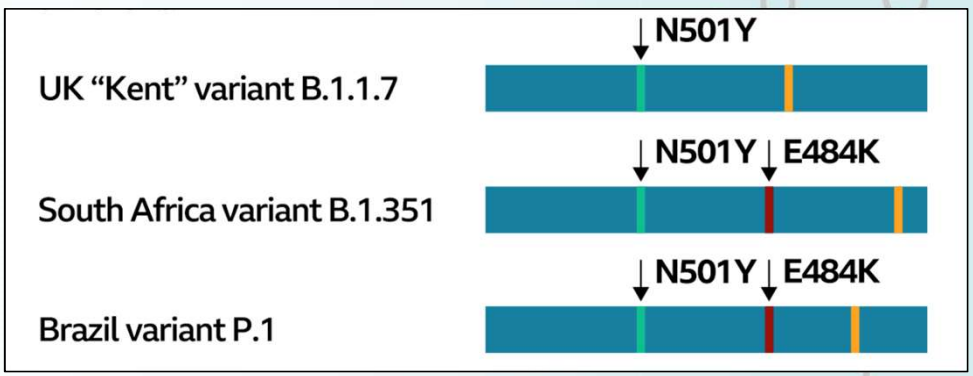
N501Y un B.1.1.7 variantu noteikšana E. Gulbja laboratorijā

Mikus Gavars

02.03.2021

EGL izstrādātie PĶR testi



- N501Y – kopīga mutācija UK, SA un BRA variantiem
- **Pozitīvo paraugu apstiprināšana un vienlaicīga N501Y mutācijas noteikšana**
- B.1.1.7 varianta noteikšana vienlaicīgi ar SARS-CoV-2 S un N gēniem
- Rezultāts vienlaicīgi ar pozitīvu SARS-CoV-2 rezultātu -> ziņošana SPKC

Metodes validācija / verifikācija

- Testa pārbaude ar apstiprinātiem mutāciju paraugiem LVBMC
- References standarti katrā testēšanas reizē – ar mutācijām un bez
- Mutācija atrasta paraugā, kas ņemts no “mutanta” kontaktpersonas, apstiprināts arī sekvenējot
- Inficēta ģimene – visiem atrasts B.1.1.7
- Metode apstiprināta *SARS-CoV-2 ģenētiskās uzraudzības darba grupā* 26.02.2021

- *Paveidu noteikšanu ar PĶR izmanto Francija*

N501Y un B.1.1.7 testu rezultāti 22.02-28.02

- EGL kopā **1071** pozitīvi paraugi (NF iztriepes)
  primāra atlase – “aizdomīgie” (starpība starp S un citu gēnu “pozitivitāti”)
- 150 “aizdomīgie” testēti uz N501Y un B.1.1.7, no tiem **95** atrasts N501Y un B.1.1.7
  (domājams, DĀ un BRA celmu pagaidām Latvijā nav)
- Papildus, testējot 66 paraugus “bez izmaiņām”, N501Y atrasts vēl **5**
- **Kopā – ne mazāk kā 9.34% pozitīvo paraugu ir ar N501Y->B.1.1.7**
- Statistika jākoriģē pēc epidemioloģiskajiem principiem
  (viens uzliesmojums = viens gadījums, izfiltrēti ievestie)

B.1.1.7 ģeogrāfiskais pārklājums

- Rīga 28
- Preiļi 17
- Balvi 6
- Gulbene 11
- Jelgava 8
- Kuldīga 3
- Madona 4
- Daugavpils 3
- Salaspils 4
- Līvāni 2
- Lubāna 2
- Sigulda, Ādaži, Jūrmala, Ogre, Dobele, Cēsis, Ķekava, Krāslava, Rēzekne 1

Piedāvātā testēšanas kārtība

- Ar PCR jāpārbauda maksimāli daudz pozitīvie paraugi (kamēr B.1.1.7 nav dominantais paveids)
- Visus paraugus, kuriem ir N501Y un B.1.1.7 PCR noteikts varinats, nav nepieciešams sekvenēt
  - Var sekvenēt daļu (10- 20%)
- **N501Y pozitīvos, bet B.1.1.7 negatīvos jāsekvenē steidzamības kārtā, lai atrastu DĀ, BRA, vai potenciāli citus variantus**
- Sekvenēšana ir būtiska, lai atrastu jaunus paveidus un analizētu izplatības ceļus