



# Zpráva NRL ke dni 21. 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 - 4

Informace o nově sledovaných variantach

Strana 5 - 6

Závěr a odkazy

Strana 7 - 8

V období od 6. 11. do 13. 11. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 114 hlášených testů diskriminační PCR z 10 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.

**Tabulka 1: Přehled zachycených mutací**

Varianta	Počet
BA4/5	48
omikron	35
BA1/2	20
nevalidní (P681R)	5
neprovedeno	4
omikron neprokázán (Y505H negativní)	2
Celkový součet	114

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoř	Počet
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	35
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	18
Nemocnice Na Bulovce	16
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	12
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	10
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	6
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	6
FN Královské Vinohrady	5
SPEA Olomouc, s.r.o.	5
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1

K 20. 11. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 54 804 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 166 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 20. říjnem a 20. listopadem Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5.2 (65 sekvencí, 39 %) 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. V těchto zemích není vlivem dominance BA.1.x variant pozorována epidemická vlna. 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**

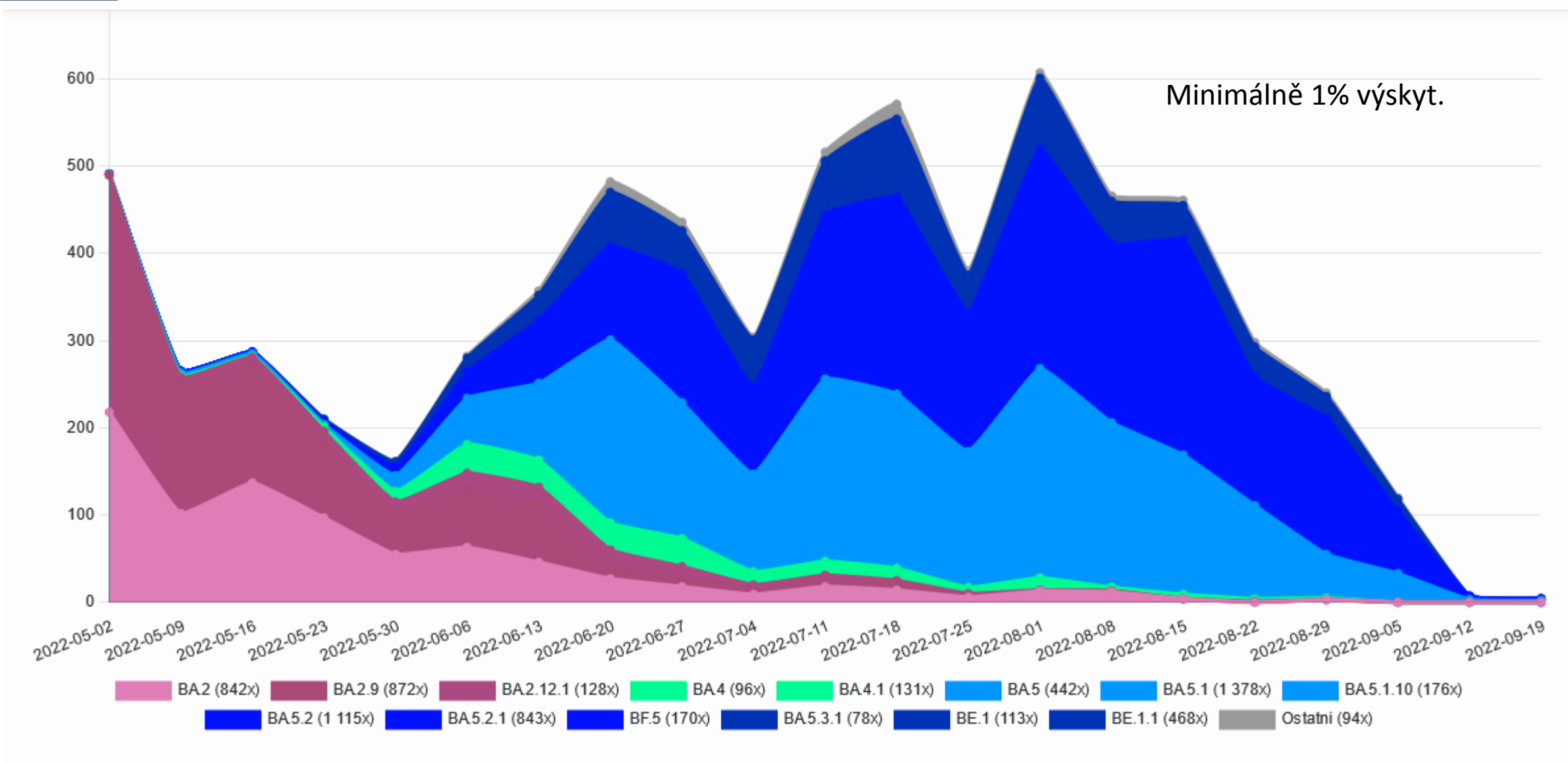
Varianta	Počet	Podíl
BA.5.2.x	65	38,9%
BF.7.x	44	26,2%
BA.5.1.x	18	10,7%
BF.14	15	8,8%
BQ.1.x.x	6	3,5%
BF.xx	5	2,9%
BE.1.1	4	2,3%
CL.1.	4	2,3%
BA.2	2	1,1%
BN.1.5	2	1,1%
BA.4.6	1	0,6%

