



Podrobná zpráva ke dni 25. 7. 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 17. 7. do 24. 7. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 2175 hlášených testů diskriminační PCR ze 15 laboratoří.
- K 25. 7. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 45 274 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 254 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 25. červnem a 25. červencem. 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 17. 7. do 24. 7. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 2175 hlášených testů diskriminační PCR ze 15 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+	1	1523	0,06 %	alfa, delta + A570D
E484K+	0	83	0,00 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a delta specifické mutace	1738	1782	97,53 %	delta, delta+, BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu (např. BA.1.19)
L452R-	44	1782	2,47 %	Omikron (BA.1/BA.2)

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 25. 6. 2022 – 25. 7. 2022

Varianta	Počet	Podíl
BA.5.1	90	35,43%
BA.5.2.1	25	9,84%
BE.1.1	24	9,45%
BA.5.2	22	8,66%
BF.5	11	4,33%
BA.5.1.3	7	2,76%
BA.2	6	2,36%
BA.2.9	6	2,36%
BA.4	6	2,36%
BA.4.1	6	2,36%
BA.5	6	2,36%
BA.5.2.3	6	2,36%
BA.2.18	5	1,97%
BA.2.12.1	4	1,57%
BA.5.3.1	4	1,57%
BF.1	4	1,57%
BA.4.6	3	1,18%
BA.5.1.4	3	1,18%
BA.2.12	2	0,79%
BA.2.56	2	0,79%
BA.5.1.2	2	0,79%
BE.1	2	0,79%
AY.4.2	1	0,39%
BA.2.76	1	0,39%
BA.2.77	1	0,39%
BA.5.1.1	1	0,39%
BA.5.2.2	1	0,39%
BA.5.5	1	0,39%
BE.3	1	0,39%
BF.2	1	0,39%
Celkem	254	100,00%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

