



Zpráva NRL ke dni 7. 11. 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 - 6

Informace o nově sledovaných variantach

Strana 7 - 8

Závěr a odkazy

Strana 9 - 10

- V období od 31. 10. do 7. 11. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 229 hlášených testů diskriminační PCR z 12 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1. Neurčené varianty jsou u těch výsledků zaslanych do ISIN, kde nebylo provedeno vyšetření mutací, případně byla vyšetřena mutace P681R, která není pro typizaci určující.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Linie	Počet
BA.1/BA.2	21
BA.4/BA.5	91
nevyšetřeny mutace	10
omikron	81
Pouze P681R	26
Celkový součet	229

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet vyšetřených vzorků
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	55
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	38
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	29
SPEA Olomouc, s.r.o.	26
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	26
Nemocnice Na Bulovce	24
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	19
Vidia - diagnostika	4
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	4
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	2
DIANA Lab, s.r.o., Praha 4	1
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Celkový součet	229

K 30. 10. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 53 998 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 306 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 6. říjnem a 24. říjnem (nejnovější údaj k 7. listopadu). Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 a z ní odvozené varianty. Varianta CG.1 nesoucí escape charakteristiky v S a mutaci zvyšující rychlost replikace v ORF 12, která v ČR cirkulovala v srpnu a září (celkem 22 sekvencí) se ve sledovaném období neuplatnila. Rovněž ve sledovaném období není pozorován nárůst jinde ve světě monitorovaných variant BQ.1, BQ1.1 a BQ.1.2. Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3. Tabulka 4 zohledňuje 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.5.x	201	65,7%
BF.7	46	15,0%
BF.x	30	9,8%
BE.1.x	17	5,6%
BA.2	7	2,3%
BA.4.6	3	1,0%
BA.2.75.x	3	1,0%

