



# Podrobná zpráva ke dni 24. 9. 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, SZU

### 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	Strana 2
Vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 3
Odborná doporučení NRL a WHO	Strana 4, 5
Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace	Strana 6 - 11
Závěr	Strana 12

- V období od 10. 9. do 24. 9. 2021 má NRL k dispozici data ze 4 965 provedených testů diskriminační PCR z celkem 80 laboratoří. Na základě analýzy těchto dat NRL zjistila, že na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá stále přibližně 95 % pozitivních případů vyšetřených diskriminační PCR (viz tab. 1). Dříve dominantní varianta alfa se vyskytuje kolem 1,5 % vzorků. Záchyt delta+ s jednou pro deltu netypických klíčových mutací (E484K, E484Q, N501Y) je minoritní.
- Za rok 2021 bylo k 24. 9. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 8 430 SARS CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. Celkem 472 sekvenací se vztahuje k datu odběru mezi 24. srpnem a 24. zářím. Podíl původní delta varianty klesl pod 50 % na úkor subvariant delty (delta+). Nově je na vzestupu subvarianta AY.26.

V období od 10. 9. do 24. 9. 2021 má NRL k dispozici data ze 4 965 provedených testů diskriminační PCR z celkem 80 laboratoří. Na základě analýzy těchto dat NRL zjistila, že na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá stále přibližně 95 % pozitivních případů vyšetřených diskriminační PCR (viz tab. 1). Dříve dominantní varianta alfa se vyskytuje kolem 1,5 % vzorků. Záchyt delta+ s jednou pro deltu netypických klíčových mutací (E484K, E484Q, N501Y) je minoritní.

Tabulka 1:

Mutace	Celkem	Z toho pozitivních	Podíl ze sady	Interpretace (pouze suspektní varianta)
L452R+	4706	4501	95,6 %	delta, delta+
E484K+	3506	13	0,4 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+, E484K+	3430	10	0,3 %	delta+
L452R+, E484Q+	891	8	0,9 %	delta+
N501Y+, L452R+	1244	8	0,6 %	delta+
A570D+	1097	16	1,5 %	alfa

Diskriminační PCR:

Odborná doporučení NRL pro diskriminační PCR SARS-CoV-2 pozitivních vzorků se téměř nemění. V případě, že laboratoř nevyšetřuje E484K a L452R v jedné reakci, lze detekci mutace zařadit do druhé reakce. Do úvahy dáváme doporučení na sledování K417N, která je charakteristická pro AY.1 (subvarianta vyštěpená z delty) a N501Y, která se rovněž u některých AY.x objevuje. Mutace K417N má podíl na vyšší transmisibilitě i escape charakteru.

- 1. Minimum – vždy povinné: E484K a L452R, v souvislosti s nárůstem detekcí E484K u L452R pozitivních vzorků doporučujeme detekovat vždy obě dvě tyto mutace.**
- 2. Možnost : E484K a L452R a N501Y**
- 3. Možnost : E484K a L452R a N501Y a K417N**
- 4. Možnost : E484K, L452R, N501Y, K417N a P681R**

Doporučení se mohou měnit v souvislosti se změnami SARS-CoV-2 a s epidemickou situací. WHO doporučení ze dne 9. srpna 2021 uvádí stejné preferenční mutace (str. 5).

Zdroj: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/343775>

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:**

Pole „Location“ uvádět kraj takto:



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

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



Například:

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

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

GHC	GHC
BP	Bioptická 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 24. 9. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 8 430 SARS CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. Celkem 472 sekvenací se vztahuje k datu odběru mezi 24. srpnem a 24. zářím.

