



# Podrobná zpráva ke dni 10. 10. 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:

**Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR**

**Strana 2**

Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat

Strana 3 - 5

Informace o nově sledovaných variantach

Strana 6 - 7

Závěr a odkazy

Strana 7 - 8

- V období od 3. 10. do 9. 10. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 989 hlášených testů diskriminační PCR z 15 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):

Popisky řádků	Počet	Podíl
BA.2	1	0,1%
BA.4/BA.5	1321	66,4%
BVA.1/BA.2	155	7,8%
N/A	3	0,2%
omikron	509	25,6%
<b>Celkový součet</b>	<b>1989</b>	

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoř	Počet nahlášených diskriminačních PCR
DIANA Lab, s.r.o., Praha 4	7
FN Královské Vinohrady	3
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	104
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	28
Nemocnice Na Bulovce	75
Nemocnice Pardubického kraje, Orlickoústecká nemocnice a.s. 2	64
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	156
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	150
PREVEDIG medical, s.r.o.	962
SPEA Olomouc, s.r.o.	126
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	167
Vidia - diagnostika	9
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	129
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	8
<b>Celkový součet</b>	<b>1989</b>

• K 10. 10. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 51 538 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 475 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 9. září a 9. říjnem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron, varianta BA.5.x. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2. Tabulka 3 souhrnný přehled sekvenací za sledované období. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant od 1. 5. 2022 zobrazuje graf 1.

**Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenací za sledované období  
Červeně vyznačeny nově monitorované varianty**