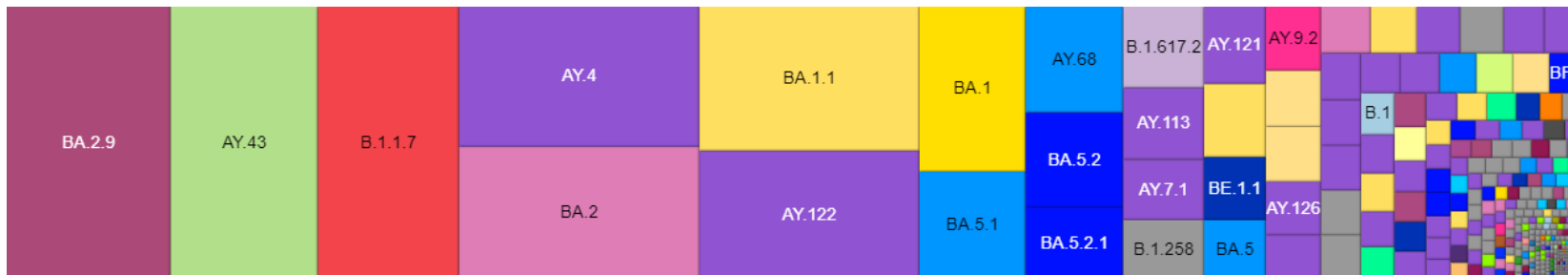
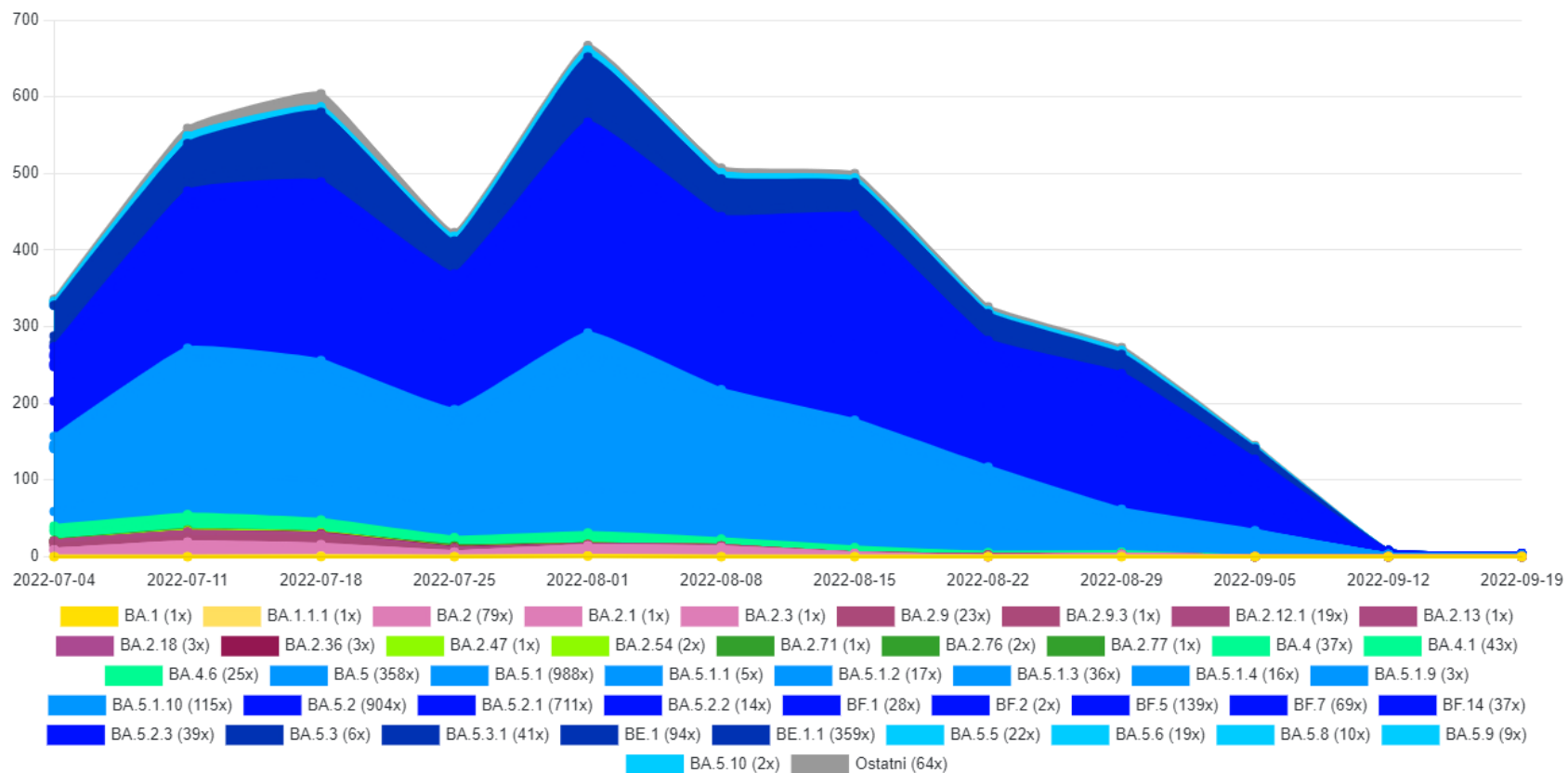
**Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období
Červeně vyznačeny nově monitorované varianty**

Linie	Počet	Podíl
BA.5.2	71	23,2%
BF.7	46	15,0%
BA.5	26	8,5%
BA.5.1	26	8,5%
BA.5.2.1	25	8,2%
BF.14	18	5,9%
BE.1.1	13	4,2%
BA.5.2.20	11	3,6%
BA.5.2.6	10	3,3%
BA.5.1.10	5	1,6%
BA.2	4	1,3%
BA.5.1.5	4	1,3%
BA.4.6	3	1,0%
BA.5.1.3	3	1,0%
BA.5.2.22	3	1,0%
BA.5.2.26	3	1,0%
BA.5.9	3	1,0%
BE.1	3	1,0%
BF.26	3	1,0%
BF.28	3	1,0%
BF.5	3	1,0%
BA.2.75	2	0,7%
BA.5.1.26	2	0,7%
BA.5.3.1	2	0,7%
CG.1	1	0,3%