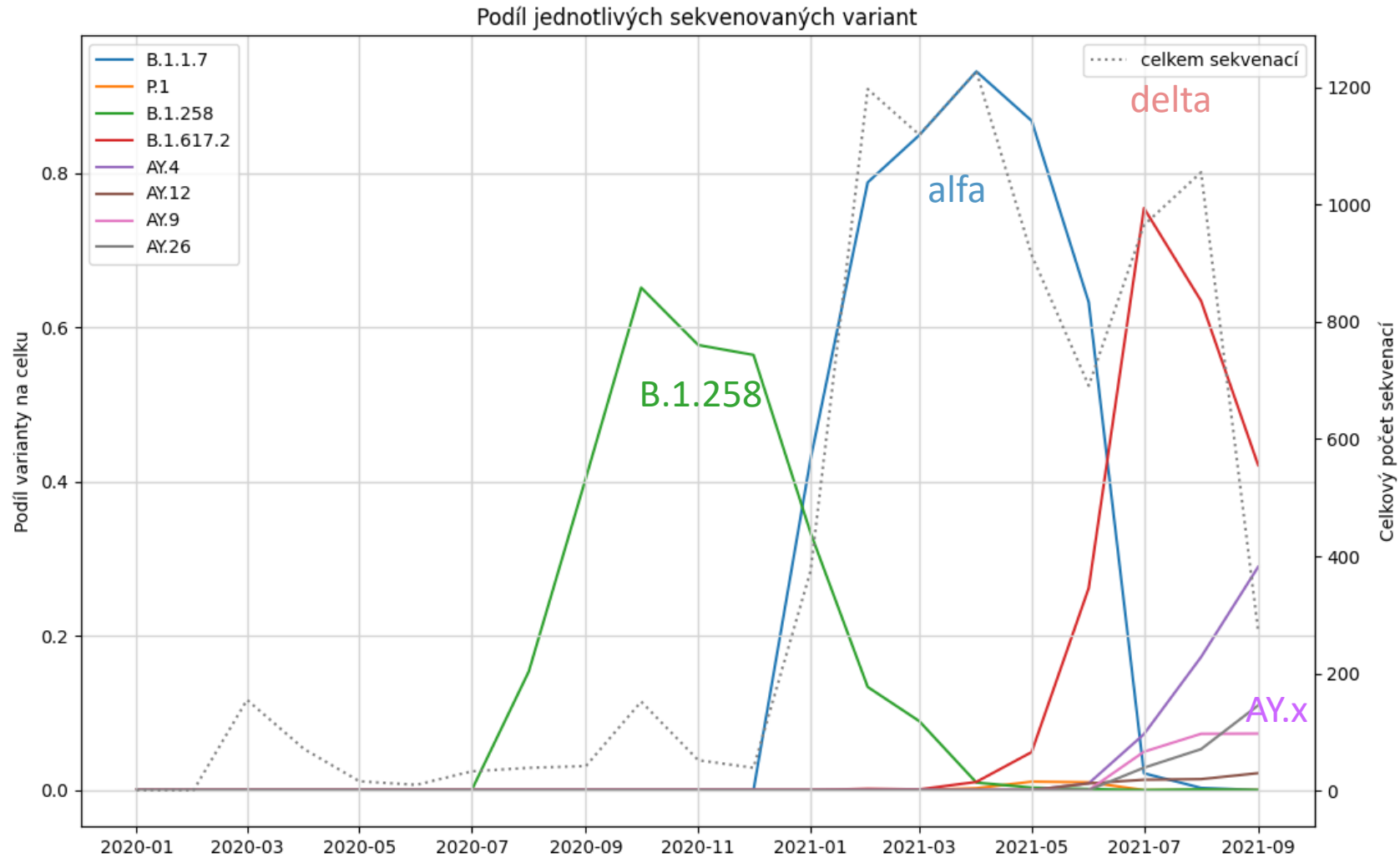
Podíl původní varianty delta období 24. 8. – 24. 9. je 49,2 %.

Zaznamenáváme dle celogenomové sekvenace nárůst subvariant delta varianty - AY.4, AY.26, AY.9, AY.5, které se šíří i v dalších zemích. Podíl subvarianty AY.4 vzrůstá na úkor původní delta varianty, její podíl v tomto období činí 24,9 %, podíl AY.26 je 8,9 %, podíl AY.9 je 6,8 %, podíl AY.5 jsou 4 %, podíl AY.32. je 2,3 %. Podíl dalších subvariant AY.x činí méně než dvě procenta každá. Přehled vybraných subvariant dle krajů zobrazuje tabulka č. 2. Přehled všech detekovaných variant za toto období naleznete v tabulce 3. Přehled významných sekvenovaných variant zobrazuje graf č. 1.

