

Po Evropě se šíří nová mutace koronaviru, varují vědci. Přišla ze Španělska

Reakce Národní referenční laboratoře pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění na článek uveřejněný na www.seznam.cz

- ČR zveřejnila ve světové databázi celogenomových sekvencí GISAID celkem 115 zachycených kmenů SARS-CoV-2, z toho 95 sekvencí publikovala NRL pro chřipku a nechřipková virová onemocnění Státního zdravotního ústavu v úzké spolupráci s Oddělením virologie a serologie Státního veterinárního ústavu. Pouze tato 2 pracoviště setrvale sledují proměnlivost viru na území ČR, garantem a průkopníkem metodiky je Alexander Nagy, PhD.
- Ze 115 celogenomových sekvencí, bylo 35 získáno z klinických materiálů odebraných v měsících srpnu, září a říjnu.
- Lze konstatovat, že pouze 4 celogenomové sekvence z tohoto období spadají fylogeneticky do klády 20 A, přičemž žádná z nich nenesou záměnu aminokyseliny alanin za valin na pozici 222 ve spike proteinu, tedy nepatří do publikované subklády 20A EU1.
- Informace z publikace jsou nepřesně zveřejněné, původní článek lze nalézt zde: doi: <https://doi.org/10.1101/2020.10.25.20219063> , <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.10.25.20219063v1>
- Pravdou je, že na základě 4 WGS (whole genome sequences) nelze zobecňovat. Nicméně jak uveřejněný článek, tak skutečnost, že i na území ČR počínají cirkulovat nové varianty, např. ta nesoucí delecii 2 aminokyselin ve spike proteinu, podtrhují důležitost molekulární surveillance, tedy sběru pozitivních vzorků na celém území ČR a získávání celogenomových sekvencí. Jaký význam má delece dvou aminokyselin v N terminální oblasti spike proteinu? Zůstane delece omezena jen na 2 aminokyseliny? Ovlivní povrchovou strukturu S proteinu a tedy i jeho antigenní vlastnosti? Do jaké míry je tato varianta rozšířena? Veškeré v dané chvíli dostupné informace budou uveřejněny v pravidelné pondělní zprávě.
- Publikovaná zpráva na Seznamu: https://www.seznamzpravy.cz/clanek/po-evrope-se-siri-nova-mutace-koronaviru-varuji-vedci-prisla-ze-spanelska-126797#seq_no=2&source=hp&dop_ab_variant=0&dop_req_id=suMs9XdCyky-202010301812&dop_source_zone_name=zpravy.sznhp.box&utm_campaign=&utm_medium=z-boxiku&utm_source=www.seznam.cz

