



Podrobná zpráva ke dni 3. 1. 2022

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

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

Úvod:

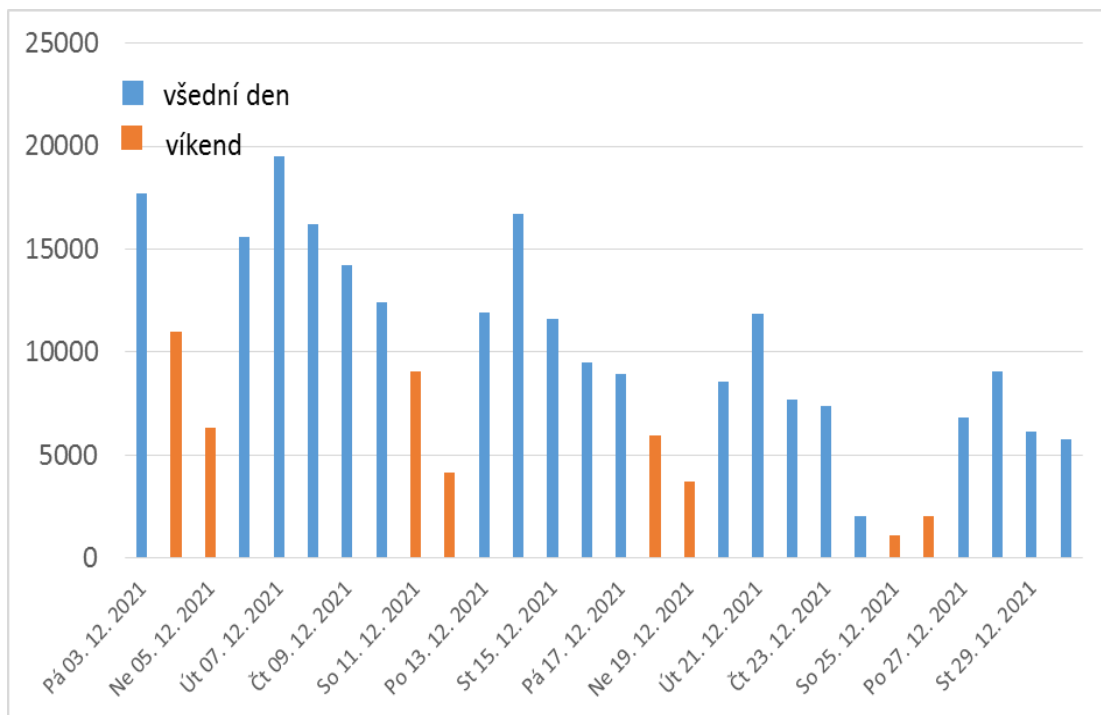
NRL pravidelně analyzuje data a poskytuje MZČR i laboratořím týdenní přehledový dokument, jehož cílem je monitorovat šíření variant SARS-CoV-2, které se na území ČR vyskytují, poskytovat informace o nových potenciálních i reálných rizicích v souvislosti s šířením a evolucí viru SARS-CoV-2, poskytovat 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:

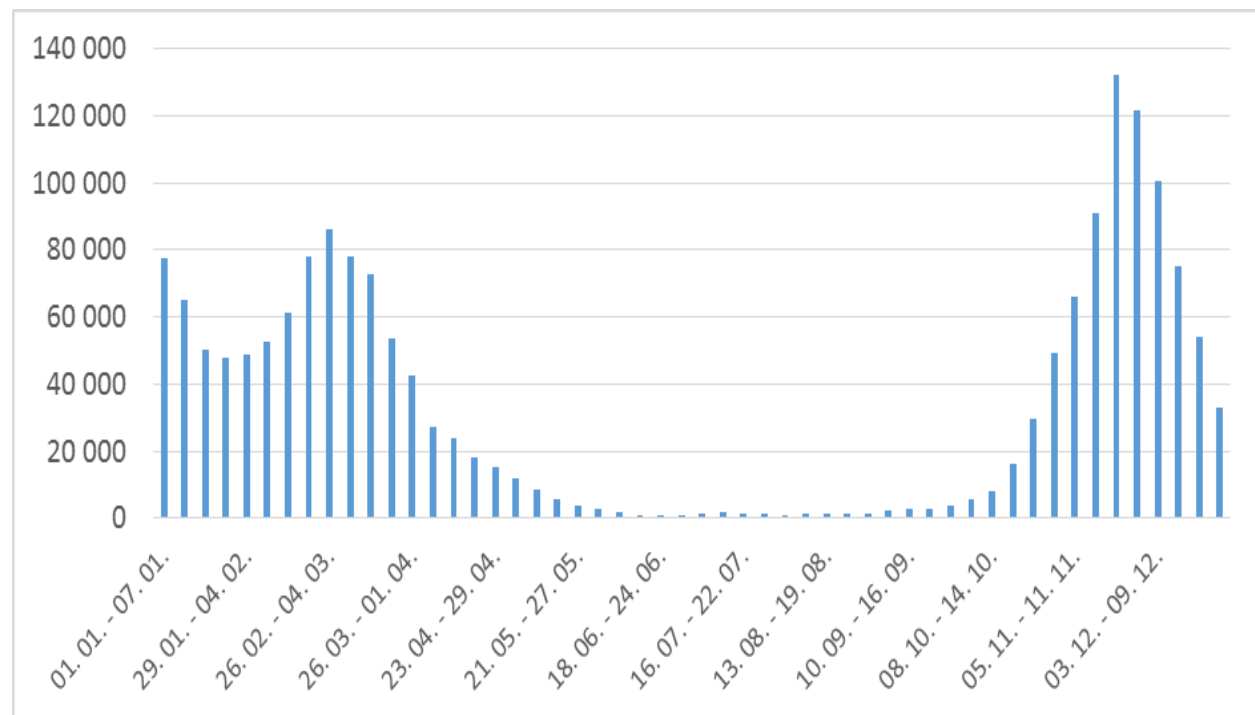
Souhrn a epidemiologický přehled	Strana 2 – 5
Vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 6 - 7
Odborná doporučení NRL a WHO	Strana 8 – 9
Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace	Strana 10 – 17
Závěr	Strana 18