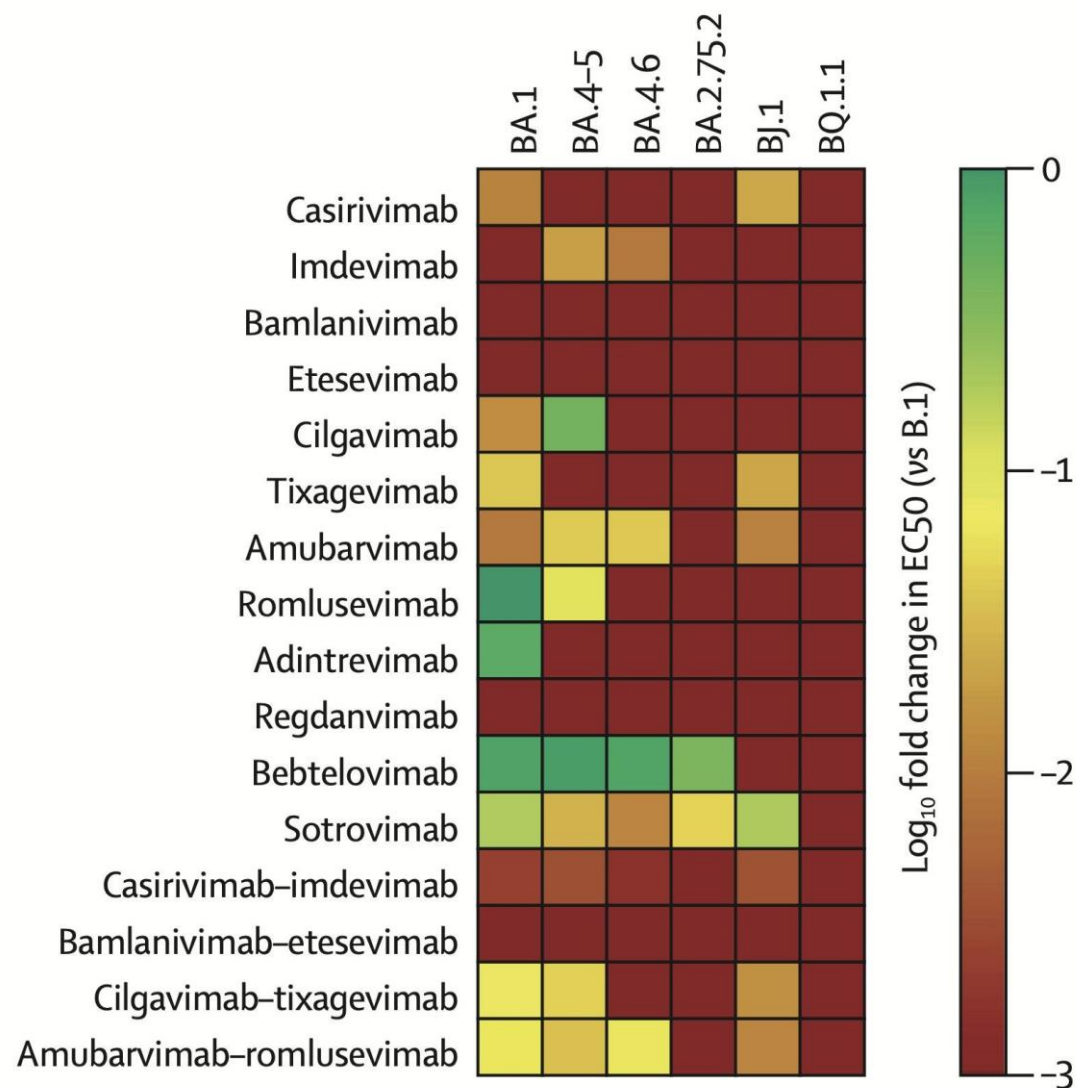
**Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období**

Varianta	Počet	Podíl	Varianta	Počet	Podíl
BA.5.2	42	25,3%	BN.1.5	2	1,2%
BF.7	32	19,3%	BQ.1	2	1,2%
BF.14	15	9,0%	BA.4.6	1	0,6%
BF.7.3	9	5,4%	BA.5.1.2	1	0,6%
BA.5.1	8	4,8%	BA.5.1.23	1	0,6%
BA.5.2.1	8	4,8%	BA.5.2.22	1	0,6%
BA.5.2.20	7	4,2%	BA.5.2.27	1	0,6%
BA.5.2.26	4	2,4%	BA.5.2.34	1	0,6%
BE.1.1	4	2,4%	BA.5.2.35	1	0,6%
BA.2	3	1,8%	BF.11	1	0,6%
BA.5.1.10	3	1,8%	BF.2	1	0,6%
BA.5.1.5	3	1,8%	BF.26	1	0,6%
BQ.1.1	3	1,8%	BF.7.4	1	0,6%
BA.5	2	1,2%	BF.7.5	1	0,6%
BA.5.1.24	2	1,2%	BF.7.6	1	0,6%
BF.5	2	1,2%	BQ.1.1.1	1	0,6%
			CL.1	1	0,6%

Celkový součet 166

# Graf 1: Přehled sekvenovaných variant od 1. 7. 2022 do 20. 11. 2022







- 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 98 % sekvencí. Z BA.5-like subvariant se nejvíce se uplatňují BA.5.2 (39 %), BF.7 (26 %) a BF.14 (9 %). U variant BF.7 a BF.14 pozorujeme nárůst v zastoupení v porovnání s minulým týdnem. Sporadicky jsou detekovány monitorované varianty: BQ.1.x - šest záchytů (celkem v ČR 20 detekcí). BA.4.6 byla detekována jen v jednom případě. Je zaznamenán nárůst detekcí variant odvozených od BQ.1, ale ani v zemích, kde tyto varianty dominují není pozorována epidemická vlna ani významný vzestup hospitalizací a úmrtí.
- Závažný je zcela jasný imunitní únik BA.1.1 před dostupnými terapeutickými monoklonálními protilátkami. Účinnost Paxlovidu (ritonavir) a Lagevria (molnupiravir) není ovlivněn.

- 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](#)