



# Zpráva NRL ke dni 17. 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 variantách

Strana 6 - 7

#### Závěr a odkazy

Strana 8 - 9

- V období od 9. 10. do 16. 10. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1 110 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.4/BA.5	600	54,1 %
BA.1/BA.2	70	6,3 %
N/A	133	12,0 %
omikron	307	27,7 %
<b>Celkový součet</b>	<b>1110</b>	

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoř	Počet nahlášených diskriminačních PCR
Bioptická laboratoř s.r.o. 2	1
COP plus, s.r.o.	1
DIANA Lab, s.r.o., Praha 4	2
FN Královské Vinohrady	3
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	86
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	11
Nemocnice Na Bulovce	76
Nemocnice Pardubického kraje, Orlickoústecká nemocnice a.s. 2	26
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	94
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	131
PREVEDIG medical, s.r.o.	366
SPEA Olomouc, s.r.o.	119
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	104
Vidia - diagnostika	12
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	68
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	9
<b>Celkový součet</b>	<b>1110</b>

• K 17. 10. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 51 890 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 635 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 16. září a 16. 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 sekvenovaných variant za sledované období**

Varianta	Počet	Podíl
BA.2.X	2	0.3%
BA.4.X	10	1.6%
BA.5.X	423	66.6%
BE.X	60	9.4%
BF.X	137	21.6%
Ostatní	3	0.5%
<b>Celkem</b>	<b>635</b>	<b>100.0%</b>