- V období od 25. 12. do 3. 1. 2022 má NRL k dispozici data 18 323 provedených testů diskriminační PCR ze 74 laboratoří. Na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá dle diskriminační PCR přibližně 85 % pozitivních případů (viz tab. 1). Na variantu omikron připadá v daném časovém úseku celkem 1 642 případů.
- Za rok 2021 bylo k 3. 1. 2022 v ČR celogenomově sekvenováno 20 792 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 1 353 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 3. prosincem a 3. lednem.
- Přehled aktuální epidemiologické situace:
V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 17. 12. do 30. 12. 2021) zachyceno 87 117 případů SARS-CoV-2 pozitivních osob, s denním průměrem 6 222,6 případů, což představuje 14denní incidenci 814,0 na 100 000 obyvatel. Vývoj počtu případů v delším časovém horizontu zobrazují grafy 1 a 2. Za uvedené období bylo nahlášeno 4 216 hospitalizací. Celkový počet hospitalizací ke konci sledovaného období činí 3 163 osob, z toho 627 osob s vážným průběhem. Nejvyšší 7denní incidence covid-19 je aktuálně hlášena v okresech Praha-západ, Česká Lípa a Mělník, podrobně uvádí situaci graf 3. Na grafu 3a je vidět aktuální situace v porovnání se stavem před 7 dny, viz graf 3b. Z porovnání je vidět postupné šíření z východu republiky na severozápad.
- V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 17. 12. do 30. 12. 2021) provedeno celkem 949 342 testů na covid-19, z toho 731 690 PCR a 217 652 antigenních testů (graf 4); pozitivitu PCR testů ze všech provedených PCR testů na covid-19 zobrazuje graf 5.

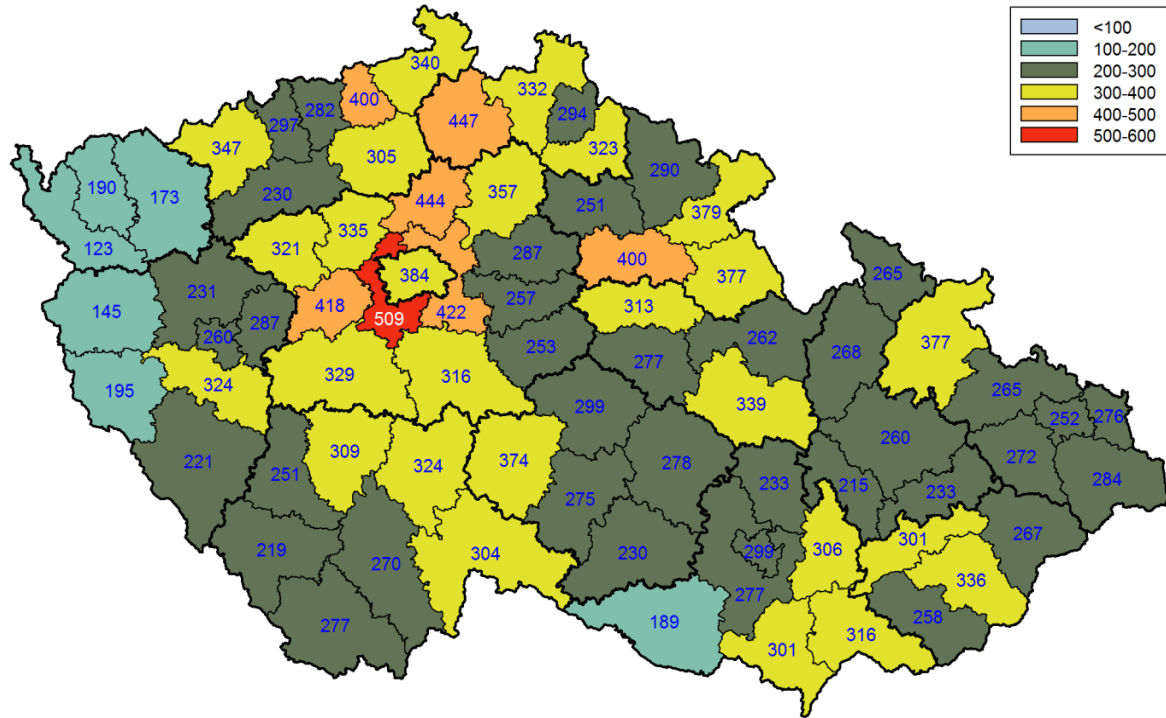
Graf 1: Počty případů covid-19 za posledních 28 dní



