



Zpráva NRL ke dni 13. 2. 2023

SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě
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**, chřipky a případně dalších respiračních virů, které se na území ČR vyskytují, poskytovat informace o nových potenciálních i reálných rizicích v souvislosti s šířením a evolucí viru SARS-CoV-2 a dalších respiračních virů, 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 v ČR a ve světě

Strana 3 -4

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 5 - 7

Závěr a odkazy

Strana 8 - 10

- V období od 5. 2. do 12. 2. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 35 hlášených testů diskriminační PCR ze 4 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Vzhledem k šíření varianty CH.1.1 a jejích subvariant, které obsahují mutaci P681R související se závažnějšími klinickými projevy (indukce fúze buněk), doporučuje NRL ke zvážení sledovat tuto mutaci.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
BA.2.x/XBB.x	8
BA.4/5/BQ.1.1	4
N/A	1
Omicron	22
Celkový součet	35

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoře	Počet
Mobile clinic expert MCE s.r.o.	1
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	20
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	11
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	3
Celkový součet	35

- K 12. 2. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 869 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Sekvenovaných bylo 399 vzorků s datem odběru od 12. 12. 22 do 12. 2. 23, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BQ.1.x včetně BQ.1.1 (cca 31 %), pozorujeme nárůst variant BN.x a CK.x.
- XBB.1.5 včetně XBB.1 bylo detekováno 36 oproti 16 v minulém týdnu.
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3.
- Souhrnný přehled sekvenací za sledované období s výpisem sledovaných variant zohledňuje tabulka 4 .

Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období

Varianta	Počet	Podíl
BQ.1.x	79	19.8%
BN.x	73	18.3%
BQ.1.1	43	10.8%
BF.7.x	37	9.3%
CK.x	35	8.8%
BA.5.x	33	8.3%
XBB.1.5	27	6.8%
BF.14	25	6.3%
XBB.1	9	2.3%
BA.2.x	3	0.8%
BA.4.6.x	1	0.3%
Ostatní	34	8.5%

Celkový počet 399

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

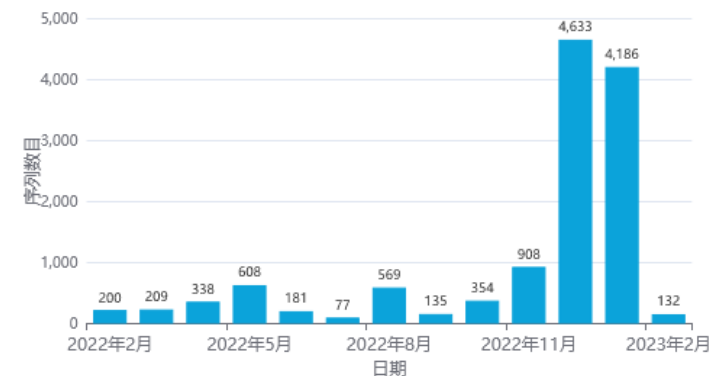
Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.2	1	BN.1.4	3
BA.2.75.5	2	BN.1.5	4
BA.4.6.3	1	BQ.1	9
BA.5.1	3	BQ.1.1	43
BA.5.1.10	2	BQ.1.1.1	6
BA.5.1.18	1	BQ.1.1.10	1
BA.5.2	3	BQ.1.1.15	2
BA.5.2.1	4	BQ.1.1.18	4
BA.5.2.3	3	BQ.1.1.22	2
BA.5.2.34	4	BQ.1.1.3	7
BA.5.2.35	2	BQ.1.1.32	3
BA.5.2.44	1	BQ.1.1.5	4
BA.5.2.6	5	BQ.1.1.7	1
BA.5.3.1	2	BQ.1.10	6
BA.5.5	1	BQ.1.13.1	2
BA.5.9	2	BQ.1.14	2
BF.11.3	3	BQ.1.18	3
BF.14	25	BQ.1.19	1
BF.7	34	BQ.1.2	2
BF.7.3	2	BQ.1.22	2
BF.7.4	1	BQ.1.23	3
BM.1.1.3	1	BQ.1.3	3
BN.1	1	BQ.1.5	15
BN.1.1	8	BQ.1.8	1
BN.1.1.1	27	BR.2.1	1
BN.1.2	5	CA.7	2
BN.1.3	24	CH.1.1	8
BN.1.3.1	1	CH.1.1.1	3
		CJ.1	2
		CK.1	34
		CK.2.1	1
		CL.1	3
		CR.1	1
		DF.1	3
		XBB.1	9
		XBB.1.2	2
		XBB.1.5	27
		XBB.2	2
		XBC.1	1
		XBF	1
		XBK	1

