

# Celogenomová sekvenace v ČR 2021 – souhrnná zpráva NRL za duben a květen k 28. 5. 2021

K 28.5.2021 bylo za ČR osekvenováno celkem 4 439 vzorků, do GISAID vloženo 2 903 celogenomových sekvencí, 1 536 sekvencí ještě do GISAID vloženo nebylo. Za duben a květen bylo osekvenováno 1 226 vzorků. V rámci sledování alertních variant bylo v několika nezávislých klastrech a v několika sekvenačních centrech potvrzeno 21 případů B.1.351 tedy JAR varianty (VOC varianta nesoucí 3 mutace ve vazebném místě na receptor ACE2). V NRL byly potvrzeny 3 případy importu B.1.1.318 (varianta nesoucí escape mutaci E484K a mutaci v oblasti furinového štěpného místa P681H). Stejnou kombinaci mutací nese sledovaná varianta B.1.620, která byla v ČR detekována ve sledovaném období ve 3 případech.

Celogenomovou sekvenací bylo potvrzeno celkem 22 případů B.1.617.x (indická varianta), a pět vzorků B.1.617.1, která je kategorizována jako sledovaná varianta (VUM) a 17 případů B.1.617.2, která byla v rámci ECDC překlasifikována na variantu zájmu VOC, z původní klasifikace VUI/VOI. Varianta B.1.617.2 je dominantní v JV Asii (Indie, Nepál) a je v současnosti v centru pozornosti z hlediska transmisibility a možnosti úniku před vakcinací. Epidemiologické šetření probíhá, alarmující skutečností jsou komunitní záchyty bez návaznosti na import.

V rámci sekvenační surveillance bylo detekováno 9 případů C.36. Tato linie je charakterizována substitucí L452R (escape mutace). Ve dvou případech nese tato varianta navíc delecii v N terminální doméně na pozici 69 -70 (obr. 1). Tato delece je typická pro původně podzimní dominantní variantu v ČR (B.1.258) a pro britskou variantu (B.1.1.7).

V rámci diskriminačních PCR vyšetření v NRL sekvenačně vyšetřujeme:

- 31 detekcí E484K, z toho jedenkrát v kombinaci s N501Y – tedy podezření na britskou variantu s mutací E484K (VOC)
- 4x podezření na jihoafrickou variantu B.1.351 (VOC)
- 19 detekcí L452R, tedy podezření na B.1.617.x (VUM/VOC) nebo C.36 (VUM).

Většina importů B.1.617.x a C.36 v měsíci květnu je spojena s cestovatelskou anamnézou do Egypta, ale jsou detekovány i komunitní záchyty.

**Závěr:** stále přetrvává dominance B.1.1.7, ale detekce 4 sledovaných variant (VUM) a dvou variant zájmu (VOC) je poměrně znepokojivý fakt (tabulka 2, graf 1), který by měl vést k intenzivnějšímu sledování příjezdů a příletů. Stejně tak změna klasifikace B.1.617.2 z VUM na VOC (ECDC klasifikace) a šíření této varianty v Anglii (graf 2 a 3), v Evropě i ve světě přispívá k podpoře přijetí opatření zabraňujícím importu dalších variant.

# Doporučení k diskriminačním PCR pro laboratoře–NRL k 28. 5. 2021

V současnosti jsou diskriminační PCR nejrychlejší nástroj, který umožní detekovat mutace, které přinášejí evoluční výhodu viru ve smyslu zvýšení transmisibility, či úniku před tlakem protilátek. Je zcela jednoznačné, že některé z těchto variant jsou rezistentní vůči léčebným monoklonálním protilátkám. Příkladem je preparát bamlanivimab (BAMLAN - Eli Lilly). Proto je vhodné před podáním léčby provést takovou PCR, která umožní odhalit substituci L452R či E484K. Vliv substituce E484Q na rezistenci viru vůči tomuto preparátu není dostatečně podložen důkazy. Obě tyto mutace mohou vést v rozdílné míře ke snížení účinnosti vakcinace i ke snížení protektivity protilátek vytvořených po předchozím onemocnění. Některé další mutace ovlivňují transmisibilitu. Mnoho z nich vzniká konvergentně nezávislou evolucí v různých lokalitách a v různých variantách. Cílem těchto PCR není, určit tu kterou variantu, ale nalézt mutaci, která může být významná z hlediska rezistence viru vůči protilátkám a jeho schopnosti se šířit.

