



# Zpráva NRL ke dni 27. 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:

<b>Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR</b>	<b>Strana 2</b>
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat v ČR a ve světě	Strana 3 - 5
Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě	Strana 6 - 8
A/H5N1 souhrnné informace	Strana 9
Závěr a odkazy	Strana 10 - 12

- V období od 19. 2. do 26. 2. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 66 hlášených testů diskriminační PCR ze 4 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.

**Tabulka 1: Přehled zachycených mutací**

Varianta	Počet
BA.2.x/XBB.x/BN.1.x	16
Non CH.1.1.	8
Omicron	48
<b>Celkový součet</b>	<b>66</b>

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoře	Počet
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	24
SPEA Olomouc, s.r.o.	8
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	12
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	22
<b>Celkový součet</b>	<b>66</b>

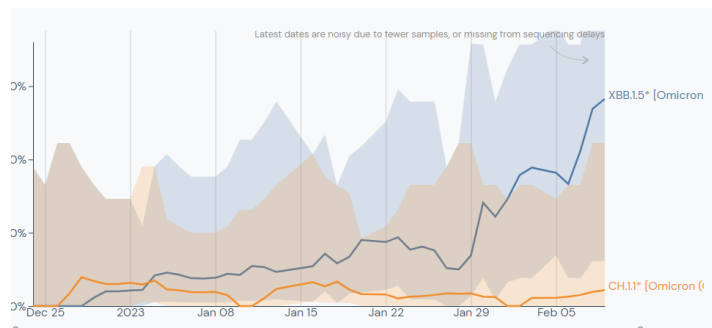
- K 27. 2. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 938 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 334 vzorků s datem odběru od 26. 12. 22 do 26. 2. 23.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu BQ.1.x, XBB.1.5 a BN.1.x a CK.1.
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3, malý počet sekvenací je ovlivněn počtem vzorků zaslaných do NRL a nejasností ve financování sekvenací.
- Souhrnný přehled sekvenací za sledované období s výpisem sledovaných variant zohledňuje tabulka 4.
- Grafický přehled zastoupení variant zobrazuje graf. 1.

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

Varianta	Počet	Varianta	Počet
XBB.1.5	67	BA.5.1	2
BN.1.3	15	BA.5.2	2
BQ.1.1	37	BA.5.2.1	2
CK.1	27	BA.5.2.3	2
BN.1.1.1	22	BA.5.2.34	2
BF.7	13	BF.11.3	2
BF.14	9	BF.7.3	2
BQ.1.5	9	BQ.1.1.22	2
CH.1.1	9	BQ.1.14	2
XBB.1	8	BQ.1.22	2
BQ.1	7	BR.2.1	2
BN.1.1	6	CA.7	2
BQ.1.1.3	6	CJ.1	2
BQ.1.1.32	5	DF.1	2
BN.1.2	4	XBB.1.2	2
BN.1.5	4	XBB.1.9.1	2
BQ.1.1.1	4	BA.2	1
BQ.1.10	4	BA.2.75.5	1
XBB.2	4	BA.4.6.3	1
BN.1.4	3	BA.5.1.10	1
BQ.1.1.18	3	BA.5.2.44	1
BQ.1.1.5	3	BA.5.2.6	1
BQ.1.18	3	BA.5.3.1	1
BQ.1.23	3	BF.7.4	1
CL.1	3	BN.1	1
CH.1.1.1	3	BQ.1.1.7	1
XBF	3	BQ.1.2	1
		BQ.1.8	1
		BR.3	1
		CK.2.1	1
		CR.1	1
		DG.1	1
		XBC.1	1
		XBK	1

**Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období**

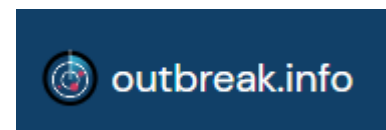
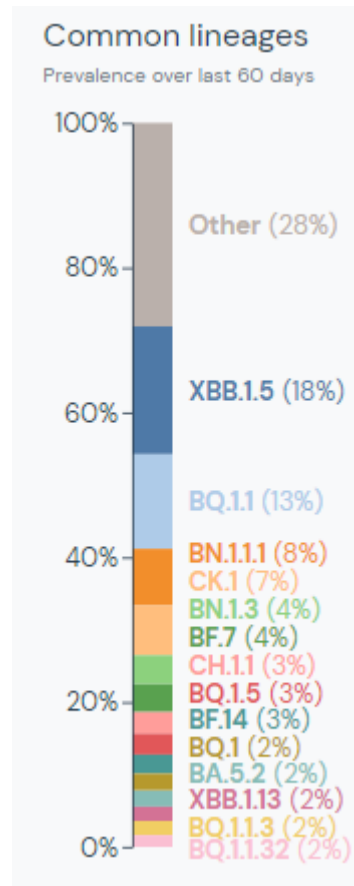
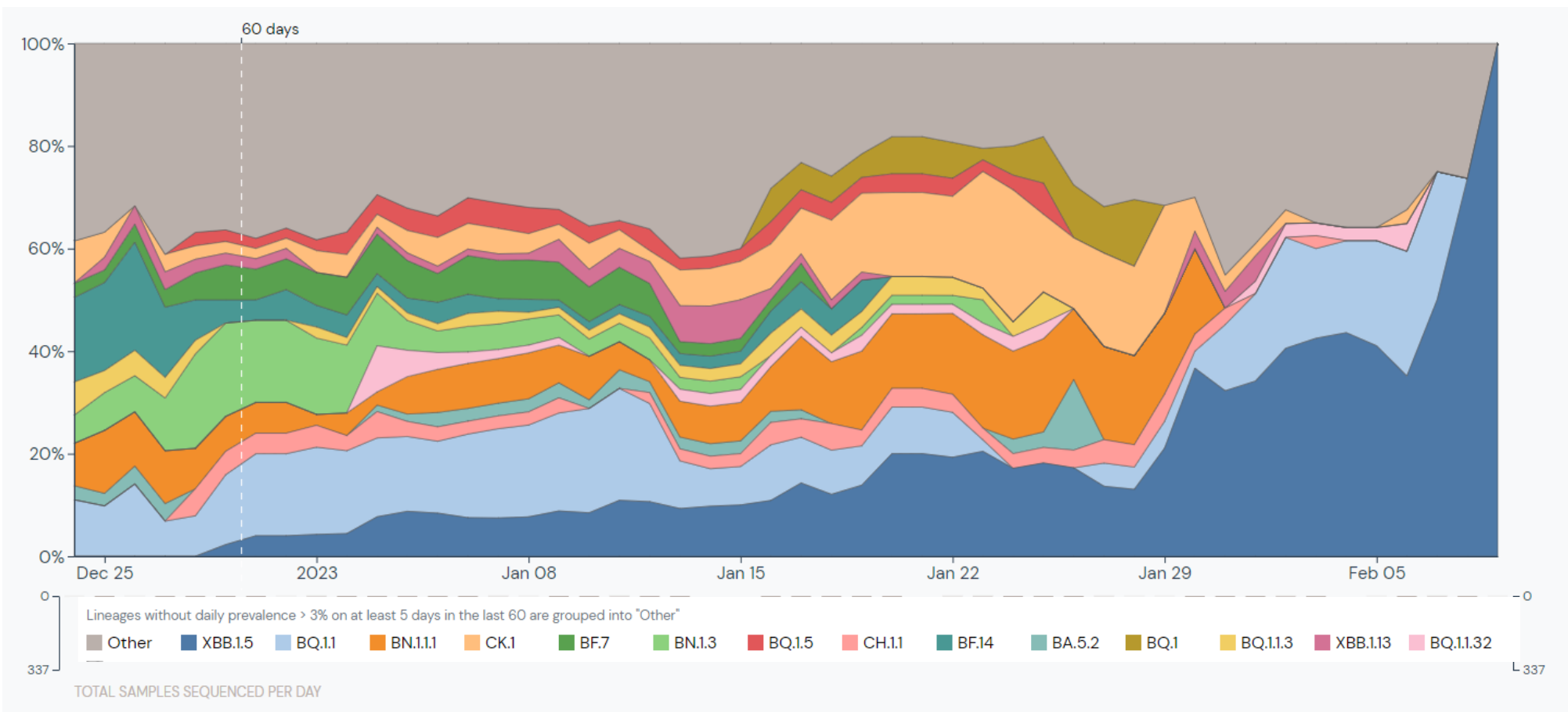
Varianta	Počet	Podíl
BQ.1.1	94	28,1%
XBB.1.5	67	20,1%
BN.1.x	40	12,0%
CK.1	27	8,1%
BF.7.x	16	4,8%
XBB.1.x	16	4,8%
Ostatní	16	4,8%
BN.1.3	15	4,5%
BA.5.x	14	4,2%
CH.1.1/CH.1.1.1	12	3,6%
BF.x	11	3,3%
XBF	3	0,9%
BA.2	2	0,6%
BA.4.6.3	1	0,3%



