

## Celogenomová sekvenace v ČR 2021 – souhrnná zpráva NRL k 15. 5. 2021

K 14.5.2021 bylo za ČR osekvenováno a do GISAID vloženo 2698 celogenomových sekvencí. Za rok 2021 bylo vloženo do GISAID databáze 2098 sekvencí, a celkem vydáno 2 853 celogenomových sekvencí.

Lze konstatovat, že stále přetrvává dominance britské varianty B.1.1.7.

V rámci sledování alertních variant bylo celkem v několika nezávislých klastrech a v několika sekvenčních centrech potvrzeno 53 případů importu B.1.351 (JAR varianty).

V NRL byly potvrzeny 3 případy importu B.1.1.318 (varianta nesoucí escape mutaci E484K a mutaci v oblasti furinového štěpného místa P681H).

V NRL byly potvrzeny WGS 3 případy onemocnění B.1.617.1 (indická varianta), epidemiologické šetření probíhá.

V rámci PCR vyšetření v NRL a parciální sekvenace ve FN Motol lze vyslovit suspekci na 25 případů linie B.1.617.X, v ZUOVA je vysloveno podezření na klast B.1.351 na Opavsku. Šetření epidemické situace probíhá.

Byly potvrzeny 3 případy B.1.1.318 (varianty nesoucí mutace E484K a P681H).

V NRL evidujeme stále detekci variant B.1.617.x detekovaných bez podnětu vyplývajícího z epidemického šetření, což je v souvislosti se situací ve světě alarmující zjištění, stále tedy platí důraz na došetřování pozitivních záchytů PCR diskriminačními soupravami, a to především těmi, které umožňují detekci mutací na pozicích 452, 484, 501, 681 (L452R, E484R/Q, N501Z/T, P681H/R).

NRL podporuje opatření, která brání importu nových variant, nesoucí znaky rychlé transmisibility a úniku před protilátkami.

Toto stanovisko je zcela podpořeno nálezy ve Spojeném království (UK), kde dominující variantu B.1.1.7 postupně vytěsňuje varianta B.1.617.2. Rovněž globální situace (dle zprávy WHO viz obr. 3 až 5) podporuje nutnost nastavení takových opatření, aby bylo minimalizováno šíření nových alertních variant.