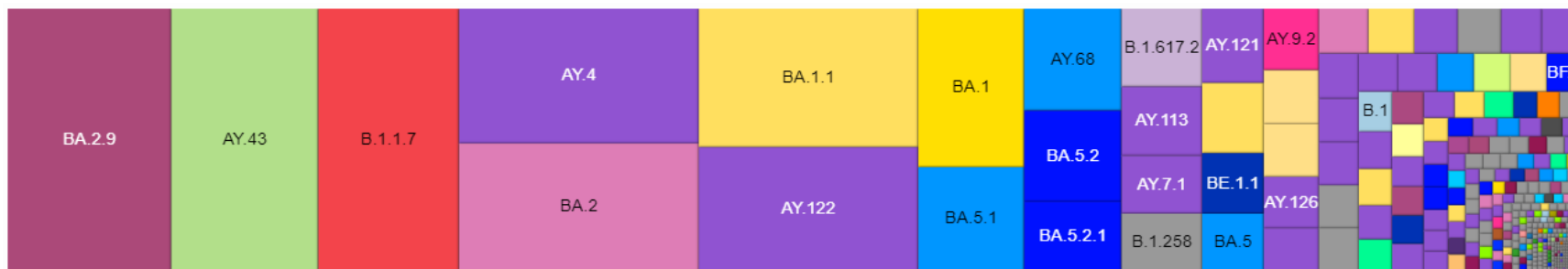
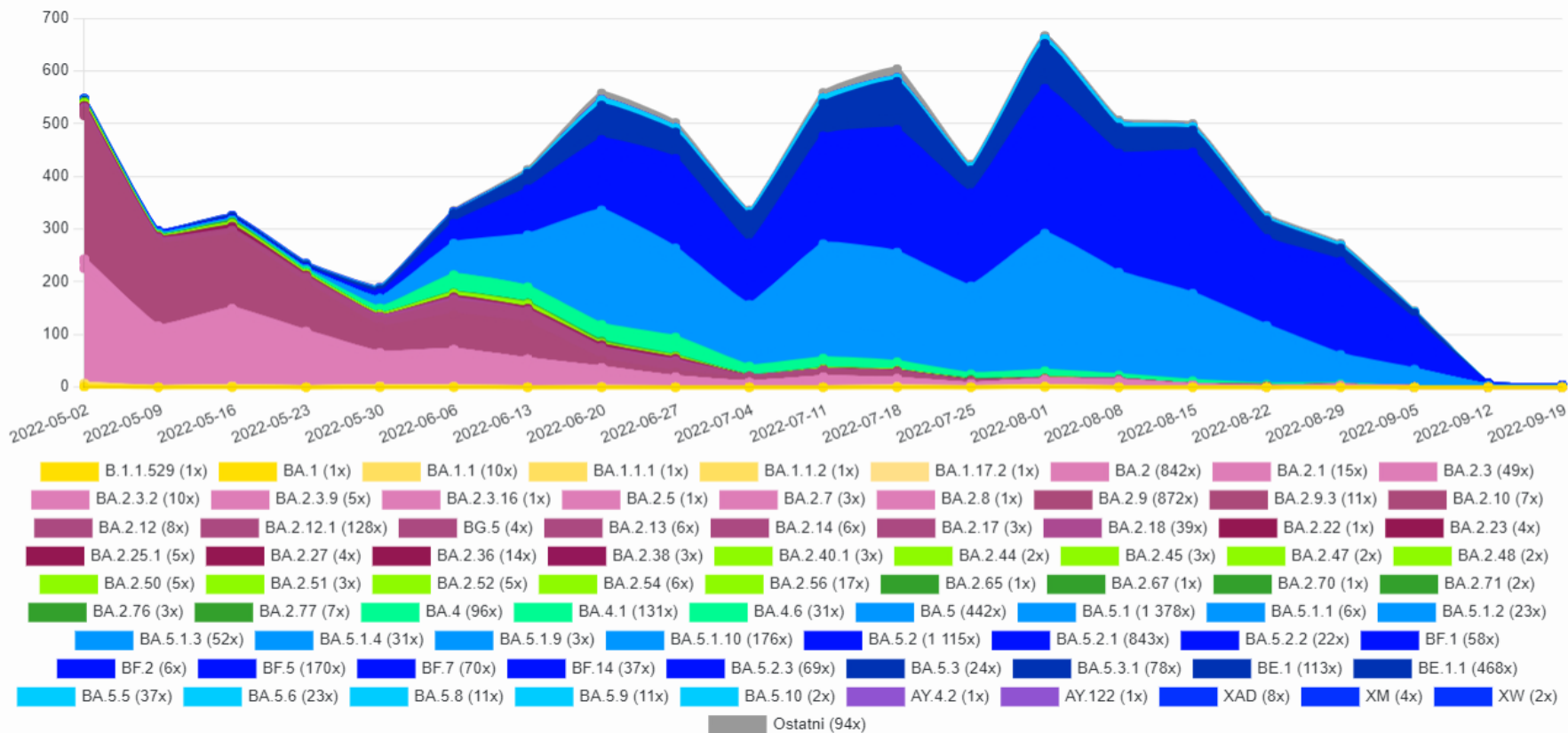
Varianta	Počet	Podíl	
<b>BA.2.75.2</b>	<b>2</b>	<b>0,4%</b>	<b>475</b>
<b>BA.4.6</b>	<b>8</b>	<b>1,7%</b>	<b>475</b>
<b>BE.1.1</b>	<b>21</b>	<b>4,4%</b>	<b>475</b>
<b>BF.7</b>	<b>23</b>	<b>4,8%</b>	<b>475</b>
BA.4.7	1	0,2%	475
BA.5.X	358	75,4%	475
BA.2	1	0,2%	475
BF.X	51	10,7%	475

**Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období  
Červeně vyznačeny nově monitorované varianty**

Varianta	Počet	Podíl
BA.2	1	0,2%
<b>BA.2.75.2</b>	<b>2</b>	<b>0,4%</b>
<b>BA.4.6</b>	<b>8</b>	<b>1,7%</b>
BA.4.7	1	0,2%
BA.5	21	4,4%
BA.5.1	79	16,6%
BA.5.1.10	19	4,0%
BA.5.1.3	3	0,6%
BA.5.1.4	3	0,6%
BA.5.1.5	7	1,5%
BA.5.2	143	30,1%
BA.5.2.1	55	11,6%
BA.5.2.3	4	0,8%
BA.5.3	2	0,4%
BA.5.3.1	9	1,9%
BA.5.5	4	0,8%
BA.5.6	1	0,2%
BA.5.9	8	1,7%
BE.1	9	1,9%
<b>BE.1.1</b>	<b>21</b>	<b>4,4%</b>
BF.11	2	0,4%
BF.13	1	0,2%
BF.14	25	5,3%
BF.2	1	0,2%
BF.3	1	0,2%
BF.5	20	4,2%
<b>BF.7</b>	<b>23</b>	<b>4,8%</b>
BF.8	1	0,2%