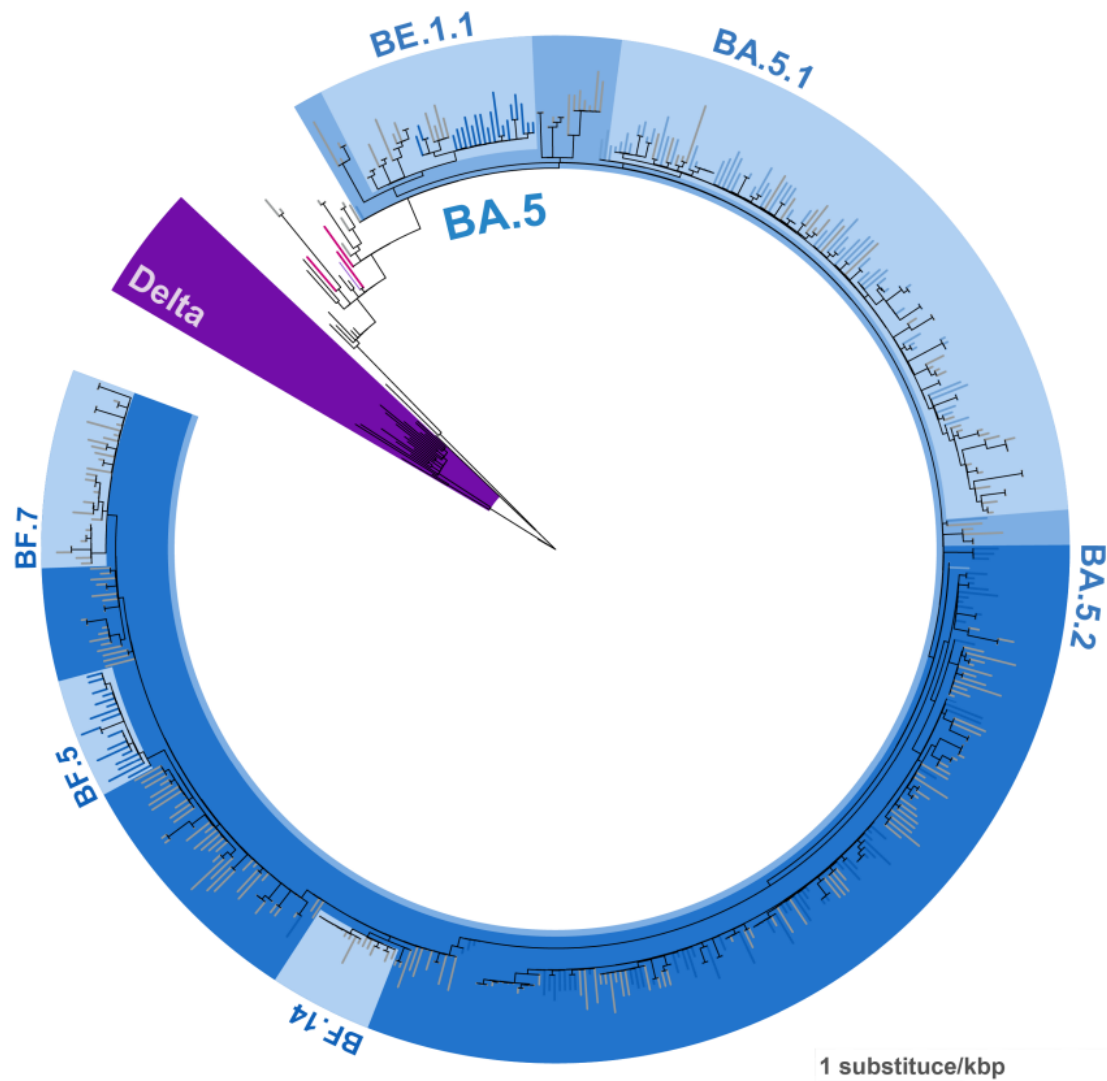
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.3.

