

## Celogenomová sekvenace v ČR 2021 – souhrnná zpráva NRL k 21. 5. 2021

K 21.5.2021 bylo za ČR osekvenováno a do GISAID vloženo 2739 celogenomových sekvencí. Za rok 2021 bylo vloženo do GISAID databáze 2139 sekvencí, a celkově bylo získáno 2 911 celogenomových sekvencí. V 5 případech se jedná o vzorky živočišného původu (nákaza v ZOO, dvě gorily, tři kočkovité šelmy, vždy B.1.1.7) a ve dvou případech o vzorky z odpadních vod, opět detekována B.1.1.7 (Institute for Water Quality and Resource Management, Technical University Vienna). Navíc bylo v rámci přeshraniční spolupráce se Saskem osekvenováno 532 vzorků z Masarykovy nemocnice Ústí nad Labem (MNUL) a Krajské nemocnice Liberec (KLN). Tato spolupráce byla zahájena na konci února 2021 a pouze několik vzorků z února nespadlo do B.1.1.7 linie (viz. obr 2 až 4).

V rámci sledování alertních variant bylo celkem v několika nezávislých klastrech a v několika sekvenčních centrech potvrzeno a v GISAID publikováno 53 případů importu B.1.351 (JAR varianty), nově eviduje NRL 2 potvrzené případy B.1.351 z Moravskoslezského kraje, lze tedy potvrdit, že klastry v tomto kraji jsou opravdu důsledkem rozšíření jihoafrické varianty B.1.351.

V NRL byly potvrzeny 3 případy importu B.1.1.318 (varianta nesoucí escape mutaci E484K a mutaci v oblasti furinového štěpného místa P681H), další import této varianty nebyl zaznamenán.

V NRL byly potvrzeny celogenomovou sekvenací další případy onemocnění B.1.617.x (celkem 13 vzorků –indická varianta), kromě tří vzorků B.1.617.1 již publikovaných v GISAIDU, evidujeme ještě jednu sekvenčně potvrzenou B.1.617.1 a dalších devět sekvenačně potvrzených B.1.617.2. Varianta B.1.617.2 je dominantní variantou v JV Asii (Indie, Nepál) a je v současnosti v centru pozornosti z hlediska transmisibility a možnosti úniku před ochranou vakcinací. Epidemiologické šetření probíhá, alarmující skutečností jsou komunitní záchyty bez návaznosti na import.

V rámci PCR vyšetření v NRL a parciální sekvenace ve FN Motol lze vyslovit suspekci na 27 případů linie B.1.617.X, a ve 13 případech podezření na B.1.351. Kromě klastru v Moravskoslezském kraji evidujeme jedno úmrtí (ročník 1943) a 2 komunitní záchyty v Praze. Recentně evidujeme 3 suspektní PCR nálezy (2 x detekce v rámci předoperačního vyšetření a 1 x detekce v pitevním materiálu).

## Souhrn situace:

ČR se v rámci surveillance SARS-CoV-2 soustřeďuje na monitoring šíření a importu nových variant viru v ČR. V ČR je uplatňována surveillance na základě rychlé PCR diagnostiky, kdy NRL, která je WHO uznána jako SARS-CoV-2 referenční laboratoř, doporučuje soustředit se na fenotypově významné mutace. Tedy mutace, které vedou k vytvoření tzv. escape variant či variant s vyšší transmisibilitou. Jedná se především o sledování tzv. hot spot pozic ve vazebné doméně spike proteinu a v oblasti, která je zásadní pro rychlý vstup do buňky (furinové štěpné místo) tedy pozice 452, 484, 501, 681, případně 417, 478. Na území ČR jsou 4 výrobci PCR souprav, kteří kromě základní diagnostiky věnují úsilí i na výrobu souprav umožňující detekci těchto mutací. Nedílnou součástí surveillance variant je celogenomová sekvenace. Od ledna zvyšujeme kapacity celogenomové sekvenace vlastními silami, a současně využíváme ECDC/PHE celogenomové sekvenační podpory. V rámci přeshraniční spolupráce se Saskem využíváme celogenomové sekvenační kapacity nabídnuté Saskem (jedná se o Liberecký a Ústecký kraj). ČR je zapojena do EWRS systému, který je považován za důležitý nástroj pro mitigaci šíření variant SARS-CoV-2. Současně se tvoří síť NGS surveillantních laboratoř a síť sekvenačních center. Tato síť je zaměřená na náhodnou surveillance s cílem sekvenovat až 5% pozitivních vzorků. NRL klade důraz na cílenou sekvenci v následujících případech - selhání vakcinace, reinfekce, sledování klastrů, těžkých onemocnění u osob mladších 50 let věku případně jakýchkoli atypických nálezů.