V Praze dne 30/10/2020

RNDr. Helena Jiřincová

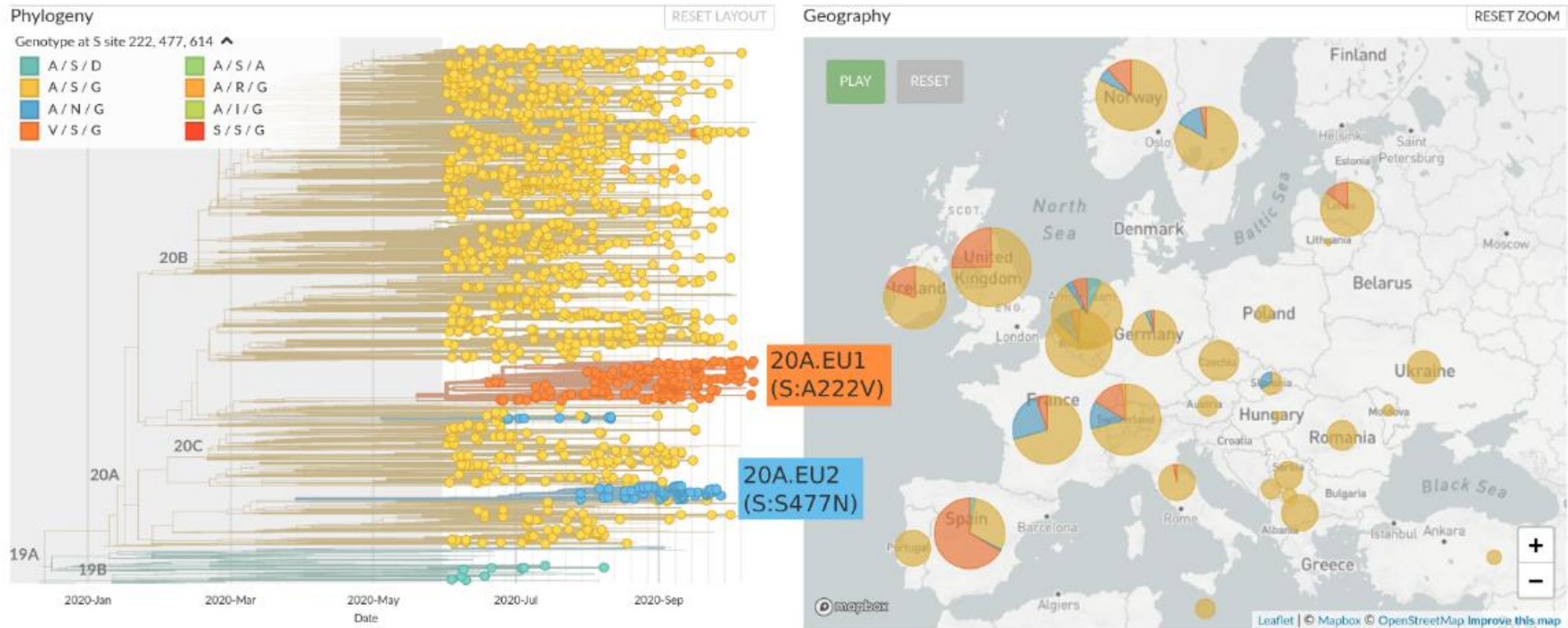
Vedoucí NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

