

INFORMACE Z NRL A ODBORNÝCH PRACOVIŠŤ CEM

INFORMATION FROM THE NRL AND RESEARCH GROUPS OF THE CEM

Fylogenetická analýza virů A/H3N2 cirkulujících v sezóně 2014/2015 v ČR (Výsledky ke dni 16. 2. 2015)

*Phylogenetic analysis of A/H3N2 viruses circulating in the Czech Republic in the season 2014/2015
(Results available by 16 February 2015)*

Martina Havlíčková, Helena Jiřincová

Chřipka subtypu A/H3N2 podléhá driftovým změnám rychleji nežli subtyp A/H1N1, což se projevuje nutností častější obměny vakcinálního kmene [1, 2]. Rovněž s sebou tato situace přináší možnost diskrepance mezi vakcinálním kmenem a kmenem, který se následně uplatní jako epidemický. Důvod vyšší frekvence mutací u subtypu A/H3N2 není jednoznačně objasněn – pravděpodobně se jedná o kombinaci různých vlivů (velikost zasažené populace, selektivní tlak protilátek, vlastnosti hemaglutininu typu 3...) [3, 4]. Sezóna 2014/2015 se vyznačovala dominantním výskytem chřipky H3N2.

V sezóně 2014/2015 došlo (stejně jako v sezóně 2011/2012) k významnému antigennímu driftu chřipky A/H3N2, což vedlo k signifikantnímu omezení účinku chřipkové vakcíny ve složce H3 reprezentované kmenem A/Texas 50/2012. Genetické analýzy českých izolátů stále probíhají a dosavadní výsledky ukazují na významné mutační rozdíly v antigenních místech – v porovnání s vakcinálním kmenem. Ke dni 16. 2. 2015 byl sekvenován segment pro hemaglutinin u 35 izolátů viru chřipky A/H3N2 z různých oblastí ČR. Analýza odhalila, že kmeny, které byly zatím analyzovány na základě sekvence H3, lze rozdělit do tří skupin – bez ohledu na geografickou distribuci. První skupinu představuje kmeny A/České Budějovice/12/2014 (43. KT 2014) a A/Liberec 39/2015 (2. KT 2015), jež oba patří do sublinie 3C.3a a vykazují vysokou sekvenční shodu s kmenem A/Switzerland/9715293/13, který je součástí vakcíny pro jižní polokouli na rok 2015. Další H3 sublinie s označením 3C.2a a referenčním kmenem A/HongKong/

/5738/14 je znázorněna v dolní části stromu – kmeny A/Kladno 40/2015 až A/Praha 46/2015 pochází z období 51. KT 2014 až 5. KT 2015. Z fylogenetického stromu dále vyplývá, že 19 kmenů pocházejících z období 50. KT 2014 až 5. KT 2015 – A/Hradec Králové 17/2014 až A/Praha 38/2015 (horní část stromu) – jsou od sublinie 3C.3a jasně separovány. Tento poznatek podporuje i srovnání aminokyselinových sekvencí, kde tato oddělená skupina obsahuje aminokyselinové rozdíly, které korespondují se známými antigenními pozicemi. Pozoruhodným znakem je i rozdíl v glykosylačních motivech mezi subliniemi. Tuto skupinu jsme pracovně nazvali 3C.3b.

Z uvedených výsledků vyplývá, že v epidemické sezóně 2014/2015 cirkulují v ČR tři jasně rozlišitelné varianty H3, které se – v různé míře – geneticky i antigenně odlišují od vakcinálního kmene. Domníváme se, že větev 3C.3a je minoritní a v cirkulaci převažují hlavně H3N2 viry patřící do skupiny 3C.2a a 3C.3b.

