



Zpráva NRL ke dni 11. 4. 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 – 5
Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě	Strana 6 - 8
Závěr a odkazy	Strana 9 - 11

- V období od 3. 4. do 10. 4. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 17 hlášených testů diskriminační PCR ze 2 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 22. 3. do 10. 4. 2023 bylo provedeno celkem 11 650 testů, z toho 1 831 bylo pozitivních. Dle hlášení ÚZIS byla provedena pouze jedna diskriminační PCR (viz tab.3).

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
Omicron	9
XBB.x	6
N/A	2
Celkový součet	17

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	8
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	9
Celkový součet	17

Tabulka 3: Přehled PCR dat ÚZIS

22. 3. 2023 - 10. 4. 2023			
Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
11650	11628	1831	1

Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací

A570D	E484K	L452R	N501Y	P681R	Y505H
--------------	--------------	--------------	--------------	--------------	--------------

• K 3. 4. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 57 543 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.

• Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 568 vzorků s datem odběru od 10. 2. 23 do 10. 4. 2023, přehled sekvenovaných variant udává tabulka 5.

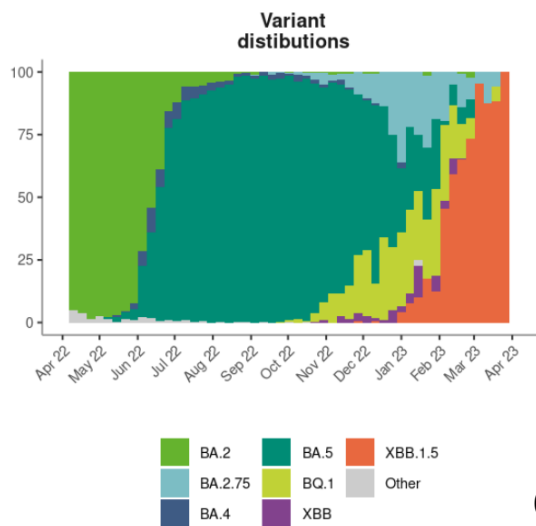
• Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu XBB.1.5 (VOC, Kraken), ostatní varianty se uplatňují v menší míře, přehled sledovaných variant uvádí tabulka 6.

Tabulka 5: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet	Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.5.1.26	2	BQ.1.10	2	XBB.1.5.16	2
BA.5.5	1	BQ.1.13.1	3	XBB.1.5.17	1
BE.9	1	BQ.1.14	1	XBB.1.5.19	3
BF.11.3	1	BQ.1.2.1	1	XBB.1.5.21	1
BF.14	3	BQ.1.22	4	XBB.1.5.24	3
BF.7.19	1	BQ.1.31	2	XBB.1.5.31	2
BN.1	1	BQ.1.5	3	XBB.1.5.38	3
BN.1.1.1	5	BR.2.1	2	XBB.1.9.1	14
BN.1.2	2	CH.1.1	12	XBB.1.9.2	1
BN.1.2.1	3	CH.1.1.1	4	XBF.2	1
BN.1.2.3	1	CH.1.1.10	1	XBF.3	1
BN.1.3	1	CH.1.1.11	3	XBF.7	1
BN.1.4	1	CH.1.1.2	2		
BN.1.4.3	1	CK.1	16		
BN.1.5	4	CK.2.1	1		
BN.3	1	CM.8.1	3		
BN.3.1	1	CR.1.1	1		
BQ.1.1	15	EG.1	6		
BQ.1.1.18	1	EK.3	1		
BQ.1.1.19	1	EL.1	1		
BQ.1.1.2	1	EN.1	1		
BQ.1.1.3	2	EU.1.1	2		
BQ.1.1.31	1	FG.3	1		
BQ.1.1.32	5	XBB.1	9		
BQ.1.1.37	1	XBB.1.13	2		
BQ.1.1.4	2	XBB.1.28	1		
BQ.1.1.42	1	XBB.1.5	111		
BQ.1.1.44	1	XBB.1.5.1	7		
BQ.1.1.45	1	XBB.1.5.12	262		
BQ.1.1.5	1	XBB.1.5.13	5		
BQ.1.1.53	1	XBB.1.5.15	1		

