



Podrobná zpráva ke dni 6. 6. 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:

Souhrn	Strana 2
Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 3
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat	Strana 4 – 9
Odkazy	Strana 10
Závěr	Strana 11

- V období od 29. 5. do 5. 6. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 178 hlášených testů diskriminační PCR ze 16 laboratoří.
- K 6. 6. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 42 802 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 366 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 6. květnem a 6. červnem.

V období od 29. 5. do 5. 6. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 178 hlášených testů diskriminační PCR ze 16 laboratoří.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací (plovoucí datový interval za posledních 8 dní z ÚZIS):

Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
A570D+	0	110	0,00 %	alfa, delta + A570D
E484K+	1	31	3,23 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a delta specifické mutace	12	142	8,45 %	delta, delta+, BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu (např. BA.1.19)
L452R-	130	142	92,55 %	Omikron (BA.1/BA.2)

Dle dat z diskriminační PCR zcela dominuje varianta omikron.

Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace (WGS):

K 6. 6. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 42 802 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 366 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 6. květnem a 6. červnem.

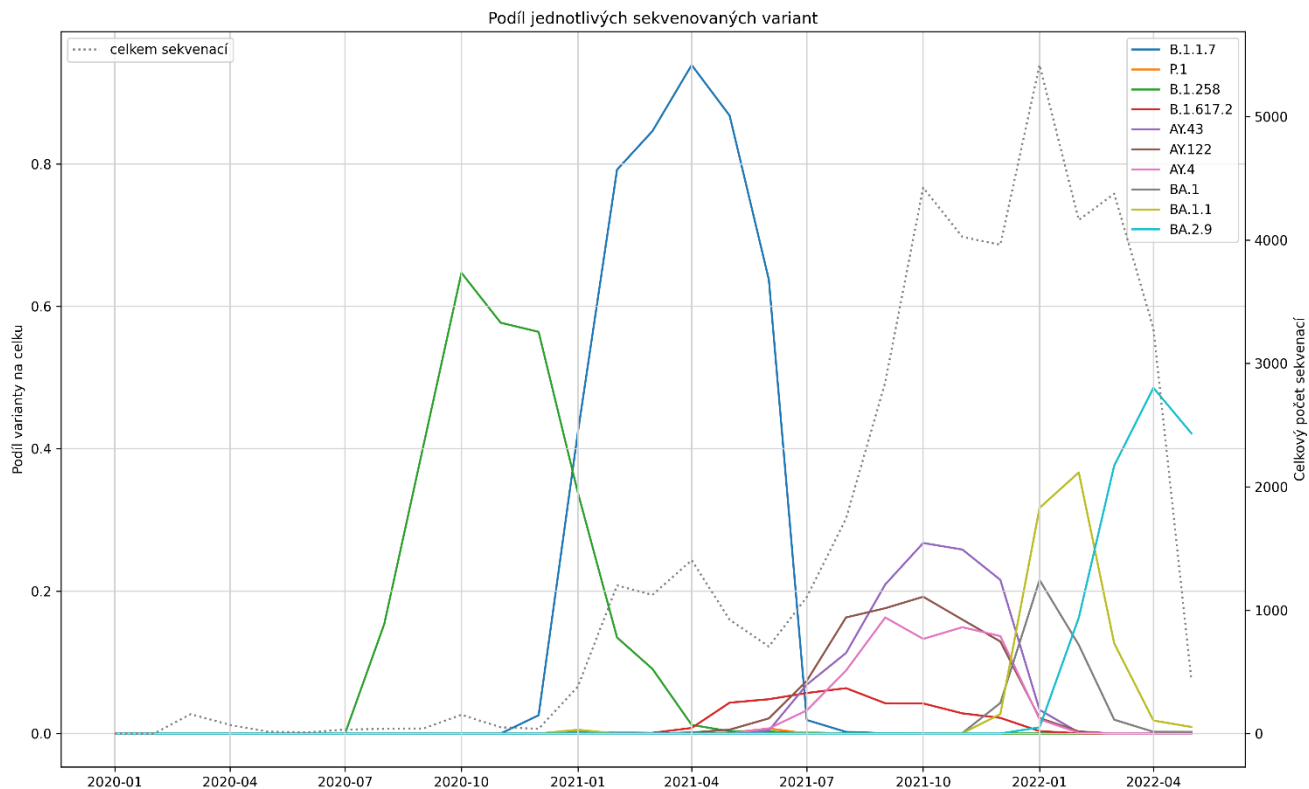
Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant zobrazuje graf 8.

