



Zpráva NRL ke dni 14. 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 - 5

Informace o nově sledovaných variantach

Strana 6 - 7

Závěr a odkazy

Strana 8 - 9

V období od 6. 11. do 13. 11. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 108 hlášených testů diskriminační PCR z 9 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Linie	Počet
BA.4/BA.5	32
BA1./BA.2	20
omikron	56
Celkem	108

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
DIANA Lab, s.r.o., Praha 4	2
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	9
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	5
Nemocnice Na Bulovce	17
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	15
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	14
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	23
Vidia - diagnostika	1
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	22
Celkový součet	108

K 14. 11. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 54 531 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 455 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 14. říjnem a 14. listopadem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 a z ní odvozené varianty. Ve sledovaném období není pozorován nárůst jinde ve světě monitorovaných variant BQ.1, BQ1.1 a BQ.1.2., jejich nárůst je pozorován především v USA, Velké Británii a Francii. Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3. Tabulka 4 zohledňuje souhrnný přehled sekvenací za sledované období. Nově byla detekována rekombinantní varianta XAZ ((BA.5 xBA.2.5) x BA.5). Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant od 1. 5. 2022 zobrazuje graf 1.

Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období

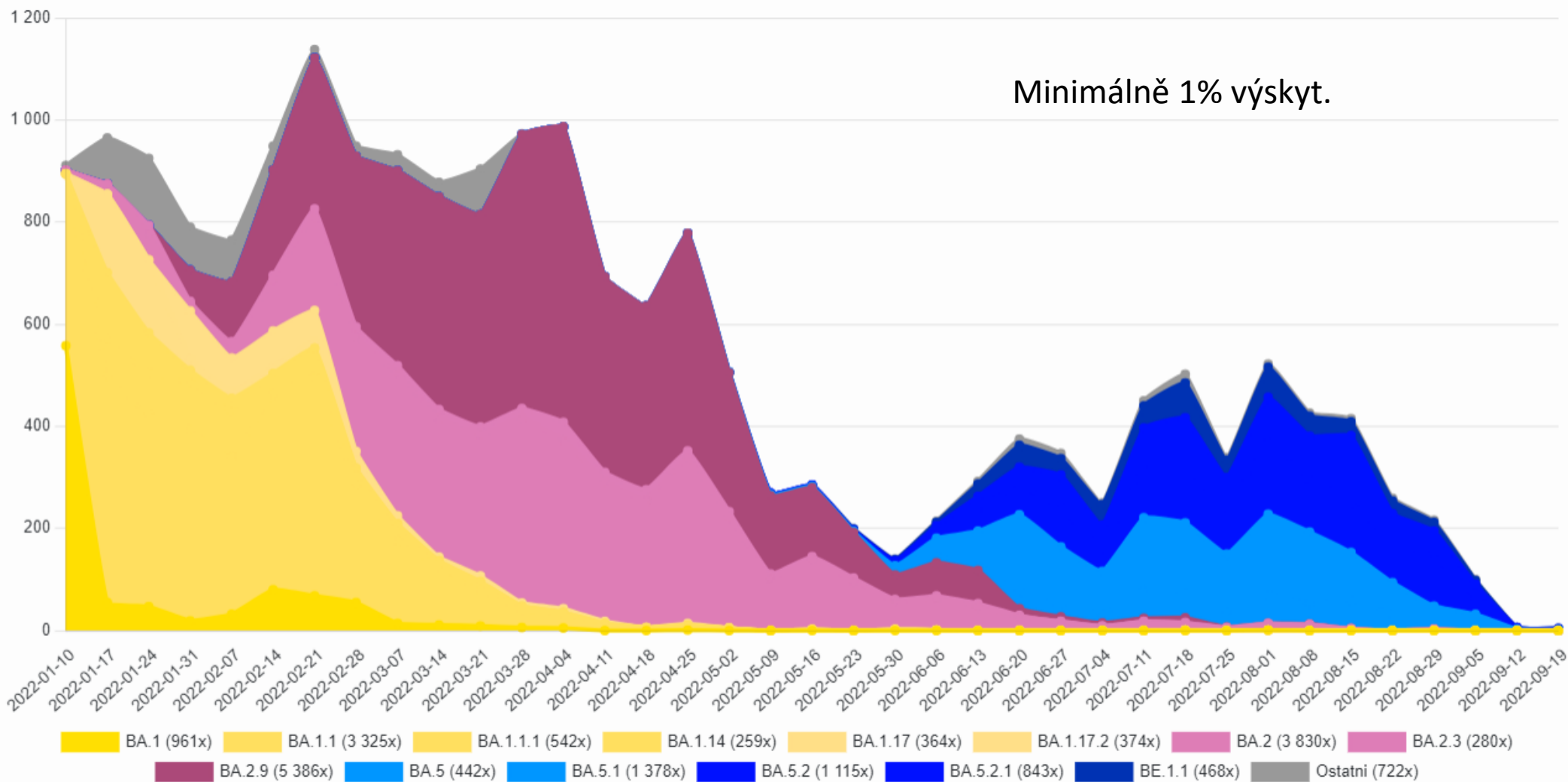
Linie	Počet	Podíl
BA.5.x	297	65,3%
BF.7	69	15,2%
BF.xx	37	8,1%
BF.14	31	6,8%
BE.1.x	26	5,7%
BA.2	67	14,7%
BF.5	7	1,5%
BA.4.6	5	1,1%
BQ.1	1	0,2%
XAZ	1	0,2%

