



# Podrobná zpráva ke dni 31. 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.

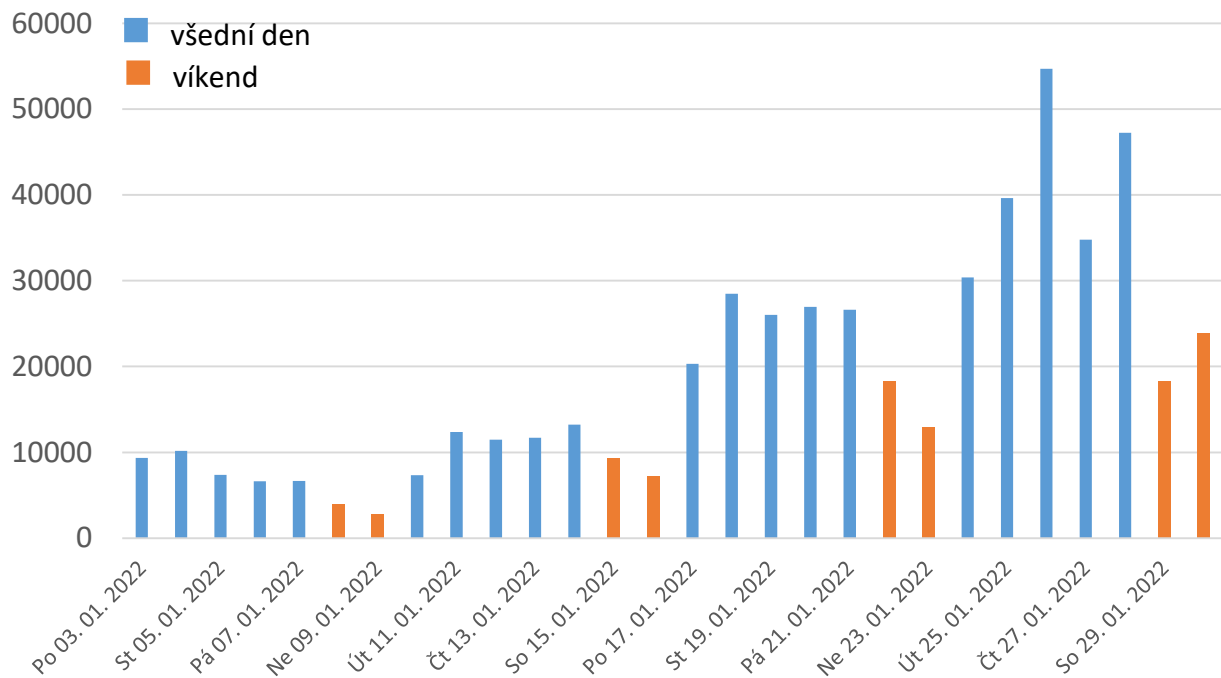
### Obsah:

Souhrn a epidemiologický přehled	Strana 2 – 8
Vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 9 – 10
Odborná doporučení NRL a WHO	Strana 11 – 12
Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace	Strana 13 – 24
Závěr	Strana 25

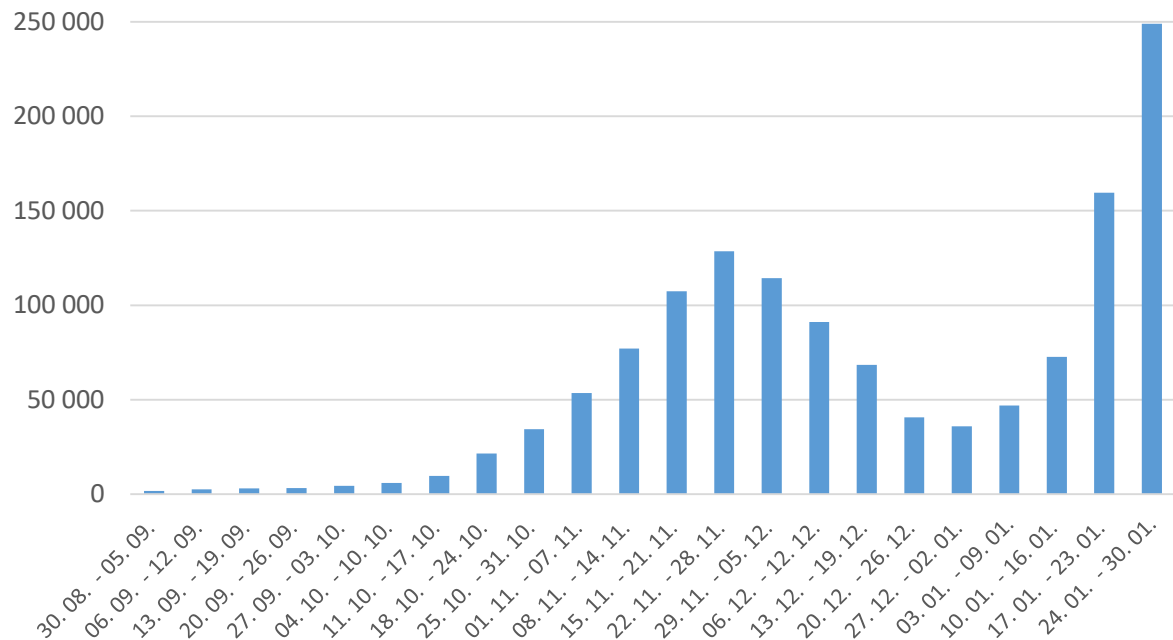
- V období od 23. 1. do 31. 1. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 113 215 provedených testů diskriminační PCR ze 100 laboratoří.
- K 31. 1. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 25 760 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 1 785 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 31. prosincem a 31. lednem.
- V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 17. 01. do 30. 01. 2022) zachyceno 408 520 případů SARS-CoV-2 pozitivních osob, s denním průměrem 29 180,0 případů, což představuje 14denní incidenci 3 817,3 na 100 000 obyvatel. Vývoj počtu případů v delším časovém horizontu zobrazují grafy 1 a 2. Za uvedené období bylo nahlášeno 3 435 hospitalizací. Celkový počet hospitalizací ke konci sledovaného období činí 2 066 osob, z toho 275 osob s vážným průběhem.
- Graf 3a zobrazuje 14denní přehled (tj. od 17. 01. do 30. 01. 2022) covid-19 hospitalizací s ohledem na vykázaná očkování a graf 3b zobrazuje 14denní přehled za stejné časové období u osob hospitalizovaných na jednotce intenzivní péče (JIP).
- Covid-19 a týdenní přehled hospitalizací a hospitalizací na JIP s ohledem na vykázaná očkování a věkové skupiny je uveden v grafech 4a a 4b (od 24. 01. 2022 do 30. 01. 2022).

- U očkování se hodnotilo jako úplné základní očkování: více než 14 dní po 2. dávce dvoudávkové vakcíny nebo více než 14 dní po jednodávkové vakcinaci. Zdrojem dat v grafech 3 a 4 jsou otevřené datové sady covid-19 v ČR (<https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/api/v2/covid-19>).
- Nejvyšší 7denní incidence covid-19 je aktuálně hlášena v okresech Praha - západ, Praha - východ a Mělník, podrobně uvádí situaci graf 5. Na grafu 5a je vidět aktuální situace v porovnání se stavem před 7 dny, viz graf 5b.
- V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 17. 01. do 30. 01. 2022) provedeno celkem 1 922 137 testů na covid-19, z toho 1 539 364 PCR a 382 773 antigenních testů (graf 6); pozitivitu PCR testů ze všech provedených PCR testů na covid-19 zobrazuje graf 7.