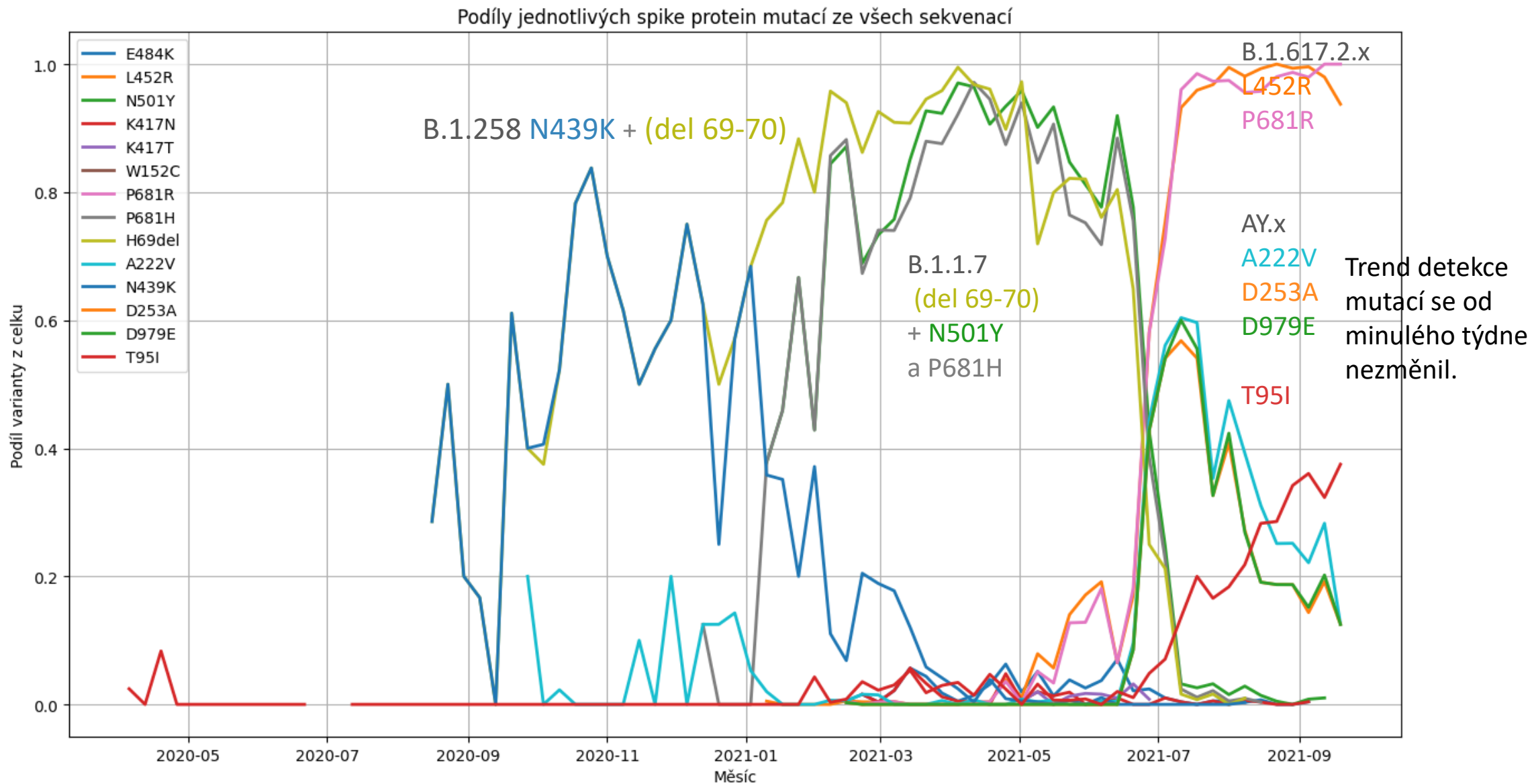
Tabulka 2. Přehled detekcí AY.x (delta +) dle krajů

