzahl und Anteile der VOC auch für zurückliegende Wochen im Vergleich zu den Vorberichten ändern.

*Tabelle 6: Dargestellt sind die COVID-19-Fälle, für die eine Untersuchung auf das Vorhandensein von VOC bekannt ist (n= 778.033), für die Meldewoche 01-25/2021, 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 | B.1.1.7 | | B.1.351 | | P.1 | | B.1.617.2 | | Andere Varianten |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Seq. | Verdacht | Seq. | Verdacht | Seq. | Verdacht | Seq. | Verdacht | |
| Baden-Württemberg | 31.275 | 102.997 | 557 | 711 | 176 | 185 | 465 | 492 | 7.095 |
| Bayern | 8.099 | 131.003 | 365 | 787 | 162 | 129 | 285 | 606 | 14.420 |
| Berlin | 1.850 | 25.747 | 68 | 226 | 13 | 5 | 134 | 150 | 1.214 |
| Brandenburg | 1.977 | 17.945 | 29 | 149 | 3 | 7 | 24 | 61 | 855 |
| Bremen | 864 | 5.332 | 11 | 10 | 2 | | 24 | 33 | 385 |
| Hamburg | 2.257 | 8.804 | 30 | 20 | 11 | 7 | 136 | 123 | 710 |
| Hessen | 4.560 | 39.614 | 80 | 409 | 31 | 23 | 255 | 260 | 2.569 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 674 | 8.049 | 22 | 22 | 87 | 137 | 30 | 12 | 1.172 |
| Niedersachsen | 2.528 | 42.060 | 9 | 87 | 2 | 23 | 38 | 216 | 3.109 |
| Nordrhein-Westfalen | 17.928 | 155.445 | 262 | 1.309 | 41 | 106 | 269 | 669 | 4.677 |
| Rheinland-Pfalz | 4.429 | 24.030 | 120 | 189 | 29 | 20 | 67 | 181 | 1.949 |
| Saarland | 1.175 | 4.810 | 80 | 464 | 2 | 2 | 6 | 29 | 239 |
| Sachsen | 5.321 | 20.495 | 32 | 159 | 1 | 2 | 57 | 83 | 14.620 |
| Sachsen-Anhalt | 2.705 | 9.597 | 26 | 120 | 1 | 3 | 17 | 14 | 1.824 |
| Schleswig-Holstein | 1.146 | 7.781 | 3 | 23 | 8 | 2 | 35 | 78 | 1.214 |
| Thüringen | 4.315 | 13.281 | 21 | 21 | 1 | 2 | 12 | 9 | 1.374 |
| **Summe** | **91.103** | **616.990** | **1.715** | **4.706** | **570** | **653** | **1.854** | **3.016** | **57.426** |

*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 23-26/2021 (Datenstand 06.07.2021, 0:00 Uhr).*

| Bundesland | MW23 | | MW24 | | MW25 | | MW26 | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl |
| Baden-Württemberg | 84% | 1.684 | 73% | 699 | 56% | 300 | 45% | 135 |
| Bayern | 87% | 1.606 | 70% | 594 | 58% | 333 | 42% | 123 |
| Berlin | 79% | 237 | 69% | 93 | 46% | 52 | 33% | 16 |
| Brandenburg | 85% | 74 | 87% | 46 | 53% | 19 | 38% | 10 |
| Bremen | 90% | 52 | 55% | 11 | 32% | 8 | 16% | 4 |
| Hamburg | 60% | 84 | 47% | 60 | 35% | 34 | 15% | 9 |
| Hessen | 80% | 393 | 56% | 140 | 37% | 69 | 29% | 39 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 69% | 25 | 32% | 7 | 21% | 4 | 17% | 1 |
| Niedersachsen | 79% | 294 | 64% | 104 | 51% | 47 | 51% | 30 |
| Nordrhein-Westfalen | 89% | 1.596 | 78% | 716 | 61% | 340 | 44% | 168 |
| Rheinland-Pfalz | 85% | 283 | 69% | 123 | 42% | 38 | 23% | 21 |
| Saarland | 91% | 105 | 85% | 29 | 100% | 22 | 40% | 4 |
| Sachsen | 69% | 151 | 55% | 67 | 38% | 28 | 36% | 9 |
| Sachsen-Anhalt | 82% | 54 | 73% | 22 | 90% | 9 | 33% | 3 |
| Schleswig-Holstein | 63% | 66 | 56% | 37 | 26% | 10 | 15% | 3 |
| Thüringen | 89% | 116 | 91% | 41 | 85% | 22 | 83% | 10 |
| Gesamt | **84%** | **6.820** | **70%** | **2.789** | **54%** | **1.335** | **39%** | **585** |

