



## Podrobná zpráva ke dni 22. 8. 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 – 8
Odpadní vody	Strana 9 - 10
Odkazy	Strana 11
Závěr	Strana 12

---

- V období od 15. 8. do 22. 8. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 811 hlášených testů diskriminační PCR z 17 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačního PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- K 22. 8. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 47 529 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 303 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 22. červencem a 22. srpnem. 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 1.

- V období od 15. 8. do 22. 8. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 811 hlášených testů diskriminační PCR z 17 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+	2	1 149	0,17 %	alfa, delta + A570D
E484K+	0	222	0,00 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
L452R+ a další omikron specifické mutace	1 383	1 423	97,19 %	Omikron (BA.4/BA.5)
L452R- a další omikron specifické mutace	40	1 672	2,81 %	Omikron (BA.1/BA.2)

**Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 22. 7. 2022 – 22. 8. 2022**

Varianty	Počet	Podíl
BA.5.1	90	29,70%
BA.5.2.1	51	16,83%
BA.5.2	44	14,52%
BE.1.1	30	9,90%
BA.2	28	9,24%
BA.5	16	5,28%
BE.1	10	3,30%
BA.4.1	6	1,98%
BF.5	5	1,65%
BA.5.3.1	4	1,32%
BF.1	4	1,32%
BA.4	3	0,99%
BF.7	2	0,66%
BA.2.12.1	1	0,33%
BA.2.18	1	0,33%
BA.4.2	1	0,33%
BA.4.6	1	0,33%
BA.5.1.2	1	0,33%
BA.5.1.3	1	0,33%
BA.5.1.5	1	0,33%
BA.5.2.3	1	0,33%
BA.5.3	1	0,33%
<b>Celkový součet</b>	<b>303</b>	

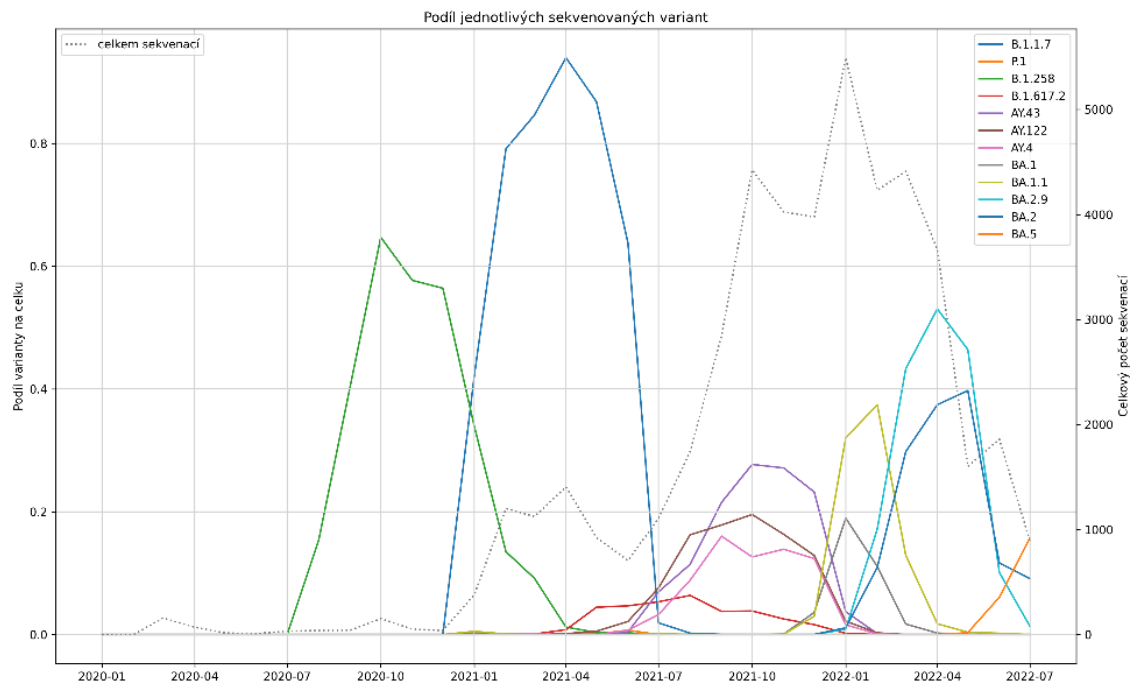
**Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenovaných variant v ČR za 22. 7. 2022 – 22. 8. 2022**