CEM – Státní zdravotní ústav

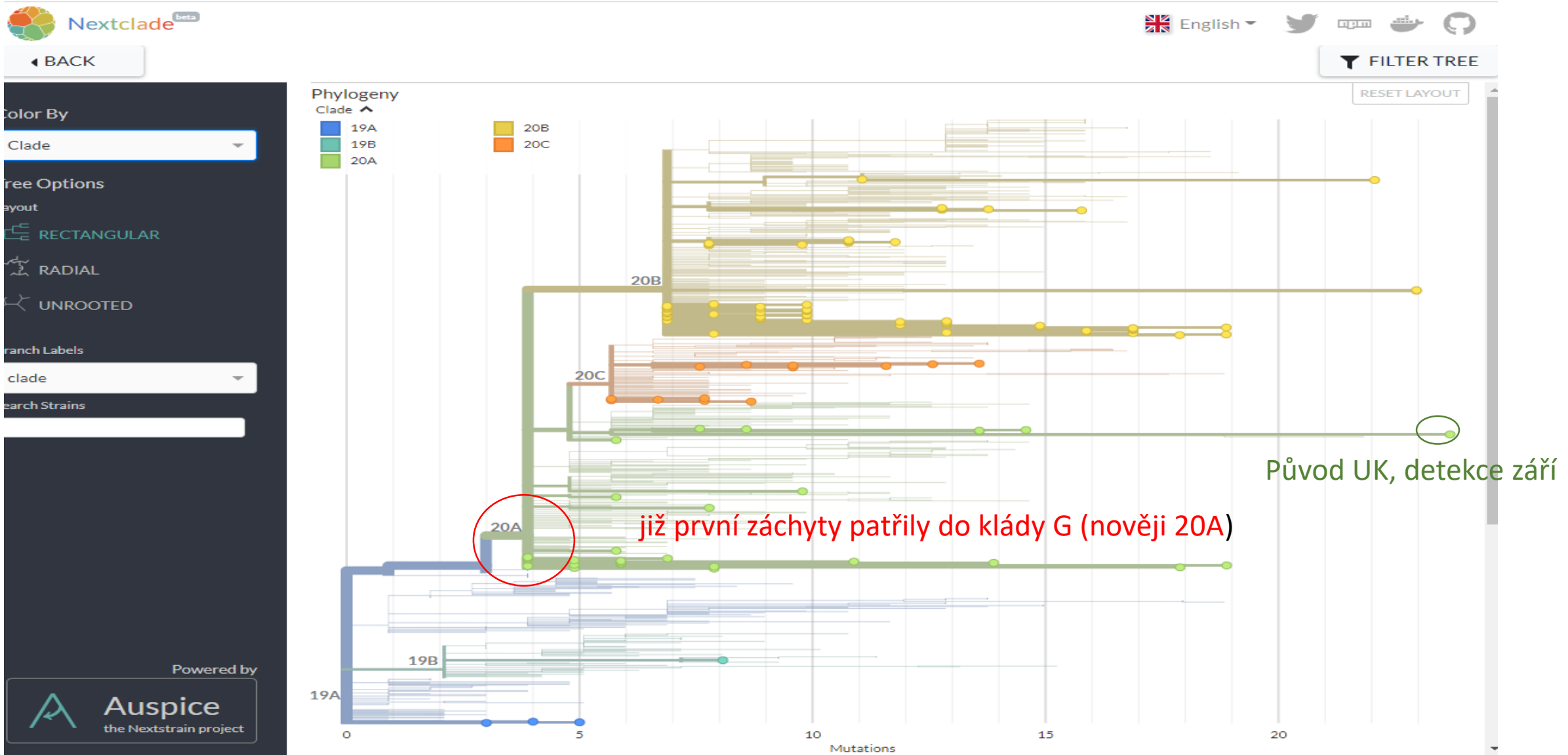
Obrázky z publikace

Emergence and spread of a SARS-CoV-2 variant through Europe in the summer of 2020 Emma B. Hodcroft et al. 2020

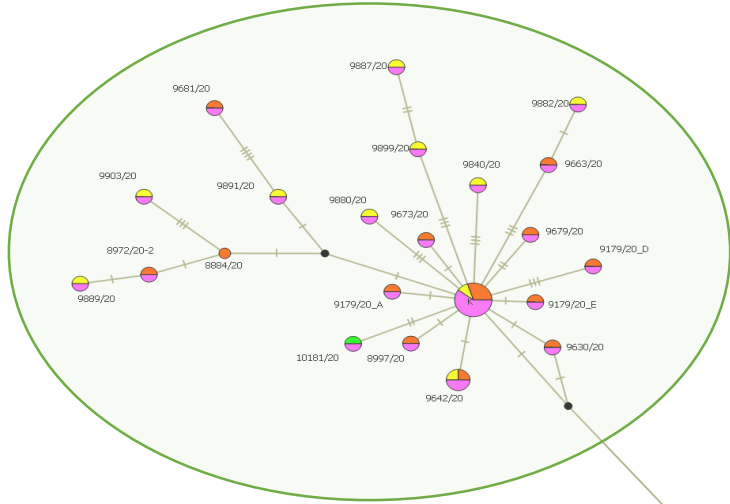
doi: <https://doi.org/10.1101/2020.10.25.20219063>



