



Zpráva NRL ke dni 9. 5. 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 1. 5. do 8. 5. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 21 hlášených testů diskriminační PCR ze 4 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle 4 diskriminační PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 19. 4. do 8. 5. 2023 bylo provedeno celkem 8 178 testů, z toho 602 bylo pozitivních a dle hlášení ÚZIS bylo provedeno pouze pět diskriminačních PCR (viz tab.3).

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
XBB	1
Omicron	3
Celkový součet	4

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	1
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	3
Celkový součet	4

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
8178	7173	602	4

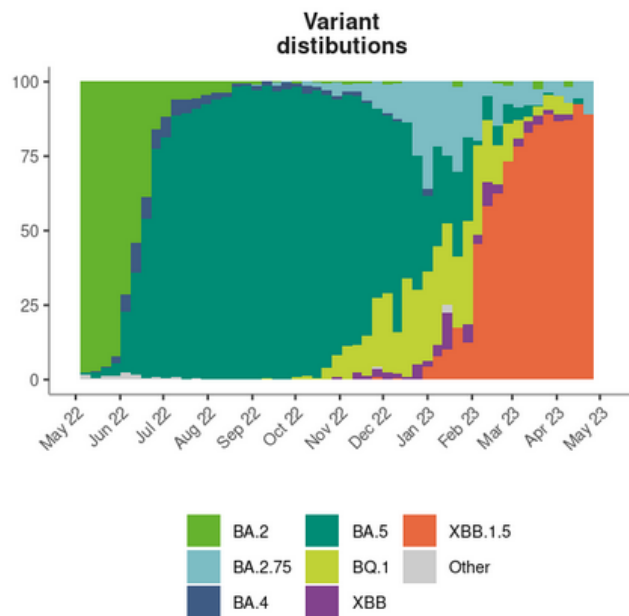
Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací

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

- K 7. 5. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 58 199 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 743 vzorků s datem odběru od 07. 3. do 07. 5. 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. XBB.1.16 byla prokázána pouze v jednom případě.

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

Varianta	Počet
XBB.1.5.x	564
XBB.1.9.x	42
XBB.x	30
CH.1.x	26
BQ.x	22
BN	8
CK.x	7
XBF	3
BF.x	1
Ostatní	40



ECDC. Figure produced 5 May 2023

Celkový počet 743

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	Varianta	Počet
BA.5.2.35	1	EU.1.1	5	XBF	3
BF.14	1	FD.1	1	XBK	1
BN.1	1	XBB.1	5		
BN.1.1.1	2	XBB.1.13	14		
BN.1.3	1	XBB.1.16	1		
BN.1.3.3	1	XBB.1.17.1	4		
BN.1.4	1	XBB.1.22.1	1		
BN.1.4.1	1	XBB.1.28	2		
BN.1.5	1	XBB.1.5	198		
BQ.1.1	10	XBB.1.5.1	5		
BQ.1.1.32	1	XBB.1.5.12	317		
BQ.1.1.37	1	XBB.1.5.13	4		
BQ.1.1.42	2	XBB.1.5.14	1		
BQ.1.1.45	1	XBB.1.5.15	5		
BQ.1.1.5	2	XBB.1.5.16	2		
BQ.1.13.1	3	XBB.1.5.17	3		
BQ.1.18	1	XBB.1.5.19	3		
BQ.1.31	1	XBB.1.5.20	1		
CH.1.1	11	XBB.1.5.21	1		
CH.1.1.1	8	XBB.1.5.24	6		
CH.1.1.10	1	XBB.1.5.28	1		
CH.1.1.11	6	XBB.1.5.31	10		
CK.1	7	XBB.1.5.36	3		
CM.8.1	6	XBB.1.5.37	3		
DV.1	1	XBB.1.5.7	1		
DV.1.1	2	XBB.1.9	1		
EA.1	1	XBB.1.9.1	31		
EF.1	1	XBB.1.9.2	10		
EG.1	16	XBB.2	1		
EL.1	4	XBB.2.3	1		
EM.1	1	XBB.2.3.2	1		

Aktuální informace k šíření varianty 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)

