Podrobná zpráva ke dni 10. 1. 2022

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 – 8
Vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 9 - 10
Odborná doporučení NRL a WHO	Strana 11 – 12
Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace	Strana 13 – 21
Závěr	Strana 22

ÚZIS - Ústav zdravotnických informací a statistiky ČR, VOC = Variant of concern (varianta hodná obav - WHO), VOI = Variant of interest (varianta hodná zájmu - WHO), KT = kalendářní týden

Souhrn

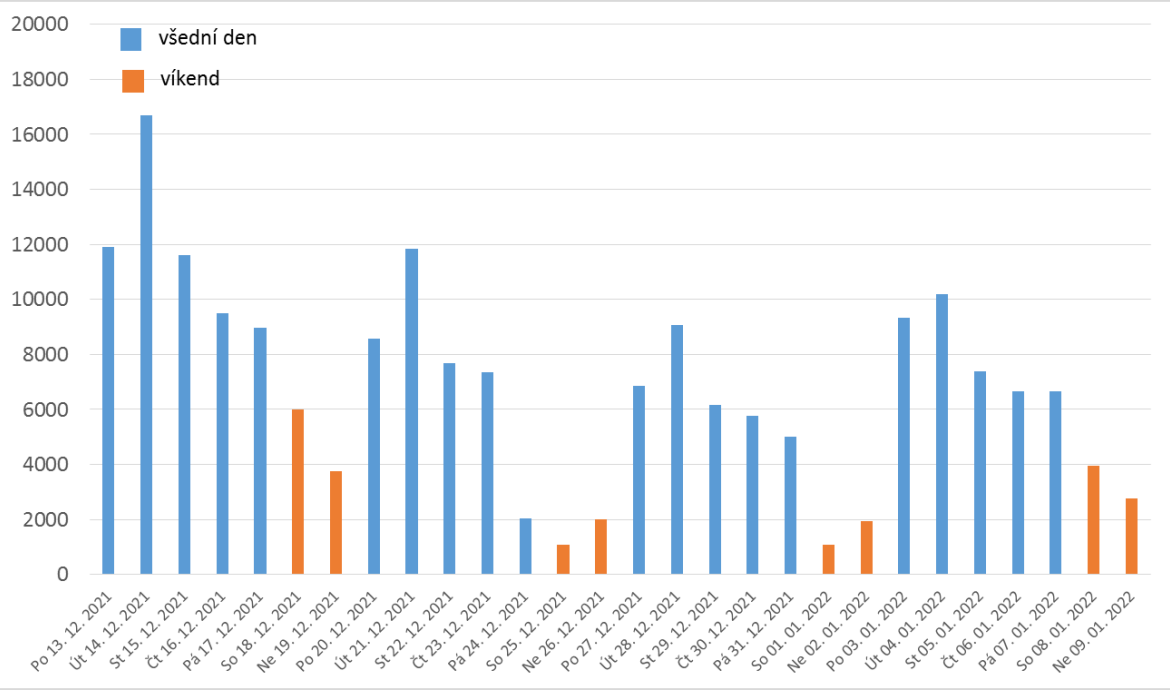
- V období od 2. 1. do 9. 1. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 26 275 provedených testů diskriminační PCR ze 77 laboratoří.
- Za rok 2021 bylo k 10. 1. 2022 v ČR celogenomově sekvenováno 21 933 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 985 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 10. prosincem a 10. lednem.
- V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 27. 12. do 09. 01. 2022) zachyceno 82 759 případů SARS-CoV-2 pozitivních osob, s denním průměrem 5 911,4 případů, což představuje 14denní incidenci 773,3 na 100 000 obyvatel. Vývoj počtu případů v delším časovém horizontu zobrazují grafy 1 a 2. Za uvedené období bylo nahlášeno 3 187 hospitalizací. Celkový počet hospitalizací ke konci sledovaného období činí 2 229 osob, z toho 452 osob s vážným průběhem.
- Graf 3a zobrazuje 14denní přehled (tj. od 27. 12. 2021 do 09. 01. 2022) covid-19 hospitalizací s ohledem na vykázaná očkování a graf 3b zobrazuje 14denní přehled za stejné časové období u osob hospitalizovaných na jednotce intenzivní péče (JIP).
- Covid-19 a týdenní přehled hospitalizací a hospitalizací na JIP s ohledem na vykázaná očkování a věkové skupiny je uveden v grafech 4a a 4b (od 03. 01. 2022 do 09. 01. 2022).

Souhrn

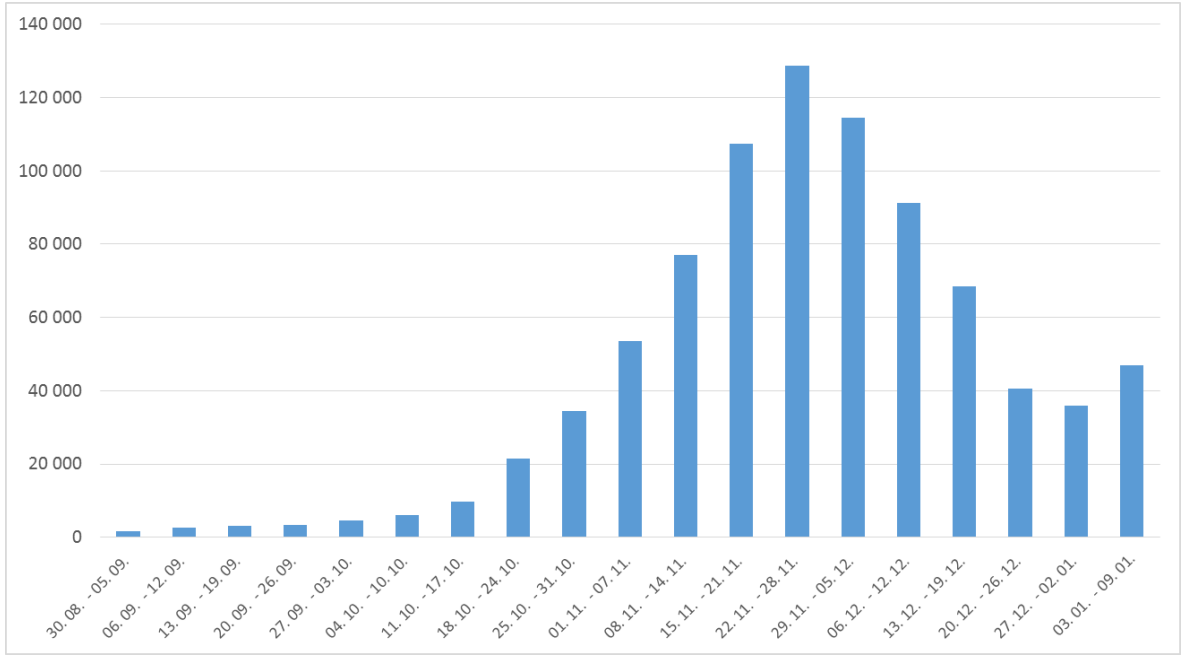
- U očkování se hodnotilo jako úplné základní očkování: více než 14 dní po 2. dávce dvoudávkové vakcíny nebo více než 14 dní po jednodávkové vakcinaci. Zdrojem dat v grafech 3 a 4 jsou otevřené datové sady covid-19 v ČR (https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/api/v2/covid-19).
- Nejvyšší 7denní incidence covid-19 je aktuálně hlášena v okresech Praha-západ, Praha, Praha-východ a Česká Lípa, podrobně uvádí situaci graf 5. Na grafu 5a je vidět aktuální situace v porovnání se stavem před 7 dny, viz graf 5b.
- V ČR bylo za posledních 14 dní (tj. od 27. 12. do 09. 01. 2022) provedeno celkem 881 500 testů na covid-19, z toho 648 292 PCR a 233 208 antigenních testů (graf 6); pozitivitu PCR testů ze všech provedených PCR testů na covid-19 zobrazuje graf 7.