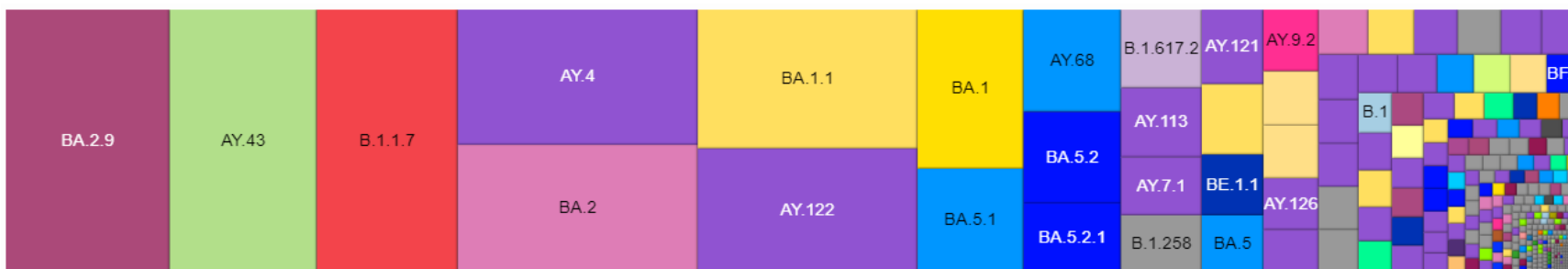
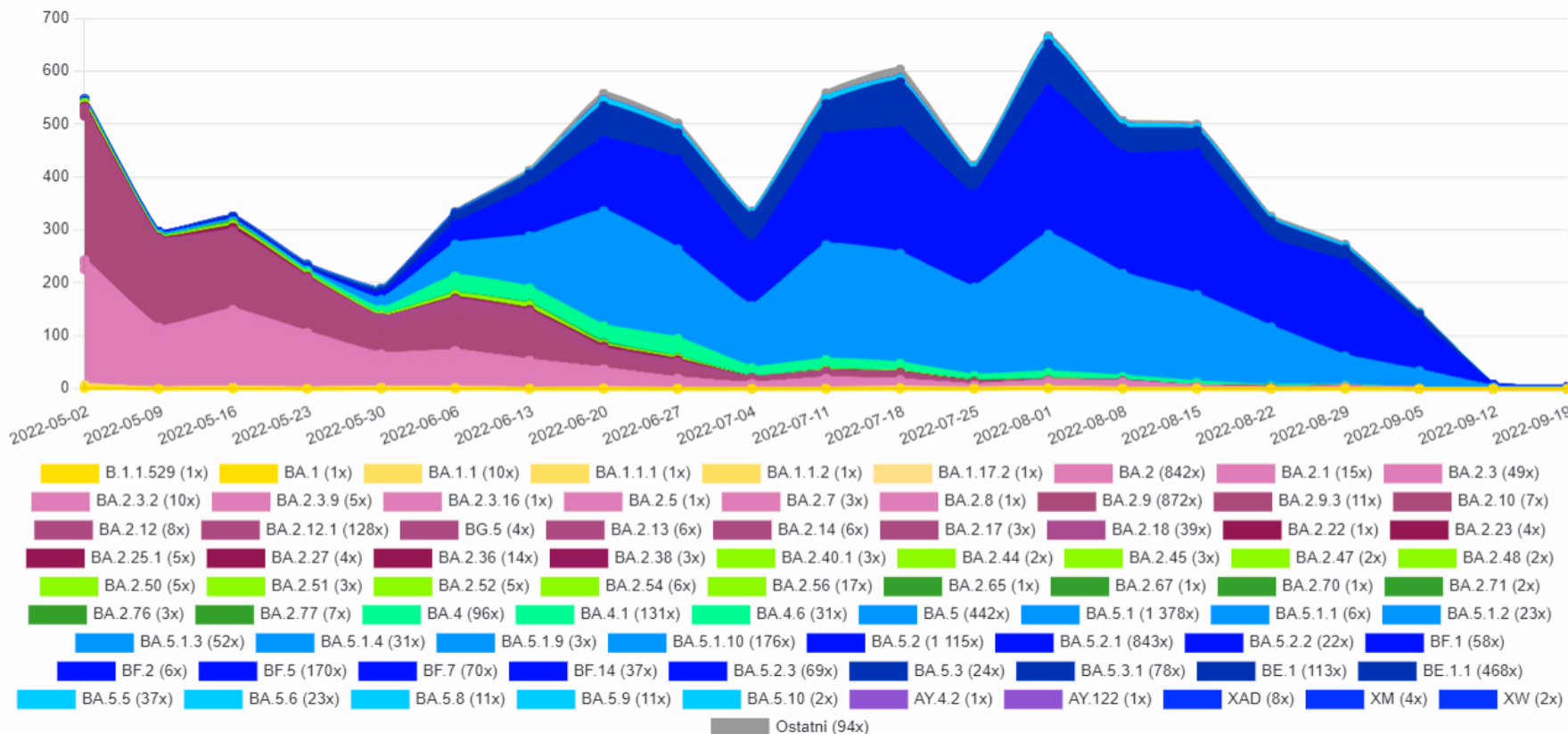
**Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období**  
Červeně vyznačeny nově monitorované varianty

