

Lidský případ chřipky A/H6N1 na Taiwanu

M.Havlíčková, H.Jiřincová, A.Nagy

Na Taiwanu byl v květnu letošního roku diagnostikován případ lidské infekce ptačím kmenem subtypu H6N1.

Dne 5.5. 2013 byla u mladé ženy na Taiwanu detekována infekce novým virem chřipky ptačího původu - subtypem H6N1. Infekce se vyznačovala středně těžkým průběhem, po léčbě Tamiflu se pacientka velmi rychle zotavila – celková doba hospitalizace byla 6 dní. Tento případ byl zachycen pouhé 2 týdny poté, co byla na Taiwanu diagnostikován první pacient infikovaný virem ptačího původu H7N9 (byť se jednalo o importovanou infekci), což samozřejmě vedlo k pečlivému diagnostickému screeningu. Pacientka nebyla profesně ani jinak v těsném kontaktu s drůbeží. V okolí pacientky bylo vyšetřeno dalších 36 osob, z toho 4 osoby měly respirační příznaky, avšak u nikoho nebyl virus prokázán.

Subtyp H6N1 patří mezi klasické nízké patogenní viry chřipky ptačího původu s relativně vysokou prevalencí. Epizootologické výsledky naznačují, že subtyp H6N1 je - spolu s dalšími kombinacemi neuraminidáz - endemický v populaci drůbeže v jihovýchodní Číně. Kromě toho subtyp H6N1 byl jedním z genetických prekurzorů viru H5N1. Genetická analýza lidského kmene H6N1 nejprve naznačovala, že tento izolát obsahuje segmenty nukleové kyseliny ze dvou různých virů subtypu H6N1 (geny HA, NP, NA, NS a PB1) a dvou různých virů subtypu H5N2 (geny PB2, PA a M). Recentní práce se kloní k názoru, že lidský izolát označený jako A/Taiwan/2/2013 je výsledkem reassortmentu mezi různými liniemi H6N1, které ko-cirkulují v populaci drůbeže na Taiwanu. Nadto byla u lidského kmene určena mutace v oblasti hemaglutininu (P186L), která by mohla vést ke snazší replikaci v savčích buňkách.

Ačkoliv se jedná o první doložený případ infekce tímto subtypem u člověka, nebylo by správné situaci drammatizovat. V první řadě nevíme, kolik podobných epizod již proběhlo – řada pacientů s lehkými respiračními příznaky vůbec nevyhledává lékaře. Je nutné zdůraznit, že jakýkoliv nález chřipky typu A s adekvátní virovou náloží, kde však jsou humánní subtypy H1 a H3 negativní, je nutné neprodleně řešit s příslušnou WHO laboratoří a poskytnout materiál k další diagnostice.

Pod vlivem ptačí chřipky H5N1 i H7N9, po pandemii SARS koronaviru a objevení se nového MERS koronaviru v tomto roce, je na virologickou diagnostiku respiračních infekcí s těžším průběhem obecně kladen velký důraz. U člověka se vedle subtypů H5 a H7 ojediněle vyskytly i infekce subtypy H9, H10 a H11 bez jakýchkoliv dalších epidemiologických návazností.

Publikované nálezy dokládají komplikovanou ekologii viru chřipky včetně jejího přesahu do lidské populace a znovu potvrzují nutnost detailní a celosvětově prováděné surveillance této mnohotvárné infekce, a to jak v lidské populaci, tak i v populaci komerční drůbeže a divokého ptactva.

Literatura:

1. <http://www.cidrap.umn.edu/news-perspective/2013/06/taiwan-reports-first-humanh6n1-infection>
2. Shi W, Shi Y, Wu Y, Liu D, Gao GF.: Origin and molecular characterization of the human-infecting H6N1 influenza virus in Taiwan. *Protein Cell*. 2013 Nov;4(11):846-53
3. Yuan J, Zhang L, Kan X, Jiang L, Yang J, Guo Z, Ren Q. Origin and Molecular Characteristics of a Novel 2013 Avian Influenza A(H6N1) Virus Causing Human Infection in Taiwan. *Clin Infect Dis*. 2013 Nov;57(9):1367-8.
4. P.S. Chin, E. Hoffmann, R. Webby, R. G. Webster, Y. Guan, M. Peiris, and K. F. Shortridge: Molecular Evolution of H6 Influenza Viruses from Poultry in Southeastern China: Prevalence of H6N1 Influenza Viruses Possessing Seven A/Hong Kong/156/97 (H5N1)-Like Genes in Poultry. *Journal of Virology* Jan. 2002, p. 507–516 Vol. 76, No. 2