



## 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:

---

Souhrn	Strana 2
Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 3
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat	Strana 4
Mikrobiologie – informace o nové klasifikaci variant	5-10
Odkazy	Strana 11
Závěr	Strana 12

---

- V období od 11. 7. 2022 do 17.7. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 1575 hlášených testů diskriminační PCR.
- K 17. 7. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 44 962 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 413 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 17. červnem a 17. červencem. Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikron. Celkový přehled všech sekvenovaných variant ukazuje tabulka 2.

- V období od 11. 7. 2022 do 17. 7. 2022 má NRL k dispozici data 1583 hlášených testů diskriminační PCR, z nichž u 1464 byla provedena analýza relevantních mutací (někteří hlásí např. jen A570D). V 11 případech nebyla detekována mutace typická pro omikron, ve všech dalších případech se jednalo o detekci omikronu.

**Tabulka 1: Přehled zachycených mutací (plovoucí datový interval za posledních 8 dní z ÚZIS):**

Mutace	Pozitivních	Celkem (vzorků v sadě)	Procento v sadě	Interpretace (pouze susp. varianta)
Y505H bez detekce L452R nebo dalších mutací	317	328	97 %	Omikron bez další možnosti typizace
L452R+ a Y505+	1099	1147	96 %	BA.4/BA.5 a některé další subvarianty omikronu
L452R-	48	1147	4 %	Omikron (BA.1/BA.2)

**Tabulka 2: Přehled sekvenovaných variant v ČR za 17. 6. 2022 – 17. 7. 2022**

**a: Přehled variant zastoupených ve více než 1 %**

**b: Přehled všech variant**

a

BA.2	23	5,57%	Omikron
BA.2.12.1	18	4,36%	Omikron
BA.2.18	6	1,45%	Omikron
BA.2.9	23	5,57%	Omikron
BA.4	9	2,18%	Omikron
BA.4.1	16	3,87%	Omikron
BA.5	8	1,94%	Omikron
BA.5.1	134	32,45%	Omikron
BA.5.2	33	7,99%	Omikron
BA.5.2.1	34	8,23%	Omikron
BA.5.2.3	7	1,69%	Omikron
BA.5.3.1	10	2,42%	Omikron
BE.1.1	29	7,02%	Omikron
BF.1	11	2,66%	Omikron
BF.5	7	1,69%	Omikron

b

Varianta	Počet	Podíl v procentech	WHO název
AY.4.2	1	0,24%	Delta
BA.1.17.2	1	0,24%	
BA.2	23	5,57%	Omikron
BA.2.1	4	0,97%	Omikron
BA.2.12.1	18	4,36%	Omikron
BA.2.18	6	1,45%	Omikron
BA.2.3	1	0,24%	Omikron
BA.2.36	2	0,48%	Omikron
BA.2.40.1	1	0,24%	Omikron
BA.2.52	1	0,24%	Omikron
BA.2.56	4	0,97%	Omikron
BA.2.76	1	0,24%	Omikron
BA.2.9	23	5,57%	Omikron
BA.2.9.3	2	0,48%	Omikron
BA.4	9	2,18%	Omikron
BA.4.1	16	3,87%	Omikron
BA.4.2	1	0,24%	Omikron
BA.4.4	1	0,24%	Omikron
BA.4.5	1	0,24%	Omikron
BA.4.6	2	0,48%	Omikron
BA.5	8	1,94%	Omikron
BA.5.1	134	32,45%	Omikron
BA.5.1.1	1	0,24%	Omikron
BA.5.1.2	3	0,73%	Omikron
BA.5.1.3	3	0,73%	Omikron
BA.5.2	33	7,99%	Omikron
BA.5.2.1	34	8,23%	Omikron
BA.5.2.2	3	0,73%	Omikron
BA.5.2.3	7	1,69%	Omikron
BA.5.3.1	10	2,42%	Omikron
BA.5.3.2	1	0,24%	Omikron
BA.5.3.4	1	0,24%	Omikron
BA.5.5	4	0,97%	Omikron
BA.5.6	2	0,48%	Omikron
BE.1	2	0,48%	Omikron
BE.1.1	29	7,02%	Omikron
BF.1	11	2,66%	Omikron
BF.2	1	0,24%	Omikron
BF.5	7	1,69%	Omikron
BG.2	1	0,24%	Omikron

