



Zpráva NRL ke dni 24. 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 a ptačí chřipky

Strana 6 - 8

Závěr a odkazy

Strana 9 - 10

- V období od 17. 4. do 23. 4. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 21 hlášených testů diskriminační PCR ze 4 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle 21 diskriminační PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 4. 4. do 23. 4. 2023 bylo provedeno celkem 10 641 testů, z toho 1 093 bylo pozitivních a dle hlášení ÚZIS bylo provedeno pouze pět diskriminačních PCR (viz tab.3).

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
CH.1.1	1
NA	5
Omicron	15
Celkový součet	21

Tabulka 3: Přehled PCR dat ÚZIS

4. 4. 2023 - 23. 4. 2023			
Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
10641	10080	1093	5

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
FN Královské Vinohrady	3
SPEA Olomouc, s.r.o.	1
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	8
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	9
Celkový součet	21

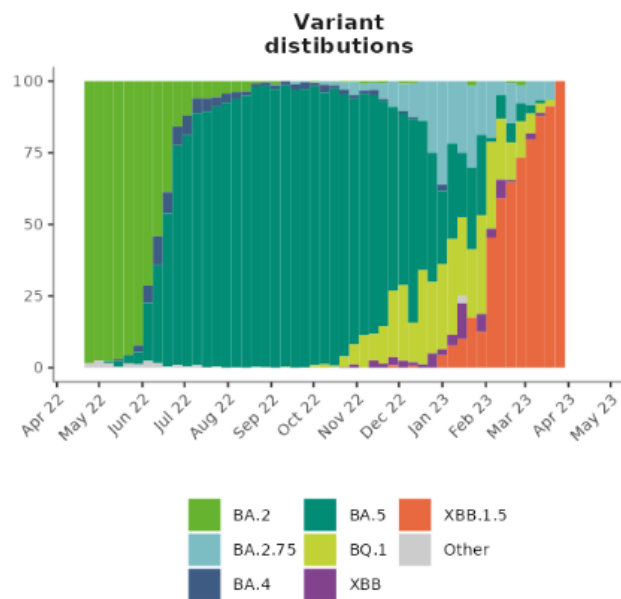
Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací

A570D	E484K	K417N	L452R	N501Y	P681R	Y505H
-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------

- K 23. 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 301 vzorků s datem odběru od 23. 2. do 23. 4. 2023, přehled sekvenovaných variant udává tabulka 3.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu XBB.1.5, ostatní varianty se uplatňují v menší míře.

Tabulka 4 a graf (ECDC): Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období

Varianta	Počet
XBB.1.5.x	237
BQ.x	17
CH.1.x	10
XBB.1.9.x	9
BN	8
XBB.x	7
CK.x	2
BF.x	1
XBF	1
Ostatní	9



ECDC. Figure produced 21 April 2023

Celkový počet 301

Pro výpočet použit algoritmus

Pangolin v 4.2.:

<https://pangolin.cog-uk.io/>

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet	Varianta	Počet
BE.9	1	XBB.1.28	1
BF.7	1	XBB.1.5	63
BN.1	1	XBB.1.5.1	6
BN.1.1.1	2	XBB.1.5.12	152
BN.1.2.1	1	XBB.1.5.13	2
BN.1.3	1	XBB.1.5.15	1
BN.1.4	2	XBB.1.5.16	2
BN.1.5	1	XBB.1.5.19	3
BQ.1	1	XBB.1.5.21	1
BQ.1.1	3	XBB.1.5.24	3
BQ.1.1.25	2	XBB.1.5.31	1
BQ.1.1.29	1	XBB.1.5.38	3
BQ.1.1.3	1	XBB.1.9.1	9
BQ.1.1.32	3	XBF.7	1
BQ.1.1.4	1		
BQ.1.10	1		
BQ.1.12	1		
BQ.1.13.1	2		
BQ.1.31	1		
BR.2.1	1		
CH.1.1	3		
CH.1.1.1	3		
CH.1.1.2	1		
CH.1.1.3	3		
CK.1	2		
CR.1.1	1		
EG.1	4		
EU.1.1	1		
FG.3	1		
XBB.1	4		
XBB.1.13	2		

Nově definovaná varianta zájmu XBB.1.16 (Arcturus)

Nově monitorovaná varianta XBB.1.16 byla zařazena jako VOI (varianta zájmu), detekované mutace naznačují únik před T buněčnou odpovědí. V rámci této varianty se vyštěpilo několik subvariant, které jsou charakterizovány těmito substitucemi:

XBB.1.16 (S:E180V, S:478R)

XBB.1.16.1 (S:T547I)

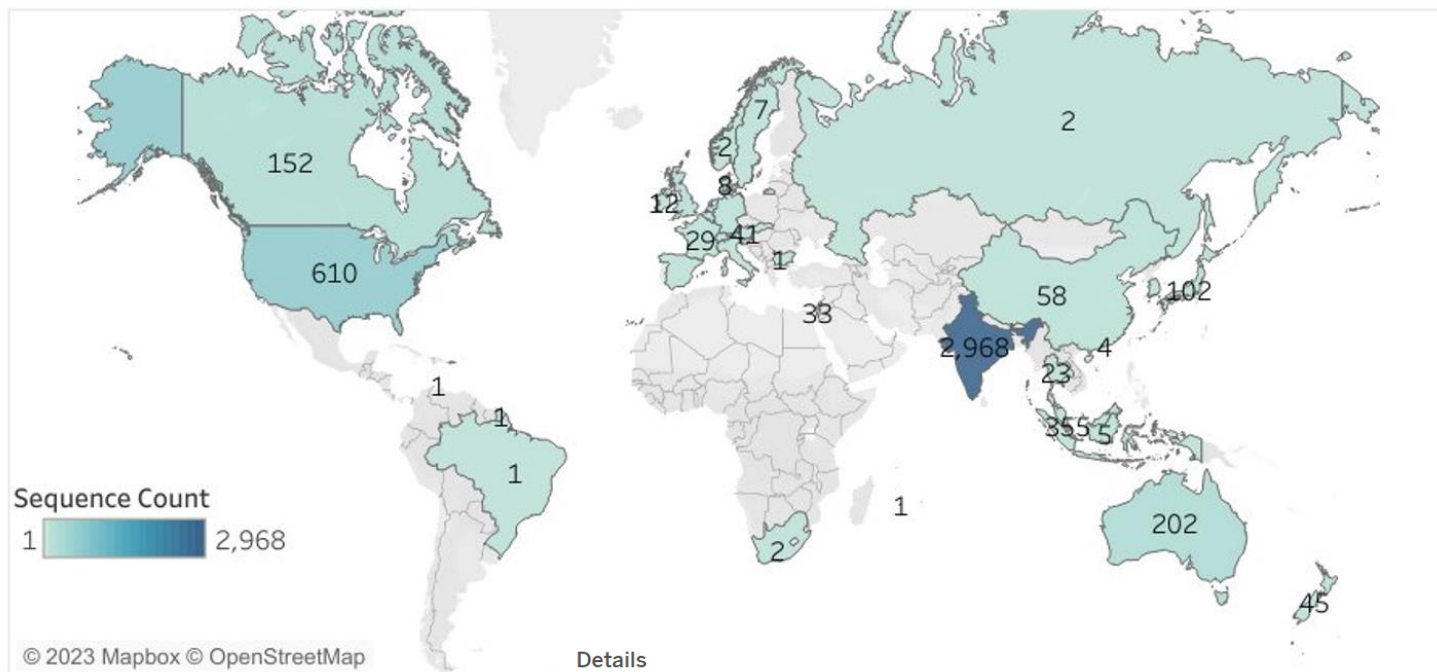
FU.1 | Alias XBB.1.16.1.1 (T3802C)

FU.2 | Alias XBB.1.16.1.2 (C8692T)

XBB.1.16.2 (ORF3a:V13L, ORF1a:P926H) XBB.1.16.3 (A2893C)

Tato varianta byla potvrzena ve 38 zemích, viz přiložená mapka.

Globálně stále převládá varianta XBB1.5 a XBB.1.9.1.



