



## Podrobná zpráva ke dni 24. 9. 2021

### Charakterizace viru SARS-CoV-2 v České republice dle diskriminačních PCR a celogenomové sekvenace

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

#### Úvod:

NRL pravidelně analyzuje data a poskytuje MZČR i laboratořím týdenní přehledový dokument, jehož cílem je monitorovat šíření variant SARS-CoV-2, které se na území ČR vyskytují, poskytovat informace o nových potenciálních i reálných rizicích v souvislosti s šířením a evolucí viru SARS-CoV-2, poskytovat metodické pokyny vyšetřujícím laboratořím a poskytovat další kvalitativní i kvantitativní informace s cílem připravit na datech založené poklady pro laboratorní šetření a adekvátní nastavení protiepidemických opatření v ČR.

#### Obsah:

Souhrn	Strana 2
Vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 3
Odborná doporučení NRL a WHO	Strana 4, 5
Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace	Strana 6 - 11
Závěr	Strana 12



## Souhrn a upozornění

- V období od 10. 9. do 24. 9. 2021 má NRL k dispozici data ze 4 965 provedených testů diskriminační PCR z celkem 80 laboratoří. Na základě analýzy těchto dat NRL zjistila, že na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá stále přibližně 95 % pozitivních případů vyšetřených diskriminační PCR (viz tab. 1). Dříve dominantní varianta alfa se vyskytuje kolem 1,5 % vzorků. Záchyt delta+ s jednou pro deltu netypických klíčových mutací (E484K, E484Q, N501Y) je minoritní.
- Za rok 2021 bylo k 24. 9. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 8 430 SARS CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. Celkem 472 sekvenací se vztahuje k datu odběru mezi 24. srpnem a 24. zářím. Podíl původní delta varianty klesl pod 50 % na úkor subvariant delty (delta+). Nově je na vzestupu subvarianta AY.26.



## Vyhodnocení dat z diskriminační PCR

V období od 10. 9. do 24. 9. 2021 má NRL k dispozici data ze 4 965 provedených testů diskriminační PCR z celkem 80 laboratoří. Na základě analýzy těchto dat NRL zjistila, že na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá stále přibližně 95 % pozitivních případů vyšetřených diskriminační PCR (viz tab. 1). Dříve dominantní varianta alfa se vyskytuje kolem 1,5 % vzorků. Záchyt delta+ s jednou pro deltu netypických klíčových mutací (E484K, E484Q, N501Y) je minoritní.

Tabulka 1:

Mutace	Celkem	Z toho pozitivních	Podíl ze sady	Interpretace (pouze suspektní varianta)
L452R+	4706	4501	95,6 %	delta, delta+
E484K+	3506	13	0,4 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+, E484K+	3430	10	0,3 %	delta+
L452R+, E484Q+	891	8	0,9 %	delta+
N501Y+, L452R+	1244	8	0,6 %	delta+
A570D+	1097	16	1,5 %	alfa



## Odborná doporučení NRL. Diskriminační PCR

Diskriminační PCR:

Odborná doporučení NRL pro diskriminační PCR SARS-CoV-2 pozitivních vzorků se téměř nemění. V případě, že laboratoř nevyšetřuje E484K a L452R v jedné reakci, lze detekci mutace zařadit do druhé reakce. Do úvahy dáváme doporučení na sledování K417N, která je charakteristická pro AY.1 (subvarianta vyštěpená z delty) a N501Y, která se rovněž u některých AY.x objevuje. Mutace K417N má podíl na vyšší transmisibilitě i escape charakteru.

- 1. Minimum – vždy povinné: E484K a L452R, v souvislosti s nárůstem detekcí E484K u L452R pozitivních vzorků doporučujeme detekovat vždy obě dvě tyto mutace.**
- 2. Možnost : E484K a L452R a N501Y**
- 3. Možnost : E484K a L452R a N501Y a K417N**
- 4. Možnost : E484K, L452R, N501Y, K417N a P681R**

Doporučení se mohou měnit v souvislosti se změnami SARS-CoV-2 a s epidemickou situací. WHO doporučení ze dne 9. srpna 2021 uvádí stejné preferenční mutace (str. 5).

Zdroj: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/343775>



## Doporučení NRL – celogenomová sekvenace

Dle fylogenetické analýzy a analýzy v nextclade doporučuje NRL tyto WGS revidovat na předchozí straně označené vzorky.

