

Varinty SARS-CoV-2 v České republice

Zpráva ke dni 25. 06. 2021 (24. kalendářní týden roku 2021)

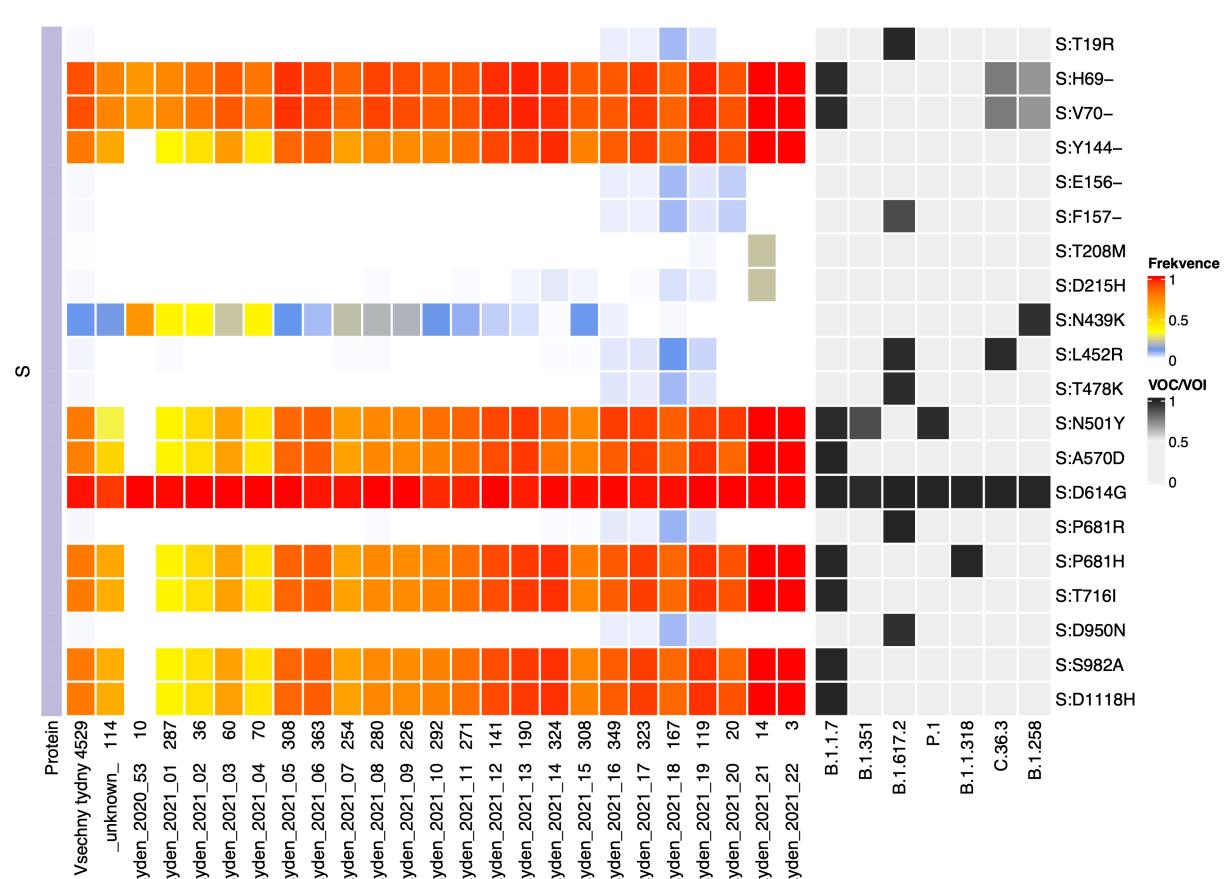
Vydalo:

COG-CZ

COVID-19 Genomics CZ Consortium

Kontaktní osoby:

Jan Pačes (jan.pacesimg.cas.cz)
a Michal Kolář (kolarmiimg.cas.cz),
Ústav molekulární genetiky AV ČR



Obsah

1. Přispěvatelé
2. Celkové zhodnocení
3. Týdenní přehled odebraných vzorků
4. Časový vývoj viru SARS-CoV-2 na území ČR
5. Varianty viru SARS-CoV-2 na území ČR
6. Přehled proteinových mutací na celogenomové úrovni v českých krajích
7. Přehled proteinových mutací na celogenomové úrovni - časová řada
8. Vyobrazení Spike proteinu variant SARS-CoV-2
9. Fylogenetická analýza izolátů SARS-CoV-2 z České republiky
10. Znázornění mutací SARS-CoV-2 v reprezentaci haplotypové sítě
11. Přílohy

1. Přispěvatelé

Karel Berka, Michaela Jaroměřská, Artsemi Yuschkovich

Katedra fyzikální chemie, Univerzita Palackého v Olomouci

Martin Čech

Ústav organické chemie a biochemie, AV ČR

Zoltán Fussy, Vladimír Hampl, Blanka Hamplová, Štěpánka Hrdá, Jiří Novák, Ruth

Tachezy, Sebastian Cristian Treitli

Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, BIOCEV

Miluše Hradilová, Michal Kolář, Ondřej Moravčík, Jan Pačes, Lucie Pfeiferová, Martin Zmuda

Ústav molekulární genetiky, AV ČR

Magdalena Jančářová

Katedra parazitologie, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy

Helena Jiřincová, Alexander Nagy, Timotej Šuri, Jaromíra Večeřová

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

Martin Kolisko, Serafim Nenarokov, Jeffrey Silberman, Radek Šíma, Monika Wisniewska

Parazitologický ústav, Biologické centrum, AV ČR

Jaroslav Nunvář

Katedra genetiky a mikrobiologie, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy

Miroslav Ruda

CESNET

Rastislav Slavkovský

Ústav molekulární a translační medicíny, Univerzita Palackého v Olomouci

Monika Čechová

Fakulta informatiky, Masarykova Univerzita

Markéta Tomková

University of California Davis, UC Davis Genome Center

Hana Medová

Výpočetní a datové kapacity poskytuje Elixír-CZ (www.elixir-czech.cz).

2. Celkové zhodnocení

Tato zpráva vznikla za účelem zavedení pravidelného monitoringu variant SARS-CoV-2 na území České republiky. **Slouží výhradně pro vědecké účely.**

Na území České republiky bylo od 1.1.2021 do 18.6.2021 zaznamenáno 53 linií SARS-CoV-2, z toho čtyři Varianty hodné pozornosti (VOC) a dvě Varianty hodné zájmu (VOI) dle stávající klasifikace ECDC. V deseti týdnech předcházejících datové uzávěrce zprávy (týdny 15 - 24) se nejčastěji vyskytovala varianta alfa (B.1.1.7). V České republice se v tomto období objevily Varianty hodné pozornosti delta (B.1.167.2) a gamma (P.1). Varianta hodná pozornosti beta (B.1.351) a varianta B.1.258 postupně ustupují. Sporadicky byly nalezeny Varianty hodné zájmu B.1.160 a kappa (B.1.617.1). Mezi ostatními variantami jsme pozorovali nárůst varianty C.36.3. Dále byly potvrzeny minoritní výskytu variant B.1.221, B.1.1.277, B.1.177.8, B.1.416.1, B.1.1.318 a B.1.1.170. Varianty jsou členěny dle PANGO klasifikace <https://cov-lineages.org/>, jejich podrobný popis je uveden v Příloze tohoto dokumentu a na webových stránkách <http://virus.img.cas.cz/>.

Výběr vzorků pro sekvenaci izolátů SARS-CoV-2 populace České republiky neprobíhal podle jednotné metodiky. Vzorky byly vybírány tendenčně dle rozhodnutí jednotlivých klinik a laboratoří. **Dostupný dataset tedy nepředstavuje reprezentativní vzorek populace.** Závěry odvozené z předkládaných výsledků je nutno brát pouze jako orientační, neodrážejí celkovou situaci v ČR. Pro území České republiky jsou k dispozici sekvenační data shromažďovaná Ústavem molekulární genetiky AV ČR, dále pak data o sekvenaci českých izolátů uložená v databázi GISAID. Ke dni zpracování této zprávy byly od 1.1.2021 pro území České republiky k dispozici údaje o sekvenaci celkem 4 533 vzorcích, které byly vybrány po kontrole kvality pro další analýzy.

Největším úskalím sekvenace variant SARS-CoV-2 zůstává nesystematický sběr dat, nedostatečný počet osekvenovaných vzorků z české populace a chybějící metadata (pacientův zdravotní stav, prodělání nemoci COVID-19 a vakcinace). Dalším problémem je nepropojenost s pracovištěmi veřejné zpráv, které sledují výskyt SARS-CoV-2 v rámci ČR, např. ÚZIS. Sekvenační data je důležité doplnit výsledky z diskriminačních PCR.

3. Týdenní přehled odebraných vzorků

Sekvenace izolátů SARS-CoV-2 z území České republiky probíhá v několika akademických, univerzitních a soukromých laboratořích. V grafu je vynesen počet vzorků odebraných v daném týdnu s udáním labratoře, která vzorek zpracovala. Ke dni vypracování této zprávy byly k dispozici údaje o sekvenaci 4 415 vzorků od 1.1. 2021 do 18.6.2021. (*Graf je na následující straně.*)

Vysvětlivky:

Bioptic Lab - Bioptická laboratoř s.r.o.

FN Motol - Fakultní nemocnice v Motole, Praha

MN Ústí nad Labem - Masarykova nemocnice Ústí nad Labem

SVÚ Praha - Státní veterinární ústav Praha

BTÚ AV ČR - Biotechnologický ústav AV ČR

GHC - GHC Genetics s.r.o.

NRL SZÚ ČR - Národní referenční laboratoře pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění ČR

Tilia Lab - Tilia Laboratories s.r.o.

CEITEC MU - Centrum CEITEC Masarykova univerzita v Brně

IMTM Olomouc - Ústav molekulární a translační medicíny, CATRIN, Univerzita Palackého v Olomouci

ÖAW - Österreichische Akademie der Wissenschaften

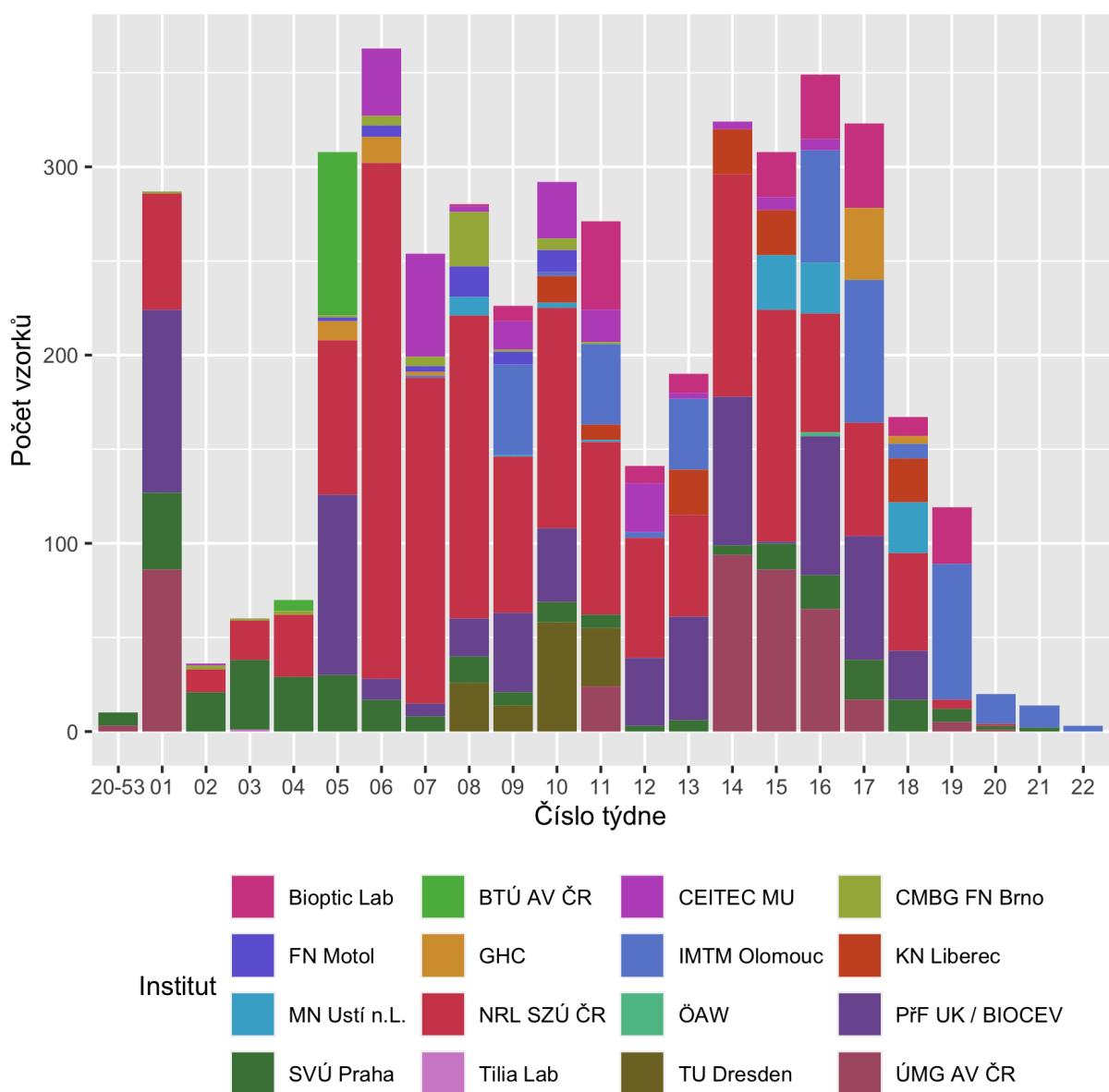
TU Dresden - Technische Universität Dresden

