



## Zpráva NRL ke dni 6. 8. 2023

SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

### Obsah:

|  |              |
|--|--------------|
| <b>SARS-CoV-2 ČR PCR a molekulární data</b>                          | Strana 2     |
| <b>SARS-CoV-2 globální data 26. – 28. KT 2023</b>                    | Strana 3     |
| ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 30. KT | Strana 4     |
| A/H5N1 – ptačí chřipka v ČR i ve světě                               | Strana 5 - 6 |
| Závěr  | Strana 7     |

- V období od 1. 7. do 31. 7. 2023 (dle data odběru) neobdržela NRL žádný vzorek k sekvenaci.
- Přehled provedených testů za měsíc červenec je uveden v tabulkách 1 a a 1 b (zdroj ÚZIS), vzhledem k malému počtu vyšetření nelze vyhodnotit diskriminační PCR.

**Tabulka 1a: Přehled provedených PCR od 1.7. do 20.7.2023 (ÚZIS)**

| Celkový počet testů | Celkový počet se žádankou | Celkový počet pozitivních | Celkový počet diskriminačních PCR |
|---------------------|---------------------------|---------------------------|-----------------------------------|
| 1492                | 1049                      | 46                        | 4                                 |

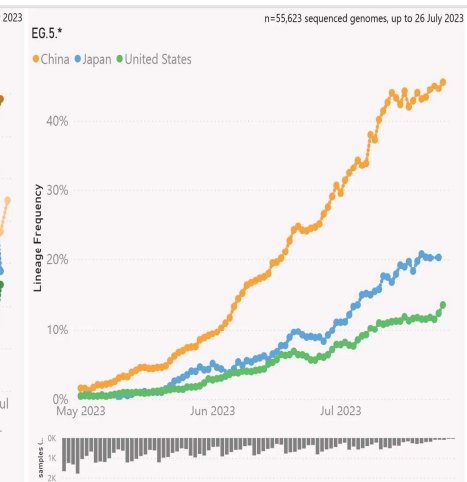
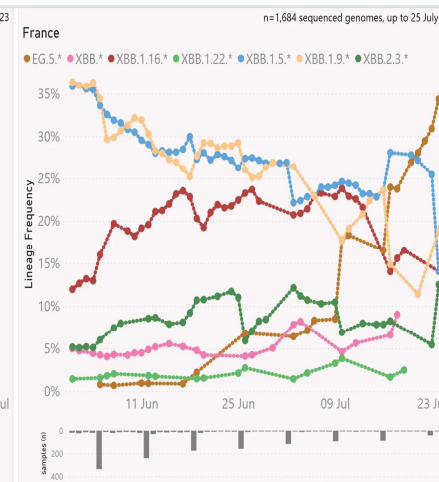
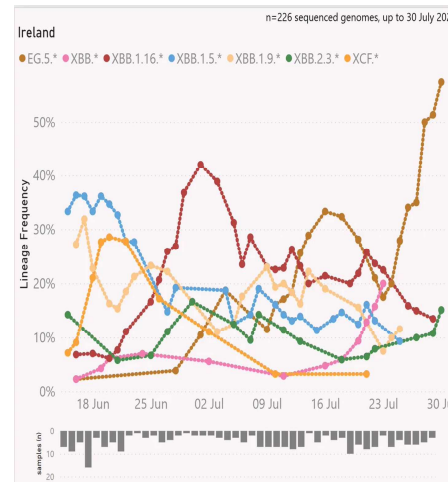
**Tabulka 1b : Přehled provedených PCR od 18.7. do 6.8.2023 (ÚZIS)**

