

## Výsledky sledování variant SARS-CoV-2 celogenomovou sekvencí a diskriminačními PCR v ČR 2021 – k 23.7.2021

- Ke dni 23.7. 2021\* bylo za ČR osekvenováno a do GISAID vloženo 5208 celogenomových sekvencí (za rok 2021). Zatím do GISAID databáze nebyly vloženy všechny sekvence získané v rámci Česko- Saské přeshraniční spolupráce, kdy Ústecký a Liberecký kraj posílá každý týden do laboratoře v Drážďanech po 24 vzorcích. V rámci této spolupráce bylo osekvenováno více než 500 vzorků.
- V týdnu 16. 7. až 23. 7.\* bylo osekvenováno a do GISAID vloženo 105 vzorků s datem odběru v rozmezí 4. 5. - 9. 7. (v 64 případech byla prokázána varianta delta).
- V tabulce 1 jsou uvedeny počty prokázaných variant v jednotlivých krajích, kdy je vidět nárůst detekce varianty delta v absolutních číslech.
- V grafu 1 jsou zpracovány detekce všech VOC (variant of concern) v porovnání s celkovým počtem všech sekvencí a v porovnání se zastoupením prokázané varianty delta. Na grafu je vidět nárůst detekcí delta varianty.
- V rámci diskriminačních PCR bylo dle celorepublikových dat dostupných za poslední dva týdny v laboratořích vyšetřeno celkem 2186 SARS CoV-2 pozitivních vzorků.
- V rámci WGS činí k 23.7.2021 podíl varianty delta 60%, ale ve 27. kalendářním týdnu vzrostl podíl delta varianty na 78,5 až 80 % (graf 2 a 3).

\* = Pozn.: odběr vzorku má od sekvenace 1 - 3 týdny zpoždění

# Výsledky celorepublikových diskriminačních PCR pro určení varianty HCoV-19 za období 9.7. – 23.7.2021

Dle kumulativních celorepublikových dat dostupných za poslední dva týdny bylo v 71 laboratořích vyšetřeno celkem 2186 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků. Na základě dat z různých testovacích sad byla určena příslušnost k variantě - alfa, beta, gama nebo delta (Variants of Concern dle WHO). Vyhodnocení proběhlo na základě všech (2186) záznamů, přesnost zastoupení variant reflektuje různorodost sledovaných mutací v rámci diskriminačních PCR, epidemickou situaci a úspěšnost hlášení do ISIN.

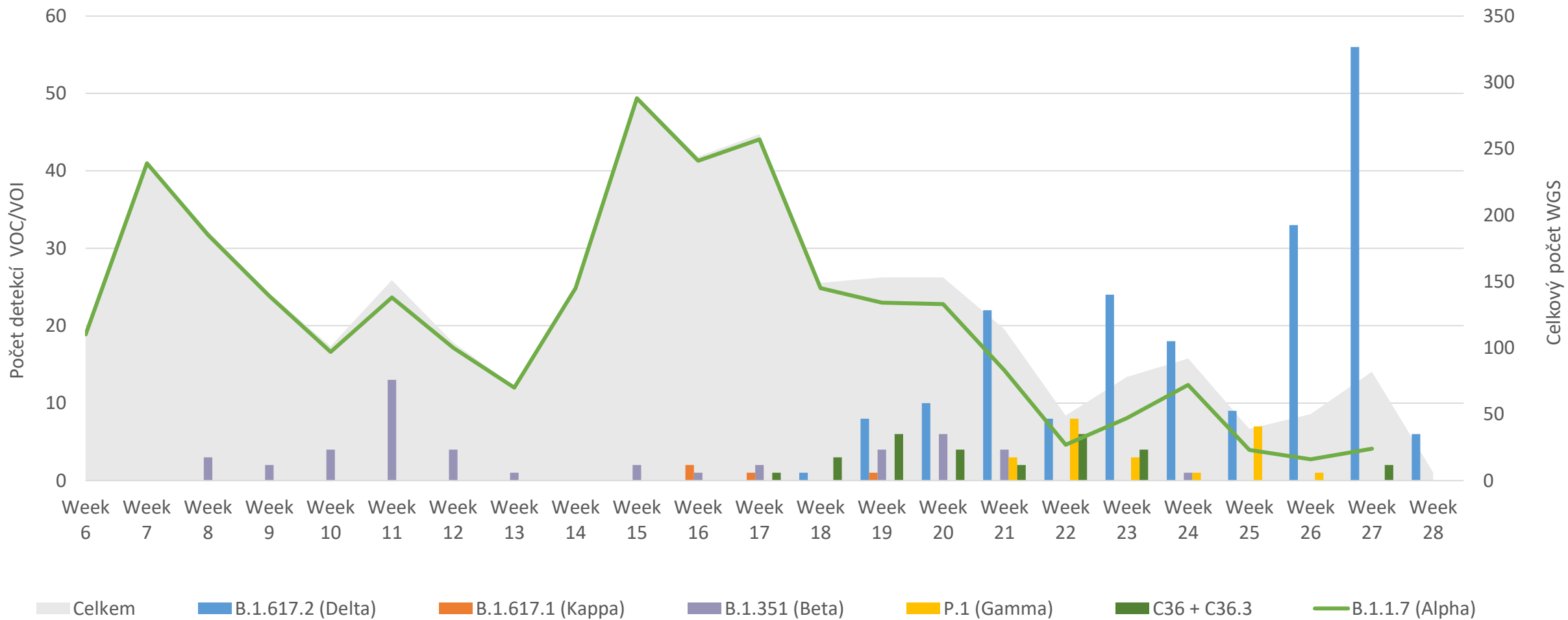
Výsledky:

Variant of Concern:	Procentuální zastoupení:	
Alfa varianta:	(britská B.1.1.7)	12 %
Beta varianta:	(jihoafrická B.1.351)	< 1 %
Gamma varianta:	(brazilská P.1)	< 1 %
Delta varianta:	(indická B.1.617.2)	80 - 90 %

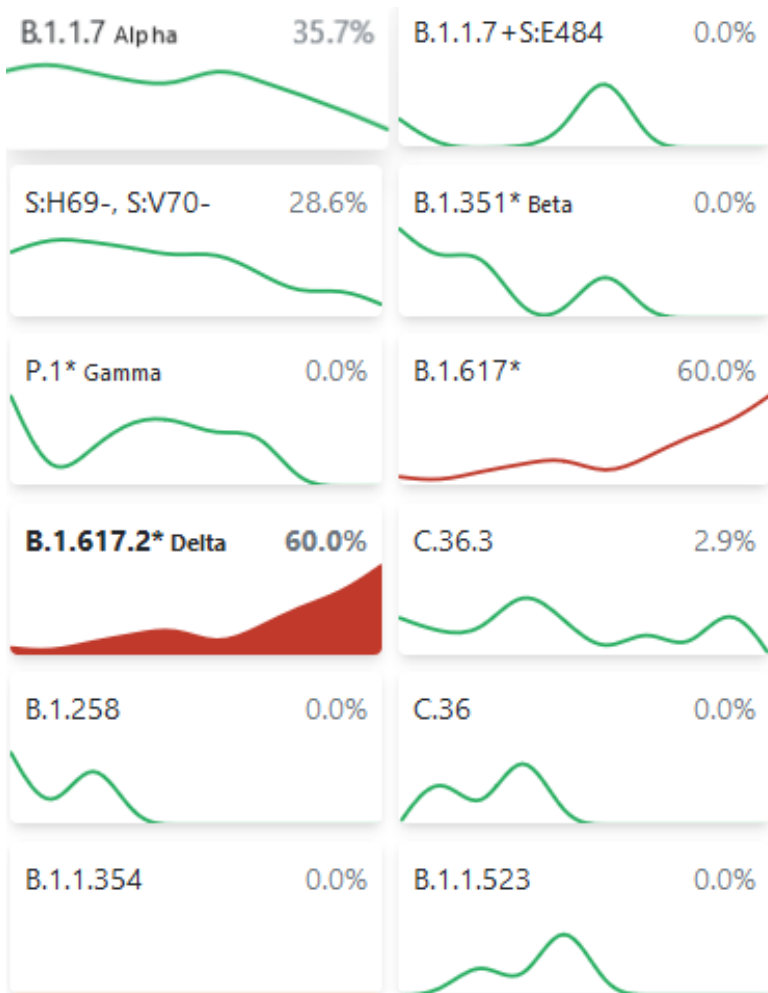
## Tabulka 1: Přehled krajů s WGS detekovanými alertními variantami (za rok 2021) (VOC- VOI –VUM - VUI)

