



# Zpráva NRL ke dni 31. 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:

<b>Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR</b>	<b>Strana 2</b>
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat	Strana 3 - 5
Informace o nově sledovaných variantach	Strana 6 - 7
Závěr a odkazy	Strana 8 - 9

- V období od 23. 10. do 30. 10. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 294 hlášených testů diskriminační PCR z 14 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	135	45.9%
BA.1/BA.2	19	6.5%
N/A	31	10.5%
omikron bez dalšího rozlišení	109	37.1%
<b>Celkový součet</b>	<b>294</b>	

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoř	Počet nahlášených diskriminačních PCR
DIANA Lab, s.r.o., Praha 4	2
FN Královské Vinohrady	1
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	30
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	5
Nemocnice Na Bulovce	27
Nemocnice Pardubického kraje, Orlickoústecká nemocnice a.s. 2	14
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	48
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	41
SPEA Olomouc, s.r.o.	25
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	59
Vidia - diagnostika	3
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	32
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	6
<b>Celkový součet</b>	<b>294</b>

• K 30. 10. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 53 515 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 435 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 30. září a 30. říjnem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron, varianta BA.5.x. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 3. Tabulka 4 ukazuje 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	1	0.2%
BA.4.X	11	2.5%
BA.5.X	267	61.4%
BE.X	36	8.3%
BF.X	109	25.1%
BQ.X	5	1.1%
Ostatní	6	1.4%
<b>Celkem</b>	<b>435</b>	

