

První detekce „Britské varianty“ 201/501Y.V1

Helena Jiřincová

Národní referenční laboratoř pro chřipku a nechřipková virová respirační onemocnění

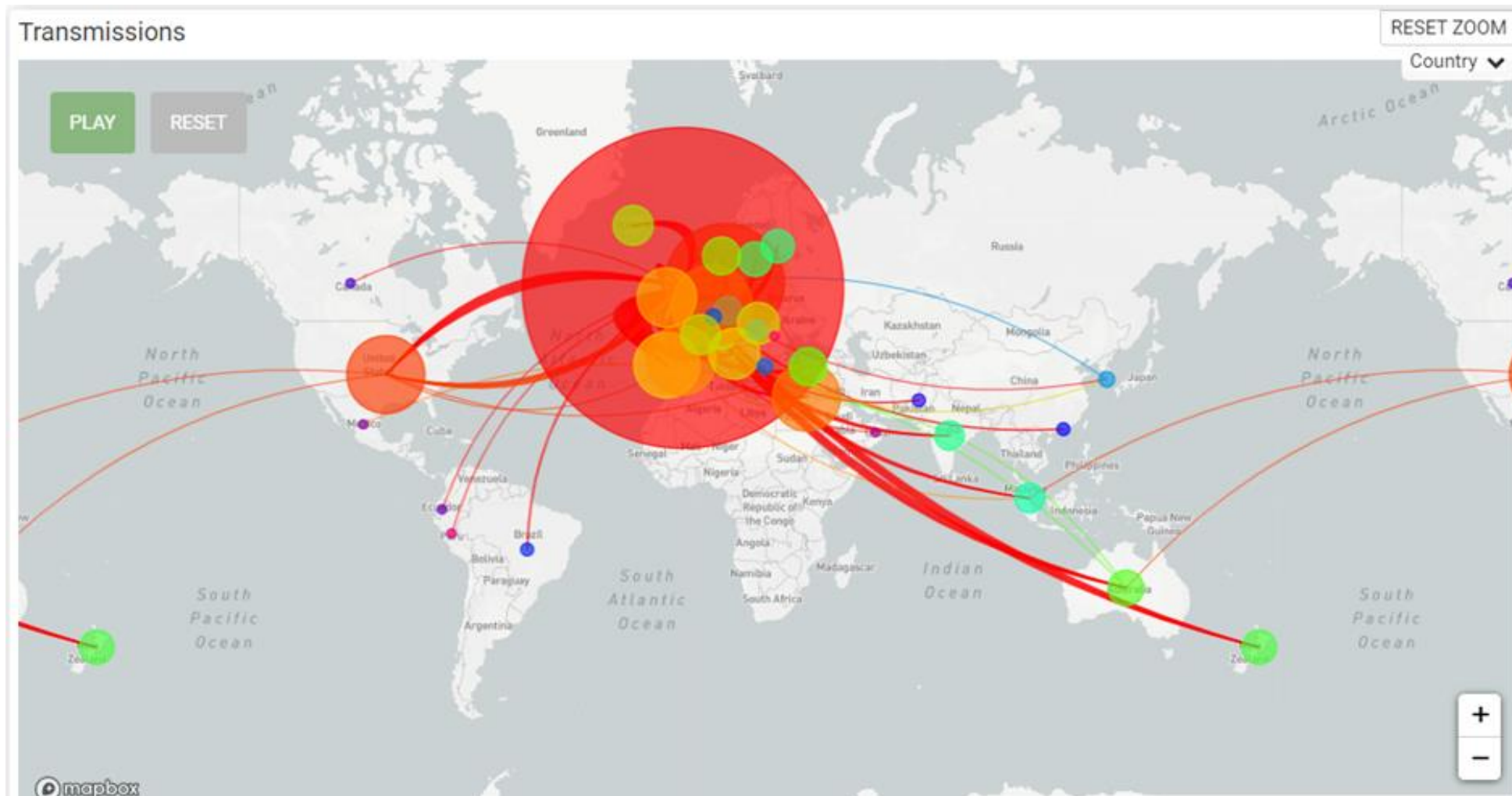
SZU

Laboratoř molekulární biologie, SVU Praha

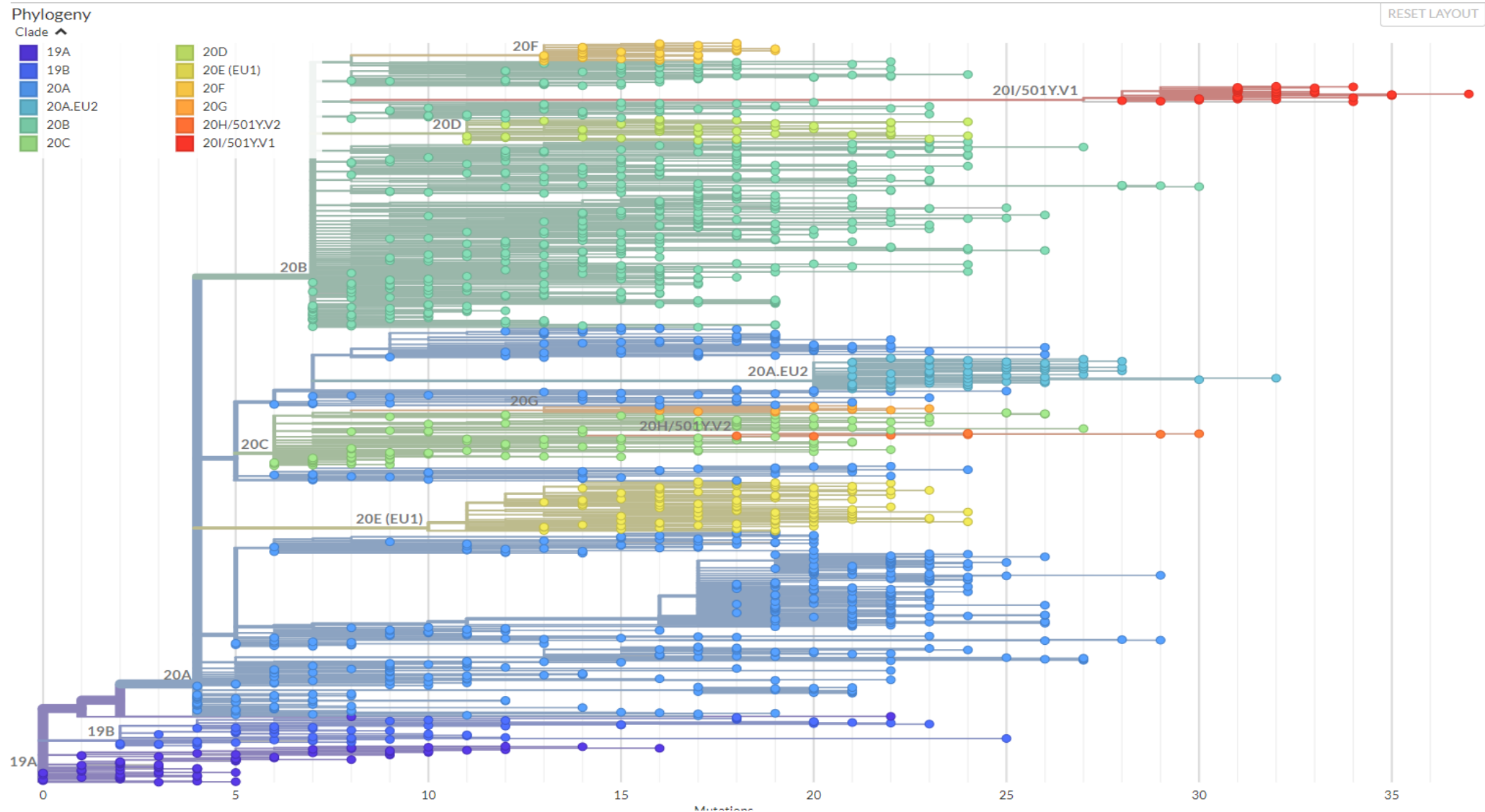
Alexander Nagy



Rozšíření 201/501Y.V1



Global phylogeny – 19-20 taxonomy Nexststrain

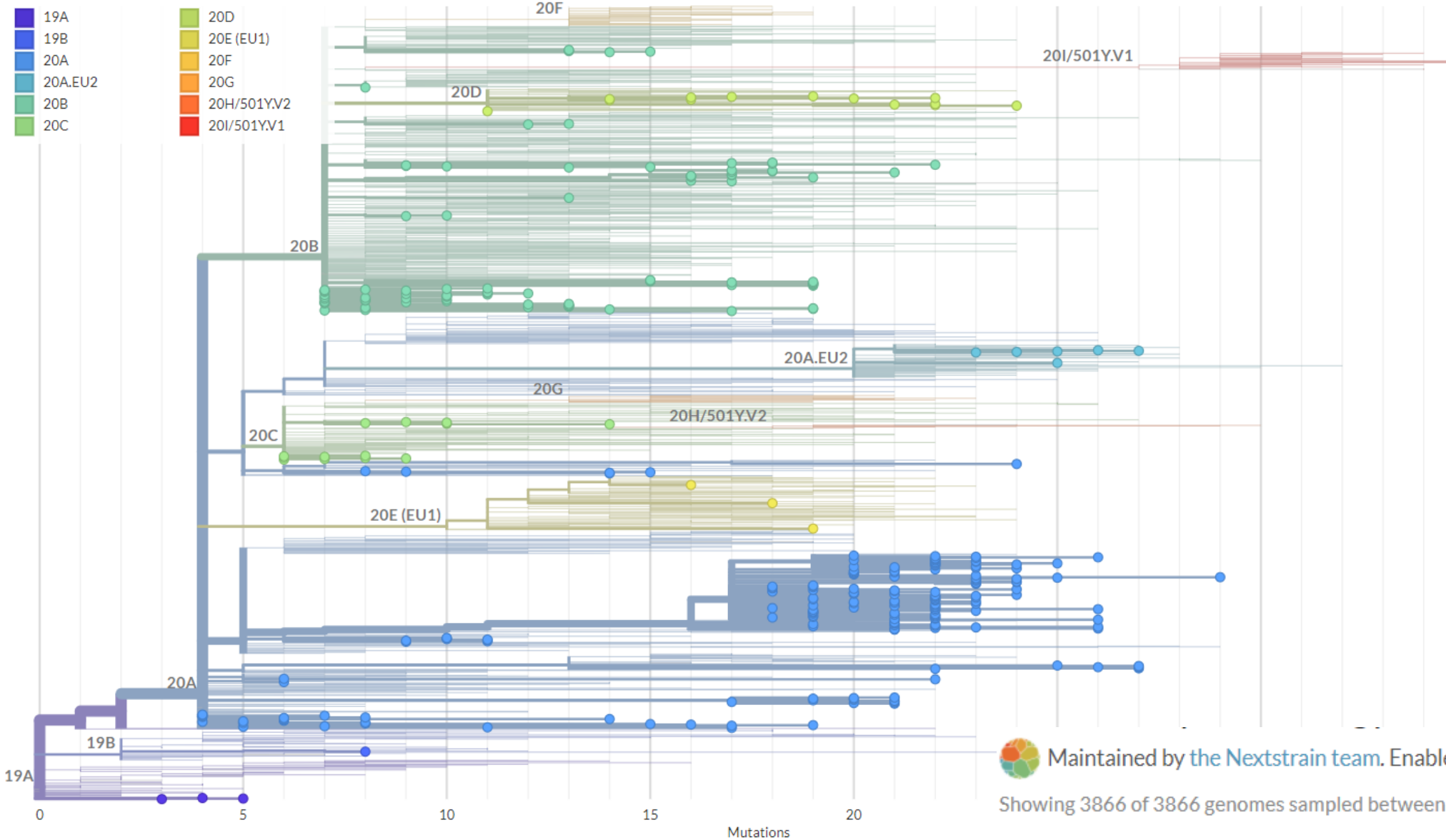


