



# Podrobná zpráva ke dni 3. 12. 2021

## Charakterizace viru SARS-CoV-2 v České republice dle diskriminačních PCR a celogenomové sekvenace

Národní referenční laboratoř pro chřipku a nechřipková virová respirační onemocnění, SZÚ

### Úvod:

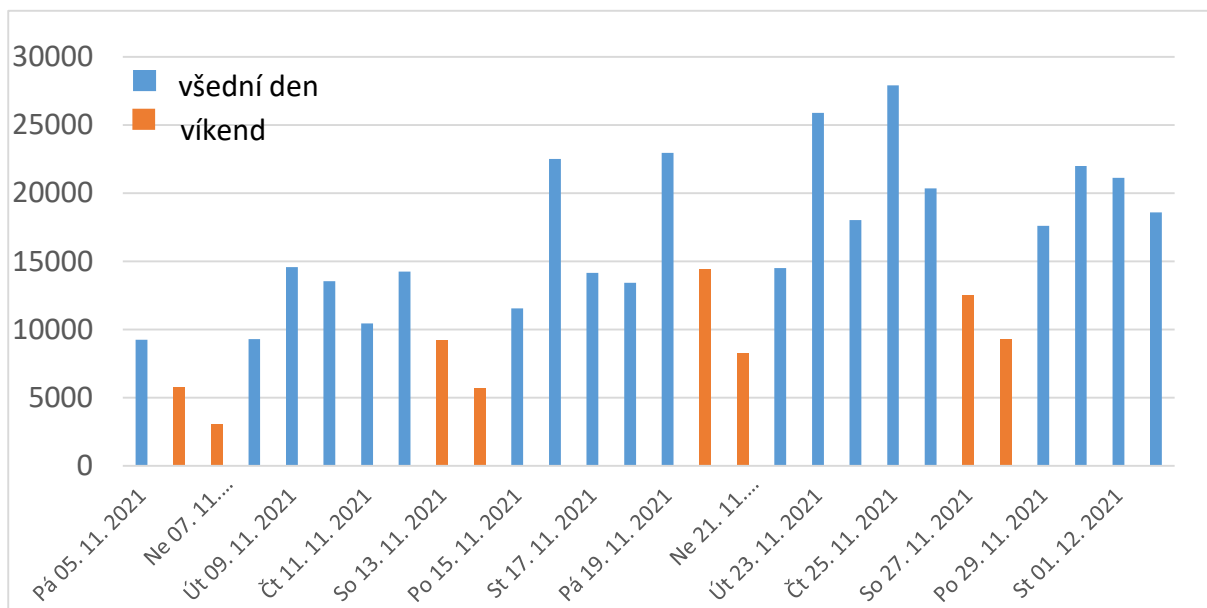
NRL pravidelně analyzuje data a poskytuje MZČR i laboratořím týdenní přehledový dokument, jehož cílem je monitorovat šíření variant SARS-CoV-2, které se na území ČR vyskytují, poskytovat informace o nových potenciálních i reálných rizicích v souvislosti s šířením a evolucí viru SARS-CoV-2, poskytovat metodické pokyny vyšetřujícím laboratořím a poskytovat další kvalitativní i kvantitativní informace s cílem připravit na datech založené poklady pro laboratorní šetření a adekvátní nastavení protiepidemických opatření v ČR.

### Obsah:

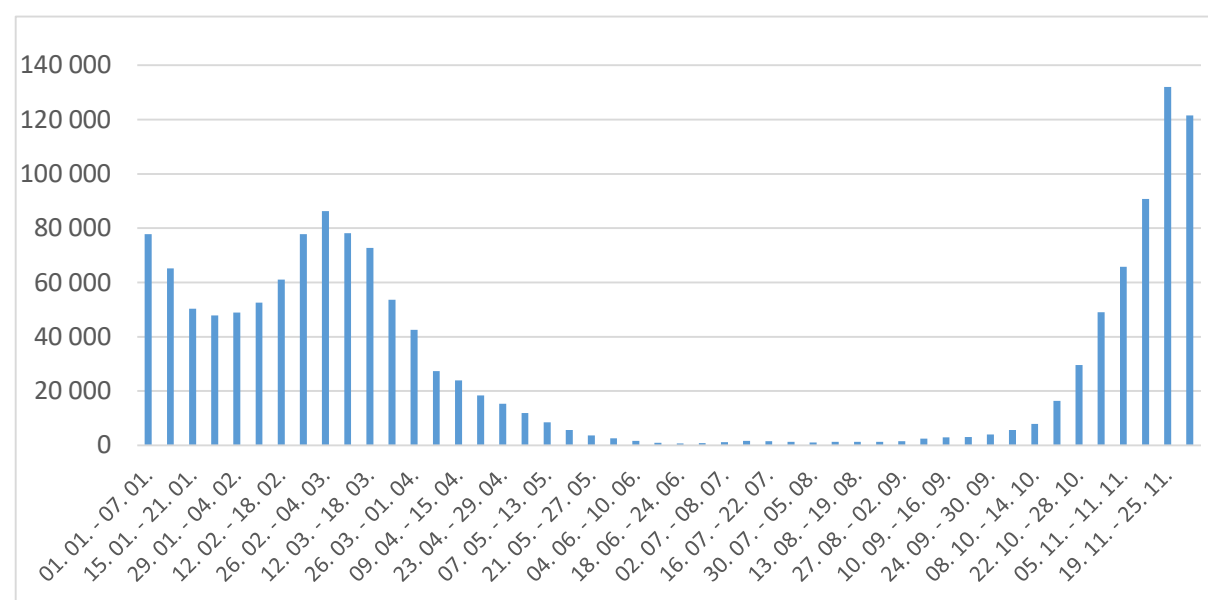
|                                          |                |
|------------------------------------------|----------------|
| Souhrn a epidemiologický přehled         | Strana 2 – 4   |
| Vyhodnocení dat z diskriminační PCR      | Strana 5       |
| Odborná doporučení NRL a WHO             | Strana 6 – 7   |
| Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace | Strana 8 – 19  |
| Závěr                                    | Strana 20 - 21 |

- V období od 25. 11. do 3. 12. 2021 má NRL k dispozici data z 55 950 provedených testů diskriminační PCR ze 77 laboratoří. Na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá dle diskriminační PCR přibližně 98 % pozitivních případů (viz tab. 1). 2 % nelze na základě dostupných informací taxonomicky zařadit.
- Za rok 2021 bylo k 3. 12. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 16 002 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 555 sekvenací s datem odběru mezi 3. listopadem a 3. prosincem.
- Přehled aktuální epidemiologické situace:  
V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 19. 11. do 02. 12. 2021) zachyceno 253 466 případů SARS-CoV-2 pozitivních osob, s denním průměrem 18 104,7 případů, což představuje 14denní incidenci 2 368,4 na 100 000 obyvatel. Vývoj počtu případů v delším časovém horizontu zobrazují grafy 1 a 2. Za uvedené období bylo nahlášeno 9 145 hospitalizací. Celkový počet hospitalizací ke konci sledovaného období činí 6 683 osob, z toho 934 osob s vážným průběhem. Nejvyšší 7denní incidence covid-19 je aktuálně hlášena v okresech Kroměříž, Uherské Hradiště, Prostějov a Šumperk, podrobně uvádí situaci graf 3. Na grafu 3a je vidět aktuální situace v porovnání se stavem před 7 dny, viz graf 3b. Z porovnání je vidět postupné šíření z východu republiky na západ.
- V ČR byl potvrzen import varianty omikron. Vzhledem k velkému počtu mutací a možnosti falešných negativit nelze spoléhat pouze na výsledky diskriminačních PCR. Negativní PCR nemusí znamenat vyloučení detekce varianty omikron.

