



Podrobná zpráva ke dni 11. 7. 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 – 6
Odkazy	Strana 7
Závěr	Strana 8

- V období od 3. 7. 2022 do 10.7. (dle data odběru) má NRL k dispozici data 850 hlášených testů diskriminační PCR.
- K 4. 7. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 44 191 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 282 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 11. červnem a 11. červencem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2.

- V období od 3. 7. 2022 do 10. 7. 2022 má NRL k dispozici data 850 hlášených testů diskriminační PCR, u 626 se jednalo o detekci omikronu a současně i hodnotitelné mutace

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)
Y505H bez detekce L452R nebo dalších mutací	62	62	100 %	Omikron bez další možnosti typizace
L452R+ a/nebo delta specifické mutace (většinou Y505H)*	502	564	89 %	Delta, delta+, BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu
L452R-	62	694	11 %	Omikron (BA.1/BA.2)

* Jen u 2 vzorků byly hodnoceny i další mutace

Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 11. 6. 2022 – 11. 7. 2022

Varianta	Počet	procento	WHO VOC
AY.4.2	1	0,35%	delta
BA.1.1	1	0,35%	omikron
BA.1.17.2	1	0,35%	omikron
BA.2	36	12,77%	omikron
BA.2.12.1	13	4,61%	omikron
BA.2.18	4	1,42%	omikron
BA.2.3	7	2,48%	omikron
BA.2.36	1	0,35%	omikron
BA.2.40.1	2	0,71%	omikron
BA.2.52	1	0,35%	omikron
BA.2.56	1	0,35%	omikron
BA.2.9	41	14,54%	omikron
BA.4	10	3,55%	omikron
BA.4.1	13	4,61%	omikron
BA.5	40	14,18%	omikron
BA.5.1	29	10,28%	omikron
BA.5.2	28	9,93%	omikron
BA.5.2.1	18	6,38%	omikron
BA.5.3.1	3	1,06%	omikron
BA.5.5	2	0,71%	omikron
BE.1	20	7,09%	omikron
BF.1	4	1,42%	omikron
B.1.1.529	1	0,35%	omikron
XT	1	0,35%	rekombinantní BA.x
Unassigned	4	1,42%	pravděpodobně omikron

BA.1.x	2	0,71%
BA.2.x	106	37,59%
BA.4.x	23	8,16%
BA.5.x	120	42,55%
BF.1	20	7,09%
BE.1	4	1,42%

ECDC –monitorované varianty a jejich specifické kombinace mutací ve spike proteinu

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.3	South Africa	(z)	November 2021	No evidence	No evidence	No evidence	Detected (a)
Omicron	BA.2.75	India	(w)	May 2022	No evidence	No evidence	No evidence	Detected (a)

z: A67V, Δ69-70, Δ143-145, N211I, Δ212, G339D, S371F, S373P, S375F, D405N, K417N, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493R, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, D796Y, Q954H, N969K

w: W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, Q493 (reversion)