NEXTCLADE – PHYLOGENY CZECHIA

Phylogeny

Clade ^

- 19A
- 19B
- 20A
- 20A.EU2
- 20B
- 20C
- 20D
- 20E (EU1)
- 20F
- 20G
- 20H/501Y.V2
- 20I/501Y.V1



Maintained by the Nextstrain team. Enabled by data from 

Showing 3866 of 3866 genomes sampled between Dec 2019 and Jan 2021.



VUI202012/01

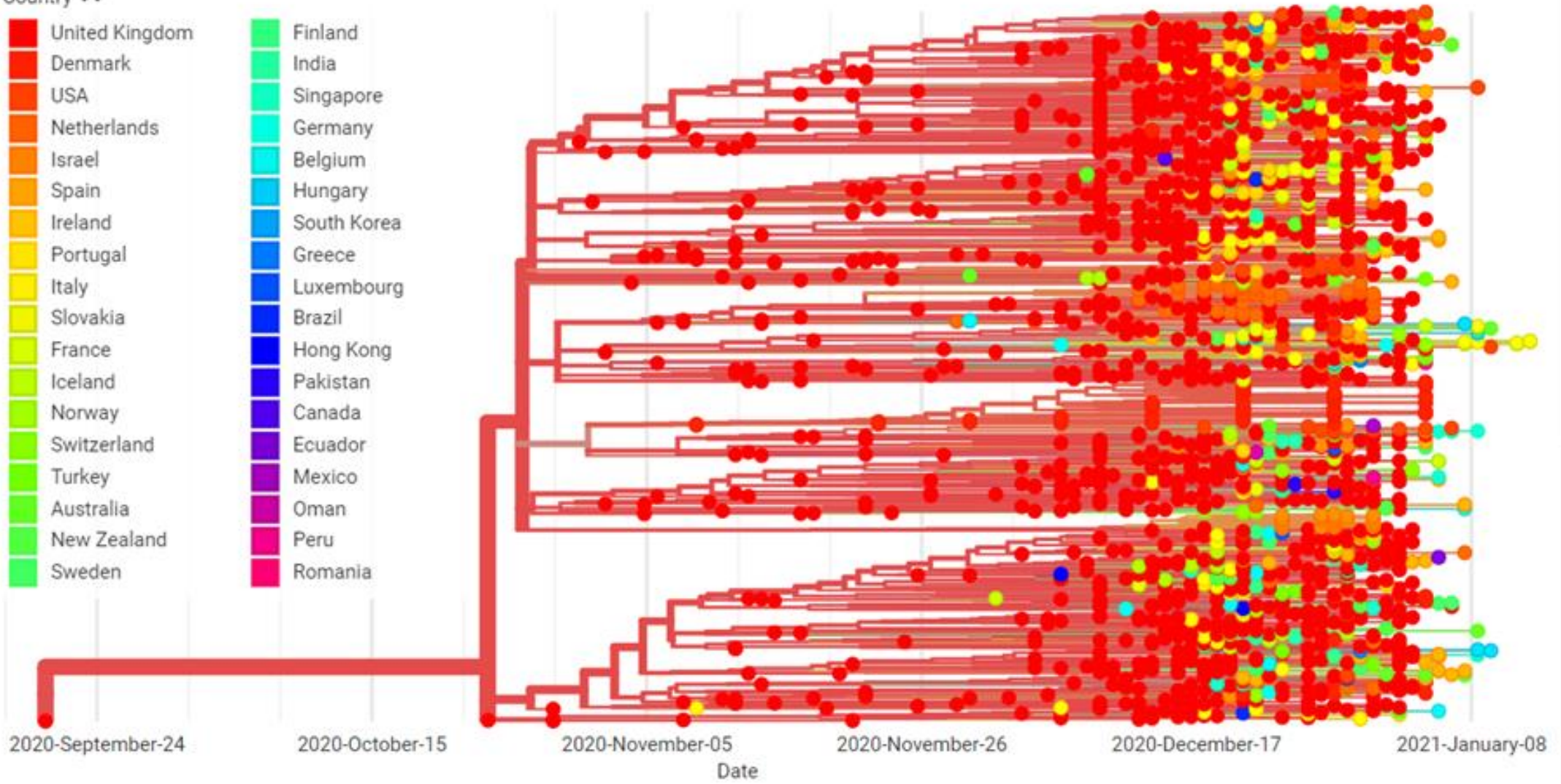
Showing 3866 of 3866 genomes sampled between Dec 2019 and Jan 2021.