NRL doporučuje vyšetřovat především tyto mutace: E484K, N501Y, L452R  
Další mutace k úvaze jsou: K417N, P681H/R, E484Q, případně delecí 69-70.  
Poslední data naznačují důležitost mutace T478K.

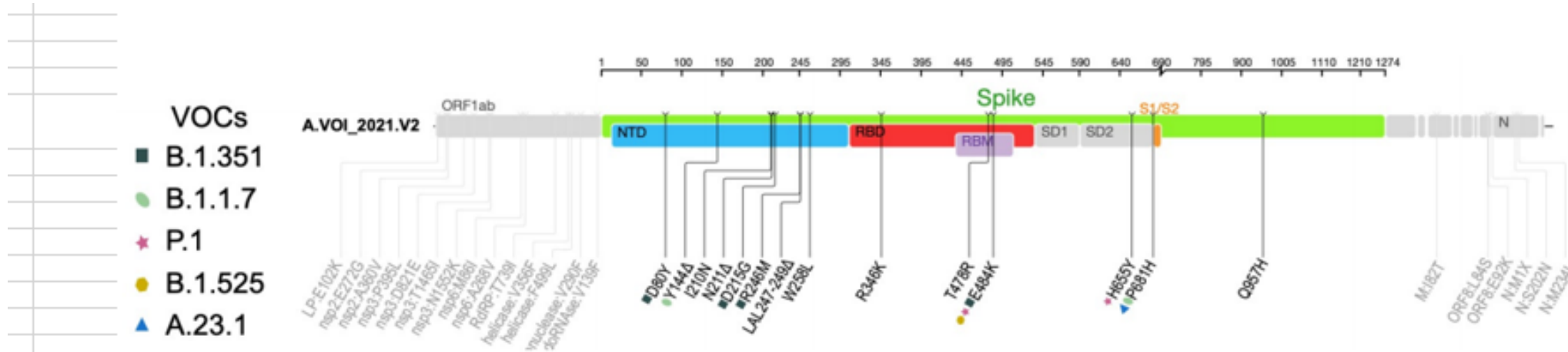
Důležité mutace ve spike proteinu jsou uveřejněny ECDC zde: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

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

Spike Protein Substitution	Common Pango Lineages with Spike Protein Substitutions <sup>c</sup>
L452R	B.1.526.1 B.1.429 B.1.427 B.1.617.2 B.1 B.1.617.1 C.36 A.2.5
E484K	P.1 B.1.526 B.1.1.318 B.1.351 B.1.525 R.1 B.1.621 B.1 B.1.1



# Obr. 1: Mapa oblastí spike se fenotypově významnými mutacemi



**Supplemental Fig S4: Genome map of the A.VOI.V2, with mutations annotated by presence in other VOCs**

A novel variant of interest of SARS-CoV-2 with multiple spike mutations detected through travel surveillance in Africa