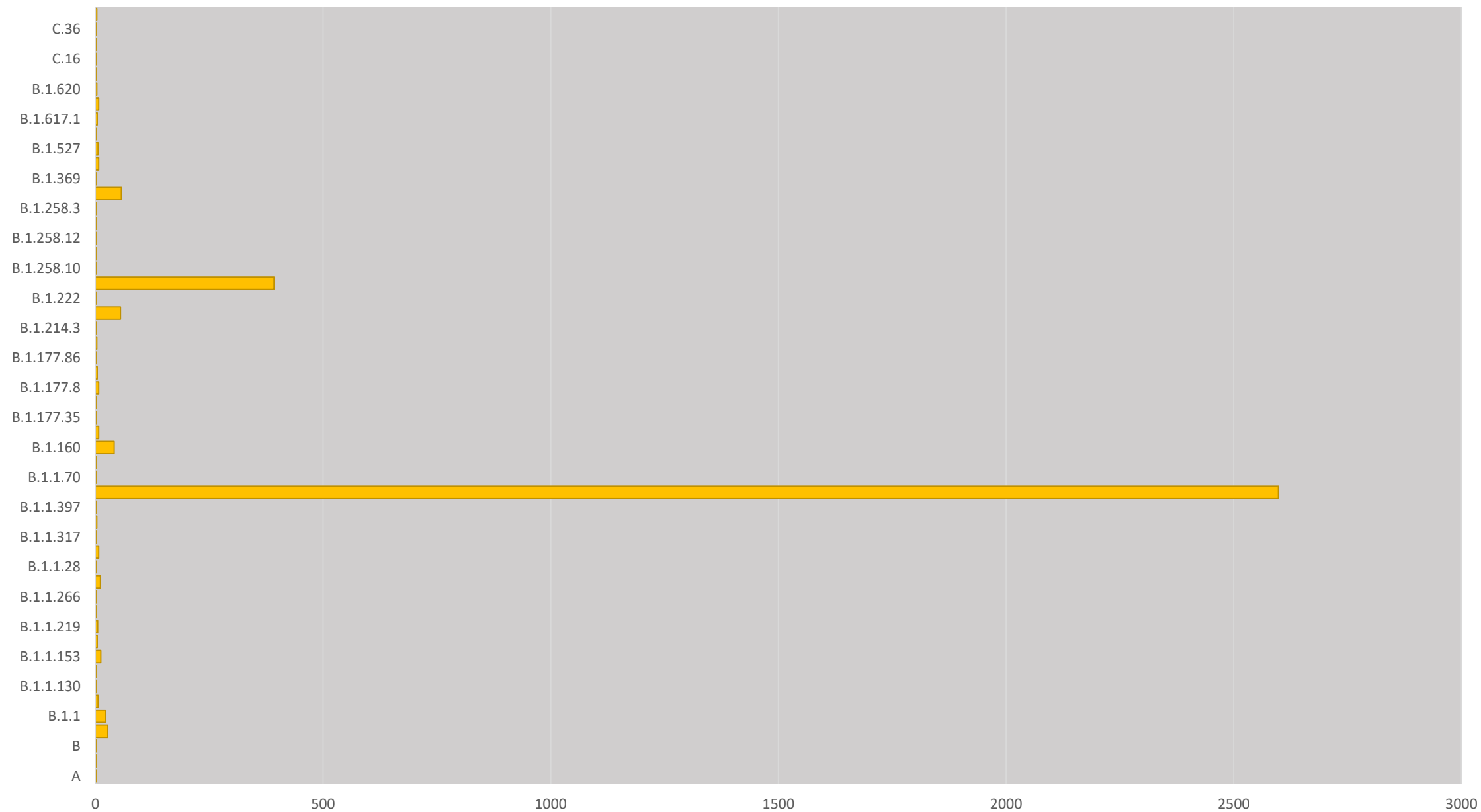
V ČR je stále majoritní B.1.1.7, britská varianta, nicméně, celogenomovou sekvenací jsou potvrzeny 4 případy indické varianty B.1.617.1 a 9 případů VOC B.1.617.2. Během dubna/května byly potvrzeny 3 případy importu B.1.1.318. Především detekce B.1.617.2 v rámci komunitního šíření je alarmující zjištění. Proto je třeba přistupovat s maximální mírou obezřetnosti k možnostem vzájemného importu nežádoucích variant, které by mohly mít za následek další pandemickou vlnu. Proto se NRL staví za zachování karanténních opatření, požadavků negativního testu v rámci příjezdu/příletu osob z cizích zemí a podporuje tato opatření i u našich občanů v jiných zemích EU, vzhledem k tomu, že stále existuje možnost tvorby variant, které unikají před protilátkovou obranou navozenou předchozím onemocněním či vakcinací.

