



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:

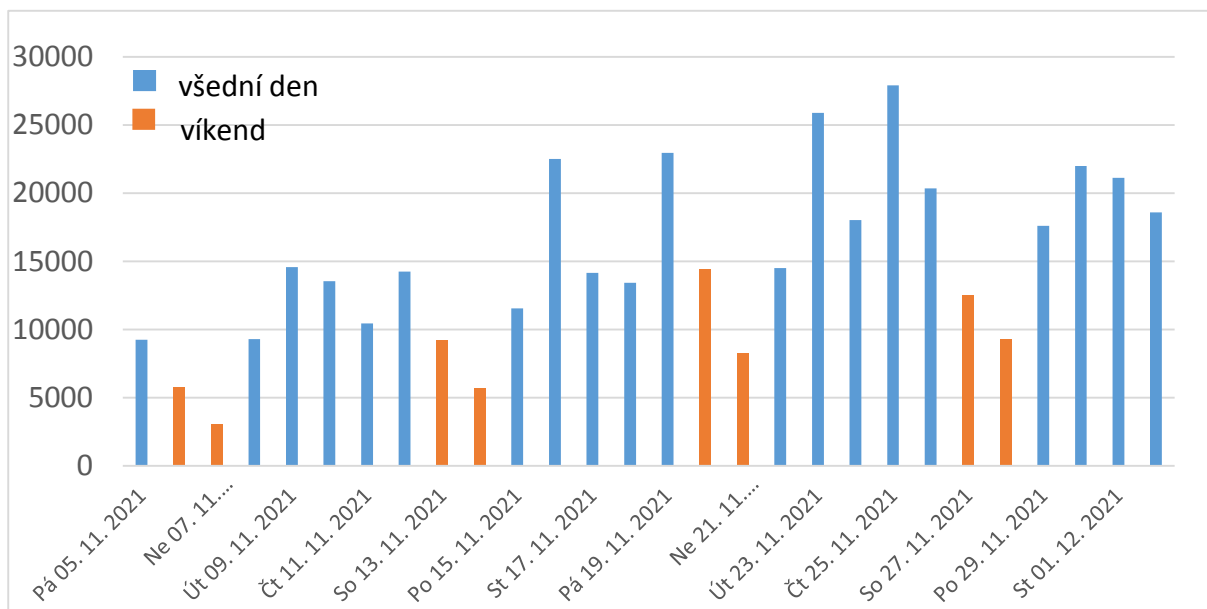
NRL pravidelně analyzuje data a poskytuje MZČR i laboratořím týdenní přehledový dokument, jehož cílem je monitorovat šíření variant SARS-CoV-2, které se na území ČR vyskytují, poskytovat informace o nových potenciálních i reálných rizicích v souvislosti s šířením a evolucí viru SARS-CoV-2, poskytovat 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:

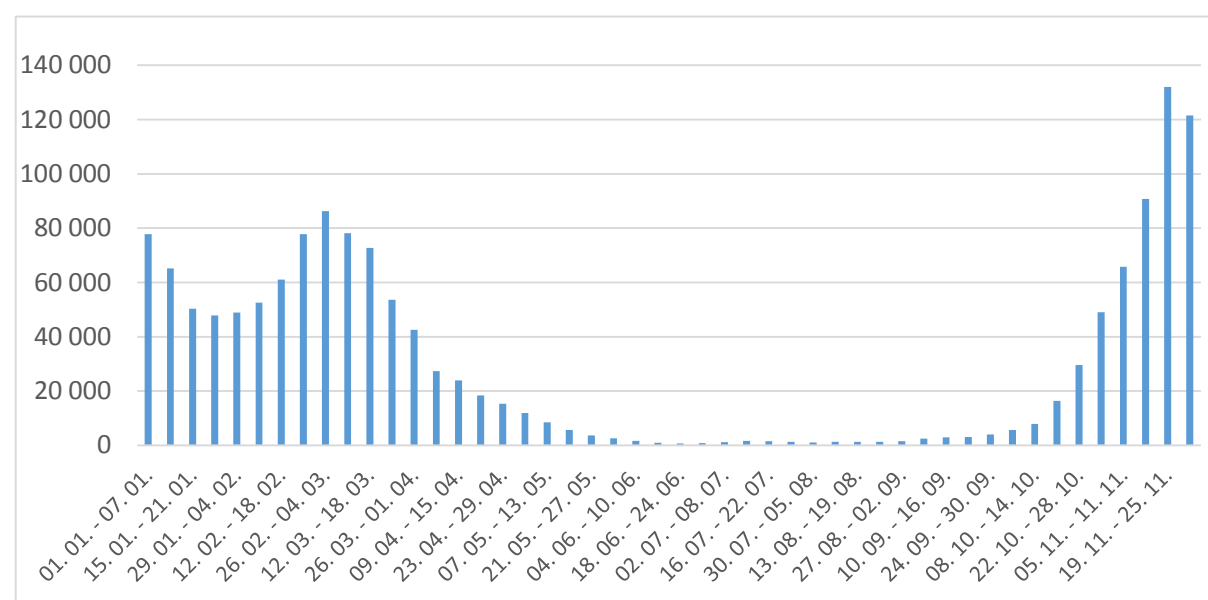
Souhrn a epidemiologický přehled	Strana 2 – 4
Vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 5
Odborná doporučení NRL a WHO	Strana 6 – 7
Vyhodnocení dat z celogenomové sekvenace	Strana 8 – 19
Závěr	Strana 20 - 21