Tabulka 6: Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období

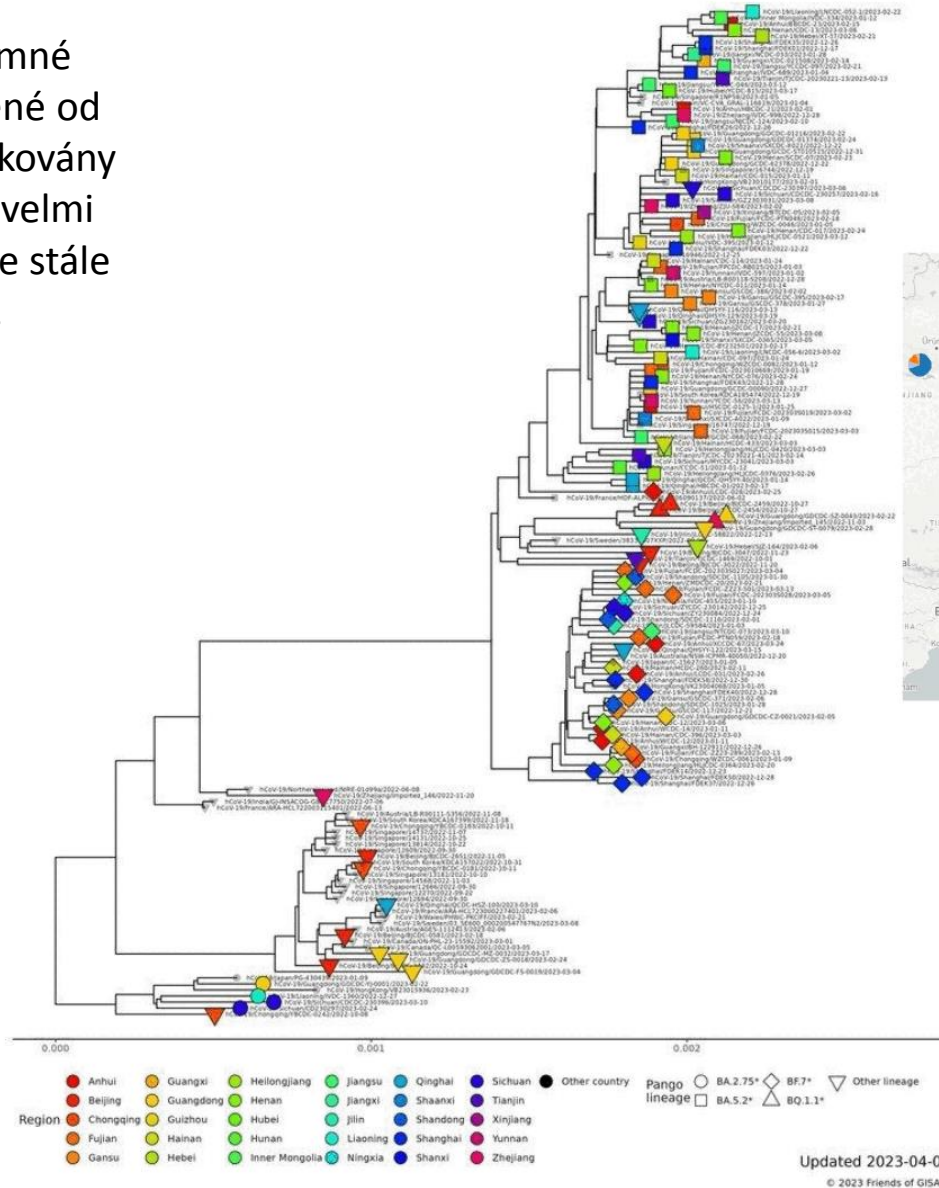
Varianta	Počet
XBB.1.5.x	410
XBB.1.9.x	15
XBB.x	3
BQ.x	50
CH.1.x	22
BN	21
CK.x	17
BF.x	8
XBF	3
BA.5	3
Ostatní	16



Celkový počet 568

Globální sekvenační data – Čína (4. dubna 2023)

Sekvenační data z Číny nevykazují významné odchylky, stále dominují varianty odvozené od BA.5, nově sledované varianty jsou detekovány pouze sporadicky ve velkých městech. Z velmi volného vývoje v Číně se lze domnívat, že stále existují významná přeshraniční opatření.