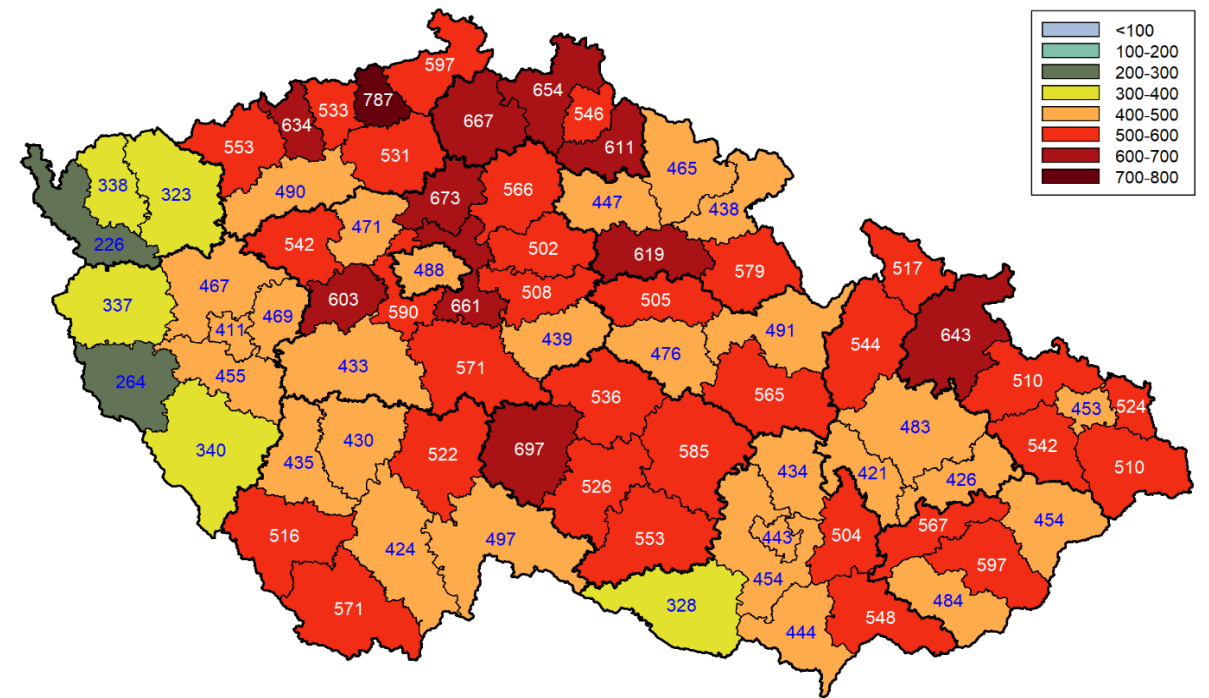
Graf 2: Týdenní počty případů covid-19 od 1. 1. 2021 do 30. 12. 2021



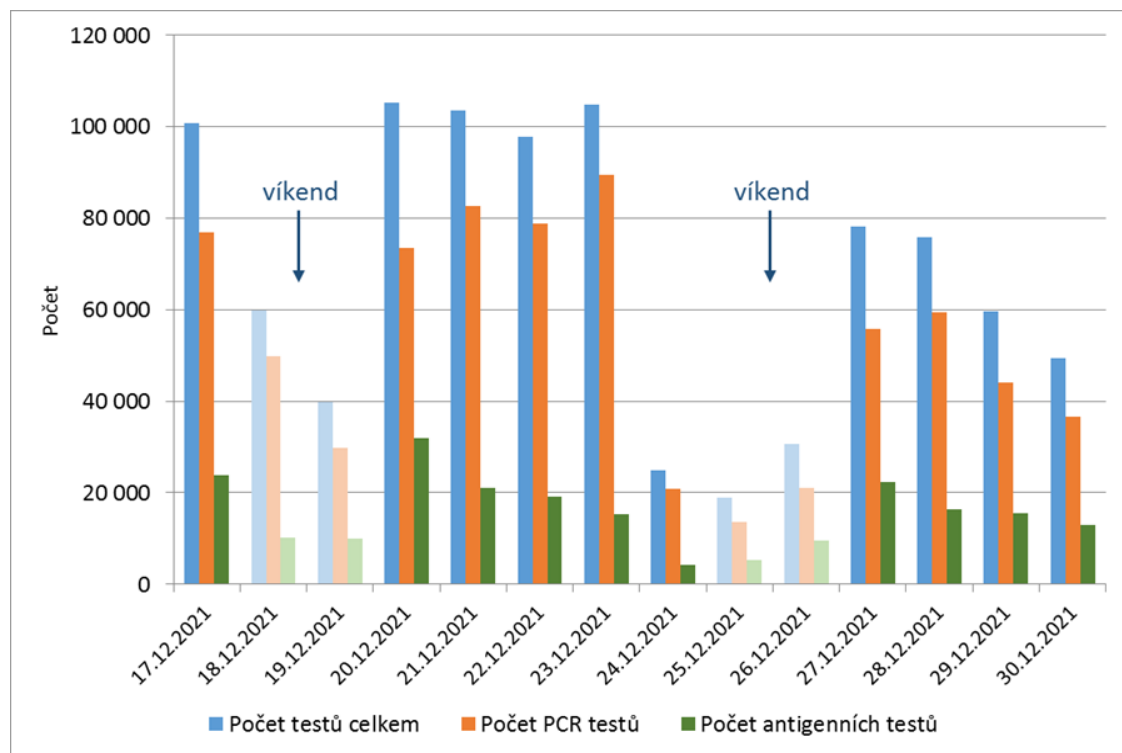
Graf 3a: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 30. 12. 2021