- 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.

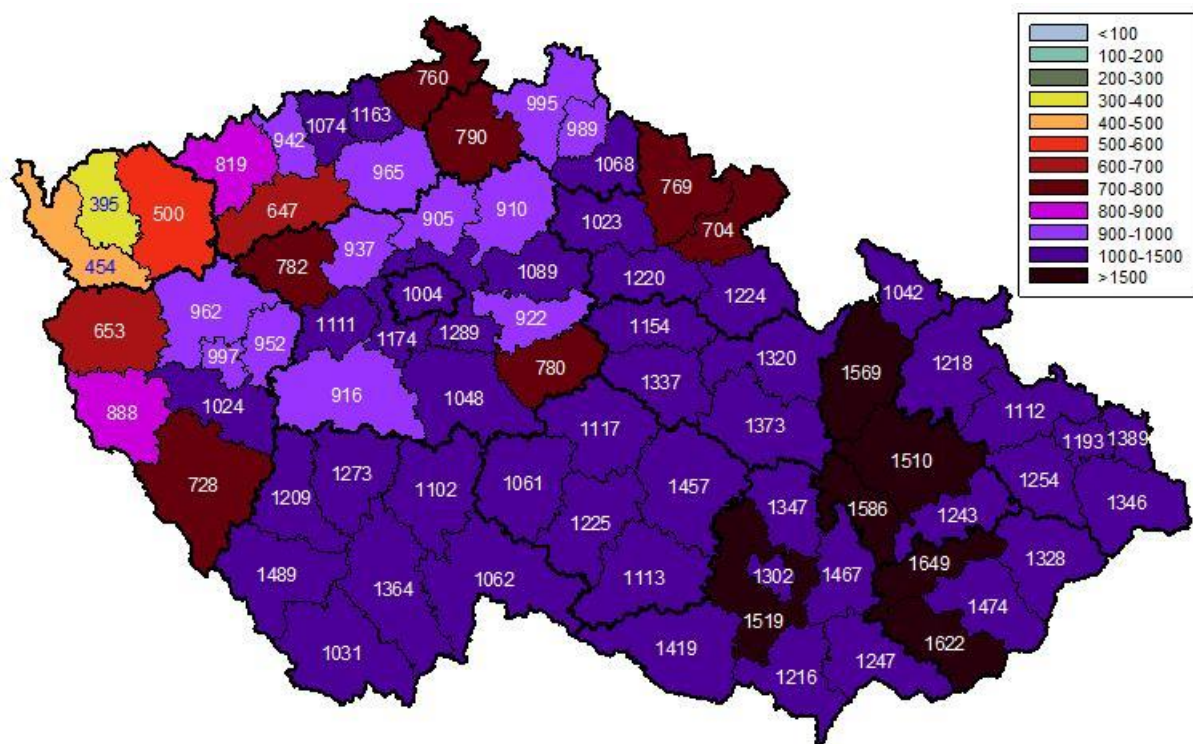
Graf 1: Počty případů covid-19 za posledních 28 dní