Epidemiologický přehled

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

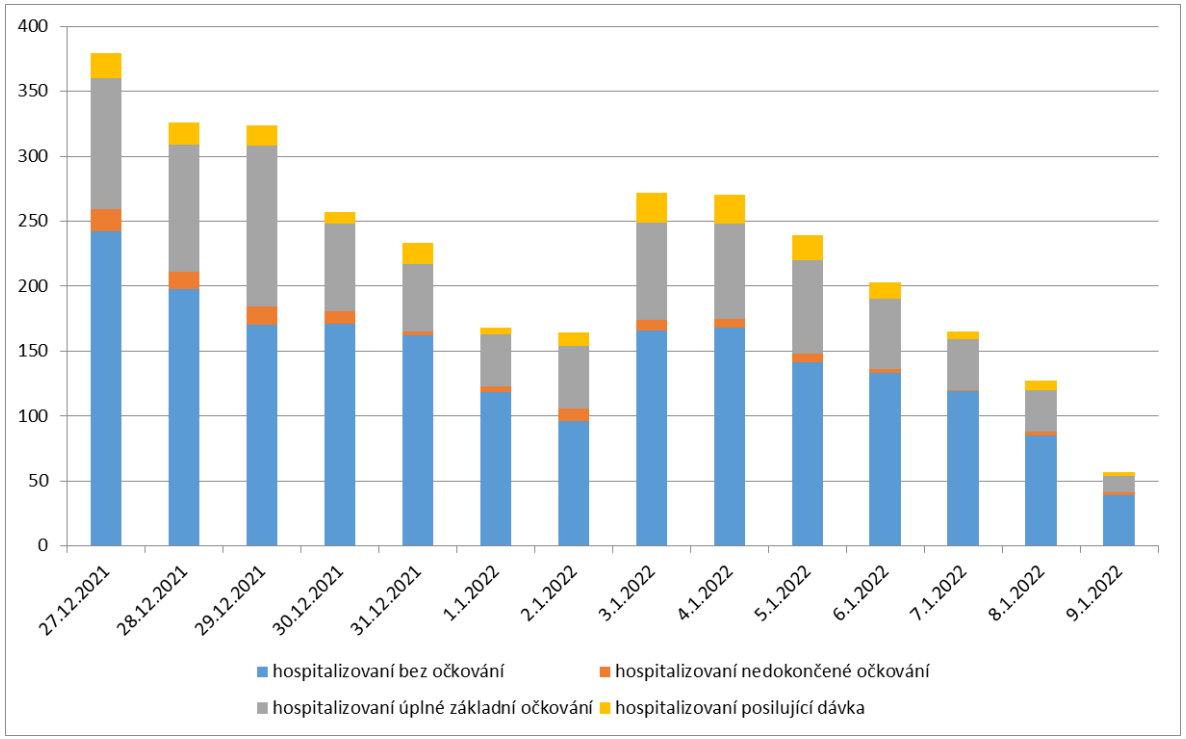


Graf 2: Týdenní počty případů covid-19 od 30. 08. 2021 do 09. 01. 2022

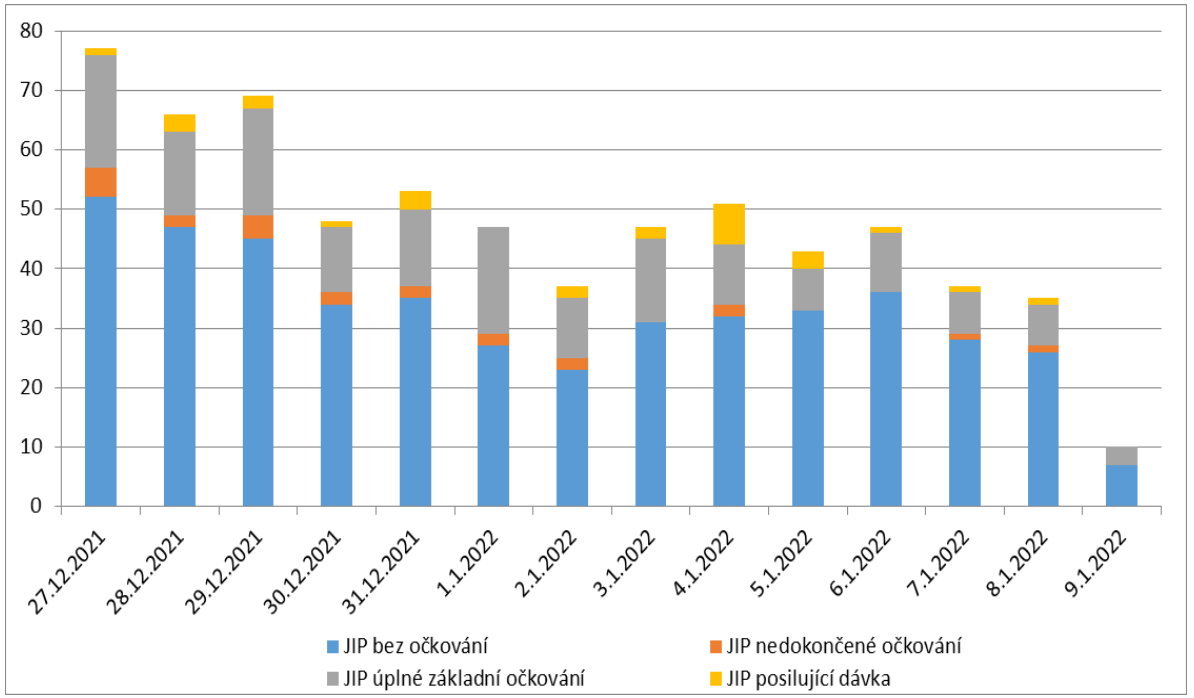


Epidemiologický přehled

Graf 3a: Počty případů covid-19 hospitalizovaných za posledních 14 dní dle stavu očkování