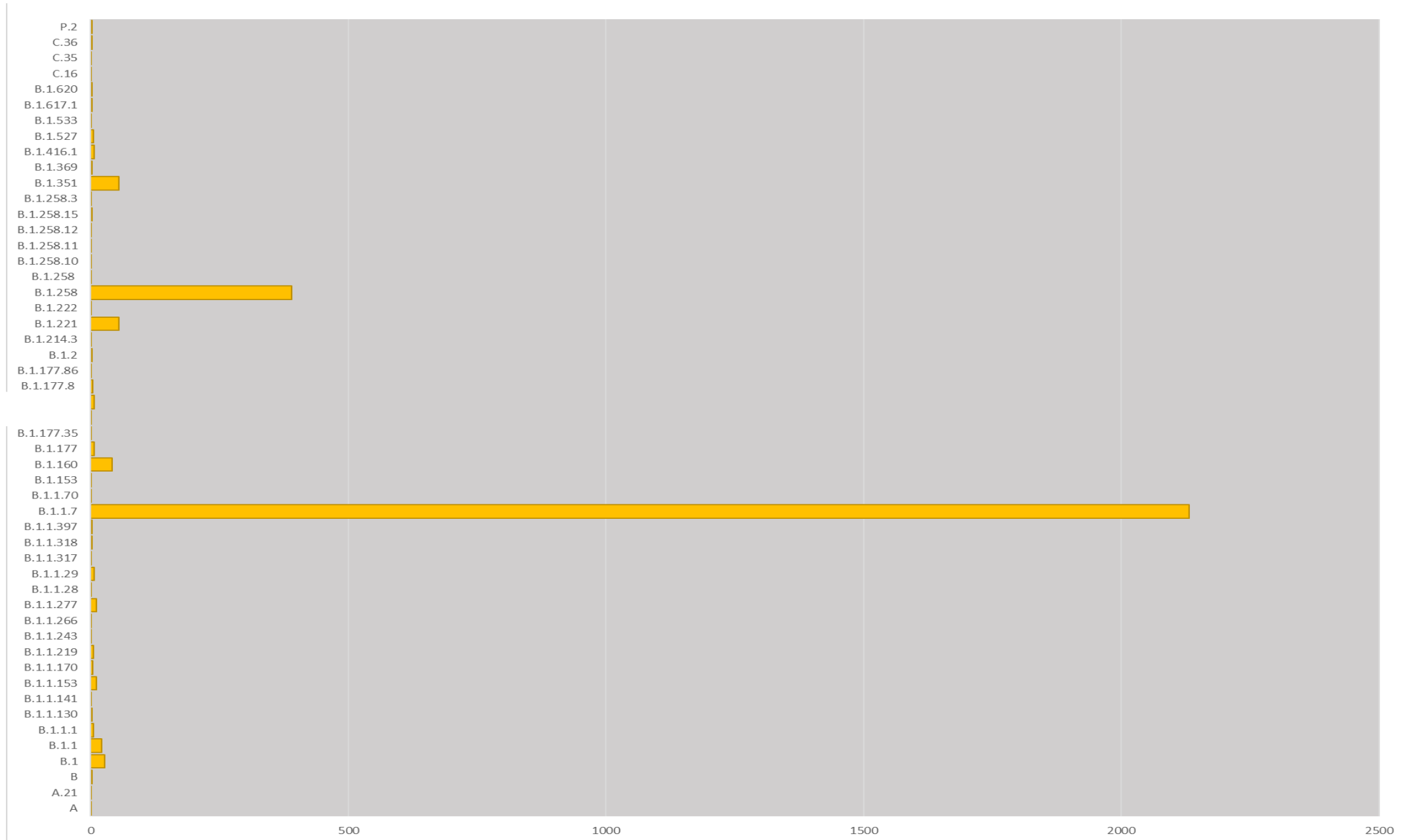
RNDr. Helena Jiřincová, NRL pro chřipku a nechřipková respirační onemocnění SZU, Praha