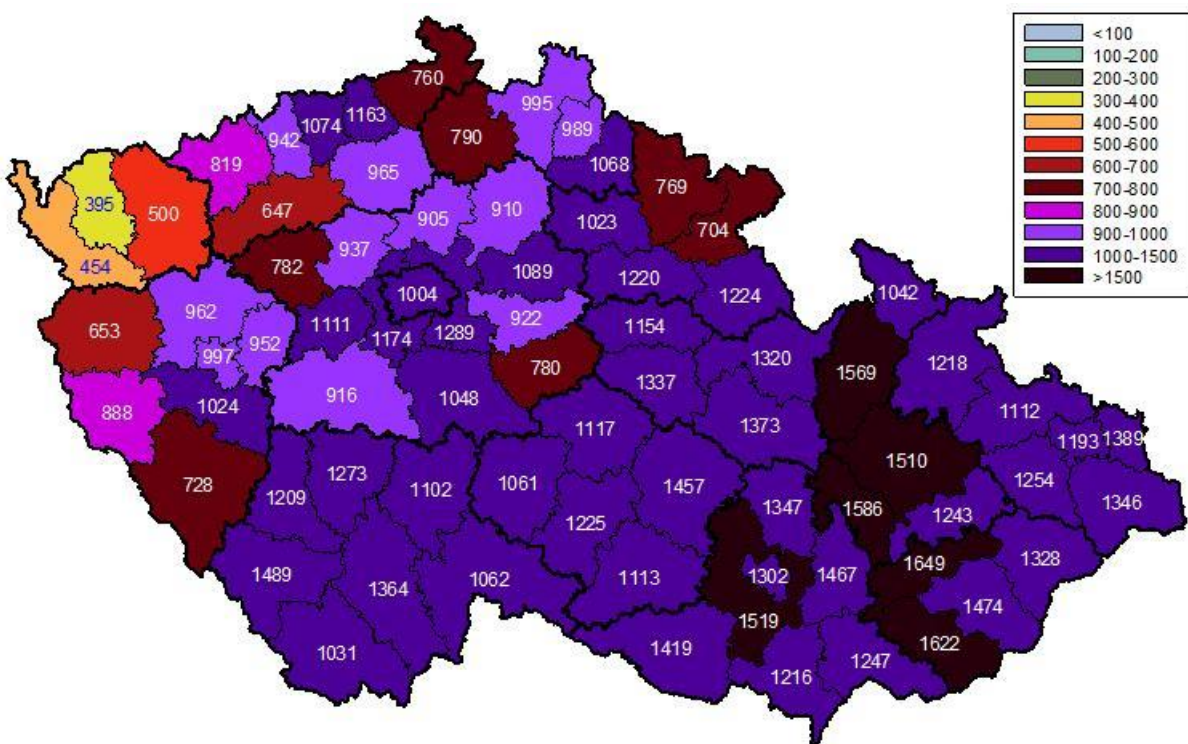
**Graf 1: Počty případů covid-19 za posledních 28 dní**



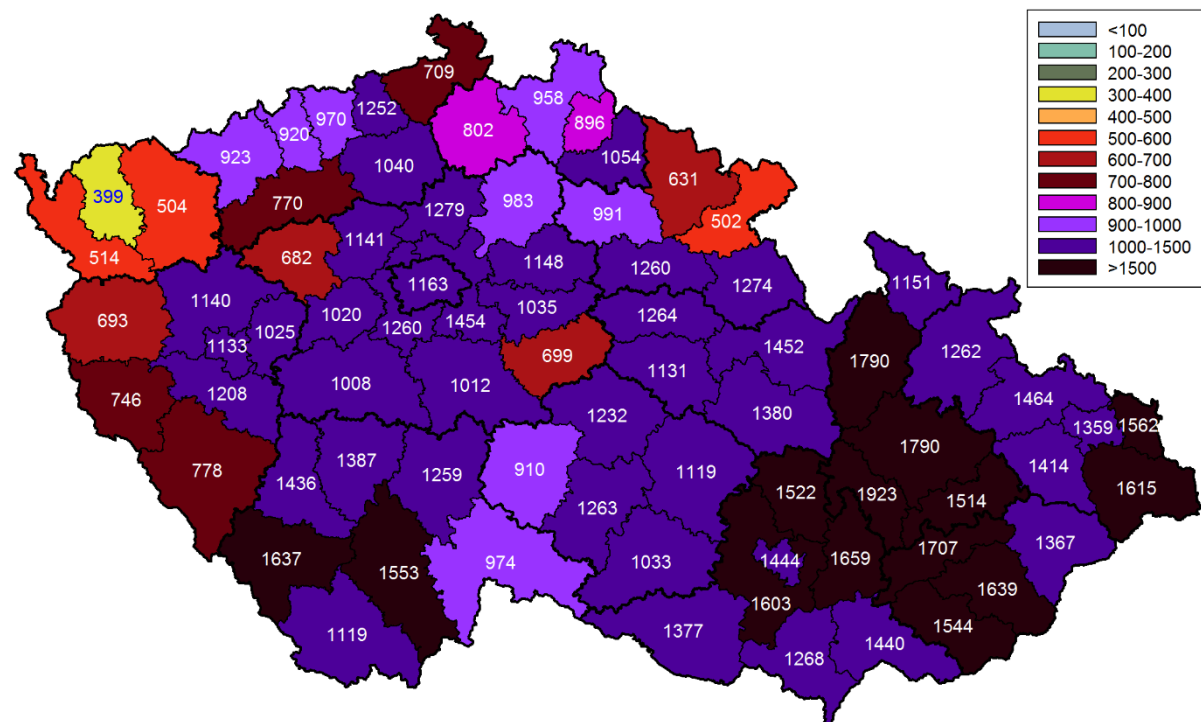
**Graf 2: Týdenní počty případů covid-19 od 1. 1. 2021 do 02. 12. 2021**



**Graf 3a: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 02. 12. 2021**



**Graf 3b: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 25. 11. 2021**



V období od 25. 11. do 3. 12. 2021 má NRL k dispozici data z 55 950 provedených testů diskriminační PCR ze 77 laboratoří. Na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá dle diskriminační PCR přibližně 98 % pozitivních případů (viz tab. 1).