*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 23-26/2021 (Datenstand 06.07.2021).*

| Bundesland | MW23 | | MW24 | | MW25 | | MW26 | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl |
| Baden-Württemberg | 0,1% | 2 | 0,1% | 1 | 0,4% | 2 | 0,3% | 1 |
| Bayern | 0,9% | 16 | 0,5% | 4 | 0,9% | 5 | 0,3% | 1 |
| Berlin | 1,7% | 5 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 2,1% | 1 |
| Brandenburg | 1,1% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Bremen | 0,0% | 0 | 5,0% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Hamburg | 0,0% | 0 | 0,8% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Hessen | 0,4% | 2 | 0,0% | 0 | 0,5% | 1 | 1,5% | 2 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 5,3% | 1 | 0,0% | 0 |
| Niedersachsen | 0,0% | 0 | 0,6% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Nordrhein-Westfalen | 0,3% | 6 | 0,3% | 3 | 0,2% | 1 | 1,3% | 5 |
| Rheinland-Pfalz | 0,9% | 3 | 0,6% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Saarland | 2,6% | 3 | 11,8% | 4 | 0,0% | 0 | 10,0% | 1 |
| Sachsen | 0,9% | 2 | 0,8% | 1 | 0,0% | 0 | 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 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Gesamt | **0,5%** | **40** | **0,4%** | **17** | **0,4%** | **10** | **0,8%** | **11** |

*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 23-26/2021 (Datenstand 06.07.2021).*

| Bundesland | MW23 | | MW24 | | MW25 | | MW26 | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl |
| Baden-Württemberg | 1,9% | 38 | 2,2% | 21 | 2,6% | 14 | 1,7% | 5 |
| Bayern | 1,0% | 19 | 0,7% | 6 | 1,2% | 7 | 0,3% | 1 |
| Berlin | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Brandenburg | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 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 | 1,6% | 8 | 1,2% | 3 | 2,2% | 4 | 0,0% | 0 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Niedersachsen | 0,5% | 2 | 0,6% | 1 | 0,0% | 0 | 3,4% | 2 |
| Nordrhein-Westfalen | 0,4% | 7 | 0,5% | 5 | 0,5% | 3 | 0,8% | 3 |
| Rheinland-Pfalz | 1,8% | 6 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Saarland | 0,9% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 10,0% | 1 |
| Sachsen | 0,5% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Sachsen-Anhalt | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Schleswig-Holstein | 0,0% | 0 | 1,5% | 1 | 2,6% | 1 | 0,0% | 0 |
| Thüringen | 0,8% | 1 | 2,2% | 1 | 0,0% | 0 | 0,0% | 0 |
| Gesamt | **1,1%** | **83** | **1,1%** | **38** | **1,3%** | **29** | **0,9%** | **12** |