Phylogeny

Country ^

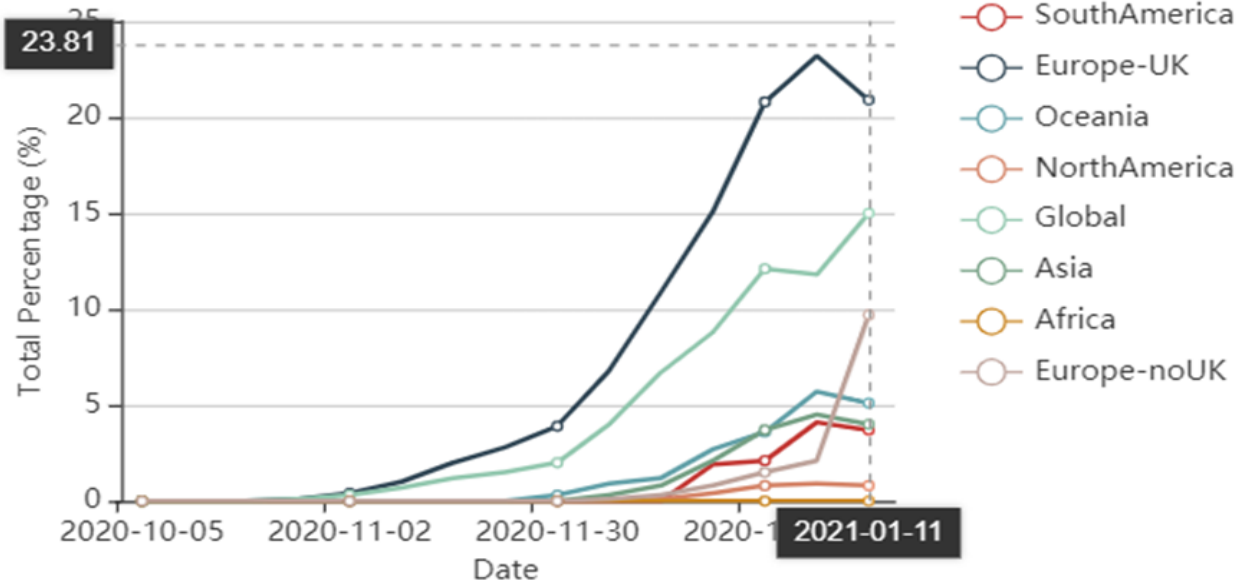
- | | |
|--|---|
|  United Kingdom |  Finland |
|  Denmark |  India |
|  USA |  Singapore |
|  Netherlands |  Germany |
|  Israel |  Belgium |
|  Spain |  Hungary |
|  Ireland |  South Korea |
|  Portugal |  Greece |
|  Italy |  Luxembourg |
|  Slovakia |  Brazil |
|  France |  Hong Kong |
|  Iceland |  Pakistan |
|  Norway |  Canada |
|  Switzerland |  Ecuador |
|  Turkey |  Mexico |
|  Australia |  Oman |
|  New Zealand |  Peru |
|  Sweden |  Romania |

