



# Podrobná zpráva ke dni 26. 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 - 6

Závěr

Strana 7

- V období od 18. 9. do 25. 9. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 983 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               | 1406   | 70.9% |
| BA.2                 | 129    | 6.5%  |
| omikron              | 294    | 14.8% |
| neurčeno/nevyšetřeno | 154    | 7.8%  |

- K 25. 9. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 50 649 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 635 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 25. srpnem a 25. zářím. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron, varianta BA.5.x. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Tabulka 3 souhrnný přehled sekvenací za sledované období. 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      | 6     | 0.9%  |
| BA.2.75.2 | 1     | 0.2%  |
| BA.4      | 1     | 0.2%  |
| BA.4.1    | 2     | 0.3%  |
| BA.4.6    | 1     | 0.2%  |
| BA.4.7    | 1     | 0.2%  |
| BA.5      | 49    | 7.5%  |
| BA.5.1    | 108   | 16.6% |
| BA.5.1.10 | 14    | 2.1%  |
| BA.5.1.2  | 1     | 0.2%  |
| BA.5.1.3  | 5     | 0.8%  |
| BA.5.1.4  | 4     | 0.6%  |
| BA.5.1.5  | 4     | 0.6%  |
| BA.5.10   | 1     | 0.2%  |
| BA.5.2    | 178   | 27.3% |
| BA.5.2.1  | 123   | 18.9% |
| BA.5.2.2  | 2     | 0.3%  |
| BA.5.2.3  | 7     | 1.1%  |
| BA.5.2.4  | 1     | 0.2%  |
| BA.5.3.1  | 4     | 0.6%  |
| BA.5.5    | 3     | 0.5%  |
| BA.5.6    | 2     | 0.3%  |
| BA.5.8    | 1     | 0.2%  |
| BA.5.9    | 5     | 0.8%  |
| BE.1      | 15    | 2.3%  |
| BE.1.1    | 37    | 5.7%  |
| BF.1      | 5     | 0.8%  |
| BF.10     | 1     | 0.2%  |
| BF.14     | 13    | 2.0%  |
| BF.2      | 1     | 0.2%  |
| BF.3      | 1     | 0.2%  |
| BF.5      | 26    | 4.0%  |
| BF.7      | 28    | 4.3%  |
| BF.8      | 1     | 0.2%  |