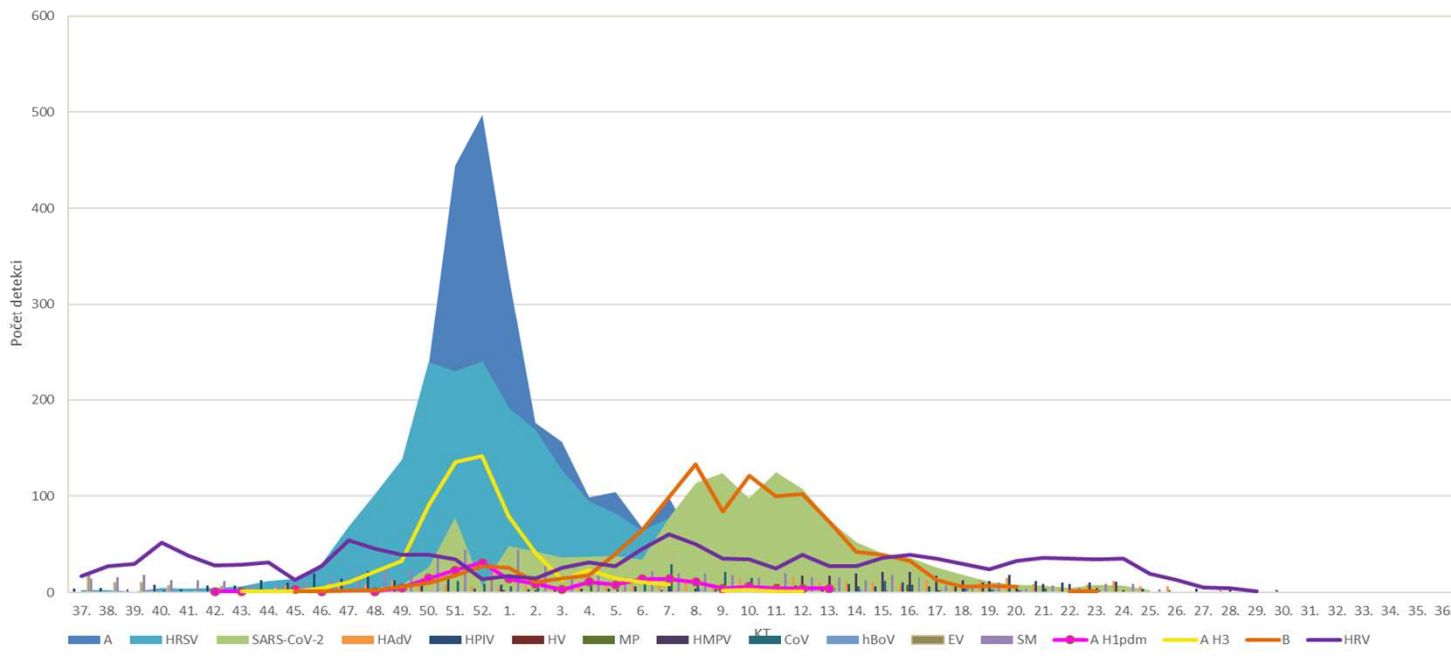
| Celkový počet testů | Celkový počet se žádankou | Celkový počet pozitivních | Celkový počet diskriminačních PCR |
|---------------------|---------------------------|---------------------------|-----------------------------------|
| 1292                | 895                       | 45                        | 1                                 |

## SARS-CoV-2 globální data 26. – 28. KT 2023

- Nerovnoměrnost cirkulace viru v různých částech světa se stává typickým atributem. Přehled globálních dat sledování variant zájmu (VOIs) a monitorovaných variant (VUMs) udává níže uvedená tabulka.
- Do popředí zájmu se dostávají varianty EG.5.1 a FL.5.1 charakterizované mutací F486L ve vazebném místě spike. Především EG.5.1 se šíří v USA, Velké Británii, Francii a Číně. Obě varianty jsou potomky variant XBB.1.5, XBB.1.16 a XBB.1.19).
- Nárůst detekcí je znázorněn na přiložených grafech a vychází z dat zemí s vyšší sekvenční aktivitou.
- Zdroj: WHO, CDC