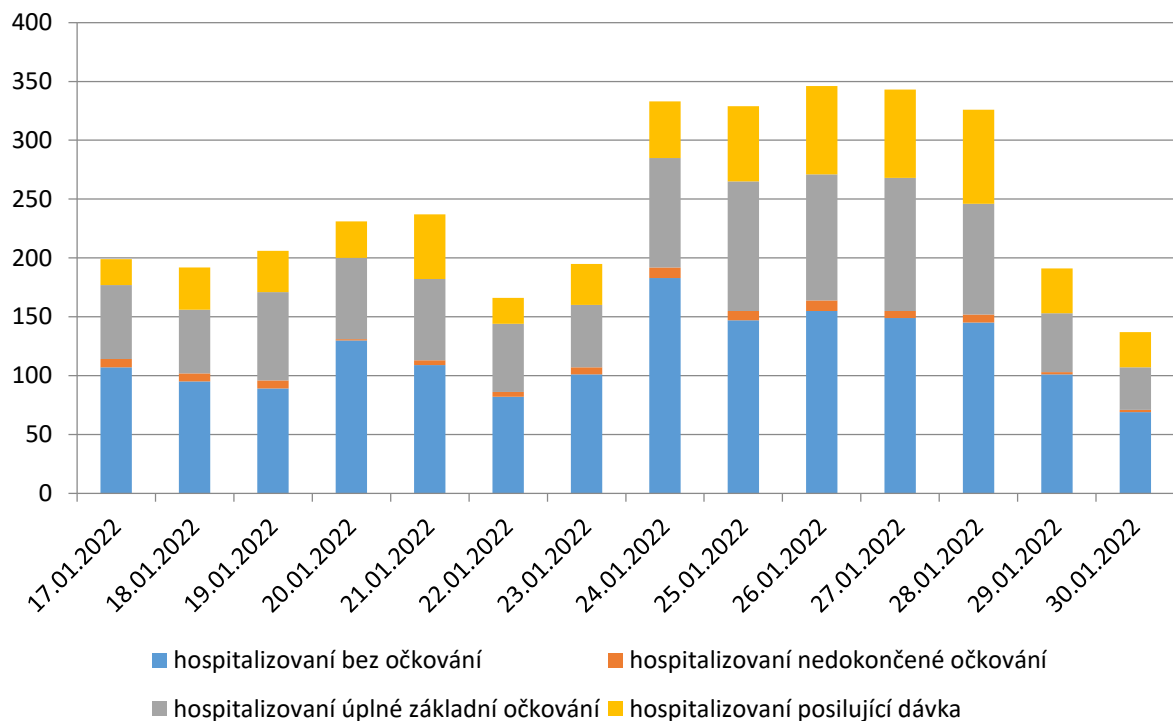
**Graf 1: Počty případů covid-19 za posledních 28 dní**



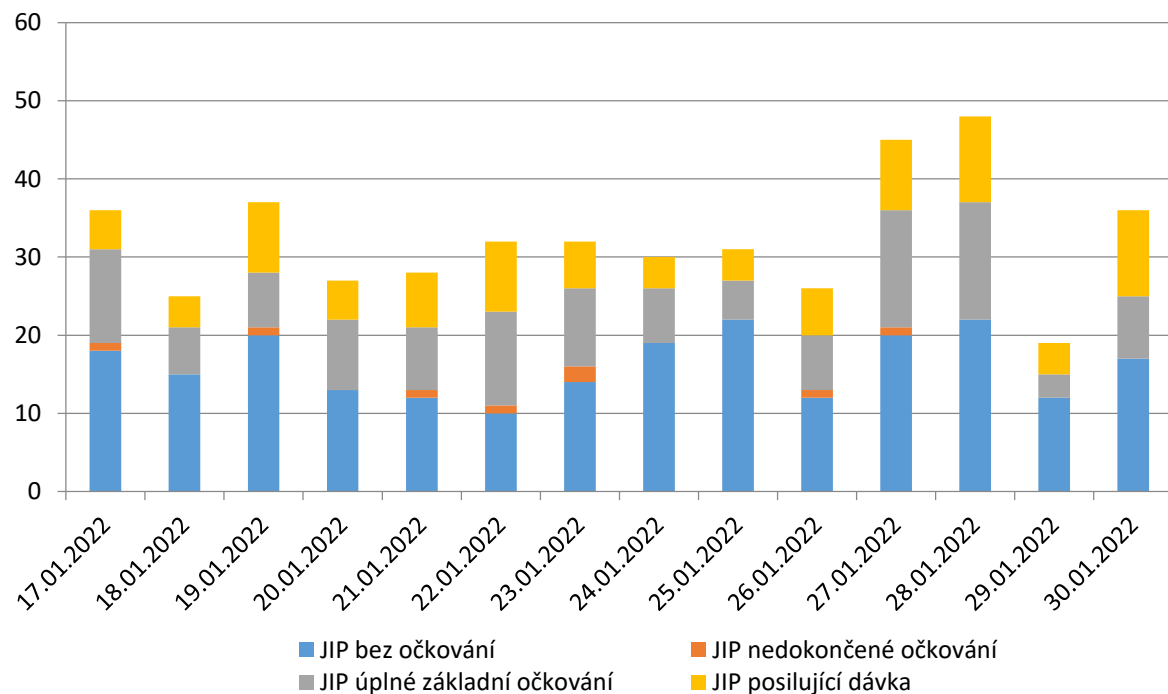
**Graf 2: Týdenní počty případů covid-19 od 30. 08. 2021 do 30. 01. 2022**



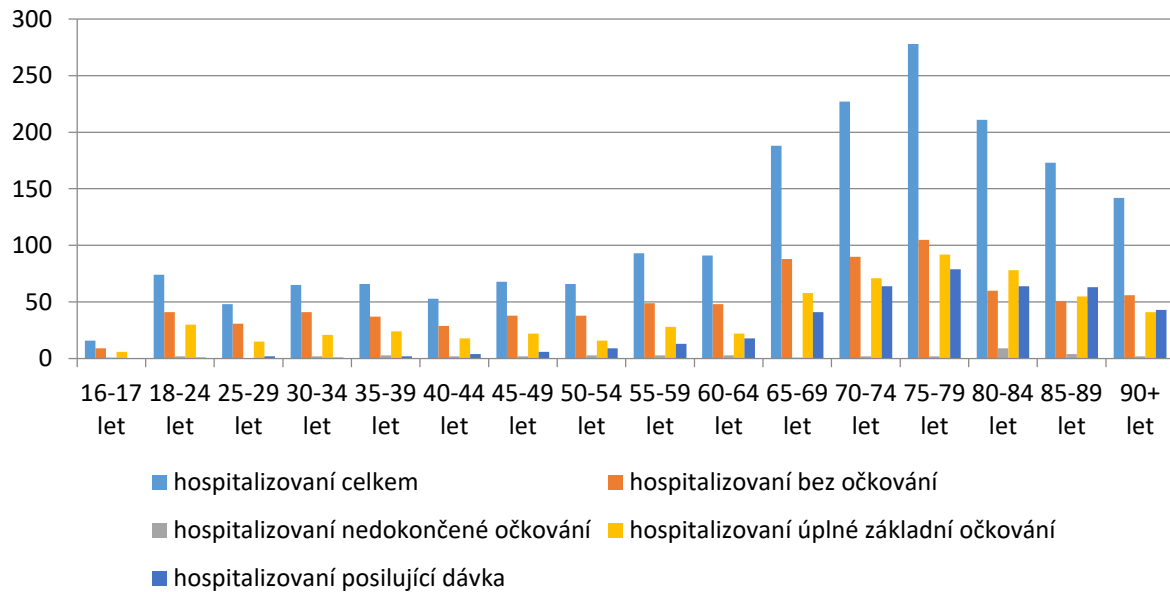
**Graf 3a: Počty případů covid-19 hospitalizovaných za posledních 14 dní dle stavu očkování**