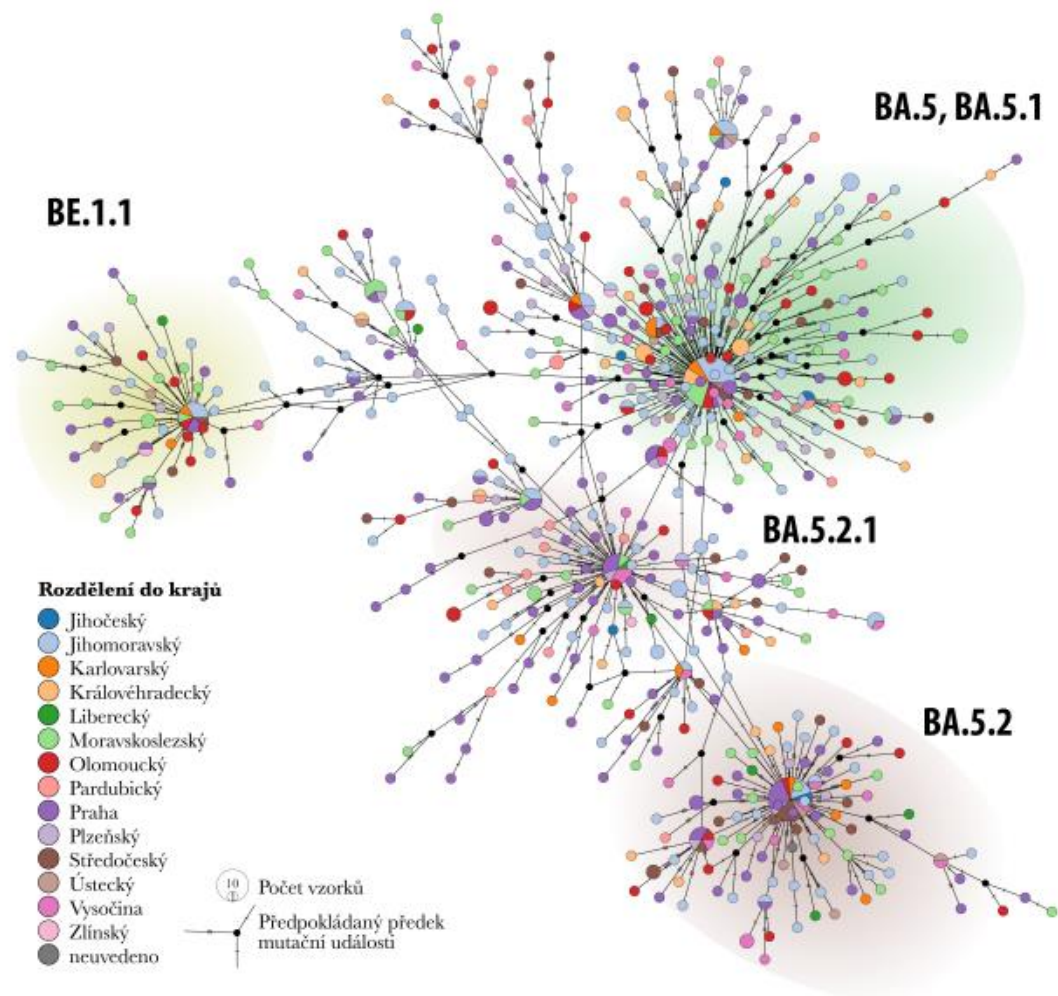
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.1.  
Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 5. 2022 do 9. 10. 2022



# Znázornění variant SARS-CoV-2 v reprezentaci haplotypové sítě

Na tvorbu haplotypové sítě byl použit výběr sekvencí 700 vzorků z České republiky shromážděných od 5. 8. 2022. Velikost uzlů odpovídá počtu vzorků s identickou sekvencí DNA. Spojnice naznačují pravděpodobné příbuzenské vztahy, počet krátkých kolmých úseček odpovídá počtu mutačních změn. Uzly jsou vybarveny podle kraje a v případě, že se identický haplotyp vyskytuje ve více krajích, jsou vybarveny jako koláčový graf. Celá síť představuje variantu Omicron s jejími podvariantami.