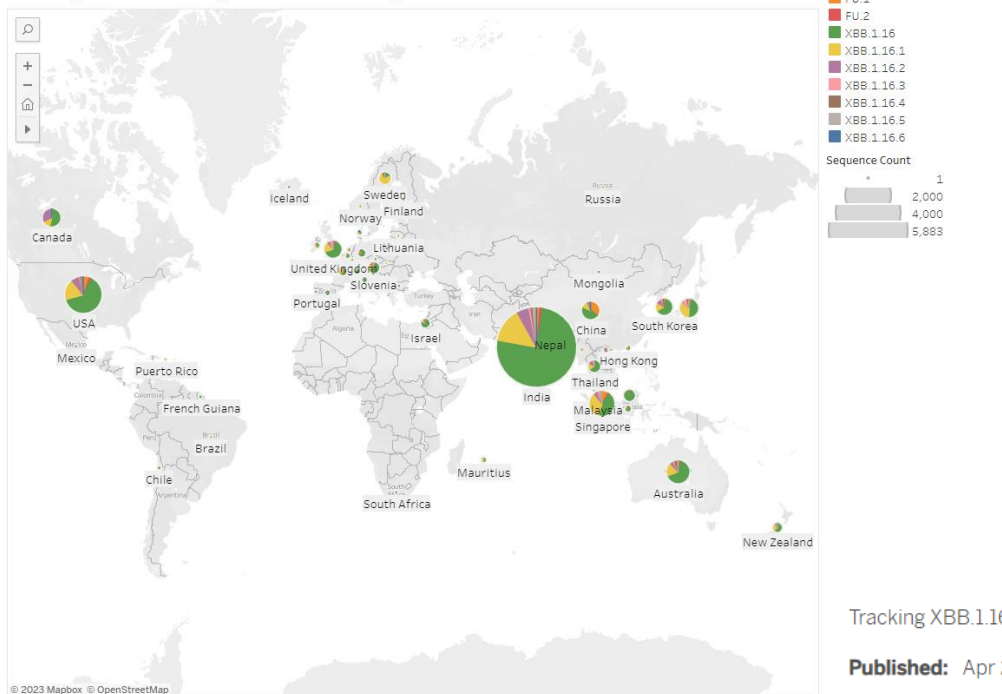
FU.2 | Alias XBB.1.16.1.2 (C8692T)

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

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

Tracking XBB.1.16* Lineage Over Time - Maps by Raj Rajnarayanan

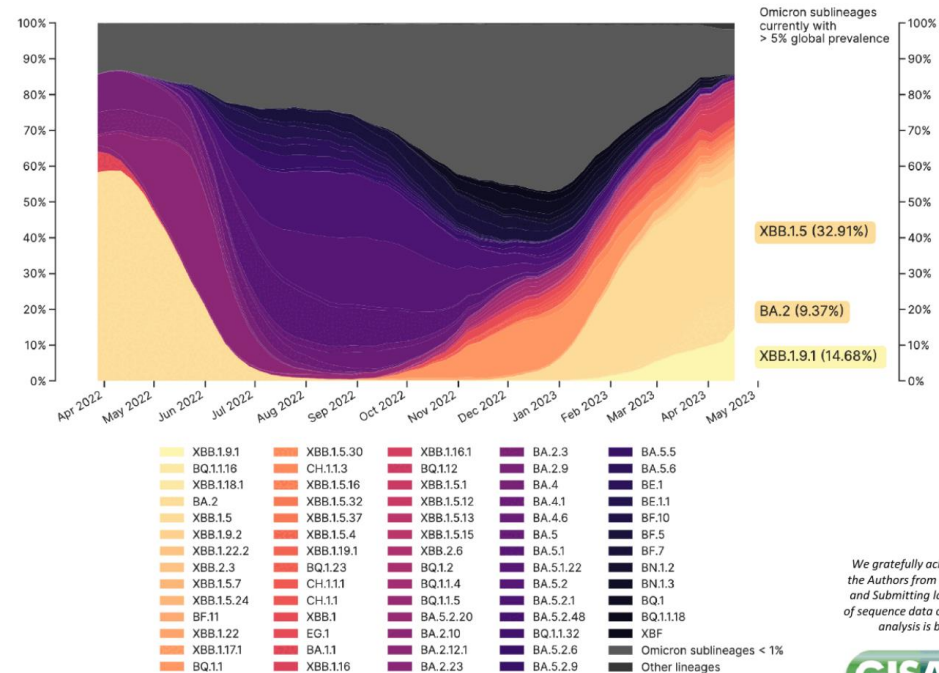
Tracking SARS-CoV-2 Lineage XBB.1.16* - Globally