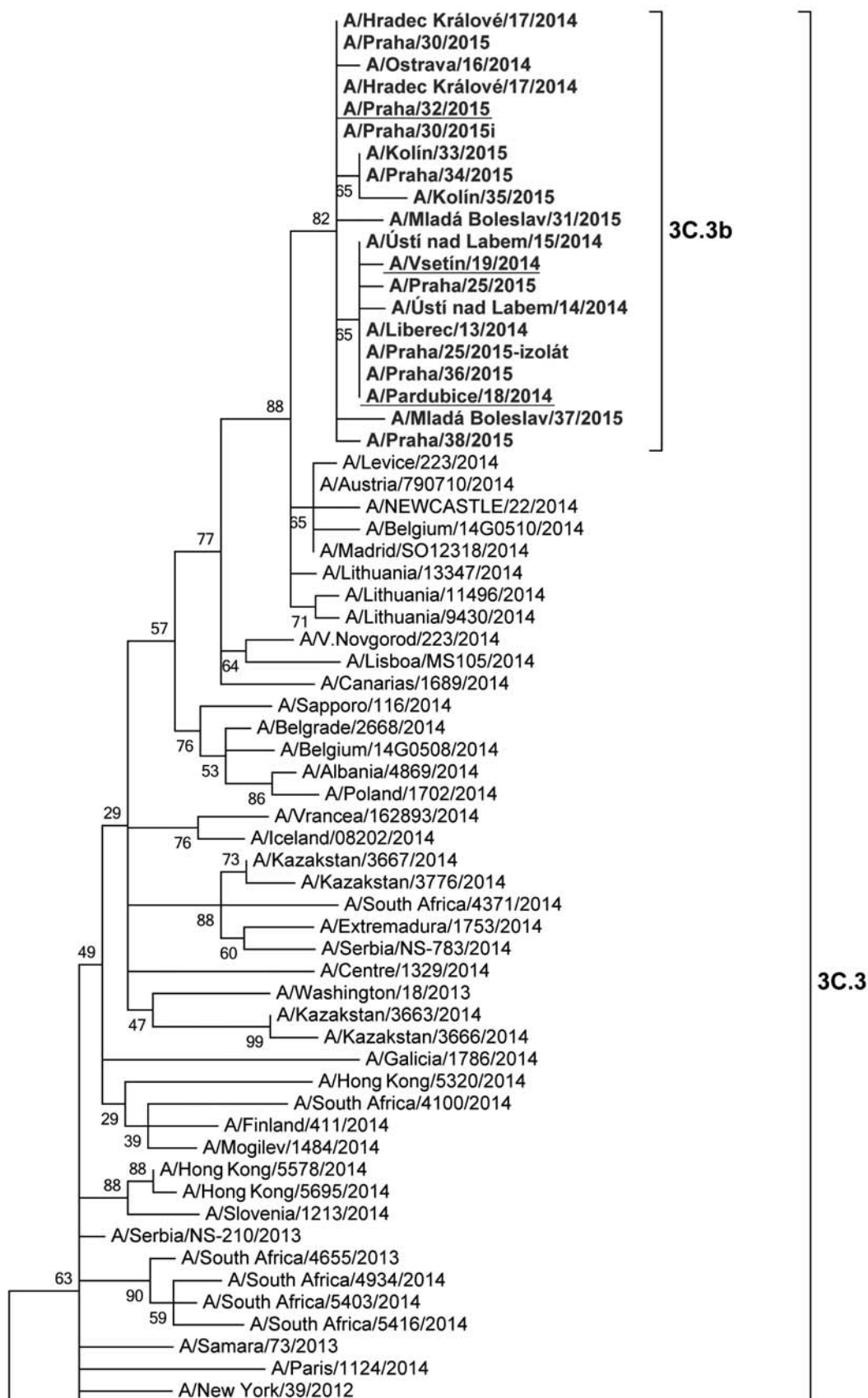
LITERATURA

1. Ferguson, NM, Gavani, AP, Bush, RM: Ecological and immunological determinants of influenza evolution. *Nature* 2003; 422, 428–433.
2. Fitch, WM, Bush, RM, Bender, CA, Cox, NJ: Long term trends in the evolution of H(3) HA1 human influenza type A. *Proc Natl Acad Sci.* 1997; 94: 7712–7718.
3. Grenfell, BT, *et al*: Unifying the epidemiological and evolutionary dynamics of pathogens. *Science.* 2004; 303: 327–332.
4. Holmes, EC: The comparative genomics of viral emergence. *Proc Natl Acad Sci.* 2010; 107: 1742–1746.