*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 23-26/2021 (Datenstand 06.07.2021).*

| Bundesland | MW23 | | MW24 | | MW25 | | MW26 | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl | Anteil | Anzahl |
| Baden-Württemberg | 8% | 159 | 20% | 191 | 37% | 195 | 48% | 144 |
| Bayern | 6% | 120 | 20% | 170 | 34% | 192 | 51% | 149 |
| Berlin | 14% | 42 | 26% | 35 | 51% | 58 | 60% | 29 |
| Brandenburg | 9% | 8 | 13% | 7 | 42% | 15 | 58% | 15 |
| Bremen | 10% | 6 | 35% | 7 | 60% | 15 | 84% | 21 |
| Hamburg | 37% | 52 | 47% | 60 | 60% | 58 | 83% | 49 |
| Hessen | 15% | 72 | 38% | 96 | 60% | 111 | 66% | 90 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 17% | 6 | 55% | 12 | 74% | 14 | 83% | 5 |
| Niedersachsen | 17% | 65 | 31% | 50 | 46% | 42 | 41% | 24 |
| Nordrhein-Westfalen | 6% | 115 | 18% | 165 | 37% | 205 | 52% | 197 |
| Rheinland-Pfalz | 8% | 28 | 22% | 39 | 52% | 47 | 64% | 58 |
| Saarland | 4% | 5 | 3% | 1 | 0% | 0 | 40% | 4 |
| Sachsen | 8% | 18 | 26% | 32 | 51% | 37 | 64% | 16 |
| Sachsen-Anhalt | 3% | 2 | 7% | 2 | 0% | 0 | 56% | 5 |
| Schleswig-Holstein | 29% | 30 | 32% | 21 | 58% | 22 | 80% | 16 |
| Thüringen | 4% | 5 | 2% | 1 | 12% | 3 | 17% | 2 |
| Gesamtergebnis | **9%** | **733** | **22%** | **889** | **41%** | **1.014** | **55%** | **824** |