- **Delta** - B.1.617.2, 219 případů:  
Praha, Královéhradecký kraj, Moravskoslezský kraj, Liberecký kraj, Ústecký kraj, Vysočina, Jihočeský kraj, Jihomoravský kraj, Olomoucký kraj, Středočeský kraj, Plzeňský kraj, Zlínský kraj
- **Delta+** AY.1 – 1 případ  
Jihomoravský kraj
- **Beta** - B.1.351, 71 případů  
Praha, Moravskoslezský kraj, Středočeský kraj, Plzeňský kraj, Královéhradecký kraj, Olomoucký kraj, Karlovarský kraj, Liberecký kraj, Jihomoravský kraj, Vysočina
- **Gamma** - P.1, 23 případů  
Praha, Jihočeský kraj, Pardubický kraj, Jihomoravský kraj, Ústecký kraj
- **Kappa** B.1.617.1 - 4 případy  
Praha, Středočeský kraj
- **Lambda** C.37 - 1 případ  
Středočeský kraj

Graf 1: Přehled detekovaných variant SARS – CoV-2 ke 23.7.2021 v ČR, výsledky z celogenomové sekvenace



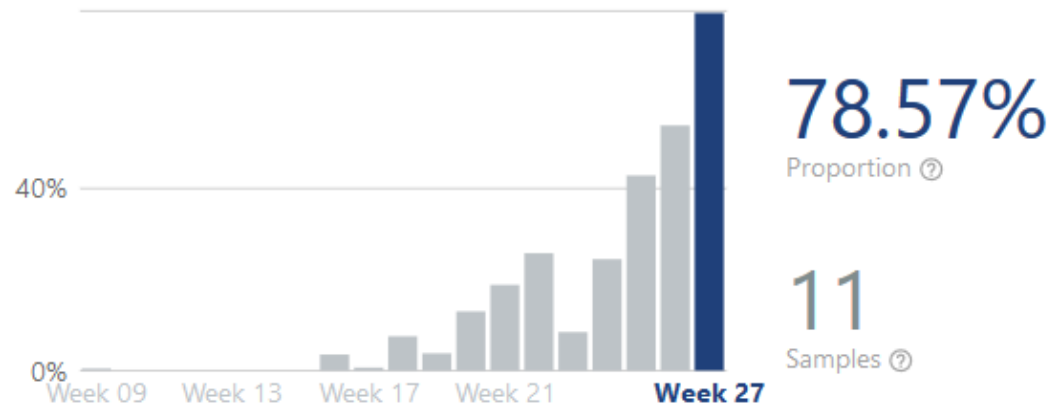
Graf 2: Statistické údaje získané na základě sekvenačních dat z GISAID ke 23. 7. 2021 – analýza poměru detekce varianty delta



### Sequences over time

Export Show regions

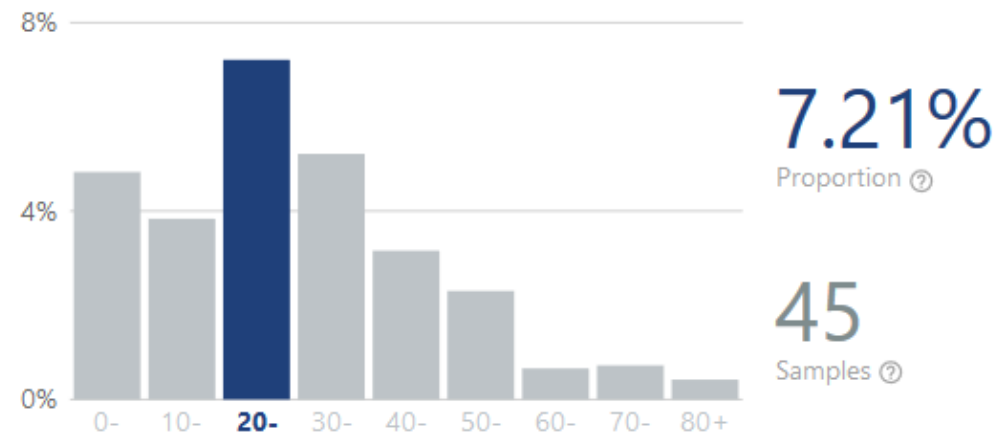
Proportion of all samples sequenced on week 27, 2021



