



Podrobná zpráva ke dni 27. 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 – 6

Odkazy

Strana 7

Závěr

Strana 8

- V období od 19. 6. do 26. 6. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 483 hlášených testů diskriminační PCR ze 14 laboratoří.
- K 27. 6. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 43 820 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 27. květnem a 27. 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.

V období od 19. 6. do 26. 6. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 483 hlášených testů diskriminační PCR ze 16 laboratoří.

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

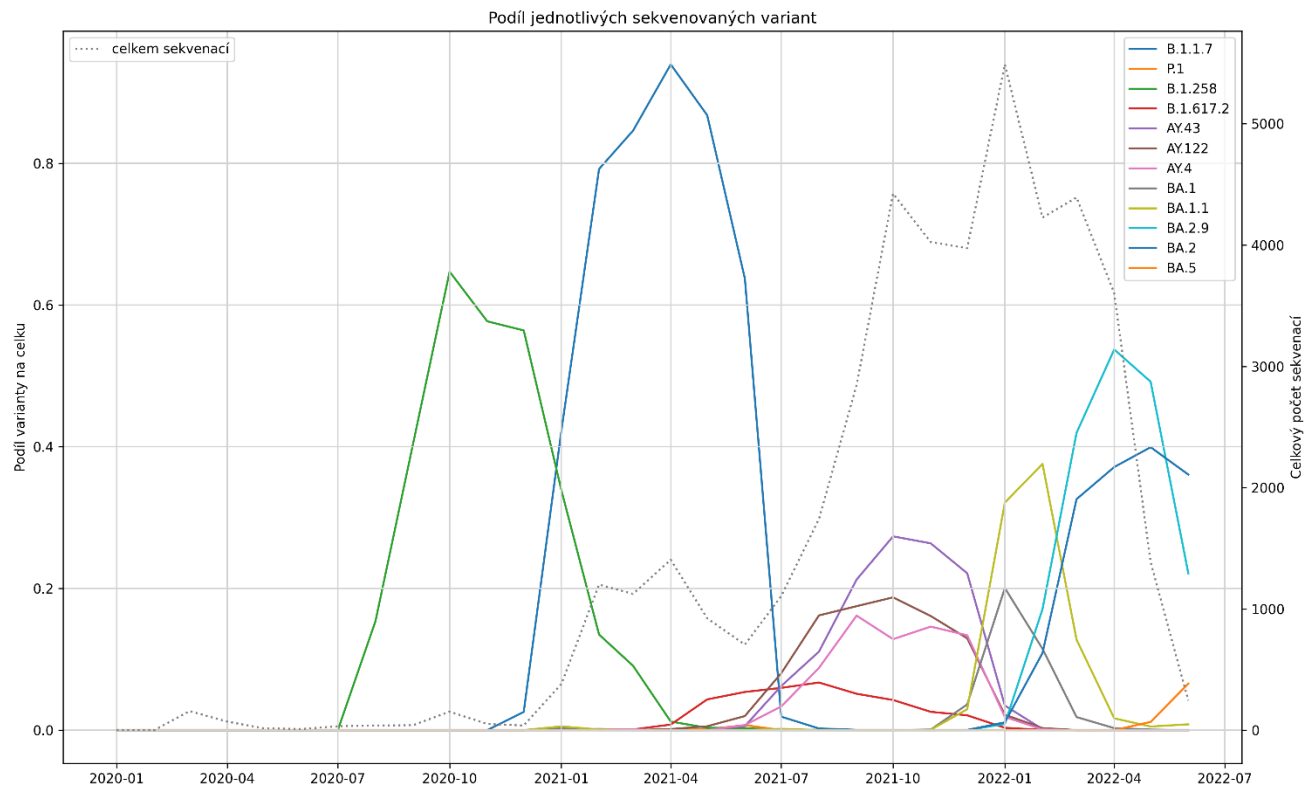
Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
A570D+	3	358	0,00 %	alfa, delta + A570D
E484K+	0	47	0,00 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a delta specifické mutace	282	378	74,60 %	delta, delta+, BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu (např. BA.1.19)
L452R-	96	378	25,40 %	Omikron (BA.1/BA.2)

Pozorujeme výrazný posun oproti předchozímu týdnu v zastoupení L452R, z 8,27 % na 53,2 % a dále na 74,6 %: Tento posun lze přičíst nárůstu BA.4/BA.5, který ale zatím není validně potvrzený celogenomovou sekvenací vzhledem ke zpoždění těchto dat. Preliminární data ze sekvenačních center v ČR ukazují, že nárůst lze pravděpodobně přičíst variantě BA.5, ale protože je zpoždění sekvenací cca 14 dní, teprve následující týdny ukáží, jaký je případně podíl varianty BA.4.