Representative phylogenetics of recent genome sequences from 30 regions across China (in global context) 2023-04-04



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

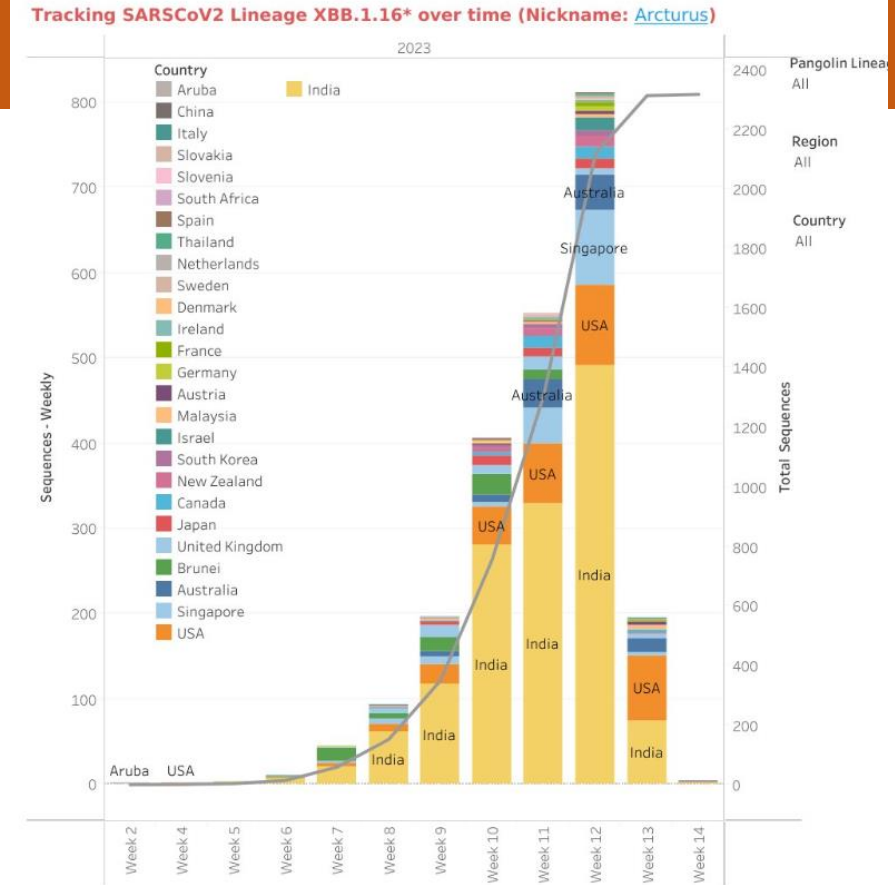


U variant odvozených od XBB se sledují mutace ve spike (S:Q183E, S:F486P a S:F490S), které mají vliv na vlastnosti viru a s tím související dynamiku šíření variant, které jsou nově zařazeny jako monitorované. Kromě XBB.1.5 se jedná o XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 a především o nově se šířící XBB.1.16, která byla nově přidána na seznam sledovaných variant a objevila se poprvé v Indii. Šíření varianty ukazuje graf a mapa vpravo.