Tracking XBB.1.16* Lineage Over Time - Maps

Published: Apr 26, 2023 Updated: May 9, 2023

Timecourse of Omicron variant sublineage distribution 2023-05-02



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

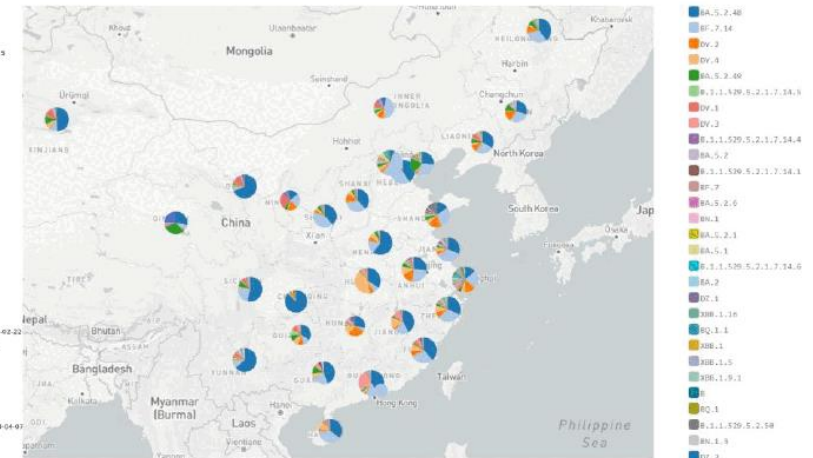
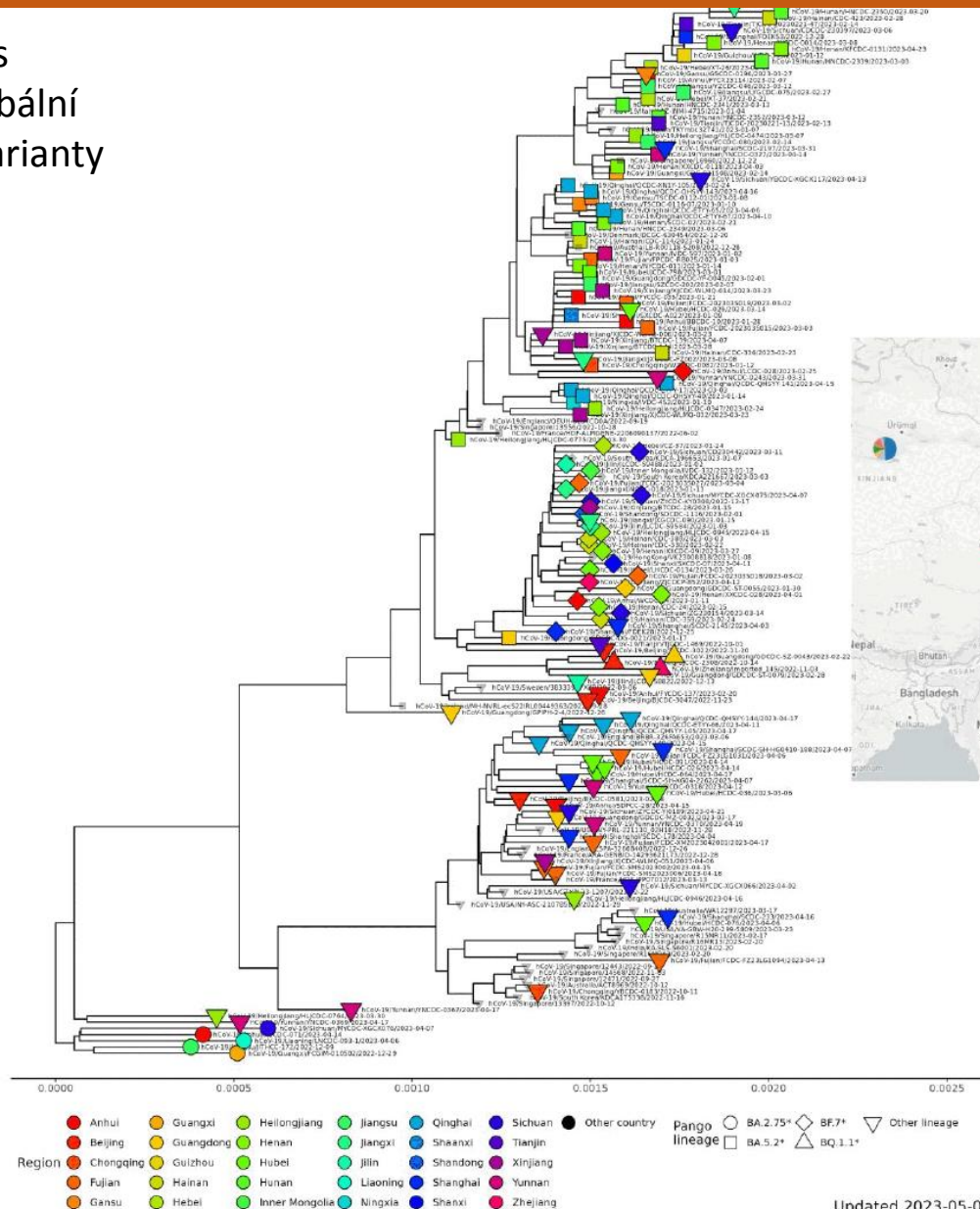