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 6. 5. 2022 – 6. 6. 2022

Varianta	celkem	podíl	Dle WHO
BA.2.9	174	47,54 %	omikron
BA.2	156	42,62 %	omikron
BA.2.3	9	2,46 %	omikron
BA.5	7	1,91 %	omikron
BA.2.18	6	1,64 %	omikron
BA.2.25.1	2	0,55 %	omikron
BA.2.3.2	2	0,55 %	omikron
BA.2.12	2	0,55 %	omikron
BA.2.1	2	0,55 %	omikron
BA.4	2	0,55 %	omikron
BA.2.12.1	2	0,55 %	omikron
BA.2.5	1	0,27 %	omikron
BA.2.13	1	0,27 %	omikron
Celkem	366	100 %	

Dle dat ze sekvenací zcela převažuje varianta omikron.

Graf 1: Přehled významných sekvenovaných variant v ČR jako podíl z celku

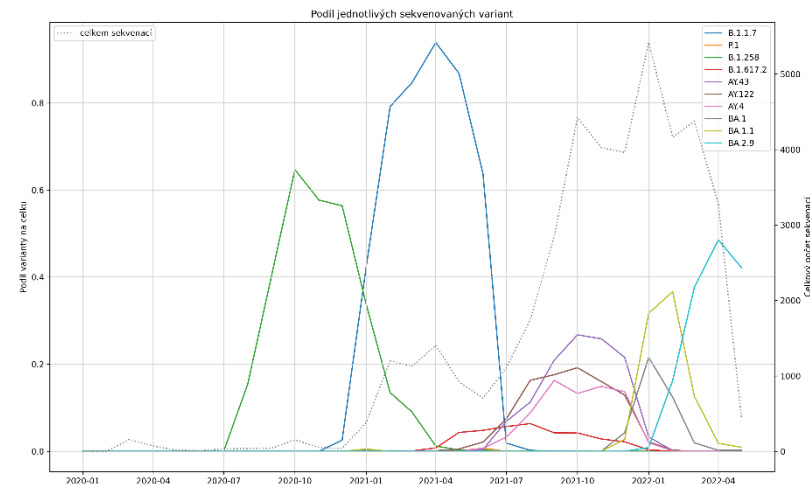


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení varianty BA.2.9. Přerušovaná čára zobrazuje celkový počet sekvenací v ČR.

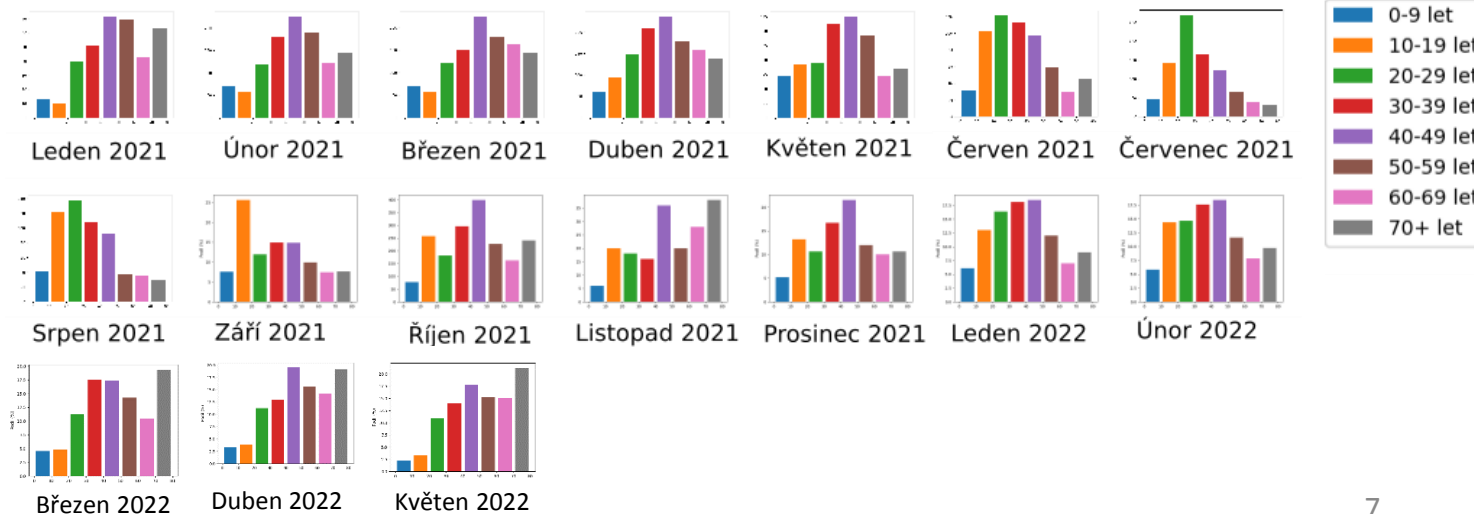
Graf 2: Věková struktura ve vztahu k sekvenovaným vzorkům

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. S nástupem omikronu pozorujeme nárůst sekvenovaných ve věkové kategorii 20 – 29 let, 30 – 39 let a 40 – 49 let.