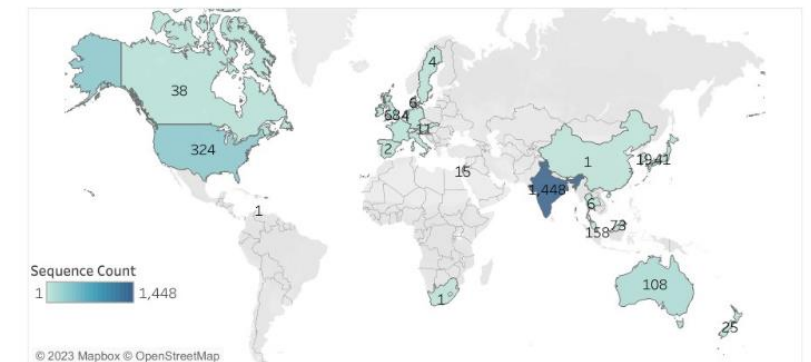
XBB.1.16 má dvě substituce v proteinu S: E180V je v N-terminální doméně a T478R v RBD). XBB.1.16 má efektivní reprodukční číslo (R_e), 1,27 až 1,17 krát vyšší než u původních XBB.1 a XBB.1.5. Varianta uniká před virus neutralizačními protilátkami navozenými infekcí BA.2 (ancestrální varianta). Ve skutečnosti WHO klasifikovala XBB.1.16 jako sledovanou variantu 30. března 2023. Z léčebných monoklonálních protilátek pouze sotrovimab vykazuje antivirovou aktivitu proti subvariantám XBB, včetně XBB.1.16. První data naznačují, že XBB.1.16, má větší relativní růstovou výhodu v lidské populaci ve srovnání s XBB.1 a XBB.1.5.

Klinické příznaky infekce vyvolané touto variantou zahrnují i svědivé záněty spojivek a další symptomy a mohou se lišit i jinak. U dětí jsou základními klinickými symptomy horečka, kašel a zánět spojivek.

https://public.tableau.com/app/profile/raj.rajnarayanan/viz/TrackingXBB_1_16LineageOverTime/XBB_1_16



Tracking XBB.1.16* Lineages with signature mutations: **Spike:** E180V, K478R, S486P **ORF9b:** I5T; **XBB.1.16.1:** Spike: T547I | Source: GISAID updated 4/10/2023 5:31:35 PM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates | Note: Week 1 peak = Sequences with date errors (ie., only year available)



V non-sentinelové surveillanci nelze hovořit o dominanci, ale spektrum detekovaných agens se oproti epidemickým vlnám RSV a chřipky rozšířilo. Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 14. KT 30 vzorků.

Tabulka 7 - Non-sentinelová surveillace

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	1
Chřipka A H ₁ pdm	0
Chřipka A H ₃	0
Chřipka B	40
RSV	10
Adenovirus	11
Parainfluenza virus	6
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	20
Sezonní koronaviry	5
Lidský rhinovirus	26
Bocavirus	3
Enterovirus	0
SARS-COV-2**	51
Smíšená infekce	9
Negativní	571
Celkový počet vyšetření:	752

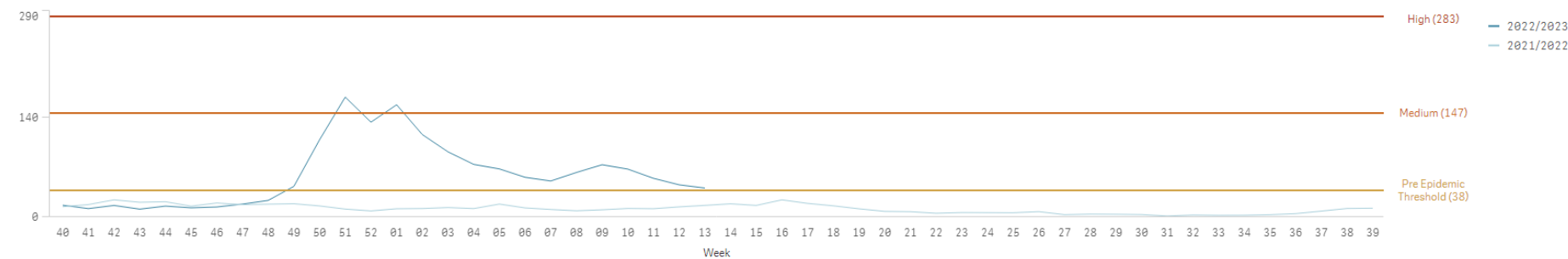
Tabulka 8 - NRL sentinelová surveillace

Patogen*	Počet detekcí 13. KT	Počet detekcí 14. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	2	0
Chřipka A H ₃	0	0
Chřipka B	9	3
Lidský rhinovirus	5	3
Parainfluenza virus	0	0
RSV	0	0
Enterovirus	0	0
MPV	2	2
koronaviry	0	1
SARS-COV-2	4	2
Adenovirus	2	2
BOCA-V	0	0
Smíšená infekce	3	1
Negativní	15	16
Celkový počet vyšetření:	42	30