Rovněž v zemích EU/EEA je dominantní B.1.1.7.

Objem a podíl osekvenovaných vzorků v těchto zemích (GISAID a TESSY data) k 18. KT je uveden na obrázku 5.



# Graf 1: Přehled zastoupení linií SARS-CoV-2 ČR



Filtered to New (2746)

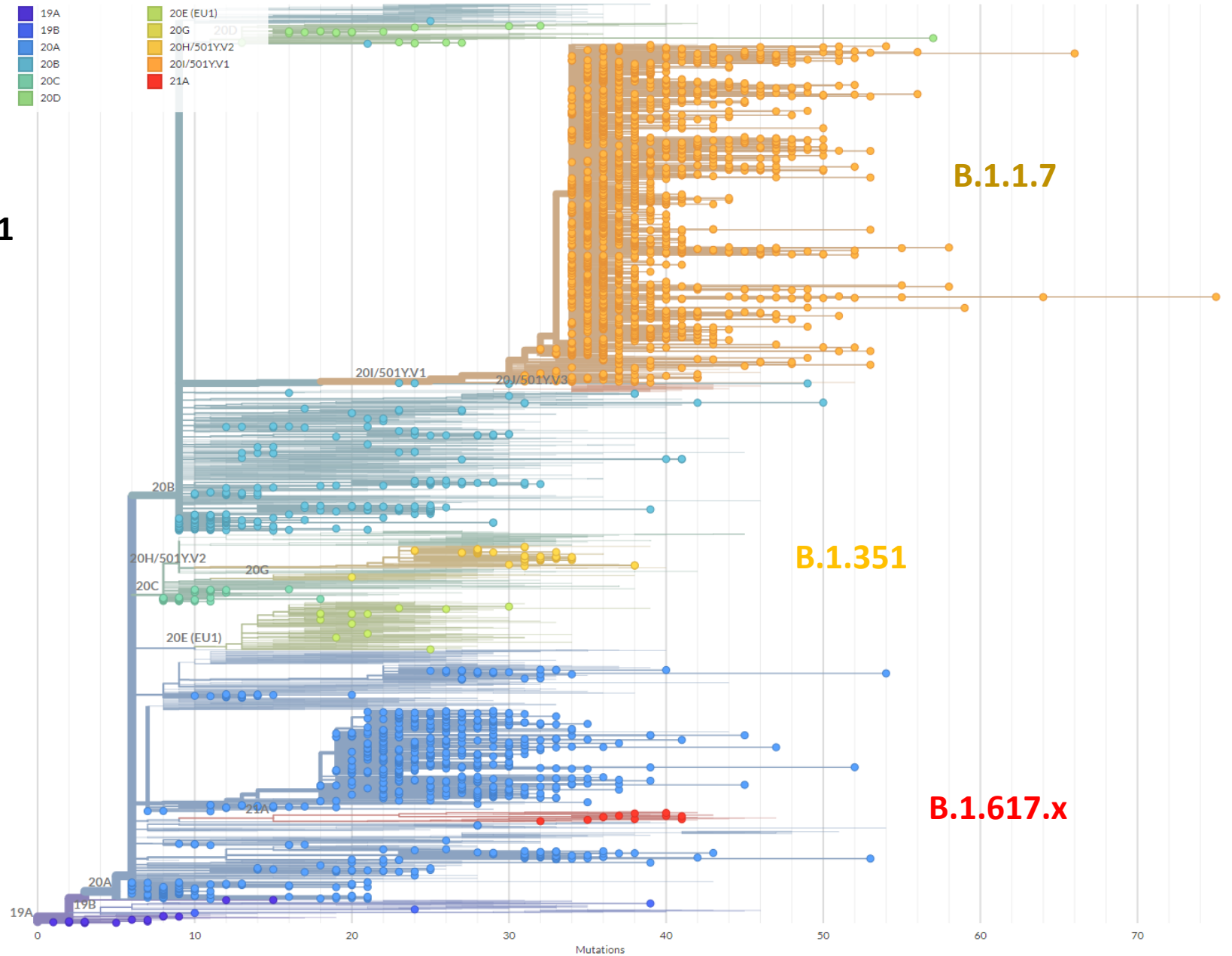
Phylogeny

Clade ^

- 19A
- 19B
- 20A
- 20B
- 20C
- 20D

- 20E (EU1)
- 20G
- 20H/501YV2
- 20I/501YV1
- 21A