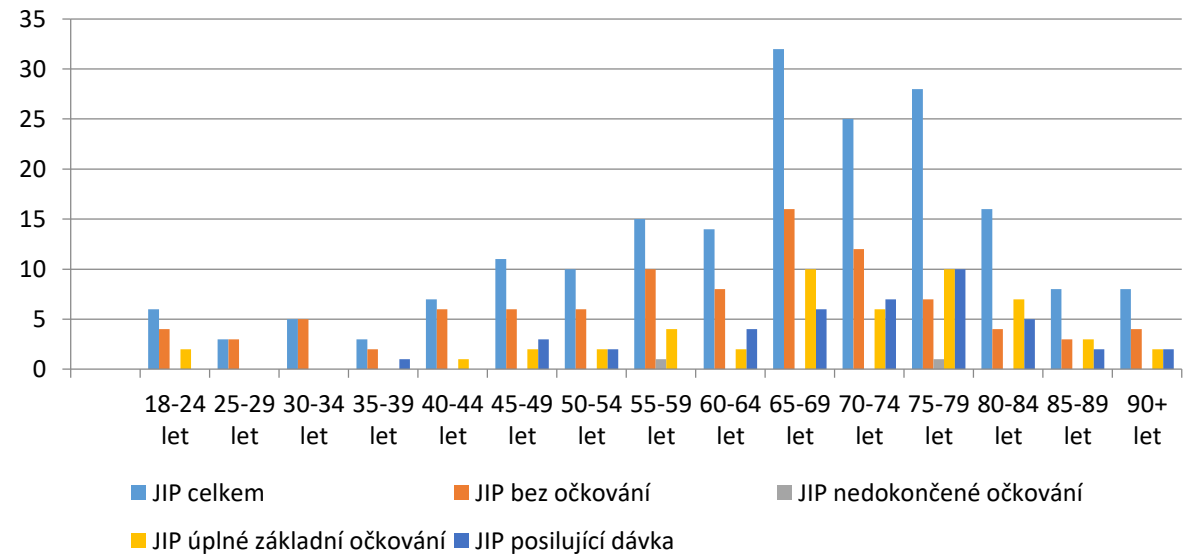
**Graf 3b: Počty případů covid-19 hospitalizovaných na JIP za posledních 14 dní dle stavu očkování**



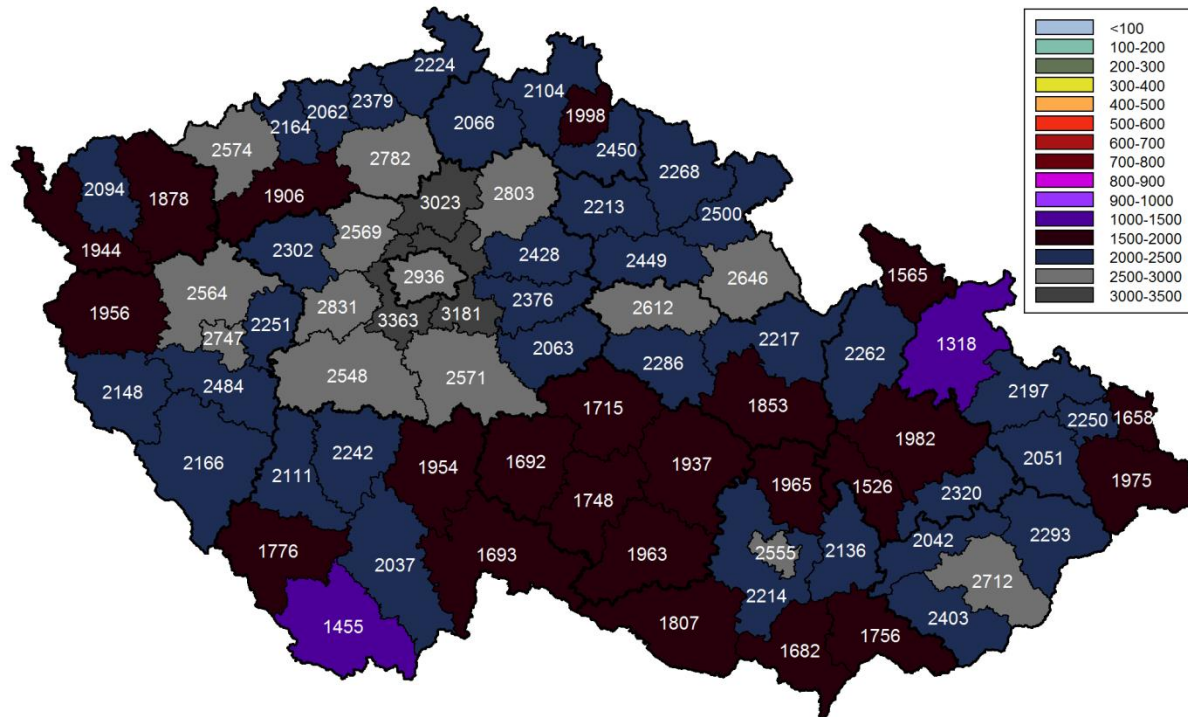
**Graf 4a: Covid-19 a týdenní přehled hospitalizací s ohledem na vykázaná očkování a věkové skupiny (od 24. 01. 2022 do 30. 01. 2022)**



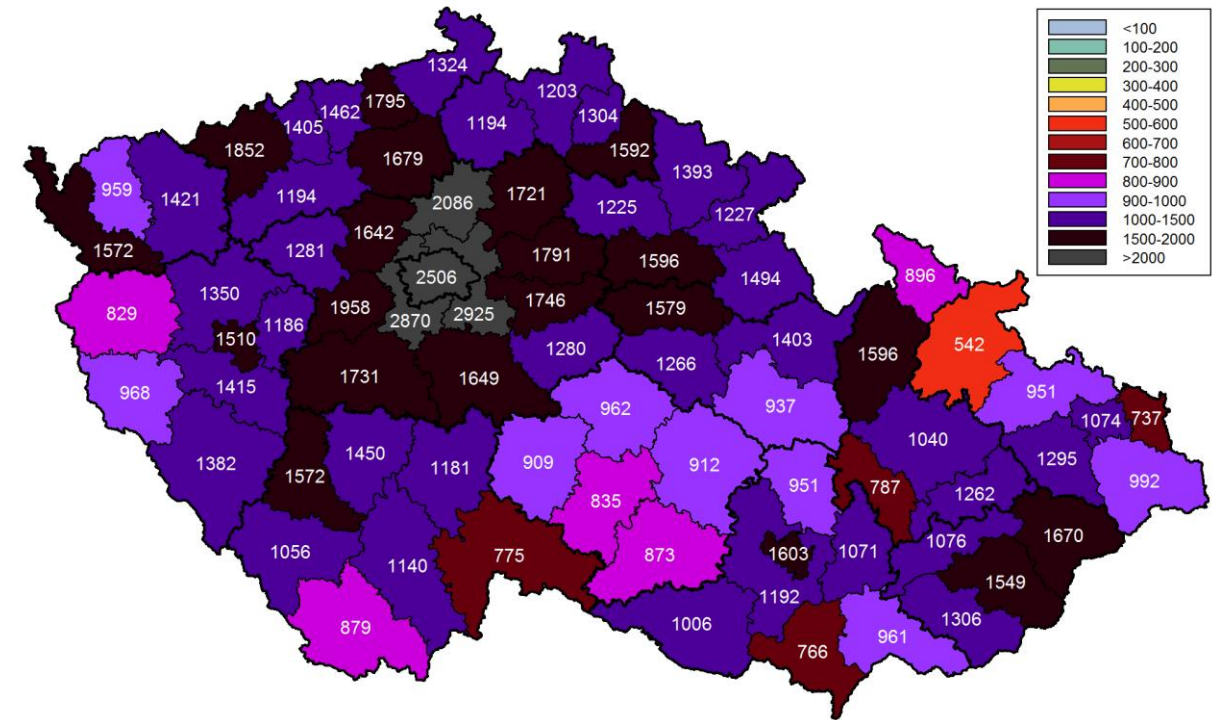
**Graf 4b: Covid-19 a týdenní přehled hospitalizací na JIP s ohledem na vykázaná očkování a věkové skupiny (od 24. 01. 2022 do 30. 01. 2022)**