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

Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 7. 2022 do 7. 11. 2022



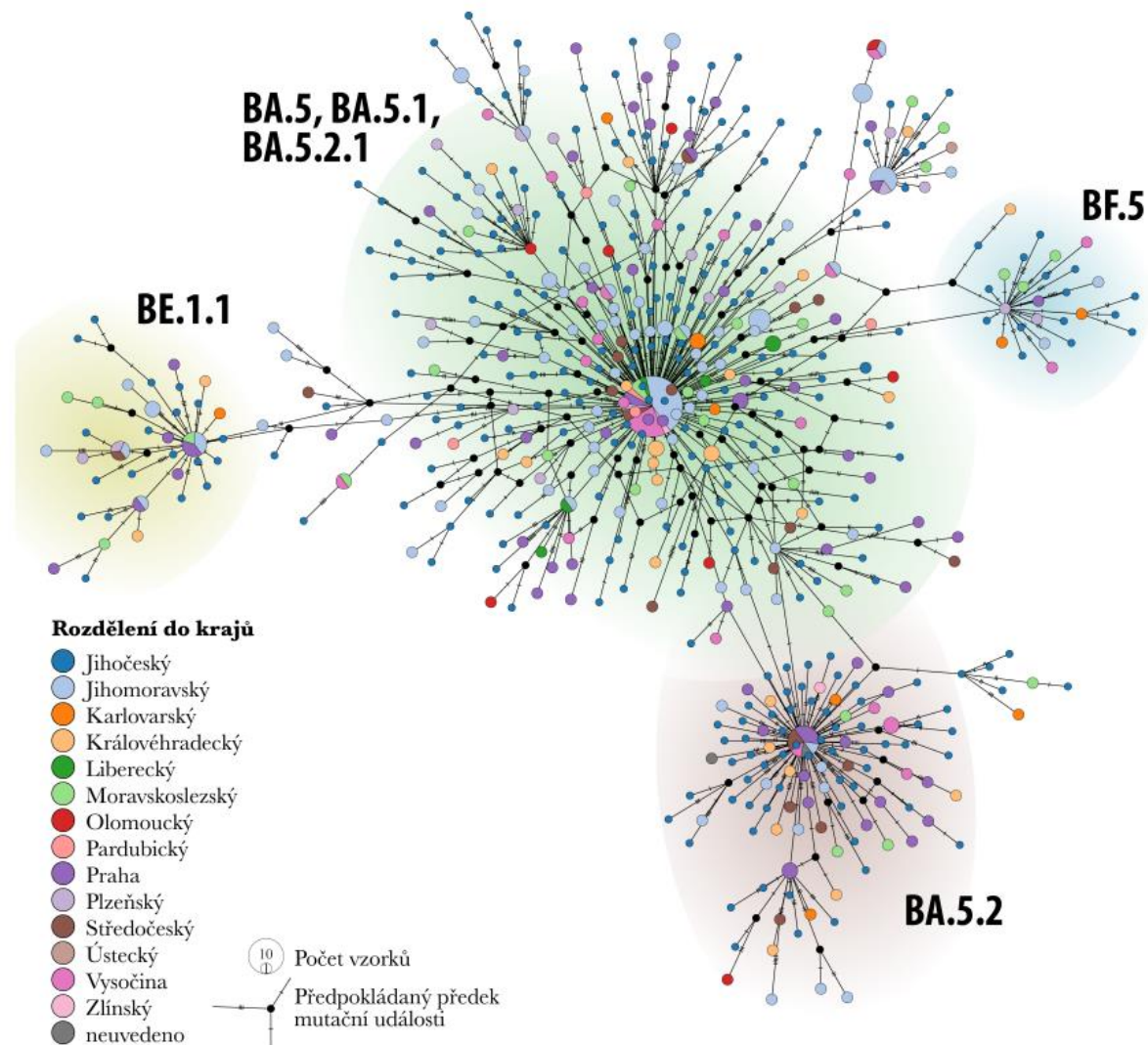
Graf 2: Fylogenetická analýza izolátů SARS-CoV-2 z České republiky