# Tabulka 1: Aktuální přehled variant a mutací zájmu

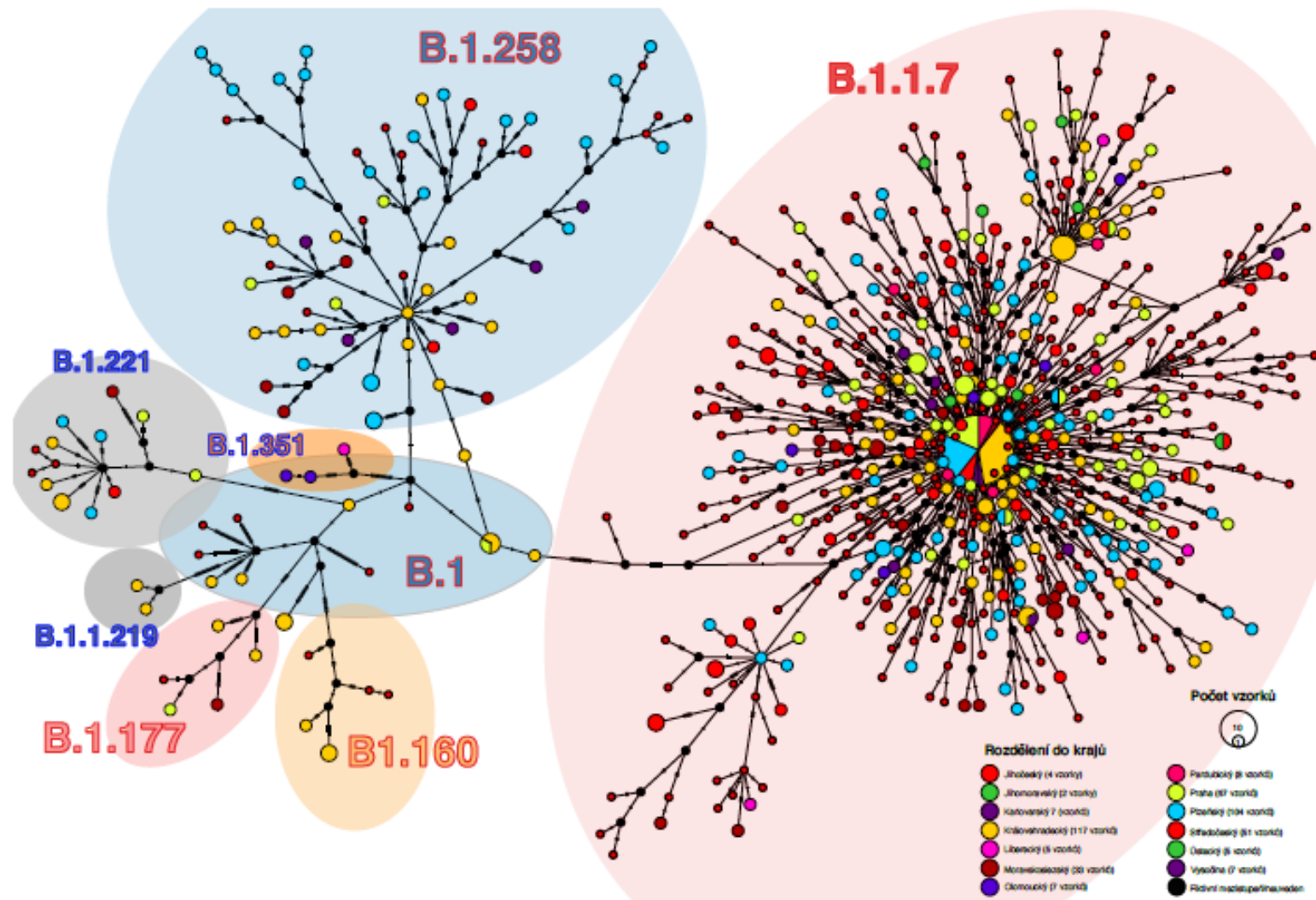
NLČP klíče a kódy pravidelně AKTUALIZOVÁNY uveřejněny zde: <https://dastacr.cz/SARS-CoV-2.html>

NČLP klíč		51354	50793	50811	50813	50795	51352	51350	51339	50791	50797	50815	50785	51346	50799	51348	50807	50837	50789	50907	50809	51344	50839
NČLP kód		W152C	K417N	K417T	L452R	N439K	T478R	T478K	E484Q	E484K	N501Y	N501T	A570D	H655Y	P681H	P681R	A701V	V1176F	Del69-70	Del141-143	Del144	Del145-146	F888L
Varianty - původ - první detekce	Pangolin lineage	W152C	K417N	K417T	L452R	N439K	T478R	T478K	E484Q	E484K	N501Y	N501T	A570D	H655Y	P681H	P681R	A701V	V1176F	del 69,70	del 141-143	del 144	del Y145-H146	F888L
Vlastnosti		esc NTD	ans/escap	trans	esc				esc	esc	trans	trans	?	trans?	trans?	trans?	trans?	mortalita	esc	esc	esc	-	?
Britská	B.1.1.7		-	-	-	-	-	-	-	-/+	+	-	+	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-
JAR	B.1.351		+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
Brazílská	B.1.1.28		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Brazílská ex manaus	P.1		-	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
UK/Nigerie	B.1.525		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+
Jižní Amerika	B.1.526				-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
NY	B.1.526.1				+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
tzv. "česká" ale nečeská!	B.1.258		-	-	-	+/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-
19B (D614)	A.27		-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
19B (D614)	A.28		-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kalifornie	B.1.427		-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kalifornie (+transmisibilita)	B.1.429	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nigerie - no transission	B.1.207		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
Brazílská	P.2 (B.1.1.248)		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
Liverpool	A.23.1		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
UK/Florida	B.1.1.318		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-
Filipíny	P.3		-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-
UK Antigua	B.1.324.1		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Indie	B.1.617		-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Indie	B.1.617.1		-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
Indie	B.1.617.2		-	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
Indie	B.1.617.3		-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
Indie (Bengálsko, říjen 2020)	B.1.618		-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
Tanzánie	A.VOI.V2 (A.23.1)		-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-