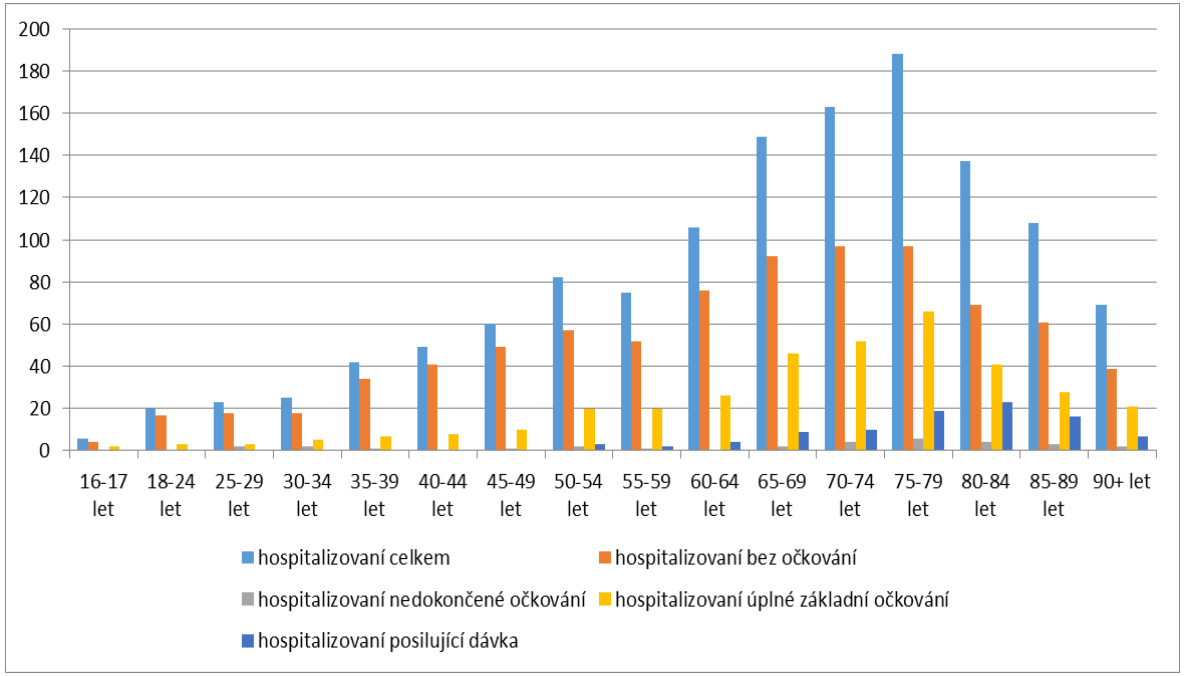


Graf 3b: Počty případů covid-19 hospitalizovaných na JIP za posledních 14 dní dle stavu očkování

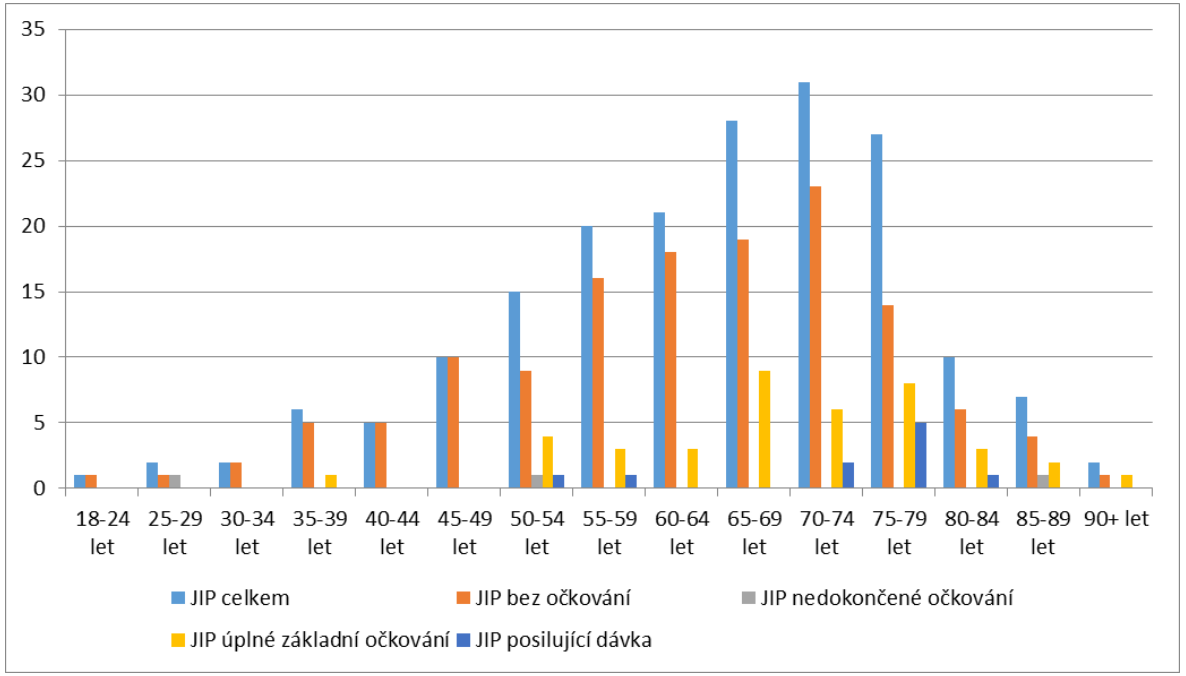


Epidemiologický přehled

Graf 4a: Covid-19 a týdenní přehled hospitalizací s ohledem na vykázaná očkování a věkové skupiny (od 03. 01. 2022 do 09. 01. 2022)

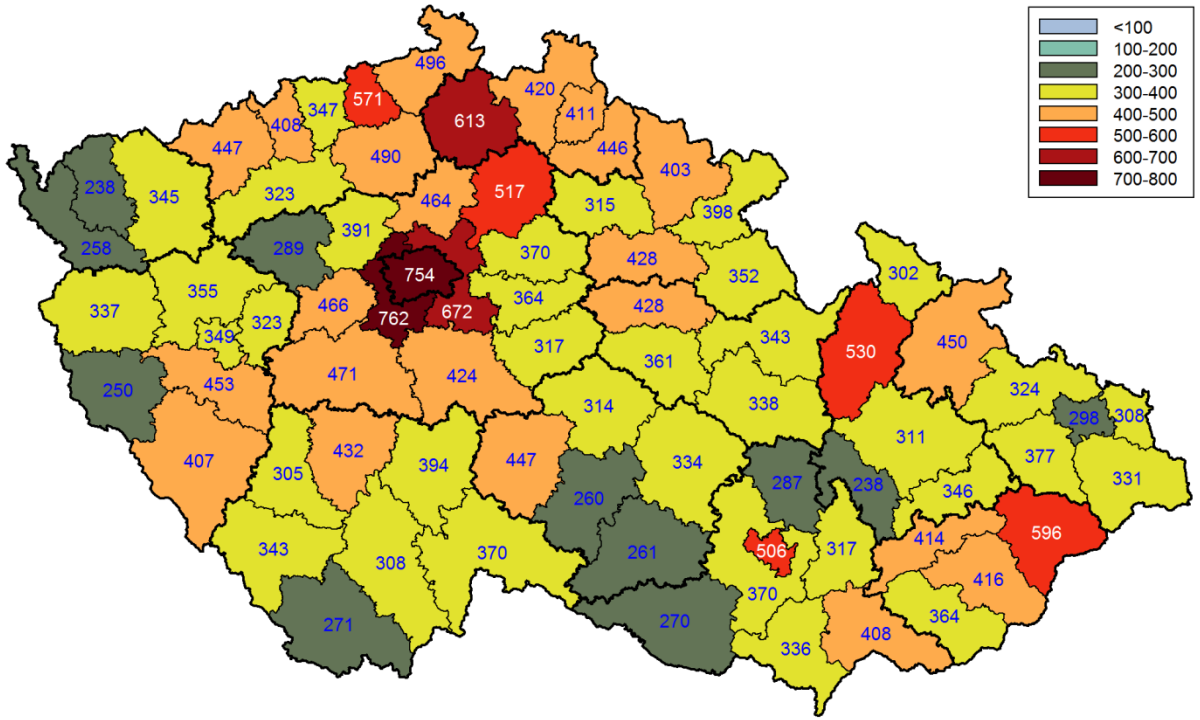


Graf 4b: Covid-19 a týdenní přehled hospitalizací na JIP s ohledem na vykázaná očkování a věkové skupiny (od 03. 01. 2022 do 09. 01. 2022)