RESET LAYOUT



Relative Frequency per Region

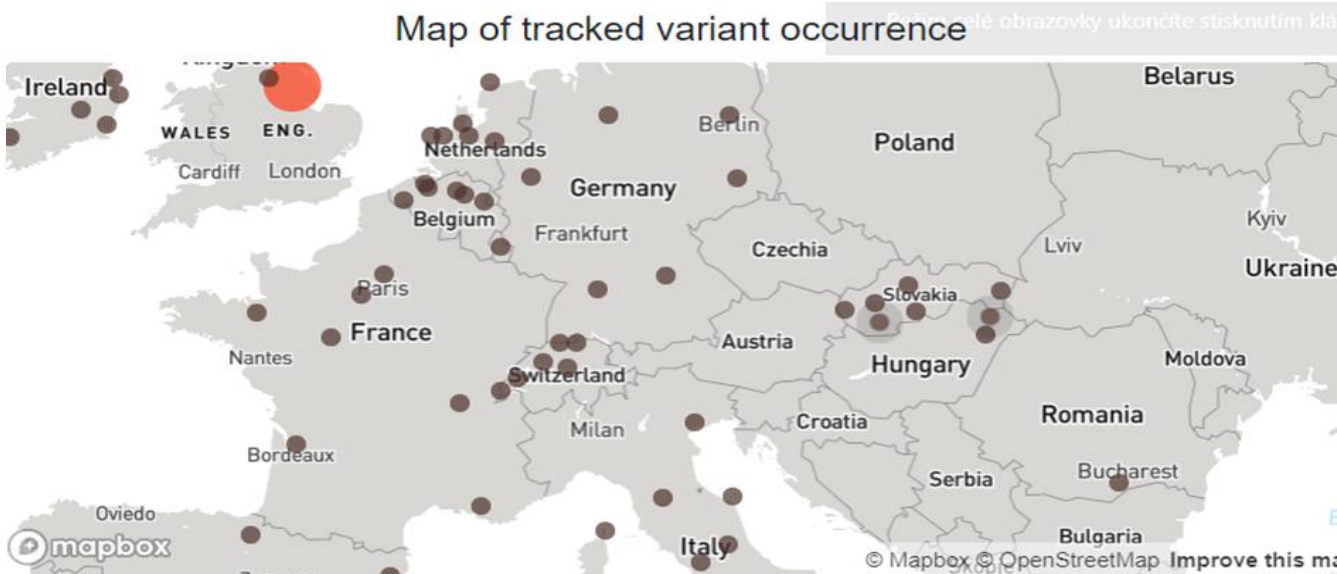
Click Legend to show/hide series



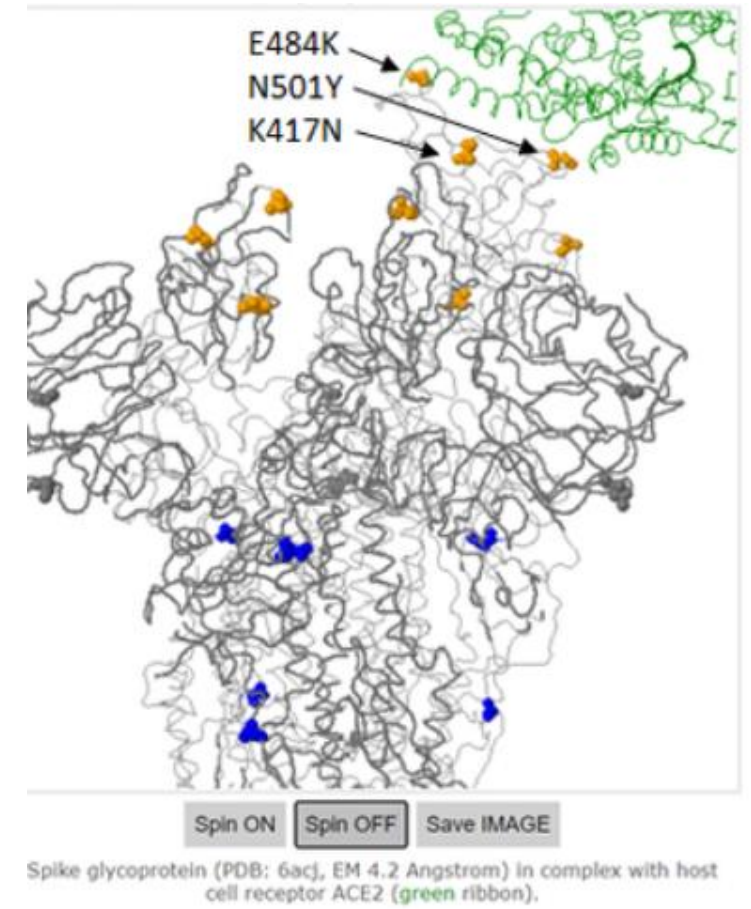
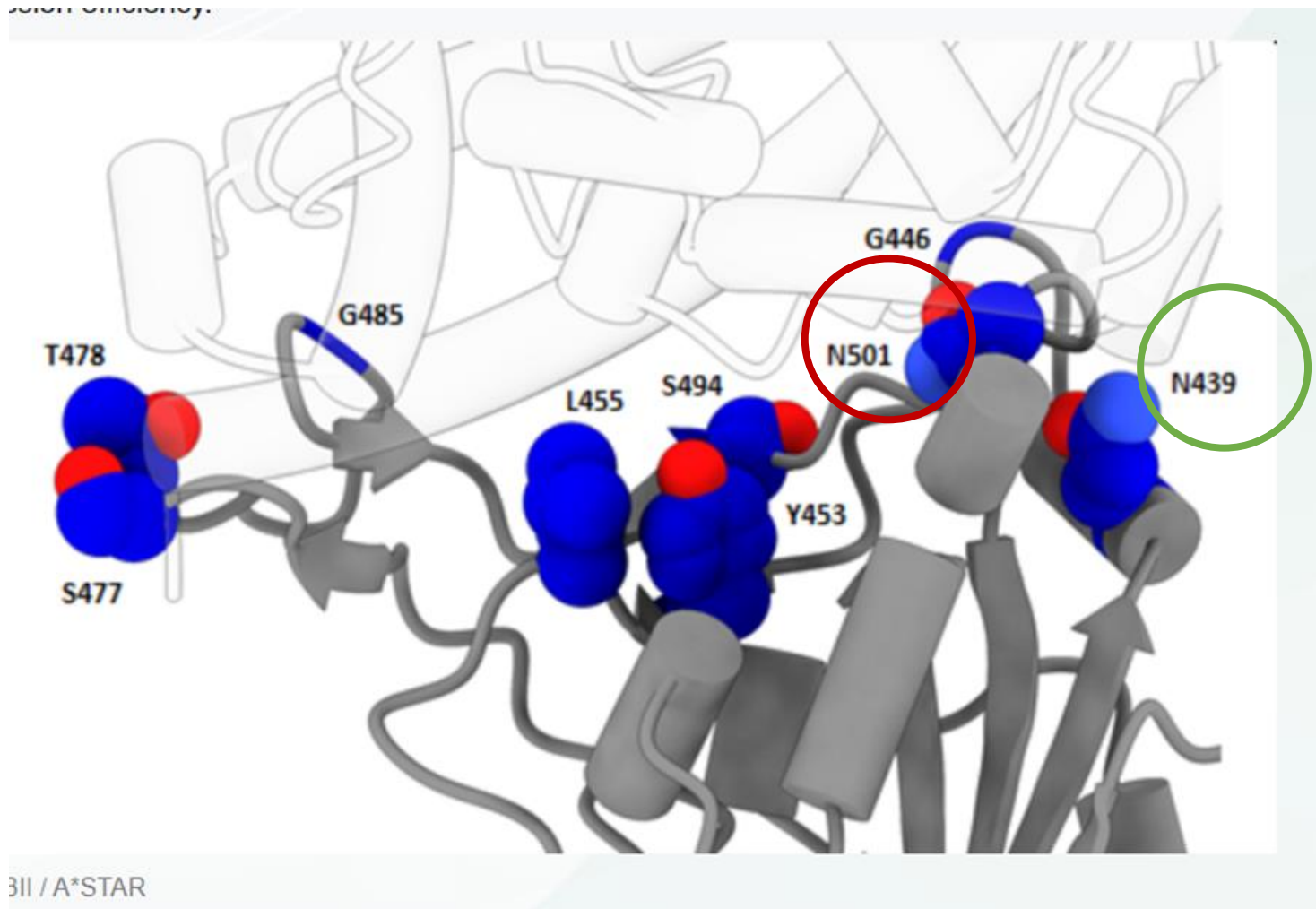
UK variant spread