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

Linie	Počet	Podíl	Linie	Počet	Podíl
BA.5.2	114	25,1%	BE.1	2	0,4%
BF.7	69	15,2%	BF.10	2	0,4%
BA.5.2.1	53	11,6%	BA.5.1.1	1	0,2%
BA.5.1	51	11,2%	BA.5.1.12	1	0,2%
BF.14	31	6,8%	BA.5.2.29	1	0,2%
BE.1.1	22	4,8%	BA.5.2.3	1	0,2%
BA.5	16	3,5%	BA.5.2.4	1	0,2%
BA.5.1.10	15	3,3%	BA.5.3.3	1	0,2%
BA.2.75	10	2,2%	BA.5.6	1	0,2%
BF.5	7	1,5%	BE.1.1.2	1	0,2%
BA.5.2.6	6	1,3%	BE.1.2	1	0,2%
BA.4.6	5	1,1%	BF.11	1	0,2%
BA.5.2.20	5	1,1%	BF.17	1	0,2%
BA.5.3.1	5	1,1%	BF.26	1	0,2%
BA.2	4	0,9%	BF.28	1	0,2%
BA.5.1.5	4	0,9%	BQ.1	1	0,2%
BA.5.1.23	3	0,7%	XAZ	1	0,2%
BA.5.1.26	3	0,7%	XAZ	1	0,2%
BA.5.2.26	3	0,7%			
BA.2.75.2	2	0,4%			
BA.5.1.3	2	0,4%			
BA.5.2.16	2	0,4%			
BA.5.2.27	2	0,4%			
BA.5.5	2	0,4%			

Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 7. 2022 do 14. 11. 2022

Linie SARS-CoV-2 detekované v Česku (7. 1. 2022 - 14. 11. 2022)