Souhrnné varianty	Počet	Podíl
BA.5.X	215	70,96%
BE.X	40	13,20%
BA.2.X	30	9,90%
BA.4.X	10	3,30%
BF.X	6	1,98%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

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

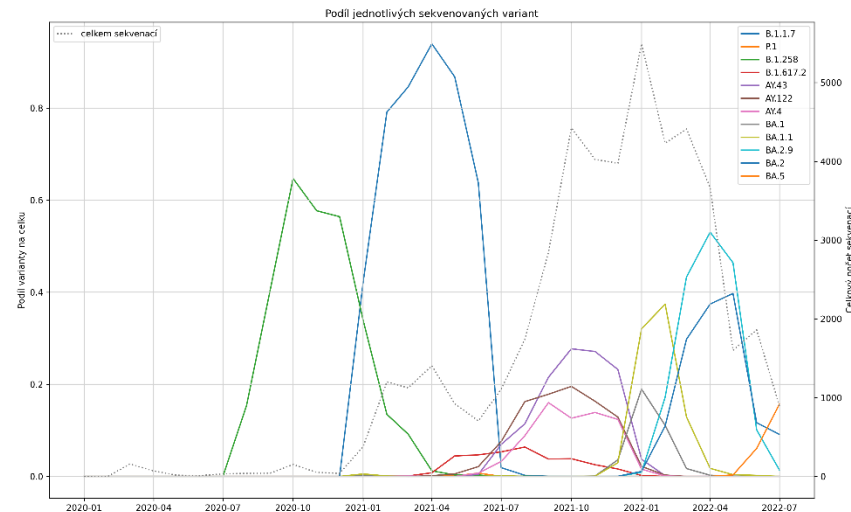


Graf zobrazuje střídání variant SARS-CoV-2 v ČR. Variantu B.1.258 (zelená) vystřídala na přelomu let 20/21 varianta alfa (modrá), dále v červenci nastupuje varianta delta a její subvarianty. Na přelomu let 21/22 se objevuje varianta omikron a její subvarianty. Tyrkysová linie představuje nárůst zastoupení varianty BA.2.9. Oranžová pak vzešup BA.5. Přerušovaná čára zobrazuje celkový počet sekvenací v ČR.

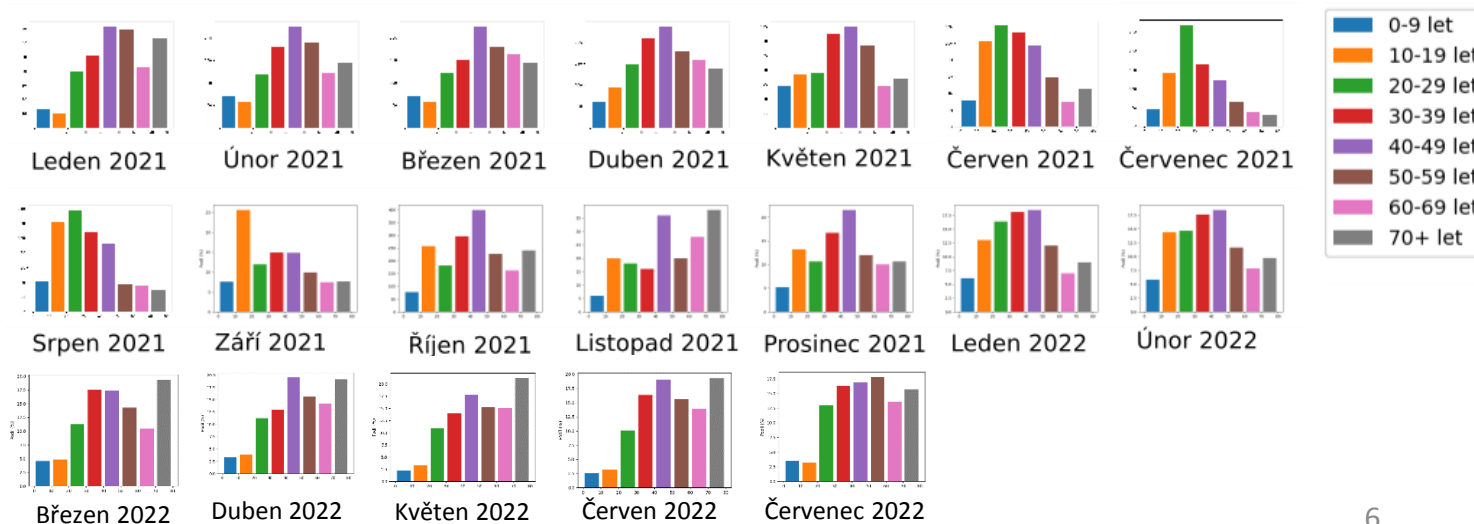
## Graf 2: Věková struktura ve vztahu k sekvenovaným vzorkům