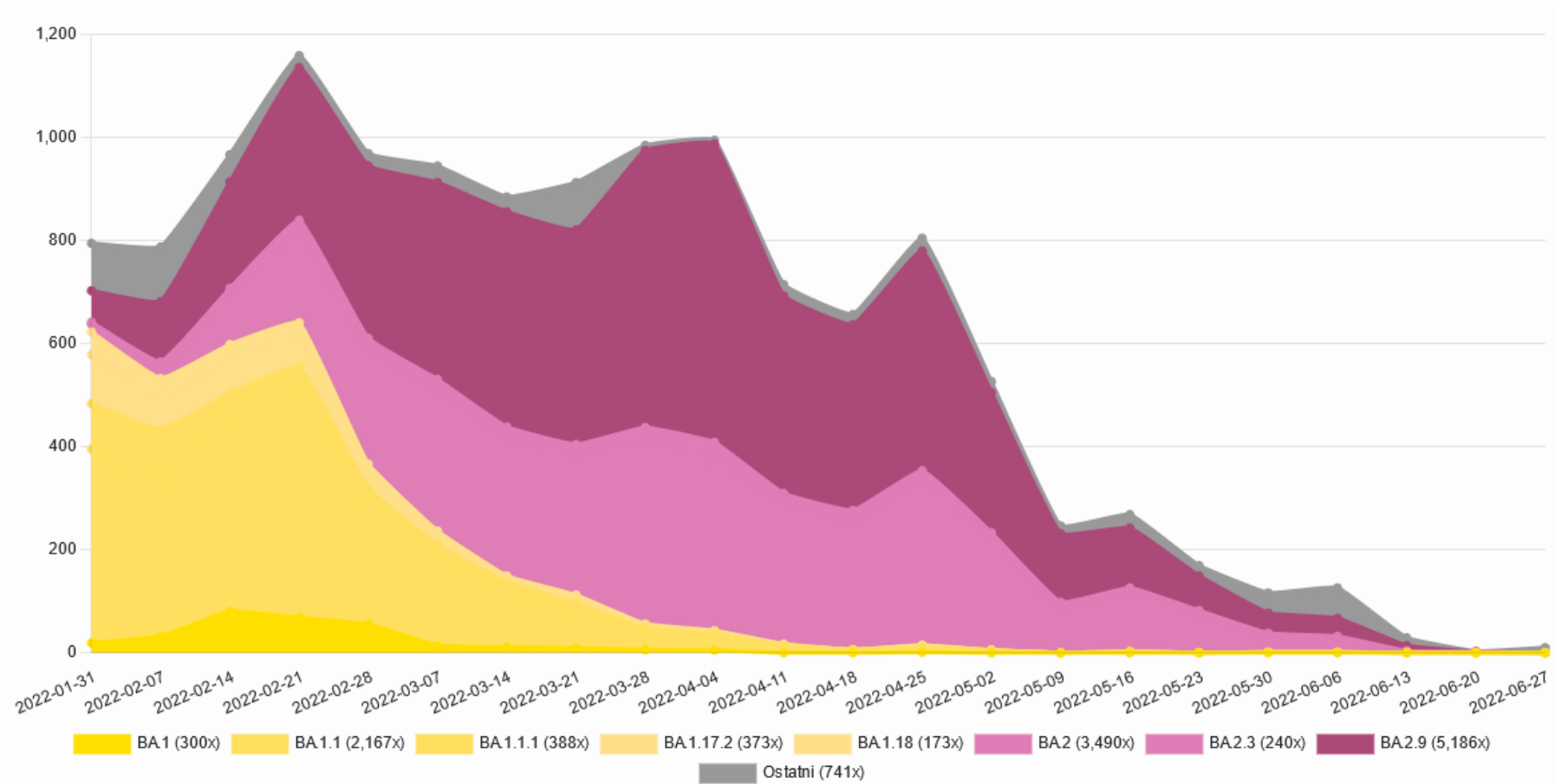
**Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenací za sledované období**

| Varianta      | Počet      | Podíl        |
|---------------|------------|--------------|
| <b>BA.2.x</b> | <b>7</b>   | <b>1.1%</b>  |
| <b>BA.4.x</b> | <b>5</b>   | <b>0.8%</b>  |
| <b>BE.1x</b>  | <b>52</b>  | <b>8.0%</b>  |
| <b>BF.x</b>   | <b>76</b>  | <b>11.7%</b> |
| <b>BA.5.x</b> | <b>512</b> | <b>78.5%</b> |

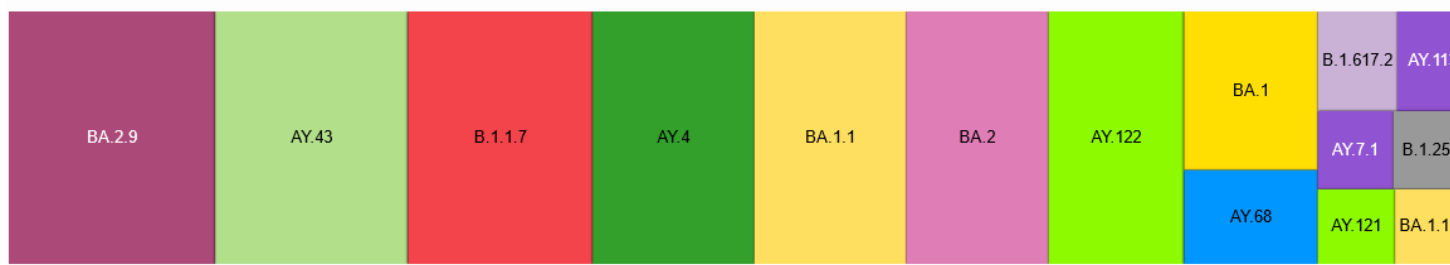
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