Varianta	Počet	Podíl	Varianta	Počet	Podíl
BA.2	1	0.2%	BA.5.2.28	1	0.2%
<b>BA.2.75.2</b>	<b>1</b>	<b>0.2%</b>	BA.5.2.3	6	0.9%
BA.4	1	0.2%	BA.5.2.6	2	0.3%
BA.4.1	4	0.6%	BA.5.2.7	1	0.2%
<b>BA.4.6</b>	<b>5</b>	<b>0.8%</b>	BA.5.2.9	1	0.2%
BA.5	11	1.7%	BA.5.3	2	0.3%
BA.5.1	89	14.0%	BA.5.3.1	6	0.9%
BA.5.1.10	17	2.7%	BA.5.5	5	0.8%
BA.5.1.12	1	0.2%	BA.5.5.1	2	0.3%
BA.5.1.17	1	0.2%	BA.5.6	2	0.3%
BA.5.1.18	3	0.5%	BA.5.9	1	0.2%
BA.5.1.19	2	0.3%	BE.1	18	2.8%
BA.5.1.2	1	0.2%	<b>BE.1.1</b>	<b>37</b>	<b>5.8%</b>
BA.5.1.22	4	0.6%	BE.1.1.2	4	0.6%
BA.5.1.23	2	0.3%	BE.1.2	1	0.2%
BA.5.1.24	3	0.5%	BF.1	4	0.6%
BA.5.1.26	3	0.5%	BF.11	2	0.3%
BA.5.1.3	4	0.6%	BF.13	1	0.2%
BA.5.1.4	2	0.3%	BF.14	26	4.1%
BA.5.1.5	8	1.3%	BF.2	3	0.5%
BA.5.2	125	19.7%	BF.23	1	0.2%
BA.5.2.1	66	10.4%	BF.26	6	0.9%
BA.5.2.13	1	0.2%	BF.27	2	0.3%
BA.5.2.18	2	0.3%	BF.5	33	5.2%
BA.5.2.2	1	0.2%	<b>BF.7</b>	<b>58</b>	<b>9.1%</b>
BA.5.2.20	22	3.5%	BF.8	1	0.2%
BA.5.2.22	4	0.6%	BQ.1.1	1	0.2%
BA.5.2.24	7	1.1%	CG.1	1	0.2%
BA.5.2.26	15	2.4%	XAV	1	0.2%

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.3.

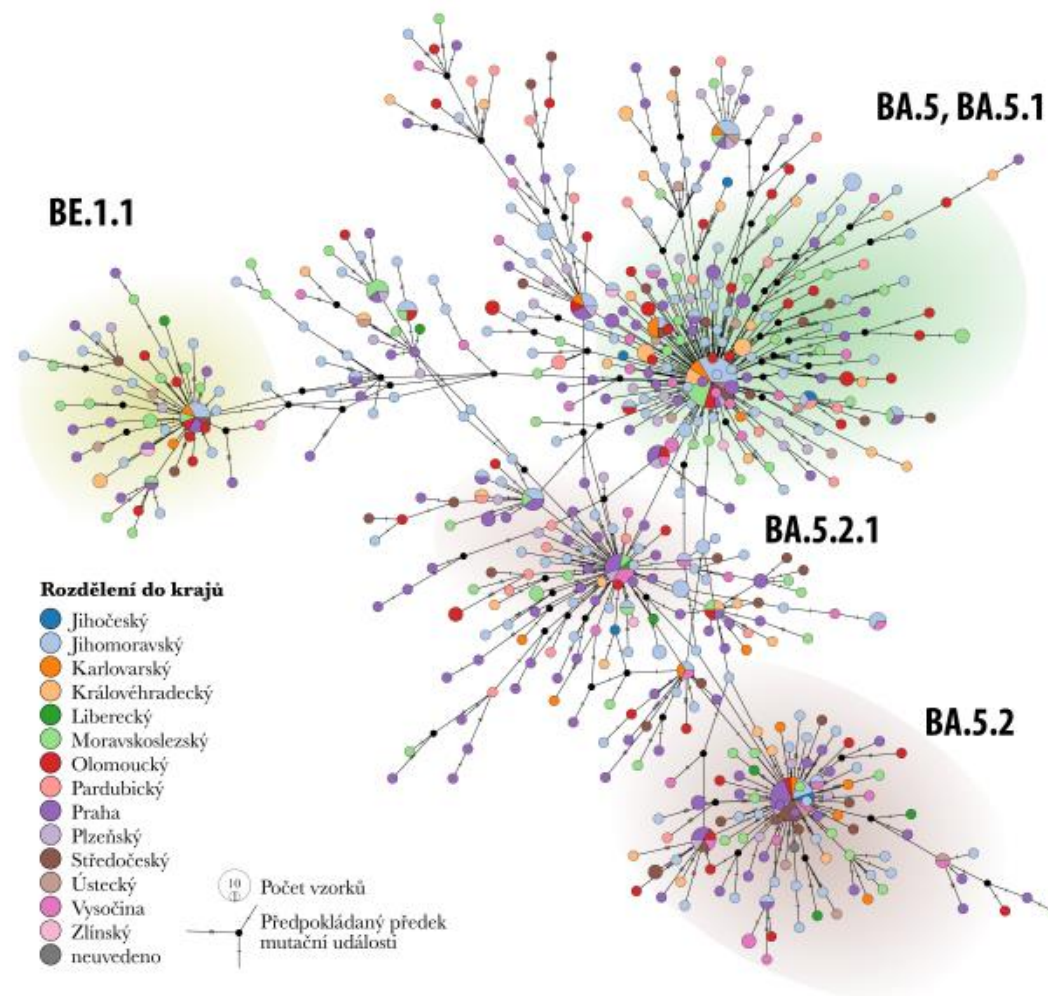
Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 5. 2022 do 17. 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.