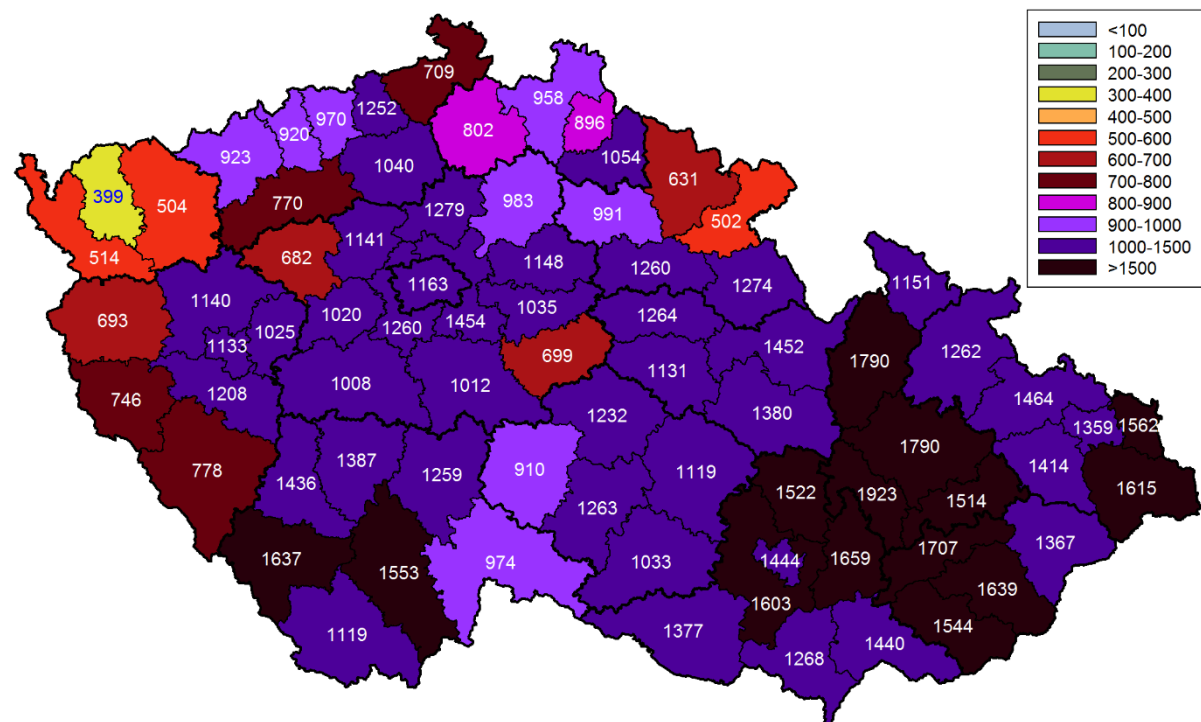
Graf 2: Týdenní počty případů covid-19 od 1. 1. 2021 do 02. 12. 2021



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, delta + A570D
E484K+	331	33 575	1 %	beta, gama, alfa E484K+, delta+
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.

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
FNO	Fakultní nemocnice Ostrava
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

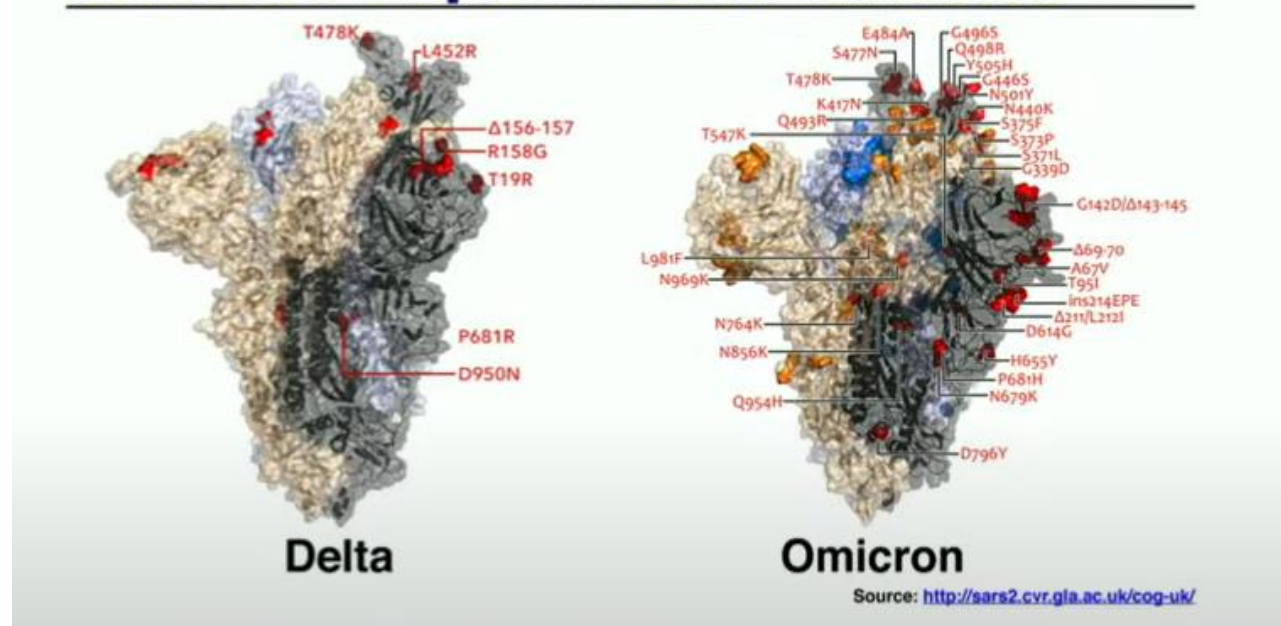
Mutace, které je možné detekovat diskriminační PCR:

Δ69-70, K417N, N501Y, P681H,

Mutace typické pro více nebo jednu VOC/VOI:

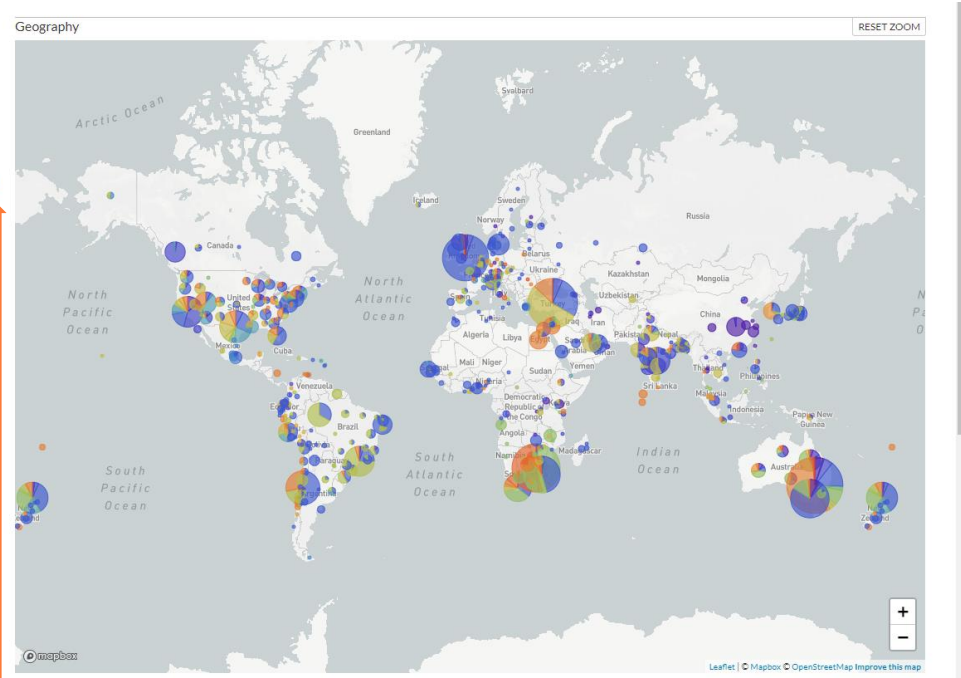
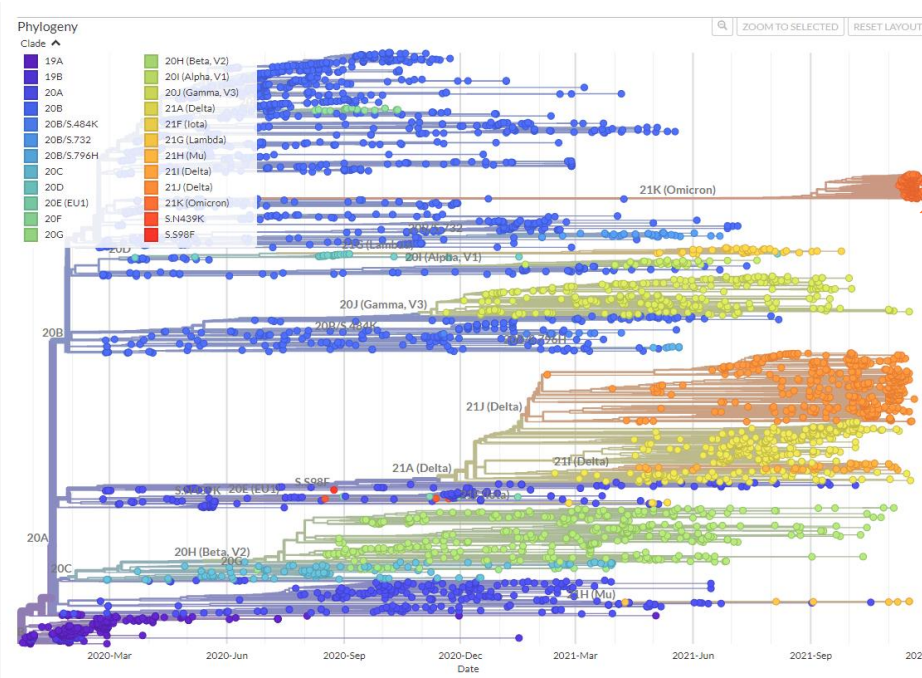
Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, K417N, S477N, T478K, E484A, Q493K, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