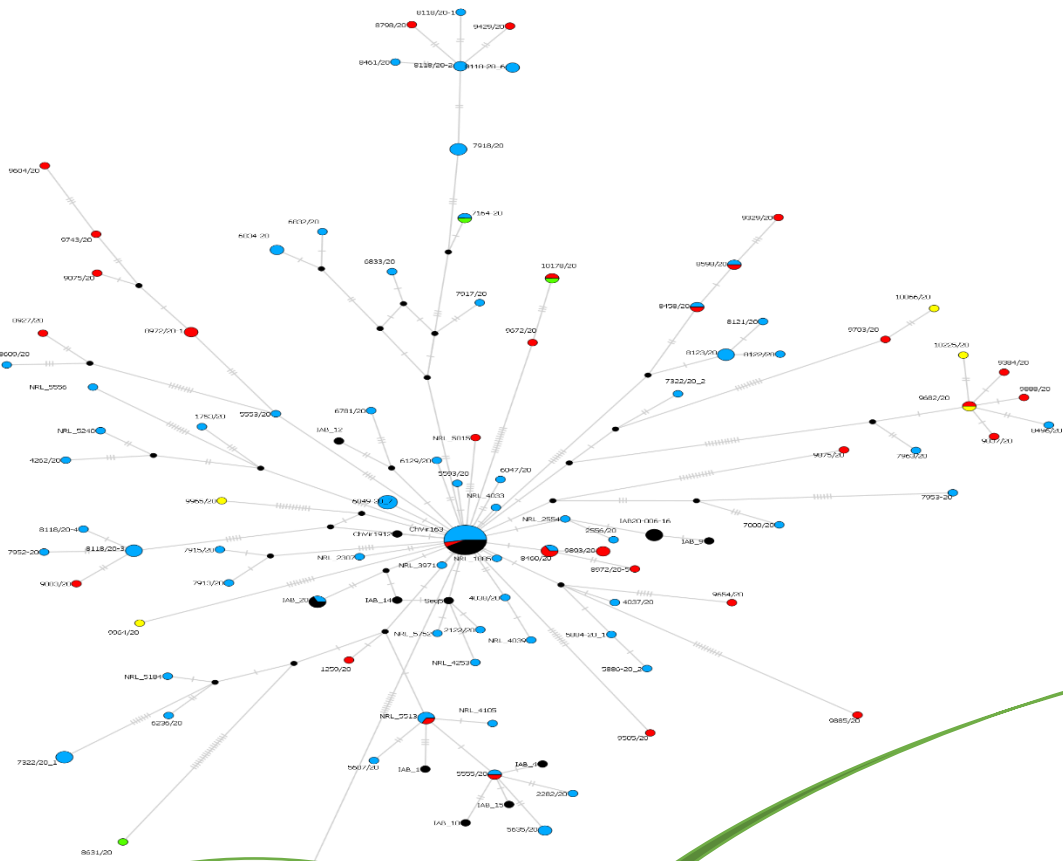
Map of tracked variant occurrence



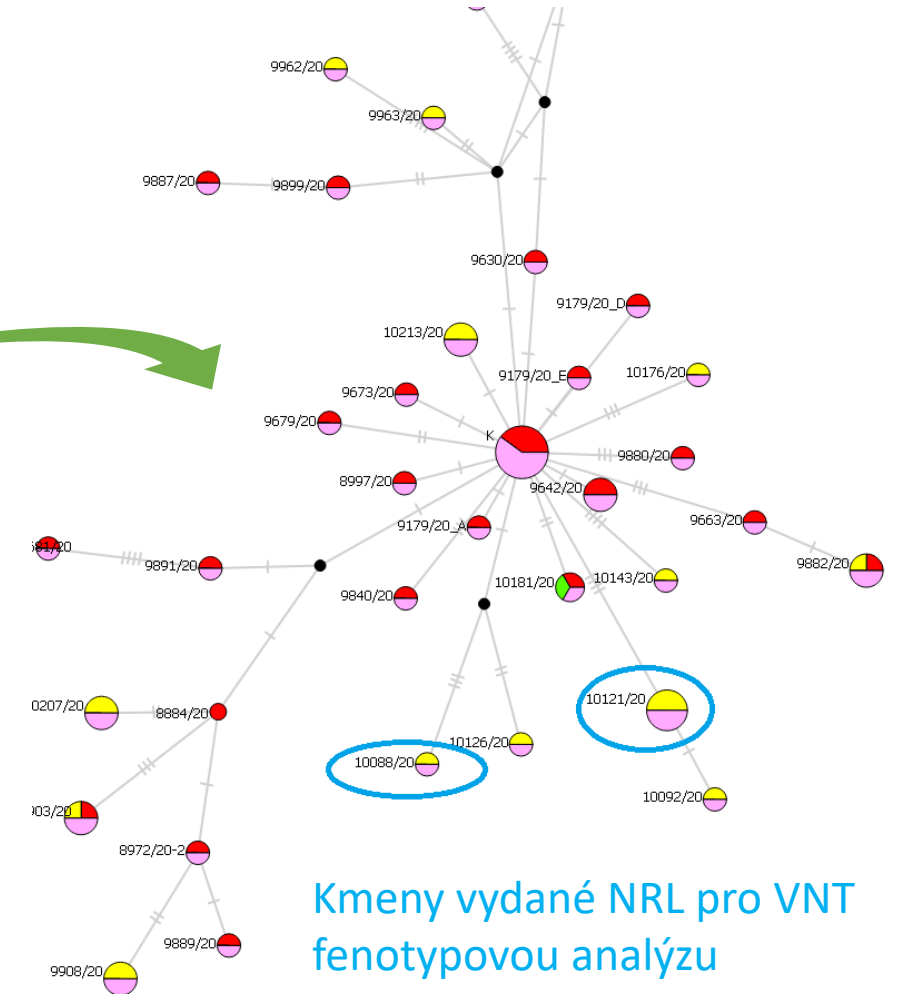
Spike protein changes - RBD



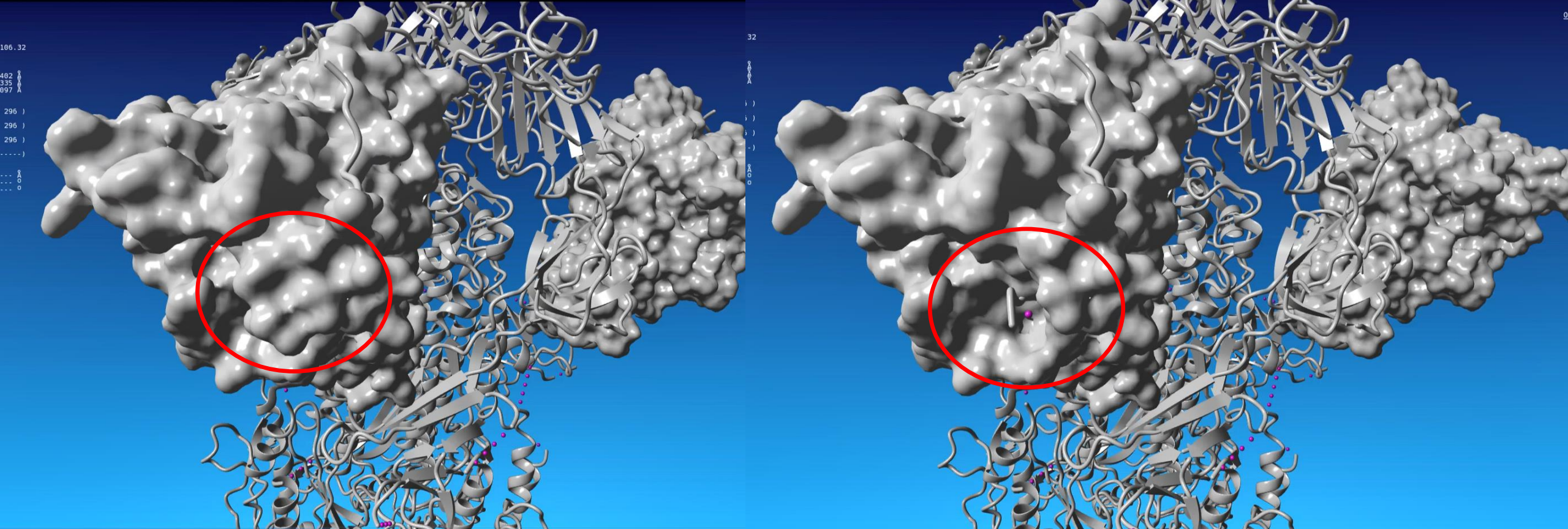
Haplotype network analysis ČR – WGS SARS-CoV-2, březen – říjen 2020



