



Podrobná zpráva, aktualizováno ke dni 4. 10. 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

Odkazy

Strana 4

Závěr

Strana 5

- V období od 25. 9. do 2. 10. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 2314 hlášených testů diskriminační PCR z 18 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	Počet	Podíl
BA.4/5	1497	64,7 %
BA.1/2	180	7,8 %
omikron	459	19,8 %
neurčené	178	7,7 %
celkem	2 314	100 %

- K 2. 10. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 51 143 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem je mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 469 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 2. zářím a 2. říjnem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron, varianta BA.5x (BA.5like), kam spadají i varianty BE a BF like. Zachycena byla i **varianta hodná zájmu (VOI) BA.2.75**. Přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2, souhrnný přehled sekvenovaných variant zobrazuje tabulka 3.

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet	Podíl	Varianta	Počet	Podíl
BA.2	4	0.9%	BA.5.3.1	6	1.3%
BA.2.75 (VOI)	1	0.2%	BA.5.5	1	0.2%
BA.2.9	1	0.2%	BA.5.9	5	1.1%
BA.4.6	4	0.9%	BE.1	12	2.6%
BA.5	27	5.8%	BE.1.1	23	4.9%
BA.5.1	86	18.3%	BF.1	1	0.2%
BA.5.1.10	7	1.5%	BF.14	17	3.6%
BA.5.1.3	2	0.4%	BF.2	1	0.2%
BA.5.1.4	1	0.2%	BF.3	1	0.2%
BA.5.1.5	3	0.6%	BF.5	28	6.0%
BA.5.10	1	0.2%	BF.7	26	5.5%
BA.5.2	113	24.1%	Neurčené	12	2.6%
BA.5.2.1	76	16.2%	Celkem	469	100%
BA.5.2.3	7	1.5%			
BA.5.2.6	1	0.2%			
BA.5.2.7	1	0.2%			
BA.5.3	1	0.2%			

Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenací za sledované období

Varianta	Počet	Podíl
BA.2.x	6	1,3 %
BA.4.x	4	0,9 %
BE.1x	35	7,5 %
BF.x	74	15,7 %
BA.5.x	338	72 %
Neurčené	12	2,6 %
Celkem	469	100 %

- 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 v dominanci varianty BA.5x (BA.5 like), kam spadají i subvarianty BE a BF like (celosvětově 84,08 %, Evropa 83,03 %, ČR 98,71 %, zdroj: cov-spectrum.org, 4. 10. 2022)
- Dle sekvenačních dat momentálně převažují v ČR podtypy varianty omikron - BA.5 (72 % sekvencí), dále subvarianta BE (7,5 % sekvencí), BF (15,7 %). Subvarianta omikronu BA.2.x je zastoupena 1,3 % a BA.4.x 0,9 %.
- V polovině září byla ve FN Hradec Králové pomocí WGS detekována varianta BA.2.75 viru SARS-CoV-2. V ČR se jedná o druhý záchyt této varianty (první záchyt byl na konci srpna v Praze). Dle ECDC je tato varianta klasifikována jako varianta hodná zájmu (VOI) a je zapotřebí ji monitorovat.
- Přestože struktura spike stále umožňuje adaptační evoluci, není zřejmé, jak bude vypadat další vývoj viru.

Kolektiv autorů:

Timotej Šuri, M.Sc., Mgr. Jaromíra Večeřová, Ph.D., RNDr. Helena Jiřincová