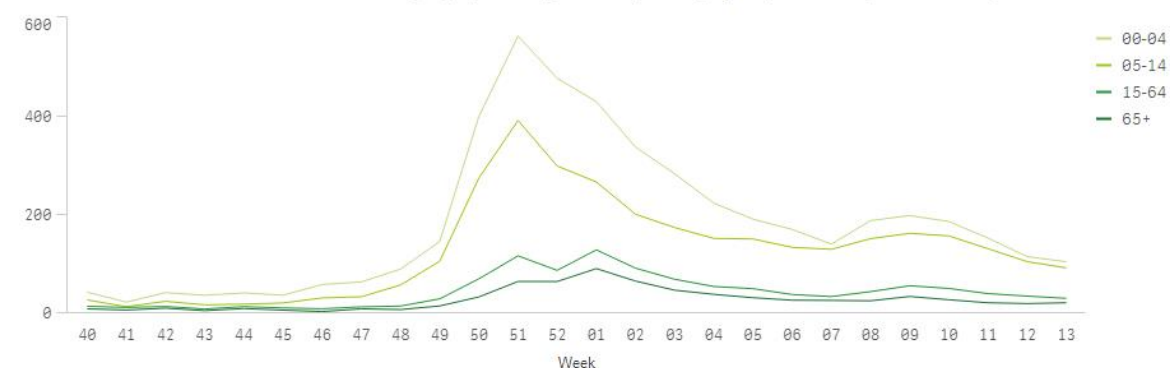
- * V tabulce 8 jsou uvedeny pozitivní respirační viry, nikoli celý vyšetřovaný panel.
- Do vyšetření SARS-CoV-2 ** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2

Graf 2: ARI/ILI –surveillance v ČR (hlášení dle nemocnosti) – situace k 13. KT

Consultation rates for influenza-like illness (ILI) by country/territory - Czechia



Consultation rates for influenza-like illness (ILI) by country/territory and age group - Czechia, season 2022/2023



Data ARI/ILI podle nemocnosti hlášená do ECDC jednoznačně ukazují šíření virů chřipky v dětské populaci, což může přímo souviset s faktem, že se v důsledku omezené cirkulace respiračních virů (včetně chřipky a RSV) relativně zvětšil vnímavý podíl populace.

Consultation rates for influenza-like illness (ILI) with positivity for influenza, COVID-19 and respiratory syncytial virus (RSV) by country/ter...