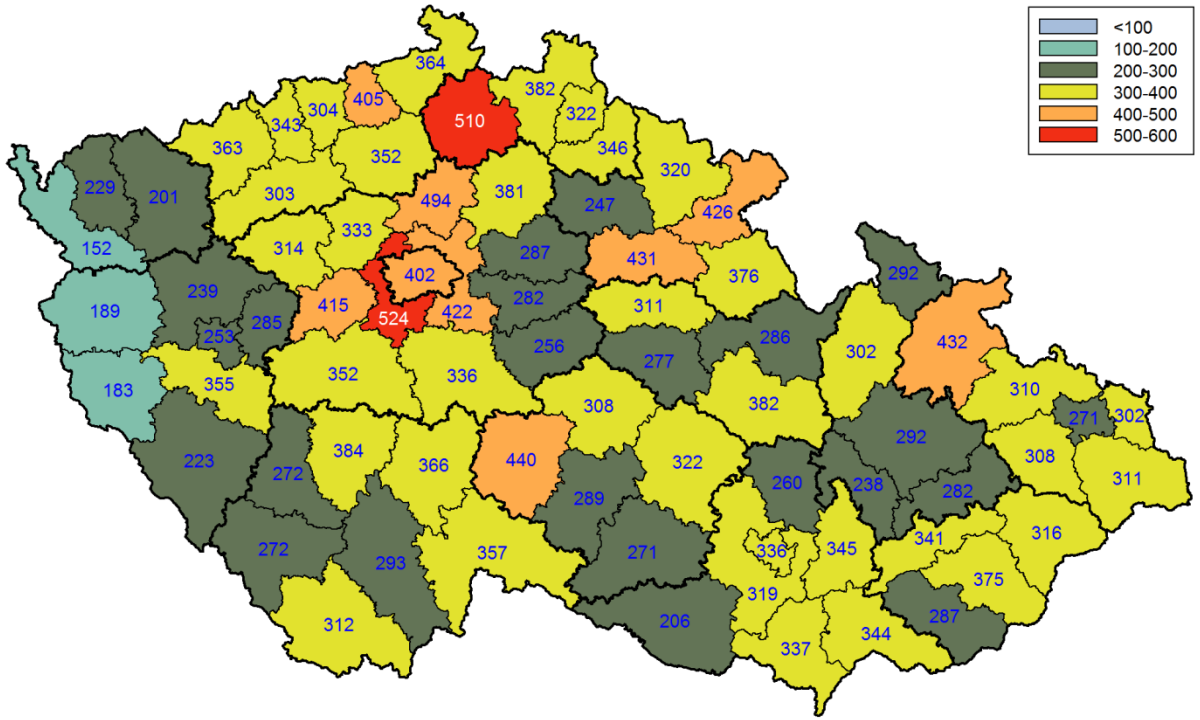


Epidemiologický přehled

Graf 5a: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 9. 1. 2022

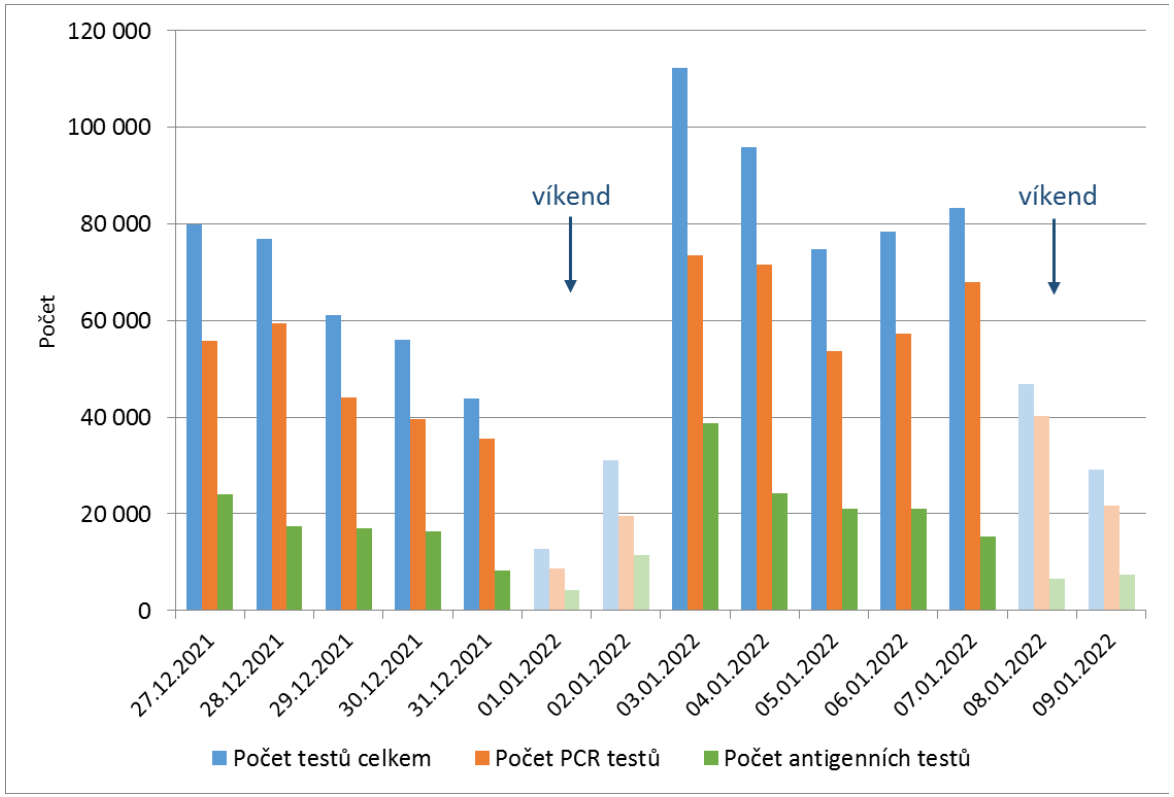


Graf 5b: 7denní incidence na 100 000 obyvatel covid-19 dle okresů ke dni 2. 1. 2022