CMBG FN Brno - Centrum molekulární biologie a genetiky, Fakultní nemocnice Brno

KN Liberec - Krajská nemocnice Liberec

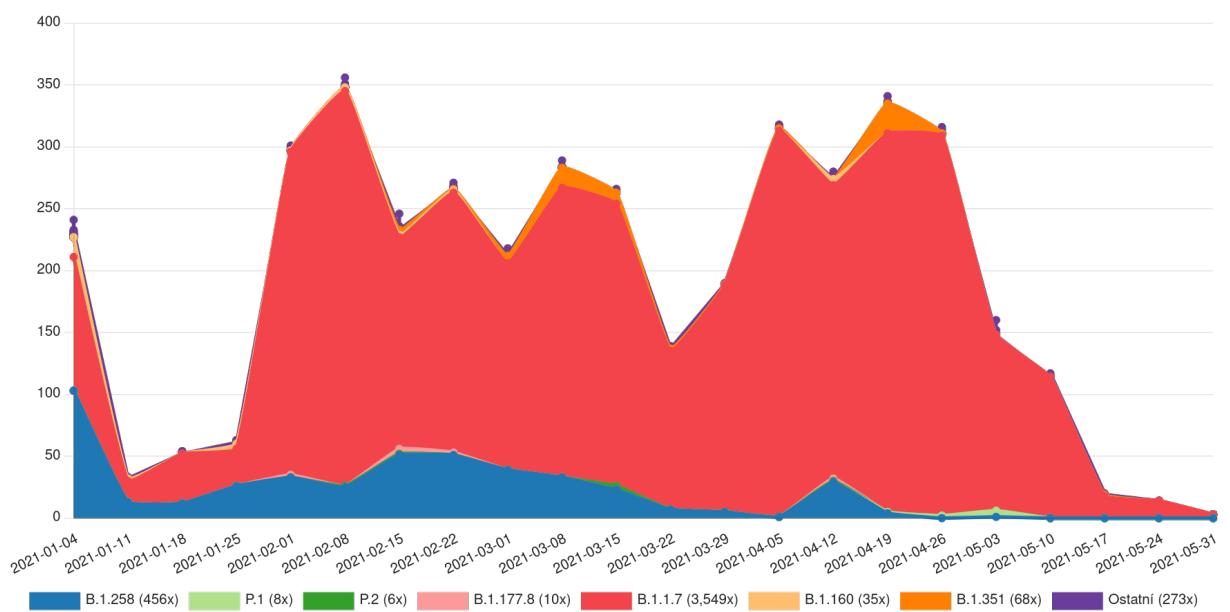
PřF UK BIOCEV - Biotechnologické a biomedicínské centrum Akademie věd a Univerzity Karlovy ve Vídni

ÚMG AV ČR - Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i.



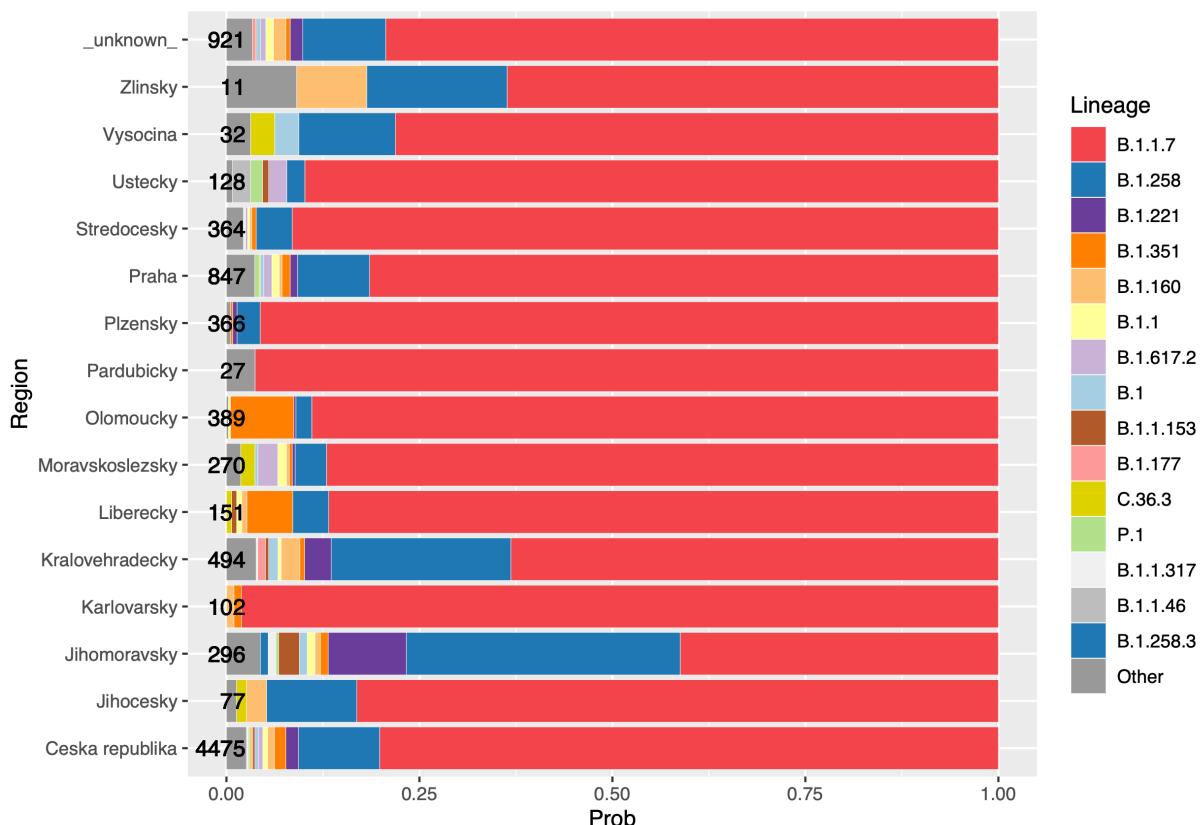
4. Časový vývoj viru SARS-CoV-2 na území ČR

Graf znázorňuje průběh linií viru SARS-CoV-2 izolovaných na území České republiky od 1.1.2021 do 18.6.2021. V grafu je na vertikální ose vyneseno množství vzorků osekvenovaných v daném týdnu. Celkově je znázorněno 4 419 vzorků. Výchozí data jsou uvedena v Tabulce 5 a v Tabulce 6.



5. Varianty viru SARS-CoV-2 na území ČR

Graf uvádí frekvenci výskytu variant SARS-CoV-2 ve vzorcích s datem odběru mezi 1.1.2021 a 18.6.2021 ve členění podle krajů. Pro tuto analýzu bylo z celkového datasetu 4 533 vybráno 4 475 vzorků, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu a místu odběru. V grafu jsou vyneseny jen varianty přítomné v alespoň jednom kraji nejméně ve dvou izolátech a zároveň ve více než 1 % analyzovaných vzorků. Od měsíce května tohoto roku dochází k záchytům variant delta (B.1.617.2), kappa (B.1.617.1) a C.36.3. Počet vzorků z daného kraje je uveden na svislé ose vlevo. Data o nejčastěji se vyskytujících variantách identifikovaných v ČR jsou uvedena v Příloze v Tabulce 3, kompletní data v Tabulce 4.



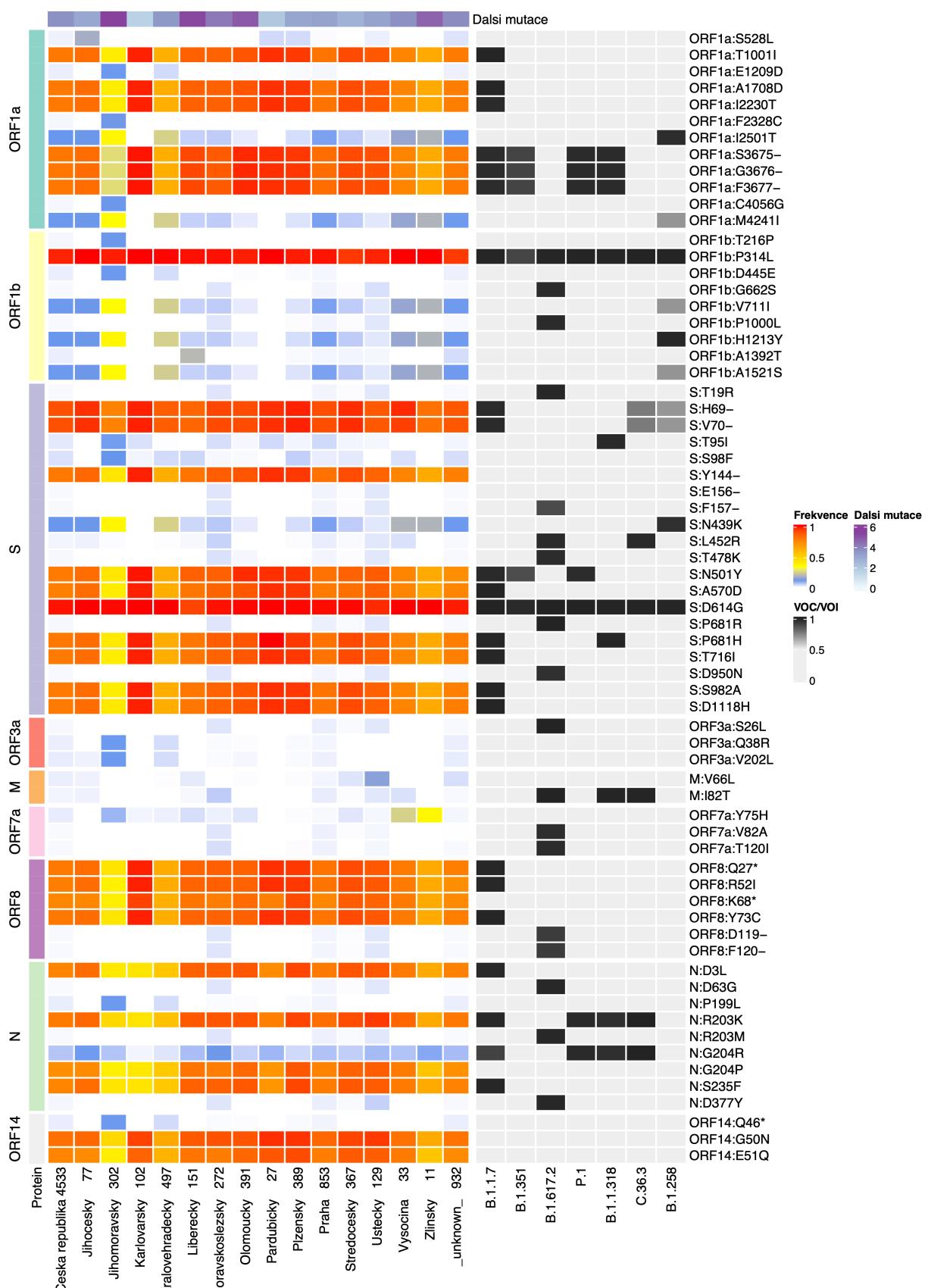
6. Přehled proteinových mutací na celogenomové úrovni v českých krajích

Data získaná sekvenací celého genomu viru SARS-CoV-2 ukazují přítomnost mutací v jednotlivých krajích ČR. Mutace jsou porovnávány s referenčním izolátem wuhanské varianty SARS-CoV-2 (ref.č. NC_045512.2 o délce 29 903 bp). V izolátech z České republiky bylo nalezeno již více jak 4 000 mutací (substitucí a delecí) v genomu viru SARS-CoV-2. Grafický přehled zahrnuje frekvence aminokyselinových delecí a substitucí, které se v jednom kraji vyskytovaly ve více jak 10% a zároveň jsou z daného kraje dostupné alespoň tři izoláty obsahující tuto mutaci. Celkový počet vzorků z daného kraje je uveden na dolní ose. V pravé části grafu jsou znázorněny substituce a delece ve virových proteinech charakteristické pro danou variantu. Řádek Další mutace ukazuje střední počet mutací, které nejsou znázorněny v heatmapě, ve vzorcích z daného kraje/týdne. Ukazuje tak mutační nálož nad rámec mutací uvedených v heatmapě. Mutace jsou uvedeny ve formátu:

<protein>:<aminokyselina v referenční sekvenci><pozice v proteinu><aminokyselina v mutované sekvenci><->.