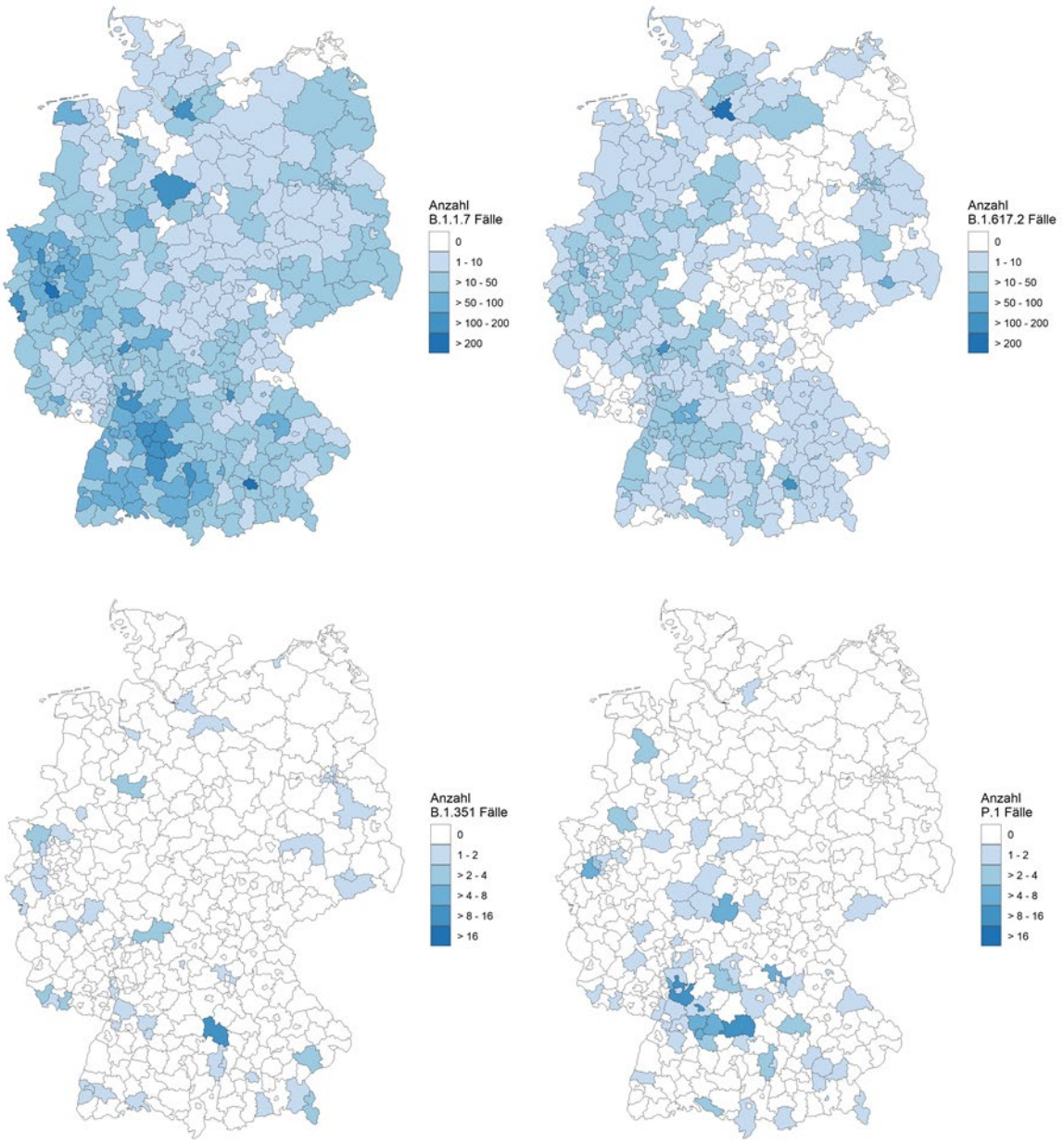


*Abbildung 5: Die Karten stellen für jede der vier VOC (v.l.o.n.r.u. B.1.1.7, , B.1.617.2, B.1.351, P1) die Anzahl der gemeldeten Fälle (Verdachtsfälle oder Nachweise) pro Landkreis, die in den vier Wochen zwischen KW23-26/2021 an das RKI übermittelt wurden (Datenstand: 06.07.2021). Wichtig ist zu beachten, dass für B.1.1.7 und B.1.617.2 die Farbskala auf Grund der hohen Fallzahlen anders als bei den VOC P.1 und B.1.351 gehalten ist.*

Auch die Meldedaten gemäß IfSG zeigen, dass die VOC B.1.617.2 nun in Deutschland die dominierende SARS-CoV-2-Virusvariante ist. Sie wurde in den vergangenen vier Wochen (MW23-26) in allen Bundesländern nachgewiesen, zu 3.460 Fällen liegen in diesem Zeitraum Informationen aus dem Meldesystem vor. Die absolute Zahl an B.1.617.2-Fällen hat zugenommen, und stieg in MW25 bis auf 1.014 Fälle an (unter Berücksichtigung von Nachmeldungen). Wie in Abbildung 6 dargestellt, haben die Fallzahlen für B.1.1.7 wie auch die Gesamtzahl der Fälle in Deutschland in den vergangenen Wochen stark abgenommen. Tabelle 11 zeigt die auf Basis der Stichprobe aus der Genomsequenzierung abgeleiteten 7-Tages-Inzidenzen für die Varianten B.1.1.7 und B.1.617.2. Darauf basierend kann wochenweise ein R-Wert für beide VOC geschätzt werden. Dieser geschätzte R-Wert liegt für B.1617.2 seit MW23 20% bis 100% höher als für B.1.1.7. Auf Grund der geringen Fallzahlen sind diese Schätzungen mit hoher Unsicherheit behaftet.