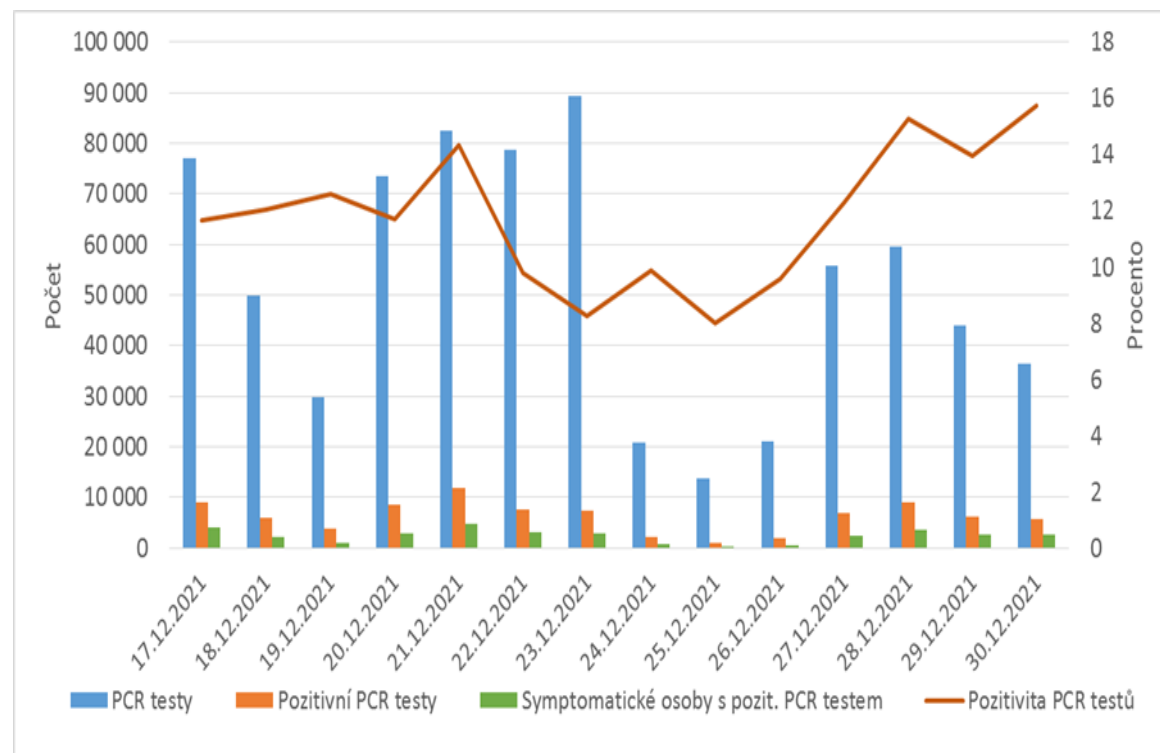
Graf 3b: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 23. 12. 2021



Graf 4: Počty provedených testů na covid-19 za období posledních 14 dní



Graf 5: Počty provedených PCR testů na covid-19 a jejich pozitivita za období posledních 14 dní



V období od 25. 12. do 3. 1. 2022 má NRL k dispozici data 18 323 provedených testů diskriminační PCR ze 74 laboratoří. Na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá dle diskriminační PCR přibližně 85 % pozitivních případů (viz tab. 1). Na variantu omikron připadá v daném časovém úseku celkem 1 642 případů.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
A570D+	11	3807	0,28 %	alfa, delta + A570D
E484K+	18	8621	0,21 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+	13 231	15 615	84,73 %	delta, delta+
L452R- a K417+ a N501Y+ a del69_70+ nebo Y505H	1642	z celého souboru	Odhad cca 15% případů (L452R neg.)	Suspektní omikron

Tabulka 2.

Laboratoř	Počet
Bioptická laboratoř s.r.o.	3
Bioptická laboratoř s.r.o. 2	13
CGB laboratoř a.s.	1
DIANA Lab, s.r.o., Praha 4	269
ELISABETH PHARMACON, spol. s r.o.	44
EUC Laboratoře Praha 2	1
Elphogene s.r.o., Praha 6	168
Fakultní nemocnice Brno	49
Fakultní nemocnice Hradec Králové	35
Fakultní nemocnice Olomouc	1
Fakultní nemocnice Plzeň 2	45
Fakultní nemocnice U sv. Anny v Brně	47
Fakultní nemocnice v Motole	35
GHC Genetics, s r.o.	385
IKEM	2
Krajská nemocnice Liberec	40
Krajská nemocnice T. Bati a.s.	37
Nemocnice Havlíčkův Brod, p.o.	1
Nemocnice Na Bulovce	21
Nemocnice Nové Město na Moravě p.o.2	4
Nemocnice TGM Hodonín, p. o.	2
Nemocnice Třebíč, CL	7
Nemocnice České Budějovice	2
Nemocnice Šumperk, a.s.	4
NutriMed Lab, s.r.o., Praha	10
Oblastní nemocnice Kladno	3
Oblastní nemocnice Náchod, a.s., Nemocnice Rychnov nad Kněžnou	3
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	4
PREVEDIG medical, s.r.o.	63
SYNLAB , Laboratoř Praha Cube	168
Sang Lab – klinická laboratoř s.r.o.	27
Středomoravská nemocniční a.s., Nemocnice Prostějov	9
Synlab, Laboratoř Brno, Modřice	8
Synlab, Laboratoř České Budějovice	2
Thomayerova nemocnice	9
Vaše laboratoře s.r.o., Zlín 2	4
Všeobecná fakultní nemocnice v Praze	4
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	33
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	18
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	44
Ústřední vojenská nemocnice	17
Celkem	1642

Diskriminační PCR:

- dle mimořádného opatření MZČR všechny symptomatické pozitivní případy SARS-CoV-2 musí být potvrzeny diskriminační PCR
- Pro první orientaci je možno vycházet pouze z negativy L452R, v tomto případě je třeba pamatovat, že vzorky vykazující vyšší Ct hodnoty mohou být ve stanovování L452R falešně negativní.
- Pouze negativita delece 69_70 nemusí znamenat vyloučení varianty omikron, ale může se jednat o subvariantu BA.2.
- suspektní omikron doporučujeme určovat na základě negativy L452R a jedné z těchto pozitivních mutací: N501Y, P681H, Del69_70, K417N nebo S371L pozitivní S373P, pozitivní, E484A pozitivní, Y505H pozitivní.