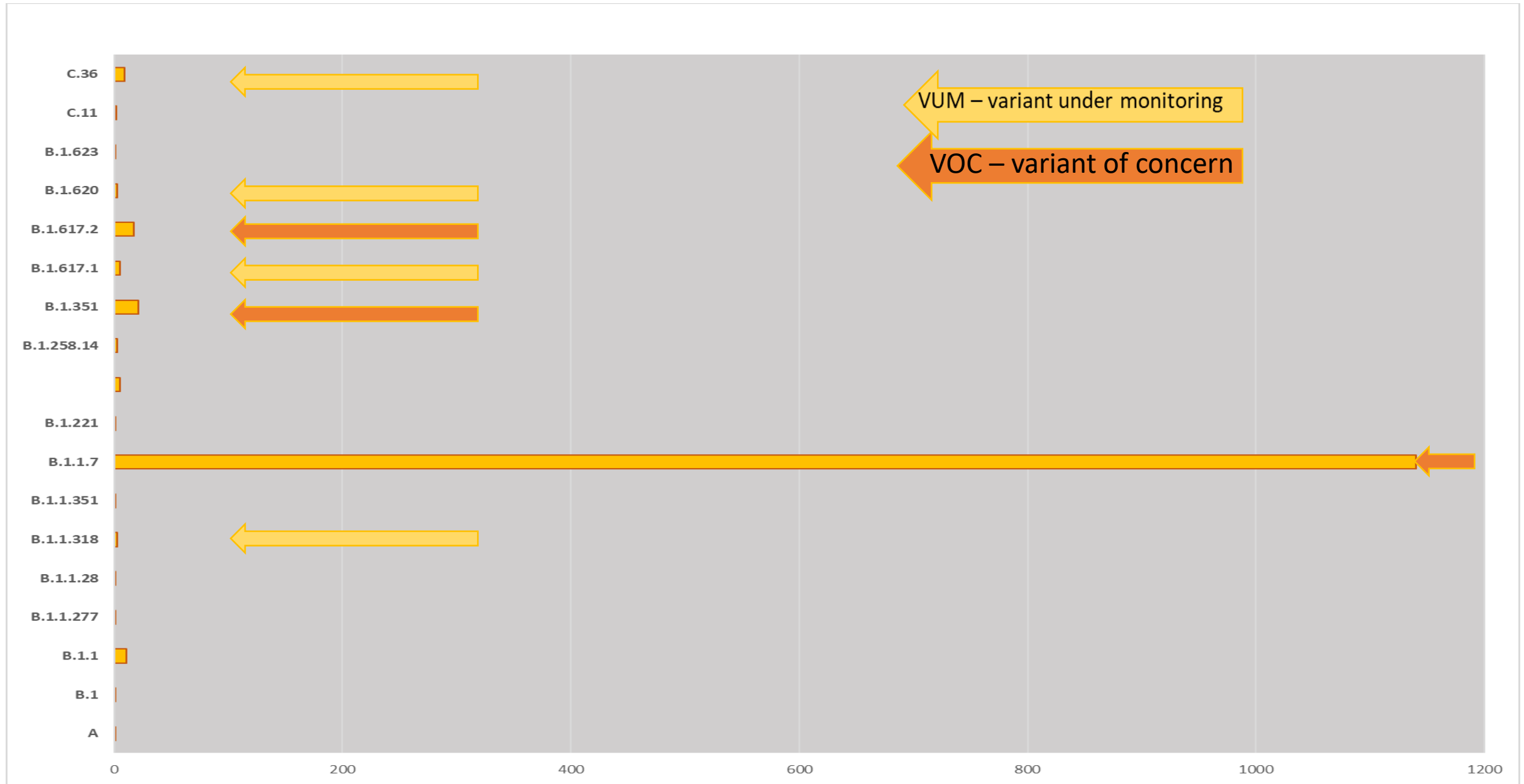
Authors: de Oliveira T, Lutucuta S, Nkengasong J, Morais J, Paixao JP, Neto Z, Afonso P, Miranda J, David K, Ingles L, Amilton P A P R R C, Freitas H R, Mufinda F, Tessema K S, Tegally H, San E J, Wilkinson E, Giandhari J, Pillay S, Giovanetti M, Naidoo Y, Katzourakis A, Ghafari M, Singh L, Tshiabuila D, Martin D, Lessells R.

Tab. 2: Přehled detekovaných variant zájmu (VOC) či sledovaných variant (VUM) za duben a květen (ECDC klasifikace)

	A	1
	B.1	1
	B.1.1	11
	B.1.1.277	1
	B.1.1.28	1
VUM	B.1.1.318	3
	B.1.1.351	1
VOC	B.1.1.7	1140
	B.1.221	1
	B.1.258	5
	B.1.258.14	3
VOC	B.1.351	21
VUM	B.1.617.1	5
VOC	B.1.617.2	17
VUM	B.1.620	3
	B.1.623	1
	C.11	2
VUM	C.36	9
	None	37

