



# Podrobná zpráva ke dni 12. 9. 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:

<b>Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR</b>	<b>Strana 2</b>
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat	Strana 3 - 5
Odkazy	Strana 6
Závěr	Strana 7

- V období od 4. 9. do 11. 9. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 601 hlášených testů diskriminační PCR z 16 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1. Neurčené varianty jsou u těch vzorků, kde nebylo provedeno vyšetření mutací, jen byly zaslány výsledky do ISIN.

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

Varianta	Celkem	Podíl
BA.4/5	1189	74.3%
BA.2	57	3.6%
omikron	247	15.4%
neurčeno/nevyšetřeno	108	6.8%

- K 11. 9. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 48 756 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 726 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 11. srpnem a 11. září. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron, varianta BA.5.x. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant od 1. 2. 2022 zobrazuje graf 1.

**Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období**

Varianta	Počet	Podíl
BA.2	8	1.1%
BA.2.12.1	1	0.1%
BA.2.9.3	1	0.1%
BA.4	2	0.3%
BA.4.1	3	0.4%
BA.4.6	2	0.3%
BA.4.7	1	0.1%
BA.5	89	12.3%
BA.5.1	144	19.8%
BA.5.1.1	1	0.1%
BA.5.1.10	15	2.1%
BA.5.1.2	2	0.3%
BA.5.1.3	2	0.3%
BA.5.1.4	3	0.4%
BA.5.1.5	4	0.6%
BA.5.2	133	18.3%
BA.5.2.1	191	26.3%
BA.5.2.2	3	0.4%
BA.5.2.3	5	0.7%
BA.5.3	2	0.3%
BA.5.3.1	4	0.6%

**Tabulka 3: Souhrnný přehled sekvenací za sledované období**

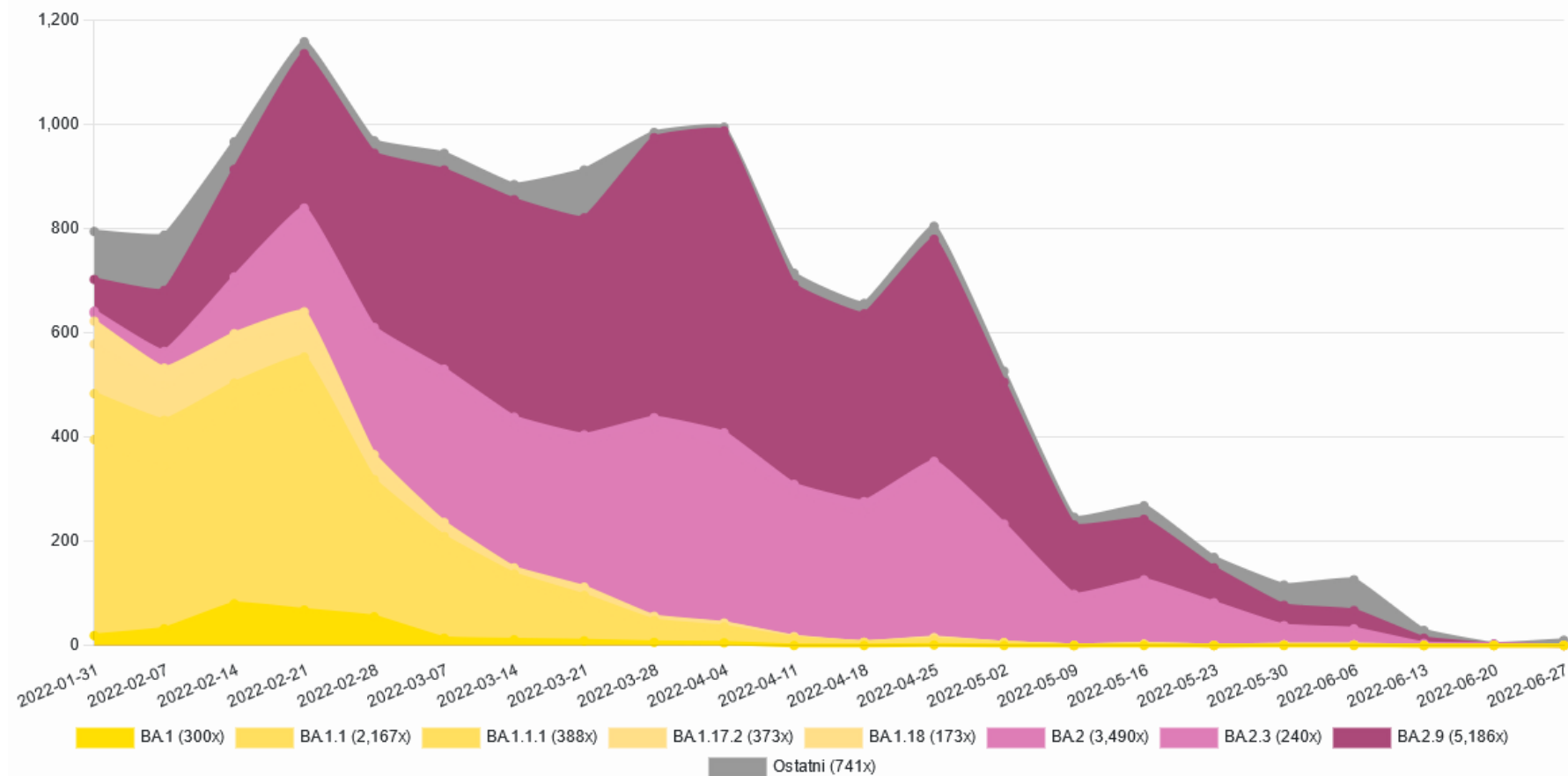
Varianta	Počet	Podíl
BA.2.x	10	1.4%
BA.4.x	8	1.1%
BE.1x	62	8.5%
BF.x	42	5.8%
BA.5.x	604	83.2%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.