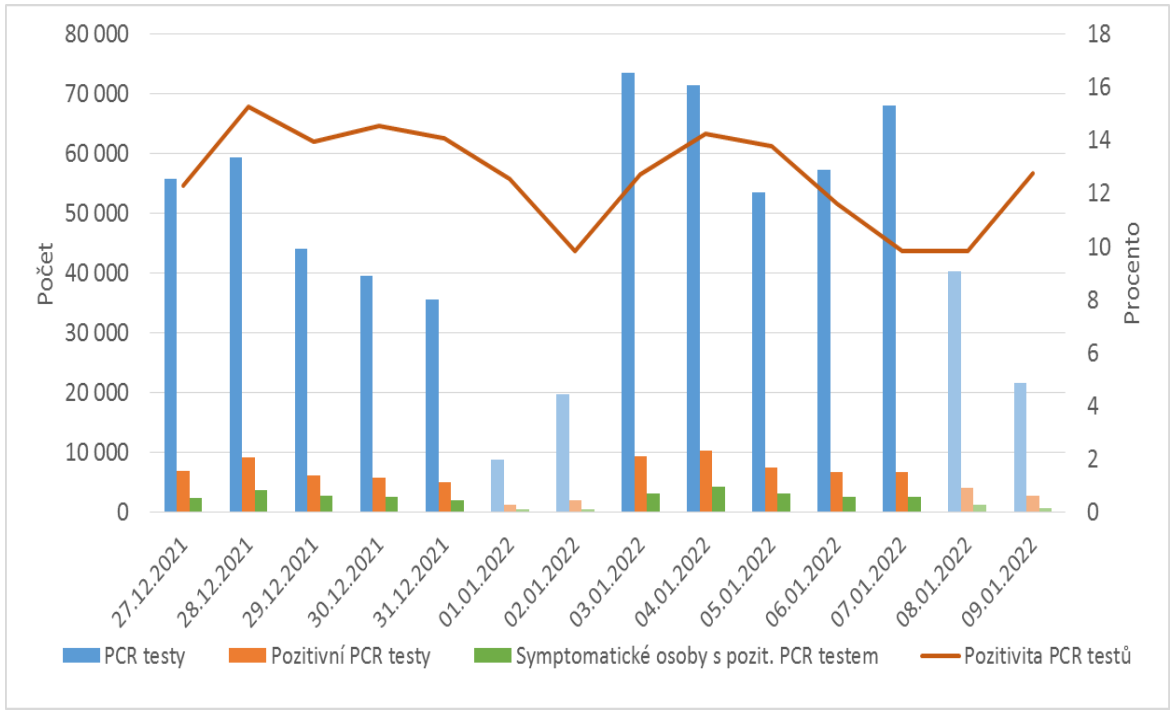


Epidemiologický přehled

Graf 6: Počty provedených testů na covid-19 za období posledních 14 dní



Graf 7: Počty provedených PCR testů na covid-19 a jejich pozitivita za období posledních 14 dní



Vyhodnocení dat z diskriminační PCR

V období od 2. 1. do 9. 1. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 26 275 provedených testů diskriminační PCR ze 77 laboratoří.

Tabulka 1: **Přehled zachycených mutací**

Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
A570D+	3	3 943	0,08 %	alfa, delta + A570D
E484K+	120	11 650	1,03 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+	11 728	19 173	61,18 %	delta, delta+
L452R- a K417+ a N501Y+ a del69_70+ nebo Y505H, nebo S371L nebo S373P	9659	z celého souboru	Odhad cca 40% případů (L452R neg.)	Suspektní omikron

Suspektní omikron dle diskriminační PCR

Tabulka 2.:

Datum	Celkový počet případů	Suspektní omikron	% záchytů
9. 1. 2022	299	235	78,59%
8. 1. 2022	2025	584	56,97%
7. 1. 2022	2 927	1 310	44,75%
6. 1. 2022	956	439	45,9%
5. 1. 2022	3 206	1 239	38,64%
4. 1. 2022	4 649	1 625	34,9%
3. 1. 2022	7 021	1 917	27,3%
2. 1. 2022	1 964	558	28,4%
1. 1. 2022	372	117	31,4%

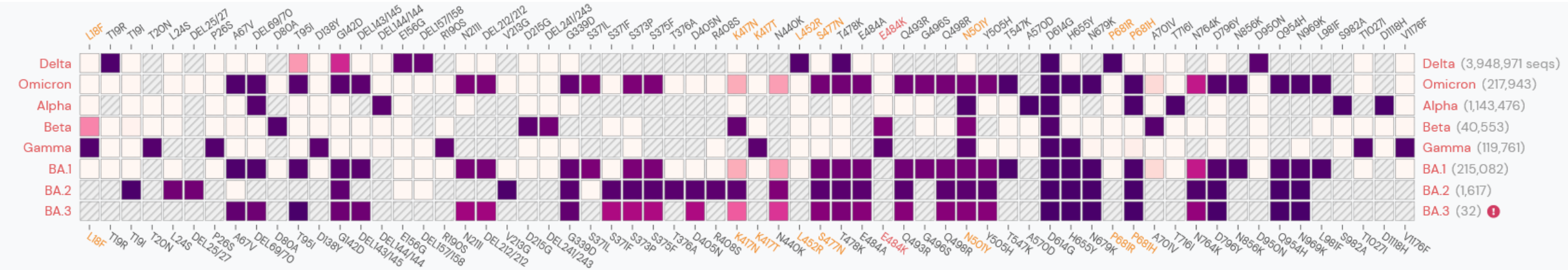
Odborná doporučení NRL. Diskriminační PCR

Diskriminační PCR:

- Dle mimořádného opatření MZČR všechny symptomatické pozitivní případy SARS-CoV-2 musí být konfirmovány diskriminační PCR
- Pro první orientaci je možno vycházet pouze z negativity L452R, v tomto případě je třeba pamatovat, že vzorky vykazující vyšší Ct hodnoty mohou být ve stanovovaní L452R falešně negativní.
- Pouze negativita delece 69_70 nemusí znamenat vyloučení varianty omikron, ale může se jednat o subvariantu BA.2.
- Suspektní omikron doporučujeme určovat na základě negativity L452R a jedné z těchto pozitivních mutací: N501Y, P681H, Del69_70, K417N nebo S371L pozitivní S373P, E484A pozitivní, Y505H pozitivní, T547K pozitivní.

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

Matice mutací: jsou zahrnuty i varianty BA.1, BA.2, BA.3
Zdroj: outbreak.info



Doporučení NRL – celogenomová sekvenace

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:

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

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

Do jména sekvence uvádět vždy akronym laboratoře:

GHC	GHC
BP	Bioptická laboratoř
KNL	Krajská nemocnice Liberec
FNP	Fakultní nemocnice Plzeň
FNHK	Fakultní nemocnice Hradec Králové
FNO	**Fakultní nemocnice Ostrava**
CSQ	Fakultní nemocnice Brno

Například:

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

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

Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace 10. 12. – 10. 1. 2022

Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

Za rok 2021 bylo k 10. 1. 2022 v ČR celogenomově sekvenováno 21 933 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 985 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 10. prosincem a 10. lednem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty delty - AY.4, AY.43, AY.122. Podíl subvarianty AY.4 v tomto období činí 23,65 **%**, podíl AY.43 je 19,90 %, podíl AY.122 je 12,49 %. Varianta omikron má v tomto období podíl 12,39 %. Podíl dalších subvariant vyskytujících se v ČR dle dat z WGS činí méně než pět procent každá. Celkový přehled všech sekvenovaných variant v tomto období ukazuje tabulka 3. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 8.
Pozn.: data ze sekvenací jsou k dispozici za cca 1-3 týdny od data odběru.

Přehled WGS detekovaných variant (5+ detekcí) SARS-CoV-2 v ČR od 10. 12. do 10. 1. 2022

Tabulka 3:

Varianta	celkem	podíl	Dle WHO
AY.4	233	23,65 %	Delta+
AY.43	196	19,90 %	Delta+
AY.122	123	12,49 %	Delta+
BA.1	122	12,39 %	Omikron
AY.121	47	4,77 %	Delta+
AY.126	41	4,16 %	Delta+
AY.7.1	29	2,94 %	Delta+
AY.127	18	1,83 %	Delta+
AY.20.1	16	1,62 %	Delta+
AY.98.1	15	1,52 %	Delta+
AY.4.2.3	14	1,42 %	Delta+
AY.113	13	1,32 %	Delta+
AY.119	12	1,22 %	Delta
AY.116	11	1,12 %	Delta+
AY.102	9	0,91 %	Delta+
AY.36	9	0,91 %	Delta+
AY.42	7	0,71 %	Delta+
AY.9.2	7	0,71 %	Delta+
AY.46	7	0,71 %	Delta+
B.1.617.2	7	0,71 %	Delta
AY.46.6	6	0,61 %	Delta+
AY.4.2	6	0,61 %	Delta+
AY.4.6	5	0,51 %	Delta+
AY.125	5	0,51 %	Delta+