Tab. 5: Celkový počet sekvenci vložených do GISAID k 11-11-2022

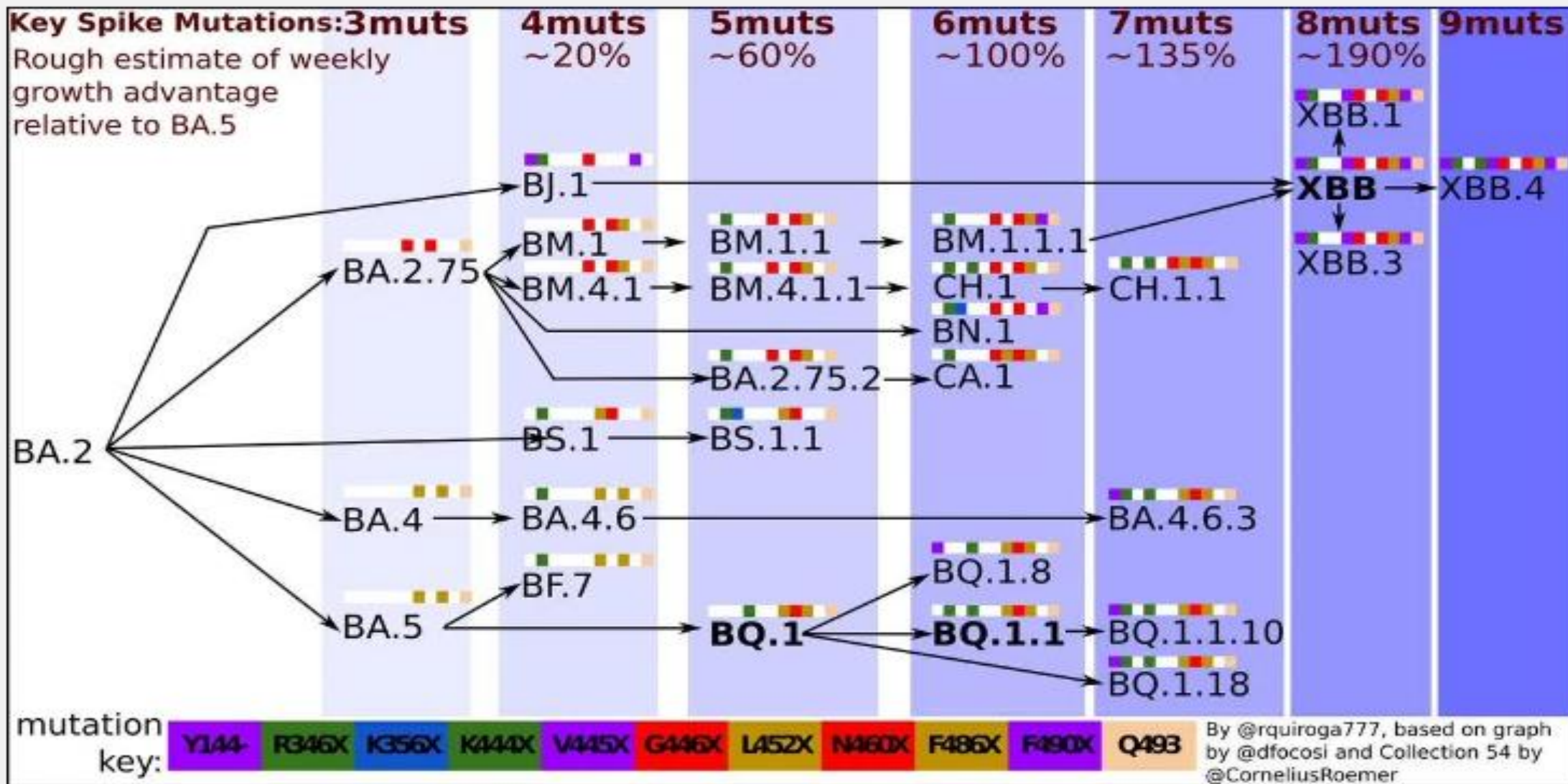
Sekvenační centrum	Počet vzorků
FN Brno	5 252
NRL	5 056
FNHK	3 993
UMTM Olomouc	3 584
Biocev/PřF UK	3 370
FN Plzeň	3 219
Sv Anna Brno	2 115
SVU Praha	972
AVČR ČB	956
FN Ostrava	591

Tab. 6: Počet osekvenovaných vzorků za kalendářní měsíce v roce 2022

Měsíc	Počet sekvencí	Průměrný týdenní počet sekvencí
Leden	5 495	> 1000
Únor	4 248	> 1000
Březen	4 450	> 1000
Duben,	900	< 300
Květen	1 608	<400
Červen	1 949,	<500
Červenec	2 238,	>500
Srpen	2 701,	>600
Září	2 695,	>600
Říjen	976	<300

Po úvodních měsících roku osciluje sekvenační kapacita okolo 500 vzorků za týden. Tento počet by měl být udržen i v roce 2023. Cílem by mělo být dosažení reprezentativního podílu vzorků, nikoli spoléhat na náhodný výběr. Pro výběr reprezentativního podílu je nutné, uchovávání pozitivních izolátů RNA po dobu 5 dnů a těsná spolupráce ÚZIS se SZÚ.

Přehled evoluce variant usnadňující imunitní únik



Zdroj: Rodrigo Quiroga, based on GISAID data

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance stále probíhá a je stále potřeba zasílat pozitivní vzorky do sekvenačních center.
- Situace se od minulého týdne nezměnila. 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 (včetně BE.x, BF.x), které nyní tvoří více než 80 % sekvencí. Z BA.5-like subvariant se nejvíce se uplatňují BA.5.2 (14 %), BA.5.1 (11) % BF.7 (15 %) a BF.14 (7 %) Sporadicky jsou detekovány monitorované varianty: BQ.1. jeden záchyt (celkem v ČR 10 detekcí), BA.4.6 5 detekcí. Nově byla detekována rekombinantní varianta XAZ ((BA.5 xBA.2.5) x BA.5).
- Přestože struktura spike stále umožňuje adaptační evoluci, není zřejmé, jak bude vypadat další vývoj viru. Pozorujeme konvergentní mutace v spike proteinu vedoucí k úniku před protilátkami především na pozicích: L452*: R346*(T/I/S/K), K356*(T/R), K444*(M/T/R/N), V445*(A/P), G446*(D/S/V), N450* a N460*(K/S). Mutace, které nejvíce ovlivňují escape charakter (únik před protilátkami) jsou považovány: R346, R356, K444, L452, N460K a F486x. Tyto mutace jsou obsaženy v aktuálně monitorovaných variantách.

- 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-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](#)