STÁTNÍ ZDRAVOTNÍ ÚSTAV

Všechna podezření na nákazu variantou omikron se musí prověřovat metodou celogenomové sekvenace

Výskyt původní varianty delta klesl v celogenomově sekvenovaných vzorcích pod tři procenta a na území České republiky dominují subvarianty delty. Národní referenční laboratoř (NRL) k dnešnímu dni nesekvenuje žádný další pozitivní vzorek s podezřením na omikron. Celkově bylo ve světě k 10. 12. 2021 nahlášeno do mezinárodních platforem 1 555 případů omikronu, z toho 525 záchytů pochází z Jihoafrické republiky a například Velká Británie zapsala 450 záchytů.

V období od 2. 12. do 10. 12. 2021 má NRL k dispozici data ze 41 857 provedených testů diskriminační PCR ze 74 laboratoří. Na variantu delta včetně subvariant připadá dle diskriminační PCR přibližně 98 % pozitivních případů.

Za rok 2021 bylo k 10. 12. v ČR celogenomově sekvenováno 16 876 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků. Celkem 673 sekvenací je s datem odběru vzorku mezi 10. listopadem a 10. prosincem.

Podíl původní varianty delta v tomto období klesl pod 3 procenta (na 2,67 %) a převažují subvarianty delty - AY.43, AY.122, AY.4.

"Aktualizovaný přehled v rámci celé republiky o možných dalších záchytech varianty omikron na úrovni testů PCR, diskriminační PCR i celogenomové sekvenace, poskytuje Ministerstvo zdravotnictví ČR. Tato podezření i místa testování hlásí příslušné Krajské hygienické stanice k rukám hlavní hygieničky," vysvětluje ředitelka Státního zdravotního ústavu MUDr. Barbora Macková a doplňuje, že seznam sekvenujících laboratoří lze nalézt na webu MZ ČR.
https://koronavirus.mzcr.cz/wp-content/uploads/2021/06/Sit-sekvenacnich-pracovist-08062021.pdf

Varianta omikron se přenáší pravděpodobně s vyšší účinností, ale klinická praxe dosud neposkytuje dostatečný přehled, aby bylo možné komentovat dopady na infikované. ***"Vzhledem k velkému počtu mutací a možnosti falešných negativit nelze v případě potvrzení či vyloučení podezření na omikron spoléhat pouze na výsledky diskriminačních PCR. Všechny suspektní případy mohou být vyloučeny pouze na základě celogenomové sekvenace,"*** připomíná vedoucí Národní referenční laboratoře RNDr. Helena Jiřincová.

Podrobná zpráva NRL je přílohou této tiskové zprávy.

SARS CoV 2 podrobná zpráva 10. 12. 2021