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



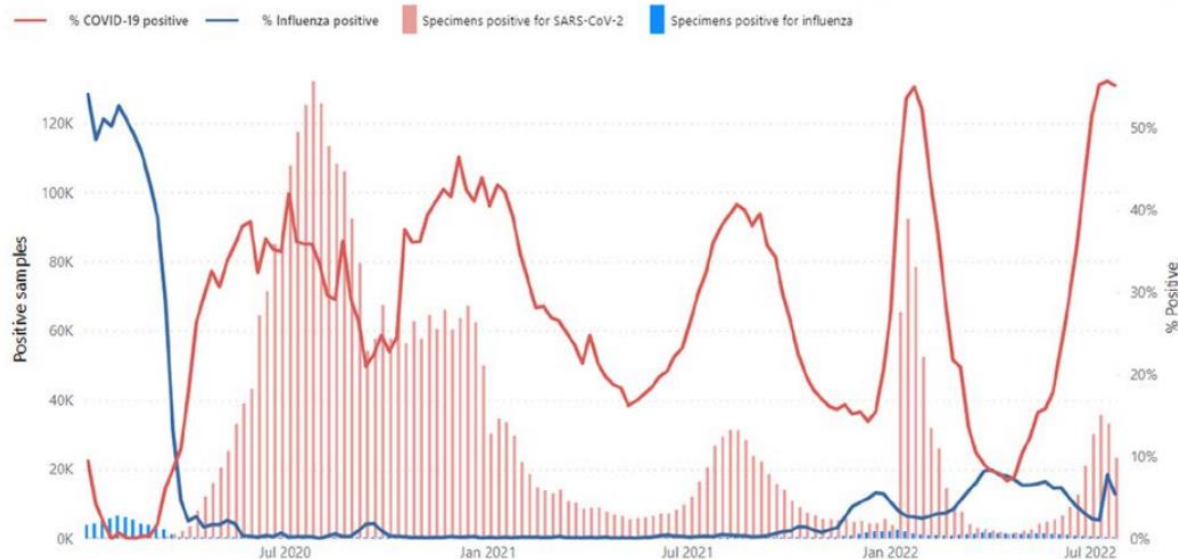
# Tabulární souhrn vlastnosti různých variant omikronu