Tabulka 1: **Přehled zachycených mutací**

| Mutace                              | Pozitivních | Celkem (vzorků v sadě) | Procento v sadě | Interpretace (pouze susp. varianta)                                                        |
|-------------------------------------|-------------|------------------------|-----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------|
| A570D+                              | 39          | 14 273                 | 0,27 %          | alfa, <b>delta</b> + A570D                                                                 |
| E484K+                              | 331         | 33 575                 | 1 %             | beta, gama, alfa E484K+, <b>delta+</b>                                                     |
| L452R+                              | 52 694      | 53 951                 | 97,67 %         | delta, delta+                                                                              |
| L452R+ a E484K+                     | 331         | 33 115                 | 1 %             | delta+                                                                                     |
| L452R+ a N501Y+                     | 1           | 3 660                  | 0,02 %          | delta+                                                                                     |
| L452R- a K417+ a N501Y+ a del69_70+ | 1           | 3126                   | 0,03 %          | Suspektní omikron, jedná se o potvrzený záchyt celogen. sekvenací z Liberce z 26. 11. 2021 |
| L452R- a P681H                      | 0           | 762                    | 0 %             | susp. omikron, neprokázán – 0 záchytů                                                      |

Diskriminační PCR:

Odborná doporučení NRL pro diskriminační PCR SARS-CoV-2 pozitivních vzorků je zmírněna na 10 %, ale v souvislosti s VOC omikron je nutné sledovat více mutací:

**Minimum – u 10 % pozitivních detekcí E484K + N501Y nebo K417N nebo P681H, je možné vyšetřovat i L452R.**

**Na sekvenaci posílejte vždy L452R negativní vzorky, a všechny vzorky pozitivní na jakoukoli výše zmíněnou mutaci. Dle MZ je povinné takto vyšetřovat všechny importy z Afriky, Belgie, Izraele, Hongkongu a Turecka a všechny jejich kontakty.**

**Metoda pro přímé stanovení varianty omikron: <https://zenodo.org/record/5747872#.YazlUtDMIuU>**

Vzhledem k velkému počtu mutací možnosti falešných negativit nelze spoléhat pouze na výsledky diskriminačních PCR. Falešně negativní mohou být i PCR diagnostické cílíci do genu N. **Negativní PCR nemusí znamenat vyloučení detekce varianty omikron.** Všechny suspektní případy mohou být vyloučeny pouze na základě konfirmace sekvenací a to u vzorků s hodnotou Ct menší než 30, vzorky s hodnotou Ct 30 až 34 by měly být konfirmovány v NRL, ZU Ova nebo KNL.

**Doporučení ECDC uvádí, že naopak pro detekci postačuje průkaz delece 69-70.**

Pro vyloučení přítomnosti varianty omikron v běžné populaci, je třeba jasného průkazu nejméně 2 mutací.

Musí být pozitivní L452R současně negativní del63-70 nebo K417N.


V případě negativity L452R musí být negativní: del69-70 a zároveň K417N a zároveň (N501Y nebo P681H).

**U všech suspektních nálezů doporučuje NRL pro konfirmaci standard celogenomovou sekvenaci případně parciální sekvenaci.**

**NRL nabízí testujícím laboratořím RNA omikron jako pozitivní kontrolu. Pište na [alena.janypkova@szu.cz](mailto:alena.janypkova@szu.cz).**

Dle fylogenetické analýzy a analýzy v nextclade doporučuje NRL tyto WGS revidovat na předchozí straně označené vzorky.

**Při zadávání do GISAID je třeba dodržovat následující pravidla:**

V poli „Location“ uvádět kraj takto: 

Prosím, uvádějte pouze jedinou syntaxi, včetně dodržení typu písma.

**Do jména sekvence uvádět vždy akronym laboratoře:** 

Například:

hCoV-19/Czech Republic/**UMTM**239717/2021

hCoV-19/Czech Republic/**CSQ**0217/2021

|                          |
|--------------------------|
| South Bohemian Region    |
| South Moravian Region    |
| Hradec Kralove Region    |
| Karlovy Vary Region      |
| Liberec Region           |
| Moravian-Silesian Region |
| Olomouc Region           |
| Pardubice Region         |
| Pilsen Region            |
| Central Bohemian Region  |
| Ustecky Region           |
| Vysocina Region          |
| Zlin Region              |
| Prague Region            |

|            |                                   |
|------------|-----------------------------------|
| GHC        | GHC                               |
| BP         | Biopstická laboratoř              |
| KNL        | Krajská nemocnice Liberec         |
| FNP        | Fakultní nemocnice Plzeň          |
| FNHK       | Fakultní nemocnice Hradec Králové |
| <b>FNO</b> | <b>Fakultní nemocnice Ostrava</b> |
| CSQ        | Fakultní nemocnice Brno           |



## Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

Za rok 2021 bylo k 3. 12. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 16 002 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 555 sekvenací s datem odběru mezi 3. listopadem a 3. prosincem.

Podíl *původní* varianty delta ve výše uvedeném období klesl na 3,96 %. Dle celogenomové sekvenace zaznamenáváme nárůst nových subvariant delty - AY.43, AY.122, AY.4. Podíl subvarianty AY.43 v tomto období činí 36,04 %, podíl AY.122 je 20,72 %, podíl AY.4 je 9,73 %, podíl AY.4.2 činí v daném období pouze méně než 2 % (celkově bylo detekováno 26 sekvencí AY.4.2). Podíl dalších subvariant AY.x činí méně než pět procent každá. Celkový přehled všech sekvenovaných variant v tomto období ukazuje tabulka 2. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 4. AY.x varianty se liší jen málo v aminokyselinové sekvenci spike proteinu. NRL rozšiřuje spektrum sledovaných mutací dle situace ve světě. Změny jsou komplexní, zasahují i do dalších genů, včetně těch nestrukturálních a často představují tiché mutace (mutace pouze na nukleotidové úrovni, ne však na aminokyselinové úrovni).

Pozn.: data ze sekvenací jsou k dispozici za cca 1-3 týdny od data odběru.



**Tabulka 2:**

| Varianta  | celkem | podíl   | Dle WHO |
|-----------|--------|---------|---------|
| AY.43     | 200    | 36,04 % | Delta+  |
| AY.122    | 115    | 20,72 % | Delta+  |
| AY.4      | 54     | 9,73 %  | Delta+  |
| B.1.617.2 | 22     | 3,96 %  | Delta   |
| AY.39     | 19     | 3,42 %  | Delta+  |
| AY.20.1   | 17     | 3,06 %  | Delta+  |
| AY.113    | 17     | 3,06 %  | Delta+  |
| AY.125    | 14     | 2,52 %  | Delta+  |
| AY.7.1    | 11     | 1,98 %  | Delta+  |
| AY.121    | 9      | 1,62 %  | Delta+  |
| AY.4.2    | 9      | 1,62 %  | Delta+  |
| AY.102    | 8      | 1,44 %  | Delta+  |
| AY.84     | 7      | 1,26 %  | Delta+  |
| AY.4.4    | 7      | 1,26 %  | Delta+  |
| AY.98.1   | 7      | 1,26 %  | Delta+  |
| AY.46     | 6      | 1,08 %  | Delta+  |
| AY.116    | 5      | 0,90 %  | Delta+  |
| AY.124    | 5      | 0,90 %  | Delta+  |
| AY.36     | 4      | 0,72 %  | Delta+  |
| AY.122.1  | 4      | 0,72 %  | Delta+  |
| AY.98     | 3      | 0,54 %  | Delta+  |
| AY.9.2    | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| B.1.1.529 | 1      | 0,18 %  | Omikron |
| AY.42     | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.106    | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.100    | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.45     | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.9.1    | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.9      | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.89     | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.5      | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.119    | 1      | 0,18 %  | Delta+  |
| AY.123    | 1      | 0,18 %  | Delta+  |

Varianta B.1.1.529 obsahuje více než 30 mutací v genu pro spike protein, tedy neobvyklé množství na nově objevenou variantu. Rovněž v dalších genech byly detekovány mutace. Pozornost může budit mutace v ORF 14, tedy v genu, který kóduje RNA opravný enzym, 3'-5' RNA exonukleázu (podílí se na opravě chyb vznikajících při tvorbě RNA řetězce, tedy při replikaci viru v případě zařazení chybné báze). Některé z mutací jsou známy a byly detekovány u několika variant VOC, VOI, k jejichž vývoji došlo konvergentní evolucí. Jedná se tedy o mutace, které přinášejí zcela jasnou evoluční výhodu, některé jsou zcela nové. Znepokojení rovněž vzbuzuje první pozorovaná inserce u SARS-CoV-2. Dne 26.11.2021 v odpoledních hodinách proběhlo mimořádné zasedání WHO k přijetí opatření týkajících se B.1.1.529 a pro tuto variantu bylo přijato označení omikron.