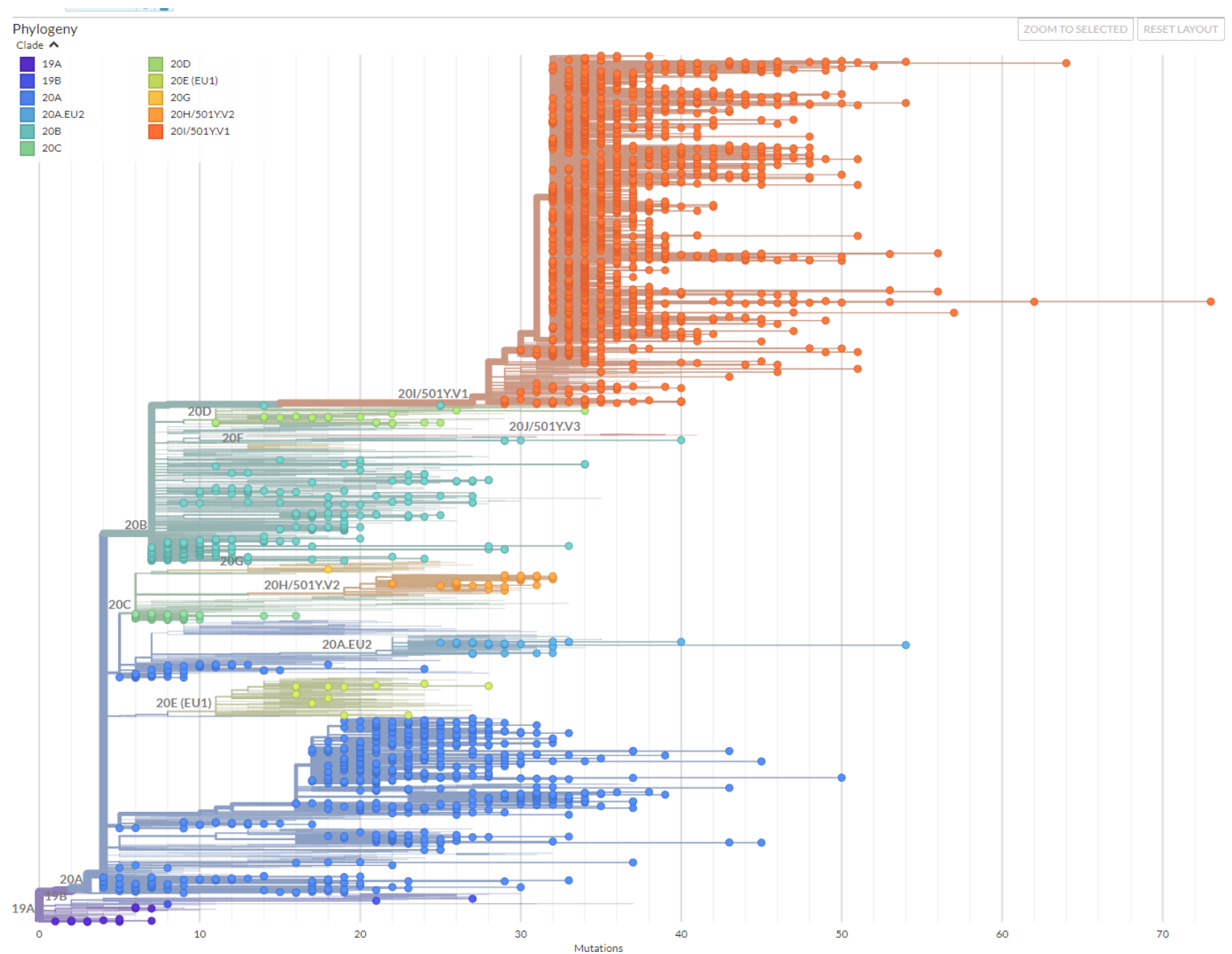
# Graf 1: Přehled zastoupení linií detekovaných v ČR (2 853 WGS rok 2021)