Obrázek

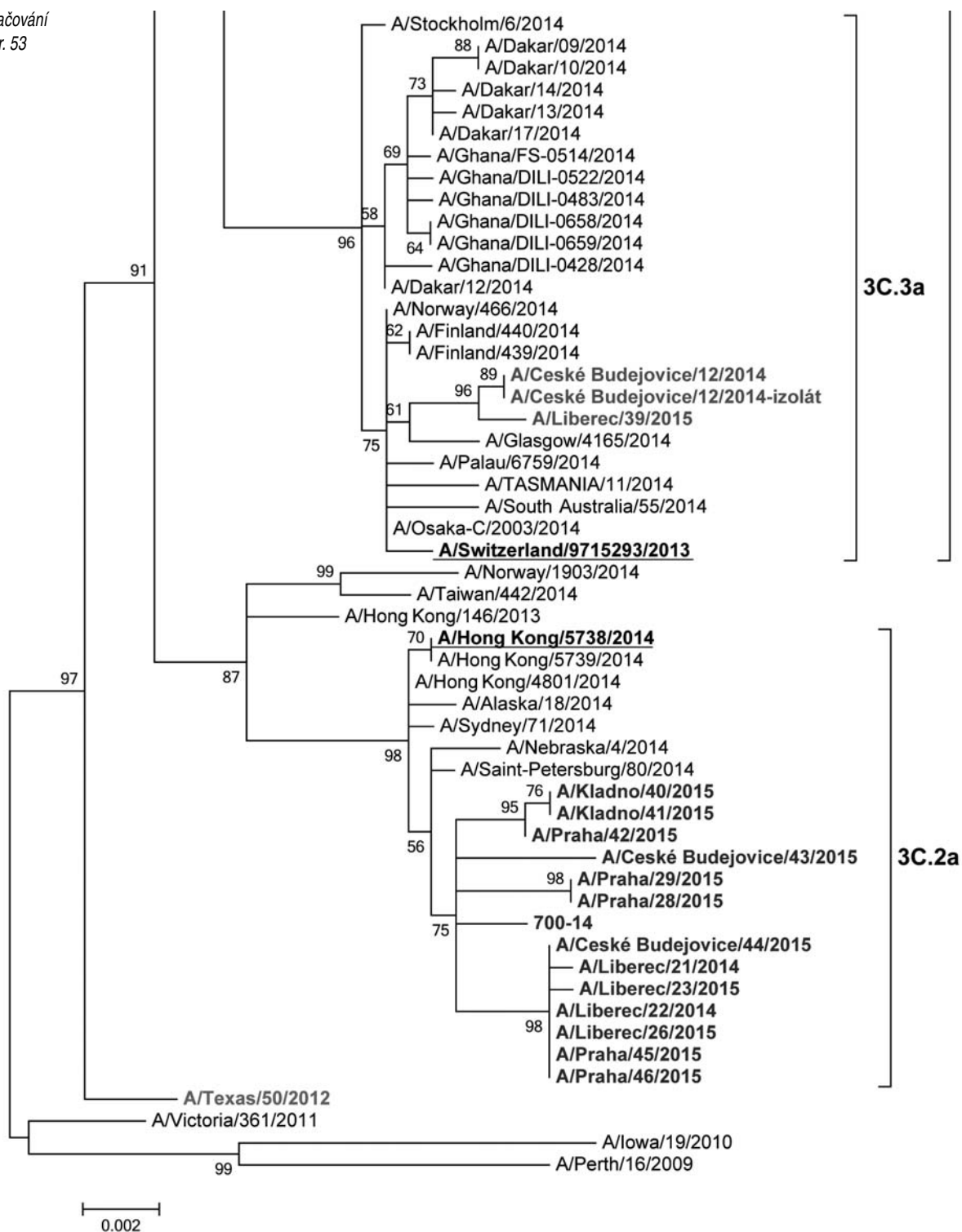


Obrázek: FYLOGENETICKÁ ANALÝZA MOLEKULY HEMAGLUTININU H3



pokračuje →

Pokračování
ze str. 53



MUDr. Martina Havlíčková, CSc.
RNDr. Helena Jiřincová
NRL pro chřipku a nechřipková
virová respirační onemocnění