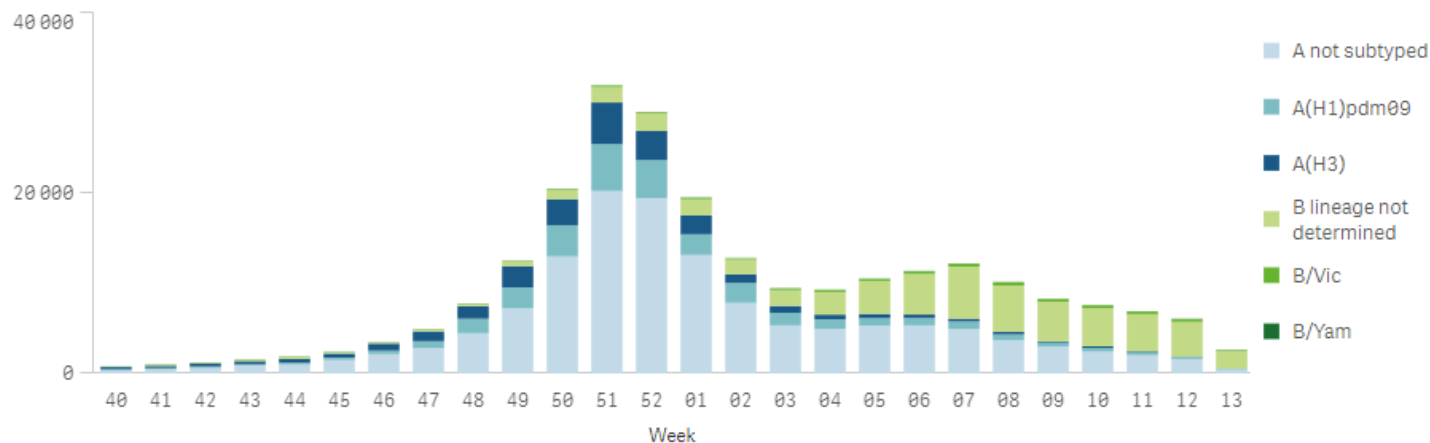


Chřipka – situace v Evropě (WHO evropský region) k 13. KT

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, kleslo na 16 % z 22 % v předchozím týdnu a zůstává nad epidemickým prahem (10 %).
 - 13 z 41 zemí hlásí střední nebo vysokou intenzitu a 20 z 40 zemí hlásí celoplošné šíření (pouze Estonsko a Maďarsko uvádí aktivitu nad 40 %), což naznačuje přetrvávající cirkulaci sezónních virů chřipky v celém regionu.
 - V sentinelové i nesentinelové surveillanci převažuje chřipka typu B.
 - V rámci SARI surveillanci hlásí 4 země míru positivity viru chřipky nad 10 %.
 - Za 13. KT bylo v rámci sentinelové surveillanci testováno 2 316 vzorků, z nichž 379 vzorků bylo pozitivních na chřipku (11 % chřipka typu A; 89 % chřipka typu B).
 - V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A (celkem 19) převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (95 %).
 - Všech 133 subtypizovaných izolátů chřipky B spadá do linie B/Victoria.
- zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

Graf 3:

Influenza virus detections by type, subtype/lineage and week - WHO Europe, season 2022/2023



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**.
- Dle celogenomové sekvenace se dominantní stává subvarianta XBB.1.5, která v současnosti spolu s XBB.1.9.1 dominuje globálně. Nově se šíří XBB.1.16, dle předběžných dat patří do klinických příznaků XBB.1.16 svědivá konjunktivitida.
- NRL přes nejasné financování doporučuje zasílat pozitivní vzorky na sekvenaci do NRL.

Virologie chřipka a respirační viry

- V souladu s evropskými daty i v ČR převažuje nyní detekce viru chřipky B a v non sentinelu rovněž SARS-CoV-2. Pozorujeme pokles detekcí RSV.
- V rámci šíření H5N1 klády 2.3.4.4b dochází k úhynům racků v Evropě, v důsledku vytvoření nového genotypu (reassortment LPAI H13N1 typicky rozšířeného v populaci racků s cirkulující H5N1), na pobřeží Nové Anglie (USA) uhynulo tisíce kusů tuleňů. V USA a Kanadě byl zaznamenán přenos na doma chované kočky, a rovněž psa (úhyn). V souvislosti s globálním šířením H5N1 doporučuje NRL hlásit nálezy uhynulých ptáků případně uhynulých masožravců v ohniscích (malé šelmy – kuny, lišky včetně koček) Státní veterinární správě s podezřením na infekci virem ptačí chřipky. Měli by se vyšetřovat uhynulí savci v okolí potvrzených ohnisek H5N1. Dále je třeba dbát na zabezpečení chovů drůbeže v okolí ohnisek, v loňském roce v Evropě docházelo k infekcím drůbeže v návaznosti na prokázaná ohniska u volně žijících ptáků. Je třeba si uvědomit, že se pravděpodobně bude opakovat situace z loňského roku, tedy že virus H5N1 bude cirkulovat celoročně. NRL upozorňujeme, že uhynulých zvířat se nesmíme dotýkat, a chovatelé psů by měli důsledně chránit své psy, případně kočky, před kontaktem s uhynulými zvířaty. USA již zaznamenaly první případ smrti psa v souvislosti s infekcí virem H5N1. Přestože dochází k případům přenosu viru na člověka, jedná se o sporadické případy. WHO na základě globálního šíření viru a zvětšující se hostitelské spektrum, mírně zvýšilo hodnocení rizika tohoto viru a jeho pandemického potenciálu.

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