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

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 2. 2022 do 27. 6. 2022



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



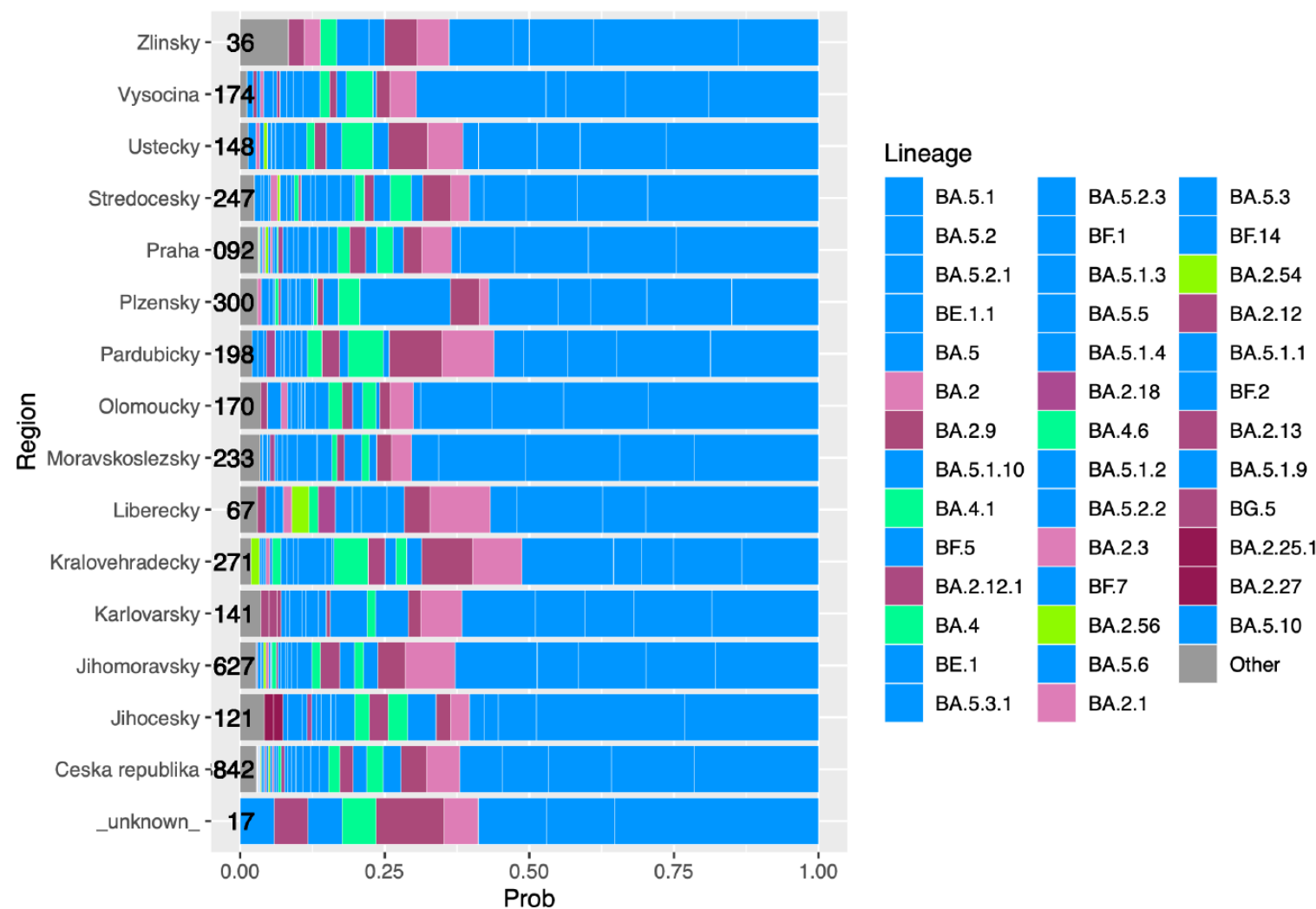
<https://virus.img.cas.cz>

## Graf 2: Přehled sekvenovaných variant od 26. 6. 2022 do 26. 8. 2022 po krajích

Graf 2 uvádí frekvenci výskytu variant SARS-CoV-2 ve vzorcích odebraných v průběhu dvanácti týdnů před 26.08.2022 ve členění podle krajů.

Pro tuto analýzu bylo z celkového datasetu vybráno 3 939 vzorků, u nichž je dostupná validní sekvence celého genomu a informace o datu a místě 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 (téměř 80 % sekvencí), dále subvarianta BE (8 % sekvencí). Subvarianty omikronu BA.2.x je zastoupena 1,1 %. 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.