



Podrobná zpráva ke dni 1. 8. 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 – 8

Odkazy

Strana 9

Závěr

Strana 10

- V období od 25. 7. do 1. 8. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 2175 hlášených testů diskriminační PCR z 18 laboratoří.
- K 1. 8. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 45 621 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 338 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 1. červencem a 1. srpnem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období byly detekovány pouze subvarianty omikronu. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 1.

- V období od 25. 7. do 1. 8. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 2159 hlášených testů diskriminační PCR z 18 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+	8	1523	0,53 %	alfa, delta + A570D
E484K+	1	83	1,20 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a delta specifické mutace	1732	1767	98,02 %	delta, delta+, BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu (např. BA.1.19)
L452R-	35	1767	1,98 %	Omikron (BA.1/BA.2)

Tabulka 2a a 2b: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 1. 7. 2022 – 1. 8. 2022

a)

Varianta	Počet	Podíl
BA.5.1	119	35,21%
BA.5.2.1	48	14,20%
BA.5.2	46	13,61%
BE.1.1	33	9,76%
BF.5	10	2,96%
BA.5	9	2,66%
BA.2.9	7	2,07%
BA.5.1.3	7	2,07%
BA.5.3.1	7	2,07%
BE.1	7	2,07%
BA.4.1	6	1,78%
BA.2.12.1	5	1,48%
BA.5.2.3	5	1,48%
BA.2	4	1,18%
BA.4	4	1,18%
BA.4.6	4	1,18%
BA.5.1.4	4	1,18%
BA.5.2.2	3	0,89%
BA.5.1.2	2	0,59%
BF.1	2	0,59%
BA.2.12	1	0,30%
BA.2.18	1	0,30%
BA.2.76	1	0,30%
BA.5.1.1	1	0,30%
BA.5.5	1	0,30%
BA.5.6	1	0,30%
Celkem	338	100,00%

b)

Varianta	Podíl
BA.5.x	74,86%
BE.1.X	11,83%
BA.2.x	5,63%
BA.4.x	4,14%
BF.x	3,55%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

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

Varianta BA.2.75 se k 1. 8. 2022 vyskytuje na evropském kontinentě v 56 exemplářích. Nejvíce sekvencí pochází ze Spojeného království, Německa a Lucemburska. V ČR dle databáze GISAID prozatím nebyla potvrzena. Z dostupných údajů získaných z analýzy dat z celogenomové sekvenace se zatím BA.2.75 v konkurenci s variantami BA.5.x neuplatňuje, což ukazují data ze zemí, kde dominuje BA.5. Stejně tak i data z vyhodnocení relativní růstové výhody, tedy relativního faktoru, který přímo odráží míru transmisibility, dávají teoretický podklad domněnce, že v konkurenci s BA.5 se varianta BA.2.75 zřejmě zásadně neuplatní.

Tabulka 3: Přehled WHO definovaných sledovaných variant a vyhodnocení relativní růstové výhody