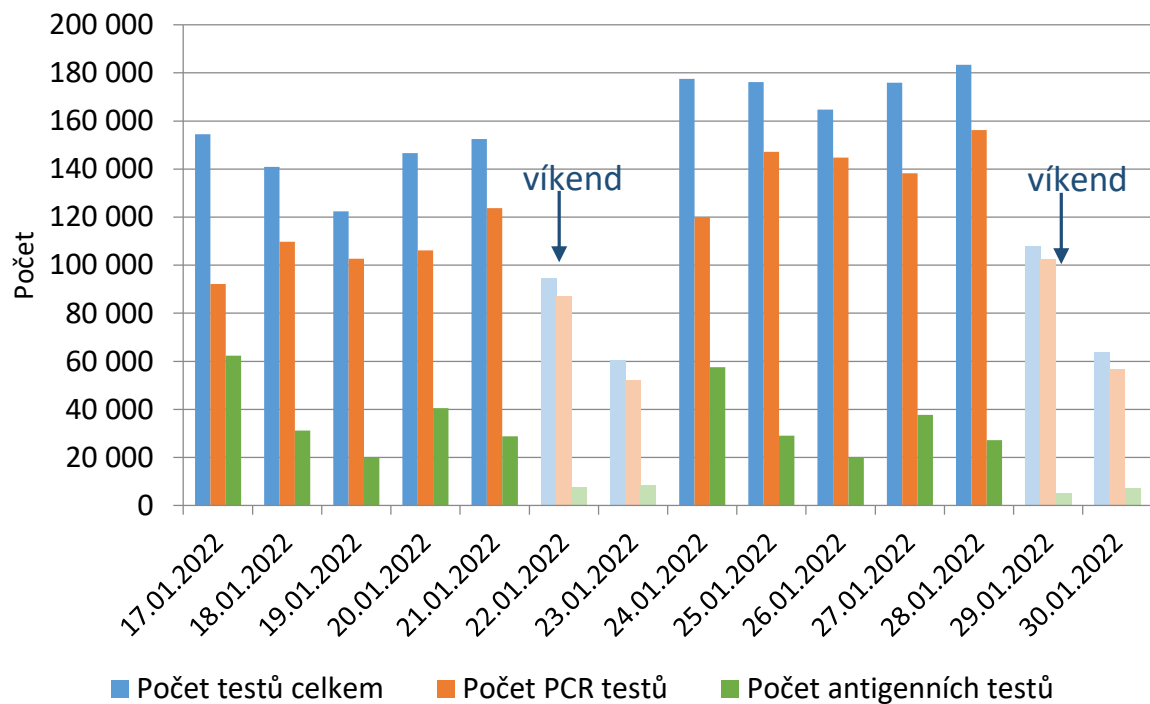
**Graf 5a: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 30. 1. 2022**



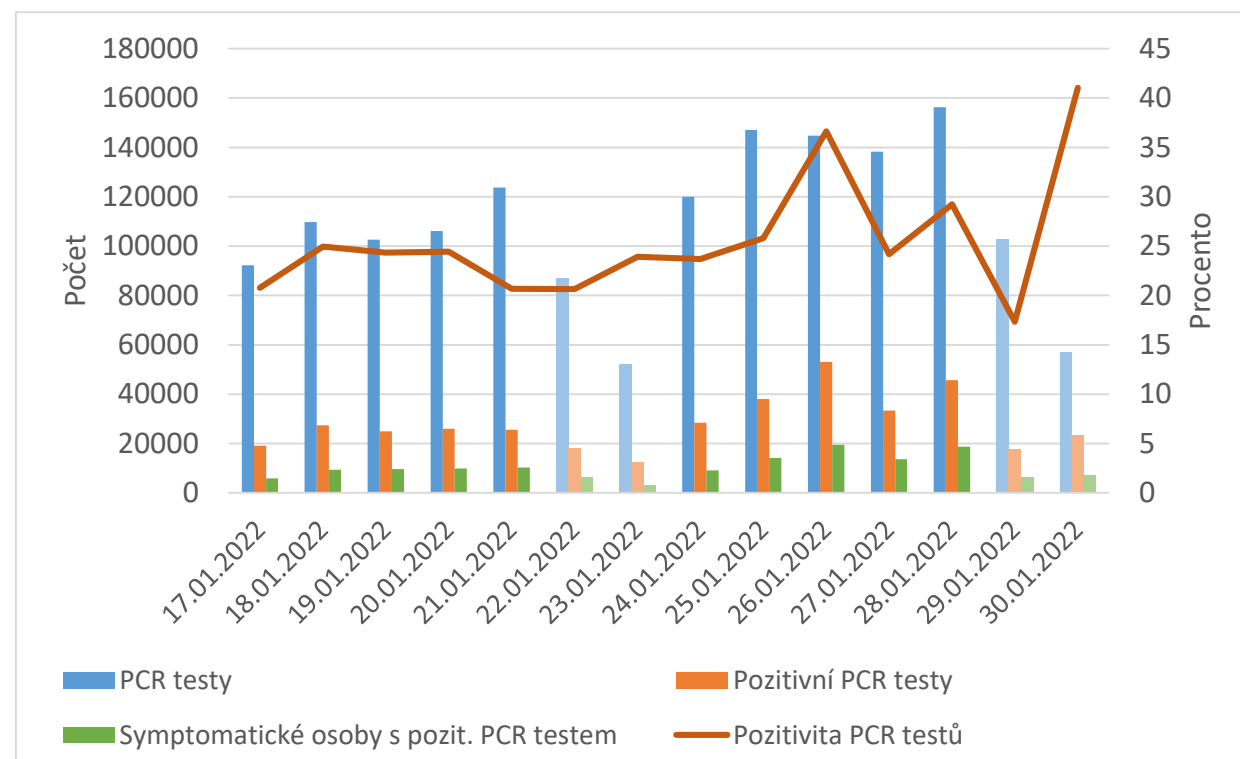
**Graf 5b: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 23. 1. 2022**



**Graf 6: Počty provedených testů na covid-19 za období posledních 14 dní**



**Graf 7: Počty provedených PCR testů na covid-19 a jejich pozitivita za období posledních 14 dní**





V období od 23. 1. do 31. 1. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 113 215 provedených testů diskriminační PCR ze 100 laboratoří.

Tabulka 1: **Přehled zachycených mutací**

Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
A570D+	0	17 926	0 %	alfa, delta + A570D
E484K+	481	23 176	2,07 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+	891	55 609	1,6 %	delta, delta+
L452R- a K417N+ a N501Y+ a del69_70+ a E484A nebo Y505H, nebo S371L nebo S373P, nebo T547K	97 452	101 143	96,35 %	Suspektní omikron

**Tabulka 2: procento suspektních případů varianty omikron k celkovému počtu testů diskriminační PCR v datových sadách uvedených výše – jedná se o zpřesněný odhad prevalence varianty omikron (aktualizovaná data k 31. 1.)**

*\* Plovoucí interval, data jsou předběžná, jsou aktualizována dle hlášení laboratoří do ISIN*

Datum	Suspektní omikron	Celkový počet případů SARS-CoV-2 v dané sadě diskriminační PCR	Odhad procenta záchytů varianty omikron
30. 1. 2022 *	1144	1343	85,18 %
29. 1. 2022 *	3413	3695	92,36 %
28. 1. 2022 *	10146	10608	95,64 %
27. 1. 2022 *	12539	12908	97,14 %
26. 1. 2022 *	17033	17500	97,33 %
25. 1. 2022 *	20708	21114	98,07 %
24. 1. 2022 *	25921	27162	95,43 %
23. 1. 2022 *	6545	6813	96,06 %

## Diskriminační PCR:

- Dle mimořádného opatření MZČR končí povinnost konfirmovat všechny případy SARS-CoV-2 diskriminační PCR,
- NRL doporučuje vyšetřit diskriminační PCR rizikové pacienty určené k podání antivirotické léčby pro případ, že pacient je pozitivní nebo onemocněl v důsledku infekce variantou delta.
- Toto vyšetření by měl indikovat ošetřující lékař.
- Pro první orientaci je možno vycházet pouze z negativity L452R, v tomto případě je třeba pamatovat, že vzorky vykazující vyšší Ct hodnoty mohou být ve stanovování L452R falešně negativní.
- V případě indikace léčby monoklonálními protilátkami je nutné přesnější určení varianty omikron, nestačí jen vyloučení positivity L452R a E484K.

- NRL doporučuje provádět vždy odběr z nasopharyngu i oropharyngu (nos i krk), v případě infekce variantou omikron se ukazuje odběr z nosu (nosohltanu) jako nedostatečný. V případě přetrvávajících potíží doporučujeme zopakovat test (například před zahájením léčby), část příznakových pacientů může být pozitivní až druhý až čtvrtý den od nástupu příznaků

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
<b>FNO</b>	<b>Fakultní nemocnice Ostrava</b>
CSQ	Fakultní nemocnice Brno

Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

K 31. 1. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 25 760 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 1 785 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 31. prosincem a 31. lednem.

Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období **převažovala varianta omikron – (73,72 %)**. Dále byly významně zastoupeny subvarianty delty – AY.4, AY.43, AY.122. Celkový přehled všech sekvenovaných variant, kde je alespoň 5 vzorků v tomto období, ukazuje tabulka 3. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 8.

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

**Tabulka 3:**

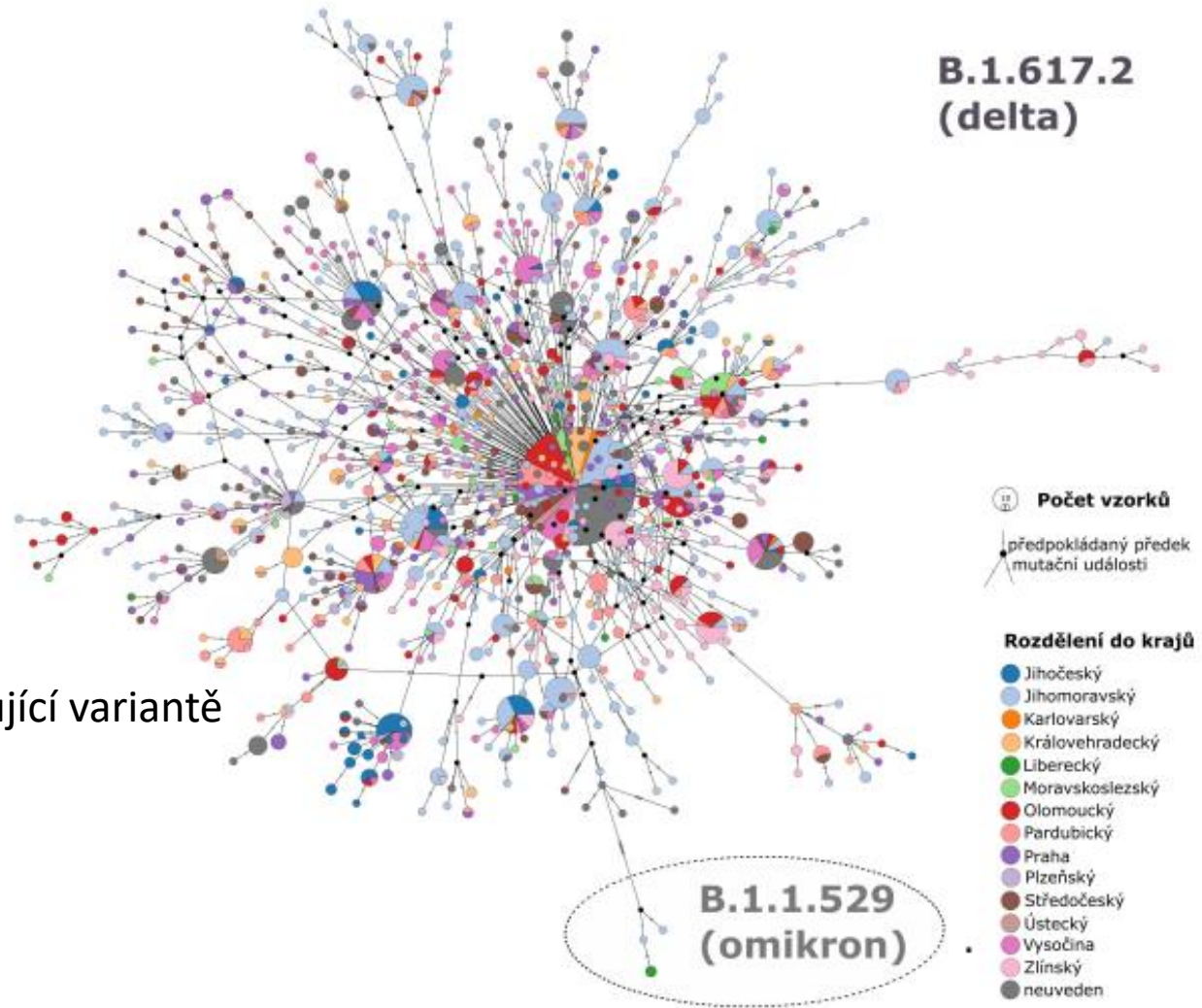
Varianta	celkem	podíl	Dle WHO
BA.1	849	47,56 %	Omikron
BA.1.1	462	25,88 %	Omikron
AY.4	124	6,95 %	Delta+
AY.43	114	6,39 %	Delta+
AY.122	75	4,20 %	Delta+
AY.121	17	0,95 %	Delta+
AY.126	16	0,90 %	Delta+
AY.4.2.3	14	0,78 %	Delta+
AY.113	10	0,56 %	Delta+
B.1.617.2	7	0,39 %	Delta
AY.7.1	7	0,39 %	Delta+
AY.127	6	0,34 %	Delta+
AY.20.1	6	0,34 %	Delta+
AY.116	5	0,28 %	Delta+
BA.2	5	0,28 %	Omikron
AY.36	5	0,28 %	Delta+
AY.4.6	5	0,28 %	Delta+

Výběr sekvencí 2093 vzorků  
22. 10. – 18. 12. 2021.

Velikost uzlů – dle počtu vzorků  
s identickou sekvencí.  
Spojnice naznačují pravděpodobné  
příbuzenské vztahy,  
počet krátkých kolmých úseček  
odpovídá počtu mutačních událostí.

Tři sekvence v dolní části grafu náleží k nastupující variantě  
omikron (B.1.1.529).

Autor: doc. Mgr. Vladimír Hampl Ph.D., Biocev



## 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

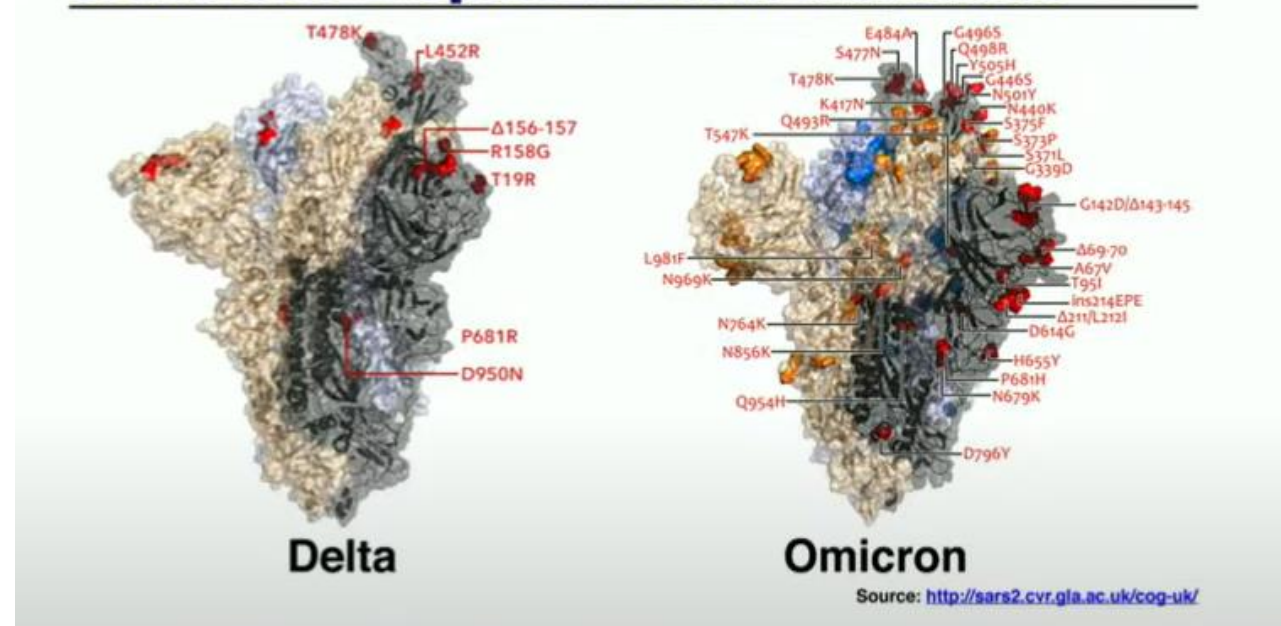
Mutace, které je možné detekovat diskriminační PCR:

**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>

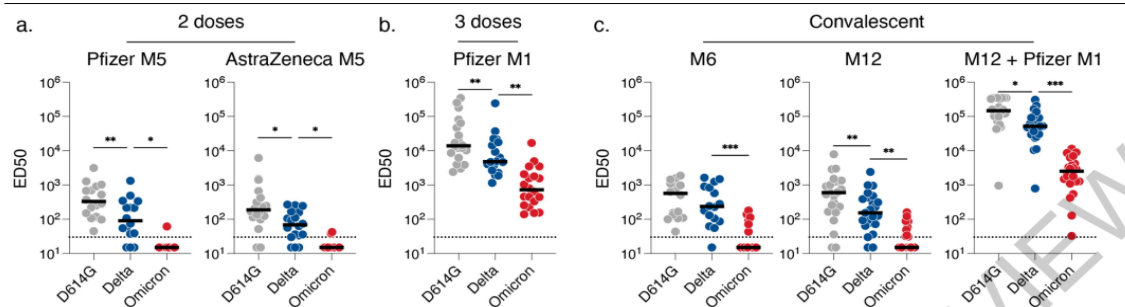


nature

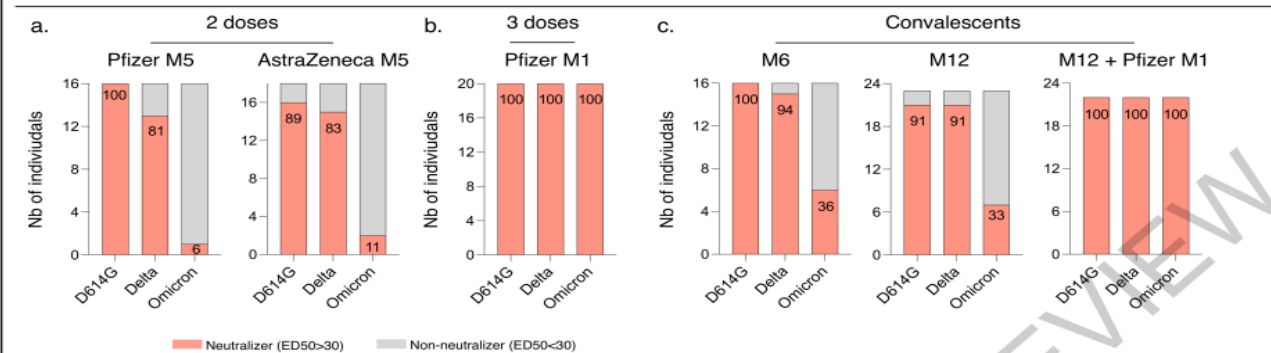
<https://doi.org/10.1038/s41586-021-04389-z>

Accelerated Article Preview

## Considerable escape of SARS-CoV-2 Omicron to antibody neutralization



VNT = virusneutralizace



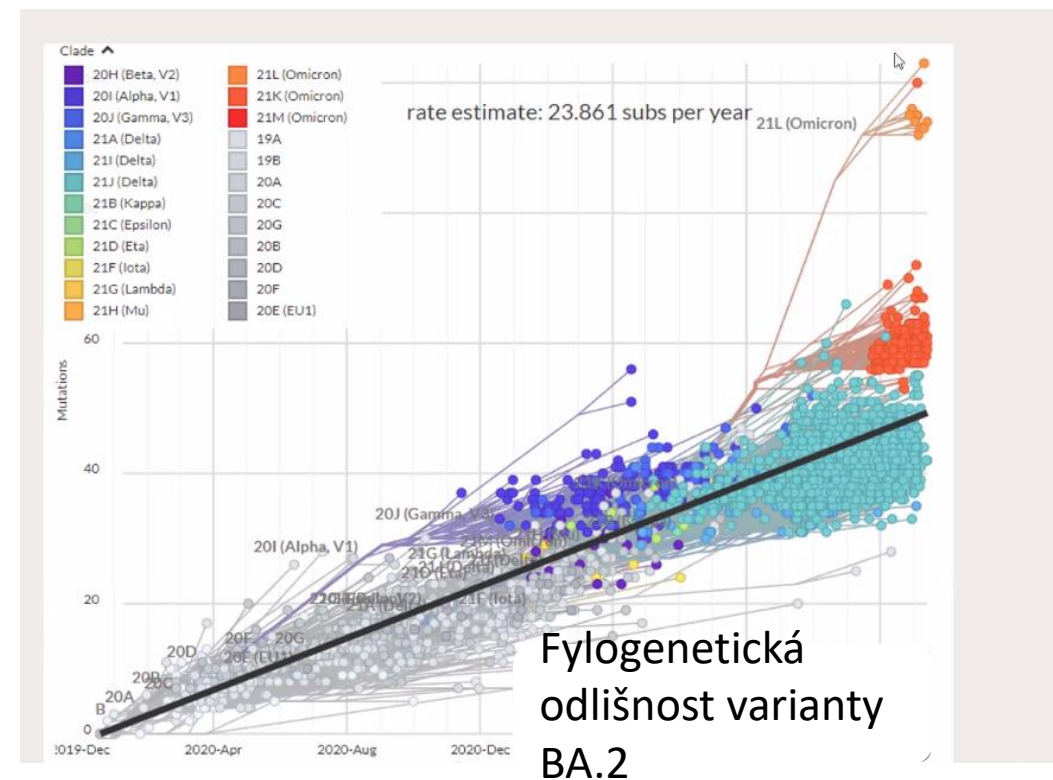
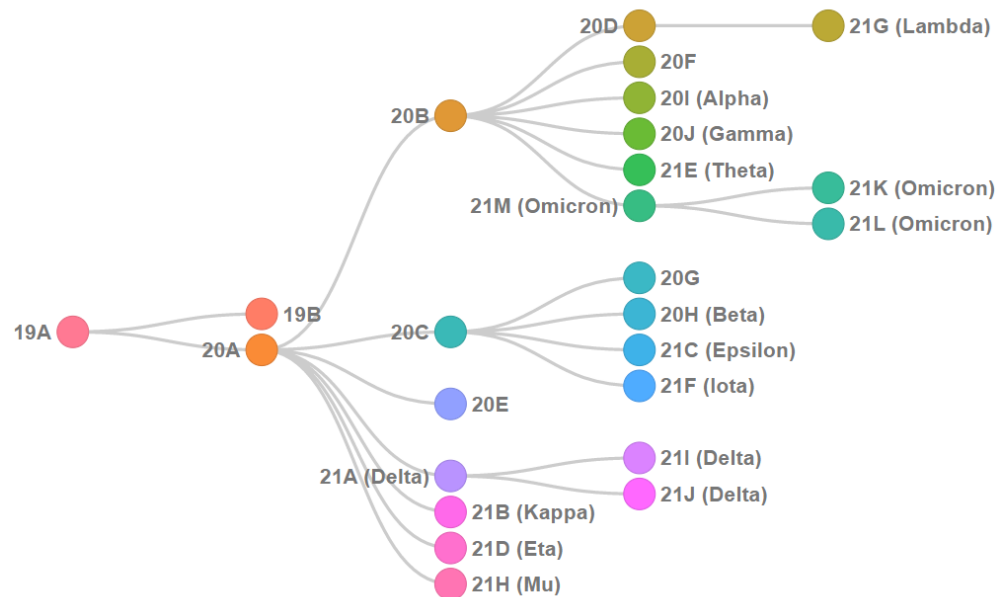
**Extended Data Fig. 5 | Fraction of neutralizers in the cohorts of vaccinated or convalescent individuals.** Individuals with an ED50 of neutralization above 30 were categorized as neutralizers and are indicated in pink. Non-neutralizers are in grey. The numbers indicate the percentage of neutralizers. **a.** Fraction of neutralizers in sera from Pfizer (n=16) (left panel) and AstraZeneca (n=18) (right panel) vaccinated recipients sampled 5 months after the second dose (results related to Fig. 2a). **b.** Fraction of neutralizers in sera from Pfizer vaccinated

recipients sampled one month after the 3<sup>rd</sup> injection (n=20; (results related to Fig. 2b). **c.** Fraction of neutralizers in sera from convalescent individuals, sampled at 6 months post onset of symptoms (M6) (n=16) (right panel), at 12 months (M12) (n=23) (middle panel) and one month after the 1<sup>st</sup> injection (n=22) (right panel; results related to Fig. 2c). In each panel, data are mean from 2 to 3 independent experiments.