SARS-CoV-2 Spike Protein Mutations

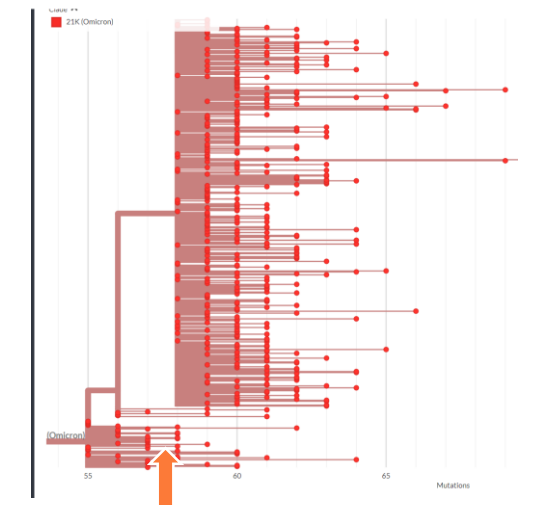


vizualizace: <https://twitter.com/i/status/1466490437187690496>

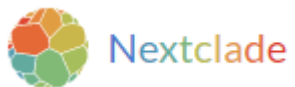
VOC omikron - B.1.1529 fylogenetický strom IV.



Zoom –fylogenetický strom B.1.529

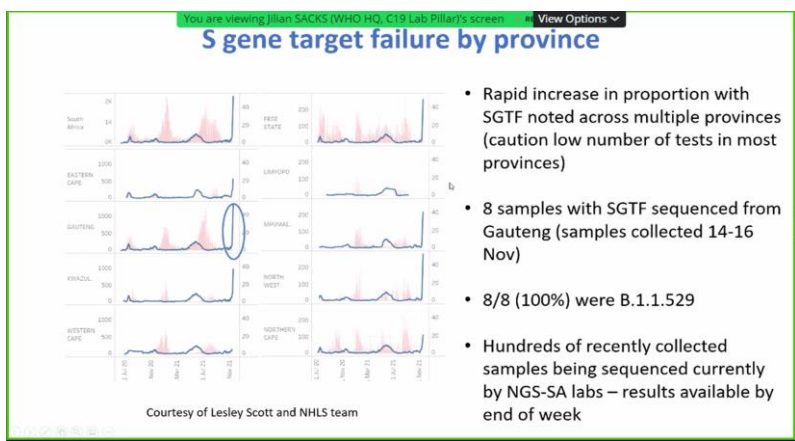


Česká sekce



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:

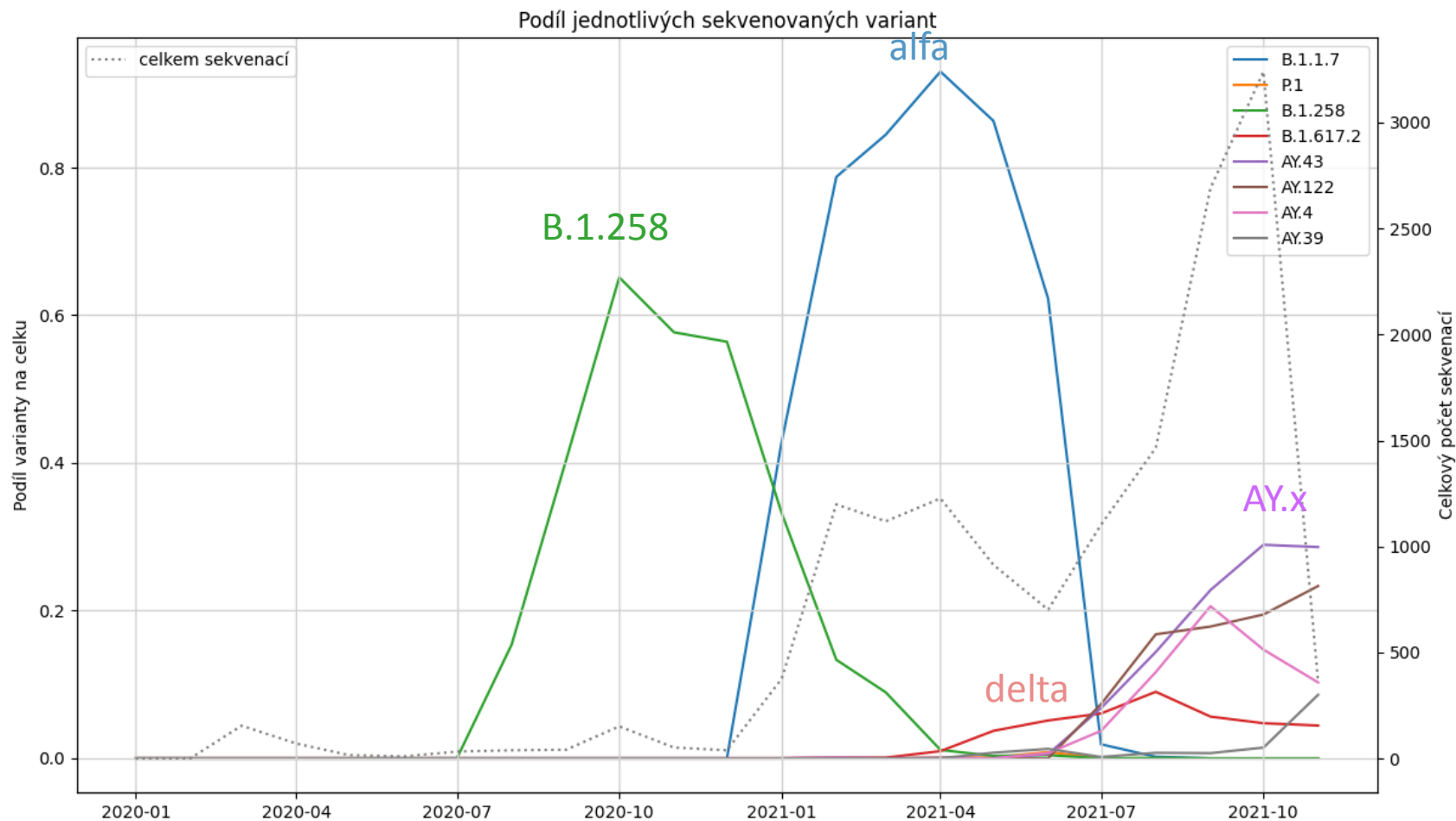
WGS – celogenomové sekvenace

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:

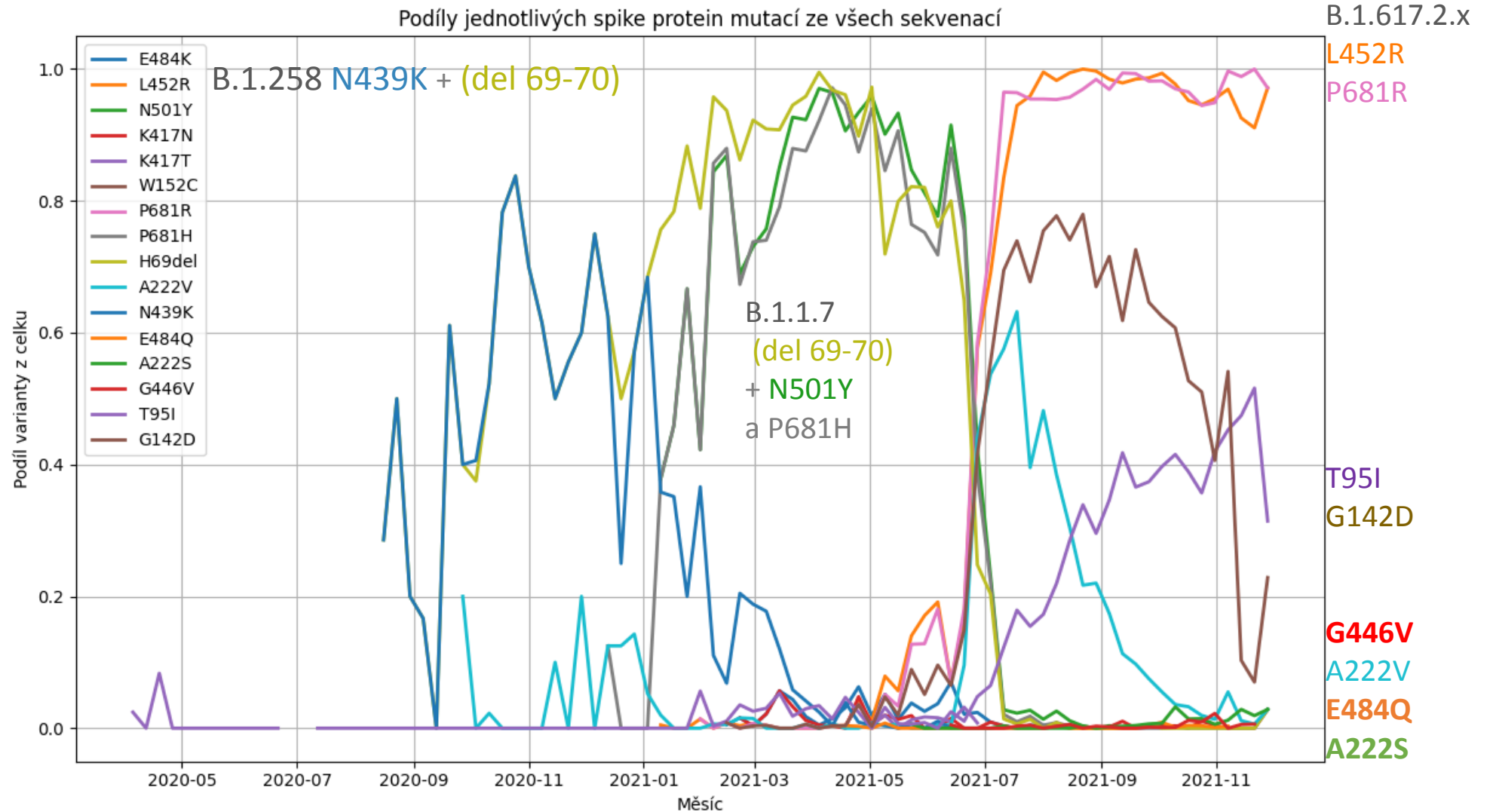
Podpořit v rámci Národní molekulárně biologické surveillance SARS-CoV-2 laboratoře, které tuto metodu používají.