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.: <https://pangolin.cog-uk.io/>, 3 nezařazené sekvence není možné vyhodnotit ani jedním z algoritmů (GISAID,PANGO)

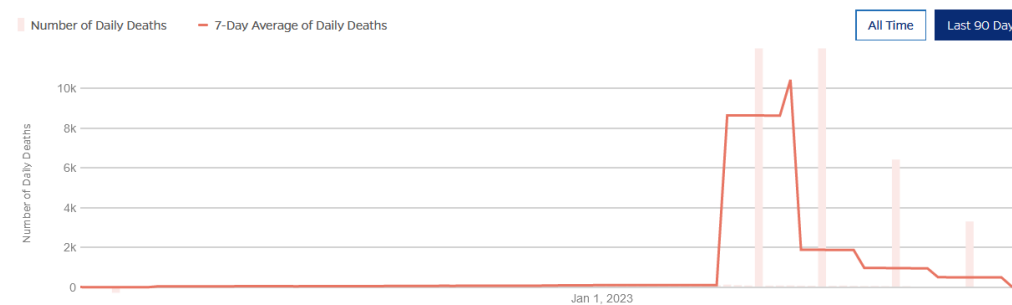
Sekvenační data z Číny jsou stabilní, rozdíly v zastoupení subvariant omikronu mezi jednotlivými provinciemi postupně mizí. Čína zatím není místem velkého evolučního tlaku na virus, protože populační imunita zatím není schopna vzdorovat aktuálním vysoce transmisibilním variantám. Vysoká míra positivity ve velké populaci však může být příčinou náhodného vzniku varianty s nežádoucím dopadem na klinický stav. Další vývoj takové varianty nelze jednoznačně predikovat. Přestože se jeví situace v Číně jako stabilní z hlediska evoluce viru, je třeba nadále sledovat vývoj viru celogenomovou sekvenací. Grafy níže ukazují, že v nedostatečně proočkované populaci nelze brát omikron na lehkou váhu.



Přehled sekvenací dle GISAID dat



CDC Čína: přehled pozitivních detekcí SARS-CoV-2



Data Sources: Cases and deaths data from JHU CSSE; testing and vaccine data from JHU CCI; and hospitalization data from the U.S. Department of Health and Human Services.

V rámci non-sentinelové surveillace bylo za 6. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 886 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 6, stále dominuje detekce chřipky A, stoupá zastoupení chřipky B. Z nechřipkových virů se uplatňují rhinoviry a RSV.

Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillace v 6. KT 38 vzorků, nejčastěji byly detekovány viry chřipky B, A/H1pdm, přehled výsledků vyšetření jsou v tabulce.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillace

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	62
Chřipka A H ₁ pdm	13
Chřipka A H ₃	9
Chřipka B	58
Lidský rhinovirus	50
Adenovirus	5
Parainfluenza virus	6
Herpetické viry	
Mycoplasma pneumoniae	
Lidský metapneumovirus	1
Sezonní koronaviry	10
RSV	40
Bocavirus	1
Enterovirus	
SARS-COV-2**	34
Smíšená infekce	18
Negativní	579
Celkový počet vyšetření:	886