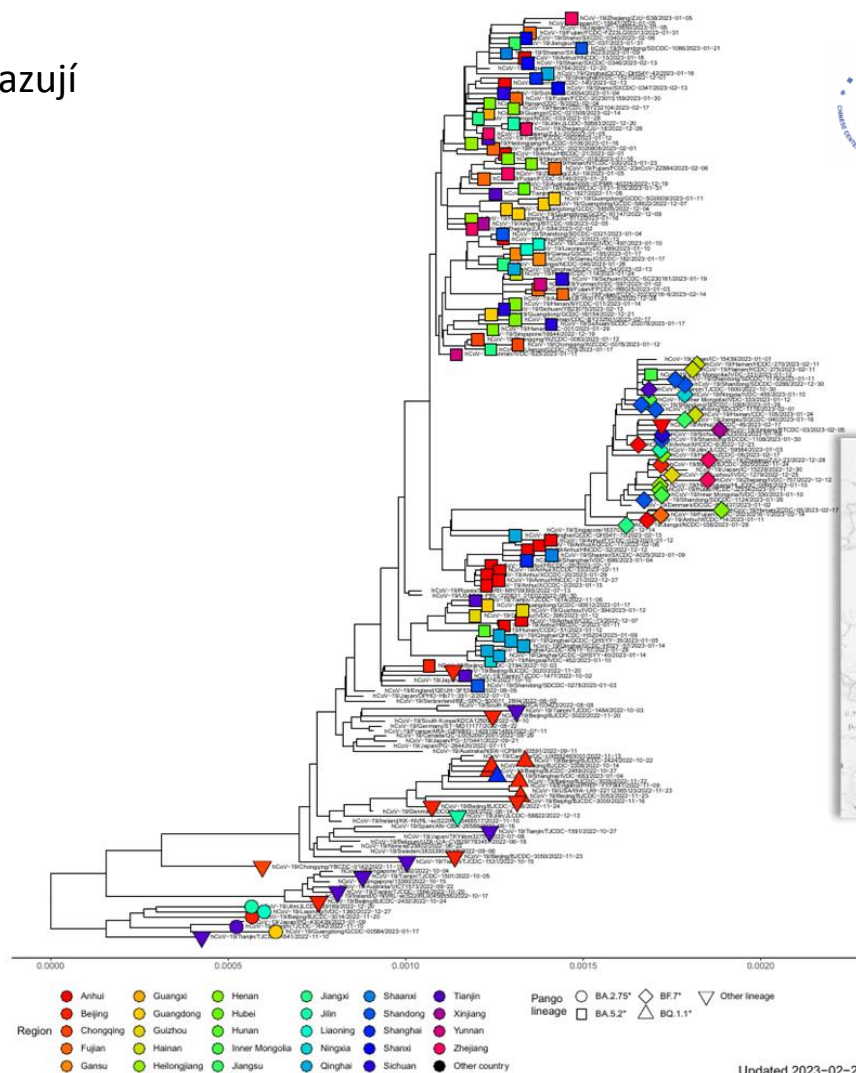
Celkový počet 334

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.: <https://pangolin.cog-uk.io/>