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



Graf č. 5:

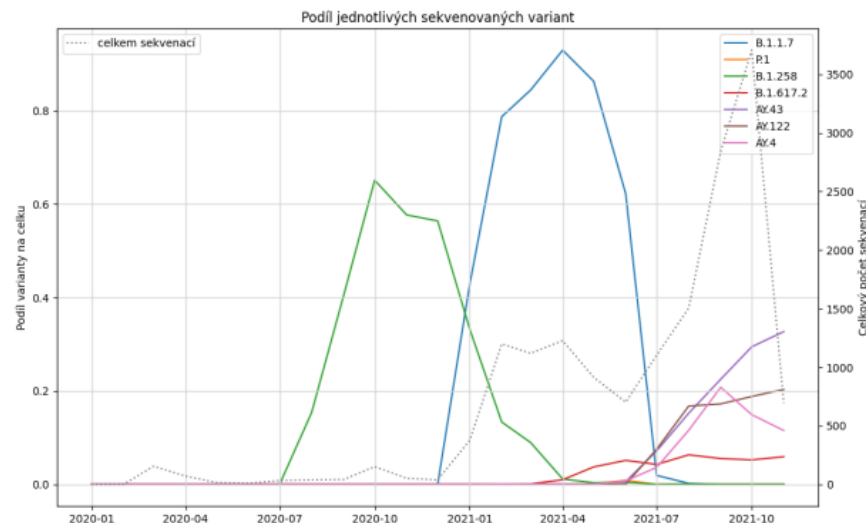
Frekvence G142D a T95I zřejmě souvisí s vyhodnocením sekvenačních dat.



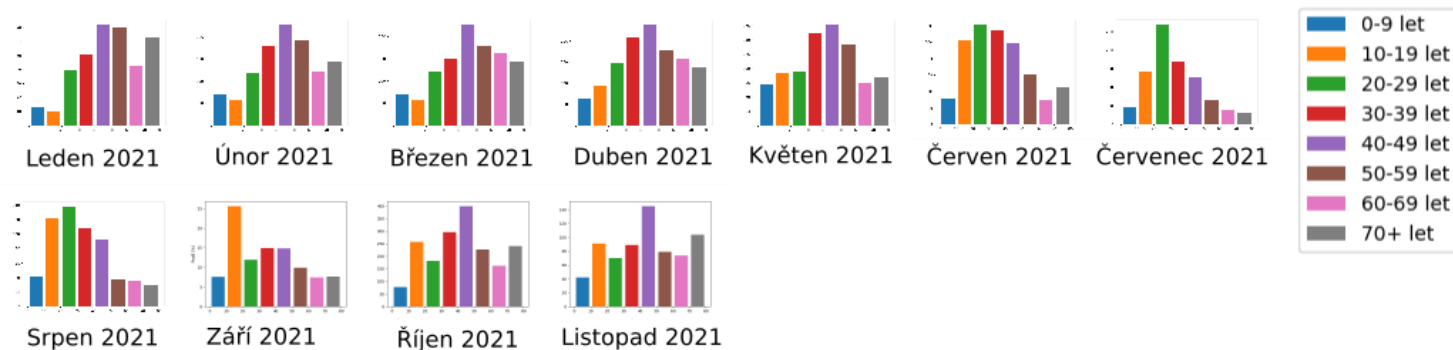
Věková struktura sekvenovaných v kontextu převažujících variant