### Varianty hodné pozornosti (VOC)

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.1	South Africa and Botswana	(x)	November 2021	Increased (v) (1, 2)	Increased (v) (3-5)	Reduced (v) (6-8)	Community
Omicron	BA.2	South Africa	(y)	November 2021	Increased (v) (1, 9)	Increased (v) (3)	Reduced (v) (10, 11)	Dominant
Omicron	BA.4	South Africa	L452R, F486V, R493Q	January 2022	No evidence	Increased (12, 13)	No evidence	Community
Omicron	BA.5	South Africa	L452R, F486V, R493Q	February 2022	No evidence	Increased (12, 13)	No evidence	Community

x: A67V, Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, N211I, Δ212, ins215EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, K417N, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

y: G142D, N211I, Δ212, V213G, G339D, S371F, S373P, S375F, T376A, D405N, R408S, K417N, N440K, S477N, T478K, E484A, Q493R, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H, N969K

### Varianty zájmu (VOI)

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.2 + L452X (x)	n/a	L452X	n/a	No evidence	Increased (13)	No evidence	Detected (a)
Omicron	BA.2.75	India	(y)	May 2022	No evidence	No evidence	No evidence	Detected (a)

x: Any amino-acid substitution

y: W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, Q493 (reversion)

V GISAID uveřejněno celkem 183 WGS BA.2.75 (a) a 827 sekvencí BA.2.76 (spike Y248N and R346T)

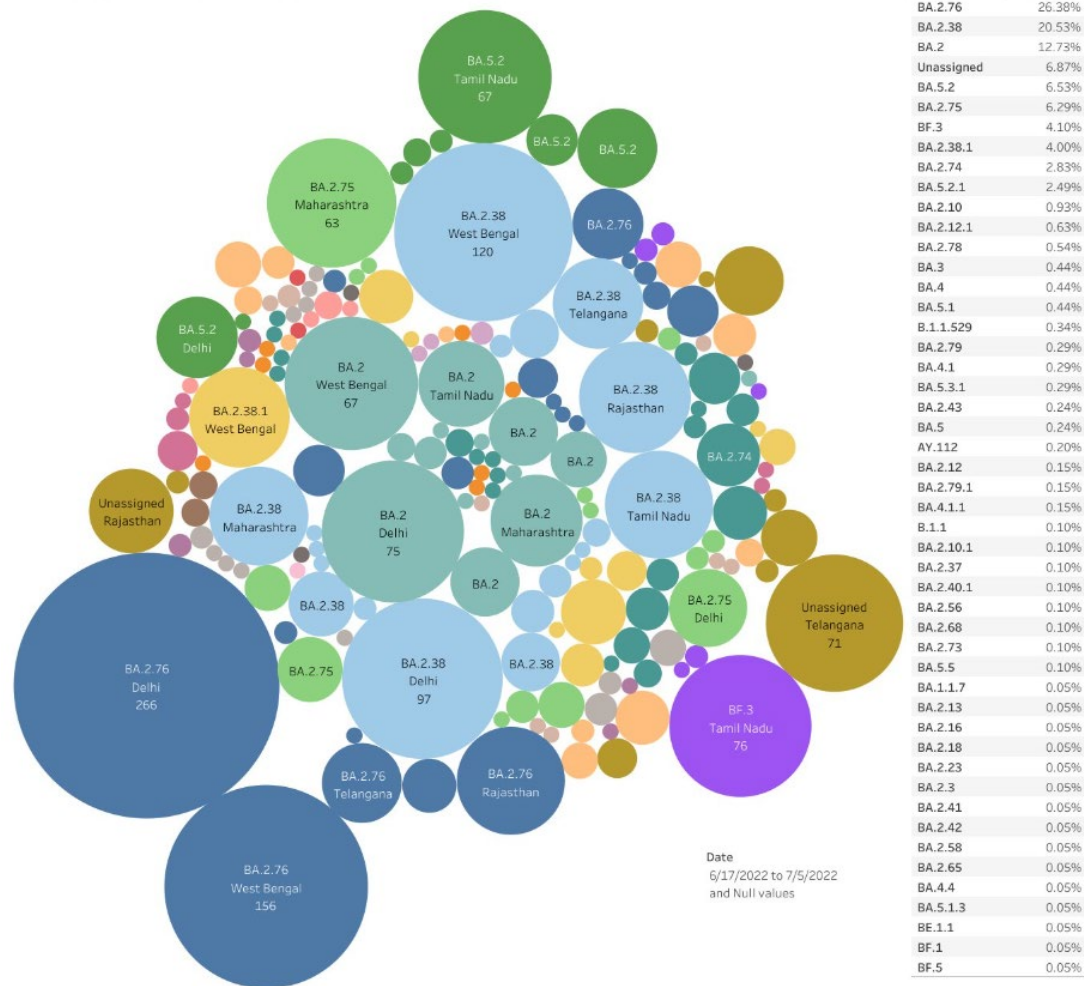
a)