**Při zadávání do GISAID je třeba dodržovat následující pravidla:**

Pole „Location“ uvádět kraj takto:



South Bohemian Region
South Moravian Region
Hradec Kralove Region
Karlovy Vary Region
Liberec Region
Moravian-Silesian Region
Olomouc Region
Pardubice Region
Pilsen Region
Central Bohemian Region
Ustecky Region
Vysocina Region
Zlin Region
Prague Region

**Do jména sekvence uvádět vždy akronym laboratoře:**



Například:

hCoV-19/Czech Republic/**UMTM**239717/2021

hCoV-19/Czech Republic/**CSQ**0217/2021

GHC	GHC
BP	Bioptická laboratoř
KNL	Krajská nemocnice Liberec
FNP	Fakultní nemocnice Plzeň
FNHK	Fakultní nemocnice Hradec Králové
<b>FNO</b>	<b>Fakultní nemocnice Ostrava</b>
CSQ	Fakultní nemocnice Brno



## Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace 24. 8. – 24. 9. 2021

### Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

Za rok 2021 bylo k 24. 9. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 8 430 SARS CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. Celkem 472 sekvenací se vztahuje k datu odběru mezi 24. srpnem a 24. zářím.

Podíl původní varianty delta období 24. 8. – 24. 9. je 49,2 %.

Zaznamenáváme dle celogenomové sekvenace nárůst subvariant delta varianty - AY.4, AY.26, AY.9, AY.5, které se šíří i v dalších zemích. Podíl subvarianty AY.4 vzrůstá na úkor původní delta varianty, její podíl v tomto období činí 24,9 %, podíl AY.26 je 8,9 %, podíl AY.9 je 6,8 %, podíl AY.5 jsou 4 %, podíl AY.32. je 2,3 %. Podíl dalších subvariant AY.x činí méně než dvě procenta každá. Přehled vybraných subvariant dle krajů zobrazuje tabulka č. 2. Přehled všech detekovaných variant za toto období naleznete v tabulce 3. Přehled významných sekvenovaných variant zobrazuje graf č. 1.

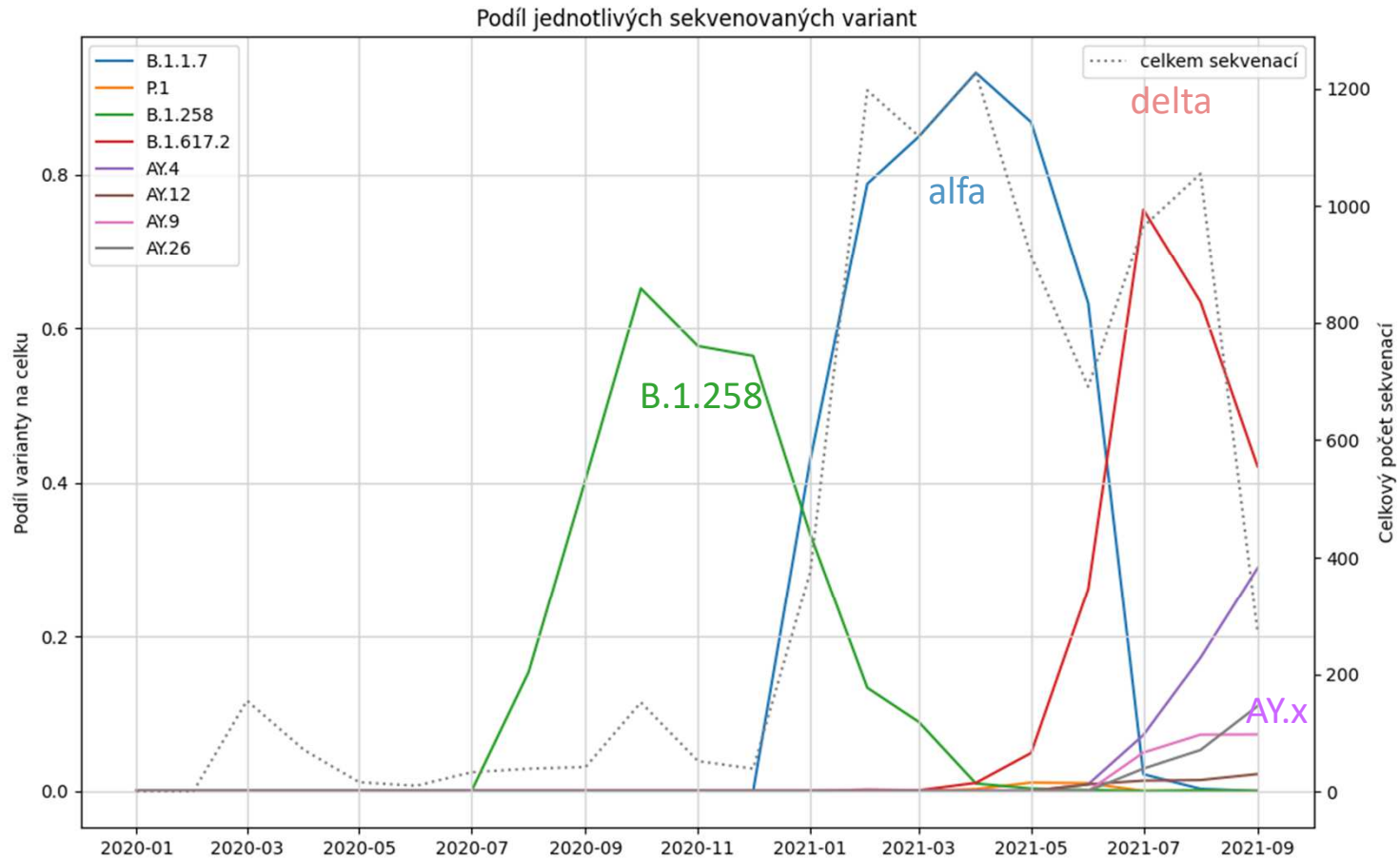
Tabulka 2. Přehled detekcí AY.x (delta +) dle krajů