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



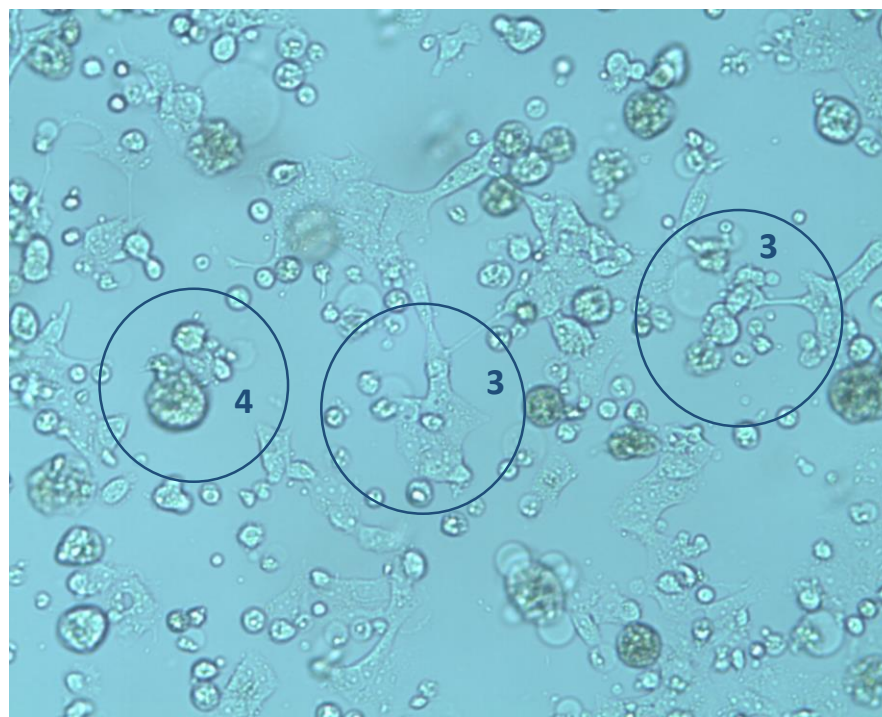
Postupné poškození buněčné kultury v důsledku množení SARS-CoV-2

- 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

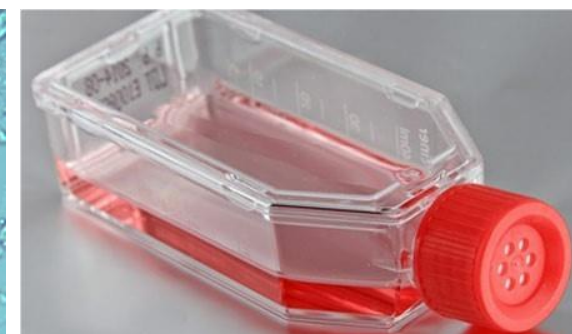
1. Intaktní buňky rostoucí přisedle (adherované) na dně kultivační nádoby
2. Počínající cytopatický efekt
3. Pokročilý cytopatický efekt tvorba syncytií (velkých vzájemně pospojovaných buněk – viditelné propojovací „můstky“) s nižší mírou adherence
4. Mrtvé buňky ještě celistvé s neschopností adherence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



12 hodin kultivace



84 hodin kultivace

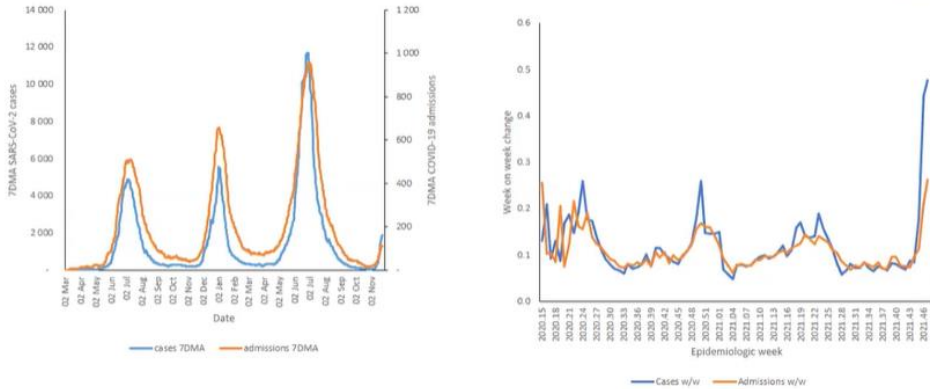


Kultivační nádoba: speciálně upravený plast umožňuje adherenci buněk (přilepení buněk k povrchu, a tím i jejich množení). Ve víčku, které zajistí nemožnost úniku viru, je filtr prostupný pouze pro CO₂, který pomáhá udržovat optimální pH kultivačního média a současně slouží jako zdroj uhlíku pro rostoucí 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.