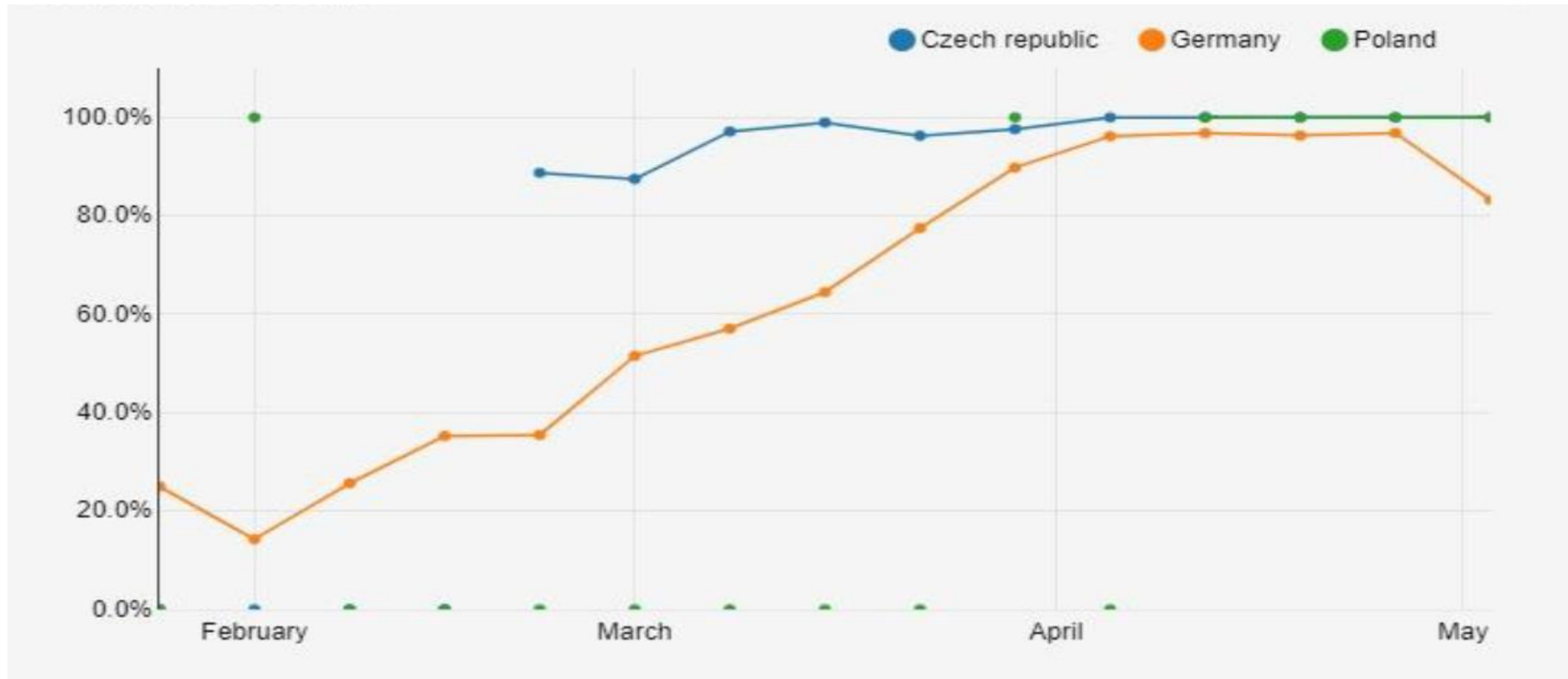
ZOOM TO SELECTED RESET LAYOUT



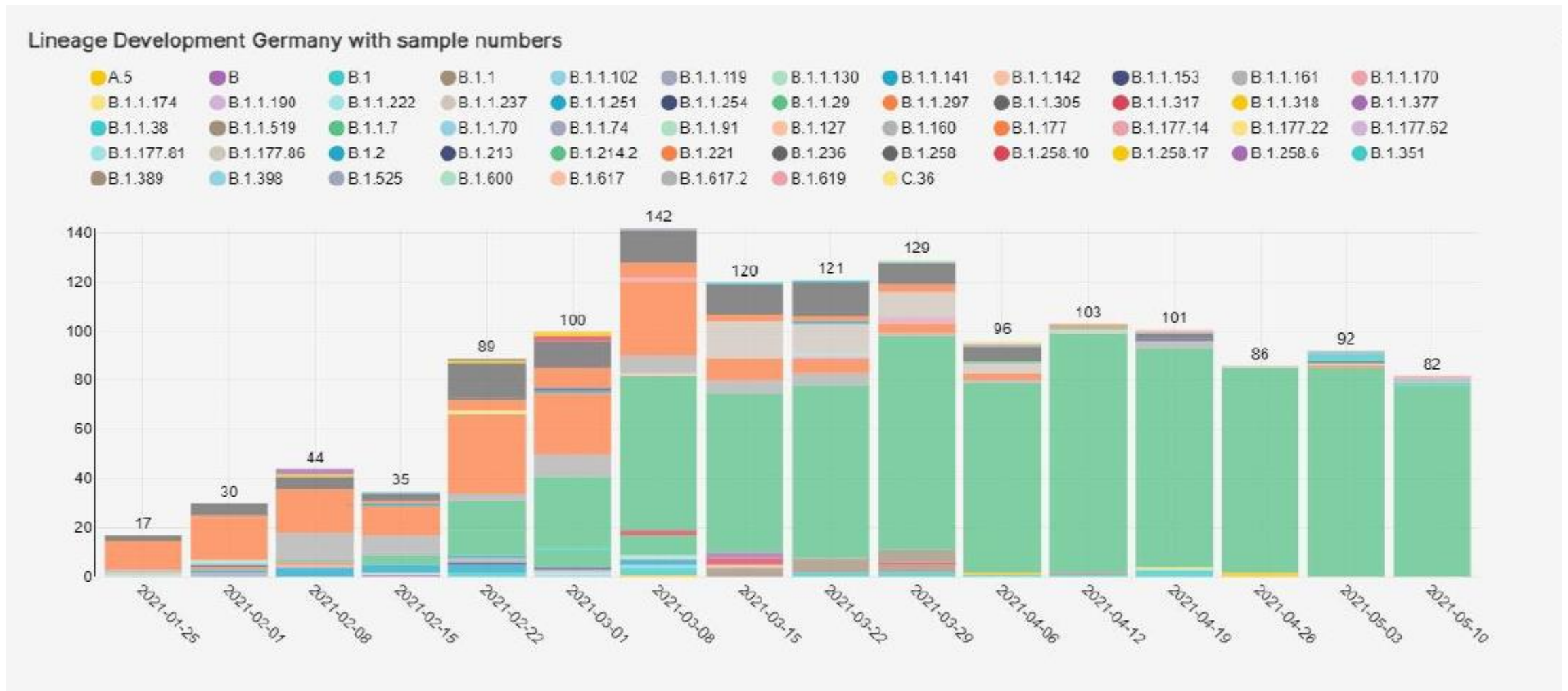
Obr.1:  
Fylogenetická analýza WGS 2020/21  
Celkem 2746 sekvencí

(Nextclade)