V Indii dochází k šíření varianty BA.2.75

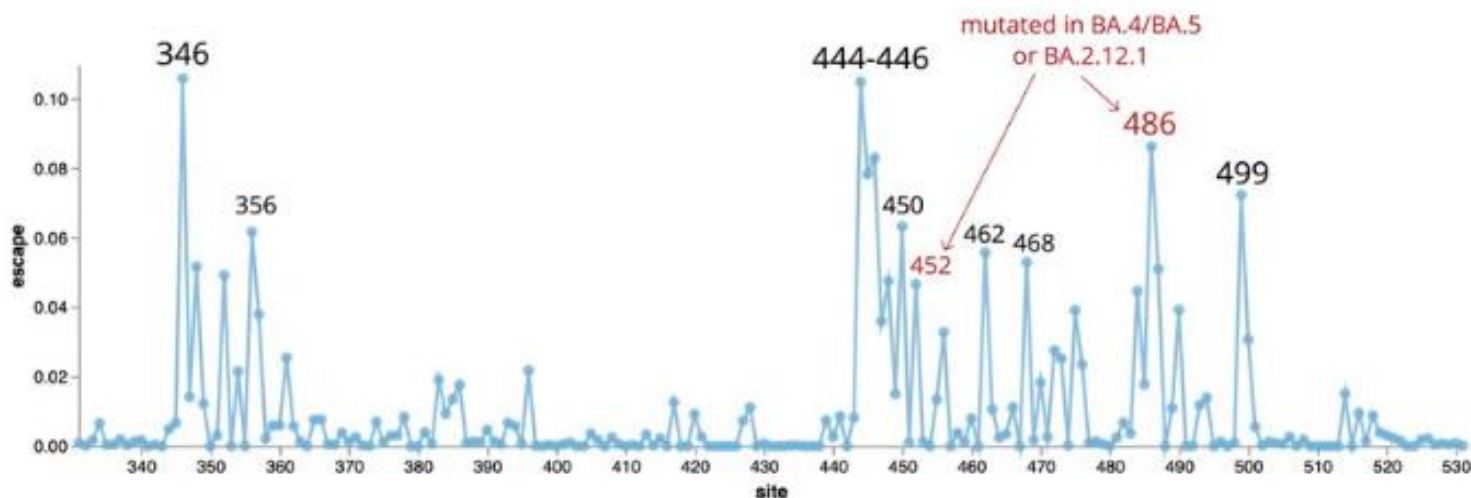
Tato varianta nenese významné jedinečné mutace, ale seskupení již známých mutací v jedné variantě budí pozornost. Jedná se především o změny na pozicích 346 a 444 – 446, které jsou zodpovědné za únik před virus neutralizačními protilátkami.

Obrázek: Oblasti, které jsou cílem virus neutralizačních protilátek proti BA.2 vyvolané předchozími infekcemi nebo vakcinací, oblasti 346 a 44 – 446 se jeví jako únikové .

Převzato z tweet Bllom lab

https://twitter.com/jbloom_lab/status/1527872408652111872

Sites of escape from antibodies elicited by early (pre-Omicron) infection/vaccination that still neutralize Omicron BA.2



V Indii cirkulují další subvarianty BA.2x s escape mutacemi:

BA.2.74S:L452M

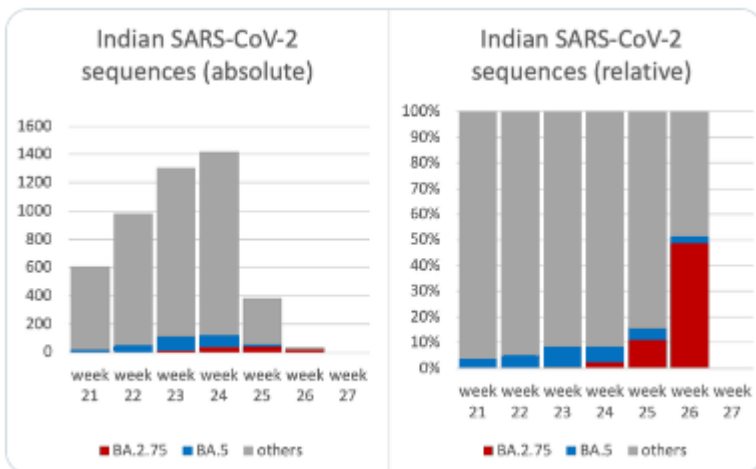
BA.2.75S:K147E, S:W152R, S:G446S

BA.2.76 S:Y248N

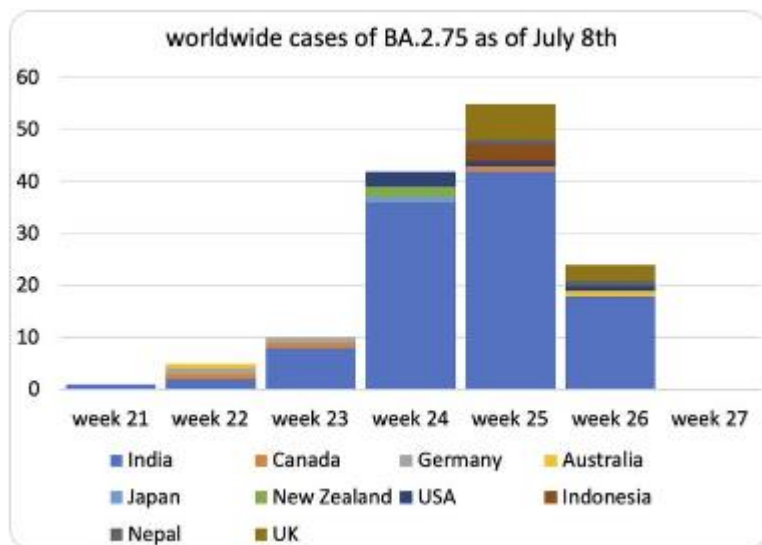
BA.2.77 S:69/70del, S:E340K, S:K356T, S:L452R, S:R493Q, S:D936H, ORF3a:G100V, M:S4F