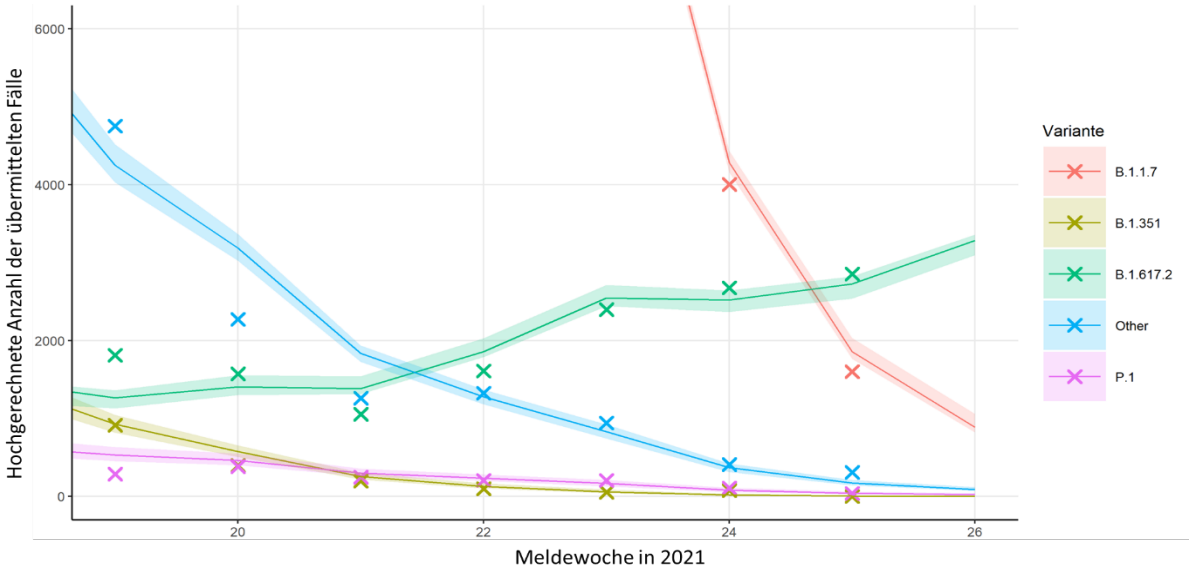


*Abbildung 6: zeigt den Verlauf der hochgerechneten Fallzahlen für die VOCs zwischen MW19-25/2021 und Extrapolation für MW26/2021 auf Basis der Daten aus der Stichprobe der Genomsequenzen. Die Linien für die einzelnen Varianten zeigen einen geglätteten Verlauf, der mit einem multinomialen Modell berechnet wurde. Deutlich zu erkennen ist der exponentielle Abfall von B.1.1.7 sowie der konstante Anstieg von B.1.617.2. Zu beachten ist, dass der Verlauf von B.1.1.7 auf Grund der Achsenbeschränkung (y-Achse nur bis 6.000 Fälle) erst ab MW24/2021 abgebildet ist. Der exponentielle Abfall dieser VOC in den Vorwochen ist in Abbildung 2 in Gänze erkennbar.*

*Tabelle 11: Auf Basis der Stichprobe der Genomsequenzierung wurden für die Gesamtfallzahlen die 7-Tage-Inzidenzen (SARS-CoV-2 Fälle/100.000 Einwohner in den vergangenen 7 Tagen) für die Varianten B.1.1.7 und B.1.617.2 für die MW219-26/2021 geschätzt.*

| | MW19 | MW20 | MW21 | MW22 | MW23 | MW24 | MW25 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **7-Tages-Inzidenz B.1.1.7** | 76,1 | 58,0 | 32,8 | 21,2 | 12,6 | 4,8 | 1,9 |
| **7-Tages-Inzidenz B.1.617.2** | 2,2 | 1,9 | 1,3 | 2,0 | 2,9 | 3,2 | 3,4 |

Von den in MW23-26 übermittelten B.1.617.2 Fällen haben 10% eine mögliche Exposition im Ausland angegeben. Der Anteil ist damit im Vergleich zur Vorwoche sehr leicht gestiegen. Die meistgenannten Länder waren, die Russische Föderation (n=72), Spanien (n=47) und Afghanistan (n=29).
In MW 23-26 wurden die meisten Ausbrüche im privaten Haushalt, dem Arbeitsplatz und in Schulen detektiert, sowohl für B.1.1.7 als auch für B.1.617.2 (Abbildung 8). Die absolute Zahl von Fällen in Ausbrüchen ist für B.1.617.2 nach wie vor geringer als für B.1.1.7. Für B.1.1.7 sind im genannten Zeitraum ca. 2.200 Fälle auf Ausbrüche zurückzuführen, für B.1.617.2 ca. 1.100. Der Anteil an ausbruchsbezogenen Fällen mit B.1.617.2 höher ist als für B.1.1.7 (32% vs. 19%), was durch intensivierte Untersuchungen bei Geschehen mit dieser Variante bedingt sein kann.