| Lineage            | Countries <sup>§</sup> | Sequences <sup>§</sup> | 2023-24 | 2023-25 | 2023-26 | 2023-27 | 2023-28 |
|--------------------|------------------------|------------------------|---------|---------|---------|---------|---------|
| <b>VOIs</b>        |                        |                        |         |         |         |         |         |
| XBB.1.5*           | 120                    | 260 650                | 17.5    | 16.4    | 13.1    | 13.0    | 11.6    |
| XBB.1.16*          | 100                    | 41 098                 | 20.9    | 22.2    | 21.5    | 21.7    | 18.4    |
| <b>VUMs</b>        |                        |                        |         |         |         |         |         |
| BA.2.75*           | 125                    | 122 796                | 3.1     | 2.9     | 2.5     | 2.6     | 1.7     |
| CH.1.1*            | 95                     | 42 731                 | 0.6     | 0.6     | 0.5     | 0.5     | 1.1     |
| XBB*               | 130                    | 66 722                 | 6.9     | 6.1     | 6.0     | 6.5     | 6.0     |
| XBB.1.9.1*         | 101                    | 51 692                 | 16.4    | 16.1    | 15.1    | 12.4    | 9.7     |
| XBB.1.9.2*         | 85                     | 24 351                 | 8.0     | 7.7     | 7.2     | 6.2     | 7.3     |
| EG.5*              | 45                     | 4 722                  | 6.2     | 7.3     | 10.4    | 11.2    | 11.6    |
| XBB.2.3*           | 68                     | 8 339                  | 4.0     | 4.5     | 4.2     | 4.5     | 4.9     |
| Unassigned         | 94                     | 152 069                | 4.8     | 4.0     | 8.2     | 9.4     | 16.7    |
| Other <sup>†</sup> | 209                    | 6 764 692              | 10.6    | 11.5    | 10.9    | 11.4    | 10.3    |





|                    | Kalendářní týden |            |            |           | Celkem     |
|--------------------|------------------|------------|------------|-----------|------------|
|                    | 27.              | 28.        | 29.        | 30.       |            |
| <b>RV</b>          |                  |            |            |           |            |
| <b>InflA</b>       | 1                |            |            |           | 1          |
| <b>InflA/H1pdm</b> |                  |            |            |           | 0          |
| <b>InflA/H3</b>    |                  |            |            |           | 0          |
| <b>InflB</b>       |                  |            |            |           | 0          |
| <b>HRSV</b>        |                  |            |            |           | 0          |
| <b>HAdV</b>        |                  | 2          | 1          | 1         | 4          |
| <b>HPIV</b>        | 4                | 1          | 2          | 2         | 9          |
| <b>HV</b>          |                  |            |            |           | 0          |
| <b>MP</b>          |                  |            |            |           | 0          |
| <b>HMPV</b>        |                  | 2          |            |           | 2          |
| <b>CoV</b>         |                  |            |            |           | 0          |
| <b>HRV</b>         | 5                | 4          | 1          |           | 10         |
| <b>hBoV</b>        |                  |            |            |           | 0          |
| <b>EV</b>          |                  |            |            |           | 0          |
| <b>SARS-CoV-2</b>  | 1                |            |            |           | 1          |
| <b>SM</b>          |                  | 1          |            |           | 1          |
| <b>Celkem</b>      | <b>73</b>        | <b>123</b> | <b>110</b> | <b>87</b> | <b>393</b> |

## Závěr ČR:

Virologická surveillance. Hlášení nemocnosti odpovídají data virologické surveillance. Cirkulace respiračních virů se pohybuje na typickém sezónním minimu, přičemž lze pozorovat omezenou cirkulaci rhinovirů a virů parainfluenzy.