Relativní růstová výhoda jednotlivých variant

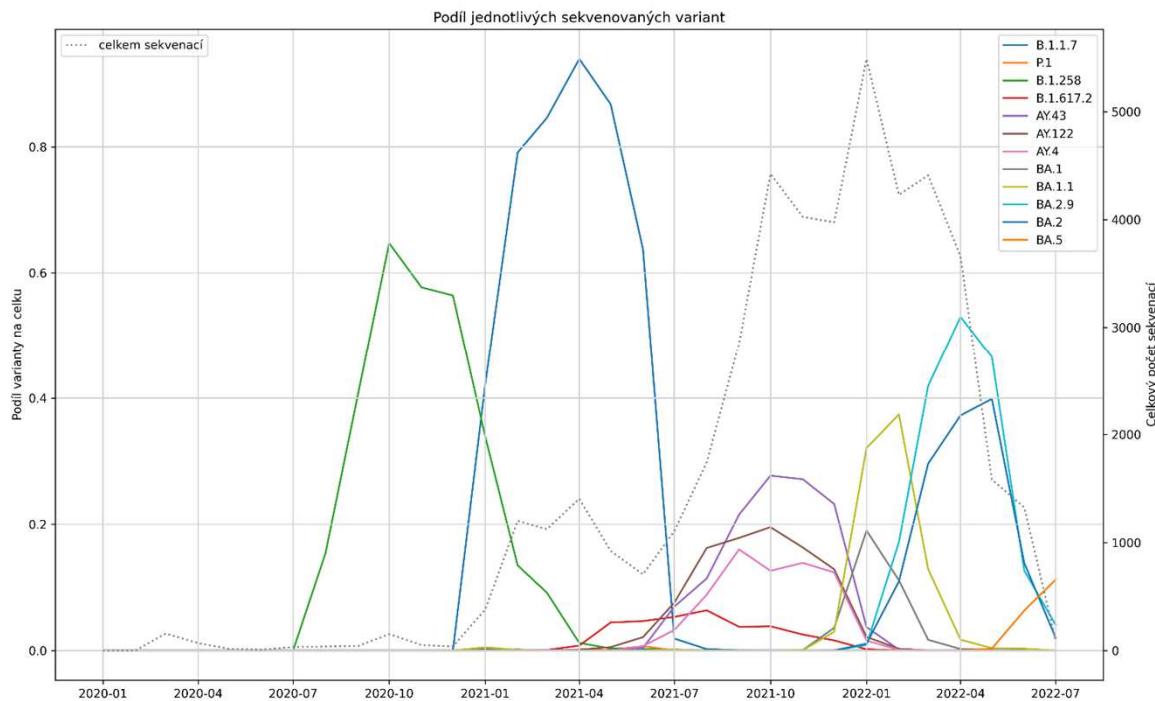


Name	Query	Number sequences	Relative growth advantage	CI (low)	CI (high)	Description
<u>Alpha</u>	B.1.1.7*	41	-0.23%	-4.78%	4.32%	Previously circulating VOC
<u>Beta</u>	B.1.351*	10	-9.79%	-20.82%	1.25%	Previously circulating VOC
<u>Gamma</u>	P.1*	0	Can't be calculated	Previously circulating VOC
<u>Delta</u>	B.1.617.2*	5305	-27.79%	-28.57%	-27.02%	Previously circulating VOC
<u>Epsilon</u>	B.1.427* B.1.429*	1	25.59%	-24.52%	75.70%	Previously circulating VOI
<u>Zeta</u>	P.2*	1	-47.61%	-122.13%	26.90%	Previously circulating VOI
<u>Eta</u>	B.1.525*	1	-9.54%	-44.21%	25.13%	Previously circulating VOI
<u>Theta</u>	P.3*	1	-18.86%	-64.03%	26.30%	Previously circulating VOI
<u>Iota</u>	B.1.526*	0	Can't be calculated	Previously circulating VOI
<u>Kappa</u>	B.1.617.1*	15	-1.44%	-9.06%	6.17%	Previously circulating VOI
<u>Lambda</u>	C.37*	3	2.10%	-14.53%	18.73%	Previously circulating VOI
<u>Mu</u>	B.1.621*	2	-45.71%	-97.60%	6.18%	Previously circulating VOI
<u>Omicron</u>	B.1.1.529*	3251758	-9.46%	-9.55%	-9.37%	Currently circulating VOC
<u>BA.4</u>	nextcladePangoLineage:BA.4*	62936	38.22%	37.91%	38.52%	VOC-LUM
<u>BA.5</u>	nextcladePangoLineage:BA.5*	241810	84.19%	83.74%	84.63%	VOC-LUM
<u>BA.2.12.1</u>	nextcladePangoLineage:BA.2.12.1*	236908	21.93%	21.83%	22.02%	VOC-LUM
<u>BA.2.9.1</u>	nextcladePangoLineage:BA.2.9.1*	881	7.93%	6.92%	8.94%	VOC-LUM
<u>BA.2.11</u>	nextcladePangoLineage:BA.2.11*	956	8.60%	7.62%	9.58%	VOC-LUM
<u>BA.2.13</u>	nextcladePangoLineage:BA.2.13*	4580	17.80%	17.24%	18.37%	VOC-LUM
<u>BA.2.75</u>	nextcladePangoLineage:BA.2.75*	530	69.60%	62.63%	76.56%	VOC-LUM

Přestože se v některých zemích jihovýchodní Asie dramaticky šíří varianta BA.2.75 případně další subvarianty BA.2.7x. Dostupná data z GISAID a výpočtu relativní proměnné tzv. růstové výhody (growth advantage) naznačují, že varianta BA.5 nemusí být nutně nahrazena BA.2.75. V současné době je sekvencí v GISAID vzhledem k vysokému podílu pozitivních případů velmi nízký, a proto je nutno tato data považovat pouze za předběžná. V ČR evidujeme záchyt tří vzorků BA.2.77 (Brno, Praha), klinický dopad této varianty je zatím nejasný.

Zdroj: <https://cov-spectrum.org/collections/2>

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

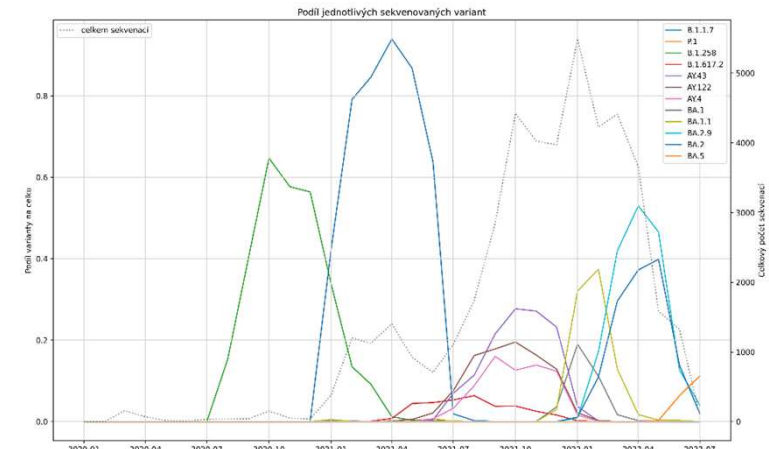


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení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

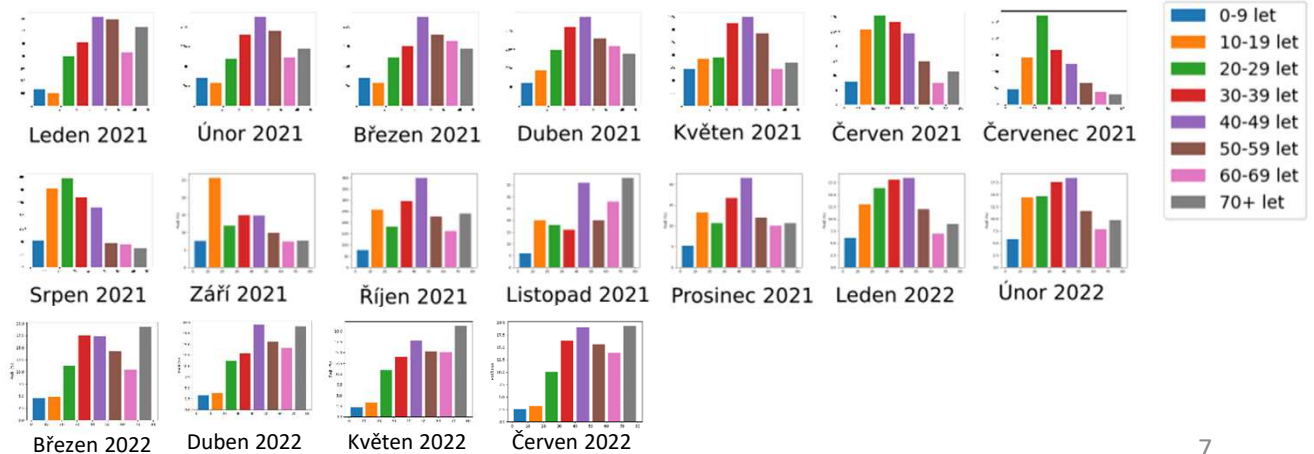
Graf 2: Věková struktura ve vztahu k sekvenovaným vzorkům

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.



vekova struktura sekvenovanych



- 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-diagnostics-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.
- Dle sekvenačních dat momentálně převažují podtypy varianty omikron - BA.5 - z toho nejčetnější je podtyp BA.5.1, který má zastoupení 35,43%.
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO.

Kolektiv autorů:

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