Australia	7
Canada	2
Denmark	1
India	129
Indonesia	3
Japan	4
Luxembourg	1
Martinique	1
Nepal	2
Netherlands	1
New Zealand	3
New Zealand	1
Turkey	1
United Kingdom	16
USA	11

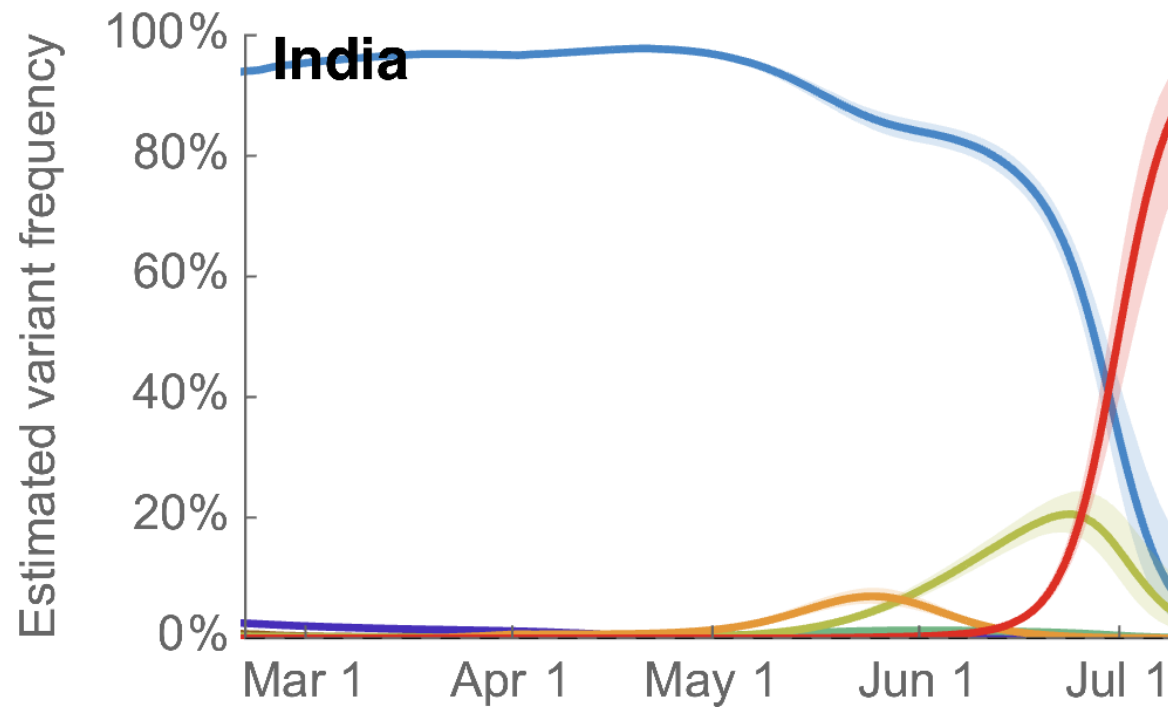
b)

Australia	33
Austria	1
Bangladesh	1
Belgium	3
Canada	7
Czech Republic	1
Denmark	17
France	1
Germany	1
Greece	1
Chile	2
India	541
Indonesia	11
Israel	19
Italy	1
Japan	1
Nepal	6
Netherlands	3
New Zealand	3
New Zealand	5
Singapore	15
South Korea	1
Spain	1
Switzerland	1
United Kingdom	59
USA	92