Graf 1: Zastoupení variant SARS-CoV-2 cirkulujících na území ČR za poslední 2 měsíce

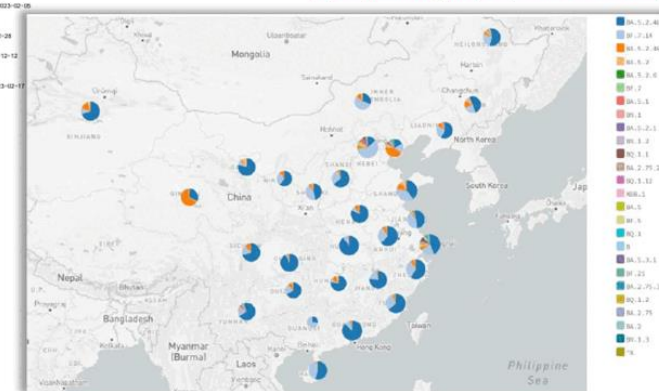


Sekvenační data z Číny jsou stabilní zatím nevykazují neočekávané abnormality.



**Representative phylogenetics of recent genome sequences from 29 regions across China (in global context) 2023-02-22**

<https://gisaid.org/phyldynamics/china-cn/>



*We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories on which the analysis is based.*



Updated 2023-02-22  
© 2023 Friends of GISAID

V non-sentinelové surveillance dominuje chřipka B a SARS-CoV-2, stále se uplatňuje chřipka A, především A/H1pdm, RSV a rinoviry, v menší míře jsou detekovány další respirační virová agens.

Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 8. KT 51 vzorků, z důvodu nedostatku reagensů byly vyšetřeny jen 2 vzorky, ostatní nevyšetřeny (ND).

**Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance**

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	44
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	7
Chřipka A H <sub>3</sub>	0
Chřipka B	111
Lidský rhinovirus	44
Adenovirus	9
Parainfluenza virus	1
Herpetické viry	
Mycoplasma pneumoniae	
Lidský metapneumovirus	3
Sezonní koronaviry	12
RSV	59
Bocavirus	4
Enterovirus	1
SARS-COV-2**	108
Smíšená infekce	107
Negativní	749
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>1169</b>

**Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance**

Patogen*	Počet detekcí 7. KT	Počet detekcí 8. KT
Chřipka A	0	ND
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	0	ND
Chřipka A H <sub>3</sub>	3	ND
Chřipka B	14	ND
Lidský rhinovirus	15	1
Parainfluenza virus	0	ND
RSV	0	ND
Enterovirus	2	ND
MPV	0	ND
koronaviry	2	ND
SARS-COV-2	1	1
Adenovirus	0	ND
Smíšená infekce	1	ND
Negativní	12	ND
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>50</b>	<b>51</b>

- \* V tabulce 6 jsou uvedeny pozitivní respirační viry, nikoli celý panel.
- 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 vzrostlo na 30 % (v předchozích týdnech 25 – 27 %).
- 18 zemí ze 39 hlásí střední až vysokou intenzitu chřipky a 23 ze 39 zemí hlásí celoplošné rozšíření chřipky. Rumunsko, Nizozemí, Slovensko, Francie, Arménie, Dánsko a Maďarsko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 40% pozitivitu v sentinelové surveillance.
- Za 7. KT bylo v rámci sentinelové surveillance testováno 3 224 vzorků, z nichž 957 (30 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (49 % chřipka typu A; 51 % chřipka typu B). V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (75 %). Všechny subtypizované izoláty chřipky B spadají do linie B/Victoria.

### Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** ze 39 zemí hlásí 9 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 8 zemí hlásí nízkou intenzitu (Belgie, ČR, Francie, Řecko, Irsko, Kyrgyzstán, Litva, Lucembursko), 17 zemí hlásí střední intenzitu, 4 země hlásí vysokou intenzitu (Bosna a Hercegovina, Chorvatsko, Kosovo, Slovensko). Rusko hlásí velmi vysokou intenzitu.
- **Zeměpisné rozšíření:** z 39 zemí, 3 země hlásí sporadický výskyt, 3 země hlásí lokální šíření, 10 zemí hlásí regionální šíření a 23 zemí napříč regionem hlásí celoplošné šíření.