Od konce září, počátku října se v ČR objevuje nová varianta s delecí 6 nukleotidů, což vede ke ztrátě 2 AA (histidin, valin) v N terminální doméně genu S doprovázený substitucí N439K



Kmeny vydané NRL pro VNT fenotypovou analýzu



Delece 6 nukleotidů, tedy 2 aminokyselin (69 histidin, 70 valin) v N-terminální doméně spike proteinu - boční pohled (model dle rentgenostrukturní analýzy – SVU+SZU)

Vzorky indikované k ověření „Britské varianty“ sekvenací

AliView - Sgene-aa_UK-mutations.fasta

File Edit Selection View Align Tools External commands Help

Search

501, 570, 614, 681, 716, 982, 1118 10 20

**Analýza WGS z ČR
20I/501Y.V1**

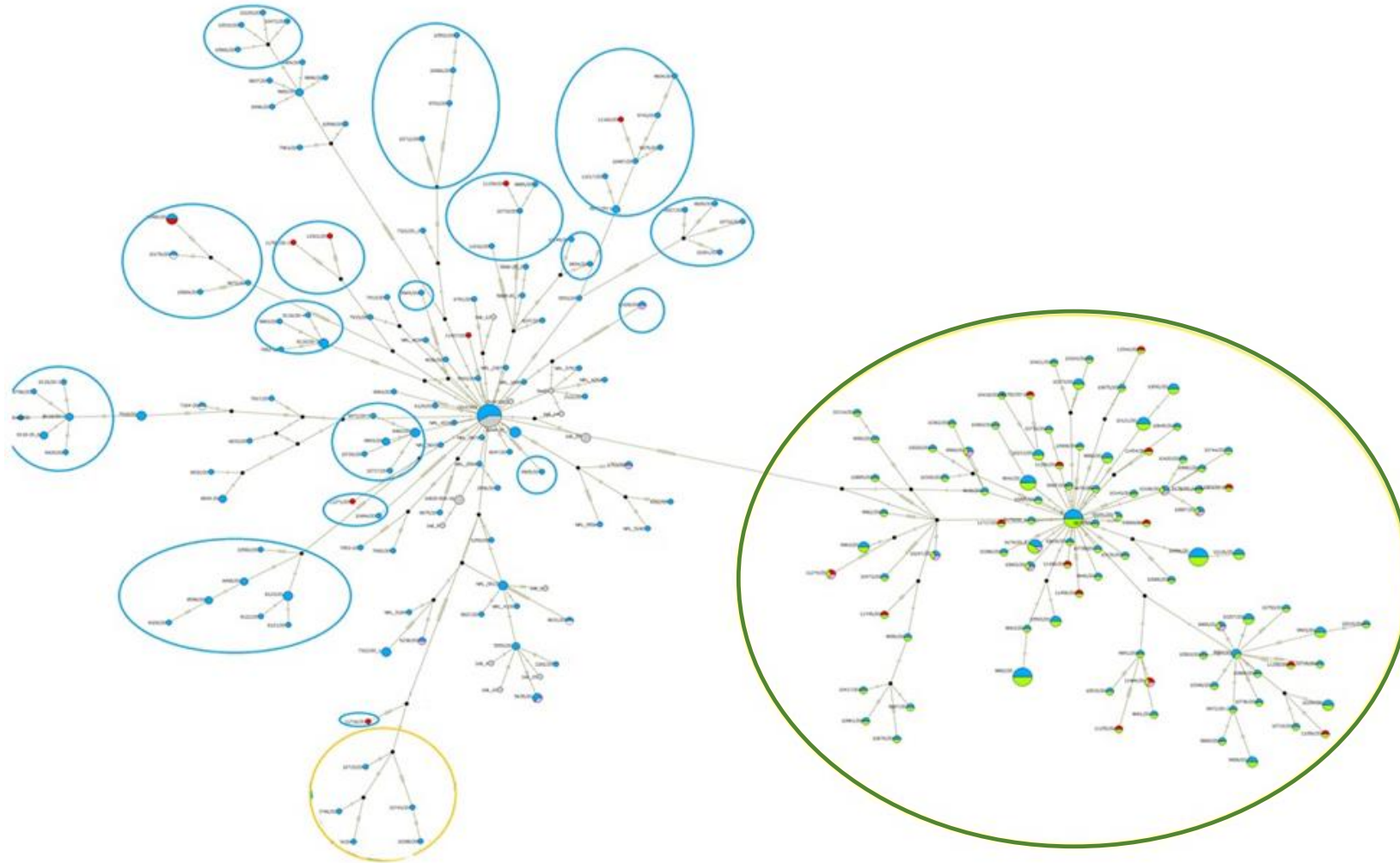
del 69-70
del 145
N501Y
A570D,
D614G,
P681H
T716I
S982A
D1118H

Důvody vyšetření:

- EWRS – trasování kontaktu s pozitivním případem v Německu, Britská var. potvrzena
- Ověření posunu Ct – mismatch 570 spike proteinu, Britská var. potvrzena
- Pozitivní detekce SARS CoV-2 na příletu – letiště VH – Britská varoianta nepotvrzena

Selected: 1 Pos: 1 Pos (ungaped): 1 Selected seqs: 1 Cols: 7 To

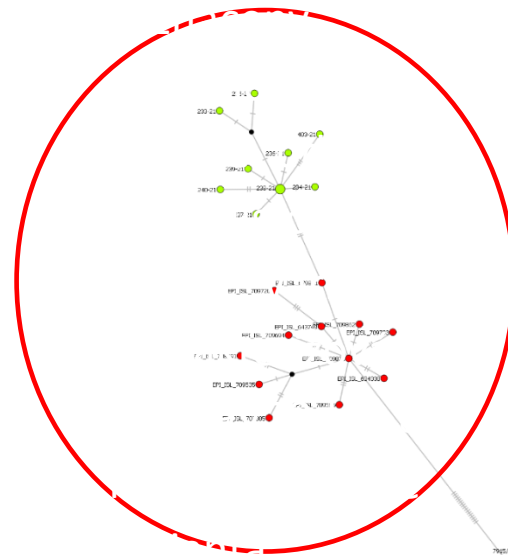
Haplotype network analysis 282 WGS, 25-12-2020