Výchozí data jsou uvedena v Tabulce 7.

(Graf je na následující straně.)



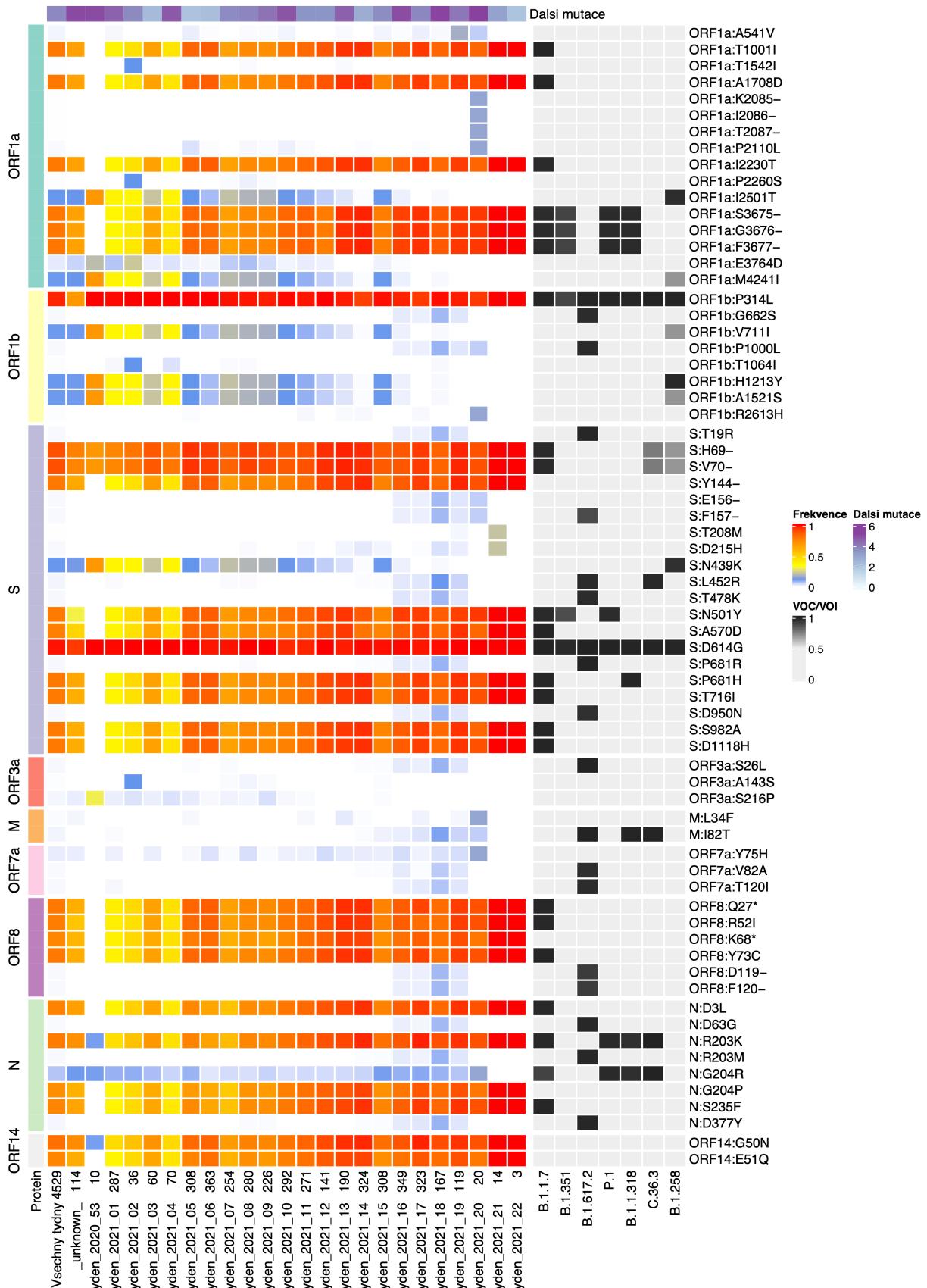
7. Přehled proteinových mutací na celogenomové úrovni - časová řada

Data získaná sekvenací celého genomu viru SARS-CoV-2 ukazují, jak se virus mění v čase. Mutace jsou porovnávány s referenčním izolátem wuhanské varianty SARS-CoV-2 (ref.č. NC_045512.2 o délce 29 903 bp). V izolátech z České republiky bylo nalezeno již více jak 4 000 mutací (substitucí a delecí) v genomu viru SARS-CoV-2. Grafický přehled zahrnuje frekvence aminokyselinových mutací, které se v jednom týdnu vyskytovaly ve více jak 10% a zároveň jsou z daného týdne dostupné alespoň tři izoláty obsahující tuto mutaci. Celkový počet vzorků z daného kraje je uveden na spodní ose. V pravé části grafu jsou znázorněny substituce a delece ve virových proteinech charakteristické pro danou variantu. Řádek Další mutace ukazuje střední počet mutací, které nejsou znázorněny v heatmapě, ve vzorcích z daného kraje/týdne. Ukazuje tak mutační nálož nad rámec mutací uvedených v heatmapě. Mutace jsou uvedeny ve formátu:

<protein>:<aminokyselina v referenční sekvenci><pozice v proteinu><aminokyselina v mutované sekvenci><->.

Výchozí data jsou uvedena v Tabulce 8.

(Graf je uveden na následující straně.)

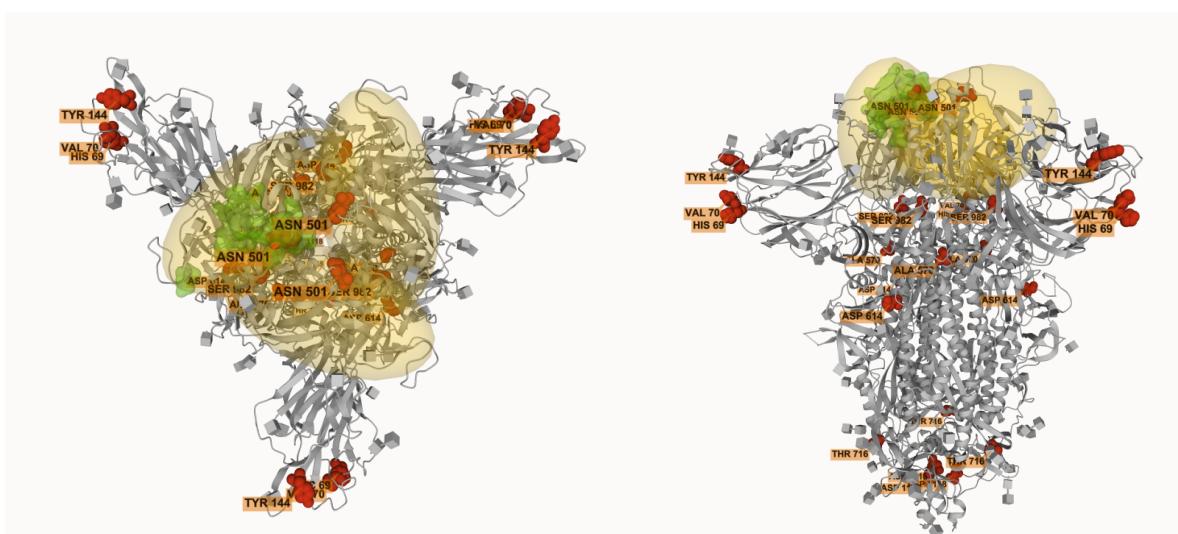


8. Vyobrazení Spike proteinu variant SARS-CoV-2

Vyobrazení trimerické struktury Spike proteinu viru SARS-CoV-2. Spike protein je vyznačen v reprezentaci cartoon v šedé barvě, červeně jsou zvýrazněny pozice mutací, šedými kostkami místa glykosylace. Vazebná doména proteinu (receptor-binding domain, RBD), zodpovědná za navázání receptoru ACE2, je vyznačena žlutou barvou, zeleně aminokyseliny přímo se vážící na receptor ACE2. V panelu jsou vyobrazeny varianta alfa (B.1.1.7), beta (B.1.351), delta (B.1.617.2) a C.36.3 (tzv. thajská ex Egypt), a to v pohledech ze směru vazebné domény a v pohledu ze strany.

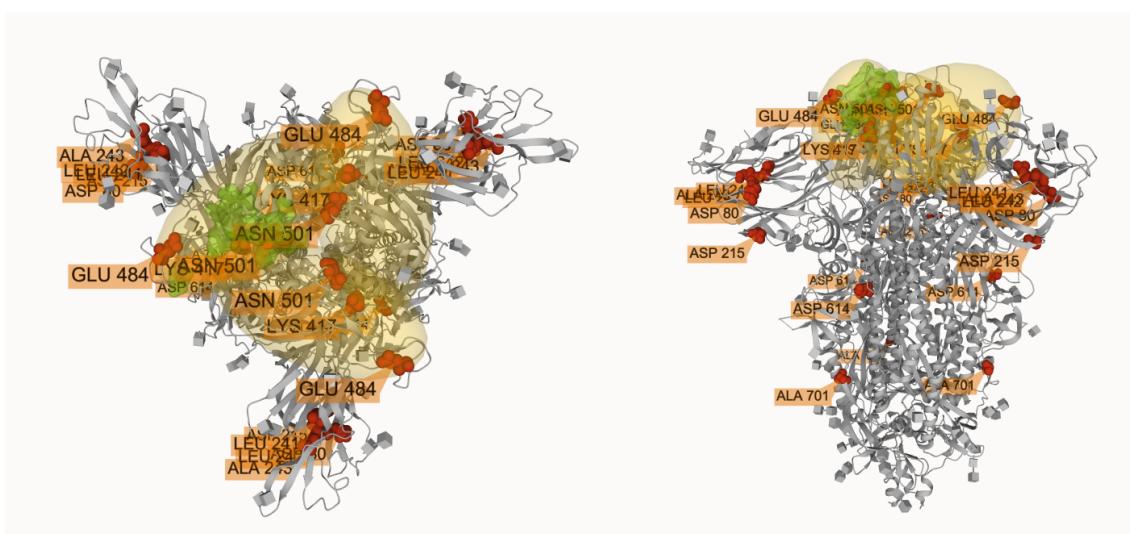
varianta alfa (B.1.1.7)