In MW23-26 wurden 352 B.1.617.2-Fälle und 526 B.1.1.7-Fälle als hospitalisiert übermittelt. Dies sind 7,2 % bzw. 4,6% der jeweils übermittelten COVID-19-Fälle. Der Anteil der 15-59-Jährigen mit B.1.617.2 Infektion ist gegenüber Fällen mit der Variante B.1.1.7 erhöht (Abbildung 9). Unter den wenigen hospitalisierten Fällen der letzten Meldewochen, befinde sich nur sehr wenige Fälle mit Impfdurchbrüchen, so dass aktuell keine variantenspezifischen Aussagen zur Impfeffektivität abgeleitet werden können. Informationen und Angaben zur Anzahl und Anteilen von gemeldeten Impfdurchbrüchen bei B.1.617.2 und B.1.1.7 finden sich im aktuellen Lagebericht[7] des RKI.

[7] Lagebericht des RKI vom 07.07.2021, abrufbar unter:
https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html

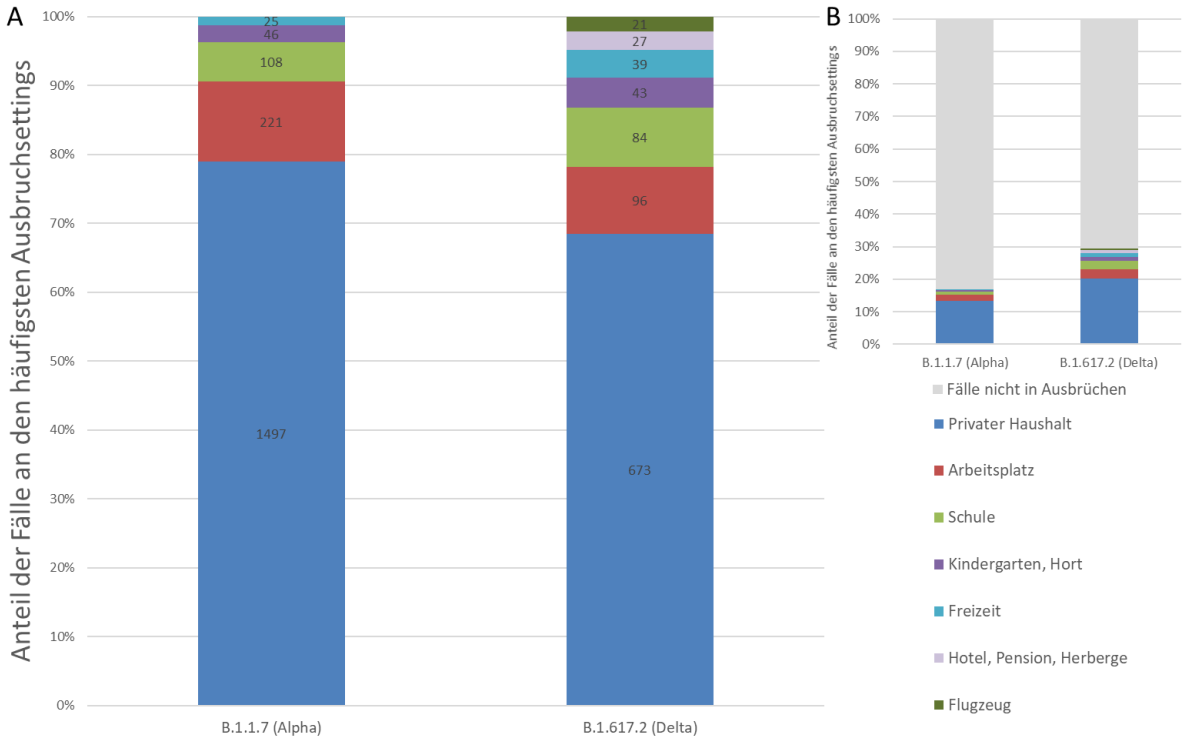