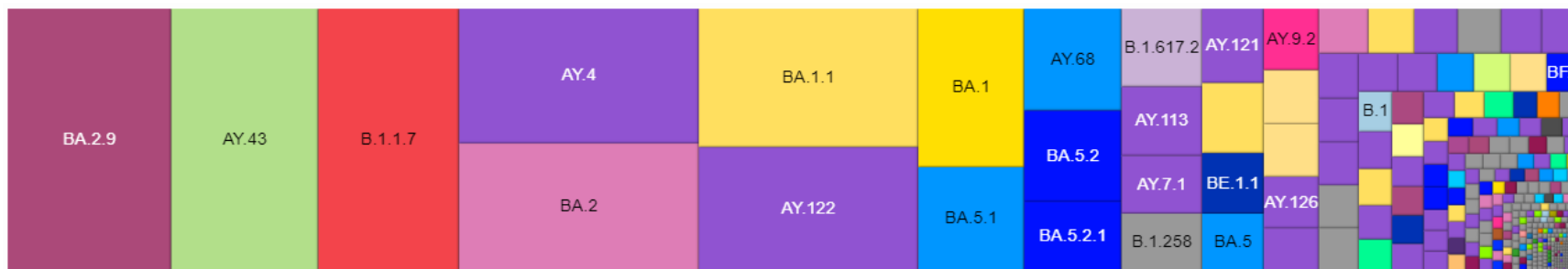
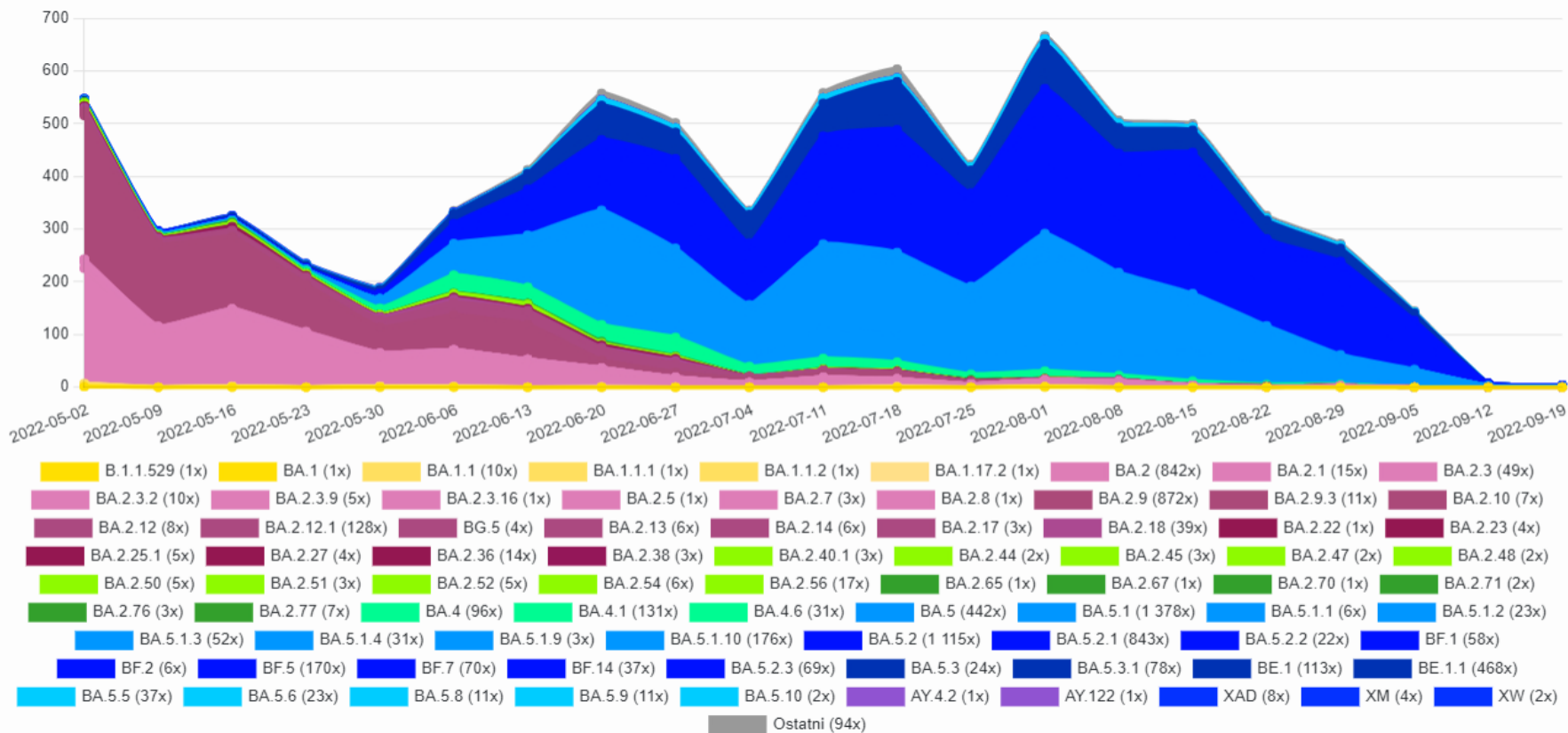
**Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období**  
Červeně vyznačeny nově monitorované varianty