Kraj	Varianta	Počet
Jihomoravský kraj	AY.26	16
Moravskoslezský kraj	AY.26	4
Olomoucký kraj	AY.26	1
Plzeňský kraj	AY.26	1
Praha	AY.26	2
Vysočina	AY.26	16
Královéhradecký kraj	AY.26	1
Nezařazeno	AY.26	1
Ústecký kraj	AY.4	1
Středočeský kraj	AY.4	6
Olomoucký kraj	AY.4	1
Vysočina	AY.4	20
Zlínský kraj	AY.4	1
Praha	AY.4	8
Pardubický kraj	AY.4	8
Jihomoravský kraj	AY.4	43
Plzeňský kraj	AY.4	1
Královéhradecký kraj	AY.4	10
Jihočeský kraj	AY.4	4
Nezařazeno	AY.4	10
Jihočeský kraj	AY.5	1
Liberecký kraj	AY.5	1
Vysočina	AY.5	9
Praha	AY.5	1
Jihomoravský kraj	AY.5	4
Zlínský kraj	AY.5	1
Královéhradecký kraj	AY.5	1

Z grafu 1 je patrný nárůst AY.26 subvarianty.



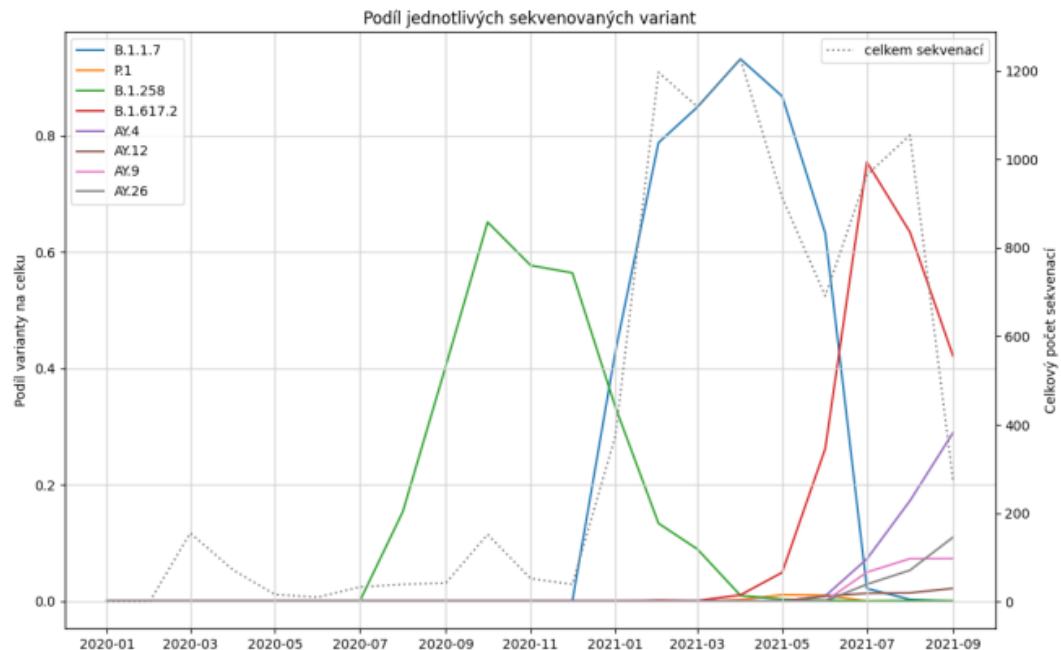
# Podíl dominantních mutací ve spike genu SARS-CoV-2 od března 2020



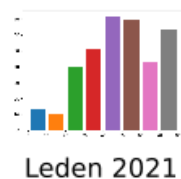


# Věková struktura sekvenovaných v kontextu převažujících variant

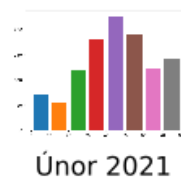
V měsících lednu až květnu dominantní věková skupina 40 – 49 let je od června nahrazena dominující skupinou 20 – 29 let, přičemž od srpna 2021 pozorujeme nárůst i mladších věkových skupin, především 10 – 19 let. Tento trend pravděpodobně kopíruje věkovou distribuci pozitivních detekcí a souvisí zřejmě s očkováním a sociálním chováním.