Public health domain of impact	Omicron (B.1.1.529)	Omicron sublineages			
	Omicron (B.1.1.529)	BA.1	BA.2	BA.4	BA.5
<b>Transmissibility</b>	Growth advantage and increased transmissibility compared to Delta <sup>4</sup>	Lower growth rate compared to BA.2 <sup>1</sup> , BA.4 and BA.5 <sup>3</sup>	Lower growth rate compared to BA.4 and BA.5 <sup>1,2</sup>	Growth advantage compared to BA.2 <sup>2</sup>	Growth advantage compared to BA.4 <sup>2</sup>
<b>Disease severity</b>	Overall evidence suggests lower severity compared to Delta despite contrasting evidence. Earlier studies reported lower severity. <sup>4-10</sup> However, more recent studies report lower <sup>11</sup> or similar severity. <sup>12,13</sup>	No difference in disease severity compared to BA.2, BA.4 and BA.5 <sup>12</sup>	There is evidence, both in favor of lower severity <sup>14</sup> compared to BA.5 and in support of similar disease severity compared to BA.4 and BA.5 <sup>12</sup>	Currently available evidence does not suggest a difference in disease severity compared to BA.2 and BA.5 <sup>12</sup>	There is one preliminary study suggesting increased severity <sup>14</sup> compared to BA.2 while other studies suggests similar disease severity compared to BA.2 and BA.4 <sup>12</sup> . More evidence is needed to understand the disease severity
<b>Risk of reinfection</b>	Reduced risk of Omicron reinfection among individuals previously infected with a different SARS-CoV-2 variant compared to naïve individuals <sup>15,16</sup>	Reduced risk of reinfection with BA.1 after infection with BA.2 <sup>16</sup>	Reduced risk of reinfection following infection with BA.1 <sup>16</sup>	Varying evidence regarding risk of reinfection. One study reported protection against infection following previous BA.2 infection <sup>17</sup> while another reported reduced protection from reinfection. <sup>12</sup>	Varying evidence regarding risk of reinfection. One study reported protection against infection following previous BA.2 infection <sup>17</sup> while another reported reduced protection from reinfection.
<b>Impact on antibody responses</b>	Reduction in neutralizing activity reported as compared to other VOCs <sup>18-20</sup>	Lower neutralizing antibody titers compared to the index virus <sup>20</sup>	Lower neutralizing antibody titers compared to the index virus <sup>20</sup>	Lower neutralizing antibody titers compared to BA.1 <sup>21,22</sup>	Lower neutralizing antibody titres compared to BA.1 <sup>21-23</sup>
<b>Impacts on diagnostics</b>	PCR assays that include multiple gene targets maintain their accuracy to detect Omicron <sup>24</sup> ; S gene target failure/positivity (SGTF) may be a proxy for screening. Limited to no impact on sensitivity of Ag-RDTs observed <sup>25-28</sup>	S gene target failure	The majority will be S gene target positive	S gene target failure.	S gene target failure.
<b>Impact on treatments</b>	No difference in the effectiveness of antiviral agents (polymerase and protease inhibitors) against the Omicron variant <sup>29</sup> . Conserved neutralizing activity for three broadly neutralizing monoclonal antibodies (sotrovimab, S2X259 and S2H97) and a reduced effectiveness of other monoclonal antibodies <sup>30-33</sup>	Reduced efficacy of cilgavimab <sup>34</sup> and casirivimab-imdevimab <sup>35</sup>	Reduced neutralizing activity of sotrovimab, bamlanivimab, casirivimab, etesevimab, imdevimab and tixagevimab <sup>36</sup>	Reduced neutralizing activity of sotrovimab, bamlanivimab, casirivimab, etesevimab, imdevimab and tixagevimab. Increased resistance to cilgavimab compared to BA.2 <sup>36</sup>	Reduced neutralizing activity of sotrovimab, bamlanivimab, casirivimab, etesevimab, imdevimab and tixagevimab. Increased resistance to cilgavimab compared to BA.2 <sup>36</sup>
<b>Impact on vaccination</b>	Results of vaccine effectiveness (VE) studies should be interpreted with caution because estimates vary with the type of vaccine administered and the number of doses and scheduling (sequential administration of different vaccines). For further information, see the section Interpretation of the results of the VE for the Omicron variant				

Od roku 2019 až do května 2022 pozorujeme globálně útlum cirkulace virů chřipky s epidemickou vlnou v Evropském regionu s maximem v dubnu až květnu situovanou do epidemického minima SARS-CoV-2 (graf 1). Na jaře 2022 cirkuloval majoritně subtyp A/H3N2. Na jižní polokouli v červnu až srpnu je epidemie chřipky rovněž ve většině regionů charakterizována cirkulací viru chřipky A/H3N2. V Africkém regionu lze pozorovat souběh epidemických vln chřipky a SARS-CoV-2 (graf 2).