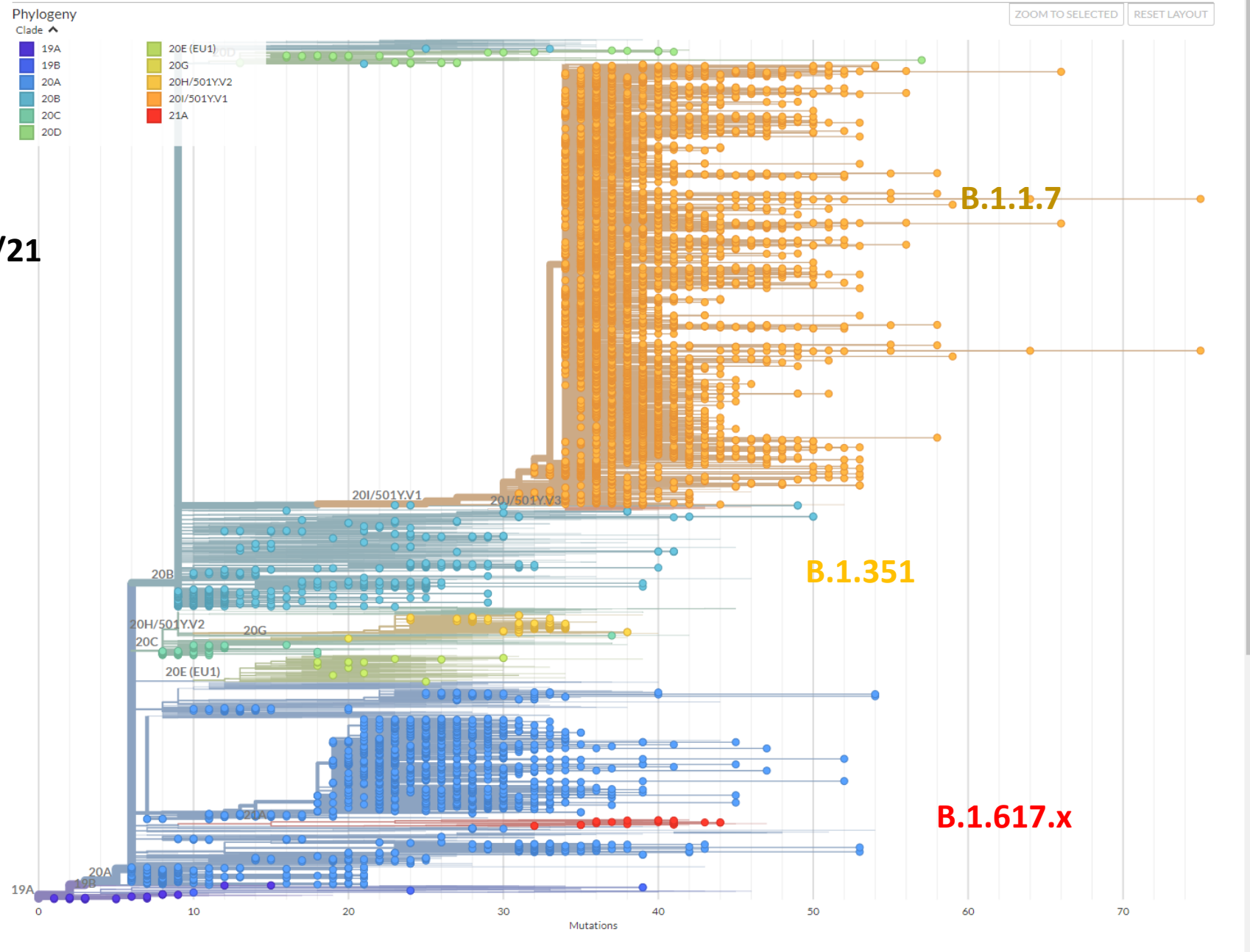
B.1.1.7	20I/501Y.V1	VOC
B.1.1.7	20I/501Y.V1	VOC
B.1.1.7	20I/501Y.V1	VUM
B.1.1.7	20I/501Y.V1	VUM
B.1.351	20H/501Y.V2	VOC
B.1.1.28		VUI
P.1	20J/501Y.V3	VOC
B.1.525		VOI
B.1.526		VUM
B.1.526.1		VUM
B.1.526.2		VUM
B.1.258		
A.27	19B (D614)	VUM
A.28	19B (D614)	VUM
B.1.427	20C (20C/S:452R)	VOI
B.1.429	20C (20C/S:452R)	VOI
B.1.207		VUI
P.2 (B.1.1.248)		VUM
A.23.1		VUM
B.1.1.318		VUM
P.3		VOI
B.1.324.1		VUI
B.1.616		VOI
B.1.617	20A/21A	VOI/VOC
B.1.617.1	20A/21A	VOI
B.1.617.2	20A/21A	VOC
B.1.617.3	20A/21A	VOI/VOC
B.1.618		VUI
B.1.620		VOI/VUI
B.1.621		VOI
B.1.1.519		VUM
B.1.214.2		VUM
A.23.1		VUM
C.16		VUM
C.36		VUM
C.37		VUM
B.1.351	20H/501Y.V2	VUM
B.1.351	20H/501Y.V2	VUM
AT.1		VUM
AV.1		VUM
nelze přiřadit	A.VOI.V2	