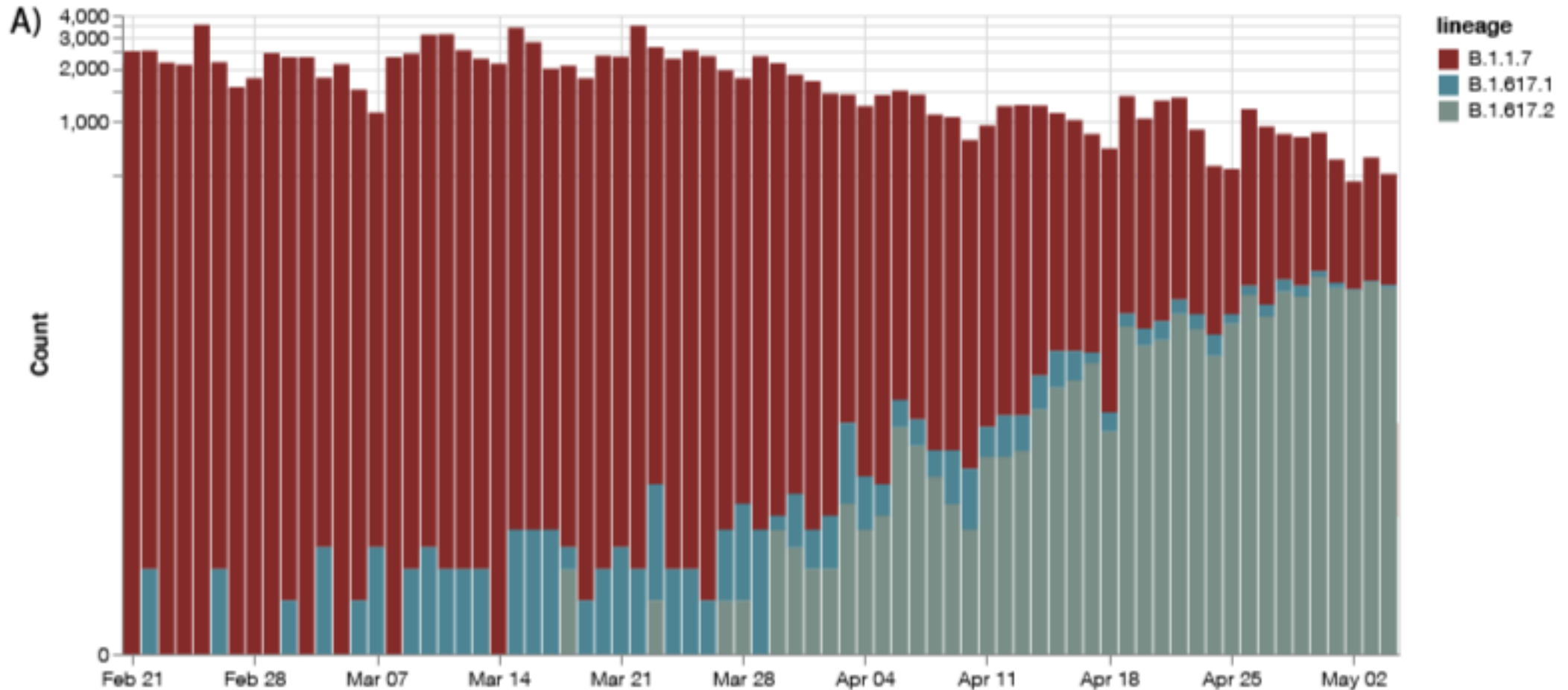
Obr. 1: Haplotype network analyses variant SARS-CoV-2 v ČR  
 (ze zprávy COG-CZ)