### Demographics

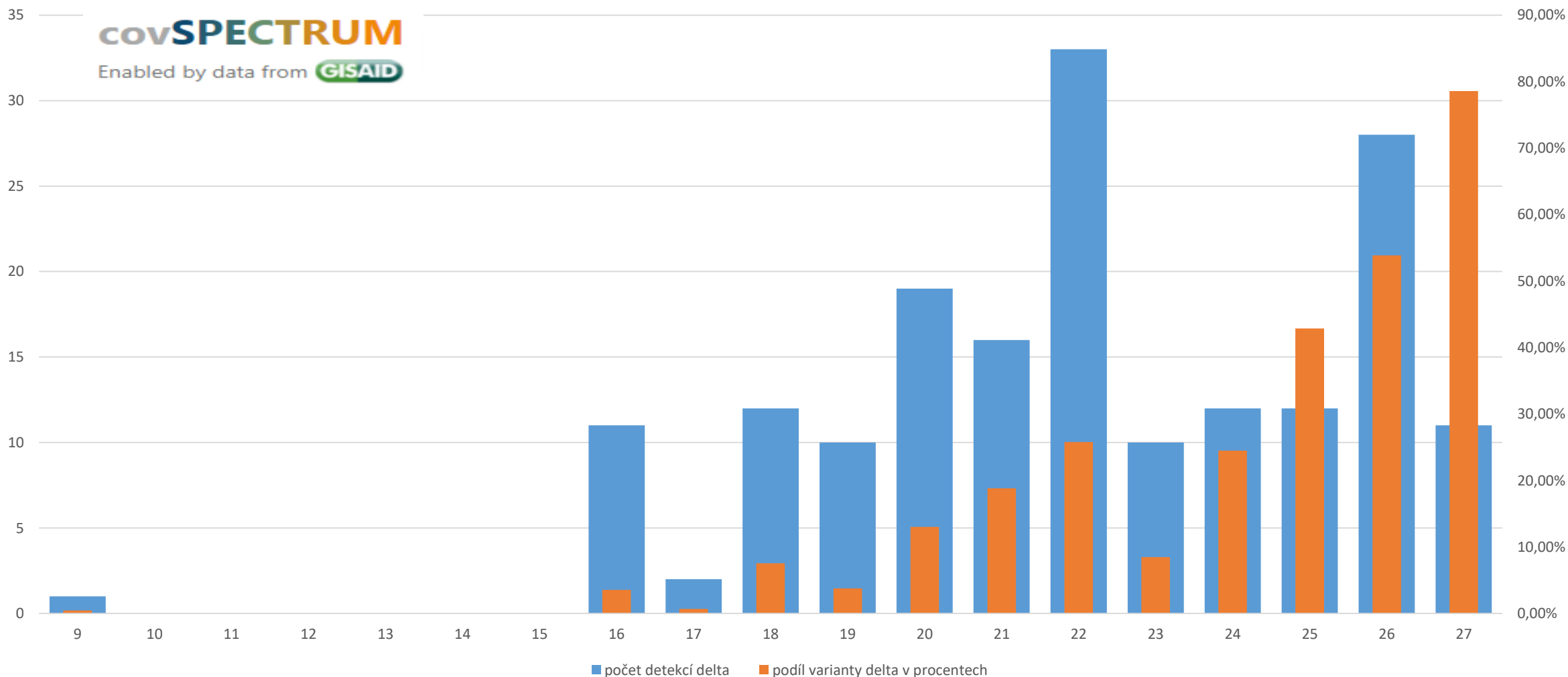
Export Show regions

Proportion of the variant by age (estimated)



### Graf 3: Statistické údaje získané na základě sekvenačních dat z GISAID ke 16. 7. 2021 – analýza poměru detekce varianty delta k celkovému počtu detekcí

Zastoupení varianty delta v rámci celogenomové sekvenace dle kalendářních týdnů roku 2021  
data ke 23-07-2021