Kraj	Varianta	Počet
Jihomoravský kraj	AY.26	16
Moravskoslezský kraj	AY.26	4
Olomoucký kraj	AY.26	1
Plzeňský kraj	AY.26	1
Praha	AY.26	2
Vysočina	AY.26	16
Královéhradecký kraj	AY.26	1
Nezařazeno	AY.26	1
Ústecký kraj	AY.4	1
Středočeský kraj	AY.4	6
Olomoucký kraj	AY.4	1
Vysočina	AY.4	20
Zlínský kraj	AY.4	1
Praha	AY.4	8
Pardubický kraj	AY.4	8
Jihomoravský kraj	AY.4	43
Plzeňský kraj	AY.4	1
Královéhradecký kraj	AY.4	10
Jihočeský kraj	AY.4	4
Nezařazeno	AY.4	10
Jihočeský kraj	AY.5	1
Liberecký kraj	AY.5	1
Vysočina	AY.5	9
Praha	AY.5	1
Jihomoravský kraj	AY.5	4
Zlínský kraj	AY.5	1
Královéhradecký kraj	AY.5	1



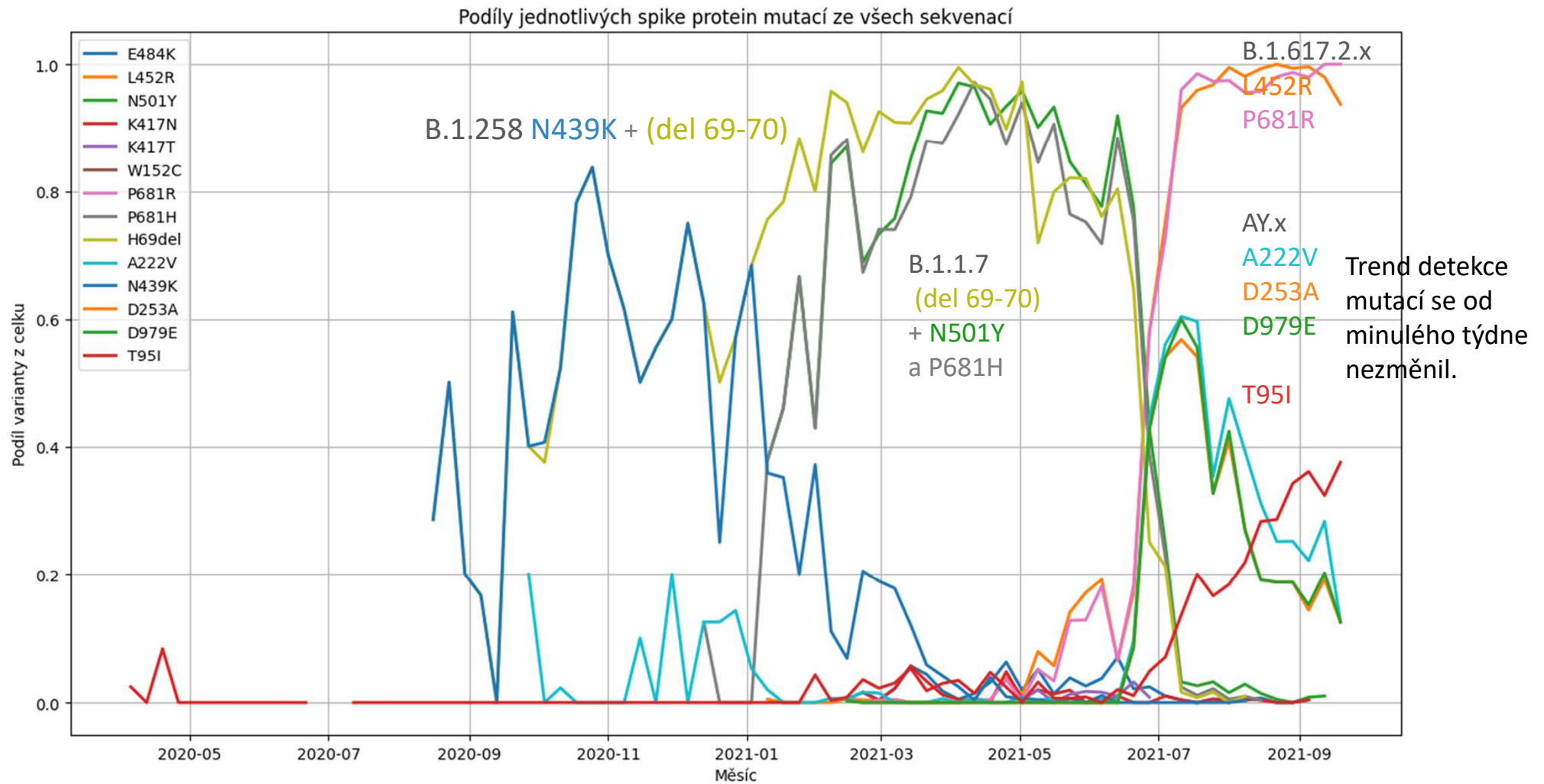
# Podíl sekvenovaných variant SARS-CoV-2 dominantních v ČR od března 2020

Z grafu 1 je patrný nárůst AY.26 subvarianty.