ECDC již rozeslalo prostřednictvím EWRS upozornění všem zemím zapojeným v tomto systému a již tuto variantu zařadilo mezi VOC.

Varianta je pravděpodobně fylogeneticky odvozená od původních kmenů linie B.1 SARS-CoV-2 cirkulujících v první polovině roku 2020 (viz obr. 2). Výčet mutací přikládáme níže. Ve vědecké komunitě se spekuluje, že je pravděpodobné, že první pacient byl imunokompromitován. Vzhledem k epidemické situaci v Africe se spekuluje o souběhu s infekcí HIV. Kombinace mutací současně i zastoupení již známých mutací vede k podezření na vysokou transmisibilitu (del 69-70, N501Y, P681H, S477N) a na escape charakter (K417N, E484A, N501Y). Vysokou transmisibilitu implikuje kombinace mutací zasahující jak N-terminální oblast s výraznou změnou reliéfu spike proteinu, tak změny ve vazebné oblasti a současně změna v těsné blízkosti polybazického štěpného místa, která ovlivňuje rovněž intracelulární transmisibilitu, tedy rychlejší rozvoj nemoci.

Varianta se poprvé objevila 11. listopadu v Botswaně, 13. listopadu byla parciálně sekvenována v Hongkongu a 14. listopadu byla zachycena v Jižní Africe (všechny záchyty jsou lokalizovány v provincii Guanteng, ve stejné provincii leží město Johannesburg). První detekce byla zachycena u importu z Afriky v Hongkongu a následně došlo k objevení časnějších sekvencí v Botswaně. Izrael oznámil detekci B.1.1.529 u importu z Malawi. Vzhledem k malému počtu celogenomových sekvencí z Botswany nelze vyloučit komunitní přenos. JAR intenzivně sekvenuje vzorky z Guantengu.

Kombinace již známých mutací přináší výhodu pro virus, ale současně umožňuje i detekci pomocí diskriminačních PCR.

V GISAID je k dnešnímu dni 3.12.2021 vloženo 389 sekvencí.

Tuto variantu lze detekovat stávajícími diskriminačními PCR, a to dle doporučení NRL a rovněž metodou parciální i celogenomové sekvenace.

Zachování terapeutické účinnosti dosud známých preparátů zatím nebylo ověřeno, ale je zřejmé, že podání monoklonálních protilátek bude vždy vyžadovat jejich kombinaci, důvodem jsou mutace v N-terminální oblasti viru, ve vazebném místě.

Země s potvrzeným výskytem:

K 3. 12. 2021 byla potvrzena v Austrálii, Rakousku, Dánsku, Portugalsku, JAR, Kanadě, Spojených státech, Německu, Norsku, Belgii, Švýcarsku, Jižní Korei, Irsku, Ghaně, Velké Británii, Japonsku, Brazílii, Švédsku, ČR, Itálii, Botswaně, Izraeli, Indii, Lesothu, Zimbabwe, Francii a Hongkongu.

Ovlivnění diagnostické PCR: metody, které využívají k PCR průkazu amplifikaci ve spike genu, mohou být v důsledku nahromadění mutací falešně negativní.

## Spike mutace:

A67V, **Δ69-70**, T95I, G142D/Δ143-145, Δ211/L212I, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, **K417N**, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493K, G496S, Q498R, **N501Y**, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, **P681H**, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

## Non-spike mutace:

NSP3 gen: K38R, V1069I, Δ1265/L1266I, A1892T;

NSP4 gen: T492I;

NSP5 – P132H;

NSP6 – Δ105-107, A189V;

NSP12 – P323L;

NSP14 gen: I42V; E – T9I;

M gen: D3G, Q19E, A63T;

N gen: P13L, Δ31-33, R203K, G204R

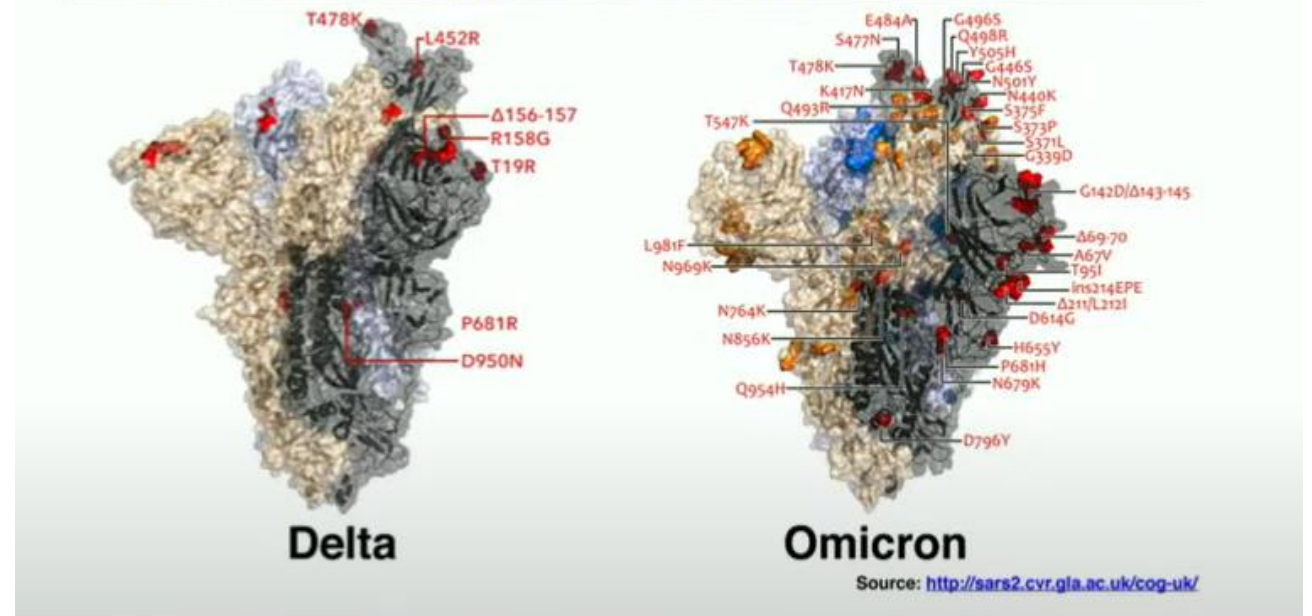
Mutace, které je možné detekovat diskriminační PCR:

**Δ69-70, K417N, N501Y, P681H,**

Mutace typické pro více nebo jednu VOC/VOI:

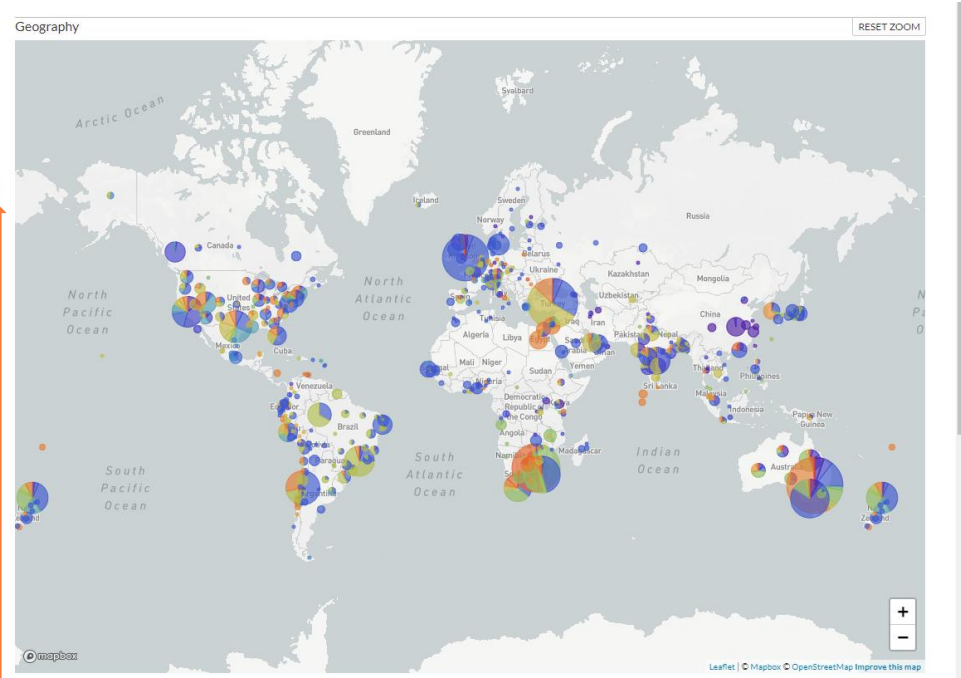
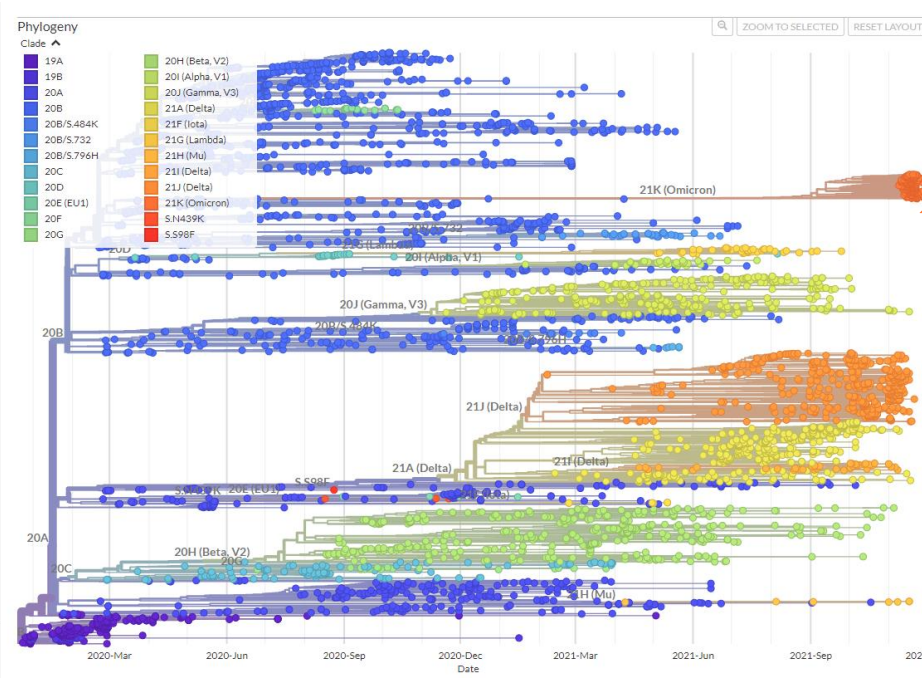
**Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, K417N, S477N, T478K, E484A, Q493K, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F**

## SARS-CoV-2 Spike Protein Mutations

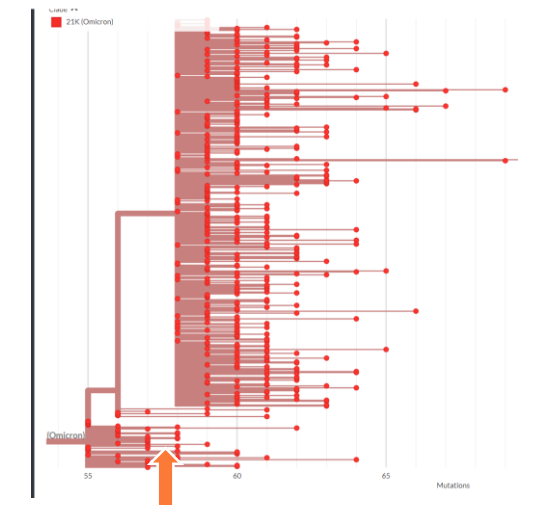


vizualizace: <https://twitter.com/i/status/1466490437187690496>

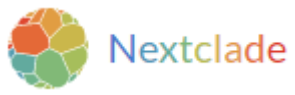
# VOC omikron - B.1.1529 fylogenetický strom IV.



Zoom –fylogenetický strom B.1.529

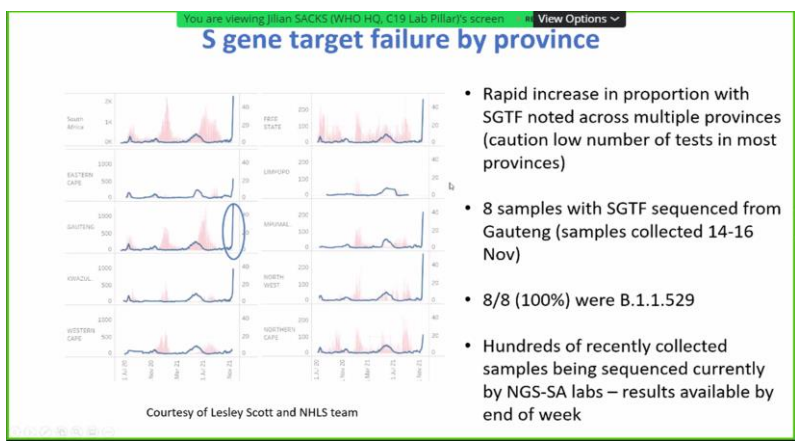


Česká sekce



Fylogenetické zařazení B.1.1.529

Přehled šíření epidemie v provinciích JAR k 26-11-21





### **Doporučení pro laboratoře:**

Dle aktuální **situace doporučuje NRL sledovat**: E484K a současně jednu z již známých mutací: N501Y, K417N, del69-70, P651H, případně doplnit o L452R a/nebo T478K. Pro uvedené mutace ČR běžně má k dispozici diagnostické soupravy, které detekci těchto mutací umožňují. E484K se v nové variantě B.1.1.529 nevyskytuje, ale je typická pro delta + E484K, jejíž incidence v Evropě mírně trvale vzrůstá (ECDC a WHO důrazně doporučují monitoring šíření), a která má jasný escape charakter, tedy nejvyšší míru rezistence vůči protilátkám.

Upozornění: některé soupravy mohou vykazovat falešné negativy, např. Kogene vykazuje falešnou negativitu pro N501Y a N u varianty omikron.