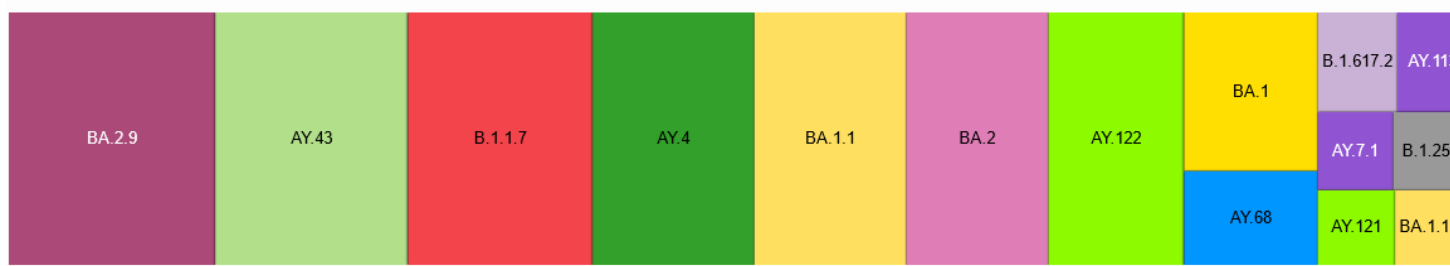
Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 2. 2022 do 11. 9. 2022

Linie SARS-CoV-2 detekované v Česku (1. 2. 2022 - 11. 9. 2022)



Linie SARS-CoV-2 detekované v Česku (celé období)