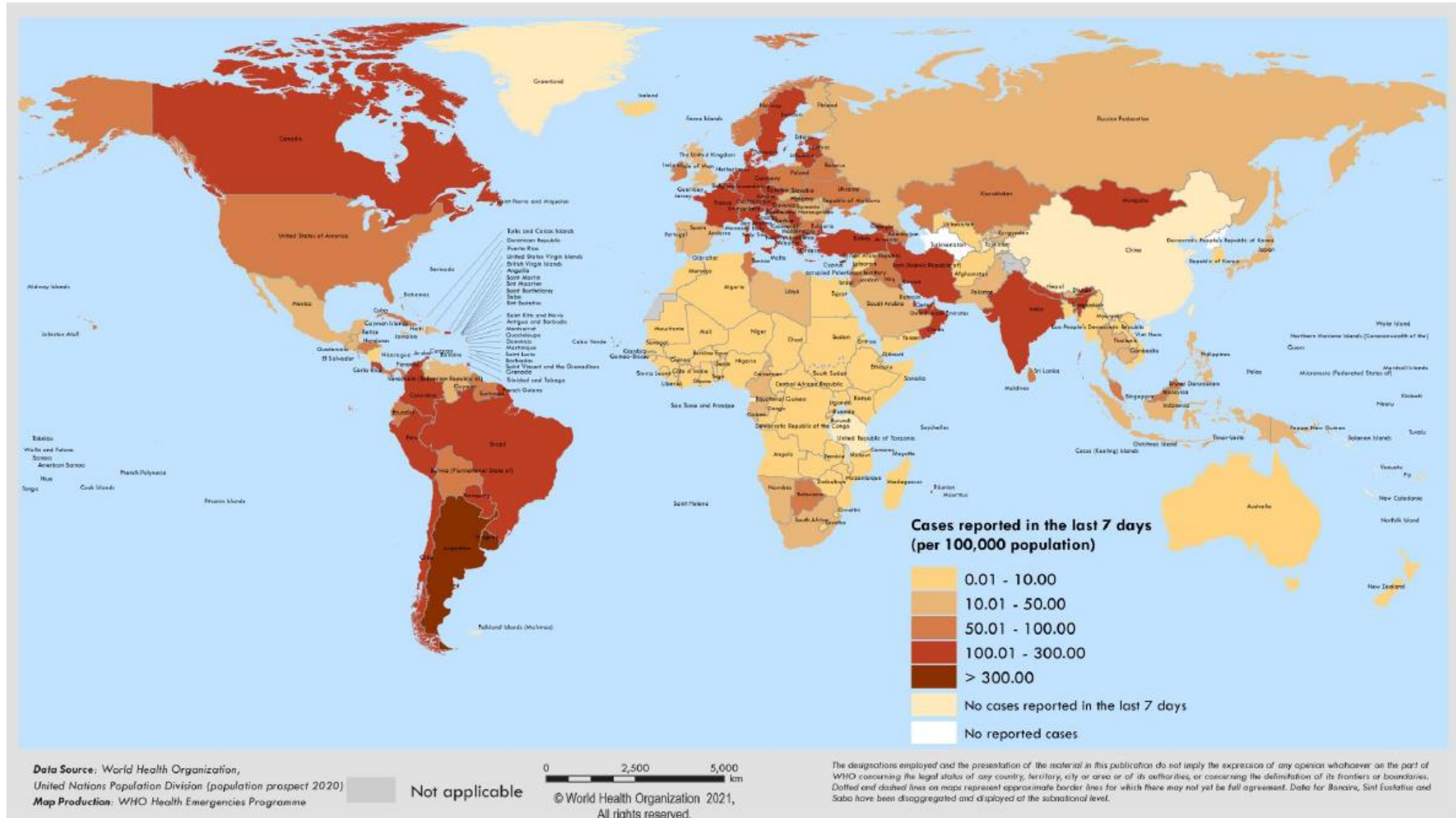
Obr.2:  
Fylogenetická  
analýza WGS  
2020/21  
Celkem 2690  
  
(Nextclade)



Graf 2: Šíření indické varianty B.1.617.2 v UK (ze zprávy COG UK)