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 27. 5. 2022 – 27. 6. 2022

Varianta	celkem	podíl	Dle WHO
BA.2	123	37,50 %	omikron
BA.2.9	83	25,30 %	omikron
BA.4	28	8,54 %	omikron
BA.5.1	26	7,93 %	omikron
BA.5	22	6,71 %	omikron
BA.2.12.1	17	5,18 %	omikron
BA.2.18	8	2,44 %	omikron
BA.2.1	3	0,91 %	omikron
BA.1.1	2	0,61 %	omikron
BA.2.3	2	0,61 %	omikron
BA.2.3.2	2	0,61 %	omikron
BA.2.10	2	0,61 %	omikron
BA.2.12	1	0,30 %	omikron
BA.2.40.1	1	0,30 %	omikron
BA.1.18	1	0,30 %	omikron
BA.2.22	1	0,30 %	omikron
BA.2.12.1 (pozn: BA.2.12 + Spike_L452Q => BA.2.12.1)	1	0,30 %	omikron
Nezařazeno	5	1,52 %	Nezařazeno
Celkem	328	100	Celkem

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

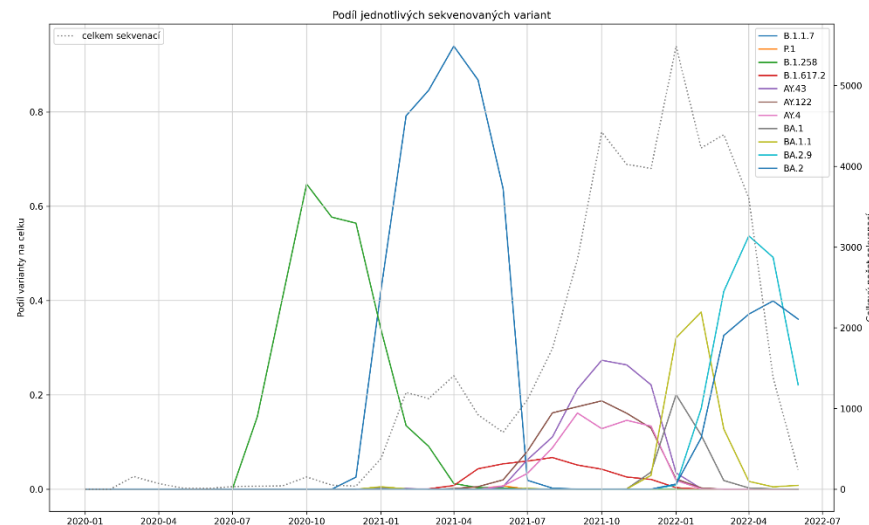


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení varianty BA.2.9. Oranžová pak vzestup BA.5. Přerušovaná čára zobrazuje celkový počet sekvenací v ČR.

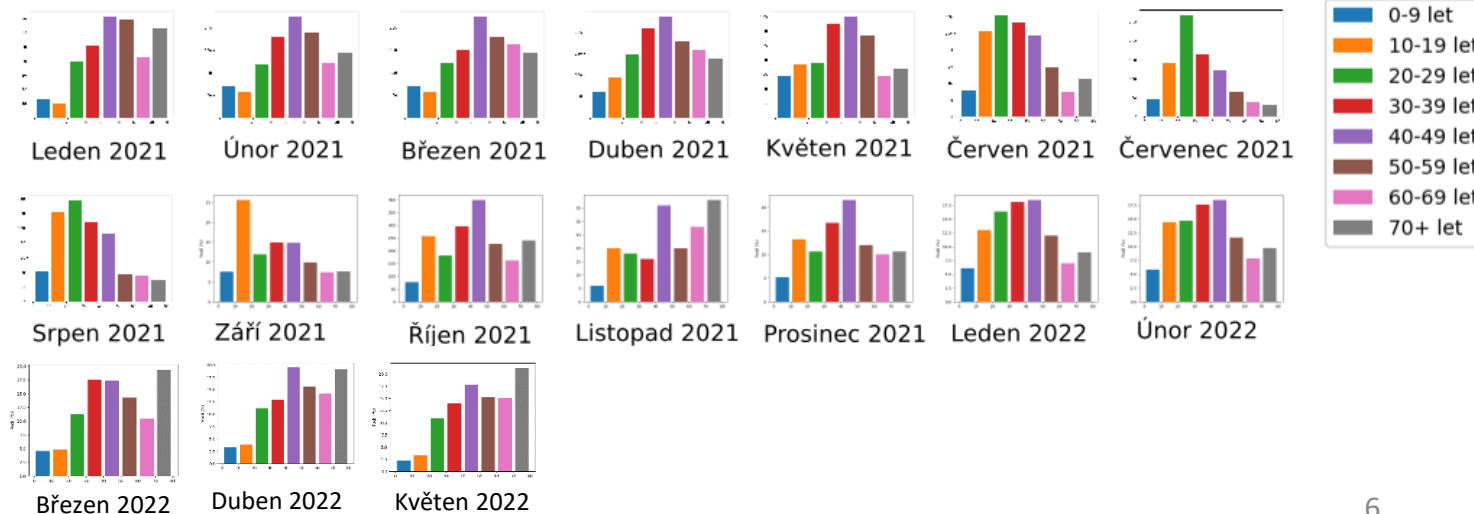
Graf 2: Věková struktura ve vztahu k sekvenovaným vzorkům

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 \(vse.cz\)](#)

- 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 % a dále na 74,6 %: Tento posun lze přičíst nárůstu BA.4/BA.5, který ale zatím není validně potvrzený celogenomovou sekvenací vzhledem ke zpoždění těchto dat. Preliminární data ze sekvenačních center v ČR ukazují, že nárůst lze pravděpodobně přičíst variantě BA.5, ale protože je zpoždění sekvenací cca 14 dní, k potvrzení dojde teprve v následujících týdnech.
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO.

Kolektiv autorů:

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