SARSCoV2 Variant Dashboard -India | NYITCOM Research Report



- Delta
- Omicron BA.1
- Omicron BA.2
- Omicron BA.4
- Omicron BA.5
- Omicron BA.2.12.1
- Omicron BA.2.75



<https://github.com/blab/rt-from-frequency-dynamics/tree/master/results/omicron-ba275>

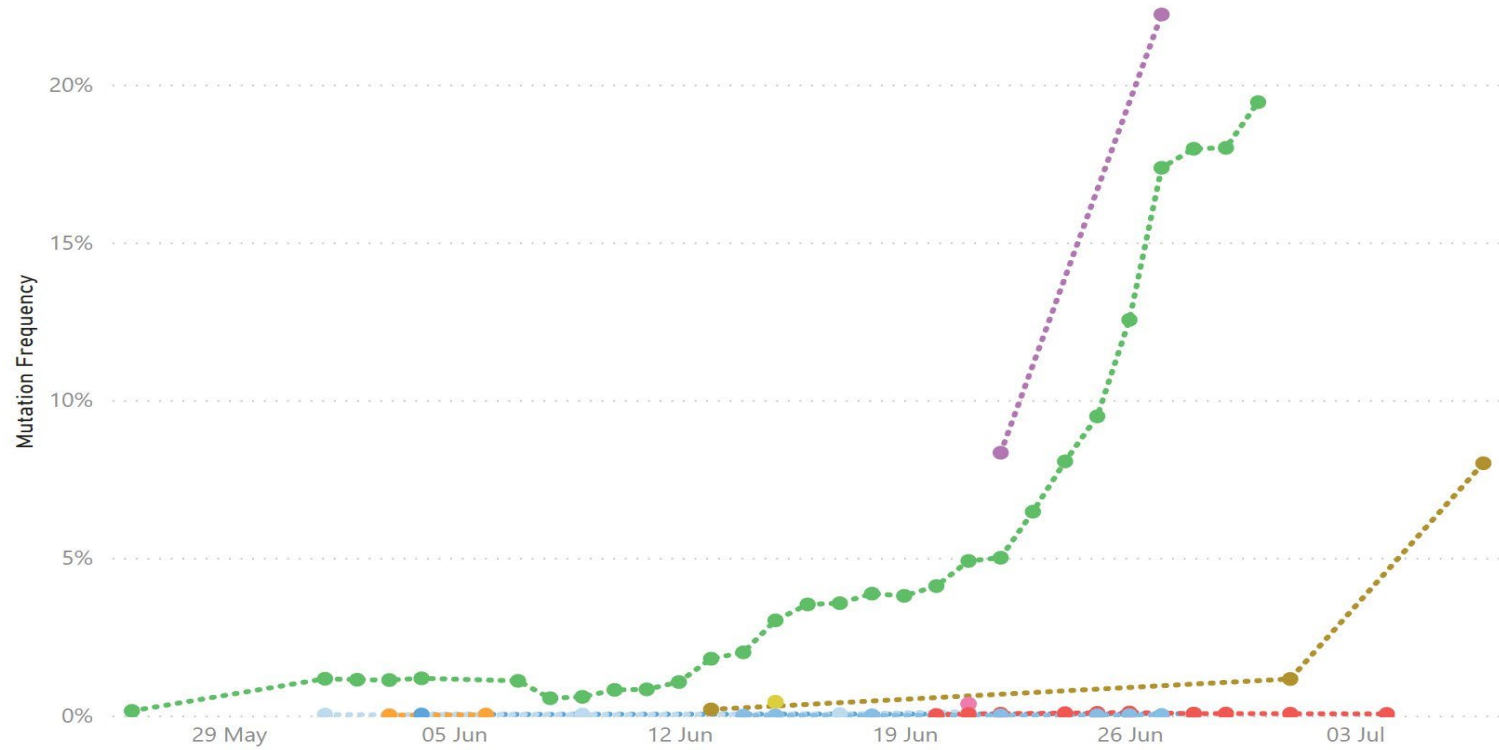
# ECDC – růst BA.2.75 v sekvenačních datech (GISAID)

SARS-CoV-2 Genomic Mutation Matching. Data from [gisaid.org](https://gisaid.org) Source files and more info on [github](https://github.com).