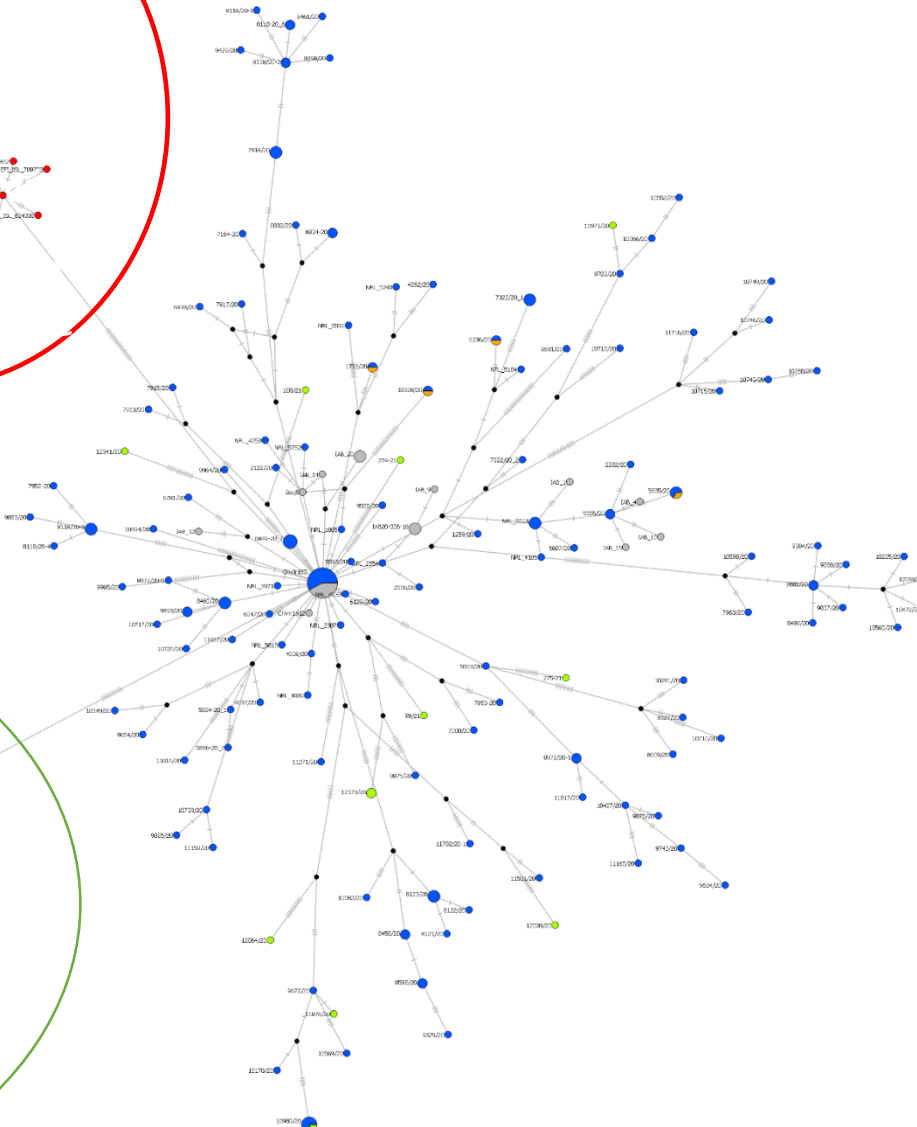
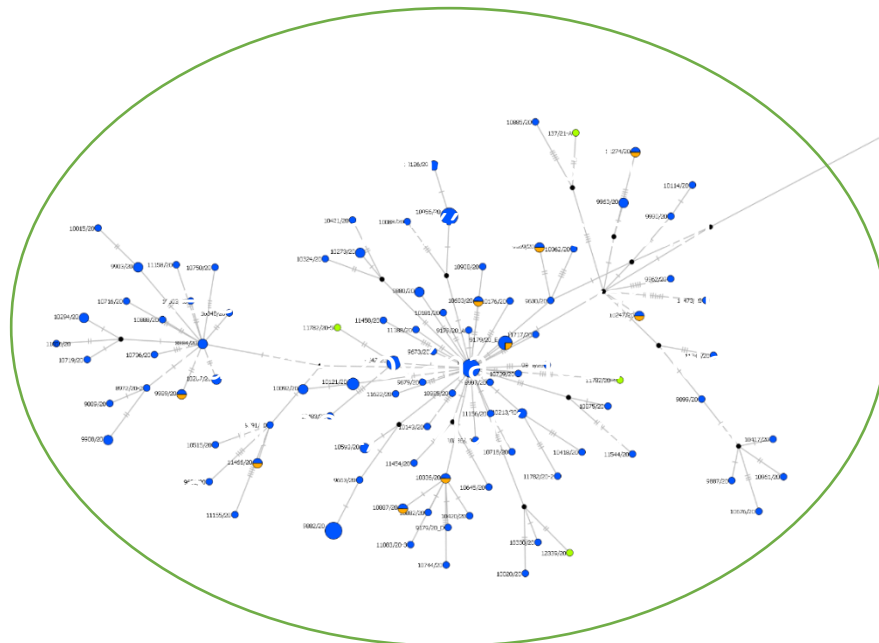
Modře vyznačeny sekvence získané od září do listopadu, zeleně varianta charakterizována H69V70del a N439K, žlutě varianta 20A.EU2

Haplotype network analysis Czechia - 19-01-2021







20I/501Y.V1



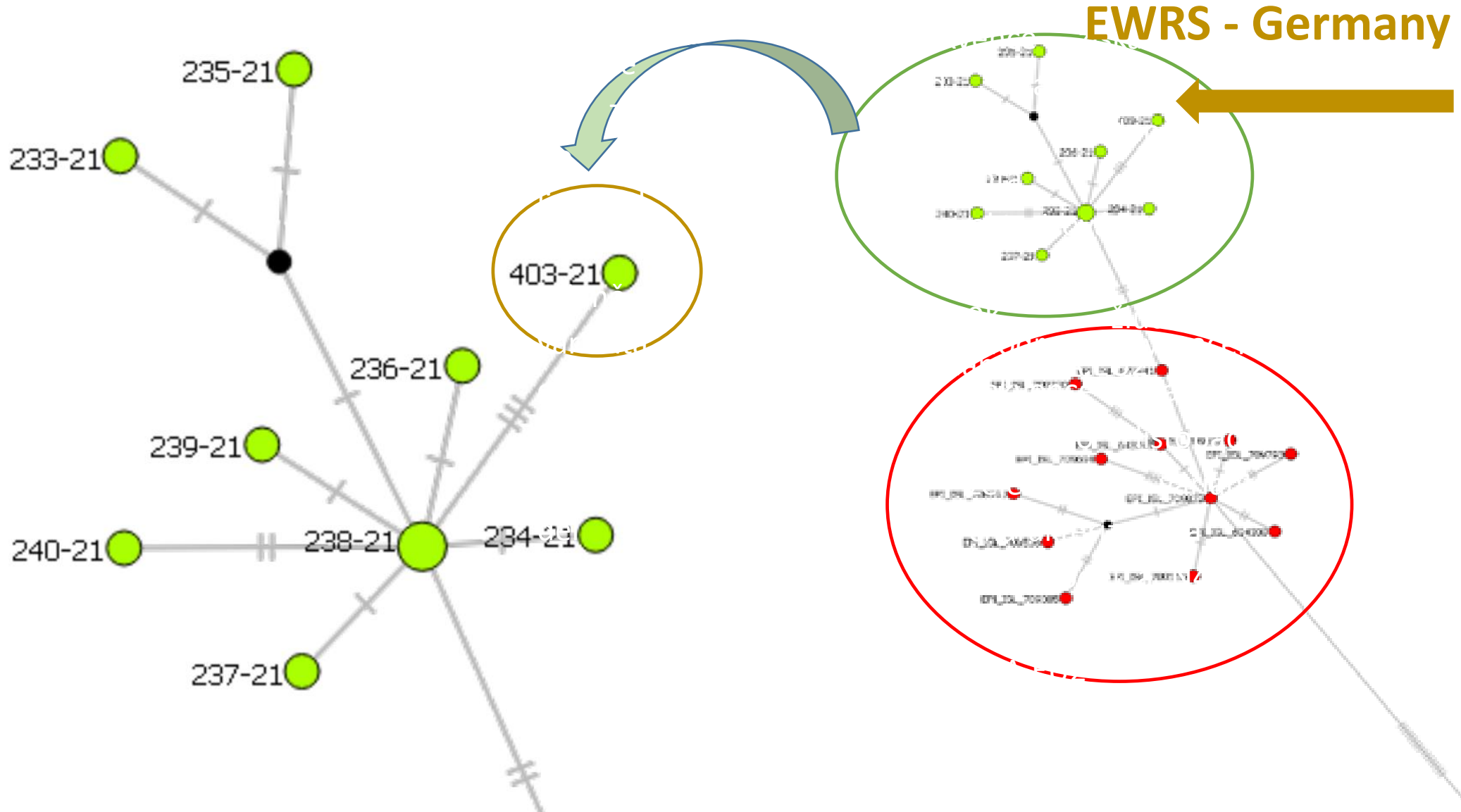
Delece 69-70 + N439K



1 sample

-  NRL-20 modre
-  Ostatní sede
-  NRL-2021 svetle modre
-  NRL poslední zelene
-  Dalsi_delece oranž
-  UK varianta cervene