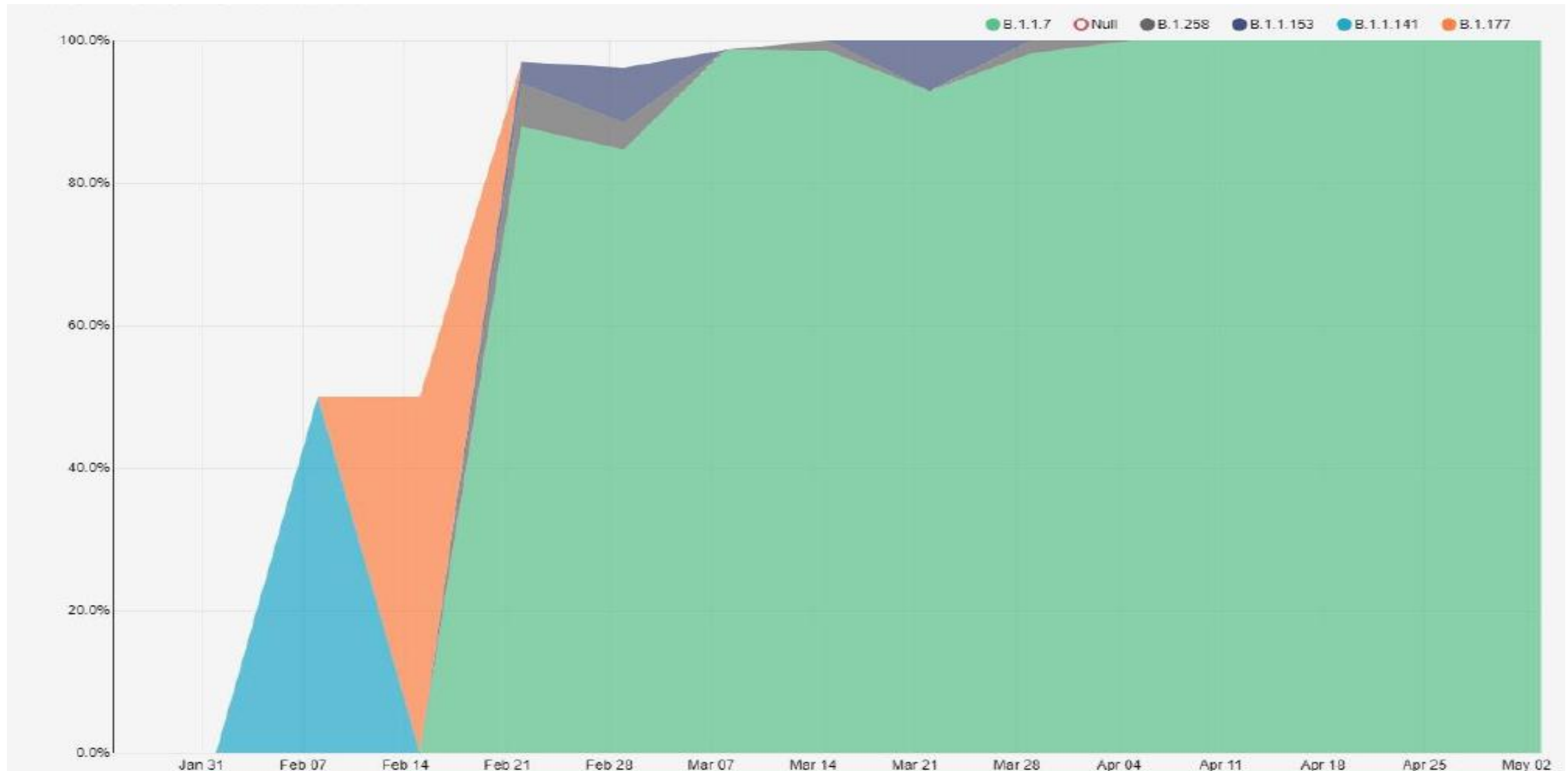
Obr. 2: Saská přeshraniční spolupráce – vývoj incidence B.1.1.7 v Sasku, MNUL, KLN a Polsku (Boleslawiec)



Obr. 3: Saská přeshraniční spolupráce - detekce variant SARS – CoV-2 v sekvenačních dávkách v Sasku, MNUL, KLN a Boleslawiec (Polsko)



Obr. 4: Saská přeshraniční spolupráce - detekce variant SARS – CoV-2 v sekvenačních dávkách MNUL, KLN





# Obr. 5: ECDC souhrn – zastoupení B.1.1.7 v EU/EEA zemích a podíl sekvenovaných vzorků (18. KT)