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillace

Patogen*	Počet detekcí 5. KT	Počet detekcí 6. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	1	3
Chřipka A H ₃	2	1
Chřipka B	2	10
Lidský rhinovirus	6	2
Parainfluenza virus	1	0
RSV	0	1
Enterovirus	1	0
MPV	0	0
koronaviry	0	2
SARS-COV-2	1	1
Adenovirus	0	2
Smíšená infekce	2	1
Negativní	40	15
Celkový počet vyšetření:	56	38

- * V tabulce 6 jsou uvedeny pouze aktuálně pozitivní respirační viry.
- Do vyšetření SARS-CoV-2 ** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se zvýšilo na 24 % z 22 % v předchozím týdnu.
- Nizozemsko, Rumunsko, Francie, Slovinsko, Slovensko, Izrael a Ukrajina hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 40% pozitivitu v sentinelové surveillance.
- Za 5. KT bylo v rámci sentinelové surveillance testováno 3 478 vzorků, z nichž 818 (24 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (58 % chřipka typu A; 42 % chřipka typu B). V 277 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A(H1)pdm09 (63 %), virus A/H3 je minoritní (37 %). Všech 79 subtypizovaných izolátů chřipky B bylo subtypováno jako B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** ze 33 zemí hlásí 8 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 8 zemí hlásí nízkou intenzitu, 11 zemí hlásí střední intenzitu, 6 zemí hlásí vysokou intenzitu (Bosna a Hercegovina, Kosovo, Lotyšsko, Malta, Rusko, Slovensko).
- **Zeměpisné rozšíření:** ze 33 zemí hlásí 1 nulovou aktivitu chřipky, 2 země hlásí sporadický výskyt, 2 země hlásí lokální šíření, 5 zemí hlásí regionální šíření a 23 zemí napříč regionem hlásí celoplošné šíření.

Zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

Virologie SARS-CoV-2

- ECDC nadále doporučuje testovat všechny cestující z Číny s horečkou na SARS-CoV-2 a chřipku. NRL v této souvislosti prosí **o zaslání všech pozitivních vzorků s cestovní anamnézou z Číny k sekvenaci**. Data z Číny zatím odpovídají globální situaci.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BQ.1.x včetně BQ.1.1 (cca 31 %), pozorujeme nárůst variant BN.x a CK.x. Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3.

Virologie chřipka

- V non-sentinelové surveillanci nadále dominuje chřipka A, B a rhinovirus, v menší míře se uplatňují RSV a další respirační virová agens.
- V sentinelové surveillanci nelze o dominanci hovořit, ale ve větší míře se uplatňují viry chřipky B a A/H1pdm, ostatní nechřipkové respirační patogeny jsou minoritní. Přestože se jedná o malé počty vyšetřených vzorků, tak pozorujeme soulad s evropskými daty, kde se zvýšil podíl zastoupení A/H1pdm a viru chřipky typu B.
- Pozorujeme rapidní pokles epidemie založené na cirkulaci virů chřipky.
- V rámci vyšetření chřipky v sentinel i non-sentinel se zvyšuje podíl detekcí A/H1pdm a chřipky B.
- Obecně došlo v Evropě v průběhu epidemie chřipky k postupné záměně dominantního subtypu A/H1pdm za chřipku typu B.

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 6. kalendářním týdnu 2023 (13. 2. 2023)

- V 6. kalendářním týdnu 2023 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) snížila o 3,1 % a dosáhla hodnoty 1307 případů na 100 000 obyvatel.
- Nemocnost klesla u dospělých a dětí ve věku 6 - 14 let, naopak se zvyšuje ve věku 65+. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena v Pardubickém a Jihomoravském kraji.
- V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost snížila o 15,8 %, pokles je evidován ve všech věkových skupinách.

Závěr: situace odpovídá ročnímu období, pomalu se snižující aktivita chřipky, nadále přetrvávají lokální ohniska výskytu chřipkových onemocnění včetně onemocnění se závažným průběhem.

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](#)

<https://flunewseurope.org/>

Promedmail

GISAID

WHO