



Podrobná zpráva ke dni 20. 6. 2022

SARS-Cov-2: mikrobiologická situace v ČR

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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.

Obsah:

Souhrn

Strana 2

Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR

Strana 3

Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat

Strana 4 – 7

Odkazy

Strana 8

Závěr

Strana 9

- V období od 5. 6. do 12. 6. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 241 hlášených testů diskriminační PCR ze 14 laboratoří.
- K 6. 6. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 42 802 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 366 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 6. květnem a 6. červnem.

V období od 12. 6. do 19. 6. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 264 hlášených testů diskriminační PCR ze 16 laboratoří.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací (plovoucí datový interval za posledních 8 dní z ÚZIS):

Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
A570D+	3	264	0,00 %	alfa, delta + A570D
E484K+	0	41	3,23 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a delta specifické mutace	155	271	57,20 %	delta, delta+, BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu (např. BA.1.19)
L452R-	116	271	42,80 %	Omikron (BA.1/BA.2)

Pozorujeme výrazný posun oproti předchozímu týdnu v zastoupení L452R, z 8,27 % na 53,2 %: Tento posun lze přičíst nárůstu BA.4/BA.5, který ale zatím není potvrzený celogenomovou sekvenací vzhledem ke zpoždění těchto dat. To by znamenalo razantní nárůst v zastoupení BA.4/BA.5 oproti ostatním variantám. Opíráme-li se o data z Evropy a o chudá sekvenční data, je pravděpodobnější, že za tímto nárůstem je spíše šíření BA.5 než BA.4.

Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

K 20. 6. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 43 430 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 494 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 20. květnem a 20. červnem.

Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 1.

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 20. 5. 2022 – 20. 6. 2022

Varianta	celkem	podíl	Dle WHO
BA.2	90	48,39 %	omikron
BA.2.9	73	39,25 %	omikron
BA.4	5	2,69 %	omikron
BA.5	5	2,69 %	omikron
BA.2.3	3	1,61 %	omikron
BA.2.12.1	3	1,61 %	omikron
BA.1.1	1	0,54 %	omikron
BA.2.14	1	0,54 %	omikron
BA.2.23	1	0,54 %	omikron
BA.2.12	1	0,54 %	omikron
BA.2.18	1	0,54 %	omikron
Nezařazeno	2	1,08 %	
Celkem	186	100 %	