# Graf 1: Přehled linií SARS-CoV-2 detekovaných v dubnu a květnu ČR



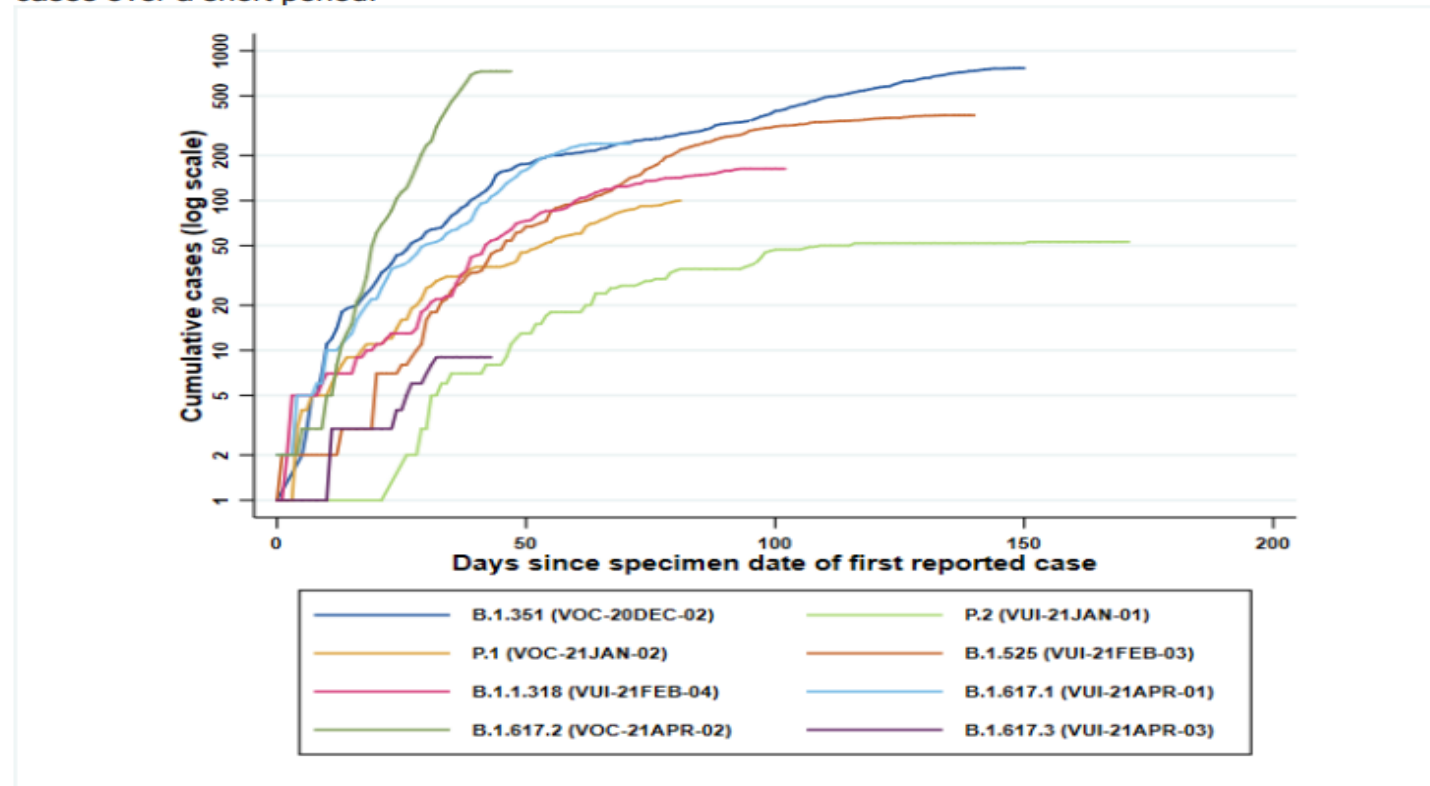
Obr. 2:  
Fylogenetická analýza WGS 2020/21

(Nextclade)