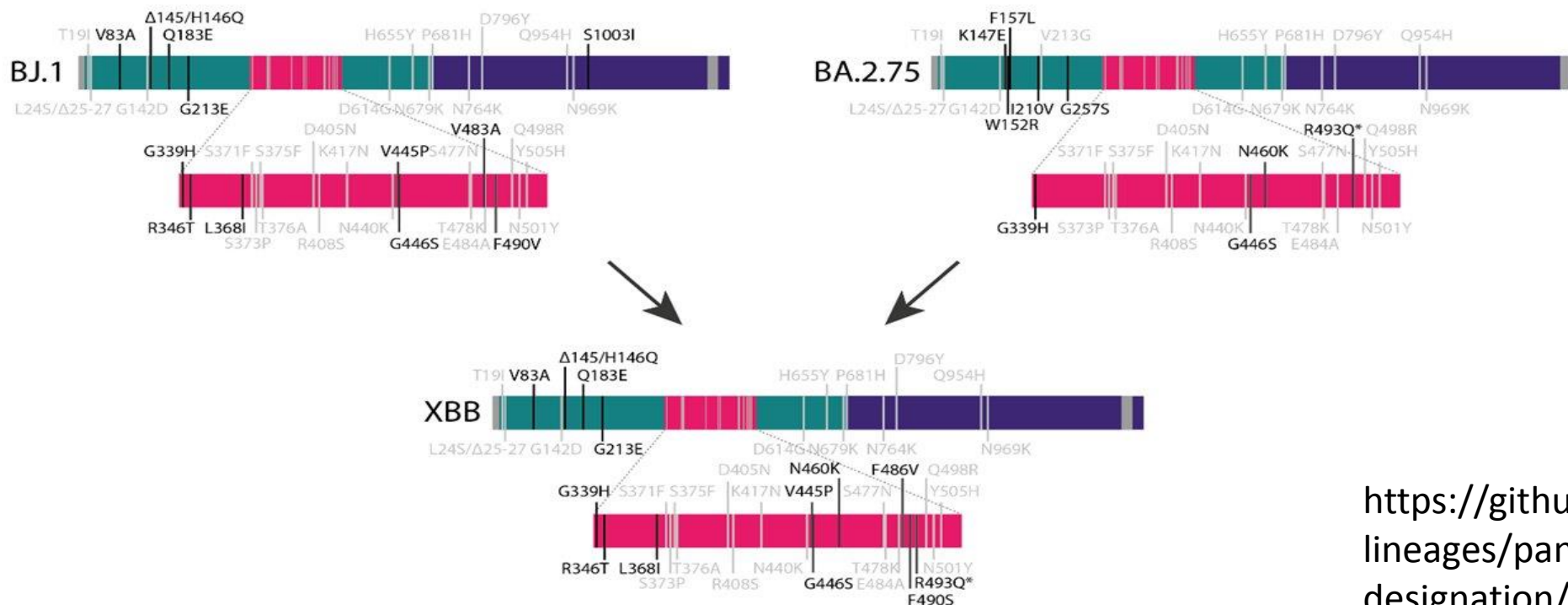


## Aktuálně sledované varianty

Aktuálně jsou sledovány varianty BA.4.6, varianty BA.5 like - BE.1.1 a odvozené BQ.x, BF.7, a v neposlední řadě BA.2.75.2 a rekombinantní subvarianta XBB mezi BJ.1 a BA.2.75.2.