Vzhledem k faktu, že v Indii je minimálně rozšířena varianta BA.5 (0,28%), nelze zatím posoudit, jak se v Indii detekované subvarianty BA.2.x uplatní v konkurenci s BA.5

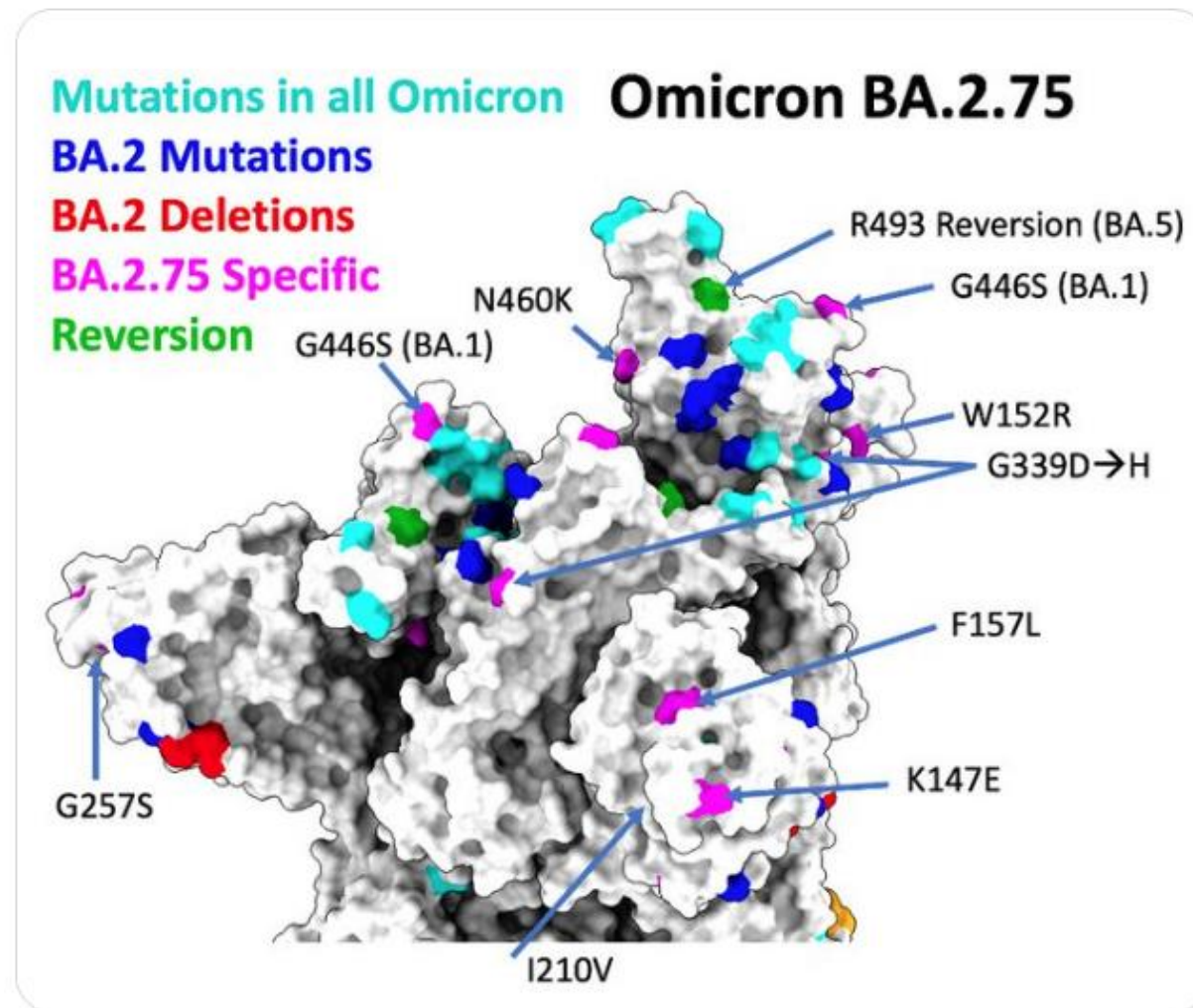
Graf 1: Vzestup zastoupení BA.2.75 v sekvenačních datech - Indie