Metoda pro přímé stanovení varianty omikron: <https://zenodo.org/record/5747872#.YazlUtDMIuU>

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:

V poli „Location“ uvádět kraj takto:



Prosím, uvádějte pouze jedinou syntaxi, včetně dodržení typu písma.

Do jména sekvence uvádět vždy akronym laboratoře:



Například:

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

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

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

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

Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

Za rok 2021 bylo k 3. 1. 2022 v ČR celogenomově sekvenováno 20 792 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 1 353 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 3. prosincem a 3. lednem.

Dle celogenomové sekvenace převažují subvarianty delty - AY.4, AY.43, AY.122. Podíl subvarianty AY.4 v tomto období činí 24,91 %, podíl AY.43 je 22,99 %, podíl AY.122 je 15,08 %. Podíl dalších subvariant vyskytujících se v ČR dle dat z WGS činí méně než pět procent každá. Celkový přehled všech sekvenovaných variant v tomto období ukazuje tabulka 3. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 6. Varianta omikron (B.1.1.529) byla potvrzena v uvedeném časovém období WGS v ČR v 66 případech (GISAID.org)

Pozn.: data ze sekvenací jsou k dispozici za cca 1-3 týdny od data odběru.

Tabulka 3:

Varianta	celkem	podíl	Dle WHO
AY.4	337	24,91 %	Delta+
AY.43	311	22,99 %	Delta+
AY.122	204	15,08 %	Delta+
BA.1	66	4,88 %	Omikron
AY.7.1	56	4,14 %	Delta+
AY.121	54	3,99 %	Delta+
AY.126	45	3,33 %	Delta+
AY.98.1	26	1,92 %	Delta+
AY.127	21	1,55 %	Delta+
AY.4.2.3	21	1,55 %	Delta+
AY.116	18	1,33 %	Delta+
AY.113	16	1,18 %	Delta+
B.1.617.2	15	1,11 %	Delta
AY.46.6	15	1,11 %	Delta+
AY.102	14	1,03 %	Delta+
AY.46	13	0,96 %	Delta+
AY.20.1	11	0,81 %	Delta+
AY.9.2	11	0,81 %	Delta+
AY.36	11	0,81 %	Delta+
AY.4.6	11	0,81 %	Delta
AY.119	9	0,67 %	Delta+
AY.92	8	0,59 %	Delta+
AY.4.2	7	0,52 %	Delta+
AY.125	7	0,52 %	Delta+
AY.44	6	0,44 %	Delta+
AY.42	6	0,44 %	Delta+
Celkem	1 353	100	

Spike mutace:

A67V, **Δ69-70**, T95I, G142D/Δ143-145, Δ211/L212I, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, **K417N**, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493K, G496S, Q498R, **N501Y**, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, **P681H**, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

Non-spike mutace:

NSP3 gen: K38R, V1069I, Δ1265/L1266I, A1892T;

NSP4 gen: T492I;

NSP5 – P132H;

NSP6 – Δ105-107, A189V;

NSP12 – P323L;

NSP14 gen: I42V; E – T9I;

M gen: D3G, Q19E, A63T;

N gen: P13L, Δ31-33, R203K, G204R

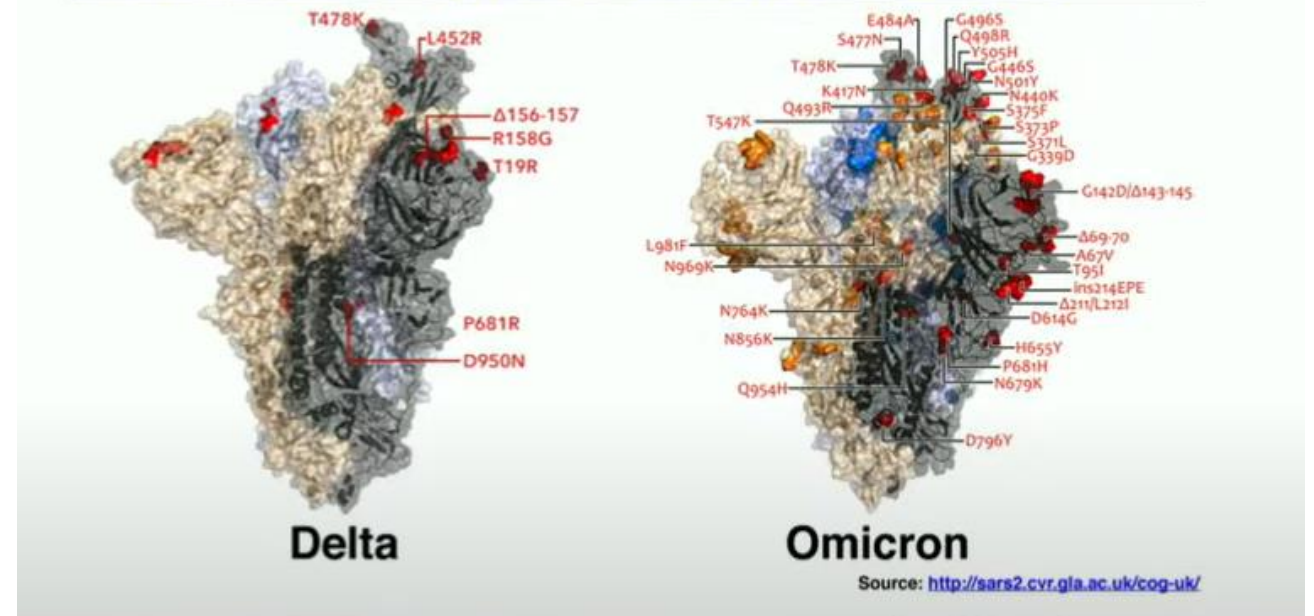
Mutace, které je možné detekovat diskriminační PCR:

Δ69-70, K417N, N501Y, P681H,

Mutace typické pro více nebo jednu VOC/VOI:

Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, K417N, S477N, T478K, E484A, Q493K, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

SARS-CoV-2 Spike Protein Mutations



vizualizace: <https://twitter.com/i/status/1466490437187690496>

Poslední výzkum ukazuje, že existují v rámci varianty omikron dvě „sourozenecké varianty“ (sibling lineage).

Varianta BA.1 je charakterizovaná delecí 69_70 ve spike proteinu.

Více zde:

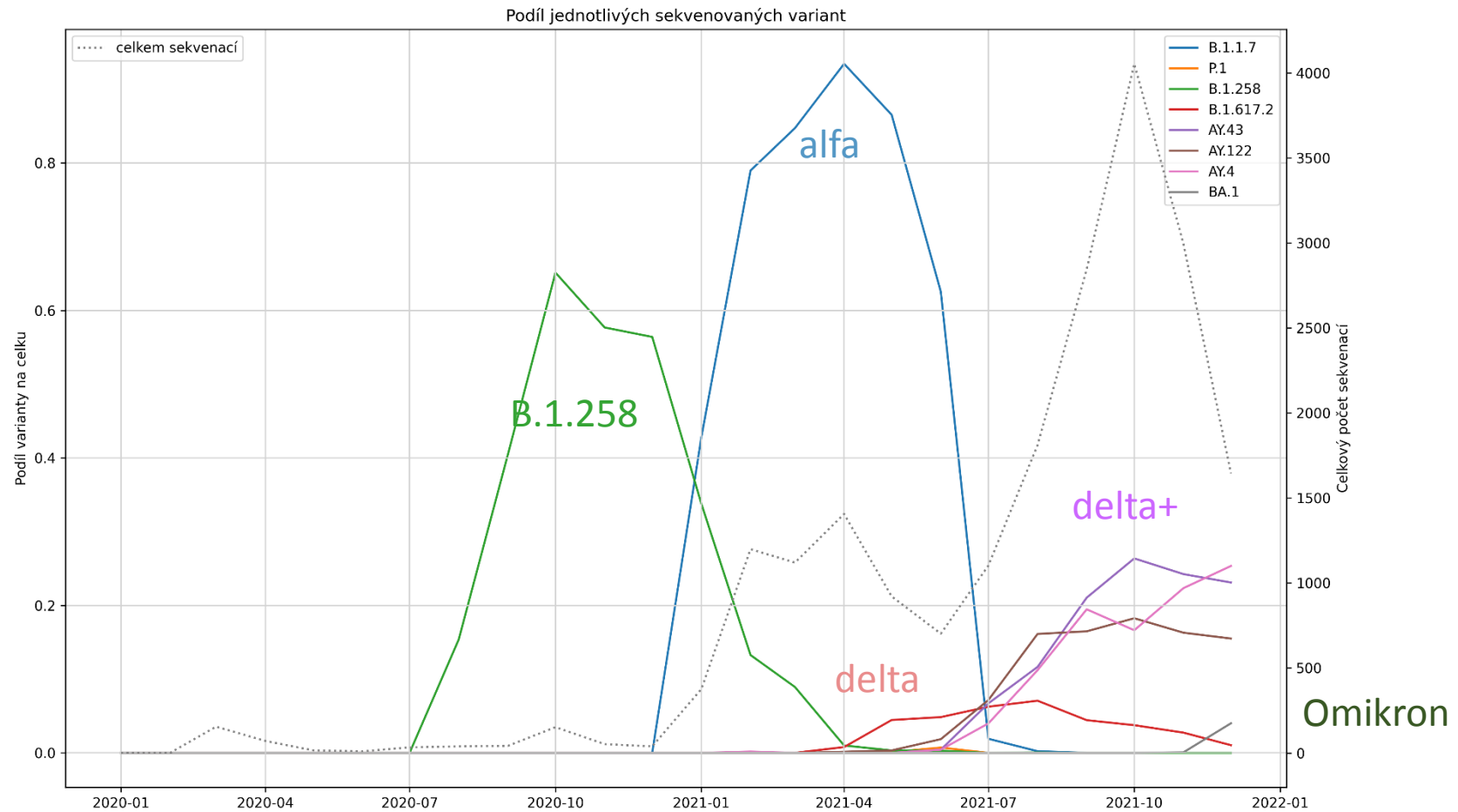
[Proposal to split B.1.1.529 to incorporate a newly characterised sibling lineage · Issue #361 · cov-lineages/pango-designation · GitHub](#)