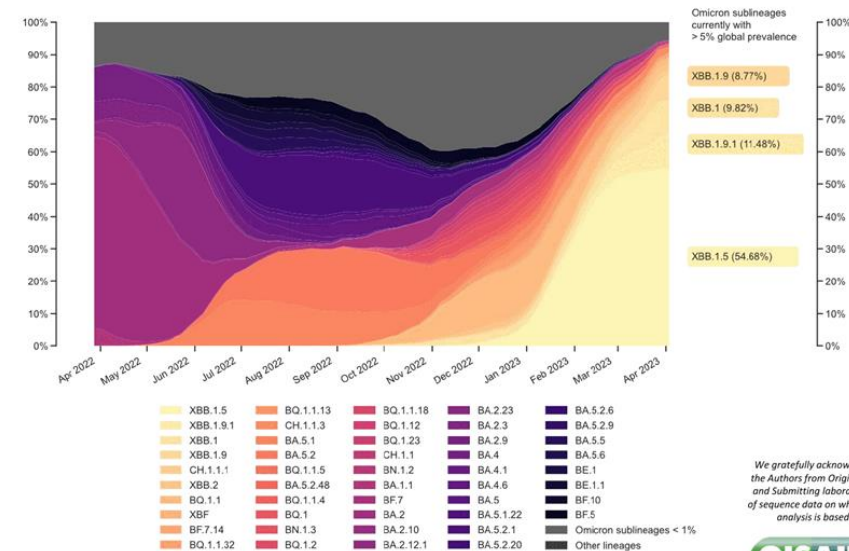
Details

☆ 4 👁 18,996

Tracking XBB.1.16* Lineage Over Time

Published: Mar 18, 2023 Updated: Apr 23, 2023

Timecourse of Omicron variant sublineage distribution 2023-04-19



See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

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



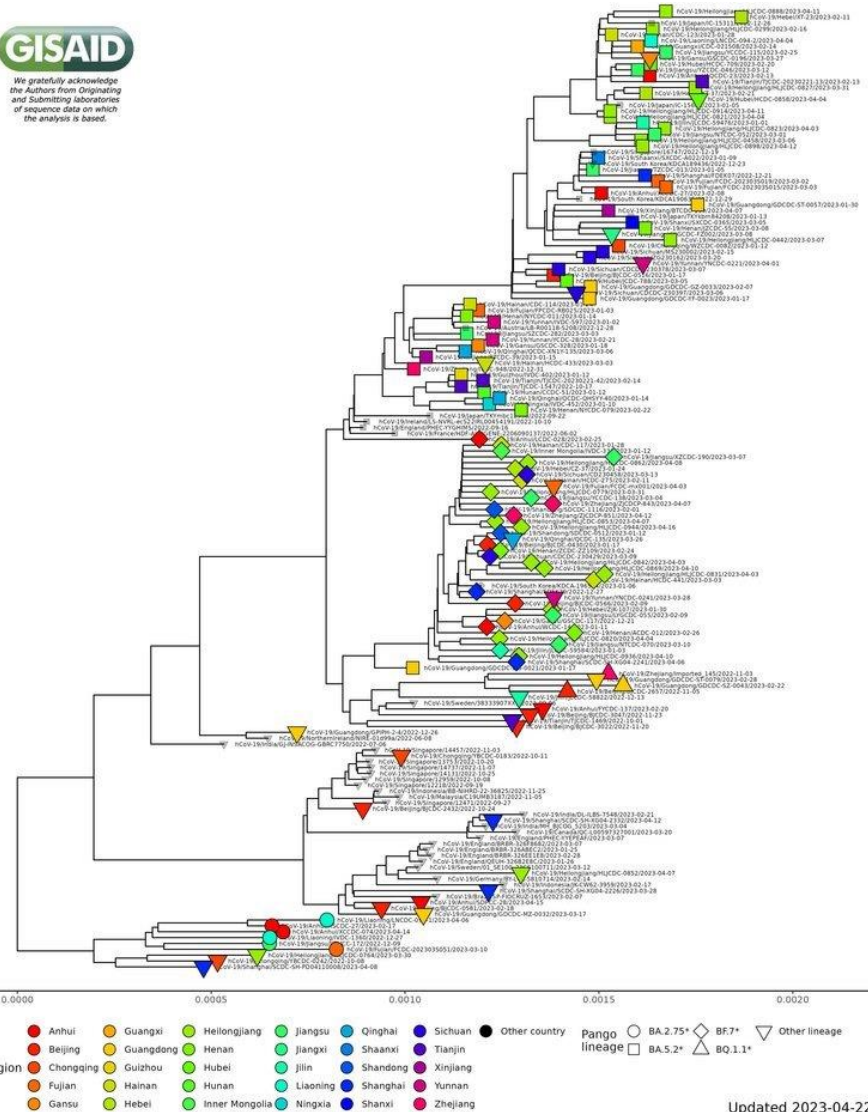
https://public.tableau.com/app/profile/raj.rajnarayanan/viz/TrackingXBB_1_16LineageOverTime/XBB_1_16

Globální sekvenační data – Čína 24.4.2023

Sekvenační data z Číny potvrzují šíření linií BA.5.2.x a BF.7.x, Čína již potvrdila 37 případů XBB.1.16 ve 4 provinciích.