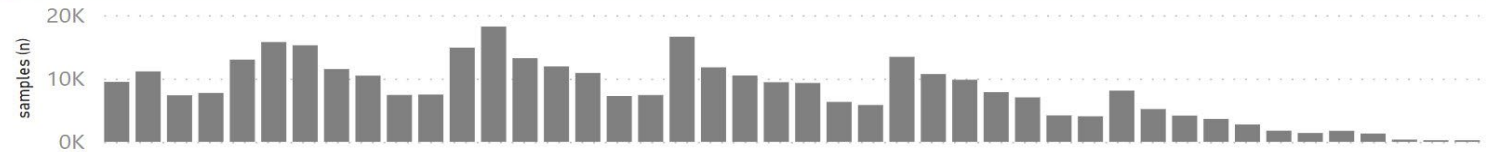
n=357,076 sequenced genomes, up to 8 July 2022

with AA Substitution(s): NSP3 S403L, NSP8 N118S - % of all lineages

Country ● Australia ● Canada ● Germany ● India ● Indonesia ● Japan ● Nepal ● New Zealand ● United King... ● United Sta...

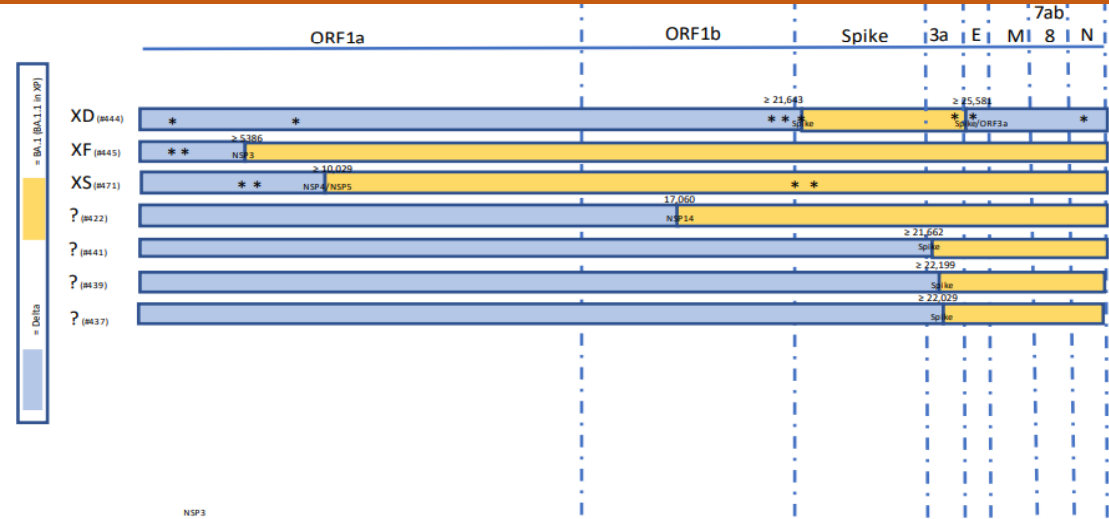


Global



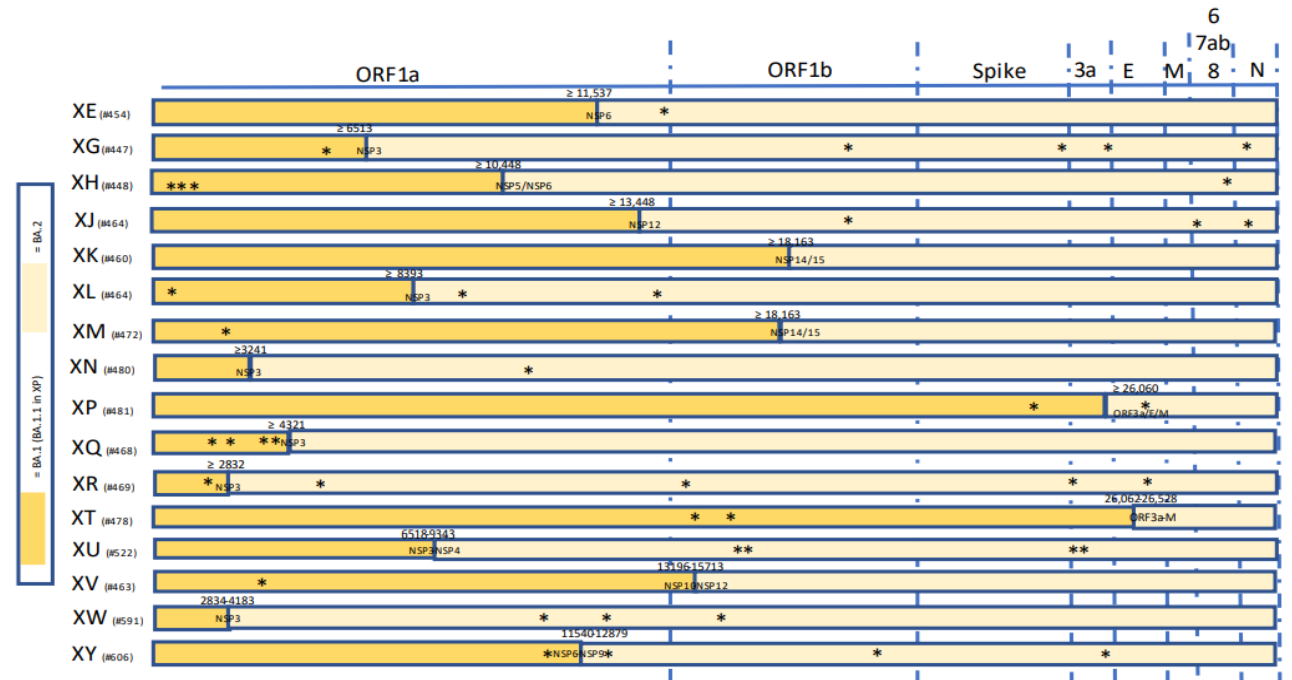


## Delta (modrá) x Omikron (žlutá)

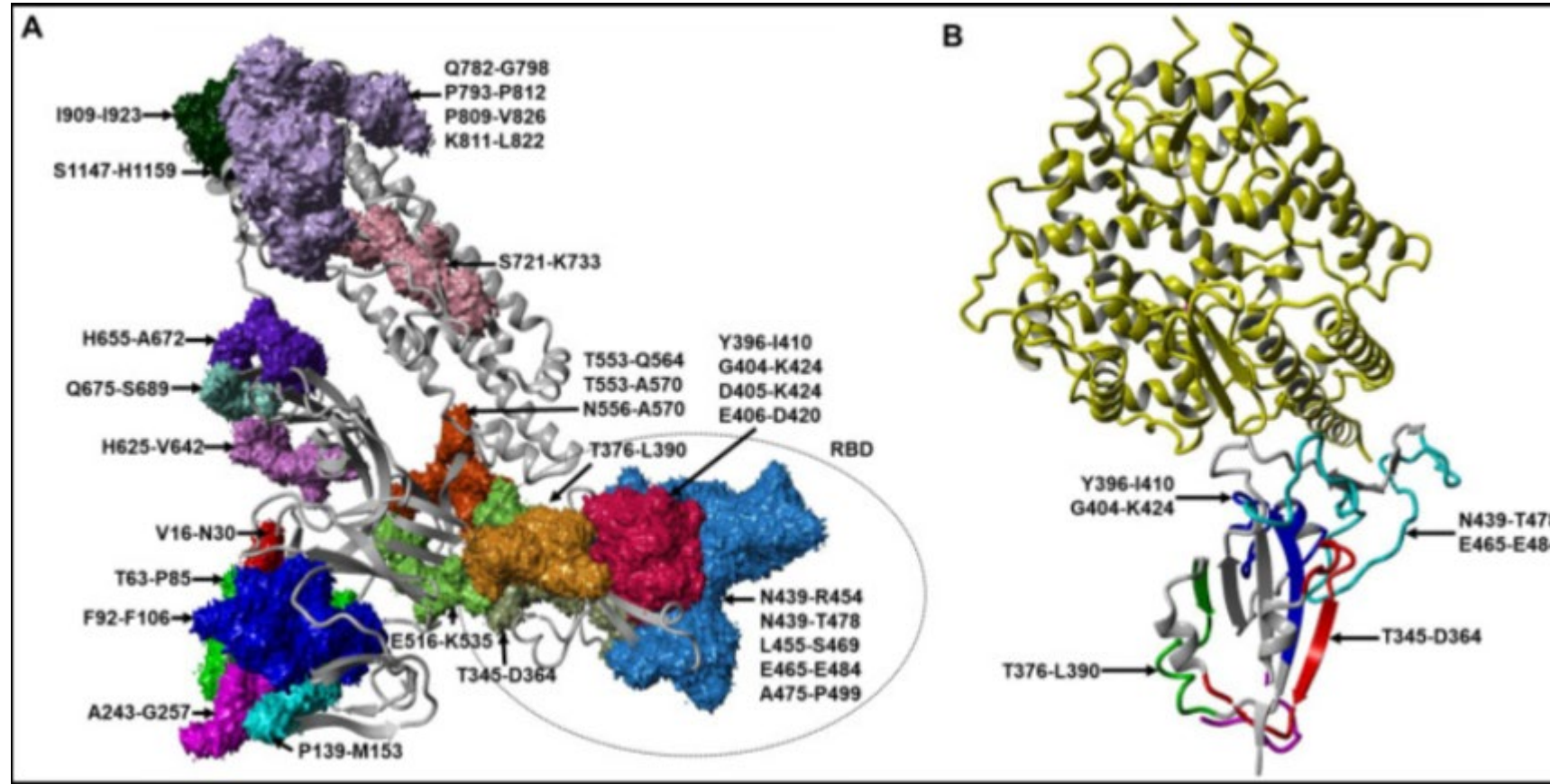


Citation: Focosi, D.; Maggi, F.  
Recombination in Coronaviruses,  
with a Focus on SARS-CoV-2. *Viruses*  
2022, 14, 1239. <https://doi.org/10.3390/v14061239>

## BA.1 (tmavě žlutá) x BA.2 (světle žlutá)



# B buněčné epitopy, které jsou cílem neutralizačních protilátek



A) Lokalizace B-cell epitopů na monomeru spike v uzavřené konformaci (PDB ID: 6ZB5/A).  
B) Lokalizace B-cell epitopů, které jsou cílem monoklonálních protilátek v komplexu ACE2 s vazebnou doménou RBD (PDB ID: 7DQA). ACE2 žlutě, RBD šedě.

