



Podrobná zpráva ke dni 5. 9. 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:

Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 2
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat	Strana 3 - 5
Odkazy	Strana 6
Závěr	Strana 7

- V období od 28. 8. do 4. 9. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 608 hlášených testů diskriminační PCR z 16 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.

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

Varianta	Celkem	Podíl
BA.4/5	1166	72.5%
omikron	98	6.09%
neurčeno/nevyšetřeno	344	21.4%

- K 4. 9. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 48 756 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 715 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 4. srpnem a 4. září. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron, varianta BA.5.x. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant od 1. 2. 2022 zobrazuje graf 1.

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

Varianta	Počet	Podíl
BA.2	38	5.31%
BA.4	3	0.42%
BA.4.1	3	0.42%
BA.4.6	3	0.42%
BA.4.7	1	0.14%
BA.5	116	16.2%
BA.5.1	135	18.9%
BA.5.1.1	2	0.28%
BA.5.1.2	6	0.84%
BA.5.1.3	2	0.28%
BA.5.2	115	16.1%
BA.5.2.1	198	27.7%
BA.5.2.2	4	0.56%
BA.5.2.3	5	0.70%
BA.5.3	2	0.28%
BA.5.3.1	3	0.42%
BA.5.5	3	0.42%
BA.5.6	3	0.42%
BE.1	13	1.82%
BE.1.1	39	5.45%
BF.5	21	2.94%

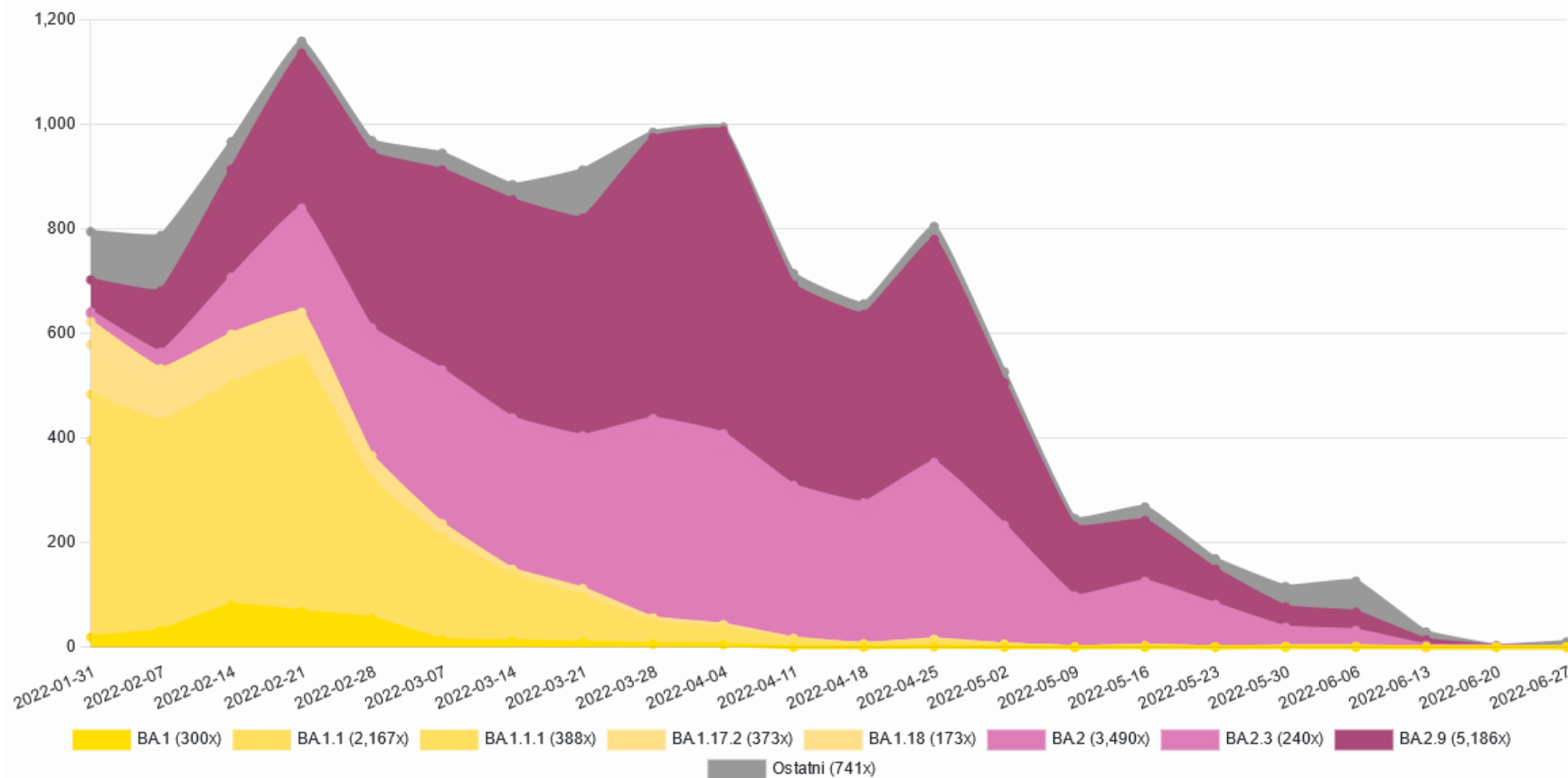
Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenací za sledované období