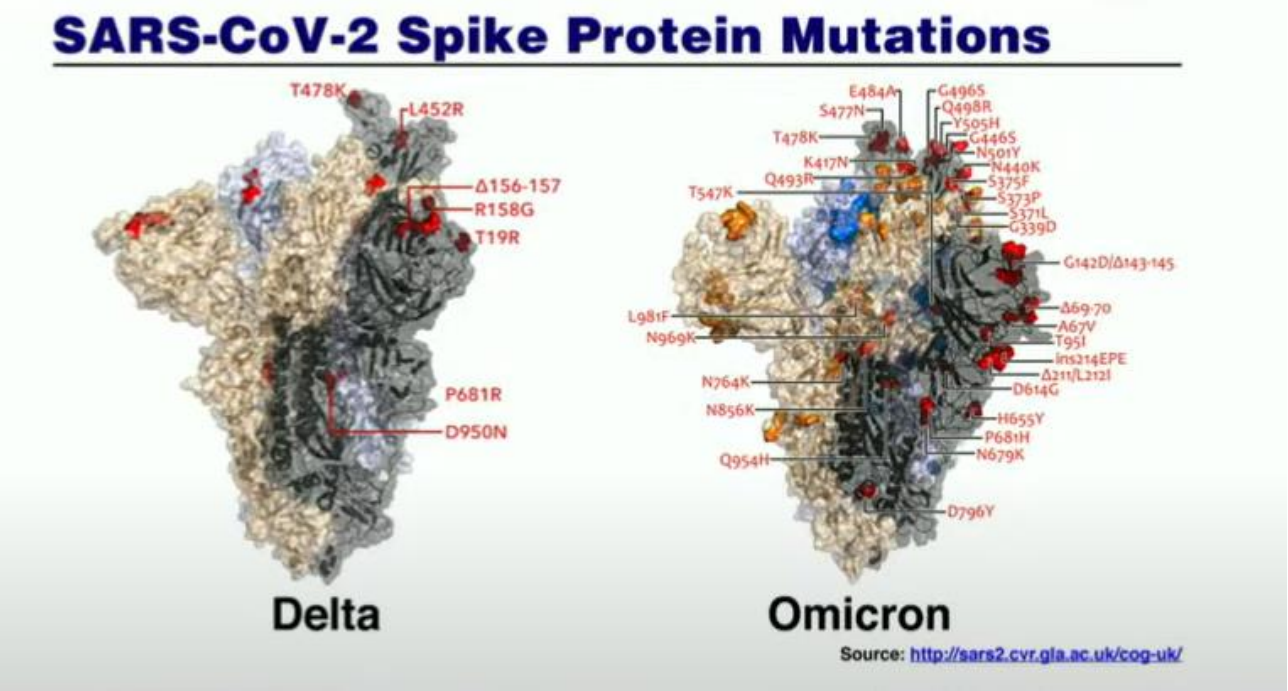
VOC omikron – BA.1 I.

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**,

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

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

COVd - Česká Republika (cas.cz)

Projekt COVd ukazuje linie viru SARS-CoV-2 v přehledném grafu:
https://virus.img.cas.cz/lineages

Porovnání účinnosti vakcinace po druhé (obr. 1) a třetí dávce (obr. 2)

Zdroj: medRxiv preprint doi: https://doi.org/10.1101/2022.01.07.22268919

Figure 1. Vaccine effectiveness of 2-dose mRNA-1273 against omicron and delta variants by time since vaccination

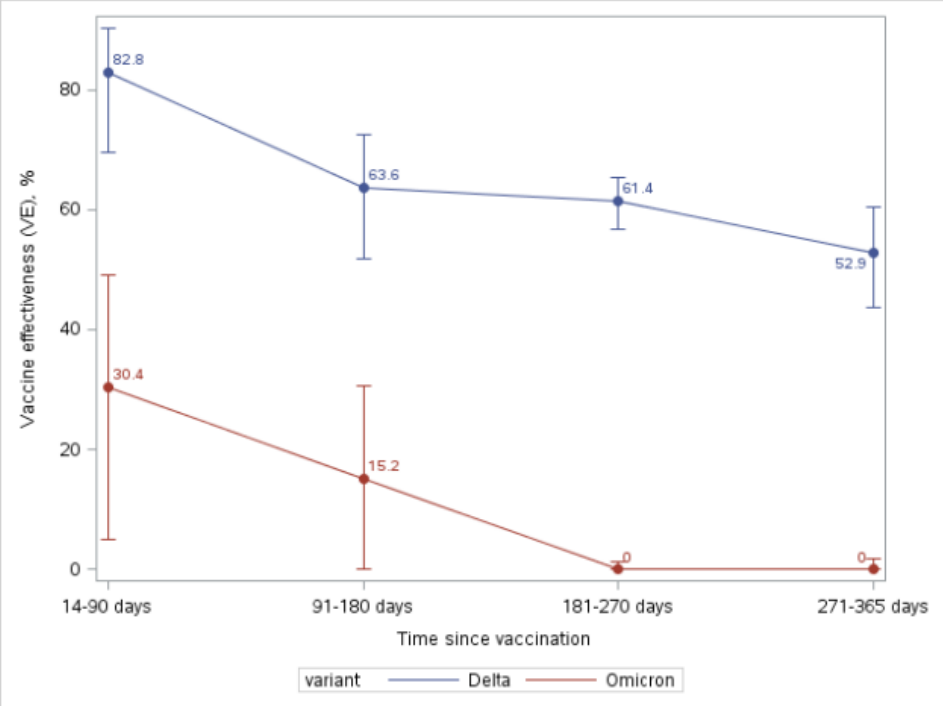
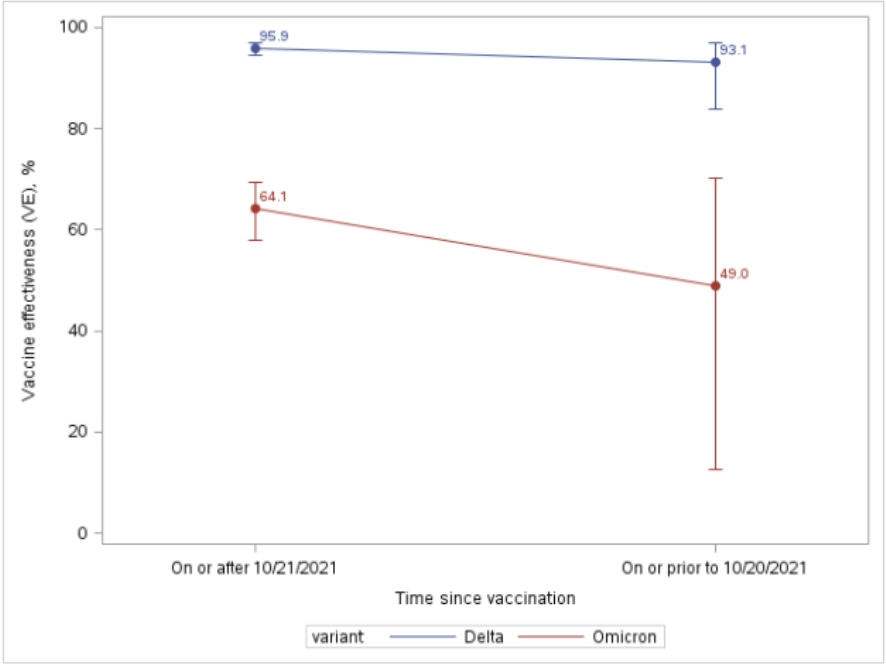