Podíl osob  
s dostatečným  
VNT  
ED50 > 30

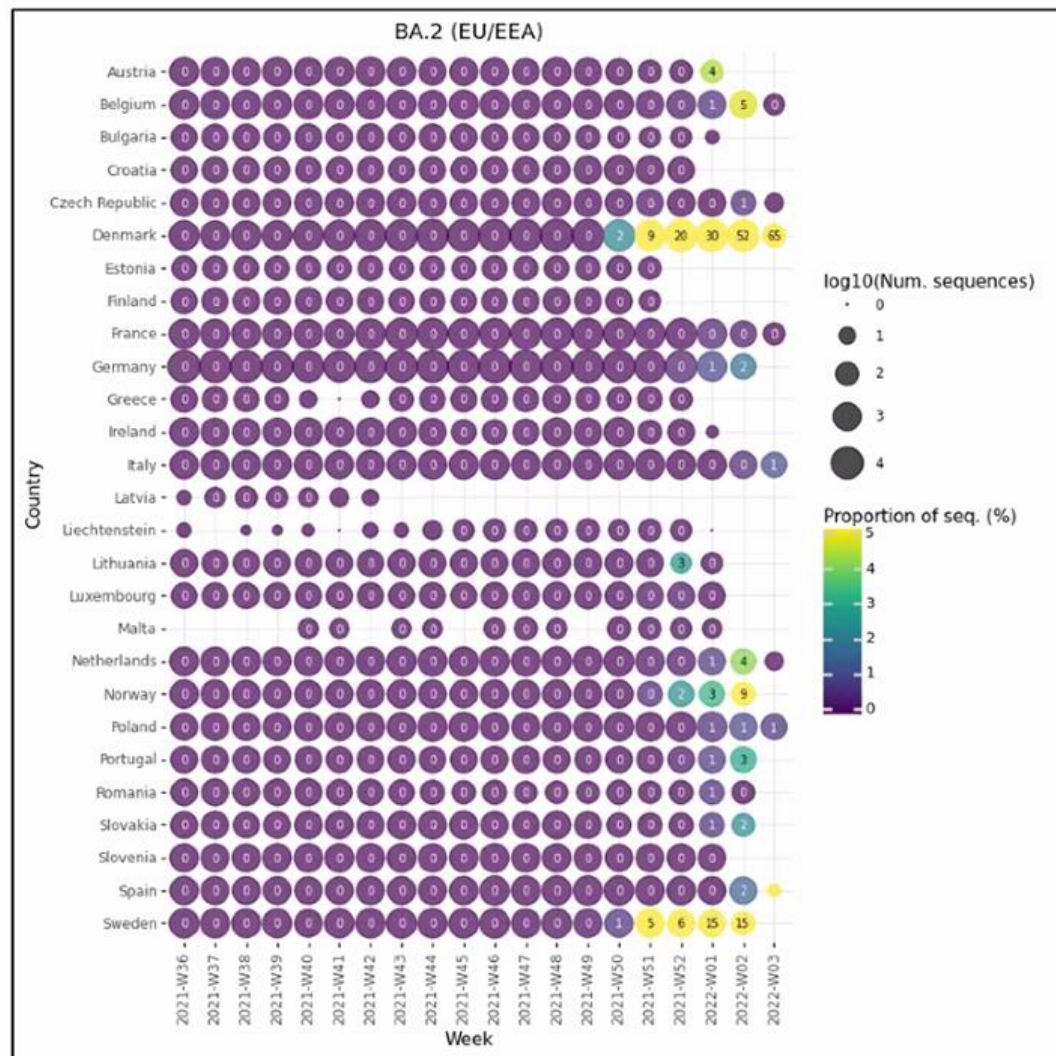
## Varianta BA.2

Varianta byla objevena 6. 12. 2021 a původně byla kategorizována jako subvarianta omikronu (B.1.1.529) a jako příbuzná sublinii BA.1. Z fylogenetického hlediska se však zřejmě jedná o s omikronem zcela nepříbuznou subvariantu. V Evropě dominuje v Dánsku, Švédsku (především v souvislosti s importem z Dánska) a v UK v souvislosti s importem z Indie.



- Projekt COVD ukazuje linie viru SARS-CoV-2 v přehledném grafu:  
<https://virus.img.cas.cz/lineages>
- Testování antigenních testů na covid-19  
[Antigenní COVID testy – Vysoká škola ekonomická v Praze \(vse.cz\)](https://www.vse.cz/antigenni-covid-testy)
- Seznam testů SÚKL  
<https://www.sukl.cz/prehled-testu-k-diagnostics-onemocneni-covid-19>