SARS-CoV-2 již řadíme mezi běžné respirační viry, přesto nelze predikovat evoluci viru a nelze vyloučit epidemické vlny podobně jako u chřipky. Je tedy nutné nadále sledovat tento vývoj, a to především s ohledem na cirkulaci nových variant, které vedou k epidemickým vlnám globálnějšího rázu, příkladem je EG.5.1, respektive FL.1 varianta. Nelze ani opomíjet následky onemocnění c19 v podobě long covidu či post-covid komplikací. Sezónnost těchto epidemických maxim zatím nelze na základě dat z minulosti predikovat. Pravděpodobně bude docházet jak ke konkurenci tak k souběhu s epidemickými maximy chřipky a RSV.

## A/H5N1 – ptačí chřipka v ČR i ve světě 1

Během jednoho měsíce od poloviny dubna do poloviny května se v ČR se rozšířil genotyp BB linie 2.3.4.4.b, tedy genotyp, který je důsledkem reassortmentu nízce patogenního viru ptačí chřipky A/H13Nx a vysoce patogenního viru chřipky 2.3.4.4.b A/H5N1, která aktuálně globálně cirkuluje. Kromě hromadných úhynu racků (především v lokalitě v okolí Vrbětických rybníků – nejméně 500 ks, a v Jihomoravském kraji - 2 000 ks) došlo k nálezům sokola stěhovavého na několika lokalitách, včetně úhynu mláďat. Lokality byly vzdálené i 80 km vzdušnou čarou od prokázaného ohniska. V důsledku rozšíření viru H5N1 došlo k prokázané nákaze chovu krůt v Moravskoslezském kraji, a to přes dodržování všech doporučených pravidel. Zdroj nákazy se nepodařilo prokázat. Zdánlivě je tedy situace v ČR klidná, na rozdíl od některých dalších míst ve světě. Od dubna jsou hlášena ohniska vyvolaná tímto genotypem z 25 zemí Evropy, a to jak u volně žijících ptáků, tak u drůbeže. Nejpostiženějším druhem je racek chechtavý, jehož hromadné úhyny jsou hlášeny na mnoha místech Evropy. V EU jsou rovněž hlášeny nálezy drobných šelem uhynulých v důsledku infekce virem H5N1 genotypu BB, linie 2.3.4.4.b.

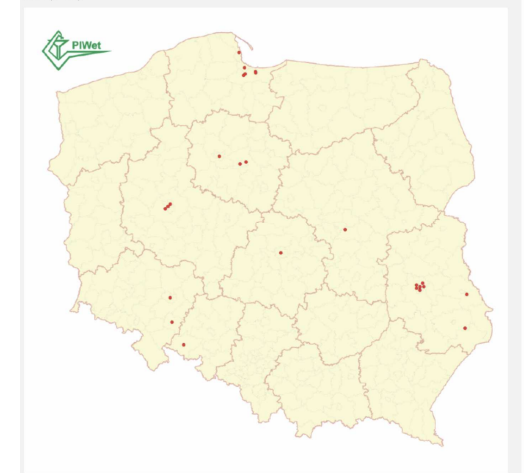
### Alarmující světová data

V Polsku došlo k rozšíření nákazy u koček s fatálním koncem v důsledku těžkého stavu včetně poškození nervové tkáně a mozku. Nemocné kočky byly zachyceny na více lokalitách (viz obrázek) a jediným spojovacím můstkem bylo krmení masem pocházejícím z jednoho obchodního řetězce. Neurologické příznaky typické pro lišky a poškozené ptáky byly tedy signifikantním ukazatelem podezření na onemocnění virem H5N1 u koček. Nákaza u psa prokázaná v Kanadě byla naopak bezpříznaková. U koček byly prokázány některé adaptivní mutace (např. PB2 E527K a K526R) usnadňující infekci savců, včetně dobře známé PB2 E627K, která byla typická pro všechny pandemické viry chřipky. Jako zdroj infekce nelze vyloučit krmivo. Stejně mutace byly zjištěny u uhynulého kuřete ze stejného ohniska jako jedna z koček, nicméně jako potvrzení, že kočky byly nakaženy infikovaným masem toto zjištění nelze považovat.