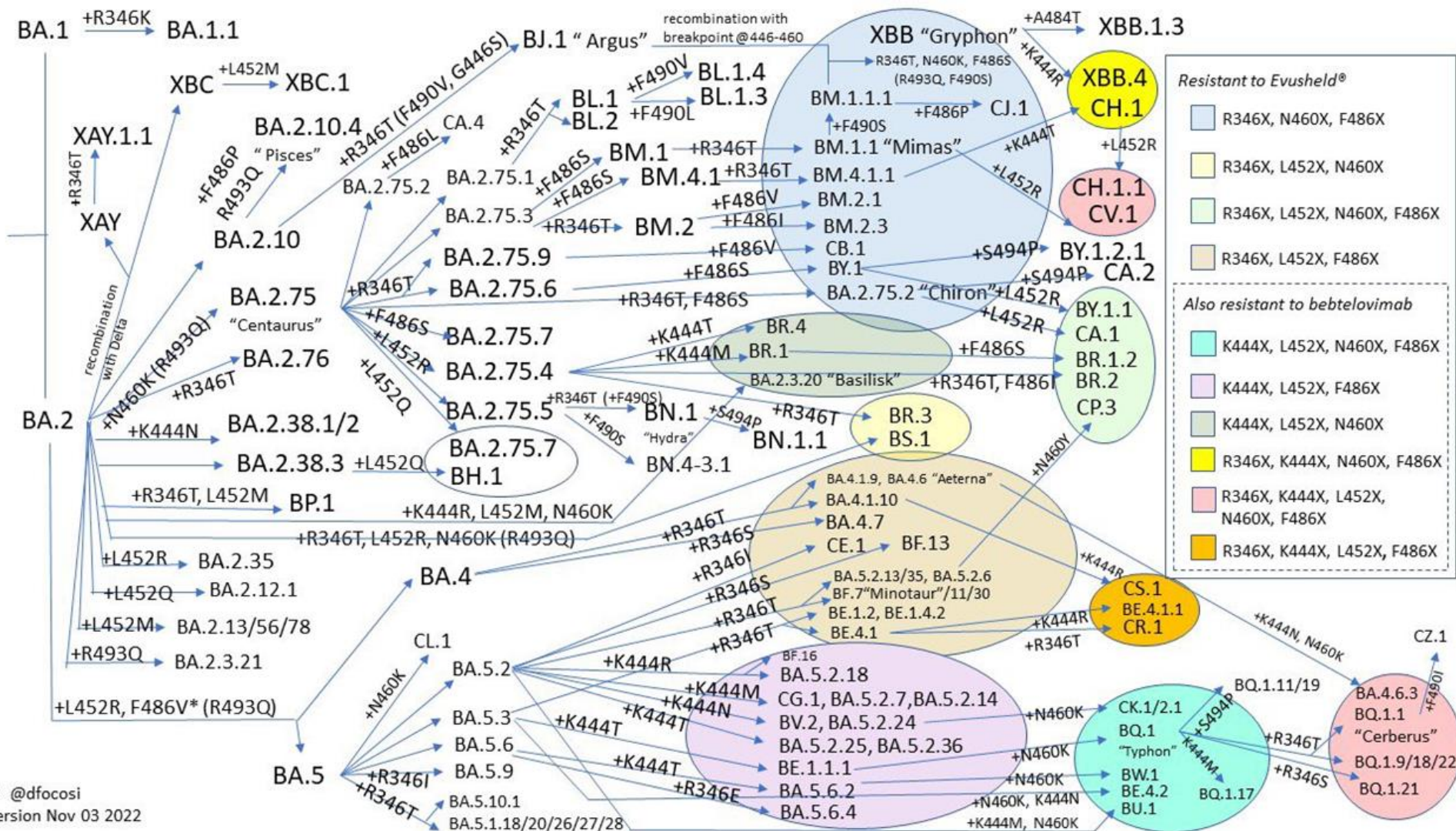
Fylogenetický strom sestavený z českých sekvencí odebraných od 8.7.2022 a výběru referenčních sekvencí z databáze GISAID. Referenční sekvence ze zahraničí jsou vyznačeny černými linkami, české sekvence jsou vyznačeny barevnými linkami a silnější linky označují sekvence vzorků odebrané od 12.8.2022. Genotypy určené pomocí PANGO Lineages (metodou UShER) jsou vyznačeny barevnými výsečemi. České vzorky viru SARS-CoV-2 náležejí vesměs do varianty Omicron. V rámci linie omicron zcela převažuje dceřiná linie BA. 5, zejména pak rozlišené linie BA.5.1, BA.5.2 a BE.1.1.