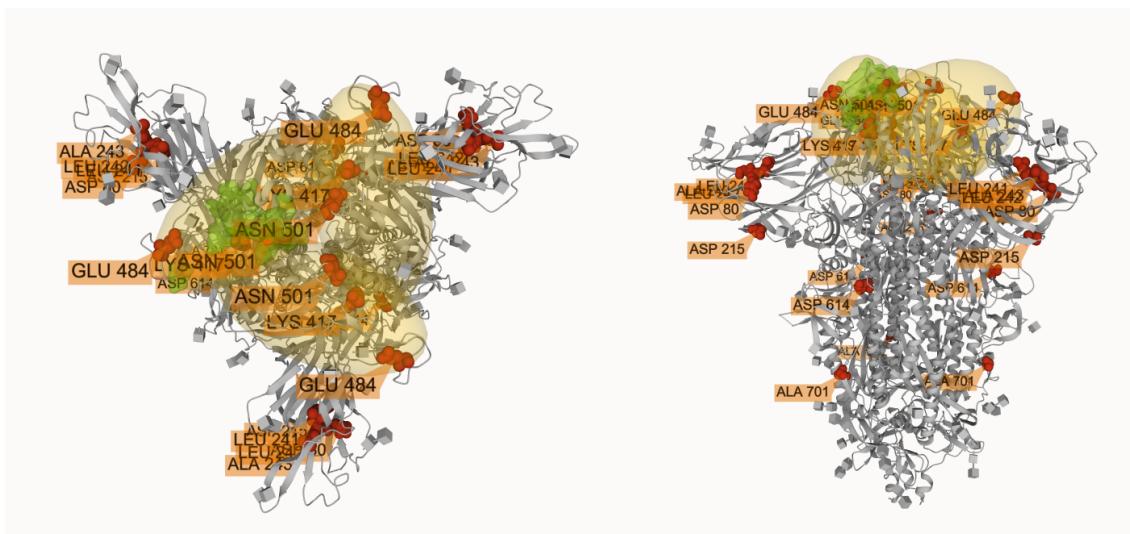
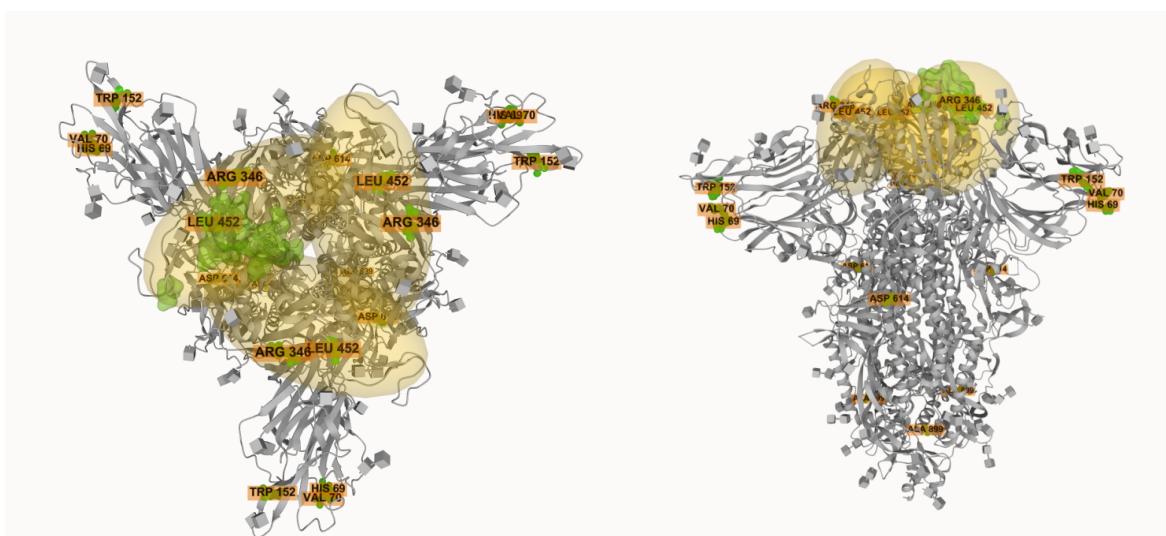
Animace k nahlédnutí na molstar.org.



varianta beta (B.1.351)

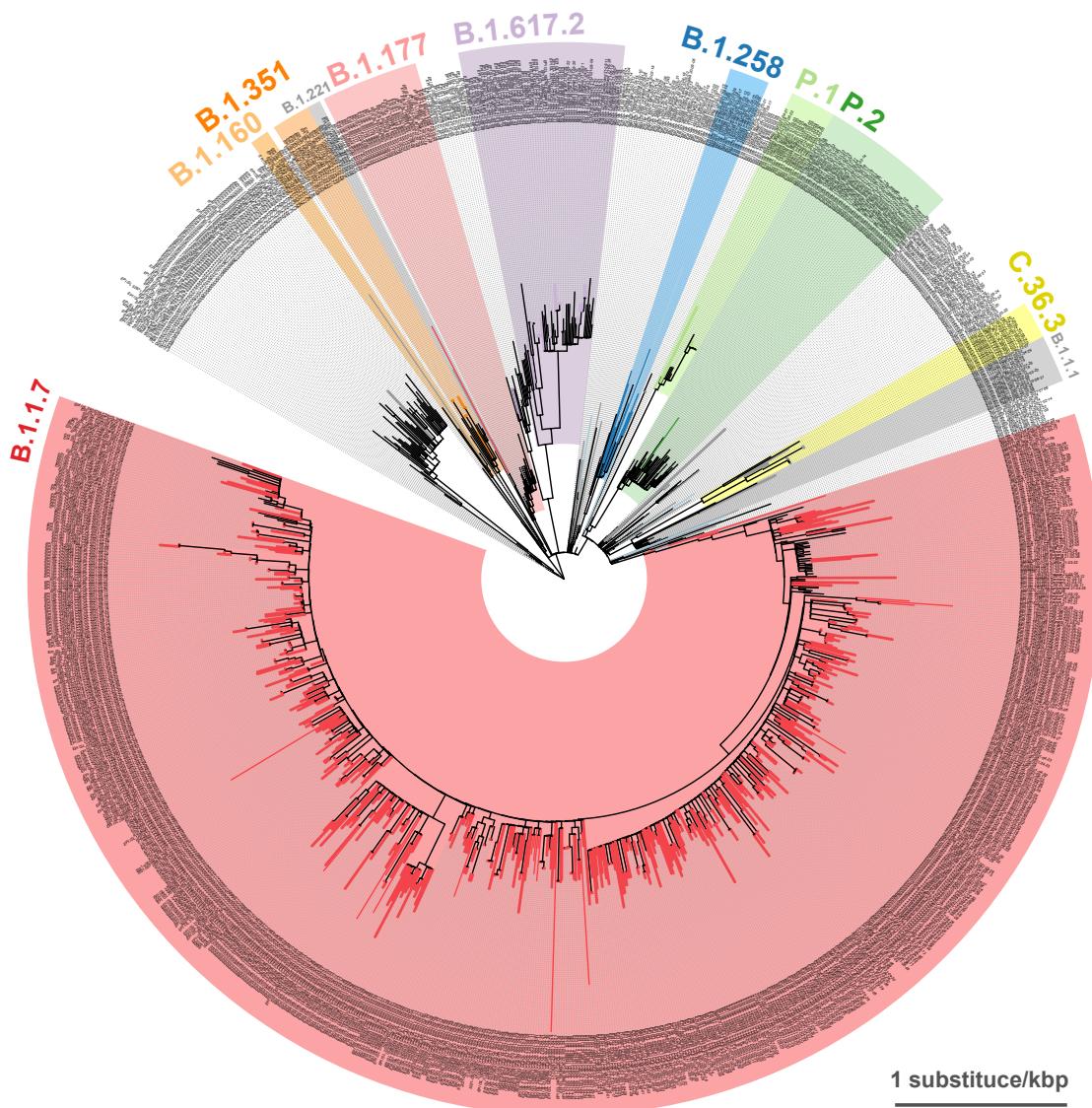
Animace k nahlédnutí na molstar.org.



Varianta delta (B.1.617.2)Animace k nahlédnutí na molstar.org.**varianta C.36.3**Animace k nahlédnutí na molstar.org.

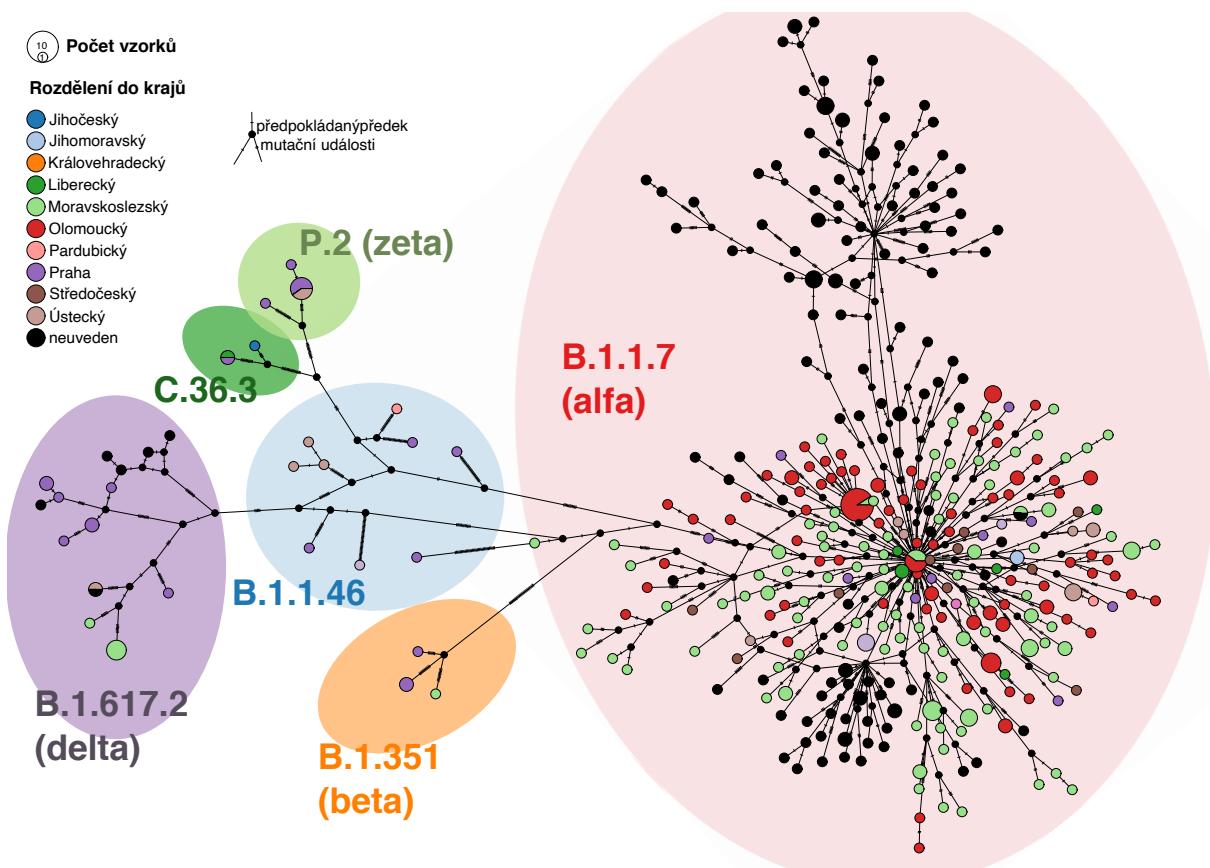
9. Fylogenetická analýza izolátů SARS-CoV-2 z České republiky

Fylogenetický strom sestavený ze 561 sekvencí, z toho 235 sekvencí pochází z českých isolátů, 326 zahraničních vzorků je vzato jako referenční. Referenční sekvence ze zahraničí jsou vyznačeny černými linkami s původem uvedeným v textu (země či region a období odběru), české sekvence jsou vyznačeny barevnými linkami a silnější linky označují sekvence vzorků odebrané od 5. 5. 2021. Genotyp určený pomocí PANGO Linie jsou vyznačeny barevnými výsečemi. České varianty viru SARS-CoV-2 náležejí převážně do linie B.1, zejména varianty alfa (B.1.1.7), která také akumuluje nejvíce mutačních změn. Za pozornost stojí nově se objevivší "indická" varianta delta (B.1.617.2) a C.36.3.