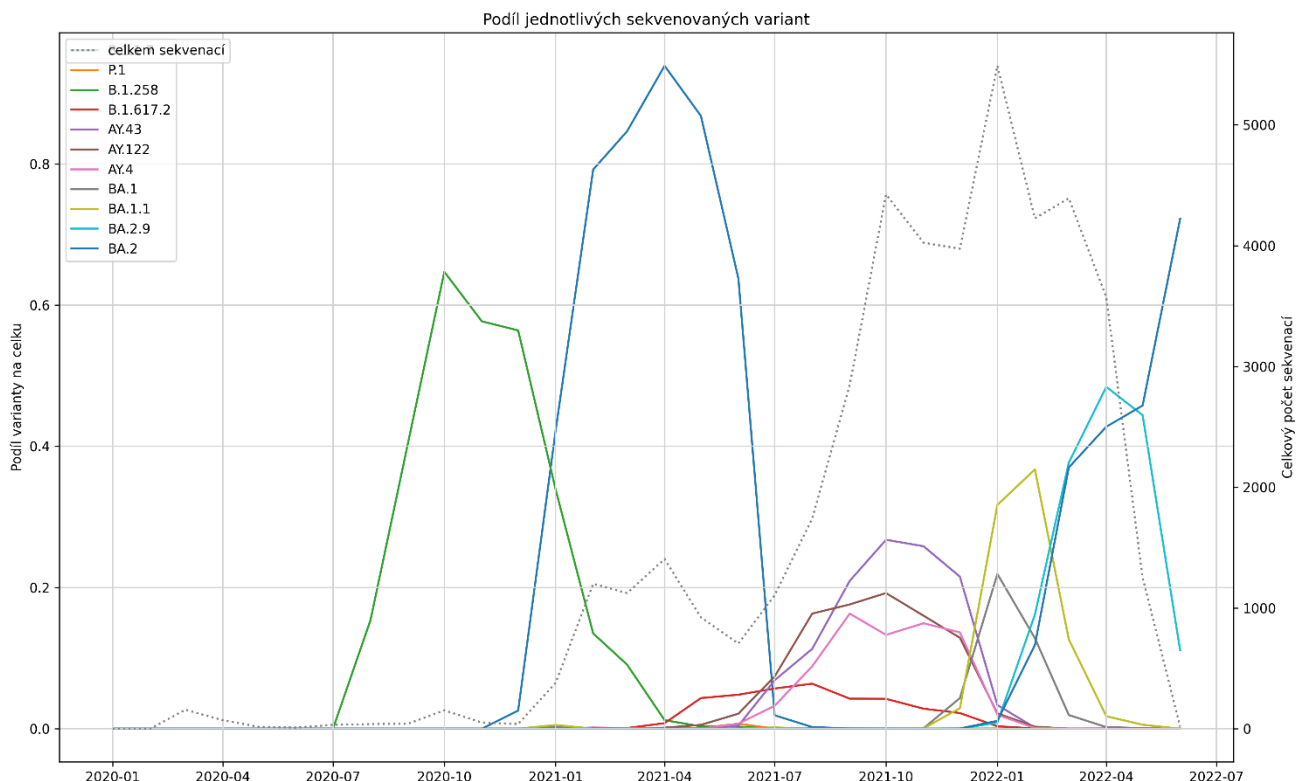
Dle dat ze sekvenací zcela převažuje varianta omikron.

BA.5 za celé období sledování: 16

BA.4 za celé období sledování: 7

BA.2.12.1 za celé období sledování: 9

Graf 1: Přehled významných sekvenovaných variant v ČR jako podíl z celku

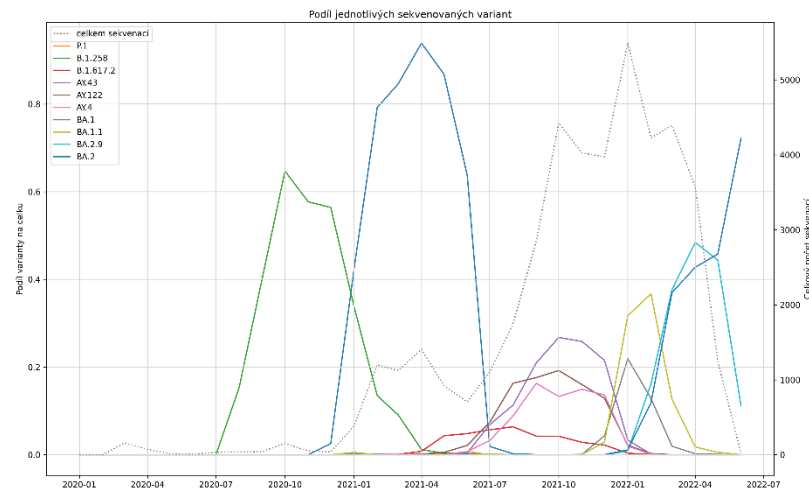


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení varianty BA.2.9. Přerušovaná čára zobrazuje celkový počet sekvenací v ČR.