### **Doporučení pro sekvenace:**

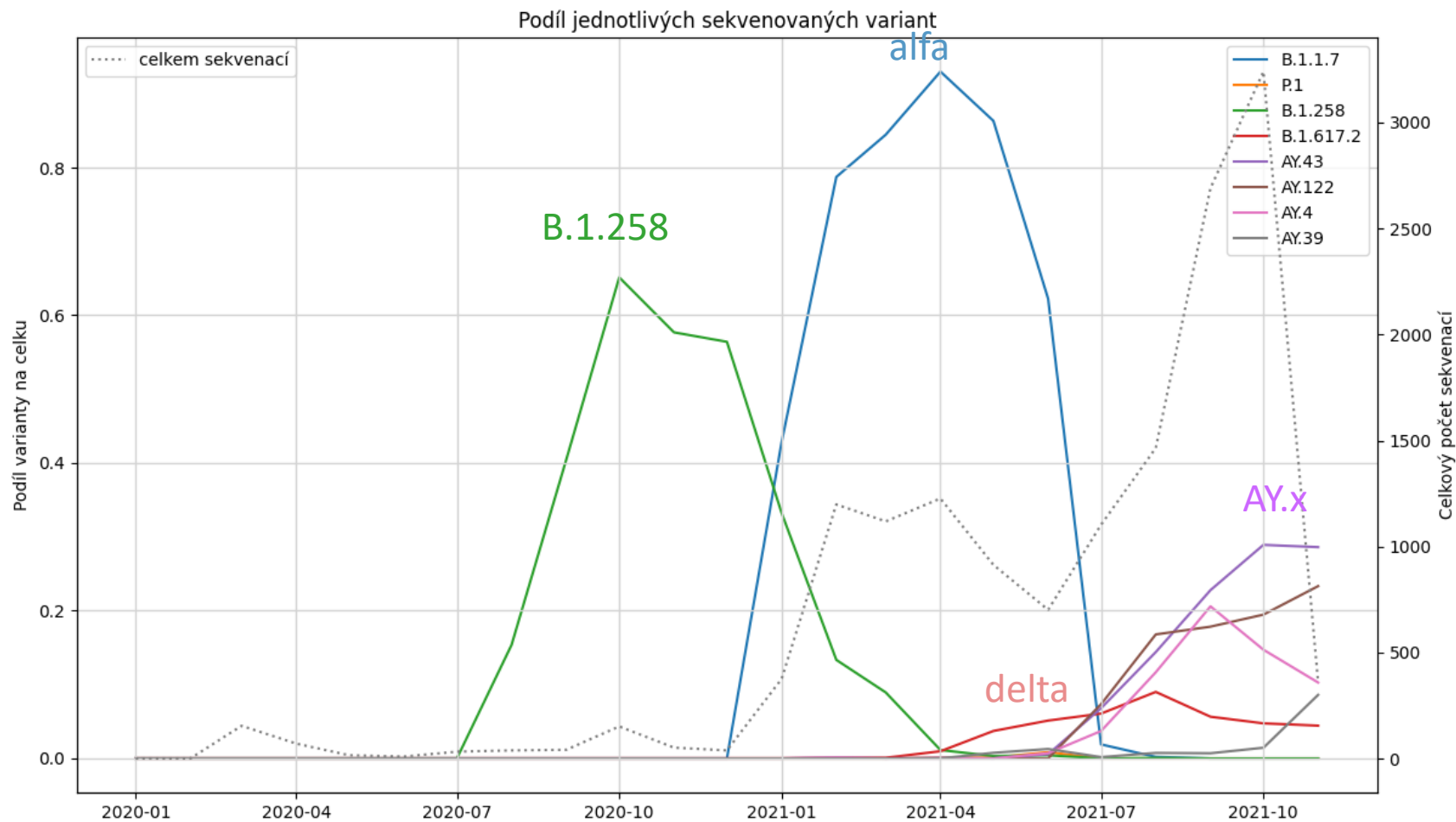
WGS – celogenomové sekvenace

Zcela zásadní je podpořit a posílit sekvenační kapacitu v rámci Národní molekulárně biologické surveillance SARS-CoV-2, zajistit její kontinuitu, včetně financování, nejméně do konce roku 2023.

Parciální sekvenace dle Sangera:

Podpořit v rámci Národní molekulárně biologické surveillance SARS-CoV-2 laboratoře, které tuto metodu používají.

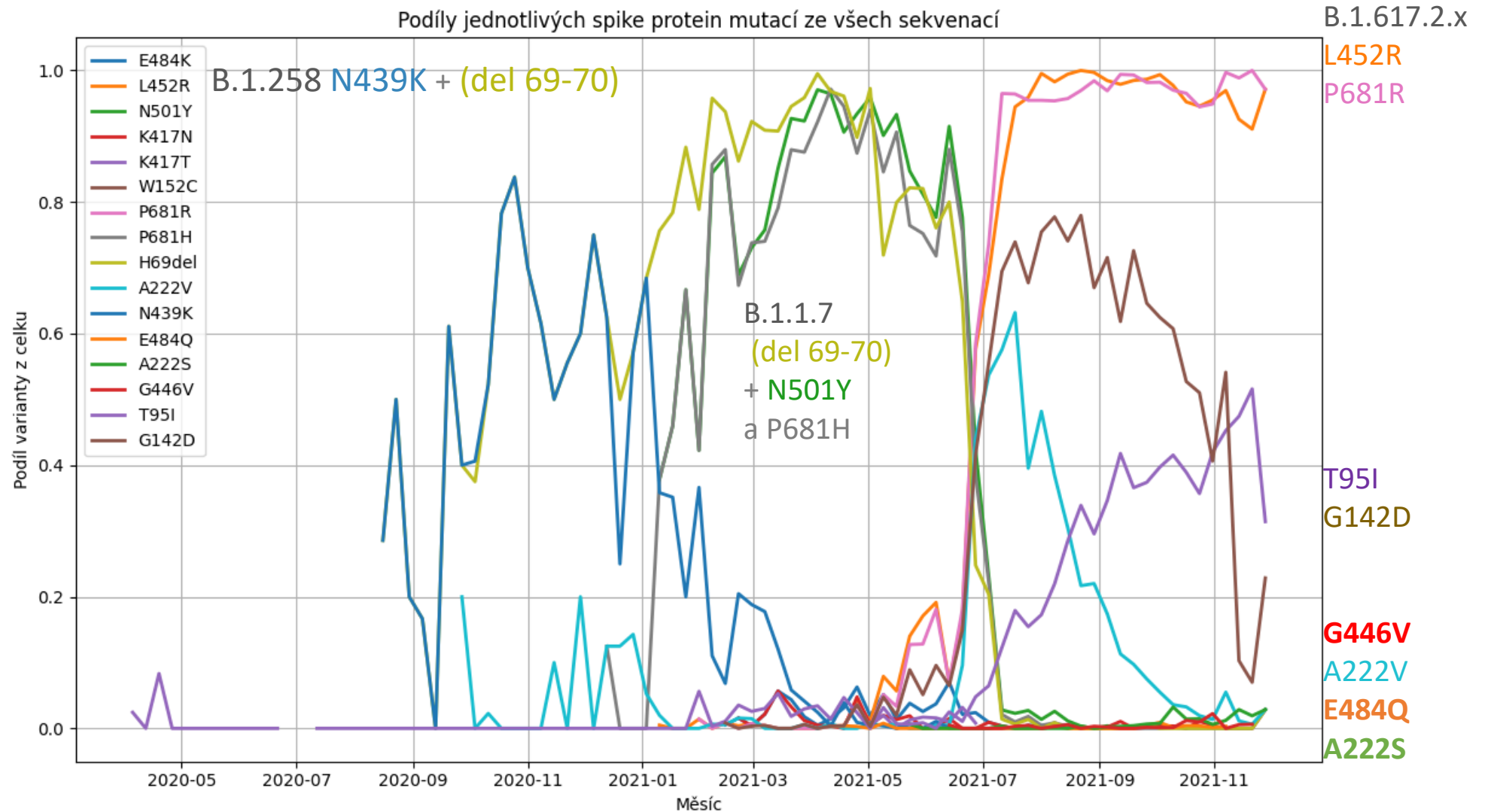
## Graf 4: Přehled významných sekvenovaných variant v ČR jako podíl z celku