10. Znázornění mutací SARS-CoV-2 v reprezentaci haplotypové sítě

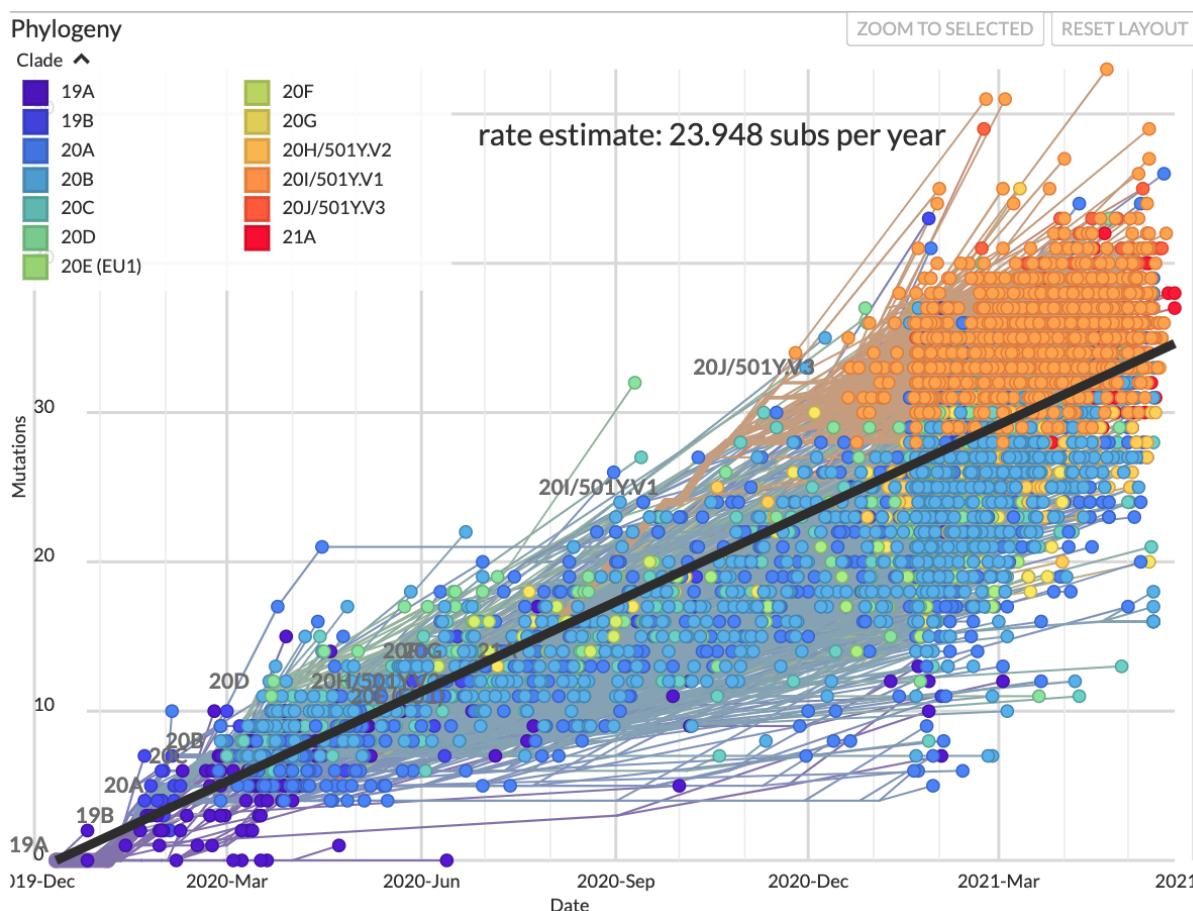
Na tvorbu haplotypové sítě byl použit výběr sekvencí 432 vzorků z České republiky shromážděných shromážděných od 23. 4. 2021, u kterých byla k dispozici metadata a které prošly přísnějším filtrem na kvalitu. Velikost uzel odpovídá počtu vzorků s identickou sekvencí DNA. Spojnice naznačují pravděpodobné příbuzenské vztahy, počet krátkých kolmých úseček odpovídá počtu mutačních změn. Uzly jsou vybarveny podle kraje, v případě více krajů jako koláčový graf. V síti jsou patrné krajově specifické drobné shluky, jejichž vznik je však ovlivněn nerovnoměrností sběru vzorků. Obrovský shluk v pravé části grafu představuje vzorky nalezející k variantě alfa (B.1.1.7). Je patrné, že i v rámci této varianty existuje mnoho drobných odchylek od nejběžnějšího genotypu, který je reprezentován největším kruhem ve středu. Ostatní varianty jsou spíše vzácné. Za pozornost stojí rozrůstající se varianta delta (B.1.617.2) a vzácná varianta C.36.3.



11. Přílohy

Varianty a mutace koronaviru

Všechny viry, tak jako všechny živé organizmy, během času mutují. Koronaviry patří mezi RNA viry, jejichž genetická informace je uložena v molekule RNA. Přestože mají opravné mechanismy a mutace se v nich hromadí pomaleji než v jiných RNA virech, mutují rychlostí zhruba 25 mutací za rok.



Jak se počet mutací viru SARS-CoV-2 vyvíjí v čase. Převzato ze nextstrain.org.

Některé mutace mohou zvýšit vazbu viru na buňku a tím zvýšit jeho infekčnost nebo mohou změnit tvar místa, proti kterému si hostitelský organismus vyrobil protilátky. Tak dochází k úniku viru před protilátkami. Při šíření viru v populaci dochází k zakonzervování těch mutací, které jsou lépe adaptovány na hostitelku buňku. Tím vznikají nové varianty viru obsahující až desítky mutací. Podle dopadu jednotlivých variant na vývoj epidemie je rozdělujeme na:

- Variant of High Consequence - varianta s významným následkem, VOHC,
- Variant of Concern – varianta hodná pozornosti, VOC,
- Variant of Interest - varianta hodná zájmu, VOI,
- Variant under Monitoring – varianta sledovaná, VUM.

Klasifikaci variant se celosvětově věnuje několik organizací, proto přiřazení varianty do dané skupiny nemusí být jednotné. V této zprávě se používá rozdělení dle ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control, www.ecdc.europa.eu/).

Varianta hodná pozornosti (VOC) je varianta, kde máme experimentálně ověřená data o zvýšené přenositelnosti, závažnějším průběhu onemocnění, snížené neutralizaci protilátkami generovanými během předchozí infekce nebo očkování, snížení účinnosti léčby, snížení účinnosti vakcín, nebo selhání diagnostické detekce. V současnosti patří mezi VOC varianty alfa (B.1.1.7), B.1.1.7+E484K, beta (B.1.351), gamma P.1 a delta (B.1.617.2). Jejich přehled je uveden v Tabulce 1.

Varianta hodná zájmu (VOI) je varianta, kde na základě mutací můžeme předpokládat změnu vazby viru na buňku, imunitní únik nebo sníženou účinnost léčby. Důsledkem těchto změn je lokálně zvýšené množství dané varianty. Aktuální varianty hodné zájmu jsou eta (B.1.525), epsilon (B.1.427/B.1.429), B.1.616, kappa B.1.617.1, B.1.617.3, B.1.620, B.1.621 a theta P.3. (podrobněji v Tabulce 2).

Varianty sledované (VUM) jsou varianty, které se objevují ve větším množství během plošného sekvenování. V těchto týdnech je nejvíce pozornosti soustředěno na Variantu sledovanou C.36.3 ((oprve objevenou v Thajsku u cestovatelů z Egypta)). O většině z nich zatím není dostatek informací, aby byly zařazeny do nějaké vyšší kategorie. Jejich šíření je však vhodné pečlivě monitorovat.

Jako Varianta s významným následkem zatím nebyla označena žádná známá varianta.

Alfa (B.1.1.7; 20I/501Y.V1; britská varianta)

Varianta B.1.1.7 se poprvé objevila v září 2020 v Kentu ve Velké Británii, proto dostala přídomek "britská". Do konce roku 2020 byla příčinou téměř 60 % všech nemocí COVID-19 v Londýně. Počátkem roku 2021 se tato varianta, asi o 50 % více infekční než wuchanský kmen, rozšířila do celé Evropy včetně Česka. V Čechách byla poprvé detekována 16. ledna a v současnosti je tu dominantní. Nese mutaci N501Y v jednom ze šesti klíčových kontaktních míst ve spike proteinu, tím zlepšuje schopnost viru přichytit se na buněčný receptor ACE2 hostitelského organismu. Z této varianty se ve Spojeném království vyvinula varianta B.1.1.7+E484K, kde další mutace snižuje účinnost protilátkové odpovědi organismu proti napadnutí virem.

Pro tuto variantu jsou charakteristické mutace spike proteinu: H69-, V70-, Y144-, (E484K*), (S494P*), N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H (K1191N*).



Charakteristické mutace varianty alfa. Převzato ze outbreak.info.

Beta (B.1.351; 20H/501.V2; jihoafrická varianta)

Jihoafrická varianta má některé mutace společné s variantou B.1.1.7. Dnes se již rozšířila do celého světa, včetně České republiky. U nás byla poprvé pozorována v únoru tohoto roku. Obsahuje mutace K417N a E484K, u kterých je potvrzeno, že snižují účinek léčebných monoklonálních protilátek (bamlanivimab a jiné). Infekce touto variantou zhoršuje průběh onemocnění u mladších lidí.

Pro tuto variantu jsou charakteristické mutace spike proteinu: D80A, D215G, L241-, L242-, A243-, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V.

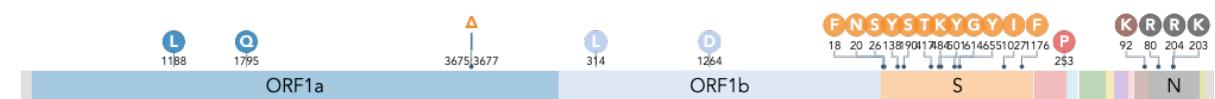


Charakteristické mutace varianty beta. Převzato ze [outbreak.info](#).

Gamma (P.1; 20J/501Y.V3; brazílská varianta)

Poprvé byla detekována na konci roku 2020 v Tokiu. Vyskytla se u čtyř turistů, kteří přiletěli z brazilského státu Amazonas. Ve městě Manaus v Brazílii se masivně rozšířila a je nyní zodpovědná za většinu tamních nákaz. Je více nakažlivá než původní varianta koronaviru. Uniká již získané imunitě po prodělání onemocnění COVID-19, takže často dochází k opakovanému prodělání nemoci. Onemocnění touto variantou má těžší průběh u jedinců mladších 65ti let. Dvě mutace zodpovědné za imunitní únik (K417T, E484K) se shodují s variantou jihoafrickou, ale obě varianty je získaly nezávisle na sobě.

Pro tuto variantu jsou charakteristické mutace spike proteinu: L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T102I.

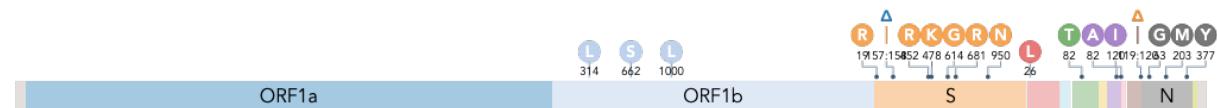


Charakteristické mutace varianty Gamma. Převzato ze [outbreak.info](#).

Delta (B.1.617.2; 21A; G/452R.V3; indická varianta)

Indická varianta je původcem strmého nárůstu pandemie v Indii v první polovině tohoto roku. Ve spojeném království se tato varianta šíří rychleji než do té doby dominantní varianta britská, proto její chování vyvolává obavy. Obsahuje jiný set klíčových mutací než předcházející tři varianty, a to L452R, T478K a P681R. U prvních dvou mutací se jedná o mutace ovlivňující imunitní odpověď. Spolu s ní se z Indie šíří další dvě varianty, kappa (B.1.617.1) a B.1.617.3, které také obsahují mutaci L452R.

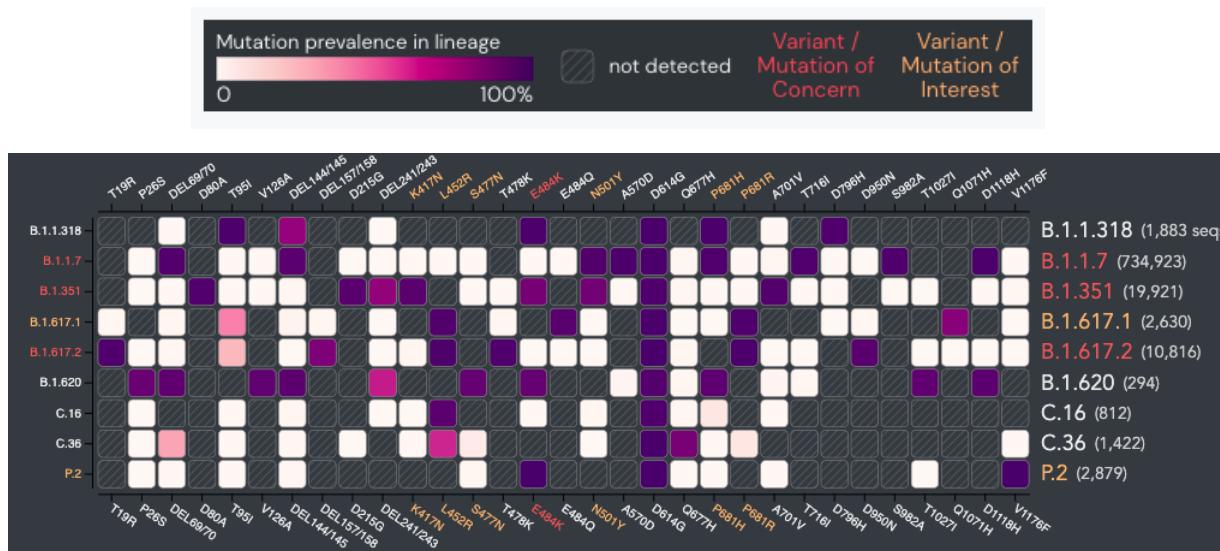
Pro tuto variantu jsou charakteristické mutace spike proteinu: T19R, E157-, F158-, L452R, T478K, D614G, P681R, D950N.