Varianta	Počet	Podíl	Varianta	Počet	Podíl
BA.2	1	0.2%	BA.5.6	2	0.5%
BA.4	1	0.2%	BA.5.9	4	0.9%
<b>BA.4.6</b>	<b>8</b>	<b>1.8%</b>	BE.1	14	3.2%
BA.4.6.1	2	0.5%	<b>BE.1.1</b>	<b>19</b>	<b>4.4%</b>
BA.5	18	4.1%	BE.1.1.2	2	0.5%
BA.5.1	45	10.3%	BE.4	1	0.2%
BA.5.1.10	6	1.4%	BF.14	29	6.7%
BA.5.1.2	1	0.2%	BF.2	1	0.2%
BA.5.1.22	7	1.6%	BF.23	1	0.2%
BA.5.1.23	3	0.7%	BF.26	2	0.5%
BA.5.1.26	2	0.5%	BF.27	1	0.2%
BA.5.1.3	2	0.5%	BF.28	3	0.7%
BA.5.1.5	9	2.1%	BF.3	1	0.2%
BA.5.2	57	13.1%	BF.5	16	3.7%
BA.5.2.1	45	10.3%	<b>BF.7</b>	<b>55</b>	<b>12.6%</b>
BA.5.2.13	2	0.5%	BK.1	1	0.2%
BA.5.2.16	1	0.2%	BM.1.1	1	0.2%
BA.5.2.18	1	0.2%	BQ.1	3	0.7%
BA.5.2.20	25	5.7%	<b>BQ.1.1</b>	<b>1</b>	<b>0.2%</b>
BA.5.2.21	2	0.5%	BQ.1.2	1	0.2%
BA.5.2.22	7	1.6%	CG.1	4	0.9%
BA.5.2.26	4	0.9%	<b>Celkový součet</b>	<b>435</b>	
BA.5.2.27	1	0.2%			
BA.5.2.3	1	0.2%			
<b>BA.5.2.6</b>	<b>13</b>	<b>3.0%</b>			
BA.5.2.9	1	0.2%			
BA.5.3.1	4	0.9%			
BA.5.3.3	2	0.5%			
BA.5.5	2	0.5%			

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.3.