V březnu i dubnu pak dochází k nárůstu v kategorii 70+ let. Tento jev neodpovídá věkové distribuci v případě sledování positivity PCR testů, ale je podle definice vzorků určených k sekvenaci a tedy algoritmu ÚZIS použitého k vyhodnocení.



Věková struktura sekvenovaných



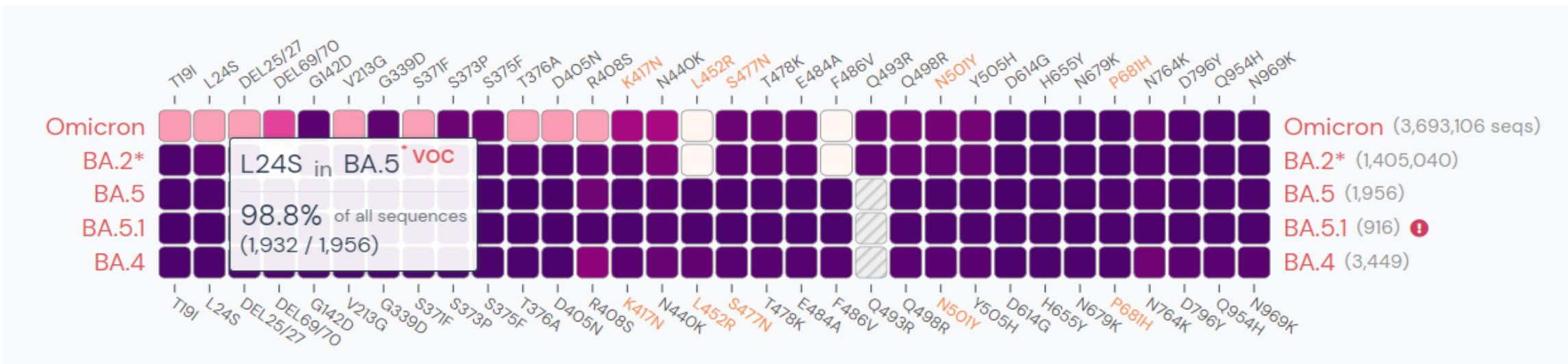
Sublinie omikronu BA.4 a BA.5

Tyto sublinie byly reklasifikovány z VOI (varianty zájmu) na VOC (varianty hodné obav). Tato reklasifikace souvisí s recentním vzestupem případů v Portugalsku. Ukazuje se, že za nárůstem případů je i mechanismus imunitního úniku (escape) u těchto subvariant.

Zdroj:

<https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/epidemiological-update-sars-cov-2-omicron-sub-lineages-ba4-and-ba5>

V ČR v současnosti evidujeme pouze 2 záchyty BA.4. Zároveň evidujeme 8 záchytů BA.5 (od počátku roku 2022). Obě linie se vyznačují přítomností substituce L452R, jsou tedy detekovatelné dostupnými PCR diskriminačními soupravami.