# Odborná doporučení NRL pro diskriminativní PCR SARS-CoV-2 pozitivních vzorků

## 1. **Minimum** – vždy povinné:

**E484K a L452R** (potenciálně imunitní escape, určitá míra rezistence vůči vakcinačním a kovalescentním, rezistence vůči některým protilátkám post vakcínačním a kovalescentním, rezistence vůči některým monoklonálním protilátkám)

Interpretace:

obě mutace negativní: alfa (nebo jiné varianty)

E484K pozitivní:

alfa + E484K, nebo beta nebo gama nebo jiná „variant of interest“ - VOI (vždy důležitá informace)

L452R pozitivní: delta (nebo C.36, C.36.3 nebo epsilon nebo jiná VOI)

## 2. Možnost a interpretace:

**E484K a L452R a N501Y**

Vše negativní – ostatní (nebo jiná VOI, např. lambda)

N501Y pozitivní: alfa

N501Y pozitivní a zároveň E484K pozitivní: alfa + E484K nebo beta nebo gama

Jen L452R pozitivní: delta (nebo C.36, C.36.3 nebo epsilon nebo jiná VOI)

### 3. Možnost a interpretace:

#### **E484K a L452R a N501Y a K417N**

Vše negativní – jiná varianta (včetně některých VOI)

N501Y pozitivní: alfa

N501Y a E484K pozitivní: alfa + E484K nebo gama

Jen L452R pozitivní: delta (nebo C.36 nebo C.36.3 nebo epsilon nebo jiná VOI)

N501Y a K417N pozitivní: beta

L452R a K417N pozitivní: delta plus, tedy AY.1

### 4. Možnost a interpretace:

#### **E484K, L452R, N501Y, K417N a P681R**

Vše negativní – jiná varianta (včetně některých VOI)

N501Y pozitivní: alfa

N501Y a E484K pozitivní: alfa + E484K nebo gama

Jen L452R pozitivní: C.36, C36.3, epsilon nebo jiná VOI

N501Y a K417N pozitivní: beta

L452R a P681R pozitivní: delta

L452R a P681R a K417N pozitivní: delta plus tedy AY.1



Pro další interpretaci kombinací mutací lze použít ECDC/WHO přehled:

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

Případně kontaktuje NRL.

### **Závěr odborných doporučení:**

NRL v současné době doporučuje testovat jako minimum L452R a E484K mutace, doporučení se ale může změnit ve chvíli, kdy se identifikuje jiná potenciálně významná mutace. V tomto případě bude NRL v pravidelných zprávách a případně metodických doporučeních informovat.

# Závěr:

Od minulého týdne přibylo 105 celogenomových sekvencí. Detekce varianty delta i v rámci WGS narůstá. Podíl varianty delta u sekvenovaných vzorků je asi 78,5 až 80 % (rozdíly v grafu 2 a 3 jsou dány sekvencemi, které umožňují jednoznačnou interpretaci, ale nejsou dostatečně kvalitní, aby mohly být vloženy do GISAID). Výsledky sekvenace jsou ovlivněny výběrem vzorku: trasováním, mutačními PCR a klinickým stavem pacienta. Především v NRL se nejedná o reprezentativní podíl SARS CoV-2 pozitivních vzorků.

Na základě výsledků z celorepublikových dat z diskriminačních PCR za poslední dva týdny lze říci, že varianta delta je dominantní, a to 80 až 90 procenty. Při diskriminačním PCR by laboratoře měly postupovat dle odborných doporučení NRL.

Na základě kombinovaných dat ze celogenomové sekvenace a diskriminačního PCR je NRL přesvědčena, že v průběhu července začala v ČR dominovat delta varianta, ačkoliv ještě v červnu to byla varianta alfa. Varianta delta je zhruba o 60% nakažlivější oproti alfa variantě (dle Public Health England).

Obezřetnost je na místě. Delta varianta byla ve Spojeném Království ve větší míře přítomná již od dubna 2021 (GISAID.org). Avšak masivní rozvolnění opatření vyvolalo v červenci novou epidemickou vlnu.

Pro efektivní analýzu a sledování nových variant potřebuje NRL podrobnější data (především týkající se vakcinace, věku, závažnosti klinického stavu).