WHO VOCs and VOIs

Maintained by Chaoran Chen

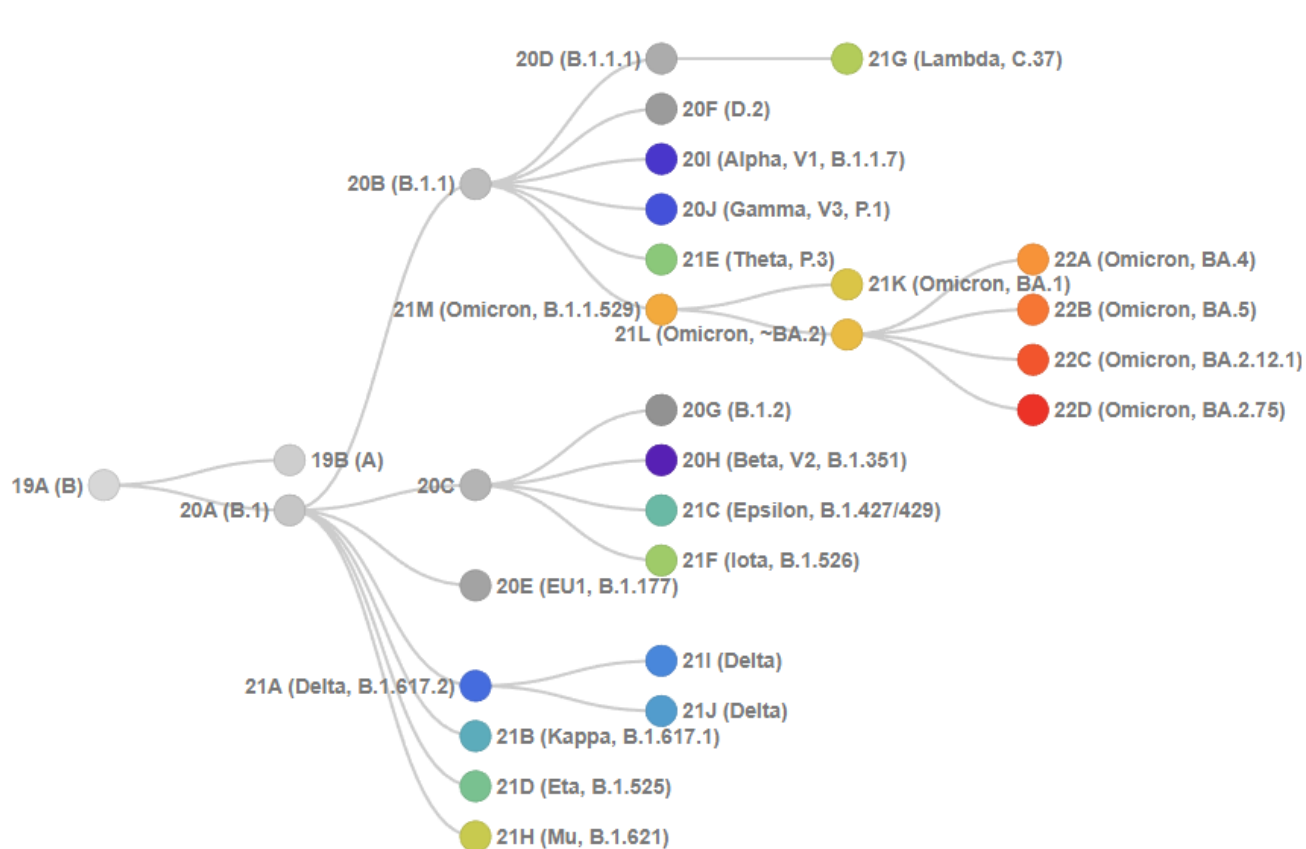
The variants of concern (VOC), variants of interest (VOI), and VOC lineages under monitoring (VOC-LUM) of the WHO; source: <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

Name	Query	Number sequences	Relative growth advantage	CI (low)	CI (high)	Description
Alpha	B.1.1.7*	39	-2.07%	-6.70%	2.56%	Previously circulating VOC
Beta	B.1.351*	9	-11.64%	-23.54%	0.26%	Previously circulating VOC
Gamma	P.1*	1	2.88%	-25.42%	31.17%	Previously circulating VOC
Delta	B.1.617.2*	3207	-22.30%	-23.17%	-21.44%	Previously circulating VOC
Epsilon	B.1.427* B.1.429*	1	20.01%	-22.34%	62.35%	Previously circulating VOI
Zeta	P.2*	1	-91.56%	-135.29%	-47.84%	Previously circulating VOI
Eta	B.1.525*	1	-13.55%	-51.31%	24.22%	Previously circulating VOI
Theta	P.3*	1	-26.79%	-81.51%	27.93%	Previously circulating VOI
Iota	B.1.526*	0	Can't be calculated	Previously circulating VOI
Kappa	B.1.617.1*	15	-4.33%	-12.04%	3.39%	Previously circulating VOI
Lambda	C.37*	3	6.57%	-10.29%	23.43%	Previously circulating VOI
Mu	B.1.621*	1	-39.40%	-108.17%	29.37%	Previously circulating VOI
Omicron	B.1.1.529*	3152599	-4.43%	-4.52%	-4.34%	Currently circulating VOC
BA.4	nextcladePangoLineage:BA.4*	77203	33.24%	33.00%	33.49%	VOC-LUM
BA.5	nextcladePangoLineage:BA.5*	325644	76.10%	75.75%	76.45%	VOC-LUM
BA.2.12.1	nextcladePangoLineage:BA.2.12.1*	248833	17.60%	17.52%	17.69%	VOC-LUM
BA.2.9.1	nextcladePangoLineage:BA.2.9.1*	884	5.05%	4.08%	6.02%	VOC-LUM
BA.2.11	nextcladePangoLineage:BA.2.11*	973	5.86%	4.94%	6.79%	VOC-LUM
BA.2.13	nextcladePangoLineage:BA.2.13*	4843	14.66%	14.16%	15.17%	VOC-LUM
BA.2.75	nextcladePangoLineage:BA.2.75*	866	55.35%	51.14%	59.56%	VOC-LUM