- V únoru nahlásila Kambodža 2 případy onemocnění člověka virem ptačí chřipky A/H5N1, 11letá dívka, která onemocněla 16. 2. 23 zemřela 22. 2. 23. S negativním výsledkem bylo vyšetřeno 29 kontaktů. Sekvence prokázala kmen patřící do klády 2.3.2.1c, která je endemická v Kambodži.

## Lidské případy onemocnění viry ptačí chřipky v roce 2022:

- V tomto roce nahlásily případy přenosu na člověka tyto země: Spojené království A(H5N1) a Španělsko A(H5N1 a H5N6), Čína 21 infekcí virem A(H5N6) a Čína a Kambodža 18 infekcí virem A(H9N2), Čína dvě infekce A(H3N8) a jedna A(H10N3). Jeden případ infekce člověka A(H5N1) nahlásily USA. A(H5) bez subtypizace byla nahlášena z Vietnamu.
- Viry HPAI A(H5) spadající do klády 2.3.4.4b byly v roce 2022 detekovány u volně žijících druhů savců v Kanadě, USA, Japonsku, Nizozemsku, Slovinsku, Finsku a Irsku, Belgii, Norsku, Švédsku, a ve Španělsku u norků chovaných pro kožešinu (v tomto ohnisku došlo k přenosu na člověka). Všechny izoláty vykazovaly genetické markery adaptace na replikaci u savců. Jedná se například o substituci v segmentu PB2 E627K, která je považována za známku adaptace na savce a rovněž některé mutace v genu pro neuraminidázu (A46D, L204M, S319F a S430G). Role všech těchto genetických znaků nemusí být jednoznačně spojena se změnou viru v pandemický, nicméně nelze přehlížet pandemický potenciál tohoto viru.

## 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. NRL přes nejasné financování sekvenací prosí o zaslání SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, vzhledem k zvyšující se incidenci.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu BQ.1.x, XBB.1.5 a BN.1.x a CK.1. Na grafu 1 je vidět, že za nárůstem pozitivních případů SARS-CoV-2 stojí pravděpodobně šíření XBB.1.5 varianty (Kraken).
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3, strana 3 a prevalence v závislosti na čase na grafu 1, strana 4.

## Virologie chřipka

- V non-sentinelové surveillanci dominuje chřipka B a SARS-CoV-2, stále se uplatňuje chřipka A, především A/H1pdm, RSV a rinoviry, v menší míře se uplatňují další respirační virová agens.
- Úmrtí na chřipku A/H5N1 v Kambodži nelze dávat do souvislosti s globálním šířením tohoto viru v zoonotické říši, jedná se o infekci vyvolanou genotypem endemickým v Kambodži.

## **Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 8. kalendářním týdnu 2023**

V 8. kalendářním týdnu došlo ke zvýšení nemocnosti akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) o 3,6 %, celková nemocnost je na úrovni 1412 na 100 000 obyvatel. Vzestup nemocnosti se týká všech věkových skupin kromě dětí ve věku 0-5 let. Nejvyšší nemocnost je nadále v Pardubickém a Jihomoravském kraji.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost zvýšila o 12,2 %, vzestup nemocnosti se týká všech věkových skupin kromě skupiny dospělých ve věku 65 let a více.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 27. 2. 2023 hlášeno celkem 287 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž ve 100 případech došlo k úmrtí.

V Evropě jsou zachycovány oba typy chřipkových virů, které aktuálně cirkulují v podobných proporcích. Z hlediska dynamiky v rámci sezony sice klesá výskyt chřipky typu A, zvyšuje se však cirkulace virů chřipky typu B. S tím souvisí i aktuální mírný vzestup nemocnosti v ČR. Situaci lze nadále ještě považovat za regionální epidemická ohniska respiračních onemocnění.

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