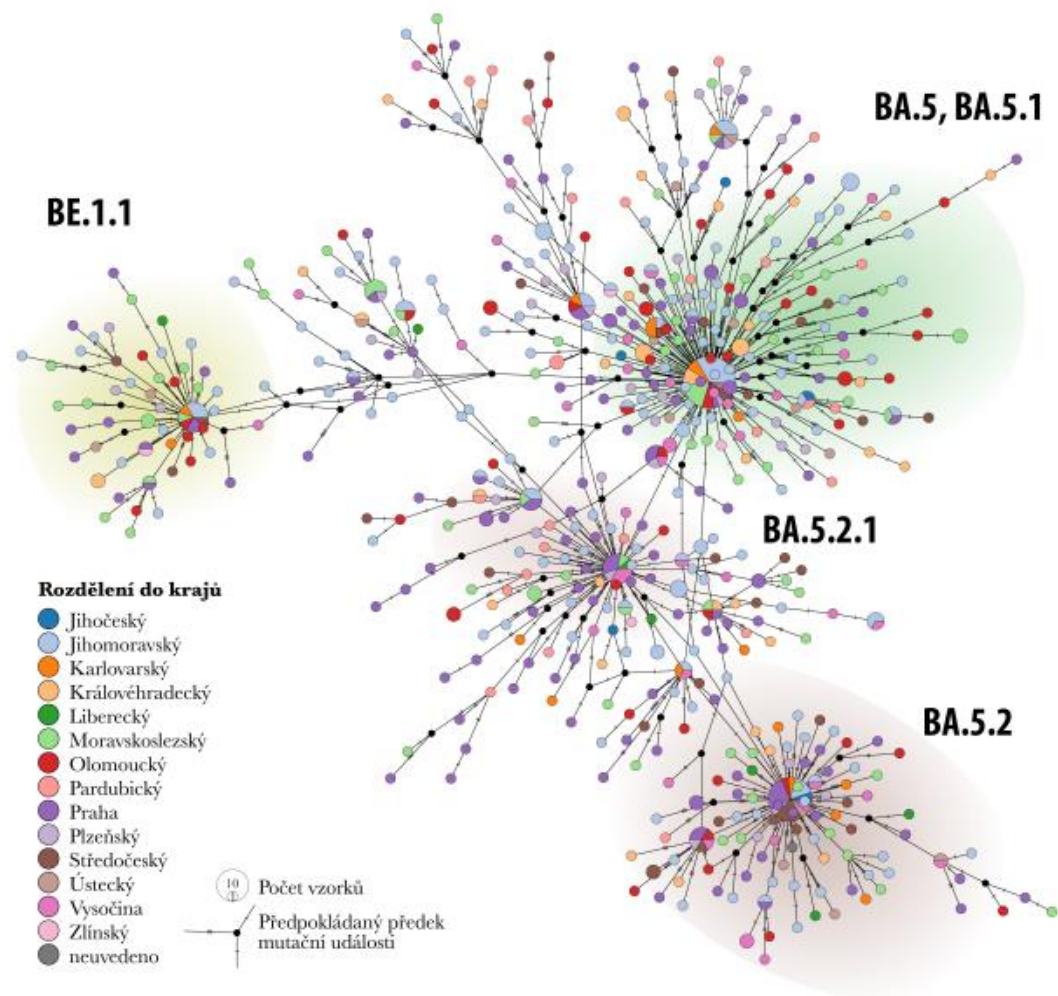
Zdroj: <https://pangolin.cog-uk.io/>

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 5. 2022 do 31. 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.

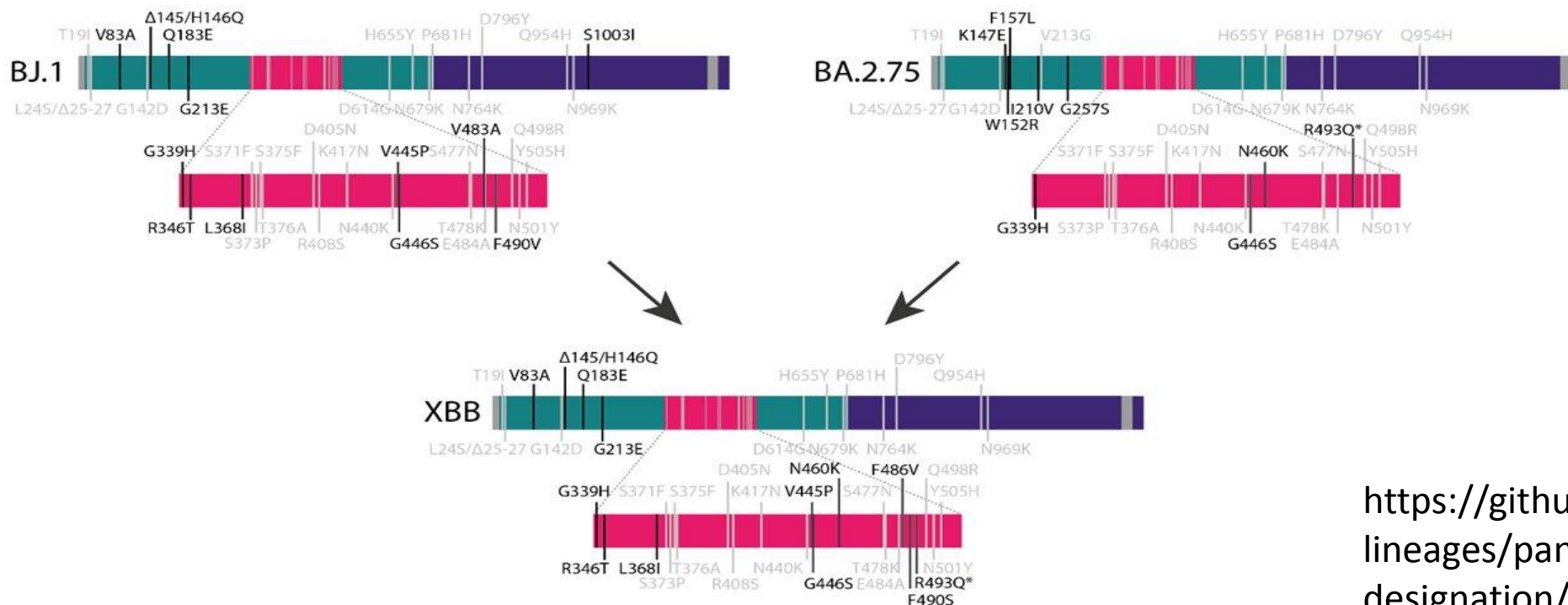


## Aktuálně sledované varianty

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.

