



Podrobná zpráva ke dni 15. 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 – 7

Odkazy

Strana 8

Závěr

Strana 9

- V období od 7. 8. do 15. 8. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 806 hlášených testů diskriminační PCR z 18 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačního PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- K 15. 8. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 47 219 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 648 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 15. červencem a 15. srpnem. 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 8. 8. do 15. 8. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 806 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+	0	1 139	0,00 %	alfa, delta + A570D
E484K+	0	262	0,00 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a další omikron specifické mutace	1 366	1 397	97,78 %	Omikron (BA.4/BA.5)
L452R- a další omikron specifické mutace	27	1 672	2,22 %	Omikron (BA.1/BA.2)

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 15. 7. 2022 – 15. 8. 2022

Varianta	Počet	Podíl
BA.5.1	198	30,56%
BA.5.2	108	16,67%
BA.5.2.1	92	14,20%
BE.1.1	73	11,27%
BA.2	28	4,32%
BA.5	27	4,17%
BE.1	20	3,09%
BF.5	20	3,09%
BA.4.1	12	1,85%
BA.5.3.1	9	1,39%
BA.2.9	7	1,08%
BA.4	7	1,08%
BA.5.1.3	5	0,77%
BA.5.2.3	5	0,77%
BF.1	5	0,77%
BA.2.12.1	4	0,62%
BA.5.1.2	4	0,62%
BA.2.18	3	0,46%
BA.4.6	3	0,46%
BA.5.5	3	0,46%
BA.5.6	3	0,46%
BA.4.1.4	2	0,31%
BA.5.3	2	0,31%
BA.4.2	1	0,15%
BA.5.1.1	1	0,15%
BA.5.1.4	1	0,15%
BA.5.3.2	1	0,15%
BA.5.3.3	1	0,15%
BF.3	1	0,15%
Celkový součet	646	

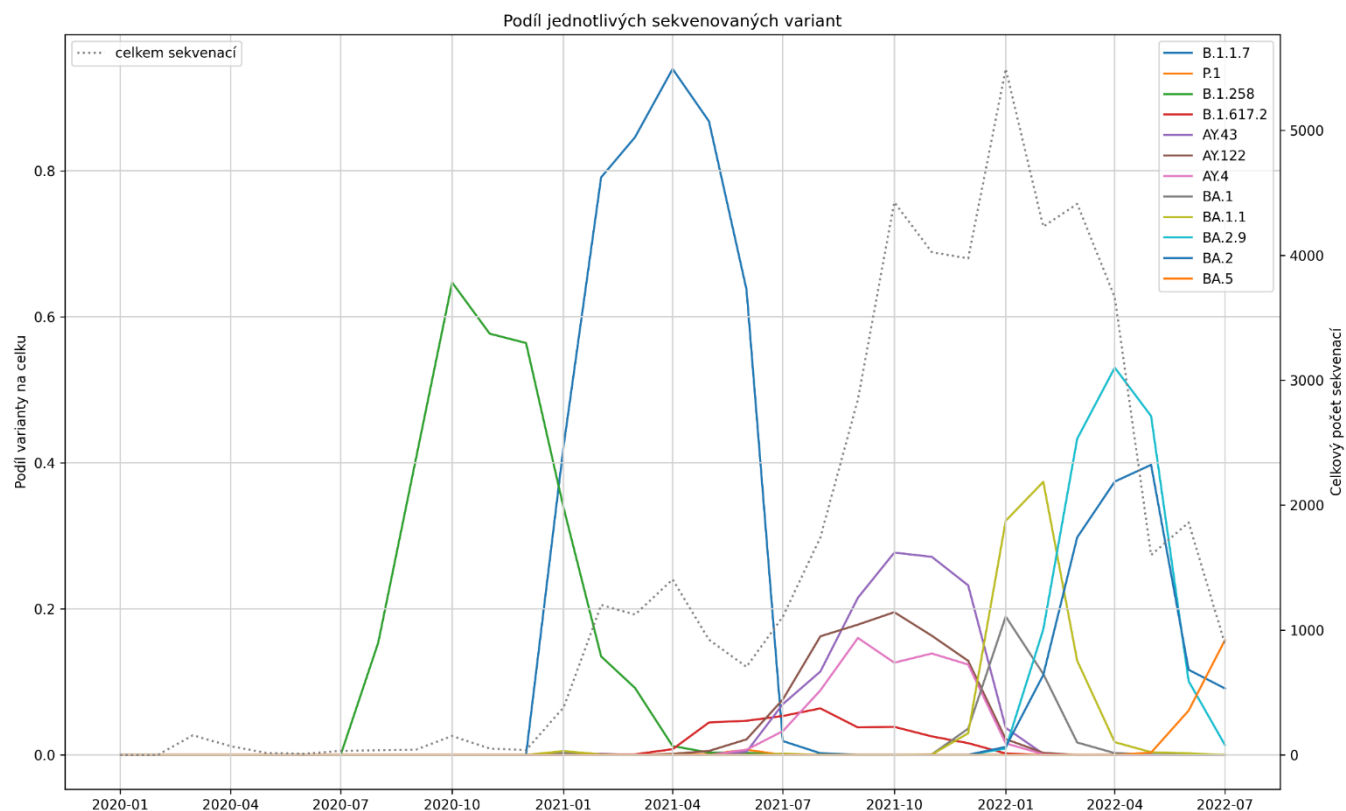
Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenovaných variant v ČR za 15. 7. 2022 – 15. 8. 2022

Souhrnná varianta	Počet	Podíl
BA.5.X	460	71,21%
BE.X	136	21,05%
BA.2.X	42	6,50%
BA.4.X	17	2,63%
BF.X	21	3,25%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