Varianta	Počet	Podíl
BA.2.x	38	5.31%
BA.4.x	10	1.40%
BE.1x	52	7.27%
BF.x	21	2.94%
BA.5.x	594	83.1%

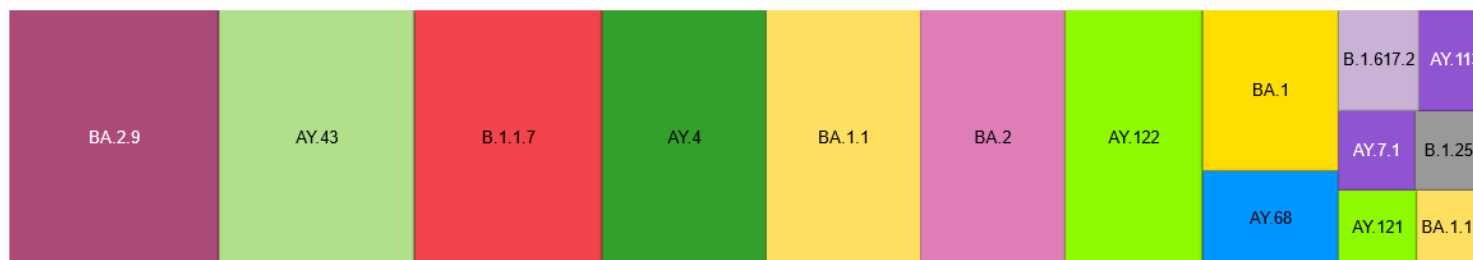
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.
Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 2. 2022 do 5. 9. 2022

Linie SARS-CoV-2 detekované v Česku (1. 2. 2022 - 5. 9. 2022)



Linie SARS-CoV-2 detekované v Česku (celé období)