mutace:	Gen:	mutace:	BA.1, BA.2, B.1.1.529
C21618T	S	T19I	Y
21633_21641del	S	LPPA24S	Y
C21762T	S	A67V	Y
21765_21770del	S	HV69del	Y
C21846T	S	T95I	Y
G21987A (outlier); 21987_21995 (ma	S	G142D	Y
21987_21995	S	VYY143del	Y
22194_22196del	S	NL211I	Y
T22200G	S	V213G	Y
22205GAGCCAGAAins	S	215EPEins	Y
G22578A	S	G339D	Y
C22674T	S	S371F	Y
T22673C, C22674T	S	S371L	Y
T22679C	S	S373P	Y
C22686T	S	S375F	Y
A22688G	S	T376A	Y
G22775A	S	D405N	Y
A22786T	S	R408S	Y
G22813T	S	K417N	Y
T22882G	S	N440K	Y
G22898A	S	G446S	Y
G22992A	S	S477N	Y
C22995A	S	T478K	Y
A23013C	S	E484A	Y
A23040G	S	Q493R	Y
G23048A	S	G496S	Y
A23055G	S	Q498R	Y
A23063T	S	N501Y	Y
T23075C	S	Y505H	Y
C23202A	S	T547K	Y
A23403G	S	D614G	Y
C23525T	S	H655Y	Y
T23599G	S	N679K	Y
C23604A	S	P681H	Y
C23854A	S	N764K	Y
G23948T	S	D796Y	Y
C24130A	S	N856K	Y
A24424T	S	Q954H	Y
T24469A	S	N969K	Y
C24503T	S	L981F	Y

Projekt COVd ukazuje linie viru SARS-CoV-2 v přehledném grafu:

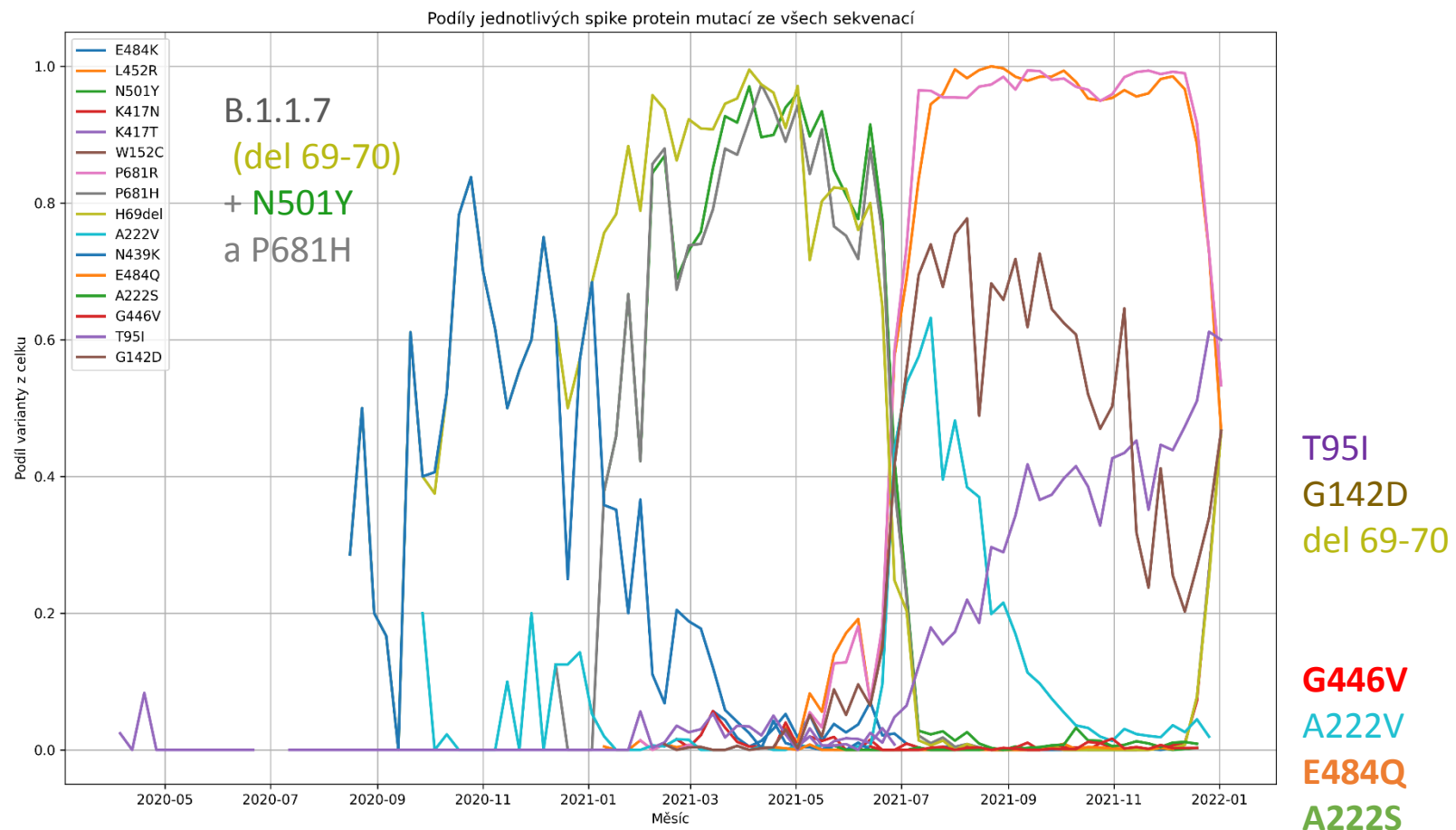
<https://virus.img.cas.cz/lineages>

Graf 6: Přehled významných sekvenovaných variant v ČR jako podíl z celku



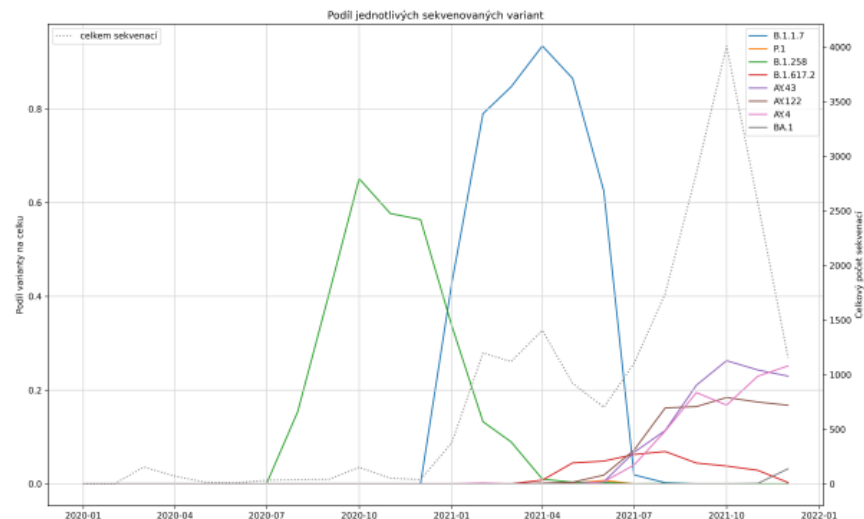
Graf č. 7:

Frekvence
G142D a T95I
zřejmě souvisí
s vyhodnocením
sekvenačních
dat.

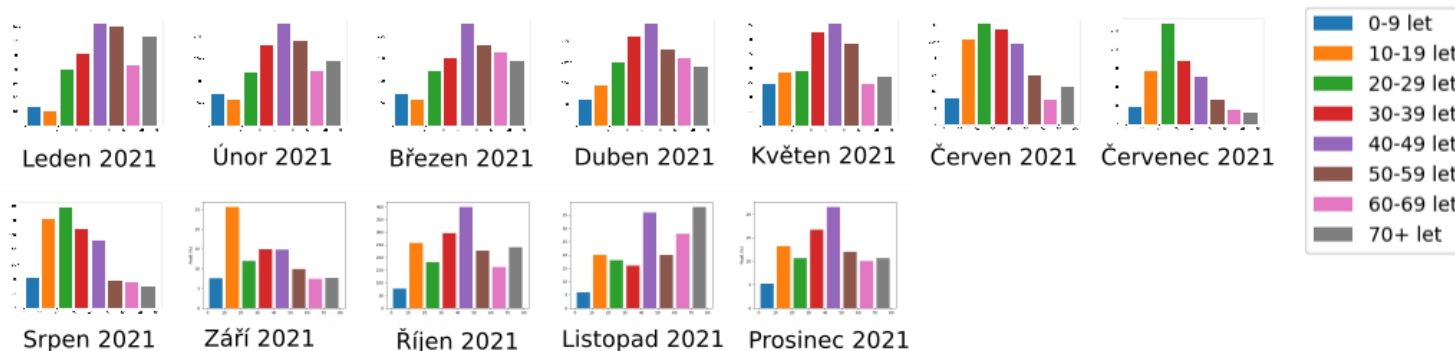


Graf. č. 8: Věková struktura ve vztahu k osekvenovaným vzorkům

V měsících lednu až květnu dominantní věková skupina 40 – 49 let byla od června nahrazena dominující skupinou 20 – 29 let, přičemž od srpna 2021 pozorujeme nárůst i mladších věkových skupin, především 10 – 19 let. V říjnu a prosinci jsou ve věkových skupinách sekvenovaných opět více zastoupeny skupiny 30 – 39 a 40 – 49 let. V listopadu pak zaznamenáváme nárůst mezi nejvyššími věkovými skupinami. Tento jev neodpovídá věkové distribuci v případě sledování positivity PCR testů, ale je definice vzorků určených k sekvenaci a tedy algoritmu ÚZIS použitého k vyhodnocení.



Věková struktura sekvenovaných



- V období od 25. 12. do 3. 1. 2021 má NRL k dispozici data 18 323 provedených testů diskriminační PCR ze 74 laboratoří. Na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá dle diskriminační PCR přibližně 85 % pozitivních případů (viz tab. 1). Na variantu omikron připadá v daném časovém úseku celkem 1 642 případů. Varianta omikron bude zřejmě do deseti dnů v ČR dominovat.
- Za rok 2021 bylo k 3. 1. 2022 v ČR celogenomově sekvenováno 20 792 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 1 353 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 3. prosincem a 3. lednem.
- Omikron: 69 potvrzených sekvenací (kumulativně - GISAID), 1 642 pozitivních diskriminačních PCR v ČR. K 3. 1. 2021 je potvrzeno celosvětově 118 663 případů této varianty celogenomovou sekvenací.

Kolektiv autorů:

RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Moskalyk, RNDr. Alena Fialová, Ph.D., MUDr. Monika Liptáková, MUDr. Martina Leppová, RNDr. Marek Malý, CSc.