Graf 2: Zastoupení BA.2.75 v globálních sekvenačních datech



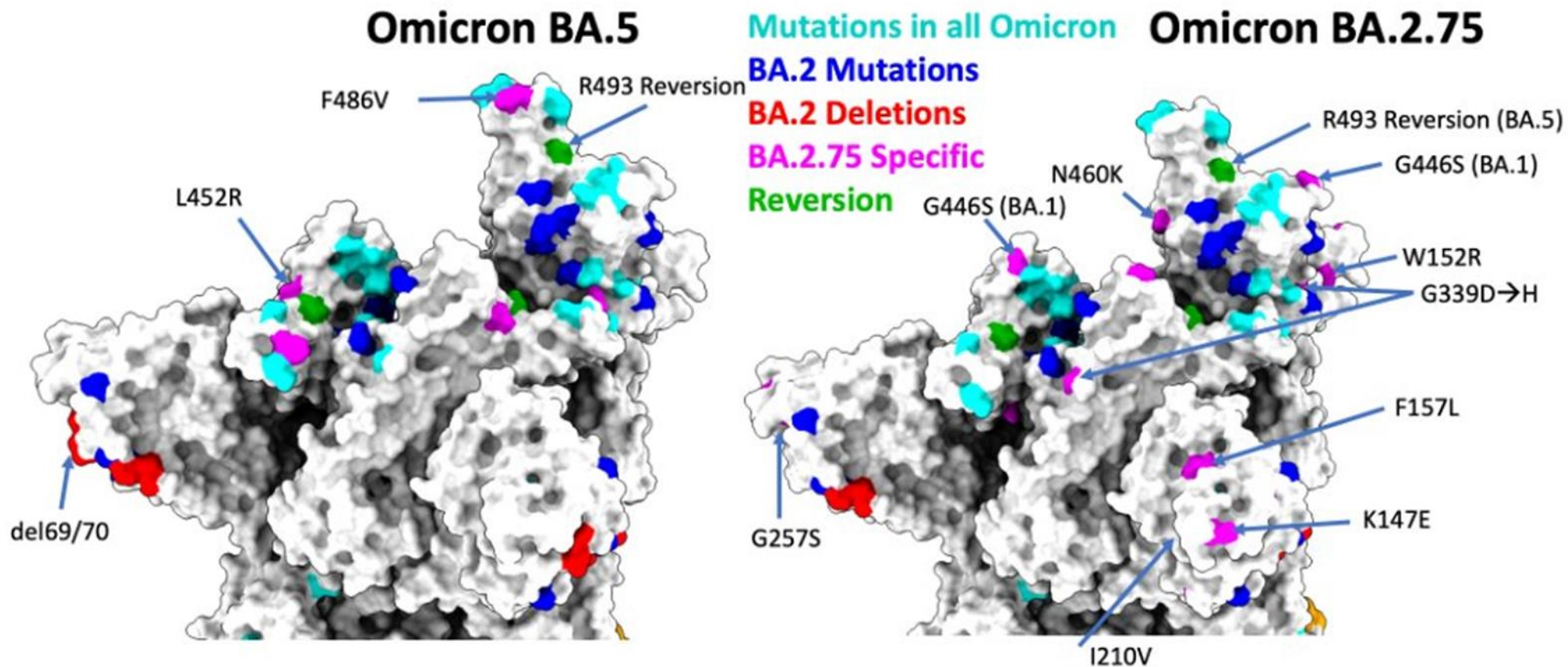
Obrázek: Vyznačení mutací typických pro varianty BA2.x



Převzato z tweet [Ulrich Elling](#)