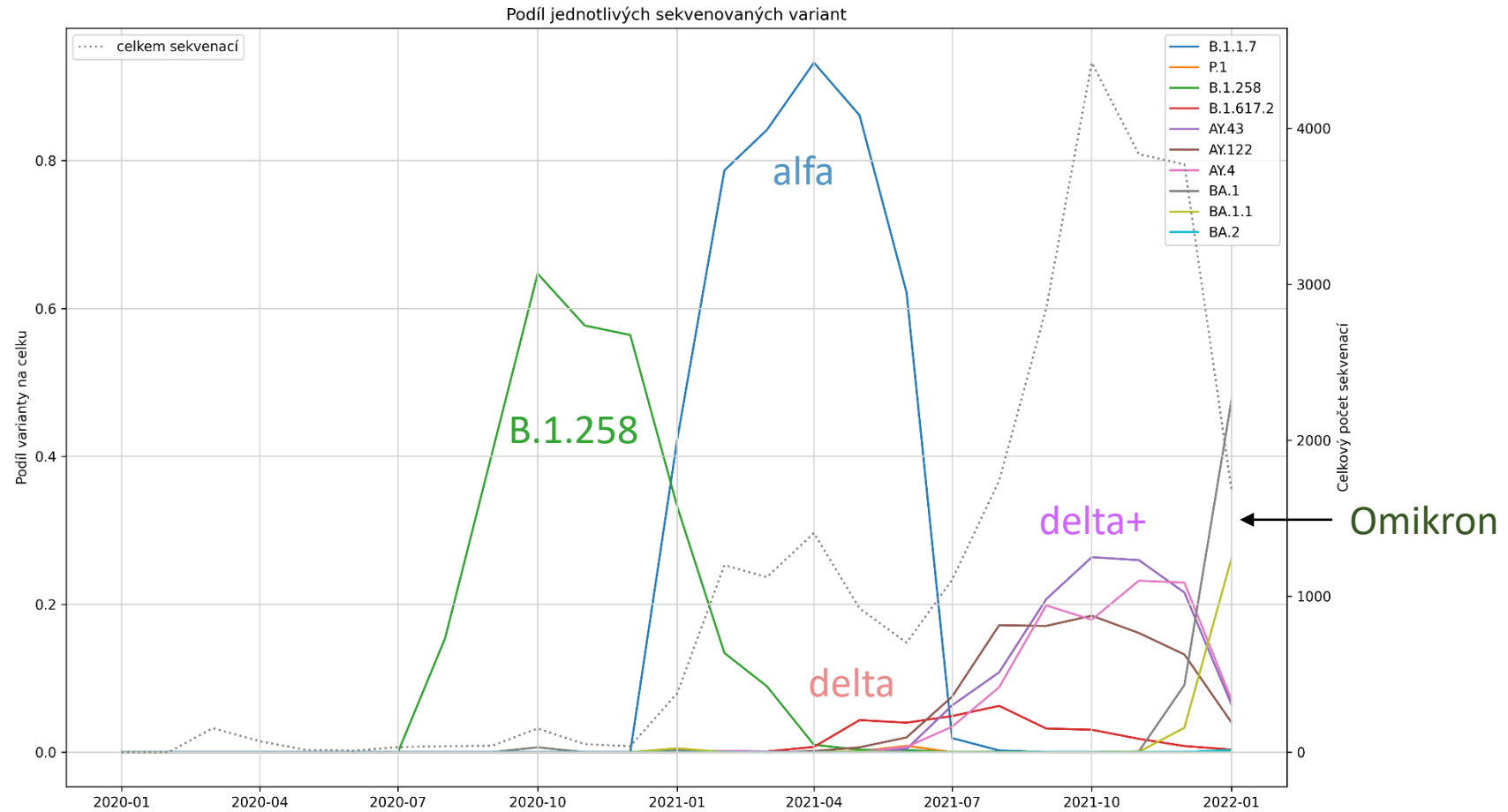
# Podíl BA.2 v jednotlivých zemích



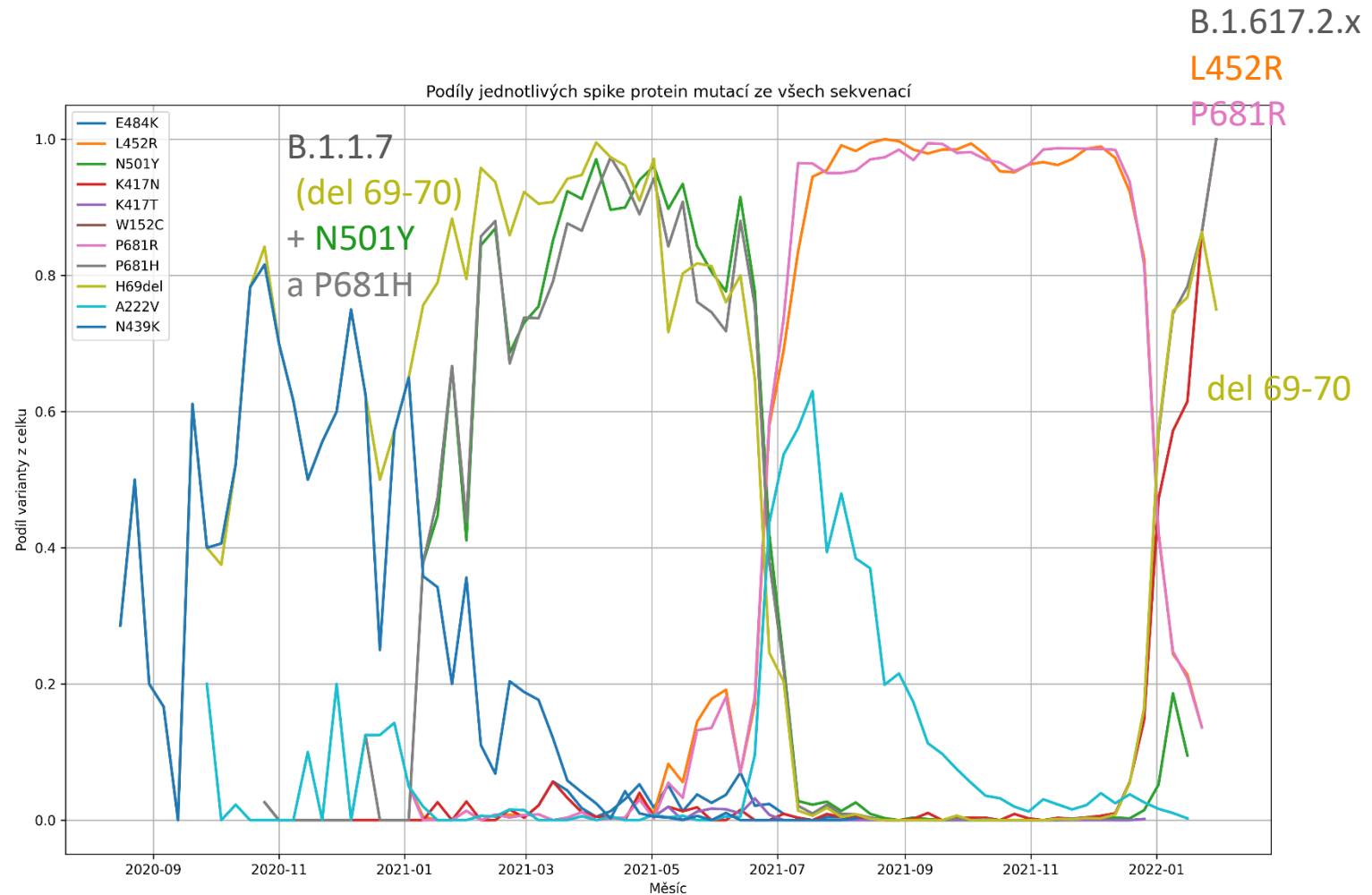
Obrázek ukazuje podíl varianty BA.2 a zároveň celkové množství sekvenovaných vzorků v časové řadě. Z grafu je vidět, že ve skandinávských zemích se BA.2 začíná šířit.

Zdroj: WHO

## Graf 8: Přehled významných sekvenovaných variant v ČR jako podíl z celku



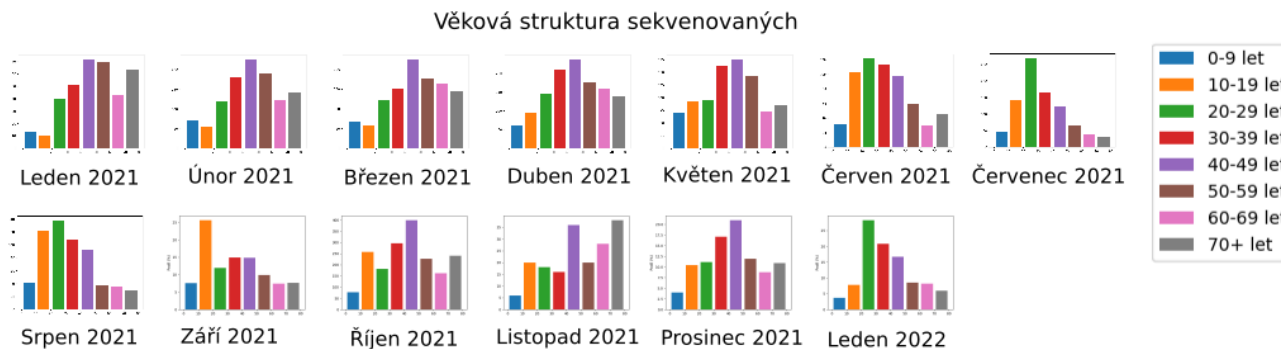
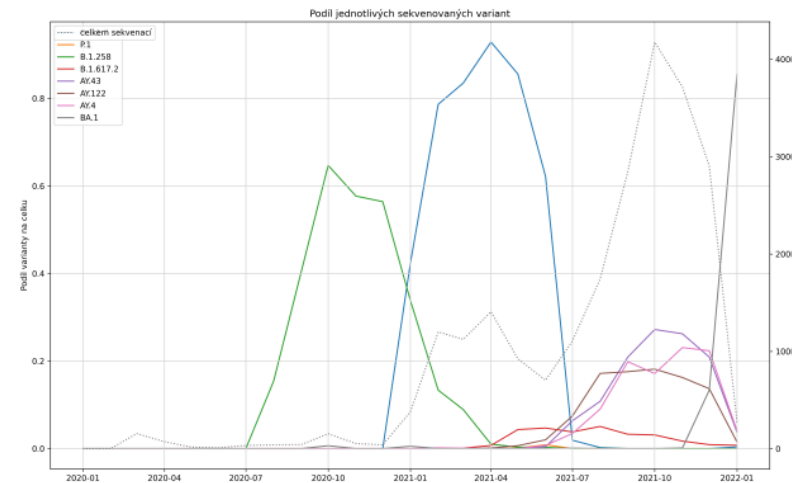
Graf č. 9:



# Věková struktura sekvenovaných v kontextu převažujících variant

Graf. č. 10: 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. S nástupem omikronu pozorujeme nárůst sekvenovaných ve věkové kategorii 20 – 29 let. 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.





- Epidemiologická situace se v současnosti výrazně zhoršuje v počtech nových případů, nově dochází k výraznému nárůstu počtu hospitalizovaných.
- Varianta omikron se přenáší s vyšší účinností a dle dat v ČR začala převažovat nad 50 % případů od 9. 1. 2022. Nyní její podíl přesahuje dle dat z minulého týdne 95 %. Data z laboratoří jsou průběžně doplňována a podíl varianty omikron se tak může zpětně změnit.

Kolektiv autorů:

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