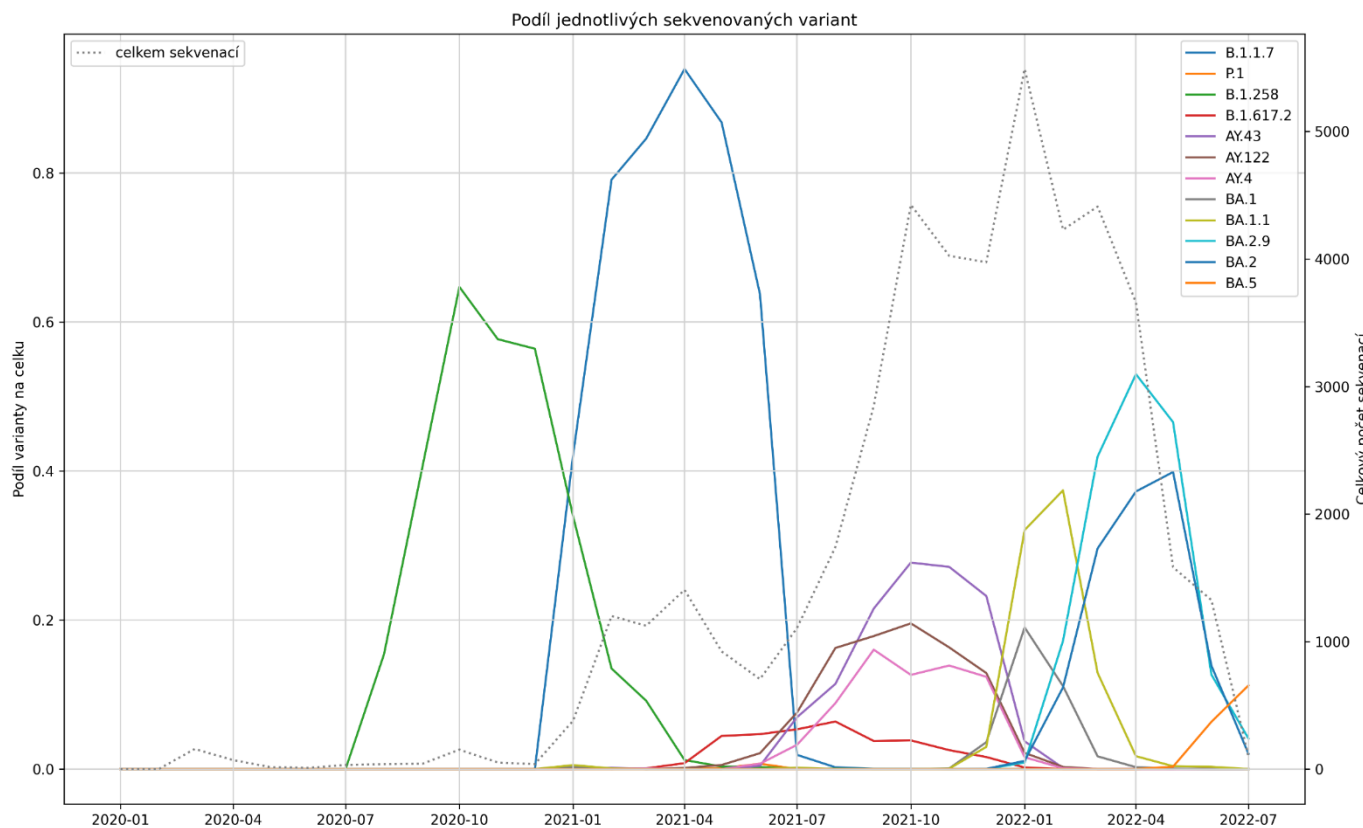
WHO nově monitorovaná rekombinantní varianta XAK

WHO zařadilo do seznamu sledovaných variant novou rekombinantní variantu XAK, tato varianta se vyznačuje sledovanými mutacemi ve spike na pozicích 147 (stejně jako BA.2.75), 460, 339 a již ověřenou delecí valinu na pozici 69: K147E, N460K, G339D, Δ 69. Varianta byla poprvé nalezena v Německu a je výsledkem rekombinace mezi BA.1 a BA.2 subvariantami omikronu, viz <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>.