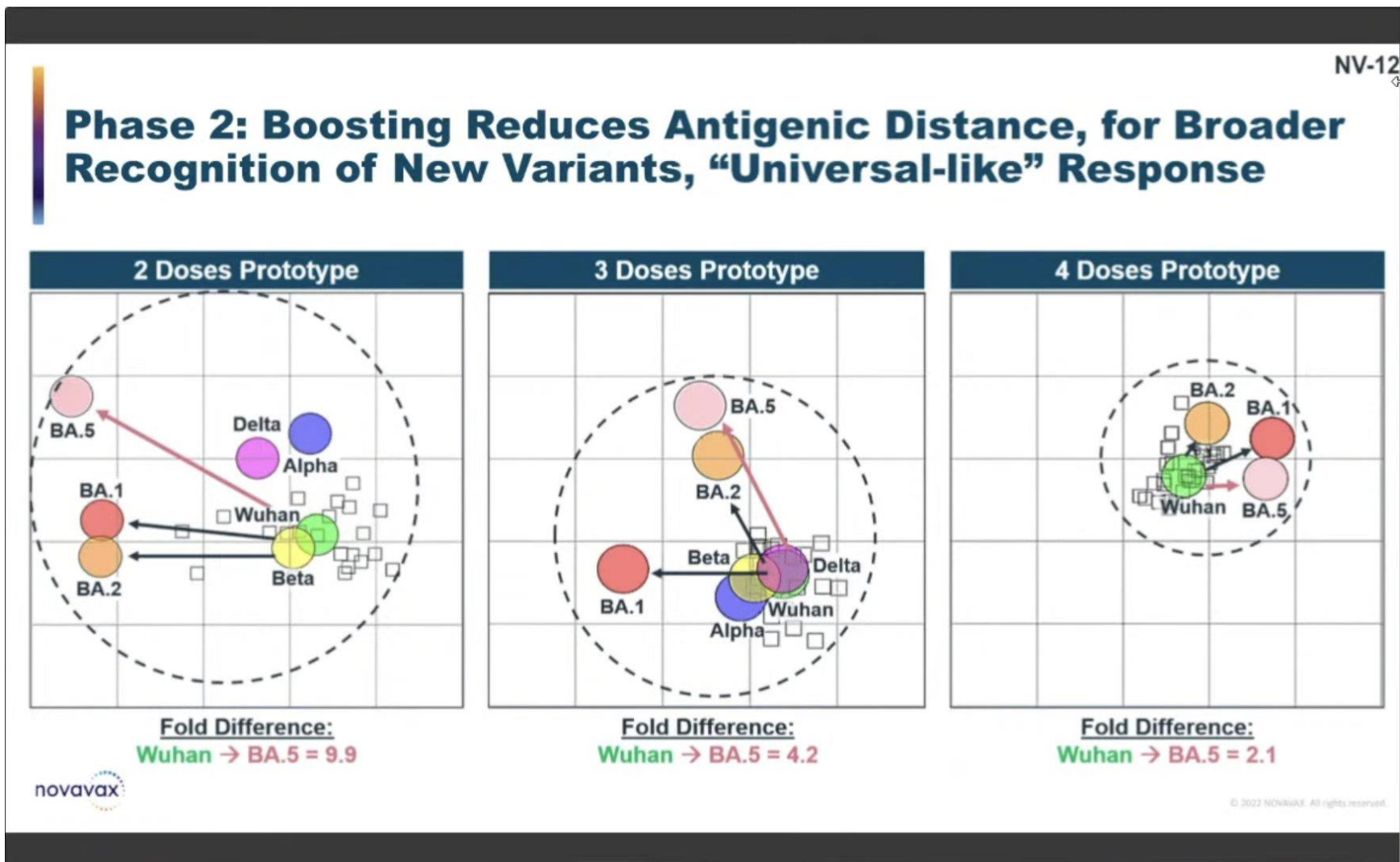
Porovnání spike proteinu a jeho mutací u variant BA.5 a BA.2