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

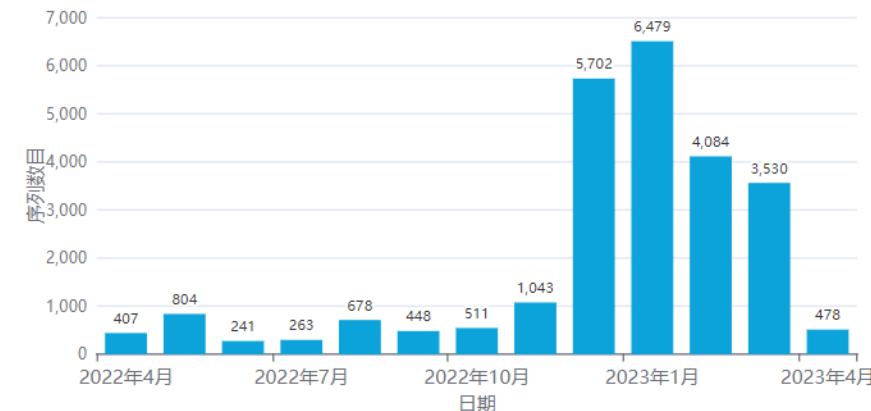


基于从2022年10月1日采集的数据。百分比小于0.1%的谱系已被合并到其父系并计入父系。图表的数据更新于2023-04-24 13:15。

2019人类冠状病毒谱系分布地图 - 全国 (不含港澳台)



- BA.5.2.48
- BF.7.14
- BA.5.2.49
- BA.5.2
- BA.5.2.6
- BF.7
- BA.5.1
- BN.1
- BA.5.2.1
- BN.1.2
- BQ.1.1
- XBB.1
- BA.2.75.2
- BQ.1.12
- BA.5
- BF.5
- BQ.1
- B
- BA.5.3.1
- BF.21
- BA.2.75.3
- BQ.1.2
- BA.2.75
- BA.2.3.20
- BN.1.3
- XBB.1.5
- XBB.1.9.1
- BA.2
- BF.7



V non-sentinel surveillance stále převažuje detekce viru chřipky typu B společně s rhinoviry, narůstá počet detekcí viru parainfluenzy a metapneumoviru, objevují se pozitivní detekce *Mycoplasma pneumoniae*. Do NRL bylo zasláno v rámci sentinel surveillance v 16. KT pouze 41 vzorků, nejčastěji detekovaným agens je lidský rhinovirus.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	4
Chřipka A H ₁ pdm	0
Chřipka A H ₃	0
Chřipka B	33
RSV	11
Adenovirus	7
Parainfluenza virus	10
Herpetické viry	0
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	8
Lidský metapneumovirus	21
Sezonní koronaviry	7
Lidský rhinovirus	38
Bocavirus	1
Enterovirus	1
SARS-COV-2**	26
Smíšená infekce	16
Negativní	425
Celkový počet vyšetření:	608