## Graf 1:

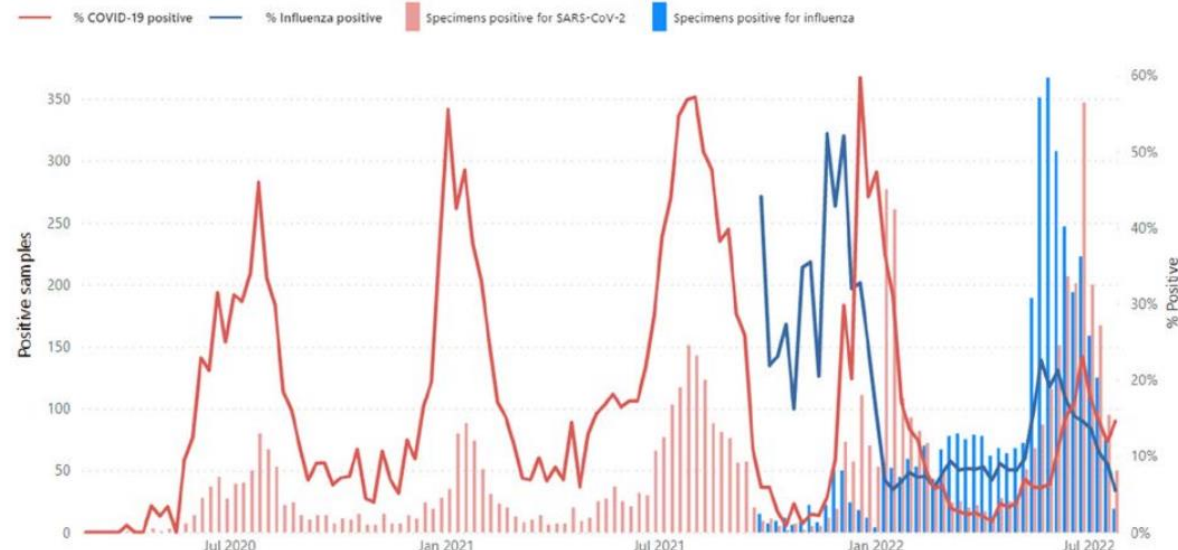
**Influenza and SARS-CoV-2 virus detections from sentinel surveillance reported to FluNet globally**



Data source: FluNet ([www.who.int/toolkits/flunet](http://www.who.int/toolkits/flunet)). Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)  
Data generated on 04/08/2022

## Graf 2:

**Influenza and SARS-CoV-2 virus detections from sentinel surveillance reported to FluNet from countries, areas and territories in the WHO African Region**



Data source: FluNet ([www.who.int/toolkits/flunet](http://www.who.int/toolkits/flunet)). Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)  
Data generated on 04/08/2022

## Influenza Update N° 425

8 August 2022, based on data up to 24 July 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)

- Seznam testů SÚKL

<https://www.sukl.cz/prehled-testu-k-diagnostics-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, dominuje varianta BA.5.1, BA.5.2 a BA.5.2.1. Dle sekvenačních dat momentálně převažují podtypy varianty omikron - BA.5 (více než 70 % sekvencí), dále subvarianta BE (více než 13 % sekvencí). Subvarianty omikronu BA.2.x, BA.4,x a BF.X se zatím v ČR neuplatňují. V Německu stoupá záchyt rekombinantní varianty BA.1 x BA.2 XAK, kterou jsme již v některých vzorcích detekovali v minulém sledovaném období, ale v současnosti nevidujeme záchyt této rekombinantní varianty. V některých diskriminačních PCR je možno na ni usuzovat na základě přítomnosti delece na pozici 69 ve spike proteinu. Tato rekombinantní varianta je nově zařazena mezi monitorované varianty.
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO, laboratoře dostanou vzorky 24. 8. 2022, pokud si nejste jisti, jak nahlásit výsledky, veškeré údaje pro přihlášení jsou podrobně popsány v příbalové informaci. Je distribuováno 6 vzorků. Jedná se o neinfekční materiál. Vzorky je možné distribuovat při +2 - +8 st. C, uchovávají by měly být při - 20 st. C. Důležité je minimalizovat opakovaný cyklus zamrazování.

*Kolektiv autorů:*

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