# Graf. 2: Kumulativní data detekovaných variant k 5.5.2021 v Anglii

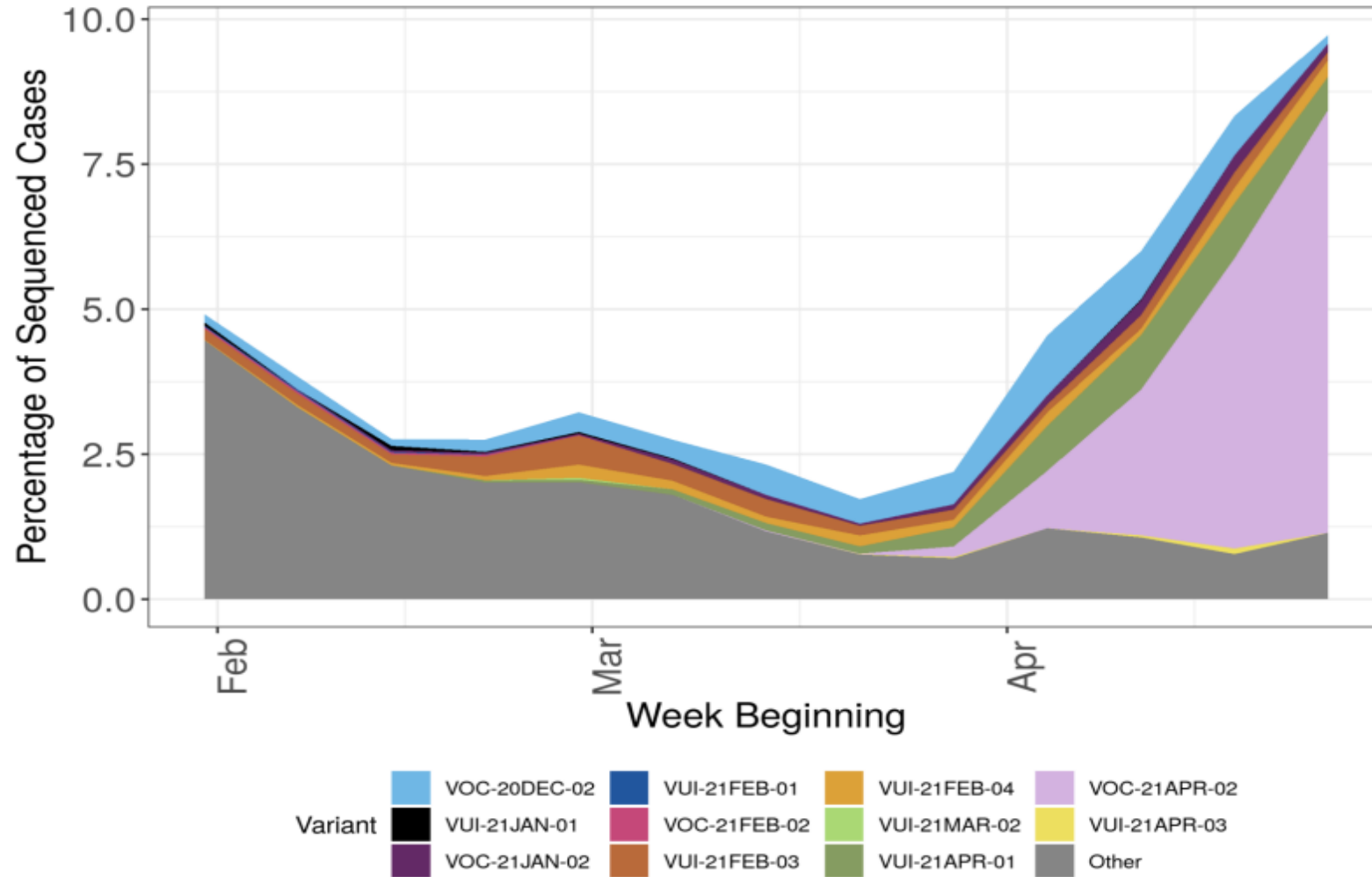
**Figure 1. Cumulative cases in England of variants indexed by days since first reported, data as of 5 May 2021**  
(Find accessible data used in this graph in [underlying data](#)). Figure 1 demonstrates the rapid identification of B.1.617.2 cases over a short period.





# Graf 3: Prevalence variant v Anglii

**Figure 3. Variant prevalence for all England available case data from 1 February 2021 as of 4 May 2021**  
(VOC-20-DEC-01, B.1.1.7, not shown. Excluding cases where the specimen date was unknown)  
(Find accessible data used in this graph in [underlying data](#))