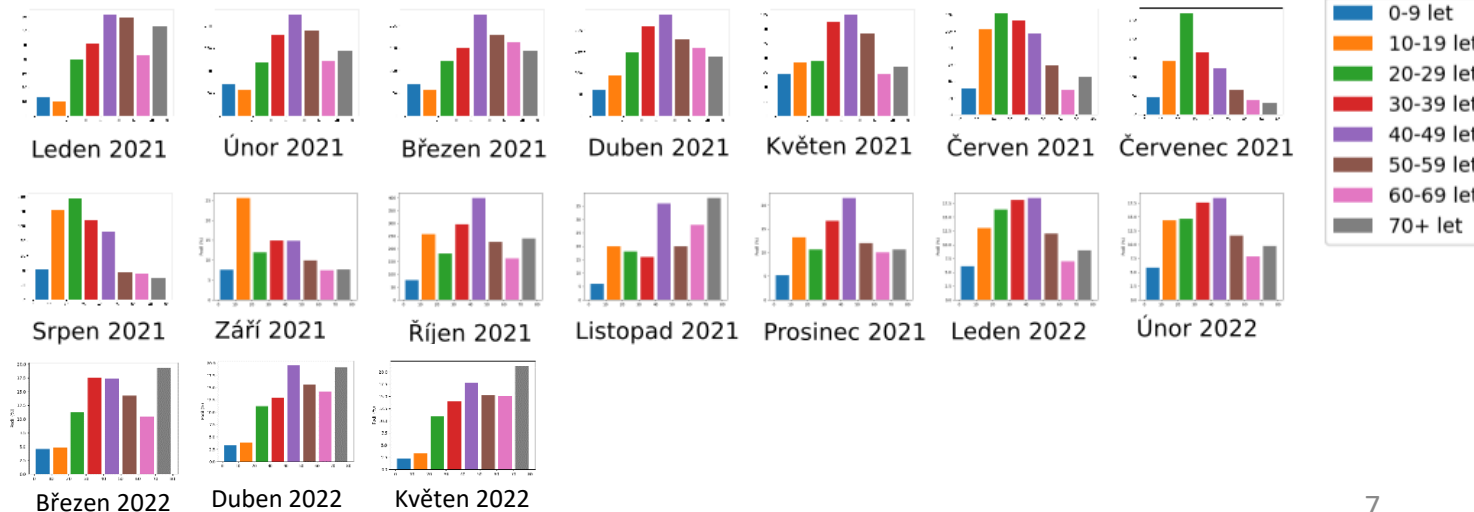
Graf 2: Věková struktura ve vztahu k sekvenovaným vzorkům

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, 30 – 39 let a 40 – 49 let.

V březnu i dubnu pak dochází k nárůstu v kategorii 70+ let. Tento jev neodpovídá věkové distribuci v případě sledování positivity PCR testů, ale je podle definice vzorků určených k sekvenaci a tedy algoritmu ÚZIS použitého k vyhodnocení.



Věková struktura sekvenovaných



- 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://vse.cz/antigenni-covid-testy)

- Seznam testů SÚKL

<https://www.sukl.cz/prehled-testu-k-diagnosticsce-onemocneni-covid-19>

Další zdroje:

- [Tracking SARS-CoV-2 Variants](#)

- [COVID-19 new variants: Knowledge gaps and research](#)

- [Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health](#)

- [Considerations for implementing and adjusting public health and social measures in the context of COVID-19](#)

- [VIEW-hub: repository for the most relevant and recent vaccine data](#)

- [WHO Statement on Omicron sublineage BA.2](#)

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance stále probíhá a je stále potřeba zasílat pozitivní vzorky do sekvenačních center.
- Pozorujeme výrazný posun oproti předchozímu týdnu v zastoupení L452R, z 8,27 % na 53,2 %: Tento posun lze přičíst nárůstu BA.4/BA.5, který ale zatím není potvrzený celogenomovou sekvenací vzhledem ke zpoždění těchto dat. To by znamenalo razantní nárůst v zastoupení BA.4/BA.5 oproti ostatním variantám. Opíráme-li se o data z Evropy a o chudá sekvenační data, je pravděpodobnější, že za tímto nárůstem je spíše šíření BA.5 než BA.4. V souvislosti s šířením této varianty lze očekávat i nárůst pozitivních detekcí pozitivních případů.
- Varianty BA.4 a BA.5 lze detekovat diskriminační PCR, v současné situaci lze konstatovat, že pozitivní záchyt L452R znamená detekci těchto variant.
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO.

Kolektiv autorů:

RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Moskalyk, Timotej Šuri, M.Sc.