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance

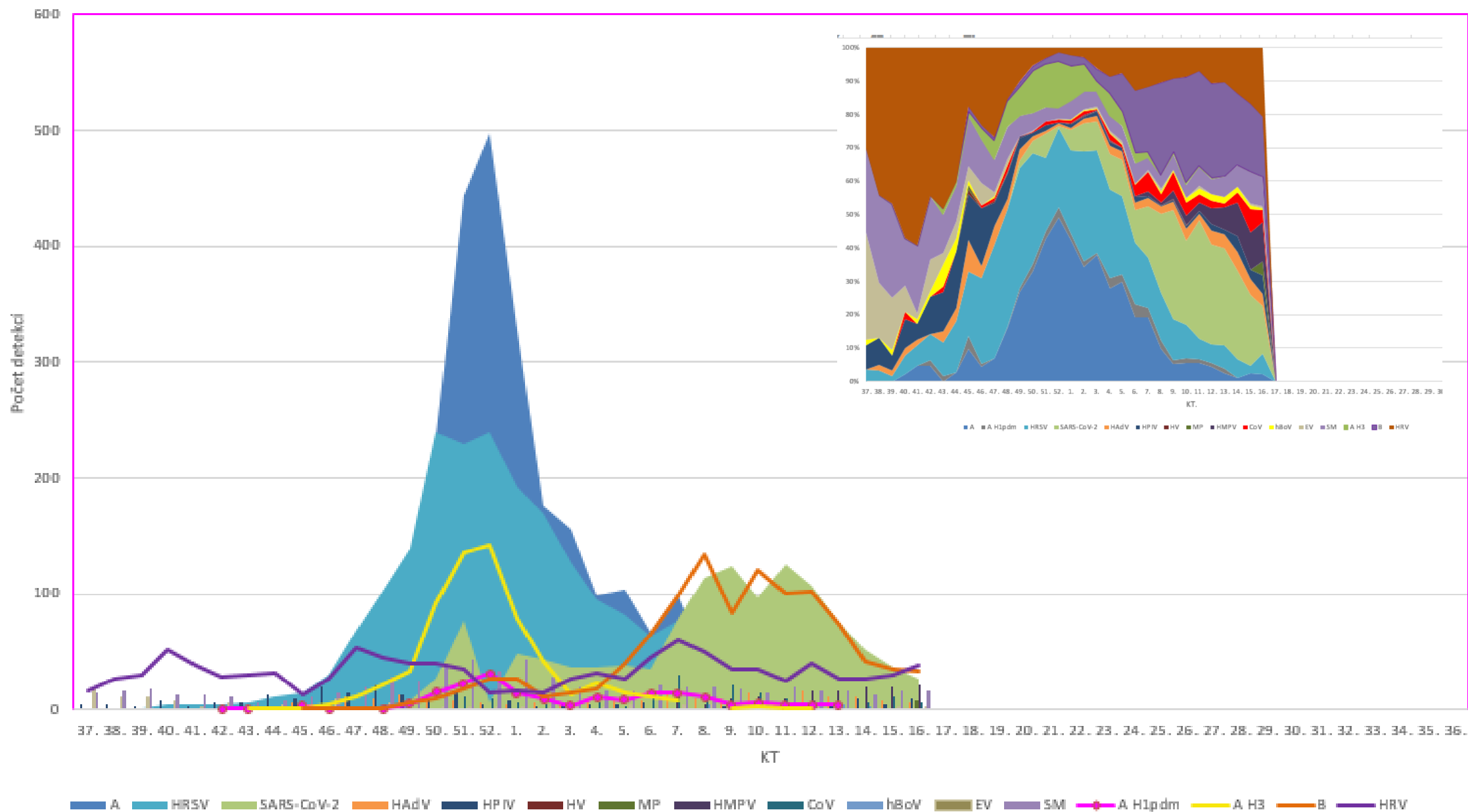
Patogen*	Počet detekcí 15. KT	Počet detekcí 16. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	0	0
Chřipka A H ₃	0	0
Chřipka B	2	2
Lidský rhinovirus	2	7
Parainfluenza virus	0	2
RSV	0	0
Enterovirus	1	1
MPV	3	3
koronaviry	4	1
SARS-COV-2	2	2
Adenovirus	0	1
BOCA-V	0	0
Smíšená infekce	5	6
Negativní	22	16
Celkový počet vyšetření:	30	41

Smíšené infekce
15KT:
1x B + MPV + CoV
1x B + SARS-CoV-2
1x ADV + CoV
1x HRV + CoV
1x MPV + CoV