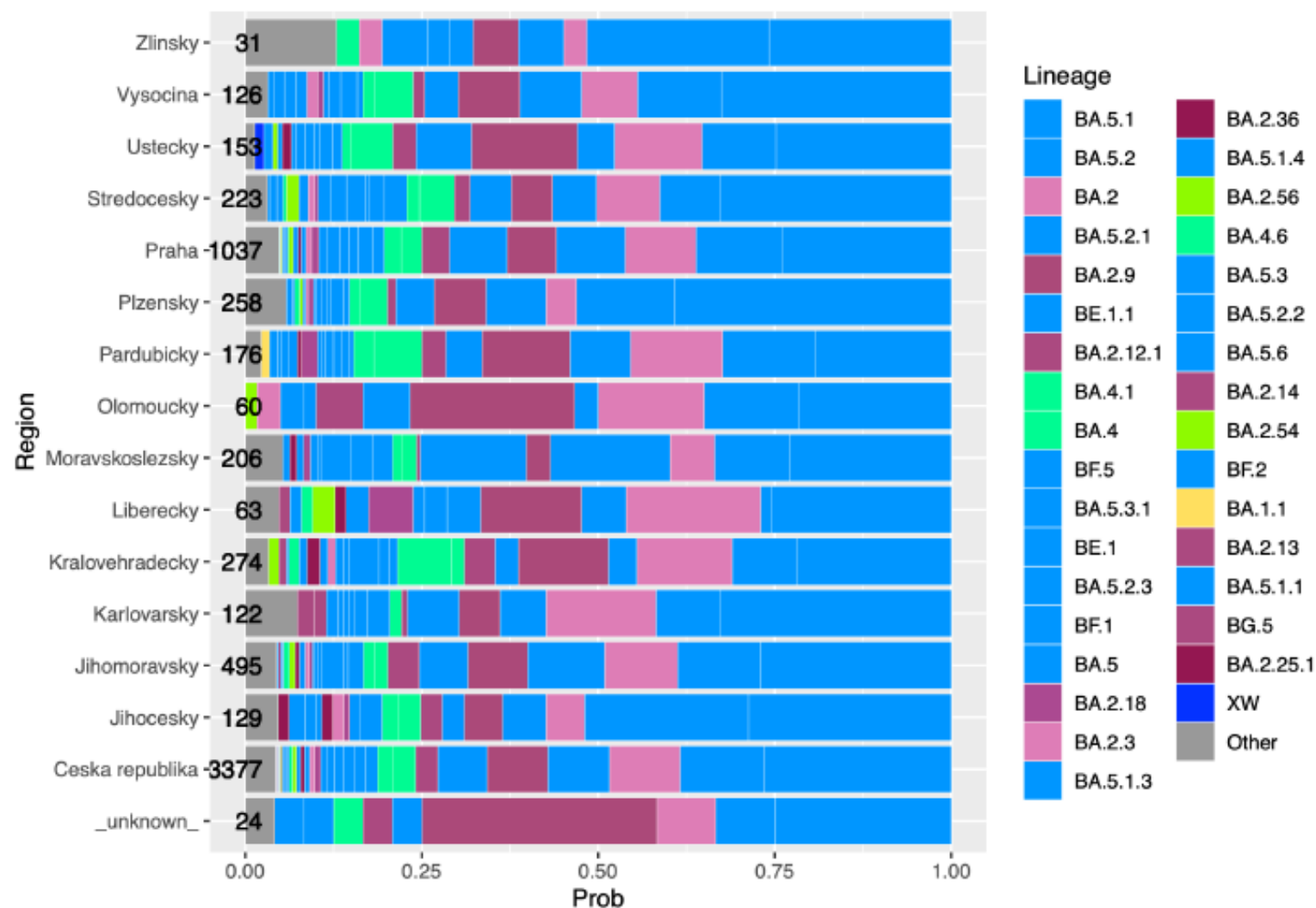


Graf 2: Přehled sekvenovaných variant od 28. 6. 2022 do 5. 9. 2022 po krajích

Graf 2 uvádí frekvenci výskytu variant SARS-CoV-2 ve vzorcích odebraných v průběhu dvanácti týdnů před 12.08.2022 ve členění podle krajů.

Pro tuto analýzu bylo z celkového datasetu vybráno 3 377 vzorků, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu a místu odběru.

V grafu jsou vyneseny jen varianty přítomné v alespoň jednom kraji nejméně ve dvou izolátech a zároveň ve více než 1 % analyzovaných vzorků. Počet vzorků z daného kraje je uveden na svislé ose vlevo.



- 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-diagnostice-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.
- Sekvenační data vykazují shodu se světovými daty, dominuje varianta BA.5x (BA.5 like), kam spadají i varianty BE a BF. like. Dle sekvenačních dat momentálně převažují podtypy varianty omikron - BA.5 (více než 80 % sekvencí), dále subvarianta BE (více než 7 % sekvencí). Subvarianty omikronu BA.2.x je zastoupena 5 procenty. V zastoupení variant nepozorujeme dynamiku, situace je de facto podobná jako v minulém týdnu.

Kolektiv autorů:

Timotej Šuri, M.Sc., MUDr. Radomíra Limberková