# Podíl dominantních mutací ve spike genu SARS-CoV-2 od března 2020

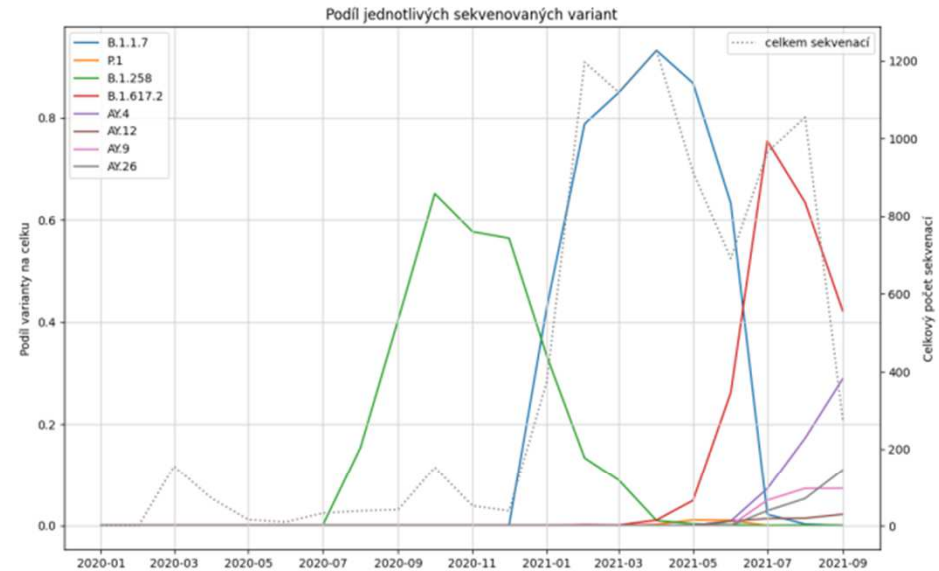




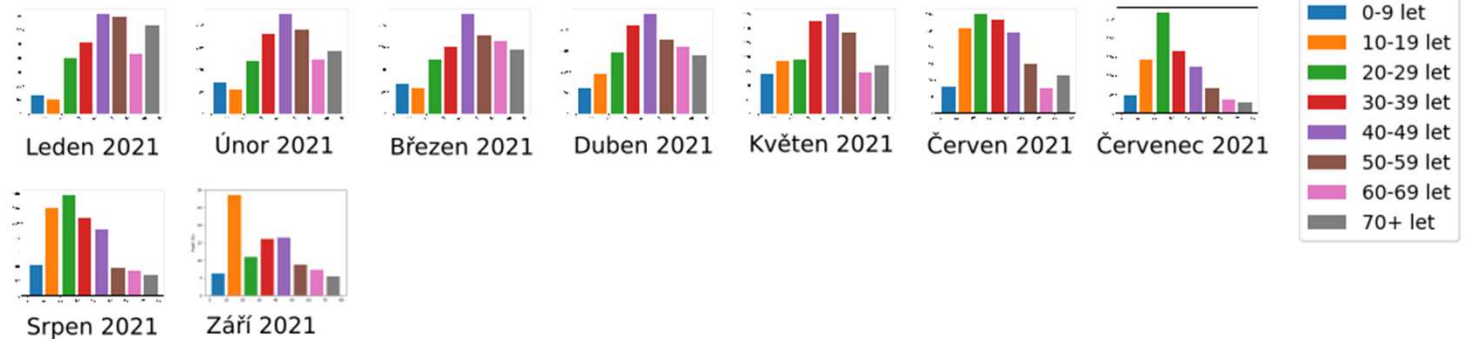


## Věková struktura sekvenovaných v kontextu převažujících variant

V měsících lednu až květnu dominantní věková skupina 40 – 49 let je od června nahrazena dominující skupinou 20 – 29 let, přičemž od srpna 2021 pozorujeme nárůst i mladších věkových skupin, především 10 – 19 let. Tento trend pravděpodobně kopíruje věkovou distribuci pozitivních detekcí a souvisí zřejmě s očkováním a sociálním chováním.



Věková struktura sekvenovaných





## Přehled WGS detekovaných variant SARS-CoV-2 mezi 24. srpnem a 24. zářím

Opět proběhla nomenklaturní reklasifikace, aktuálně je definováno 25 subvariant AY.x, přičemž v některých jsou již definovány další sublinie.

Tabulka 3:

Varianta	celkem	Podíl (%)	WHO název
B.1.617.2	232	49,15	Delta
AY.4	113	23,94	Delta+
AY.26	42	8,90	Delta+
AY.9	32	6,78	Delta+
AY.5	19	4,03	Delta+
AY.32	11	2,33	Delta+
AY.12	9	1,91	Delta+
AY.7.2	4	0,85	Delta+
AY.23	4	0,85	Delta+
AY.7.1	3	0,64	Delta+
AY.20	2	0,42	Delta+
B.1.351	1	0,21	
Celkem	472	100	



## Změna variant zájmu (VOI) dle WHO

Dne 22. 9. byl aktualizován dokument WHO, který se zabývá monitoringem potenciálně nebezpečných variant. Aktuálně situace vypadá takto:

Varianty hodné obav (VOC)

Varianta	Pangolinie
delta	B.1.617.2
alfa	B.1.1.7
beta	B.1.351
gama	P.1

Varianty hodné zájmu (VOI)

Varianta	Pangolinie
lambda	C.37
mu	B.1.621