Lim, H.X.; Masomian, M.; Khalid, K.; Kumar, A.U.; MacAry, P.A.; Poh, C.L. Identification of B-Cell Epitopes for Eliciting Neutralizing Antibodies against the SARS-CoV-2 Spike Protein through Bioinformatics and Monoclonal Antibody Targeting. *Int. J. Mol. Sci.* 2022, 23, 4341. <https://doi.org/10.3390/ijms23084341>

- 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-diagnosticsce-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](#)

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance stále probíhá a je stále potřeba zasílat pozitivní vzorky do sekvenačních center.
- Přes prvou detekci BA.2.76 pozorujeme růst v L452R v datech z diskriminačních PCR, nyní na 96 %. Tento posun lze přičíst nárůstu BA.5.
- NRL bude distribuovat vzorky pro externí hodnocení kvality připravené WHO. Zatím nemáme bližší informace o termínu dodání.
- Do centra pozornosti se dostává nová subvarianta BA.2.75, která nese některé mutace hodné pozornosti, tato varianta je dle ECDC varianta zájmu. Stejně tak je třeba monitorovat šíření varianty BA.2.76, která nese mutace ve spike Y248N a R346T. Stále probíhá aktualizace výpočetního algoritmu v GISAID a NEXTCLADE, je třeba kontrolovat sekvence v PANGOLIN <https://pangolin.cog-uk.io/>. V ČR nedetekujeme BA.2.75 a v jeden případ BA.2.76. V ČR pozorujeme nárůst subvariant omikronu BE.x a BF.x. BE.1.1 tvoří 7 % sekvenovaných vzorků a většinou je zastoupena v Německu, varianta BF.1 představuje více než 2,5 % sekvencí a majoritně se vyskytuje v UK. Bližší informace k těmto variantám nejsou k dispozici.
- Vzhledem k šíření SARS-CoV-2, nejasnému klinickému dopadu nových vysoce transmisibilních variant, NRL doporučuje předoperační PCR screening u plánovaných zákroků.

*Kolektiv autorů:*

*RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Moskalyk, Timotej Šuri, M.Sc.*