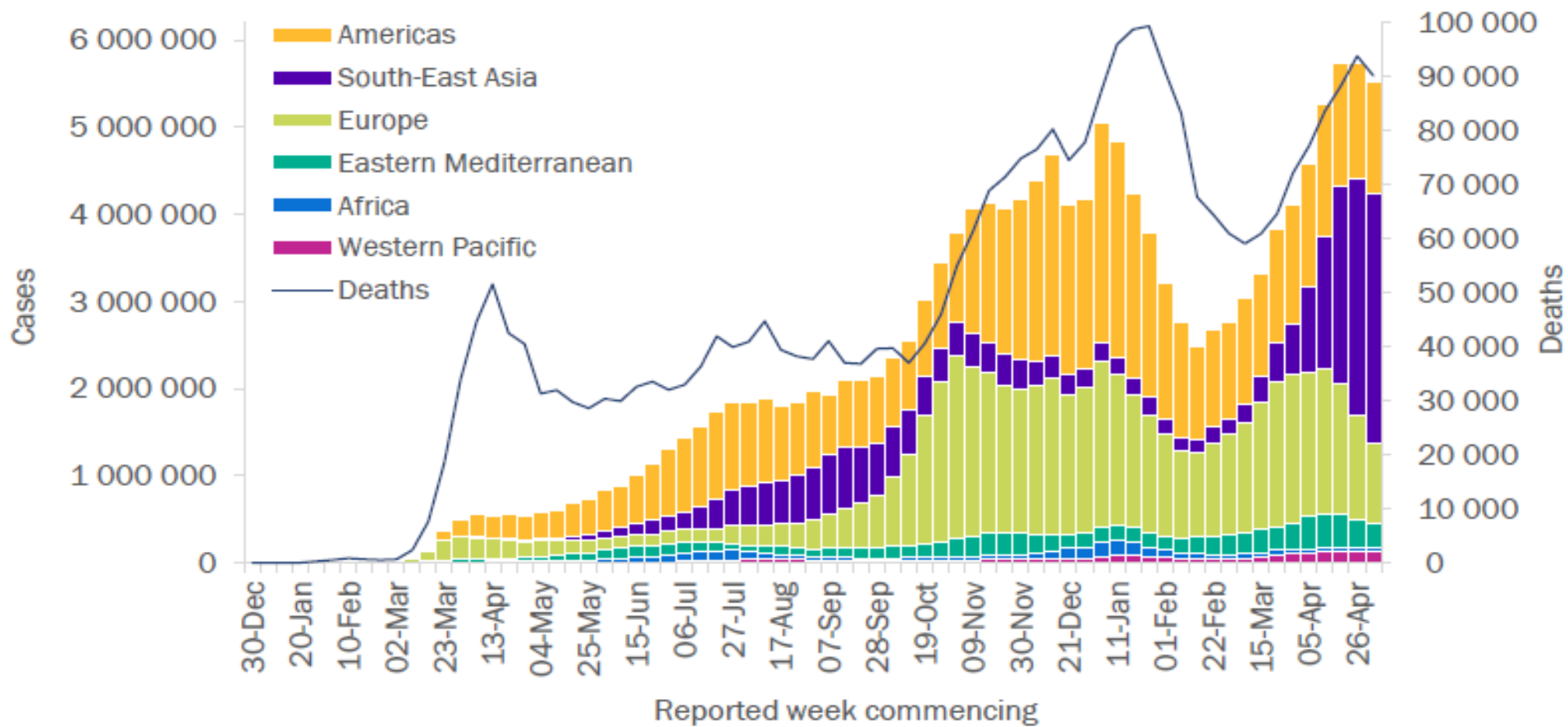


# Obr. 3: Pozitivní případy detekce SARS-CoV-2 na 100 000 obyvatel dle WHO zprávy k 9-05-2021



# Obr. 4: Globální přehled detekce SARS-CoV-2 za rok 2021

dle WHO zprávy k 9-05-2021





# Obr. 5: Země s potvrzenou detekcí indické varianty B.1.617.x (dle WHO zprávy k 9-05-2021)