Charakteristické mutace varianty delta. Převzato z [outbreak.info](#).

Mutace ve Spike proteinu u variant sledovaných, zájmu a pozornosti

Varianty jsou definovány na základě nejčastěji se vyskytujících mutací odlišných od referenčního kmenu. V následujícím obrázku jsou znázorněny hlavní mutace (nesznonymní delece a substituce, s prevalencí > 75 % v rámci linie) u variant sledovaných, zájmu a pozornosti prokázaných na území České republiky.



Zdroje: [ECDC](#), [outbreak.info](#) a [nextstrain.org](#).

Pozn.: Charakteristické mutace byly definovány dle: Julia L. Mullen, Ginger Tsueng, Alaa Abdel Latif, Manar Alkuzweny, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Nate Matteson, Kristian G. Andersen, Chunlei Wu, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes, and the Center for Viral Systems Biology outbreak.info. Available online: <https://outbreak.info/> (2020)

12. Varianty hodné pozornosti

Tab. 1: Varianty klasifikované evropskou organizací ECDC jako Varianty hodné pozornosti (www.ecdc.europa.eu). Výčet charakteristických mutací byl rozšířen dle CDC (www.cdc.gov).

PANGO LINIE	MUTACE VE SPIKE PROTEINU	NEXSTRAIN LINIE	PRVNÍ DETEKCE	VLASTNOSTI
Alfa (B.1.1.7)	Δ69/70, Δ144, (E484K*), (S494P*), N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H (K1191N*)	20I/501Y.V1	Velká Británie	Přibližně o 50 % vyšší přenos. Pravděpodobně vyšší závažnost na základě hospitalizací a míry úmrtnosti. Minimální dopad na neutralizaci léčbou monoklonálními protilátkami EUA. Minimální dopad na neutralizaci pomocí rekonvalescentních a postvakcinačních sér.
B. 1.1.7+E484K	Δ69/70, Δ144, E484K, (S494P*), N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H (K1191N*)	20I/501Y.V1	Velká Británie	Přibližně o 50 % vyšší přenos. Pravděpodobně vyšší závažnost na základě hospitalizací a míry úmrtnosti. Minimální dopad na neutralizaci léčbou monoklonálními protilátkami EUA. Minimální dopad na neutralizaci pomocí rekonvalescentních a postvakcinačních sér.
Beta (B.1.351)	D80A, D215G, Δ241/242/243, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	20H/501.V2	Jihoafrická republika	Přibližně o 50 % vyšší přenos. Snížení neutralizace některými, ale ne všemi způsoby léčby monoklonálními protilátkami EUA. Mírné snížení neutralizace pomocí rekonvalescentních a postvakcinačních sér.
Gamma (P.1)	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I	20J/501Y.V3	Japonsko / Brazílie	Snížení neutralizace některými, ale ne všemi způsoby léčby monoklonálními protilátkami EUA. Snížená neutralizace pomocí rekonvalescentních a postvakcinačních sér.
Delta (B. 1.617.2)	(T19R, (G142D), Δ156, Δ157, R158G, L452R, T478K, D614G, P681R, D950N	20A/S:4784K	Indie - prosinec 2020	Zvýšený výskyt vzhledem k variantě B.1.1.7. Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížená neutralizace postvakcinačním sérem.

(*) Detekováno v některých sekvencích dané linie.

13. Varianty hodné zájmu

Tab. 2: Varianty klasifikované evropskou organizací ECDC jako Varianty hodné zájmu (www.ecdc.europa.eu). Výčet charakteristických mutací byl rozšířen dle CDC (www.cdc.gov).

PANGO LINIE	MUTACE VE SPIKE PROTEINU	NEXSTRAIN LINIE	PRVNÍ DETEKCE	VLASTNOSTI
Eta (B.1.525)	A67V, Δ69/70, Δ144, E484K, D614G, Q677H, F888L	20A/S:484K	Velká Británie / Nigérie - prosinec 2020	Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížení neutralizace pomocí rekonvalescentních a postvakcinačních sér.
B.1.427/B.1.429	S13I, W152C, L452R, D614G	20C/S:452R	USA (Kalifornie) - září 2020	Přibližně o 20 % vyšší přenos. Mírný pokles v citlivosti na bamlanivimab a etesevimab. Snížení neutralizace pomocí rekonvalescentních a postvakcinačních sér.
Theta (P.3)	E484K, N501Y, D614G, P681H		Filipíny - leden 2021	Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížená neutralizace postvakcinačním sérem.
B.1.616	V483A, D614G, H655Y, G669S	20A	Francie - únor 2021	
Kappa (B.1.617.1)	(T95I), G142D, E154K, L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H	20A/S:154K	Indie - prosinec 2020	Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížená neutralizace postvakcinačním sérem.
B.1.617.3	T19R, G142D, L452R, E484Q, D614G, P681R, D950N	20A	Indie - únor 2021	Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížená neutralizace postvakcinačním sérem.
B.1.620	S477N, E484K, D614G, P681H		neznámý - únor 2021	Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížená neutralizace postvakcinačním sérem.
B.1.621	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H		Kolumbie - leden 2021	Potenciální snížení neutralizace léčbou monoklonálními protilátkami. Potenciální snížená neutralizace postvakcinačním sérem.

(*) Detekováno v některých sekvencích dané linie.

14. Nejčastější varianty viru SARS-CoV-2 na území ČR

Tab. 3: Relativní zastoupení variant SARS-CoV-2 v krajích České republiky. Tabulka uvádí frekvenci výskytu variant SARS-CoV-2 ve vzorcích s datem odběru mezi 1. 1. 2021 a 18.6.2021 ve členění podle krajů. Pro tuto analýzu bylo vybráno z celkového datasetu 4 533, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu odběru. V tabulce jsou uvedeny jen varianty přítomné v alespoň jednom kraji nejméně ve dvou izolátech a zároveň ve více než 1 % analyzovaných vzorků. Počet vzorků, ve kterých byla identifikována daná varianta, je uveden v posledním sloupci. Počet vzorků z daného kraje je uveden v posledním řádku. Barevně jsou označeny Varianty hodné pozornosti (*Variants of Concern*, tmavší zbarvení) a Varianty hodné zájmu (*Variants of Interest*, světlejší zbarvení).

LINIE	ČR	JHČ	JHM	KVK	HKK	LBK	MSK	OLK	PAK	PLK	PRAHA	STR	ULK	VYS	ZLK	NEURČENO	POČET
B.1.1.7	0.8020	0.8310	0.4120	0.9800	0.6320	0.8680	0.8700	0.8890	0.9630	0.9560	0.8150	0.9150	0.8980	0.7810	0.6360	0.7940	3587
B.1.258	0.1050	0.1170	0.3550	0	0.2330	0.0464	0.0407	0.0206	0	0.0301	0.0933	0.0467	0.0234	0.1250	0.1820	0.1070	470
B.1.221	0.0165	0	0.1010	0	0.0344	0	0.0037	0.0026	0	0.0055	0.0095	0	0	0	0	0.0163	74
B.1.351	0.0147	0	0.0101	0.0098	0.0061	0.0596	0.0037	0.0823	0	0.0027	0.0106	0.0055	0	0	0	0.0054	66
B.1.160	0.0087	0.0260	0.0068	0.0098	0.0243	0.0066	0.0037	0	0	0	0.0035	0.0027	0	0	0.0909	0.0163	39
B.1.1	0.0063	0	0.0101	0	0.0040	0.0066	0.0111	0.0026	0	0	0.0095	0.0027	0	0	0	0.0098	28
B.1.617.2	0.0058	0	0	0	0	0	0.0259	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0234	0	0	0.0065	26
B.1	0.0045	0	0.0101	0	0.0121	0	0.0037	0	0	0	0.0047	0	0	0.0312	0	0.0054	20
B.1.1.153	0.0029	0	0.0270	0	0.0040	0.0066	0	0	0	0	0	0	0.0078	0	0	0.0011	13
B.1.177	0.0020	0	0	0	0.0101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0043	9
C.36.3	0.0020	0.0130	0	0	0	0.0066	0.0185	0	0	0	0.0012	0	0	0.0312	0	0	9
P.1	0.0018	0	0.0034	0	0	0	0	0	0	0	0.0059	0	0.0156	0	0	0	8
B.1.1.317	0.0011	0	0.0101	0	0.0020	0	0	0	0	0	0	0.0027	0	0	0	0	5
B.1.1.46	0.0007	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0234	0	0	0	3
B.1.258.3	0.0007	0	0.0101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Ostatní	0.0257	0.0130	0.0439	0	0.0385	0	0.0185	0.0026	0.0370	0.0055	0.0366	0.0220	0.0078	0.0312	0.0909	0.0337	115
Počet vzorků	4475	77	296	102	494	151	270	389	27	366	847	364	128	32	11	921	

15. Úplný přehled variant viru SARS-CoV-2 na území ČR

Tab. 4: Relativní zastoupení variant SARS-CoV-2 v krajích České republiky. Tabulka uvádí frekvenci výskytu variant SARS-CoV-2 ve vzorcích s datem odběru mezi 1. 1. 2021 a 18.6.2021 ve členění podle krajů. Pro tuto analýzu bylo vybráno z celkového datasetu 4 533, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu odběru. V tabulce jsou uvedeny všechny identifikované varianty. Počet vzorků, ve kterých byla identifikována daná varianta, je uveden v posledním sloupci. Počet vzorků z daného kraje je uveden v posledním řádku. Barevně jsou označeny Varianty hodné pozornosti (*Variants of Concern*, tmavší zabarvení) a Varianty hodné zájmu (*Variants of Interest*, světlejší zabarvení).

LINIE	ČR	JHČ	JHM	KVK	HKK	LBK	MSK	OLK	PAK	PLK	PRAHA	STR	ULK	VYS	ZLK	NEURČENO	POČET
B.1.623	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0012	0	0	0	0	0	1
C.16	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0012	0	0	0	0	0	1
Ostatní	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Počet vzorků	4475	77	296	102	494	151	270	389	27	366	847	364	128	32	11	921	

16. Nejčastější varianty viru SARS-CoV-2 na území ČR - časová řada

Tab. 5: Tabulka uvádí relativní zastoupení výskytu nejčastějších variant SARS-CoV-2 ve vzorcích od 1. 1. 2021. Pro tuto analýzu bylo vybráno z celkového datasetu 4 533 vzorků, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu odběru. V tabulce jsou uvedeny jen varianty přítomné v daném týdnu nejméně ve třech izolátech a zároveň ve více než 10 % analyzovaných vzorků. Barevně jsou označeny Varianty hodné pozornosti (*Variants of Concern*, tmavší zabarvení) a Varianty hodné zájmu (*Variants of Interest*, světlejší zabarvení). Počet vzorků, ve kterých byla identifikována daná varianta, je uveden v posledním sloupci. Počet vzorků z daného kraje je uveden v posledním řádku.