Znázornění variant SARS-CoV-2 v reprezentaci haplotypové sítě

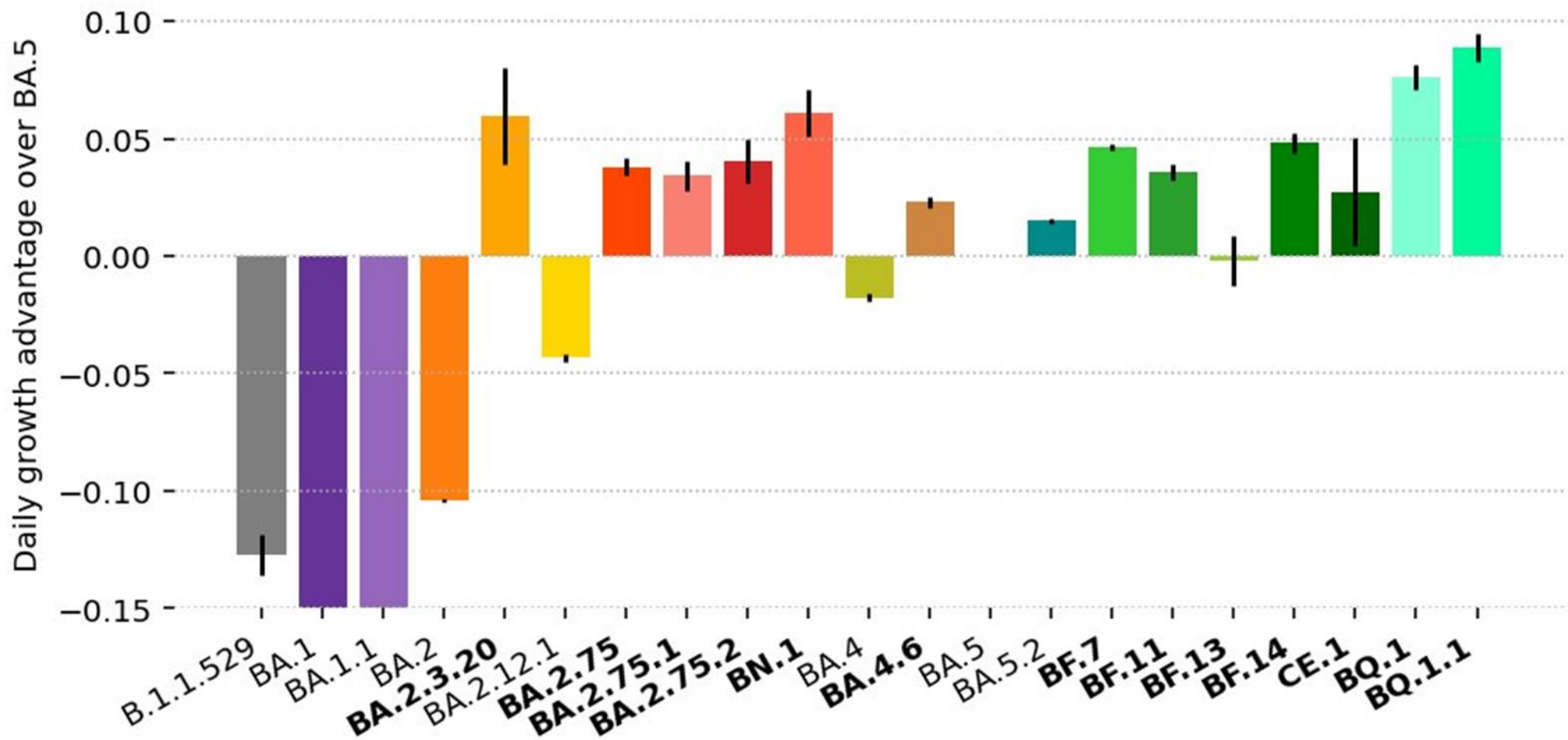
Na tvorbu haplotypové sítě byl použit výběr sekvencí 700 vzorků z České republiky shromážděných od 19. 8. 2022. Velikost uzlů odpovídá počtu vzorků s identickou sekvencí DNA. Spojnice naznačují pravděpodobné příbuzenské vztahy, počet krátkých kolmých úseček odpovídá počtu mutačních změn. Uzly jsou vybarveny 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.



Přehled konvergentní evoluce variant usnadňující imunitní únik



Porovnání relativní růstové výhody v rámci evoluce omikronu



Zdroj: Moritz Gerstung: EMBL's European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) provides life science data resources and tools, and performs basic research in computational biology.

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance stále probíhá a je stále potřeba zasílat pozitivní vzorky do sekvenačních center.
- Sekvenační data v současnosti nevykazují shodu se světovými daty, sledované varianty BQ.1 a BQ.1.1 se zatím neuplatňují a tomu odpovídá i dynamika vývoje počtu pozitivních detekcí i počtu hospitalizovaných, přestože testování a sekvenační výběr je zcela náhodný. Stále dominují varianty odvozené od BA.5x (BA.5 like – 66 %), kam spadají i varianty BE a BF like, kde se uplatňuje především BF.7 (15 %). 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. Za nezávažnější důsledek evoluce lze považovat ztrátu účinnosti některých léčivých přípravků, např. Evusheld, jehož podání je jediným řešením pro některé rizikové pacienty. 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](#)