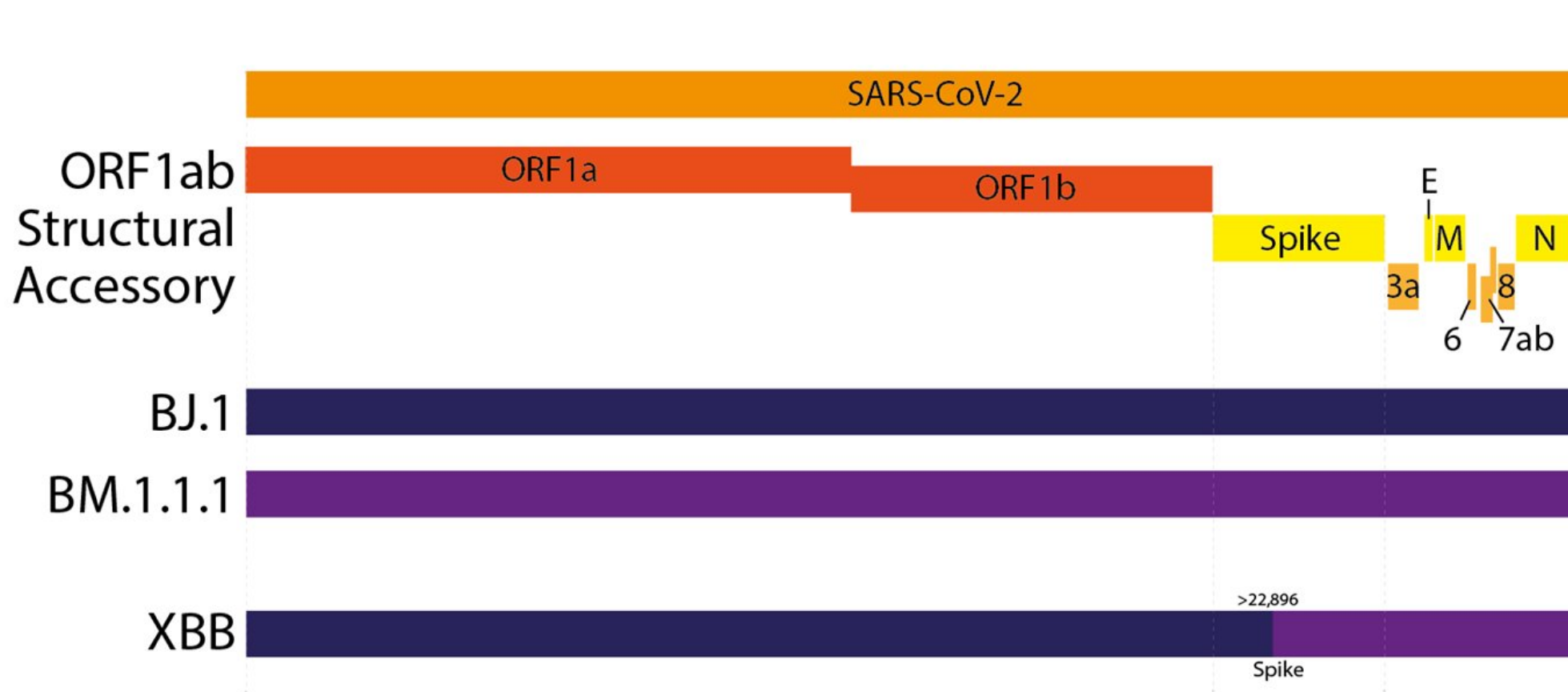
Mezi sledované aminokyselinové substituce ve spike patří K444T, N460K, R346T, Y144del, I666V, D80G, D1118G, D1199N, F490S.

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



- 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.5.2.6 – 13 detekcí, BQ.1.1 jeden záchyt, BA.4.6 – 8 detekcí, BE.1.1 - 19 detekcí a BF.7 – 55 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 \(vse.cz\)](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](#)