<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

Globální sekvenační data – Čína 9.5.2023

Sekvenační data z Číny v souvislosti s rozvolňováním postupně kopírují globální situaci. Poměrně rychle se zde šíří varianty XBB.1.5.x a XBB.1.16.x.

Representative phylogenetics of recent genome sequences from 30 regions across China (in global context) 2023-05-02



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



V non-sentinel surveillace již detekujeme viry chřipky pouze sporadicky, pozorujeme mírnou převahu detekcí rhinovirů a metapneumoviru. Do NRL bylo zasláno v rámci sentinel surveillace v KT 18 pouze 13 vzorků a tyto budeme v rámci ekonomizace provozu došetřovat spolu se vzorky z následujícího týdne.

Tabulka 6 - 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	3
RSV	3
Adenovirus	4
Parainfluenza virus	6
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	12
Sezonní koronaviry	5
Lidský rhinovirus	23
Bocavirus	5
Enterovirus	0
SARS-COV-2**	16
Smíšená infekce	5
Negativní	255
Celkový počet vyšetření:	338

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillace

Patogen*	Počet detekcí 17. KT	Počet detekcí 18. KT
Chřipka A	0	
Chřipka A H ₁ pdm	0	
Chřipka A H ₃	0	
Chřipka B	1	
Lidský rhinovirus	1	
Parainfluenza virus	1	
RSV	1	
Enterovirus	1	
MPV	3	
koronaviry	1	
SARS-COV-2	0	
Adenovirus	3	
BOCA-V	0	
Smíšená infekce	3	
Negativní	11	
Celkový počet vyšetření:	26	

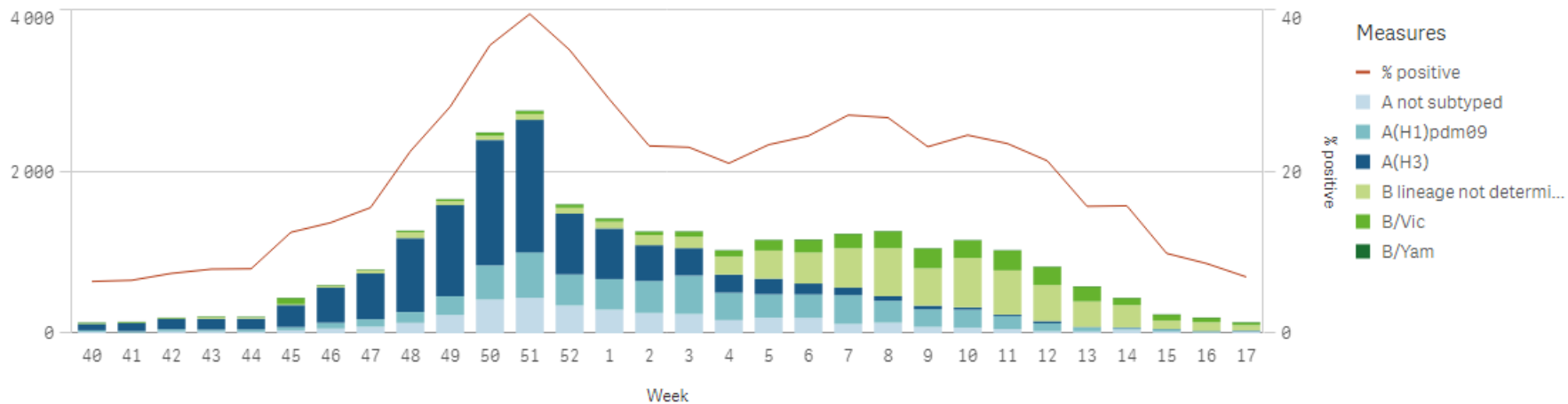
Smíšené infekce
17. KT:
1x Infl B+ADV
1x SARS-CoV-2 + EV+BOV
1x MPV+HRV