**Graf č. 5:**

Podíly jednotlivých spike protein mutací ze všech sekvenací

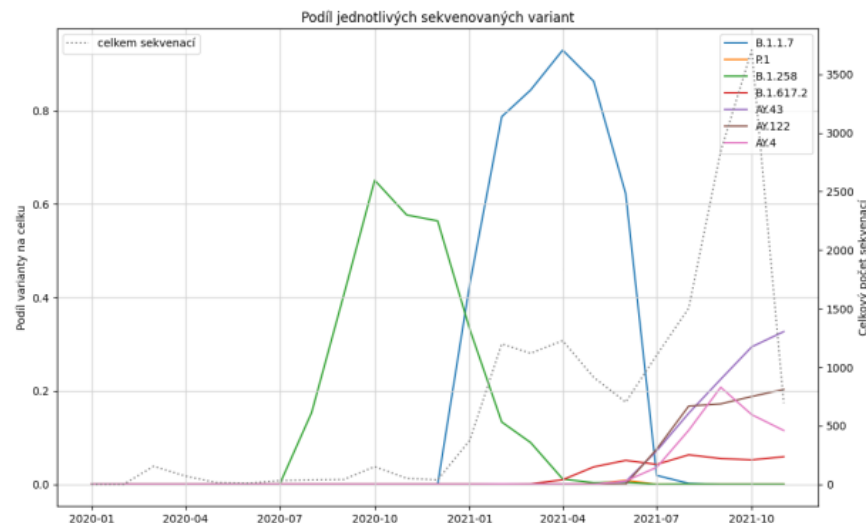


Frekvence G142D a T95I zřejmě souvisí s vyhodnocením sekvenačních dat.

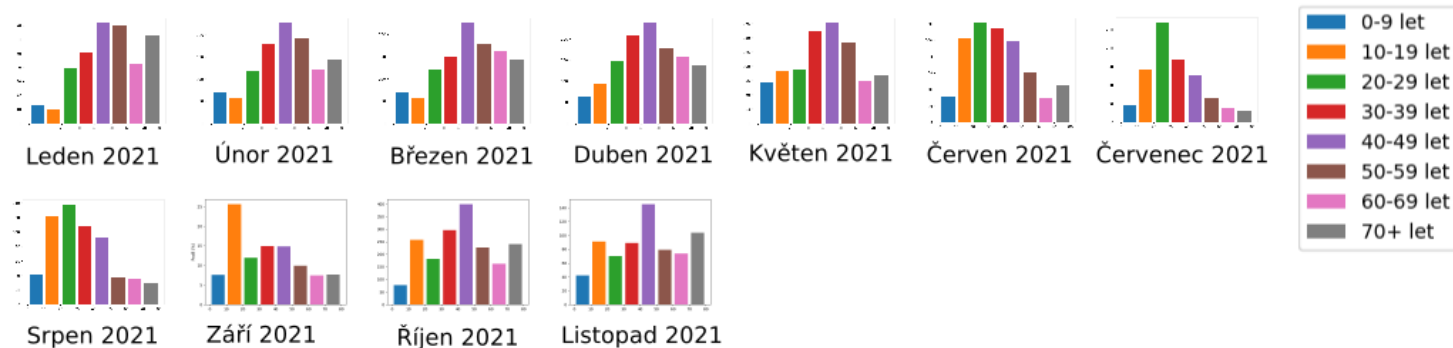
# Věková struktura sekvenovaných v kontextu převažujících variant

Graf. č. 6: Věková struktura ve vztahu k osekvenovaným 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 jsou ve věkových skupinách sekvenovaných opět více zastoupeny skupiny 30 – 39 a 40 – 49 let. V listopadu pak zaznamenáváme nárůst mezi nejvyššími věkovými skupinami. Tento jev neodpovídá věkové distribuci v případě sledování positivity PCR testů, ale je definice vzorků určených k sekvenaci a tedy algoritmu ÚZIS použitého k vyhodnocení.



Věková struktura sekvenovaných

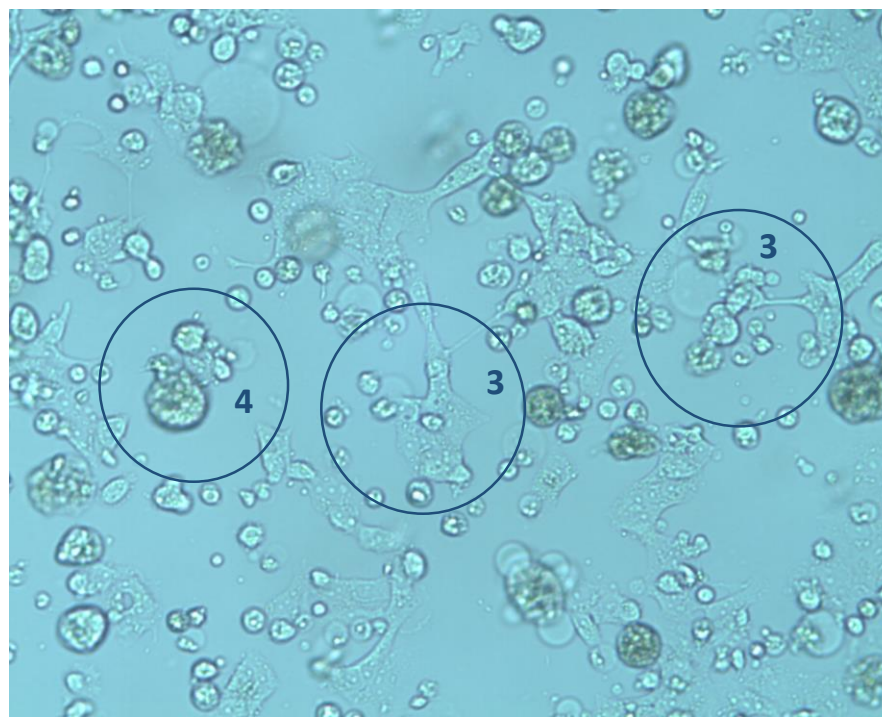


- Buněčná linie: Vero E6 –TMPRSS2 (optický mikroskop, zvětšení 200x)
- Virus: hCoV-19/Czech Republic/KNL\_2021-110119140/2021 GISAID Accession ID EPI\_ISL\_6862005 Taxonomické zařazení: 21K (omicron) – B.1.1.529

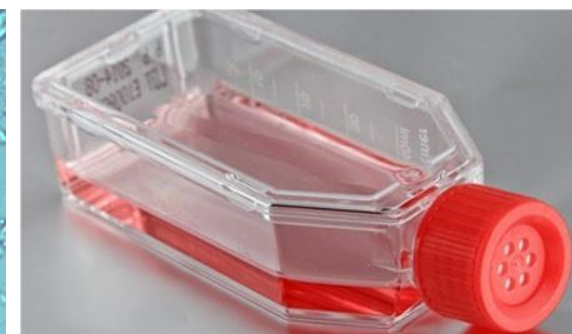
1. Intaktní buňky rostoucí přisedle (adherované) na dně kultivační nádoby
2. Počínající cytopatický efekt
3. Pokročilý cytopatický efekt tvorba syncytií (velkých vzájemně pospojovaných buněk – viditelné propojovací „můstky“) s nižší mírou adherence
4. Mrtvé buňky ještě celistvé s neschopností adherence na povrch kultivační nádoby