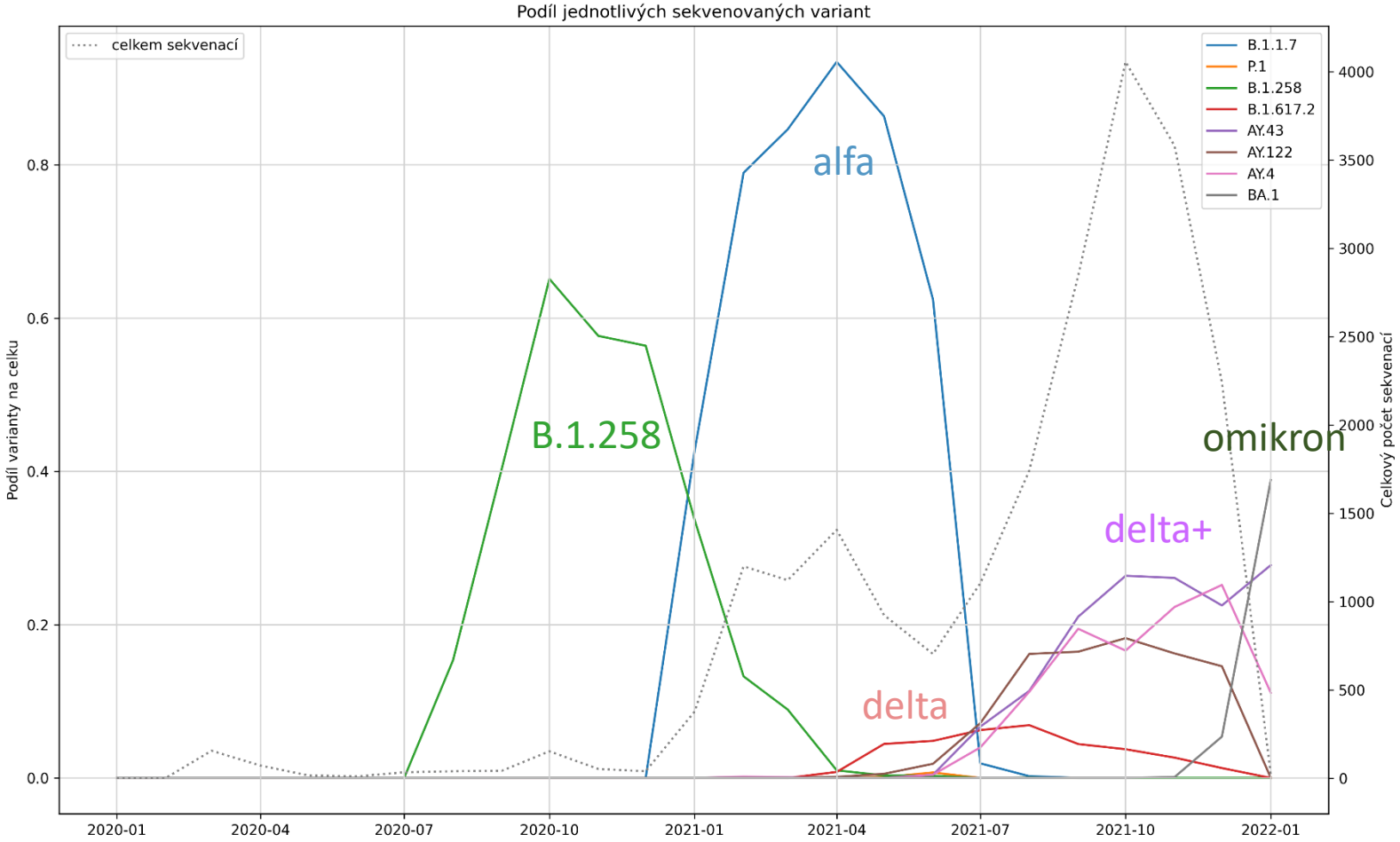
Figure 2. Vaccine effectiveness of 3-dose mRNA-1273 against omicron and delta variants by time since vaccination among immunocompetent population



Typ vakcíny nebyl rozlišován, selhání vakcinace vyhodnoceno na základě PCR pozitivity.

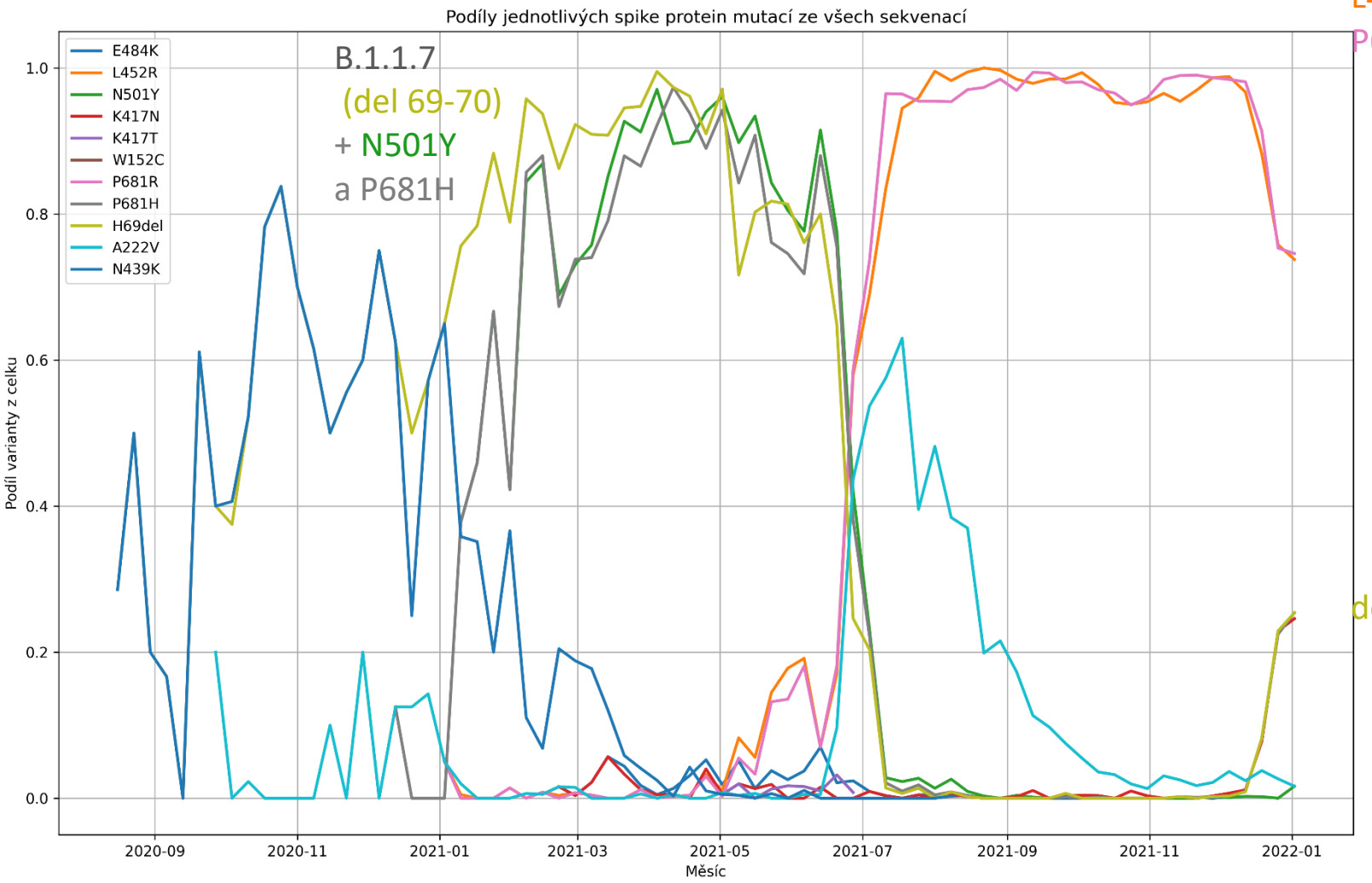
Podíl sekvenovaných variant SARS-CoV-2 dominantních v ČR od ledna 2021 do prosince 2021