20I/501Y.V1 Czechia, England



Suspected 20I/501Y.V1 WGS Czechia

	Collection date	Gender	Patient age	Patient status
IL_403/2021	2021-01-07	Female	52	unknown
IL_233/2021	2021-01-04	Male	39	unknown
IL_234/2021	2021-01-05	Female	86	Mild clinical signs without hospitalization
IL_235/2021	2021-01-04	Female	18	No clinical signs
IL_236/2021	2021-01-04	Male	66	Mild clinical signs without hospitalization
IL_237/2021	2021-01-04	Female	14	No clinical signs
IL_238/2021	2021-01-04	Male	49	Mild clinical signs without hospitalization
IL_239/2021	2021-01-05	Female	29	Mild clinical signs without hospitalization
IL_240/2021	2021-01-05	Female	29	Mild clinical signs without hospitalization
IL_241/2021	2021-01-05	Male	25	Mild clinical signs without hospitalization
IL_274/2021	2020-01-06	Female	24	unknown
IL_275/2021	2021-01-05	Male	28	unknown

Důvody vyšetření:

- EWRS – trasování kontaktu s pozitivním případem v Německu, Britská var. potvrzena
- Ověření posunu Ct – mismatch 570 spike proteinu, Britská var. potvrzena
- Pozitivní detekce SARS CoV-2 na příletu – letiště VH – Britská varoianta nepotvrzena

Spike D614G – first cases detected in CR

GISAID © 2008 - 2021 | [Terms of Use](#) | [Privacy Notice](#) | [Contact](#)

You are logged in as **Helena Jirincova** - [logout](#)

Registered Users | EpiFlu™ | **EpiCoV™** | My profile

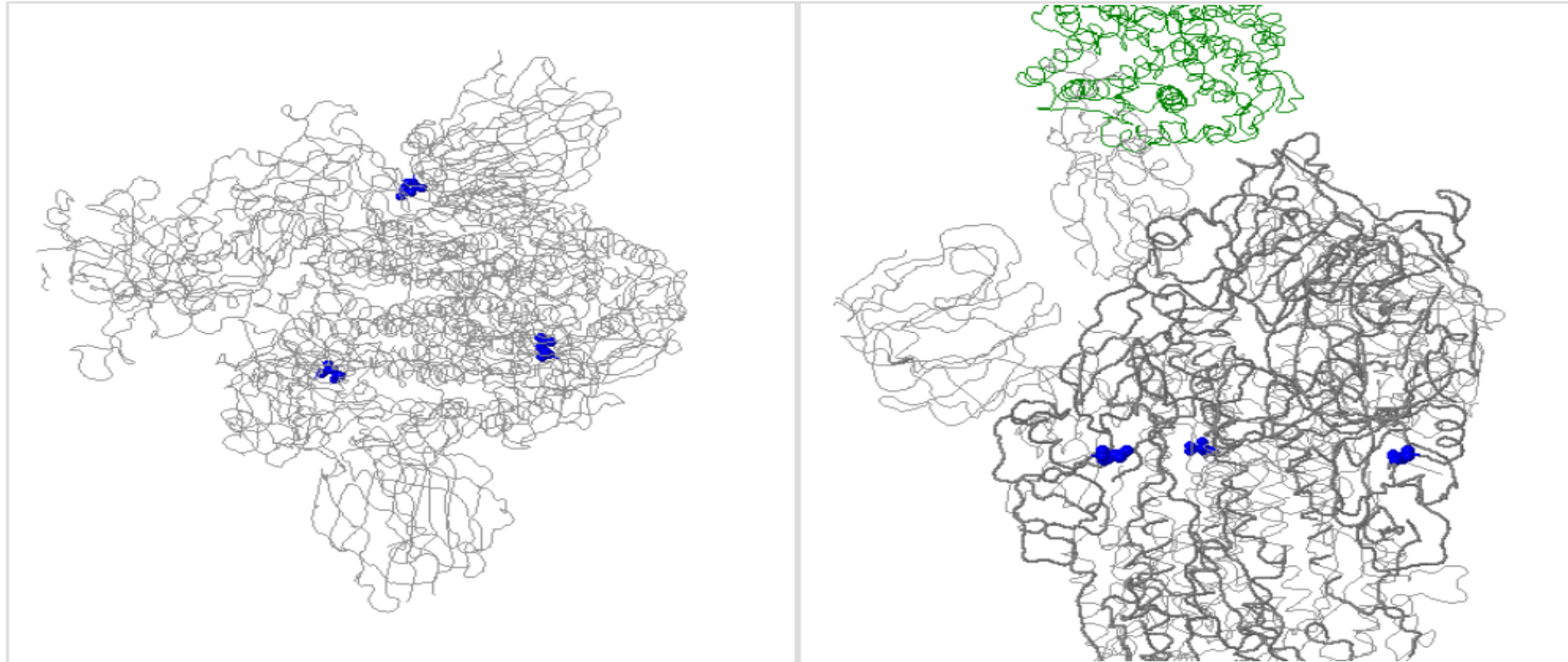
[EpiCoV™](#) | [Search](#) | [Downloads](#) | [Upload](#) | [My Unreleased](#)

CoVsurver Lee, T.C.; Maurer-Stroh, S (2013)

The main application scenario for CoVsurver is to highlight phenotypically or epidemiologically interesting candidate amino acid (aa) changes for further research and should ideally be combined with experimental testing and verification of any predicted phenotypes.

Result for comparison with reference selection: **hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019**

3D structural visualization of the spike glycoprotein with aa changes identified in the query sequences shown as colored balls



Spin ON Spin OFF Save IMAGE

Spike glycoprotein (PDB: 6acc, EM 3.6 Angstrom) with RBD in down conformation.

Spin ON Spin OFF Save IMAGE

Spike glycoprotein (PDB: 6acj, EM 4.2 Angstrom) in complex with host cell receptor ACE2 (green ribbon).

Poděkování kolegům spolupodílejících se na celogenomové sekvenaci SARS-CoV-2

Jaromíra Večeřová

Národní referenční laboratoř pro chřipku a nechřipková virová respirační onemocnění, SZU

Lenka Černíková

Laboratoř molekulární biologie, SVU Praha

.....a celému týmu NRL pro chřipku a nechřipku, týmu NRL pro enteroviry SZU a týmu laboratoře SVU za poskytnutí časového prostoru pro WGS