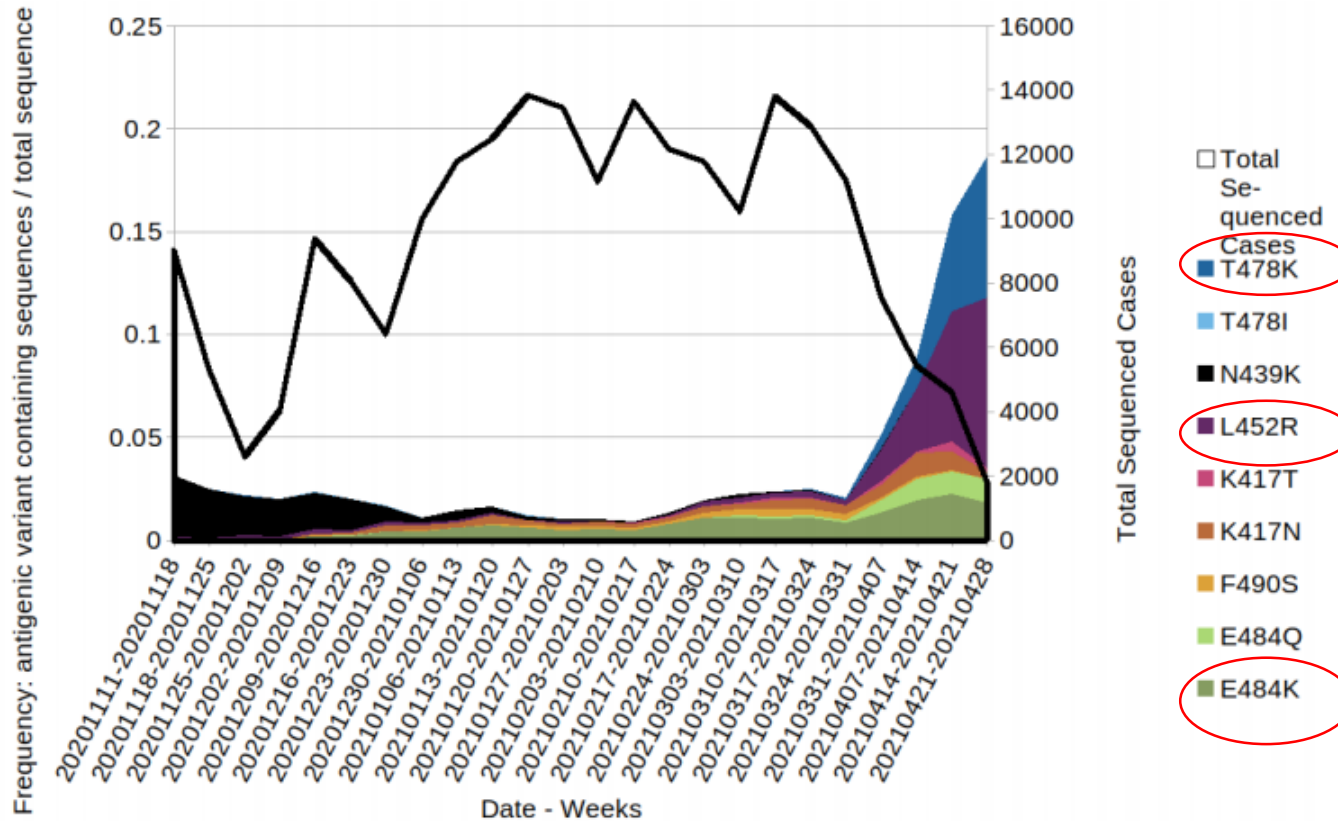
B.1.1.7

B.1.617.2

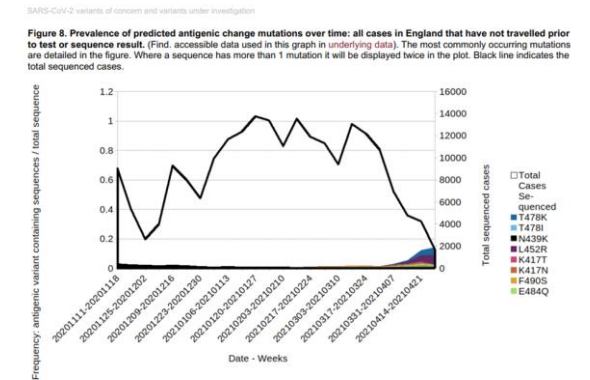
# Prevalence hot-spot mutací v Anglii

**Figure 6. Prevalence of predicted antigenic change mutations over time: all cases in England**

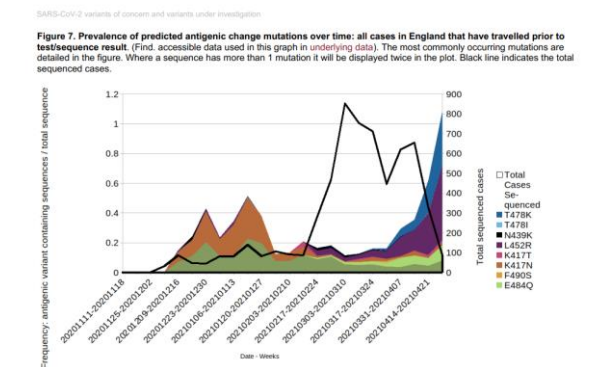
(Find accessible data used in this graph in [underlying data](#)). Mutations potentially associated with antigenic change are monitored as part of horizon scanning. Figure 6 shows the proportion of these mutations over time in the all England genomic dataset, illustrating the increase in L452R. The most commonly occurring mutations are