Graf 9: Přehled významných sekvenovaných variant v ČR jako podíl z celku



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

Graf č. 10:



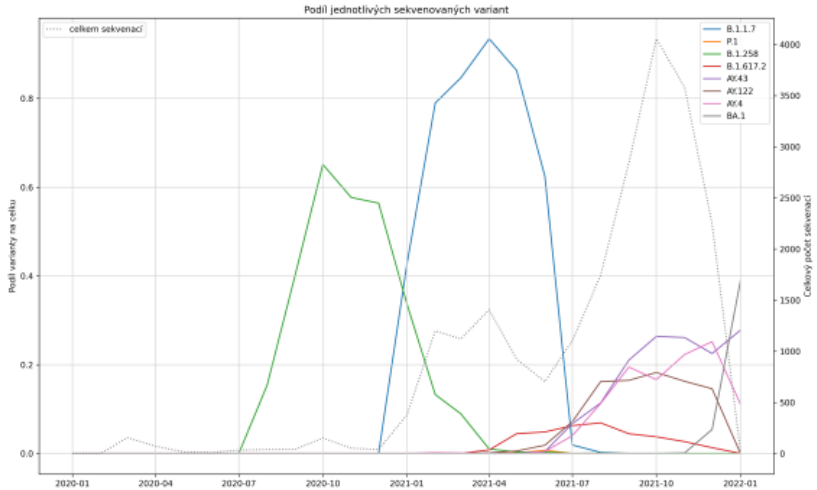
B.1.617.2.x
L452R
P681R

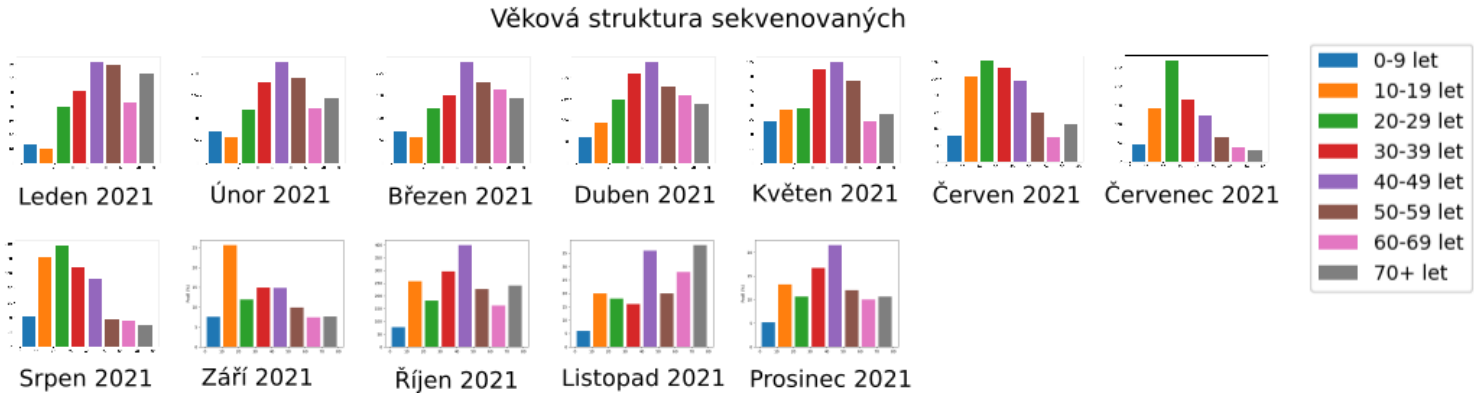
del 69-70

Věková struktura sekvenovaných v kontextu převažujících variant

Graf. č. 11: Věková struktura ve vztahu k osekvenovaným vzorkům

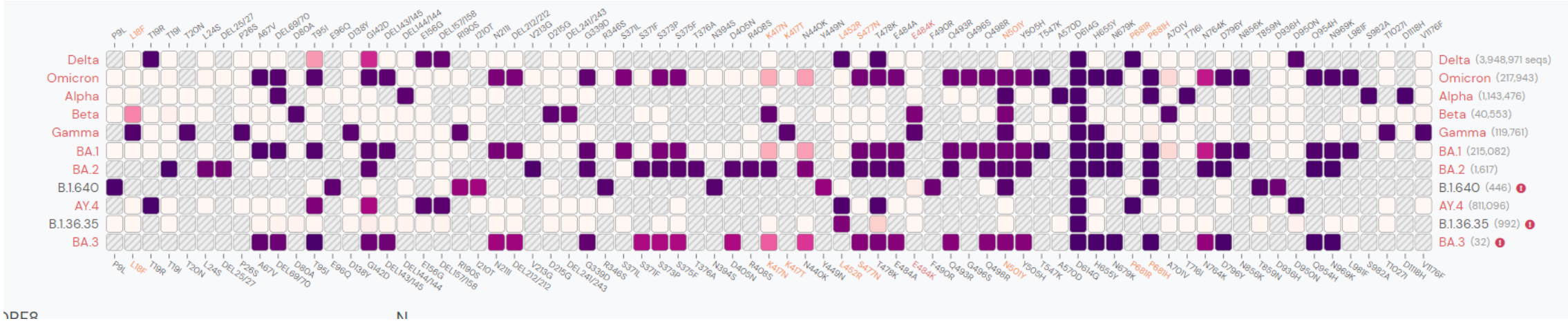
V měsících lednu až květnu dominantní věková skupina 40 – 49 let byla od června nahrazena dominující skupinou 20 – 29 let, přičemž od srpna 2021 pozorujeme nárůst i mladších věkových skupin, především 10 – 19 let. V říjnu a prosinci jsou ve věkových skupinách sekvenovaných opět více zastoupeny skupiny 30 – 39 a 40 – 49 let. V listopadu pak zaznamenáváme nárůst mezi nejvyššími věkovými skupinami. Tento jev neodpovídá věkové distribuci v případě sledování pozitivity PCR testů, ale je definice vzorků určených k sekvenaci a tedy algoritmu ÚZIS použitého k vyhodnocení.





Varianta B.1.640

Varianta byla poprvé detekována v lednu 2021 v Kongu, na podzim byla zařazena jako monitorovaná varianta (VUM) a koncem prosince 2021 byl detekován rodinný výskyt bez návaznosti na import v Královehradeckém kraji. Varianta je zastoupením a počtem mutací a blíže k variantě alfa a v současnosti není důvod k obavám z významnějšího rozšíření.



Závěr

• Epidemiologická situace se v současnosti mírně zhoršuje.

• Varianta omikron se přenáší s vyšší účinností a dle dat v ČR začala převažovat nad 50% případů 8. 1. 2022. Podíl detekcí varianty omikron ke dni 9. 1. 2022 odpovídá 78,59 %.

• V období od 2. 1. do 9. 1. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 26 275 provedených testů diskriminační PCR ze 77 laboratoří.

• Za rok 2021 bylo k 10. 1. 2022 v ČR celogenomově sekvenováno 21 933 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 985 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 10. prosincem a 10. lednem.

• Omikron: 134 potvrzených sekvenací (kumulativně - GISAID), 9 659 pozitivních diskriminačních PCR v ČR (2. 1. – 9. 1.). K 10. 1. 2021 je potvrzeno celosvětově 230 715 případů této varianty celogenomovou sekvenací.

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