16. KT
1x ADV + HRV
2x CoV + HRV
1x EV + MPV
2x SARS-CoV-2 + MPV

- * V tabulce 7 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

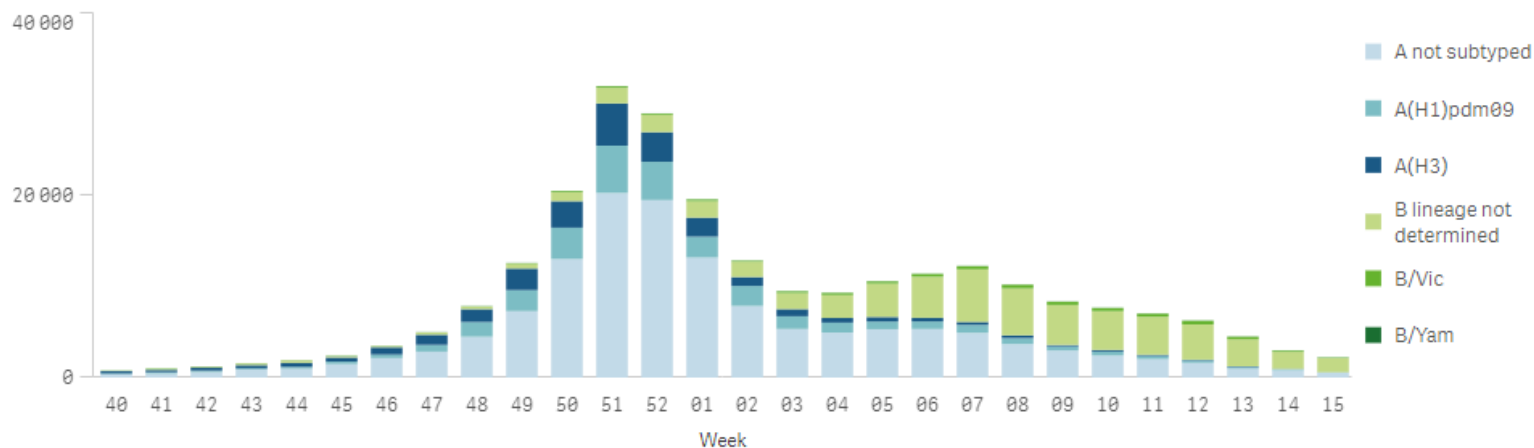
Graf 1: ARI/ILI – virologická surveillace v ČR – situace k 16. KT



Chřipka – situace v Evropě (WHO evropský region) k 15. KT

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se snížil na 10 % z 15 % v předchozím týdnu a zůstává na epidemickém prahu (10 %).
 - 6 z 38 zemí hlásí střední intenzitu a 13 z 37 zemí hlásí celoplošné šíření (žádná země neuvedla aktivitu vyšší než 40 %), což naznačuje sníženou cirkulaci sezónních virů chřipky.
 - V sentinel i nesentinel surveillance převažuje chřipka typu B.
 - V rámci SARI surveillance hlásí 2 země míru positivity viru chřipky nad 10 %.
 - V 15. KT bylo v rámci sentinel surveillance testováno 1 782 vzorků, z nichž 176 (10 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (22 % chřipka typu A; 78 % chřipka typu B).
 - V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A (celkem 18) převažuje virus chřipky A(H1)pdm09.
 - Všech 43 subtypizovaných izolátů chřipky B spadá do linie B/Victoria.
- zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

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**. V posledním týdnu byla v této zemi detekována varianta zájmu XBB.1.16.
- Dle celogenomové sekvenace je dominantní subvarianta XBB.1.5.x, která v současnosti spolu s XBB.1.9.1 jasně dominuje globálně. Nově se objevivší subvarianta XBB.1.16 se nadále diverzifikuje, dle mutačního spektra pravděpodobně uniká před T buněčnou odpovědí a byla nyní oficiálně kategorizována jako VOI – varianta zájmu. V prominentním odborném časopise Nature reviews byl otisknut článek, který přináší potvrzení domněnky, že důsledkem onemocnění c19 mohou být i autoimunitní onemocnění. Onemocnění c19 tedy zvyšuje riziko následného autoimunitního onemocnění: <https://www.nature.com/articles/s41584-023-00964-y>
- NRL přes nejasné financování doporučuje zasílat pozitivní vzorky na sekvenaci.

Virologie chřipka a respirační viry

- V non-sentinelové surveillance stále převažuje detekce viru chřipky typu B a rinovirů, narůstá počet detekcí viru parainfluenzy a metapneumoviru, objevují se pozitivní detekce *Mycoplasma pneumoniae*. Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 16. KT pouze 41 vzorků, nejčastěji detekovaným agens je lidský rinovirus.
- Virus ptačí chřipky H5N1 klády 2.3.4.4.b se dále globálně šíří, ohrožuje mnoho druhů ptáků, z nichž někteří i bez H5N1 jsou na hranici vyhubení, pro člověka je však riziko stále mírné, pro pracovníky, kteří přicházejí do kontaktu s infikovanými ptáky bylo zvýšeno riziko na střední. Viz čtvrtletní zpráva ECDC/EFSA a ECDC :
<https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7917>,
<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threats-report-21-apr-2023-week-16.pdf>

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