detailed in the figure. Where a sequence has more than 1 mutation it will be displayed twice in the plot. Black line indicates the total sequenced cases. The [supplementary data for figures](#) is available.



## Bez cestovní anamnézy

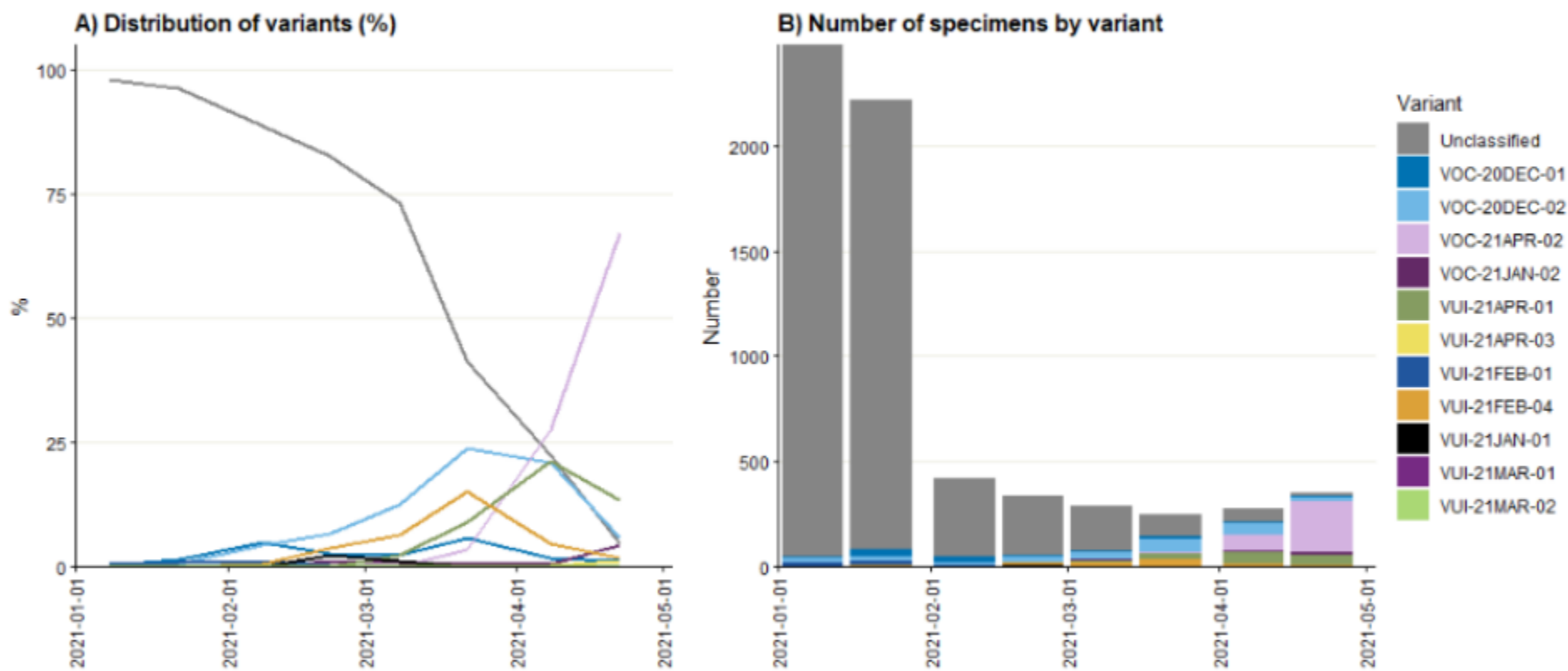


## Cestovatelé



# Vzrůstající počet detekcí B.1.617.2

**Figure 15. Distribution of variants among sequenced S gene positive SARS-CoV-2 specimens, by half-months as of 3 May 2021.** Specimen dates between 1/1/2021 and 26/04/2021 (latest period incomplete. Find accessible data used in this graph in [underlying data](#)).



B.1.617.2