Především mutace v NTD (N-terminální oblast) naznačují escape charakter mutací



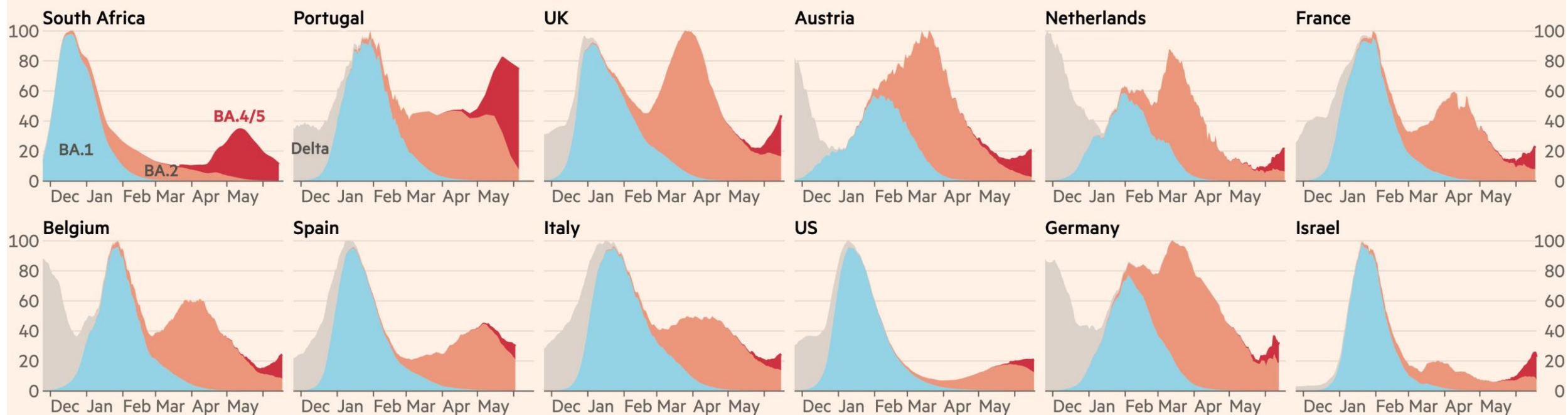
Vakcinace – booster dávky relativně zmenšují antigenní rozdílnost mezi jednotlivými variantami

Obrázek: Novavax – předběžná data – vztah mezi počtem dávek vakcíny a zkříženou reaktivitou vakcinací indukovaných protilátek (Převzato z tweet [Ulrich Elling](#))



The BA.4/5 Omicron sub-variants triggered waves of Covid hospitalisations in South Africa and Portugal, and are now sending numbers rising elsewhere

Covid hospitalisations as a % of most recent peak, broken down by variant*



*Each variant's share of hospitalisations estimated using method from Tom Wenseleers / @TWenseleers, then applied to total hospitalisations

Source: FT analysis of data from Johns Hopkins CSSE, World Health Organization, Gisaidd and COG-UK

FT graphic: John Burn-Murdoch / @jburnmurdoch

© FT

- 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 \(vse.cz\)](#)

- 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](#)

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance stále probíhá a je stále potřeba zasílat pozitivní vzorky do sekvenačních center.
- Pozorujeme výrazný posun v zastoupení L452R, nyní na 89 %. Tento posun lze přičíst nárůstu BA.5, tento nárůst se začíná ukazovat i v sekvenačních datech
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO.
- Do centra pozornosti se dostává nová subvarianta BA.2.75, která nese některé mutace hodné pozornosti, tato varianta je dle ECDC zařazena jako monitorovaná varianta, přestože v databázi GISAID zatím nejsou k dispozici sdílené sekvence, respektive chybí výpočetní algoritmus pro tuto linii. Proto lze zatím spoléhat pouze na informace poskytnuté laboratořemi a vědci sdílené na Twitteru. Vzhledem k faktu, že v Indii je BA.5 varianta zatím zcela minoritní, nelze vyslovit předčasné závěry o významu BA.2.75 subvarianty, ale mutace v oblastech 346 a 444 – 446 naznačují únik před virus neutralizačními protilátkami. Tento trend je pro vývoj viru přirozený, a v nejbližší době nelze očekávat stabilitu viru. Vztah mezi schopností se šířit a schopností vyvolávat těžké onemocnění je pouze náhodný, nelze tedy vyloučit objev varianty s významnějším klinickým dopadem. Z dlouhodobého hlediska však lze očekávat vývoj k mírnějším variantám, ale tento evoluční interval nelze předpovědět. Tato varianta zatím není dle sekvenačních dat v ČR potvrzena.

Kolektiv autorů:

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