



# Podrobná zpráva ke dni 19. 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 - 4

Odkazy

Strana 5

Závěr

Strana 6

- V období od 11. 9. do 18. 9. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 971 hlášených testů diskriminační PCR z 16 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1. Neurčené varianty jsou u těch vzorků, kde nebylo provedeno vyšetření mutací, jen byly zaslány výsledky do ISIN.

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

Varianta	Celkem	Podíl
BA.4/5	1431	72.6%
BA.2	101	5.1%
omikron	297	15.1%
neurčeno/nevyšetřeno	142	7.2%

- K 18. 9. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 49 921 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 542 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 18. srpnem a 18. 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	7	1.3%
BA.2.12.1	1	0.2%
BA.2.9.3	1	0.2%
BA.4.1	3	0.6%
BA.4.6	1	0.2%
BA.5	87	16.1%
BA.5.1	79	14.6%
BA.5.1.1	1	0.2%
BA.5.1.10	8	1.5%
BA.5.1.3	2	0.4%
BA.5.1.4	4	0.7%
BA.5.1.5	2	0.4%
BA.5.10	1	0.2%
BA.5.2	117	21.6%
BA.5.2.1	141	26.0%
BA.5.2.2	4	0.7%
BA.5.2.3	5	0.9%
BA.5.3	2	0.4%
BA.5.3.1	1	0.2%
BA.5.9	1	0.2%
BE.1	10	1.8%

**Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenací za sledované období**

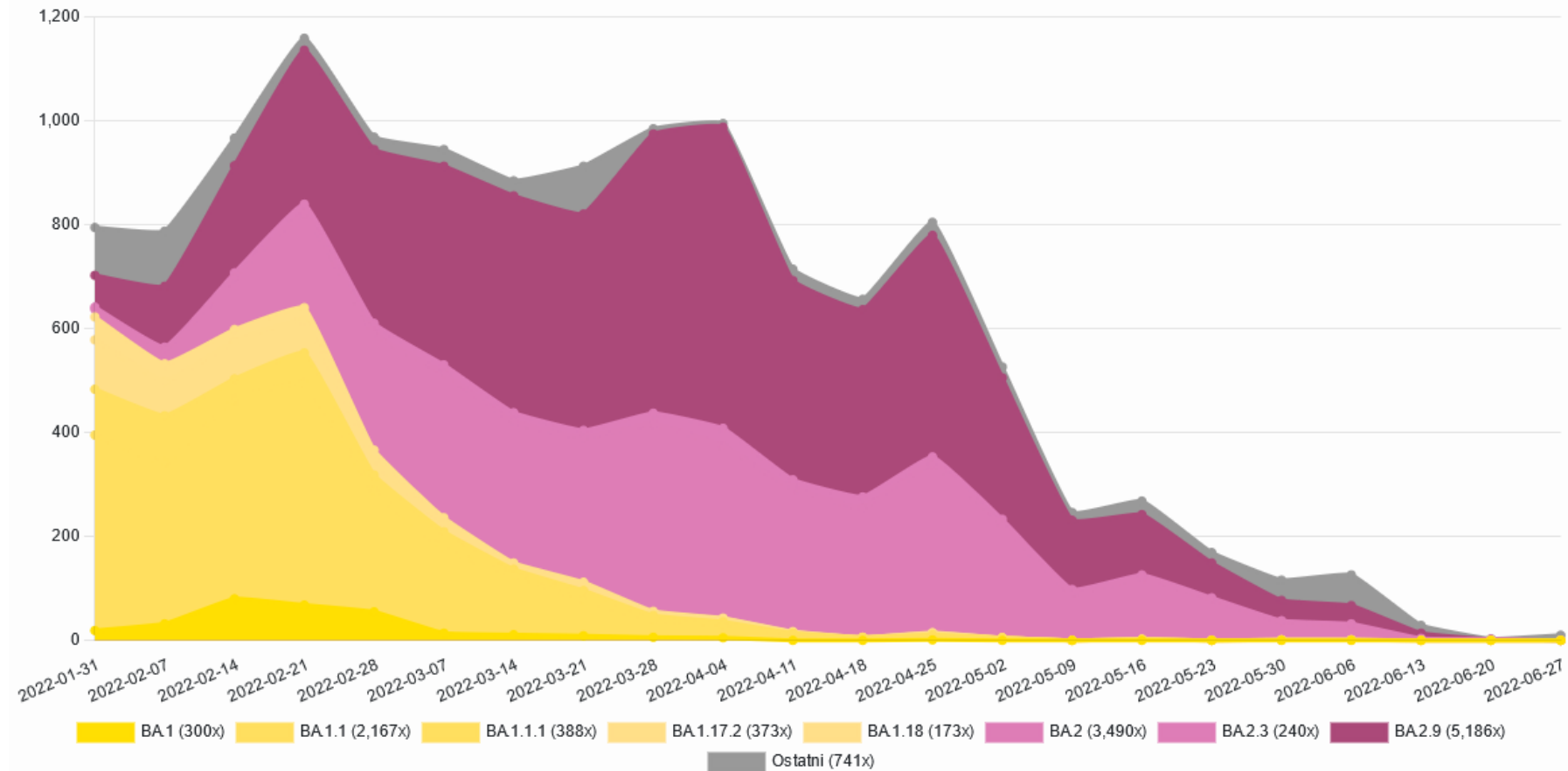
Varianta	Počet	Podíl
BA.2.x	9	1.7%
BA.4.x	4	0.7%
BE.1x	39	7.2%
BF.x	35	6.5%
BA.5.x	455	83.9%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

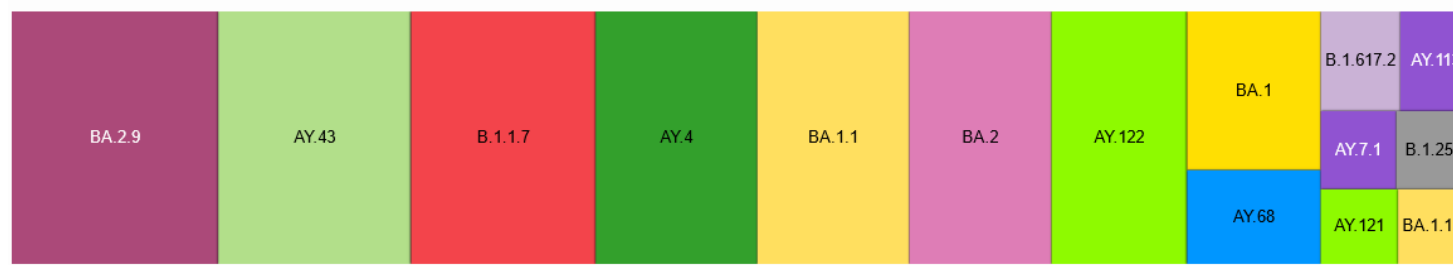
Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 2. 2022 do 18. 9. 2022

Linie SARS-CoV-2 detekované v Česku (1. 2. 2022 - 18. 9. 2022)



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



<https://virus.img.cas.cz>

- 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 1,7 %. V zastoupení variant nepozorujeme dynamiku, situace je de facto podobná jako v minulém týdnu.
- Přestože struktura spike stále umožňuje adaptační evoluci, není zřejmé, jak bude vypadat další vývoj viru.