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

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

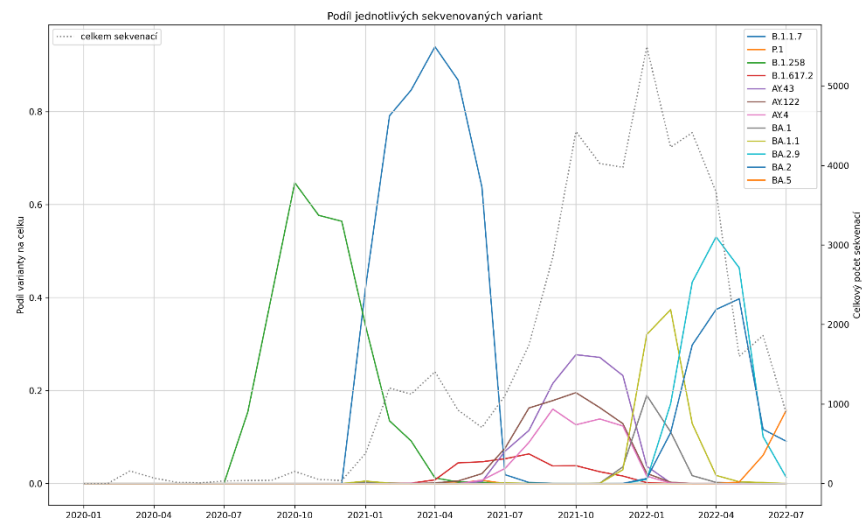


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení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

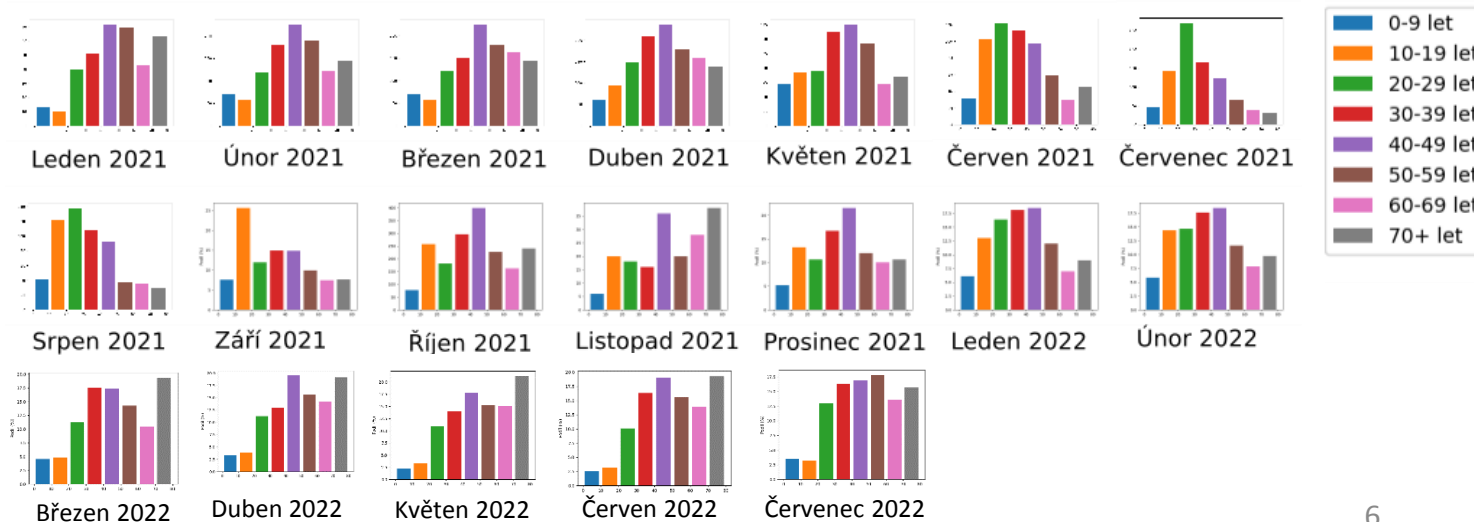
Graf 2: Věková struktura ve vztahu k sekvenovaným vzorkům

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



Jednotlivé varianty jsou nyní ECDC klasifikovány takto:

VOC: BA.2

sledované mutace: G142D, N211I, Δ212, V213G, G339D, S371F, S373P, S375F, T376A, D405N, R408S, K417N, N440K, S477N, T478K, E484A, Q493R, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H, N969K

BA.4 sledované mutace: L452R, F486V, R493Q

BA.5 sledované mutace: L452R, F486V, R493Q

VOI BA.2+ L452.X (x - jakákoli substituce)

BA.2.75 sledované mutace: (W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, Q493 (reversion))

VUM XAK (rekombinantní varianta BA.1 x BA.2) sledované mutace: K147E, N460K, G339D, Δ69

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

- 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)

- 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 (více než 71 % sekvencí), stále pozorujeme stoupající tendenci u subvarianty BE (více než 21 % sekvencí). Subvarianty omikronu BA.2.x, BA.4,x a BF.X se zatím v ČR neuplatňují. V Německu stoupá záchyt rekombinantní varianty BA.1 x BA.2 XAK, kterou jsme již v některých vzorcích detekovali v minulém sledovaném období, ale v současnosti nevidujeme záchyt této rekombinantní varianty. V některých diskriminačních PCR je možno na ni usuzovat na základě přítomnosti delece na pozici 69 ve spike proteinu. Tato rekombinantní varianta je nově zařazena mezi monitorované varianty.
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO, distribuce bude probíhat od 17. 8. 2022 do 24. 8. 2022, pokud si nejste jisti, jak nahlásit výsledky, veškeré údaje pro přihlášení jsou podrobně popsány v příbalové informaci. Je distribuováno 6 vzorků.

Kolektiv autorů:

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