Obr. 1: Fylogenetický strom znázorňující vývoj SARS-CoV-2



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

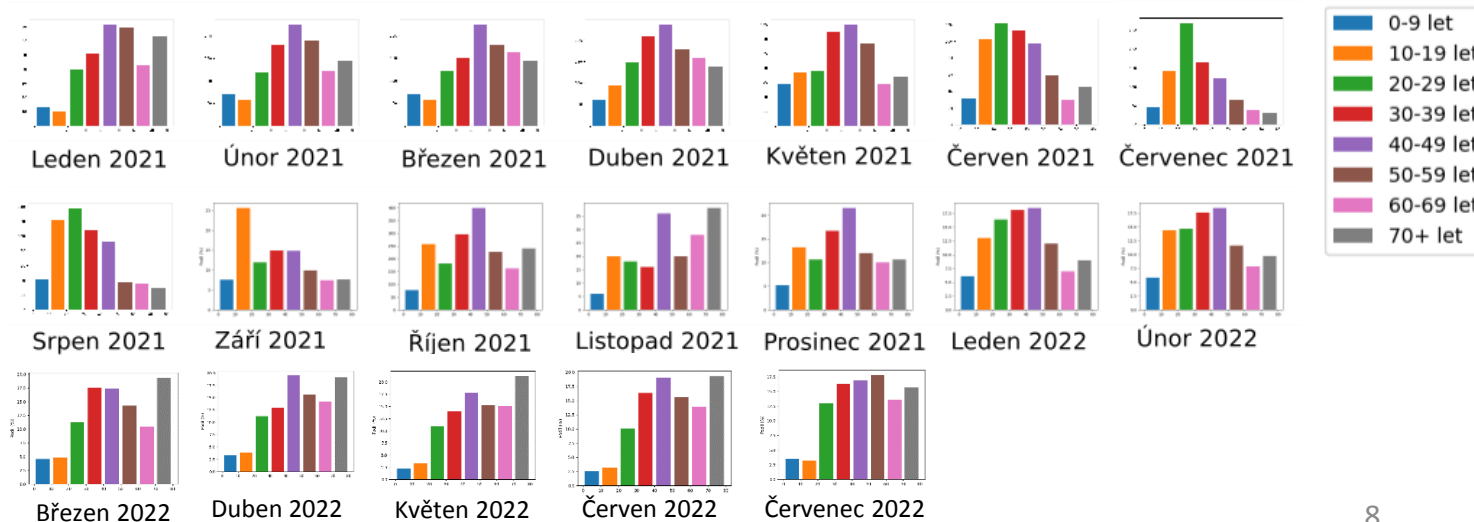
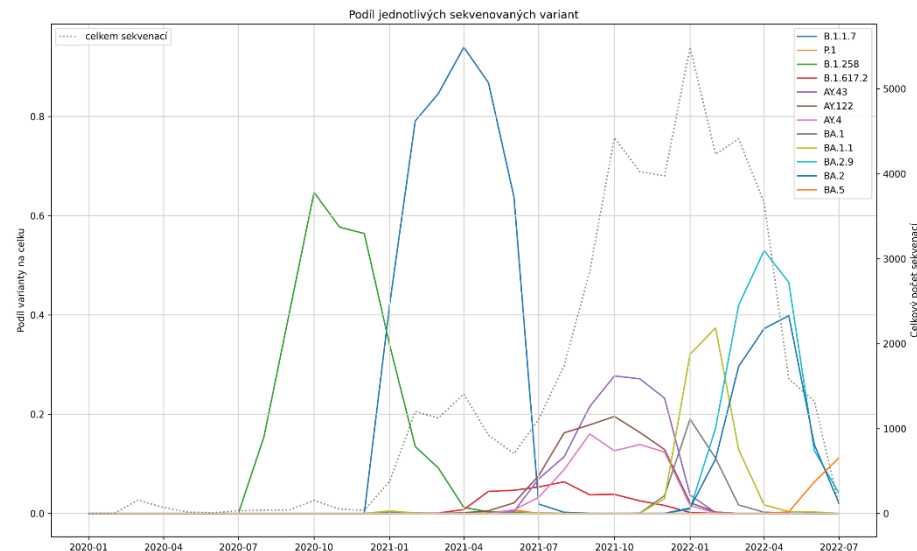


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení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



- 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.
- Dle sekvenačních dat momentálně převažují podtypy varianty omikron - BA.5, která tvoří 75 % záchytů v rámci celogenomové sekvenace, z toho nejčetnější je subvarianta BA.5.1, která má zastoupení 35,21 %. Další nejvíce zastoupenou variantou je BE.X, která je další variantou odvozenou od původního omikronu.
- Varianta BA.2.75 se v Evropě v konkurenci s dominující variantou BA.5 neuplatnila, naopak WHO vyhlásilo jako novou monitorovanou variantu rekombinantní variantu XAK, která je důsledkem rekombinace mezi BA.1 a BA.2 (BA.1 x BA.2)
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO – detekce RNA SARS-CoV-2.
- NRL připravuje pilotní sérii Serologie SARS-CoV-2, budou distribuovány 2 vzorky v říjnu-listopadu 2022. Budeme hodnotit IgA, IgG anti spike či jeho epitopy. Komplexní serologické EHK lze objednat do 9. 9. 2022 z Instandu (po jednotlivých testech): Virus Immunology - SARS-CoV-2 (Ab), odkaz <https://www.instand-ev.de/en/instand-eqas/eqa-program/offer/virus-immunology-sars-cov-2-ab/> .

Kolektiv autorů:

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