Věková struktura sekvenovaných



Leden 2021



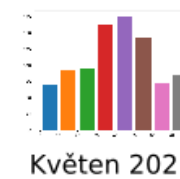
Únor 2021



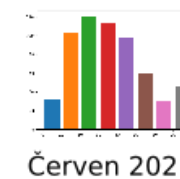
Březen 2021



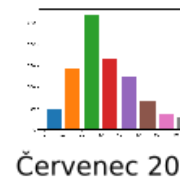
Duben 2021



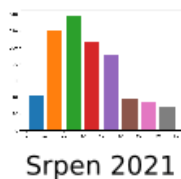
Květen 2021



Červen 2021



Červenec 2021



Srpen 2021



Září 2021



Opět proběhla nomenklaturní reklasifikace, aktuálně je definováno 25 subvariant AY.x, přičemž v některých jsou již definovány další sublinie.

Tabulka 3:

Varianta	celkem	Podíl (%)	WHO název
B.1.617.2	232	49,15	Delta
AY.4	113	23,94	Delta+
AY.26	42	8,90	Delta+
AY.9	32	6,78	Delta+
AY.5	19	4,03	Delta+
AY.32	11	2,33	Delta+
AY.12	9	1,91	Delta+
AY.7.2	4	0,85	Delta+
AY.23	4	0,85	Delta+
AY.7.1	3	0,64	Delta+
AY.20	2	0,42	Delta+
B.1.351	1	0,21	
Celkem	472	100	

Dne 22. 9. byl aktualizován dokument WHO, který se zabývá monitoringem potenciálně nebezpečných variant. Aktuálně situace vypadá takto:

Varianty hodné obav (VOC)

Varianta	Pangolinie
delta	B.1.617.2
alfa	B.1.1.7
beta	B.1.351
gama	P.1

Varianty hodné zájmu (VOI)

Varianta	Pangolinie
lambda	C.37
mu	B.1.621

Podrobnější informace naleznete na stránkách WHO:

<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

V období od 10. 9. do 24. 9. 2021 má NRL k dispozici data ze 4 965 provedených testů diskriminační PCR z celkem 80 laboratoří. Na základě analýzy těchto dat NRL zjistila, že na variantu delta (včetně subvariant AY.x) připadá stále přibližně 95 % pozitivních případů vyšetřených diskriminační PCR (viz tab. 1).

Přestože se může zdát, že vzhledem k jasné dominanci delta varianty nemá smysl konfirmovat pozitivní nálezy diskriminační PCR, z detekovaných mutací vyplývá, že role těchto PCR je nezastupitelná. Opakovaně se potvrzuje, že diskriminační PCR vzhledem k rychlé odezvě hraje důležitou roli v monitoringu variant viru, a je stále důležité i část PCR identifikovaných variant stále sekvenovat, jak dokazují stále častěji detekované nové sublinie u varianty delta. Prioritní mutace doporučené NRL se stále ukazují jako zásadní pro sledování evoluce viru. Doporučujeme vždy detekovat přítomnost obou povinně sledovaných mutací E484K a L452R.

Za rok 2021 bylo k 24. 9. 2021 v ČR celogenomově sekvenováno 8 430 SARS CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. Celkem 472 sekvenací se vztahuje k datu odběru mezi 24. srpnem a 24. zářím. Podíl původní delta varianty klesl pod 50 % na úkor subvariant delty (delta+). Nově je na vzestupu subvarianta AY.26.