TÝDEN	2020_53	2021_01	2021_02	2021_03	2021_04	2021_05	2021_06	2021_07	2021_08	2021_09	2021_10	2021_11	2021_12	2021_13	2021_14	2021_15	2021_16	2021_17	2021_18	2021_19	2021_20	2021_21	2021_22	NEURČENO	VŠECHNY TÝDNY	POČET VZORKŮ		
B.1.1.7	0	0.3790	0.4720	0.6670	0.4290	0.8470	0.8780	0.6760	0.7510	0.7460	0.8140	0.8440	0.9060	0.9620	0.9630	0.7720	0.8740	0.9490	0.8480	0.9580	0.9000	1	1	0.6900	0.8020	3587		
B.1.258	0.7000	0.3580	0.3610	0.2000	0.3710	0.1070	0.0694	0.1980	0.1810	0.1650	0.1090	0.0855	0.0507	0.0275	0.0031	0.0945	0.0117	0	0.0061	0	0	0	0	0.1240	0.1050	470		
B.1.221	0	0.0491	0	0.0333	0.0429	0.0098	0.0222	0.0514	0.0181	0.0268	0.0211	0.0112	0.0145	0	0.0093	0.0098	0	0	0	0	0	0	0	0.0265	0.0165	74		
B.1.351	0	0	0	0	0	0	0	0.0158	0.0036	0.0268	0.0491	0.0335	0.0145	0.0055	0.0062	0	0.0702	0.0064	0	0	0.0500	0	0	0	0.0147	66		
B.1.160	0	0.0561	0.0556	0	0.0571	0.0033	0.0083	0.0079	0.0072	0	0	0	0	0	0.0163	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0354	0.0087	39		
B.1.1	0	0.0140	0.0278	0	0.0429	0.0130	0.0083	0	0.0036	0.0045	0	0	0	0.0062	0.0033	0.0059	0	0	0	0	0	0	0	0.0531	0.0063	28		
B.1.617.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0175	0.0160	0.0727	0.0252	0	0	0	0	0.0058	26		
B.1	0.1000	0.0175	0	0.0333	0.0143	0.0033	0	0.0040	0.0036	0.0045	0	0.0037	0	0.0055	0	0.0065	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0265	0.0045	20	
B.1.1.153	0	0.0105	0	0	0	0	0.0028	0.0119	0.0108	0.0134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0029	13	
B.1.1.277	0	0.0105	0.0278	0.0333	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0029	13
B.1.177.8	0	0	0	0	0	0.0065	0	0.0158	0.0072	0	0	0	0	0	0	0.0065	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0022	10	
B.1.177	0	0.0175	0	0	0	0	0.0028	0	0.0036	0	0	0.0037	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0089	0.0020	9	
C.36.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0096	0.0242	0.0168	0	0	0	0	0	0.0020	9	
B.1.416.1	0.1000	0.0070	0	0	0.0286	0	0.0028	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0089	0.0018	8	
P.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0029	0.0064	0.0303	0	0	0	0	0	0.0018	8		
C.35	0	0.0175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0089	0.0013	6	
B.1.1.219	0	0.0140	0	0	0	0	0	0.0040	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0011	5	
B.1.1.318	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0031	0.0130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0011	5	
B.1.1.170	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0009	4	
Ostatní	0.1000	0.0491	0.0556	0.0333	0.0143	0.0065	0.0056	0.0158	0.0108	0.0134	0.0070	0.0186	0.0145	0	0.0093	0.0423	0.0175	0.0128	0.0182	0	0.0500	0	0	0.0177	0.0168	75		
Počet vzorků	10	285	36	60	70	307	360	253	277	224	285	269	138	182	323	307	342	313	165	119	20	14	3	113	4475	4475		

17. Úplný přehled variant viru SARS-CoV-2 na území ČR - časová řada

Tab. 6: Tabulka uvádí relativní zastoupení výskytu všech variant SARS-CoV-2 ve vzorcích od 1. 1. 2021. Pro tuto analýzu bylo vybráno z celkového datasetu 4 533 vzorků, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu odběru. V tabulce jsou uvedeny jen varianty přítomné v daném týdnu nejméně ve třech izolátech a zároveň ve více než 10 % analyzovaných vzorků. Počet vzorků, ve kterých byla identifikována daná varianta, je uveden v posledním sloupci. Počet vzorků dostupných z daného týdne je uveden v posledním řádku. Barevně jsou označeny Varianty hodné pozornosti (*Variants of Concern*, tmavší zabarvení) a Varianty hodné zájmu (*Variants of Interest*, světlejší zabarvení).

TÝDEN	2020_53	2021_01	2021_02	2021_03	2021_04	2021_05	2021_06	2021_07	2021_08	2021_09	2021_10	2021_11	2021_12	2021_13	2021_14	2021_15	2021_16	2021_17	2021_18	2021_19	2021_20	2021_21	2021_22	NEURČENO	VŠECHNY TÝDNY	POČET VZORKŮ		
B.1.1.46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0096	0	0	0	0	0	0	0	0.0007	3	
B.1.2	0	0.0070	0	0	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0007	3	
B.1.258.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0065	0.0029	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0007	3	
B.1.258.3	0	0	0	0	0	0	0	0.0040	0	0.0089	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0007	3	
A	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0004	2	
B.1.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0033	0	0.0032	0	0	0	0	0	0	0	0.0004	2	
B.1.1.397	0.1000	0	0	0.0167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0004	2	
B.1.258.12	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0004	2	
B.1.258.15	0	0.0070	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0004	2	
A.2.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0061	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
A.21	0	0	0	0	0	0	0	0.0040	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.1.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0029	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.1.266	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.1.351	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0061	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.1.374	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.1.39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0037	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.1.523	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0500	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.153	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.177.35	0	0	0	0	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.177.77	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0033	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.177.86	0	0	0	0	0	0	0	0.0036	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.213	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0089	0.0002	1	
B.1.396	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.411	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0031	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.533	0	0	0.0278	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
B.1.623	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0029	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
C.16	0	0.0035	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	1	
Ostatní	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Počet vzorků	10	285	36	60	70	307	360	253	277	224	285	269	138	182	323	307	342	313	165	119	20	14	3	113	4475			

18. Přehled proteinových mutací na celogenomové úrovni

Tab. 7: Relativní zastoupení aminokyselinových mutací v krajích České republiky. Mutace jsou porovnávány s referenčním izolátem wuhanské varianty SARS-CoV-2 (ref.č. NC_045512.2 o délce 29 903 bp). Tabulka zahrnuje frekvence aminokyselinových substitucí, které se v jednom kraji vyskytovaly ve více jak 10 % vzorků a zároveň jsou z daného kraje dostupné alespoň tři izoláty obsahující tuto mutaci. Řádek Ostatní uvádí součet frekvencí všech ostatních identifikovaných mutací.

Celkový počet vzorků z daného kraje je uveden na posledním řádku.

Mutace jsou uvedeny ve formátu <protein>:<aminokyselina v referenční sekvenci><pozice v proteinu><aminokyselina v mutované sekvenci><->.

KRAJ	JHČ	JHM	KVK	HKK	LBK	MSK	OLK	PAK	PLK	PRAHA	STR	ULK	VYS	ZLK	NEURČENO
ORF7a:T120I	0	0	0	0	0	0.0331	0	0	0.0026	0.0129	0	0.0078	0	0	0.0064
ORF8:Q27*	0.8312	0.4338	0.9804	0.6358	0.8543	0.8676	0.8645	0.9630	0.9486	0.8089	0.9155	0.8837	0.7879	0.6364	0.7811
ORF1a:F3677-	0.8312	0.2649	0.9902	0.6258	0.9205	0.8787	0.9719	0.9630	0.9486	0.8312	0.9155	0.8992	0.7576	0.6364	0.7908
S:N501Y	0.8312	0.4205	0.9902	0.6338	0.8609	0.8640	0.9668	0.9630	0.9537	0.8171	0.8583	0.8760	0.7576	0.6364	0.7307
ORF1b:P1000L	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0.0026	0.0117	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
S:S98F	0	0.1126	0.0098	0.0362	0.0397	0.0074	0.0051	0	0.0488	0.0176	0.0218	0	0.0303	0	0.0333
ORF1a:I2501T	0.1169	0.3675	0	0.2435	0.0464	0.0515	0.0205	0	0.0334	0.0973	0.0518	0.0233	0.1515	0.1818	0.1062
S:T19R	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
ORF3a:V202L	0.0130	0.1060	0	0.0342	0	0.0037	0.0077	0	0.0051	0.0141	0	0	0	0	0.0182
S:T478K	0	0	0	0	0	0.0294	0.0077	0	0	0.0106	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
S:E156-	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0117	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
ORF7a:Y75H	0	0.0762	0.0098	0.0141	0.0331	0.0147	0.0256	0	0.0026	0.0059	0.0245	0.0078	0.2424	0.3636	0.0086
S:N439K	0.1169	0.3675	0	0.2414	0.0397	0.0551	0.0205	0	0.0334	0.0973	0.0518	0.0233	0.1818	0.1818	0.1062
ORF1b:T216P	0	0.1159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S:S982A	0.8312	0.4007	0.9804	0.6278	0.8013	0.8529	0.8875	0.9630	0.9512	0.8089	0.9155	0.8605	0.7576	0.6364	0.7779
ORF1b:P314L	1	0.9834	1	0.9980	0.9934	0.9926	0.9821	1	0.9846	0.9906	0.9510	0.9767	1	1	0.9453
ORF1b:G662S	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0310	0	0	0.0064
ORF1b:V711I	0.1169	0.3477	0	0.2354	0.0464	0.0515	0.0205	0	0.0283	0.0973	0.0518	0.0233	0.1515	0.1818	0.1052
ORF8:Y73C	0.8312	0.4238	0.9804	0.6258	0.8543	0.8566	0.8645	0.9630	0.9486	0.8077	0.9155	0.8837	0.7879	0.6364	0.7800
ORF1a:C4056G	0	0.1159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S:D950N	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0233	0	0	0.0064

KRAJ	JHČ	JHM	KVK	HKK	LBK	MSK	OLK	PAK	PLK	PRAHA	STR	ULK	VYS	ZLK	NEURČENO
ORF1b:D445E	0	0.1060	0	0.0342	0	0	0.0026	0	0.0051	0.0082	0	0	0	0	0.0139
ORF1a:A1708D	0.8312	0.4007	0.9804	0.6237	0.8609	0.8603	0.8900	0.9630	0.9486	0.8089	0.9101	0.8837	0.7576	0.6364	0.7843
ORF7a:V82A	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0141	0.0027	0.0078	0	0	0.0011
ORF1a:M4241I	0.1169	0.3477	0	0.2374	0.0464	0.0515	0.0205	0	0.0283	0.0985	0.0518	0.0233	0.1515	0.1818	0.1052
S:D614G	1	0.9967	1	1	0.9272	0.9926	0.9974	1	0.9974	0.9953	0.9973	0.9690	1	1	0.9850
S:A570D	0.8312	0.4040	0.9804	0.6258	0.8013	0.8566	0.8875	0.9630	0.9512	0.7913	0.8202	0.8605	0.7576	0.6364	0.7618
ORF14:G50N	0.8442	0.4768	0.9314	0.6419	0.8808	0.8971	0.8900	0.9630	0.9563	0.8441	0.9292	0.9457	0.8182	0.6364	0.8133
ORF1a:F2328C	0	0.1192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ORF1a:E1209D	0	0.1060	0	0.0362	0	0	0.0026	0	0.0051	0.0082	0	0	0	0	0.0139
S:L452R	0.0130	0.0033	0	0.0020	0.0066	0.0441	0	0	0.0026	0.0176	0.0054	0.0233	0.0303	0	0.0064
ORF14:E51Q	0.7403	0.3940	0.8529	0.6056	0.8079	0.7868	0.8440	0.8889	0.9126	0.7831	0.8801	0.8682	0.7879	0.5455	0.7414
N:G204R	0.1039	0.0596	0.0098	0.0262	0.0662	0.1176	0.0460	0.0741	0.0386	0.0621	0.0490	0.0698	0.0606	0.0909	0.0687
S:D1118H	0.8312	0.4139	0.9804	0.6258	0.8013	0.8603	0.8900	0.9630	0.9512	0.8101	0.9155	0.8605	0.7576	0.6364	0.7790
S:T716I	0.8312	0.4007	0.9804	0.6258	0.8013	0.8566	0.8875	0.9630	0.9512	0.8089	0.9155	0.8605	0.7576	0.6364	0.7768
S:P681R	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0152	0.0054	0.0233	0	0	0.0064
S:V70-	0.9610	0.7649	0.9804	0.8712	0.8477	0.9154	0.9105	0.9630	0.9794	0.9062	0.9673	0.8837	0.9394	0.8182	0.8863
ORF8:R52I	0.8312	0.3841	0.9804	0.6358	0.8543	0.8676	0.8593	0.9630	0.9486	0.8089	0.9074	0.8837	0.7879	0.6364	0.7285
N:D63G	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0233	0	0	0.0043
ORF1a:T1001I	0.8312	0.4040	0.9804	0.6217	0.8609	0.8566	0.8900	0.9630	0.9460	0.8101	0.9128	0.8837	0.7576	0.6364	0.7865
M:I82T	0.0130	0	0	0	0.0066	0.0515	0	0	0	0.0188	0.0027	0.0233	0.0303	0	0.0064
N:S235F	0.8312	0.4272	0.4314	0.5332	0.8609	0.8603	0.8849	0.7037	0.9229	0.7866	0.8883	0.8760	0.7879	0.6364	0.7682
S:F157-	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0117	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
M:V66L	0.0130	0	0	0.0020	0.0199	0	0.0026	0	0.0026	0.0106	0.0272	0.1395	0	0	0.0322
N:D3L	0.8312	0.4139	0.4314	0.5352	0.8609	0.8676	0.8875	0.7407	0.9254	0.7890	0.8937	0.8837	0.7879	0.6364	0.7704
ORF14:Q46*	0	0.1060	0	0.0362	0	0.0037	0.0026	0	0.0051	0.0117	0	0	0	0	0.0172
ORF1b:A1392T	0	0	0	0	0.1921	0	0	0	0.0051	0.0094	0.0109	0.0078	0	0	0.0343
S:T95I	0	0.1026	0.0294	0.0020	0	0.0331	0.0077	0.0370	0.0103	0.0387	0.0109	0.0078	0	0	0.0107
ORF8:F120-	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
ORF3a:Q38R	0	0.1060	0	0.0342	0	0.0037	0.0026	0	0.0051	0.0094	0	0	0	0	0.0161