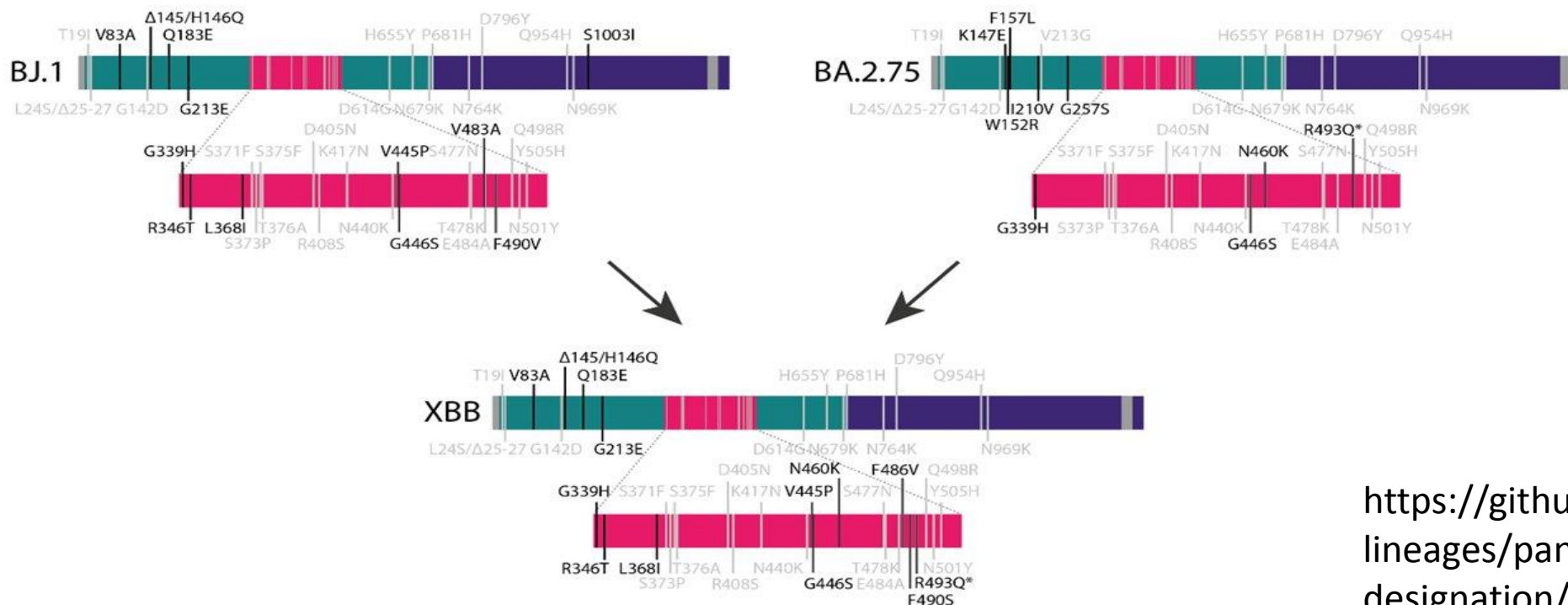


## Aktuálně sledované varianty

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

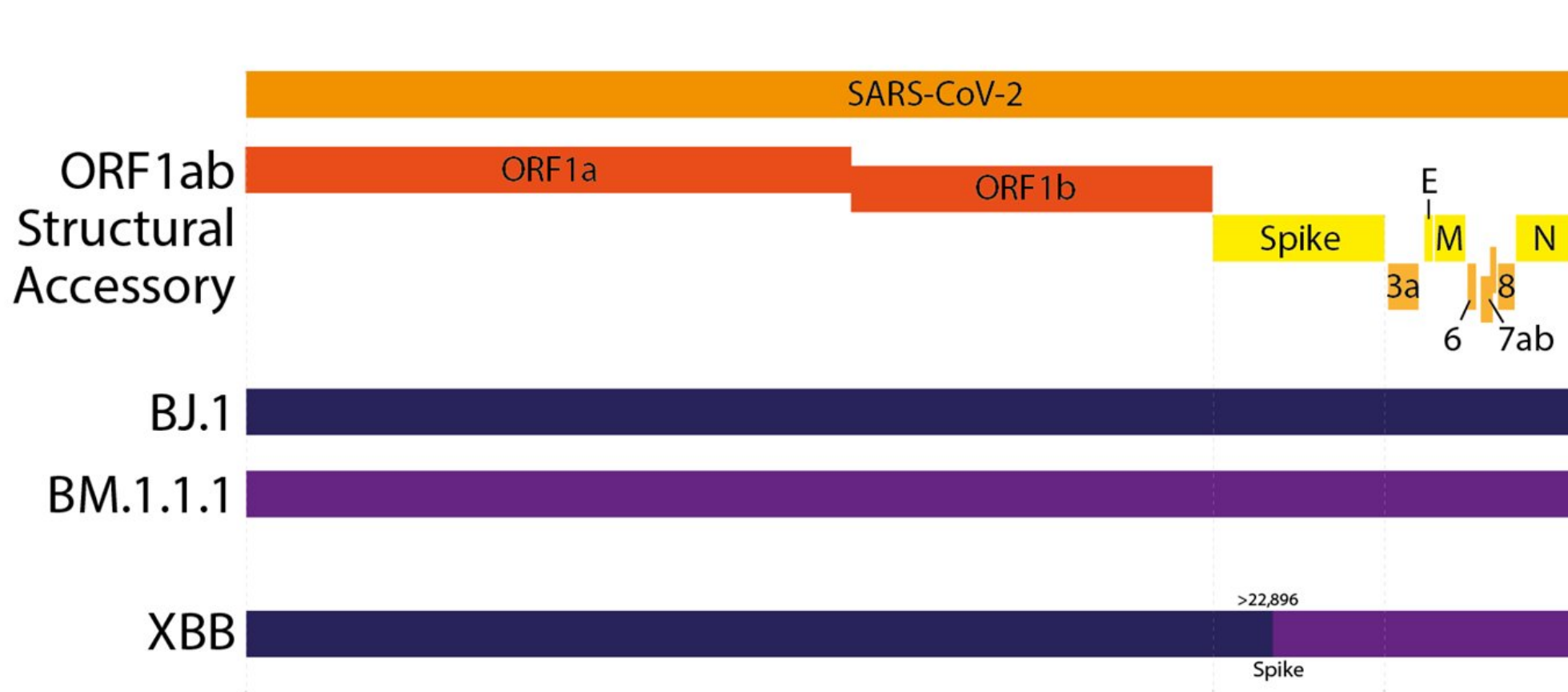
Mezi sledované aminokyselinové substituce ve spike patří K444T, N460K, R346T, Y144del, I666V, D80G, D1118G, D1199N, F490S.

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



- 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 jeden záchyt, BA.4.6 – 5 detekcí, BE.1.1 - 37 detekcí a BF.7 – 58 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.

- 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-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](#)