12 hodin kultivace



84 hodin kultivace

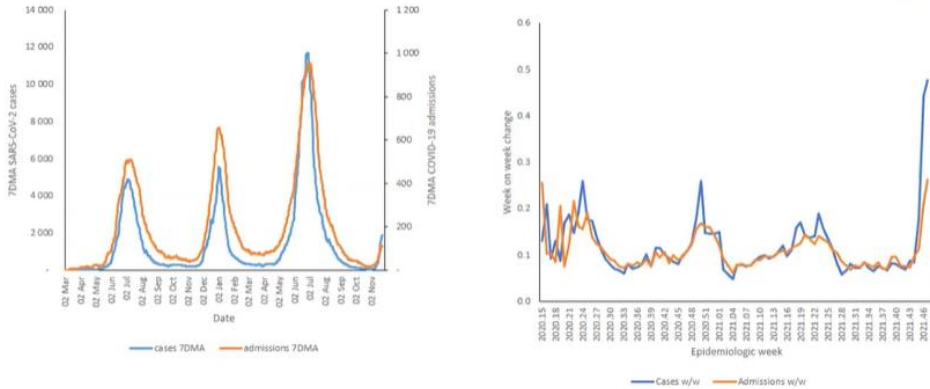


Kultivační nádoba: speciálně upravený plast umožňuje adhezenci buněk (přilepení buněk k povrchu, a tím i jejich množení). Ve víčku, které zajistí nemožnost úniku viru, je filtr prostupný pouze pro CO<sub>2</sub>, který pomáhá udržovat optimální pH kultivačního média a současně slouží jako zdroj uhlíku pro rostoucí buněčnou kulturu.

## 7denní vývoj pozitivní detekce SARS-CoV-2 a vývoj počtu hospitalizovaných

## 7denní změna v počtu hospitalizovaných osob

SARS-CoV-2 cases and COVID-19 admissions, 7 day average and week on week increase, Gauteng



- 7 day moving average for cases and admissions rising rapidly

zoom

VIRTUAL BRIEFING ON COVID-19 AND VACCINATION ROLL-OUT PLANS Záznam živě  
 previous 14 days and current 14 days average COVID-19 admissions and percentage changes, South Africa, 30 October-27 November 2021

| Province      | Hospital admissions                 |                                    | Percentage change in admissions | Hospital deaths                 |                                | Percentage change in deaths |
|---------------|-------------------------------------|------------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|--------------------------------|-----------------------------|
|               | Previous 14 days admissions average | Current 14 days admissions average |                                 | Previous 14 days deaths average | Current 14 days deaths average |                             |
| Eastern Cape  | 5.21                                | 5.29                               | 1.37                            | 0.86                            | 1.00                           | 16.67                       |
| Free State    | 8.36                                | 5.21                               | -37.61                          | 1.86                            | 0.71                           | -61.54                      |
| Gauteng       | 19.21                               | 77.71                              | 304.46                          | 2.43                            | 2.86                           | 17.65                       |
| KwaZulu-Natal | 10.50                               | 9.71                               | -7.48                           | 2.00                            | 1.50                           | -25.00                      |
| Limpopo       | 2.57                                | 2.93                               | 13.89                           | 0.71                            | 0.21                           | -70.00                      |
| Mpumalanga    | 4.36                                | 4.79                               | 9.84                            | 0.93                            | 0.29                           | -69.23                      |
| North West    | 4.29                                | 7.07                               | 65.00                           | 0.36                            | 0.86                           | 140.00                      |
| Northern Cape | 3.93                                | 3.29                               | -16.36                          | 0.71                            | 0.64                           | -10.00                      |
| Western Cape  | 19.14                               | 12.29                              | -35.82                          | 2.57                            | 1.07                           | -58.32                      |



- V období od 25. 11. do 3. 12. 2021 má NRL k dispozici data z 55 950 provedených testů diskriminační PCR ze 77 laboratoří. Na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá dle diskriminační PCR přibližně 98 % pozitivních případů (viz tab. 1).
- Za rok 2021 bylo k 3. 12. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 16 002 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 555 sekvenací s datem odběru mezi 3. listopadem a 3. prosincem.
- Podíl *původní* varianty delta ve výše uvedeném období klesl na 3,96 %. Dle celogenomové sekvenace zaznamenáváme nárůst nových subvariant delty - AY.43, AY.122, AY.4. Podíl subvarianty AY.43 v tomto období činí 36,04 %, podíl AY.122 je 20,72 %, podíl AY.4 je 9,73 %, podíl AY.4.2 činí v daném období pouze méně než 2 % (celkově bylo detekováno 26 sekvencí AY.4.2). Podíl dalších subvariant AY.x činí méně než pět procent každá.
- V ČR byl potvrzen import varianty omikron. Varianta omikron se přenáší pravděpodobně s vyšší účinností, ale klinický dopad zatím nelze odhadnout vzhledem k malému počtu doposud infikovaných osob. Vzhledem k velkému počtu mutací a možnosti falešných negativit nelze spoléhat pouze na výsledky diskriminačních PCR. Negativní PCR nemusí znamenat vyloučení detekce varianty omikron. Všechny suspektní případy mohou být vyloučeny pouze na základě confirmace v NRL, ZÚ Ostrava nebo Krajské Nemocnici Liberec.

- Dle aktuální situace doporučuje NRL sledovat: i E484K, ale především jednu z již známých mutací: N501Y, del69-70, P651H, případně doplnit o L452R a /nebo T478K. Kromě T478K jsou v ČR běžně k dispozici diagnostické soupravy, které detekci těchto mutací umožňují. E484K se v nové variantě B.1.1.529 nevyskytuje, ale je typická pro delta + E484K, jejíž incidence v Evropě mírně trvale vzrůstá (ECDC a WHO důrazně doporučují monitoring šíření), a která má jasný escape charakter, tedy nejvyšší míru rezistence vůči protilátkám.
- V souvislosti s objevením se nové VOC omikron se opět ukazuje role diskriminačních PCR jako nezastupitelná. Užitečnost by lépe vynikla v případě nižší incidence. Čím vyšší incidence, tím méně kapacit zbývá pro toto vyšetření a tím větší pravděpodobnost skrytého šíření nežádoucí varianty.
- K 3. 12. 2021 byla potvrzena v Austrálii, Rakousku, Dánsku, Portugalsku, JAR, Kanadě, Spojených státech, Německu, Norsku, Belgii, Švýcarsku, Jižní Korei, Irsku, Ghaně, Velké Británii, Japonsku, Brazílii, Švédsku, ČR, Itálii, Botswaně, Izraeli, Indii, Lesothu, Zimbabwe, Francii a Hongkongu.
- **NRL zasílá v současnosti jako první evropská laboratoř živou virovou kulturu kmene varianty omikron z ČR do čtyř WHO/ECDC laboratoří i do laboratoří v ČR k dalšímu výzkumu.**

Kolektiv autorů:

RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Moskalyk, RNDr. Alena Fialová, Ph.D., MUDr. Monika Liptáková, MUDr. Martina Leppová, RNDr. Marek Malý, CSc.