- * 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

Chřipka – situace v Evropě (WHO evropský region) k 17. KT

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se snížil na 7 % z 9 % v předchozím týdnu.
 - 1 z 52 zemí hlásí střední intenzitu a 9 z 41 zemí hlásí celoplošné šíření, což naznačuje sníženou cirkulaci sezónních virů chřipky.
 - V sentinel i nesentinel surveillance převažuje chřipka typu B.
 - V rámci SARI surveillance nehlásí žádná země míru positivity viru chřipky nad 10 %.
 - V 17. KT bylo v rámci sentinel surveillance testováno 1 909 vzorků, z nichž 133 (7 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (25 % chřipka typu A; 75 % chřipka typu B).
 - V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A (celkem 13) převažuje virus chřipky A(H1)pdm09.
 - Všech 33 subtypizovaných izolátů chřipky B spadá do linie B/Victoria.
- zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

Influenza virus positivity and 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 posledních týdnech se v této zemi šíří varianty zájmu XBB.1.5.x a XBB.1.16.
- Dle celogenomové sekvenace je v ČR dominantní subvarianta XBB.1.5.x, která v současnosti spolu s XBB.1.9.1 stále 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 ECDC jako VOI – varianta zájmu. Kromě klasických příznaků ARI/ILI charakterizuje variantu XBB.1.16 zánět spojivek.
- NRL přes nejasné financování doporučuje zasílat pozitivní vzorky na sekvenaci.

Virologie chřipka a respirační viry

- Dle virologické surveillance lze konstatovat, že ARI/ILI sezóna je u konce, klesá jak počet vyšetřených vzorků (tedy i pacientů s ARI/ILI obtížemi), tak procento pozitivních detekcí. Viry chřipky, stejně jako RSV, jsou detekovány pouze sporadicky, mírně převažují detekce rhinovirů, detekujeme sporadicky enteroviry a rovněž se stále ještě uplatňují metapneumoviry, sezónní koronaviry, adenoviry a viry parainfluenzy.

Ptačí chřipka H5N1: ačkoli některé mutace detekované u infikovaných savců naznačují adaptaci viru na člověka, představuje nyní šířící se virus především ohromné riziko spojené s ekologickou katastrofou včetně možnosti extinkce některých ptačích druhů. V ČR je aktuálně potvrzeno 11 hromadných úhynů racků, včetně introdukce nákazy do chovů krůt (hejna o velikosti 30 000 kusů) v Moravskoslezském kraji (<https://www.svscr.cz/ptaci-chripka-2022/>). Například ve Velké Británii za poslední rok uhynulo v důsledku šíření viru více než 50 000 ptáků. USA a Kanada upozorňují na úhyny infikovaných dravců (některých druhů orlů a kondorů), nelze opominout šíření viru v koloniích lachtanů a tučňáků na západním pobřeží Jižní Ameriky. 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>

Proto doporučujeme hlásit nálezy uhynulých ptáků na Státní veterinární správu, případně na městskou policii s požadavkem na vyšetření a současně zabránit domácím mazlíčkům, např. psům v bližším kontaktu s uhynulou zvěří (ptáci, drobné šelmy, např. lišky apod).

Zpracovali: RNDr. Helena Jiřincová a Timotej Šúri, MSc.

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