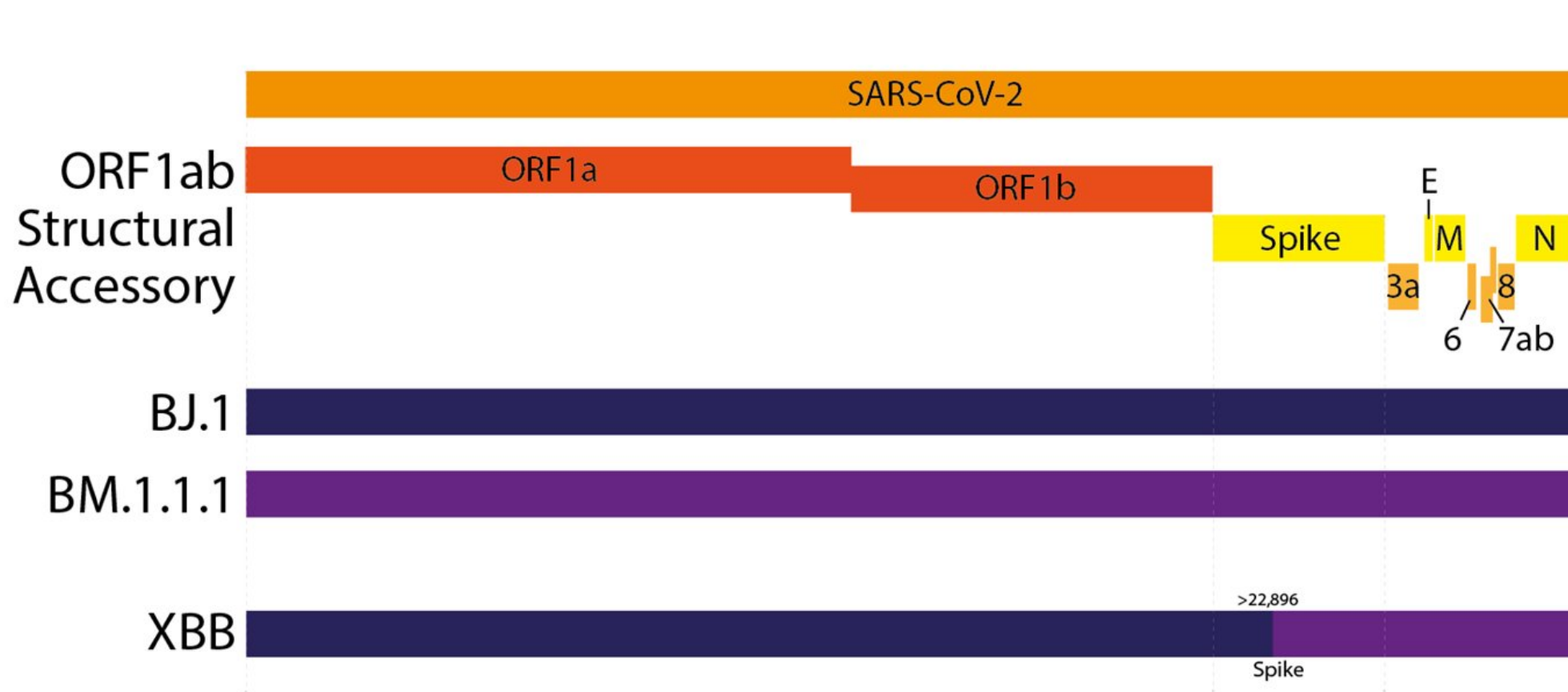
Mezi sledované aminokyselinové substituce ve spike patří K444T, N460K, R346T, Y144del, I666V, D80G, D1118G, D1199N, F490S.

Rekombinantní varianta XBB detekovaná v Singapuru a USA, která je výsledkem rekombinace dvou BA.2 like variant BA.2.75X (BM.1.1.1) x BJ.1 (BA.2.10.1.1.), může být novou dominantní variantou, vzhledem k aktuálnímu šíření a některým vlastnostem spike proteinu, včetně akvizice již osvědčených a zcela nových aminokyselin.



<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/1058>

# Znázornění vzniku rekombinantní varianty XBB



- 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. Detekujeme monitorované varianty: BA.2.75.2 dva záchyty, BA.4.6 – 8 detekcí, BE.1.1 - 21 detekcí a BF.7 – 23 záchytů.
- Přestože struktura spike stále umožňuje adaptační evoluci, není zřejmé, jak bude vypadat další vývoj viru. S narůstající incidencí se zvyšuje pravděpodobnost vytvoření nové varianty, která se může uplatnit podobně jako předchozí VOC, alfa, delta a omikron.