*Abbildung 7: Ausbrüche in privaten Haushalten sind die häufigsten Settings für Infektionen mit B.1.1.7 oder B.1.617.2 in MW 23-26, gefolgt von Ausbrüchen am Arbeitsplatz und in Schulen (A). Genannt sind die Fallzahlen innerhalb dieser Settings. Mit ca. 2200 Fällen (19% von allen B.1.1.7 Fällen) liegt die absolute Zahl an Fällen in Ausbruchsettings höher als bei Delta (1110 Fälle, 32% aller B.1.617.2 Fälle), der Anteil an Fällen in Ausbrüchen ist geringer. Der größte Anteil an Alpha- und Delta-Fällen kann keinem Ausbruch zugeordnet werden (B).*

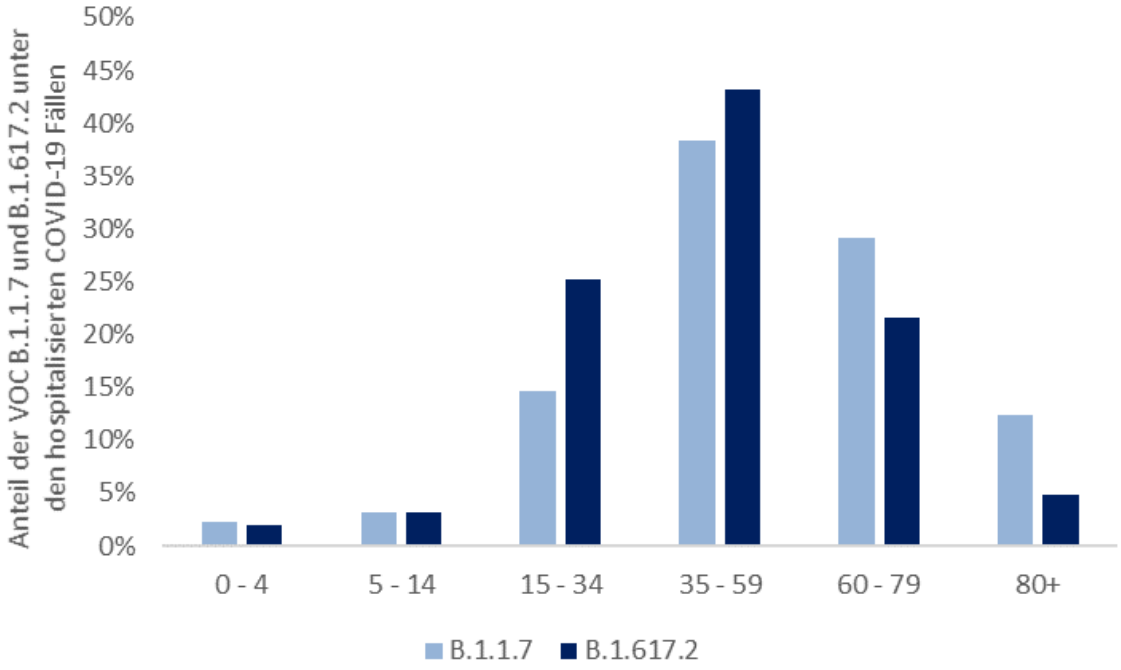


*Abbildung 8: In MW 23-26 wurden für 7,2% der B.1.617.2 (Delta)-Fälle und 4,6% der B.1.1.7 (Alpha)-Fälle die Hospitalisierung gemeldet. Der Anteil der Fälle ohne Angaben ist vergleichbar, mit 17% und 15%. Der Anteil der 15-34-jährigen unter den als hospitalisiert übermittelten Fällen liegt für B.1.617.2 bei 25%, für B.1.1.7 bei 15%.*

## 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.