KRAJ	JHČ	JHM	KVK	HKK	LBK	MSK	OLK	PAK	PLK	PRAHA	STR	ULK	VYS	ZLK	NEURČENO
ORF1b:H1213Y	0.1169	0.3675	0	0.2394	0.0464	0.0515	0.0205	0	0.0334	0.0973	0.0518	0.0233	0.1515	0.1818	0.1052
ORF1a:I2230T	0.8312	0.4106	0.9804	0.6217	0.8609	0.8640	0.8875	0.9630	0.9460	0.8089	0.9128	0.8837	0.7273	0.6364	0.7800
S:P681H	0.8312	0.4139	0.9804	0.6318	0.8013	0.8713	0.8900	1	0.9512	0.8159	0.9183	0.8605	0.7576	0.6364	0.7833
ORF1a:G3676-	0.8312	0.2649	0.9902	0.6258	0.9205	0.8787	0.9719	0.9630	0.9512	0.8312	0.9155	0.8992	0.7576	0.6364	0.7908
S:H69-	0.9610	0.7649	0.9804	0.8712	0.8477	0.9228	0.9105	0.9630	0.9794	0.9062	0.9673	0.8837	0.9697	0.8182	0.8873
ORF3a:S26L	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0164	0.0054	0.0233	0	0	0.0064
ORF1b:A1521S	0.1169	0.3510	0	0.2334	0.0464	0.0515	0.0205	0	0.0283	0.0973	0.0518	0.0233	0.1515	0.1818	0.1052
N:R203K	0.8442	0.4768	0.4314	0.5594	0.8808	0.8934	0.8900	0.7778	0.9280	0.8265	0.9101	0.9457	0.8485	0.6364	0.7940
N:R203M	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0141	0.0054	0.0233	0	0	0.0054
N:D377Y	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0164	0.0054	0.0465	0	0	0.0064
ORF1a:S528L	0.1688	0	0	0	0	0	0	0.0370	0.0360	0.0035	0	0.0155	0	0	0.0268
N:P199L	0	0.1060	0	0.0342	0	0.0037	0.0026	0	0.0051	0.0117	0	0	0	0	0.0172
S:Y144-	0.8442	0.4305	0.9804	0.6237	0.8079	0.8713	0.8900	0.9630	0.9512	0.8148	0.9101	0.8527	0.7576	0.6364	0.7768
N:G204P	0.7403	0.3907	0.4216	0.5292	0.8079	0.7831	0.8440	0.7037	0.8895	0.7644	0.8583	0.8682	0.7879	0.5455	0.7242
ORF8:D119-	0	0	0	0	0	0.0257	0	0	0	0.0106	0.0027	0.0233	0	0	0.0064
ORF8:K68*	0.7532	0.3974	0.9314	0.6197	0.8079	0.7831	0.8338	0.7778	0.9152	0.7515	0.8747	0.8527	0.7879	0.6364	0.7457
Ostatní	3	5	2	3	5	4	5	2	3	3	3	3	4	5	4
Počet vzorků	77	302	102	497	151	272	391	27	389	853	367	129	33	11	932

19. Přehled proteinových mutací na celogenomové úrovni - časová řada

Tab. 8: Relativní zastoupení aminokyselinových mutací v posledních třech kalendářních týdnech tohoto roku. Mutace jsou porovnávány s referenčním izolátem wuhanské varianty SARS-CoV-2 (ref.č. NC_045512.2 o délce 29 903 bp). Grafický přehled zahrnuje frekvence aminokyselinových substitucí, které se v jednom týdnu vyskytovaly ve více jak 10% a zároveň jsou z daného týdne dostupné alespoň tři izoláty obsahující tuto mutaci. Počet vzorků dostupných z daného týdne je uveden v posledním řádku.

Mutace jsou uvedeny ve formátu <protein>:<aminokyselina v referenční sekvenci><pozice v proteinu><aminokyselina v mutované sekvenci>.

TÝDEN	2020_53	2021_01	2021_02	2021_03	2021_04	2021_05	2021_06	2021_07	2021_08	2021_09	2021_10	2021_11	2021_12	2021_13	2021_14	2021_15	2021_16	2021_17	2021_18	2021_19	2021_20	2021_21	2021_22	NEURČENO
ORF1a:P2110L	0	0	0	0	0	0.0292	0.0028	0	0.0071	0.0044	0.0137	0.0037	0	0	0.0031	0	0	0.0031	0	0	0.1500	0	0	0
ORF1a:P2260S	0	0	0.1111	0	0	0	0	0.0039	0.0143	0.0044	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ORF7a:T120I	0	0.0070	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0172	0.0217	0.0599	0.0252	0	0	0	0	0
ORF8:Q27*	0	0.3972	0.4722	0.6667	0.4429	0.8474	0.8678	0.6732	0.7571	0.7434	0.8014	0.8339	0.9078	0.9632	0.9630	0.7662	0.8682	0.9288	0.8323	0.9412	0.9000	1	1	0.6228
ORF1a:F3677-	0	0.3624	0.4167	0.6500	0.4286	0.8442	0.8264	0.6732	0.7464	0.7566	0.8459	0.8598	0.7872	0.9632	0.9784	0.7825	0.9312	0.9598	0.8802	0.9496	0.9500	1	1	0.6667
S:N501Y	0	0.3728	0.4722	0.6667	0.4286	0.8442	0.8678	0.6890	0.7500	0.7611	0.8253	0.8561	0.9220	0.9526	0.8796	0.7532	0.9398	0.9381	0.8683	0.9328	0.9500	1	1	0.3070
ORF1b:R2613H	0	0	0	0	0	0.0032	0	0	0	0	0	0.0074	0	0.0053	0.0062	0	0	0.0062	0	0	0.1500	0	0	0
S:D215H	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0036	0	0	0.0037	0	0.0105	0.0216	0.0097	0	0.0031	0.0299	0.0168	0	0.2143	0	0
ORF1b:P1000L	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0172	0.0155	0.0778	0.0252	0.0500	0	0	0
ORF1a:I2501T	0.7000	0.3728	0.3611	0.2167	0.3714	0.1104	0.0689	0.2087	0.1821	0.1814	0.1164	0.0849	0.0496	0.0263	0.0031	0.1071	0.0143	0	0.0060	0	0	0	0	0.1140
ORF1a:T1542I	0	0	0.1111	0	0	0	0	0	0.0036	0	0	0	0	0.0053	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S:T19R	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0172	0.0155	0.0719	0.0252	0	0	0	0
S:T478K	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0258	0.0186	0.0719	0.0252	0	0	0	0
S:E156-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0172	0.0155	0.0719	0.0252	0.0500	0	0	0
ORF7a:Y75H	0	0.0139	0	0.0167	0	0.0065	0.0275	0.0039	0.0321	0.0044	0.0137	0.0148	0.0355	0.0211	0.0185	0.0162	0.0344	0.0124	0.0299	0.0336	0.1500	0	0	0.0175
S:N439K	0.7000	0.3693	0.3611	0.2167	0.3714	0.1104	0.0689	0.2047	0.1857	0.1814	0.1164	0.0812	0.0496	0.0316	0.0031	0.1071	0.0143	0	0.0060	0	0	0	0	0.1228
S:S982A	0	0.3728	0.4444	0.6667	0.4286	0.8474	0.8705	0.6654	0.7464	0.7389	0.7705	0.8229	0.9078	0.9474	0.9630	0.7630	0.8739	0.9412	0.8443	0.9580	0.8500	1	1	0.6228
ORF1b:P314L	1	0.9965	1	1	1	1	1	0.9921	0.9893	0.9823	0.9966	0.9889	1	0.9842	0.9352	0.9935	0.9799	0.9474	0.9940	0.9832	0.9500	1	1	0.7018
ORF1b:G662S	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0201	0.0155	0.0719	0.0252	0	0	0	0
ORF1b:V711I	0.7000	0.3659	0.3611	0.2167	0.3714	0.1104	0.0661	0.1969	0.1786	0.1681	0.1130	0.0812	0.0496	0.0263	0.0031	0.1071	0.0143	0	0.0060	0	0	0	0	0.1053
ORF8:Y73C	0	0.3798	0.4722	0.6667	0.4429	0.8442	0.8650	0.6693	0.7536	0.7345	0.8014	0.8339	0.9078	0.9579	0.9630	0.7630	0.8653	0.9319	0.8323	0.9412	0.9000	1	1	0.6228
S:D950N	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0172	0.0155	0.0719	0.0252	0	0	0	0
ORF1a:A1708D	0	0.3693	0.4444	0.6667	0.4286	0.8442	0.8705	0.6654	0.7464	0.7345	0.7945	0.8413	0.8936	0.9579	0.9630	0.7630	0.8739	0.9443	0.8503	0.9496	0.9000	1	1	0.6667
ORF7a:V82A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0031	0.0032	0.0201	0.0031	0.0539	0.0252	0	0	0	0
ORF1a:M4241I	0.7000	0.3693	0.3611	0.2167	0.3714	0.1071	0.0661	0.1969	0.1786	0.1726	0.1130	0.0812	0.0496	0.0263	0.0031	0.1071	0.0143	0	0.0060	0	0	0	0	0.1140
S:D614G	1	0.9965	1	1	1	1	1	0.9890	0.9921	1	1	0.9692	0.9779	1	0.9842	0.9969	0.9935	0.9971	0.9907	0.9940	1	1	1	0.9474
S:A570D	0	0.3693	0.4444	0.6667	0.4286	0.8474	0.8705	0.6654	0.7500	0.7389	0.7705	0.8229	0.9078	0.9474	0.8086	0.7630	0.8768	0.9412	0.8443	0.9580	0.8500	1	1	0.4912

TÝDEN	2020_53	2021_01	2021_02	2021_03	2021_04	2021_05	2021_06	2021_07	2021_08	2021_09	2021_10	2021_11	2021_12	2021_13	2021_14	2021_15	2021_16	2021_17	2021_18	2021_19	2021_20	2021_21	2021_22	NEURČENO
S:Y144-	0	0.3659	0.4444	0.6833	0.4286	0.8474	0.8733	0.6732	0.7536	0.7389	0.7705	0.8229	0.9220	0.9474	0.9691	0.7695	0.8739	0.9381	0.8443	0.9748	0.9000	1	1	0.6404
ORF3a:S216P	0.3000	0.0174	0.0278	0.0167	0.0286	0.0195	0.0055	0.0118	0.0107	0.0310	0.0068	0.0037	0	0	0	0.0032	0	0	0	0	0	0	0	0.0175
N:G204P	0	0.3659	0.4722	0.6333	0.4000	0.6883	0.6391	0.5276	0.7107	0.6903	0.7774	0.8155	0.8582	0.8789	0.9290	0.7240	0.8052	0.8885	0.8263	0.8992	0.8000	1	1	0.6140
ORF8:D119-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0172	0.0155	0.0719	0.0252	0	0	0	0	0
ORF8:K68*	0	0.3833	0.4722	0.6333	0.4429	0.7825	0.8292	0.6220	0.7036	0.6681	0.7363	0.8229	0.8652	0.9368	0.9321	0.7208	0.8195	0.8700	0.8144	0.9076	0.8000	1	1	0.5965
Ostatní	5	5	4	2	5	2	2	4	4	5	3	3	5	3	4	5	4	5	4	5	3	2	5	
Počet vzorků	10	287	36	60	70	308	363	254	280	226	292	271	141	190	324	308	349	323	167	119	20	14	3	114