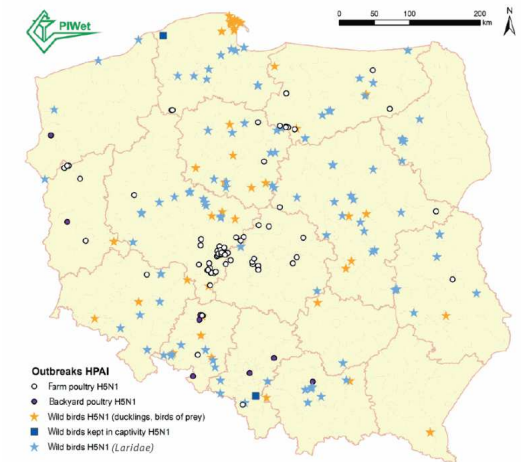
<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300390>

Nákaza u kočky byla rovněž prokázána v Jižní Koreji.

Figure 1. Locations of cats infected with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus, Poland, June–July 2023 (n = 25)



<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300366>





## A/H5N1 – ptačí chřipka v ČR i ve světě 2

Ve Finsku došlo k explozivně se šířící nákaze mezi zvířaty chovanými pro kožešinu, tedy norky, liškami a psíky mývalovitými. Od 12. července do 20. července bylo postiženo 20 kožešinových farem různé velikosti od 600 do 50 000 chovaných zvířat. Celkem se nákaza týkala více než 185 000 zvířat, a to pouze v tomto krátkém období. Sekvenční analýza prokázala, že se jedná o stejný genotyp, jaký se šíří právě u racků a současně, že se jedná o opakovaný vnos infekce do chovů.

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300400>

Na pobřeží jižní Ameriky nadále dochází k úhynům lachtanů a tím i k ohrožení dalších druhů, včetně tučňáků a ohrožených mořských savců. Jenom v červenci uhynulo dalších více než 3 000 ks zvířat, celkový počet činí více než 16 000 lachtanů.

## **Virologie chřipka, SARS-CoV-2 a respirační viry**

- Stále je nízký jak počet vyšetřených vzorků (tedy i pacientů s ARI/ILI obtížemi), tak procento pozitivních detekcí.
- Aktuálně v omezené míře cirkulují viry parainfluenzy a rinovirů.
- NRL nadále přijímá pozitivní vzorky z ambulancí praktických lékařů k vyšetření, přestože oficiálně vyhlášená sezóna surveillance již skončila.
- NRL přijímá ke confirmaci/sekvenaci i další vzorky z nemocničních laboratoří.

## **Ptačí chřipka A/H5N1**

- V ČR aktuálně cirkuluje genotyp BB linie 2.3.4.4.b viru H5N1. Tento genotyp je výsledkem reassortmentu nízké patogenního viru chřipky A/H13Nx typického pro racky a je aktuálně rozšířený po celé Evropě. Je zřejmé, že kromě významného ekologického dopadu se zvyšuje riziko vytvoření se pandemického viru chřipky. Vzhledem k tomu, že se virus vyskytuje v životním prostředí, dochází k úhynům nejen drůbeže, ale i volně žijících ptáků a drobných šelem, případně i dalších savců.
- V této souvislosti je třeba nedotýkat se uhynulých ptáků a neumožnit psům a kočkám bližší kontakt s kadávery. Hromadný úhyn ptáků, nález uhynulých masožravých savců vyskytujících se v blízkosti takového ohniska se hlásí na Státní veterinární správu (dispečink SVS), případně městskou policii. Nálezy je třeba zaslat na virologické vyšetření do SVU Praha, Jihlava, Olomouc.
- V případě onemocněné doma chovaných koček, které mají možnost lovit, je třeba v případě závažného onemocnění respiračního traktu, chřadnutí, neurologických symptomů, konzultovat s ošetřujícím veterinářem možnost virologického vyšetření.