<https://virus.img.cas.cz>



# Porovnání BA.5 s variantami cirkulujícími do 22.8.22 ve Velké Británii (data z PHE) – tab. 4

Sublineages updated to 22/08/22	Growth Advantage vs. BA.5	Sequences
BA.5.2 (+ 12130A + Orf1b:T1050N +C27513T + C27012T+ Orf1a:I4291V + C13264T + S:346T)	76%	69
BA.2.75.1 sublineage with S:D574V	72%	375
BH.1 (BA.2.38.3+ orf1a:3357G+S:144Del+S:452Q +S:446S+orf1a:3357G + Orf1a:1214I)	57%	82
BA.5.1 sublineage with ORF1a:H417Y, ORF1b:A1476S, ORF1b:D1903N, ORF1b:T310I, ORF7a:L30H, S:R346T, and C10507T	45%	58
BA.5.1* & C10507T & orf1b:D1903N & ORF1a:H417Y & ORF1b:A1476S & ORF1b:T310I & ORF7a:L30H & S:R346T	50%	58
BE.1.1 +S:444T+ C28312T	47%	124
BA.5.2.7 ( K444M)	42%	203
BF.13( Orf1a:K2589R+G26196A+orf1b:K1957R+S:346S+24079C)	38%	228
BE.1.2 ( C1471T + S:346T)	32%	95
BF.15 (BA.5.2.1* & ORF6:57L & S:248H)	29%	122
BF.14 (+ORF1b:H1087Y+S:450D)"	31%	297
BA.5.2.1 + S:444R + T6979G + T11177C	31%	77
BA.2.75 (S:K147E, W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, R493Q)	35%	3226
BA.4.1.8 (C28720T+14322T+18603C+S:R346T)	29%	463
BA.5.10 (C1627T + orf1a:R207C+orf1a:Q3922R+G29422T+E:S50G +S:262S)	15%	192
BA.5.2.6 (27012T + S:R346T, orf1b:1050N (NB 13136A))	30%	143
BF.7 (BA.5.2.1+C7528T + G22599C (S:346T))	31%	1555
BA.2.38.3 (S:417T+C21622T+S:69/70del, S:S71F, S:T478R +S:1264L)	25%	128

Sublineages updated to 22	Growth Advantage vs. BA.5	Sequences
• BA.4.6 (+C8140T+S:R346T)	20%	9880
• BA.4.6 + W152L	21%	169
• BK.1(BA.5.1.10+ORF1a:G519S)	17%	431
• BA.2.38.2+ orf1a:445V+ S:146del	19%	245
• BA.5.6.2 ( K444T +C8605T)	16%	249
• BA.2.76.1 (R357K + ORF1b:V2073L + ORF1a: G1595S)	18%	70
• BA.5.1.12 ( S:V445A)	17%	177
• BA.5.2 + G12310A, ORF1b:T1050N	14%	64493
• BF.5 (C1627T +28830G) S:1020S +Orf7a:H47Y + ORF9b:K40R	13%	17451
• BA.5.2.1 (ORF9b:D16G, 28330G,C1627T, A27038G) S:A1020S	11%	11137
• BF.11 (28330G)+26151T+28271C+C140T+S:346T	24%	356

Porovnání relativní veličiny, tedy tzv. růstové rychlosti, která je odvozena z populačních dat (tabulky 4 a 5) potvrzují evoluční výhodu variant odvozených od BA.5 v porovnání s var. BA.2.75 (Kentaur).

- 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-diagnostice-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.5x (BA.5 like), kam spadají i varianty BE a BF. like. Dle sekvenačních dat momentálně převažují podtypy varianty omikron - BA.5 (více než 80 % sekvencí), dále subvarianta BE (více než 7 % sekvencí). Subvarianty omikronu BA.2.x je zastoupena 5 procenty. V zastoupení variant nepozorujeme dynamiku, situace je de facto podobná jako v minulém týdnu.
- Porovnání relativní veličiny, tedy tzv. růstové rychlosti, která je odvozena z populačních dat (tabulky 4 a 5) potvrzují evoluční výhodu variant odvozených od BA.5 v porovnání s var. BA.2.75 (Kentaur). Přestože struktura spike stále umožňuje adaptační evoluci, není zřejmé, jak bude vypadat další vývoj viru.

*Kolektiv autorů:*

*RNDr. Helena Jiřincová, Timotej Šuri, M.Sc.*