Portugal

Indicator summary

Cases, deaths and testing

Hospital and ICU

Vaccine uptake

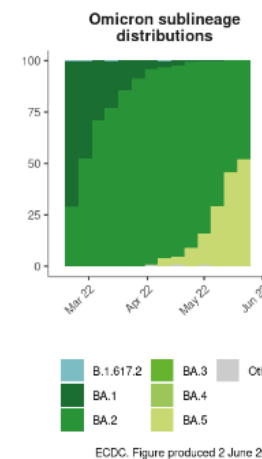
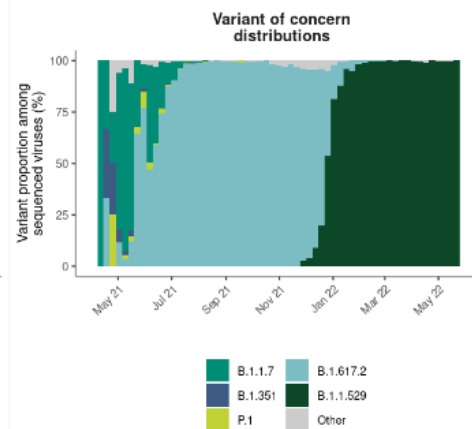
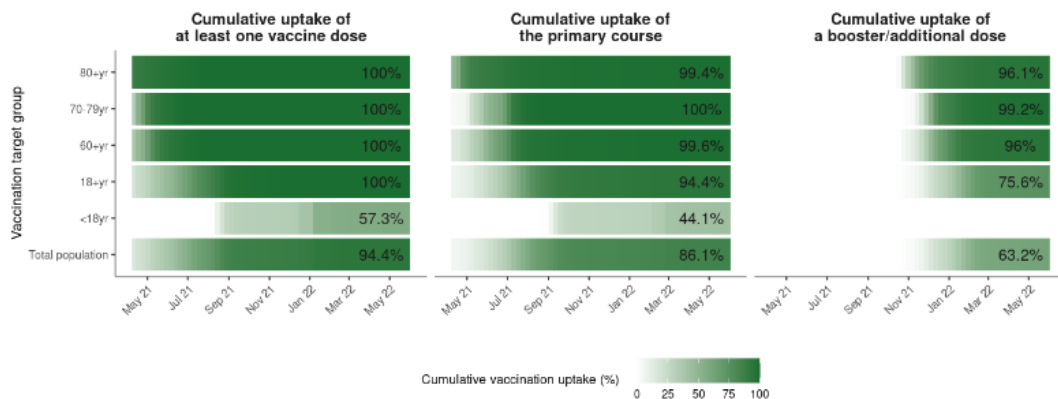
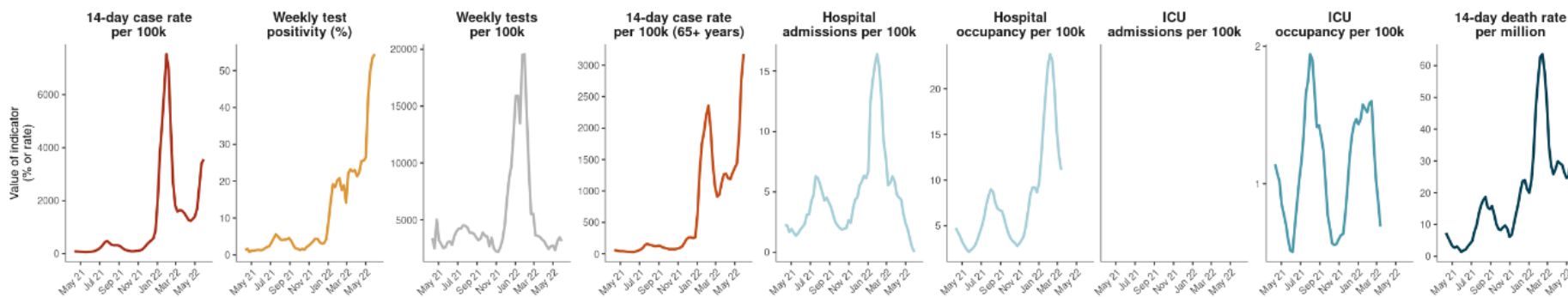
LTCF surveillance

Response measures

Subnational cases

Data completeness

Portugal: epidemiological indicators, vaccination uptake by age group and weekly variant distribution



Source: ECDC database compiled from public online sources: Hospital occupancy, ICU occupancy; TESSy COVID-19: 14 day case notification rate, Test positivity (%), Tests, 14 day case rate, Hospital admissions, 14-day death rate, Variants, Omicron sublineages, Vaccination uptake

ECDC. Figure produced 2 June 2022

- 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/antigenni-covid-testy)

- Seznam testů SÚKL

<https://www.sukl.cz/prehled-testu-k-diagnosticsce-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](#)

- V ČR zaznamenáváme první případy detekce varianty BA.5. Zda bude mít vliv na šíření viru, nebo na pozitivitu je zatím nepredikovatelné.
- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance stále probíhá a je stále potřeba zasílat pozitivní vzorky do sekvenačních center.
- Varianty BA.4 a BA.5 lze detekovat diskriminační PCR, v současné situaci lze konstatovat, že pozitivní záchyt L452R znamená detekci těchto variant.

Kolektiv autorů:

RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Moskalyk, Timotej Šuri, M.Sc.