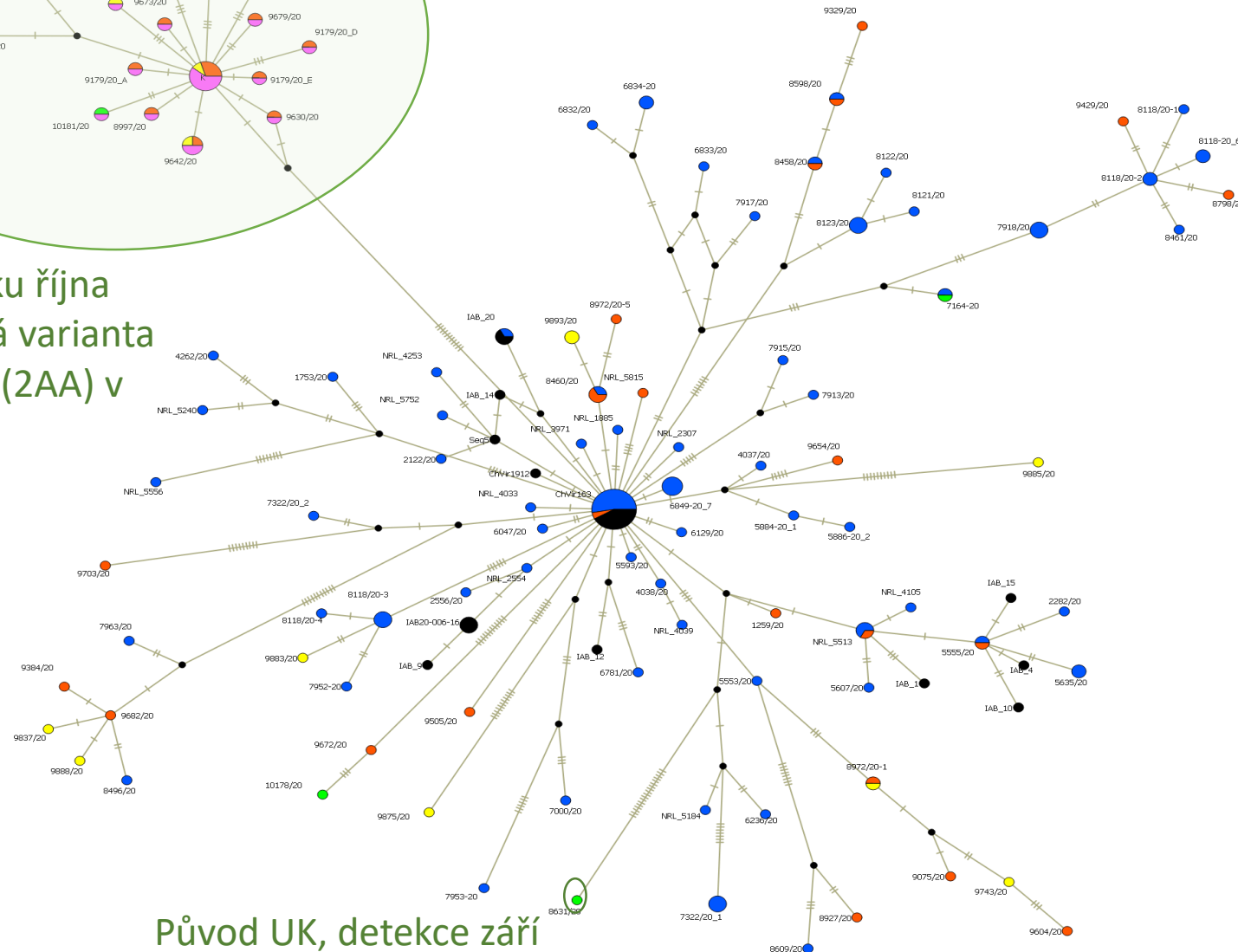
České celogenomové sekvence – fylogenetická analýza březen – říjen 2020, dominance klády 20B,



Haplotype network analysis ČR – WGS SARS-CoV-2, březen – říjen 2020



Od konce září, počátku října se v ČR objevuje nová varianta s delecí 6 nukleotidů (2AA) v genu S



Původ UK, detekce září

- GISAID zadané
- GISAID nezadané
- Jiný zdroj než NRL
- Recentní sekvence
- Mediálně exponované zdroje
- Klastř s delecí 2 aminokyseliny ve Spike proteinu