Podrobnější informace naleznete na stránkách WHO:

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



## Závěr

V období od 10. 9. do 24. 9. 2021 má NRL k dispozici data ze 4 965 provedených testů diskriminační PCR z celkem 80 laboratoří. Na základě analýzy těchto dat NRL zjistila, že na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá stále přibližně 95 % pozitivních případů vyšetřených diskriminační PCR (viz tab. 1).

Přestože se může zdát, že vzhledem k jasné dominanci delta varianty nemá smysl konfirmovat pozitivní nálezy diskriminační PCR, z detekovaných mutací vyplývá, že role těchto PCR je nezastupitelná. Opakovaně se potvrzuje, že diskriminační PCR vzhledem k rychlé odezvě hrají důležitou roli v monitoringu variant viru, a je stále důležité i část PCR identifikovaných variant stále sekvenovat, jak dokazují stále častěji detekované nové sublinie u varianty delta. Prioritní mutace doporučené NRL se stále ukazují jako zásadní pro sledování evoluce viru. Doporučujeme vždy detekovat přítomnost obou povinně sledovaných mutací E484K a L452R.

Za rok 2021 bylo k 24. 9. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 8 430 SARS CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. Celkem 472 sekvenací se vztahuje k datu odběru mezi 24. srpnem a 24. zářím. Podíl původní delta varianty klesl pod 50 % na úkor subvariant delty (delta+). Nově je na vzestupu subvarianta AY.26.

RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Moskalyk