



Zpráva NRL ke dni 23. 10. 2023

SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě
NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

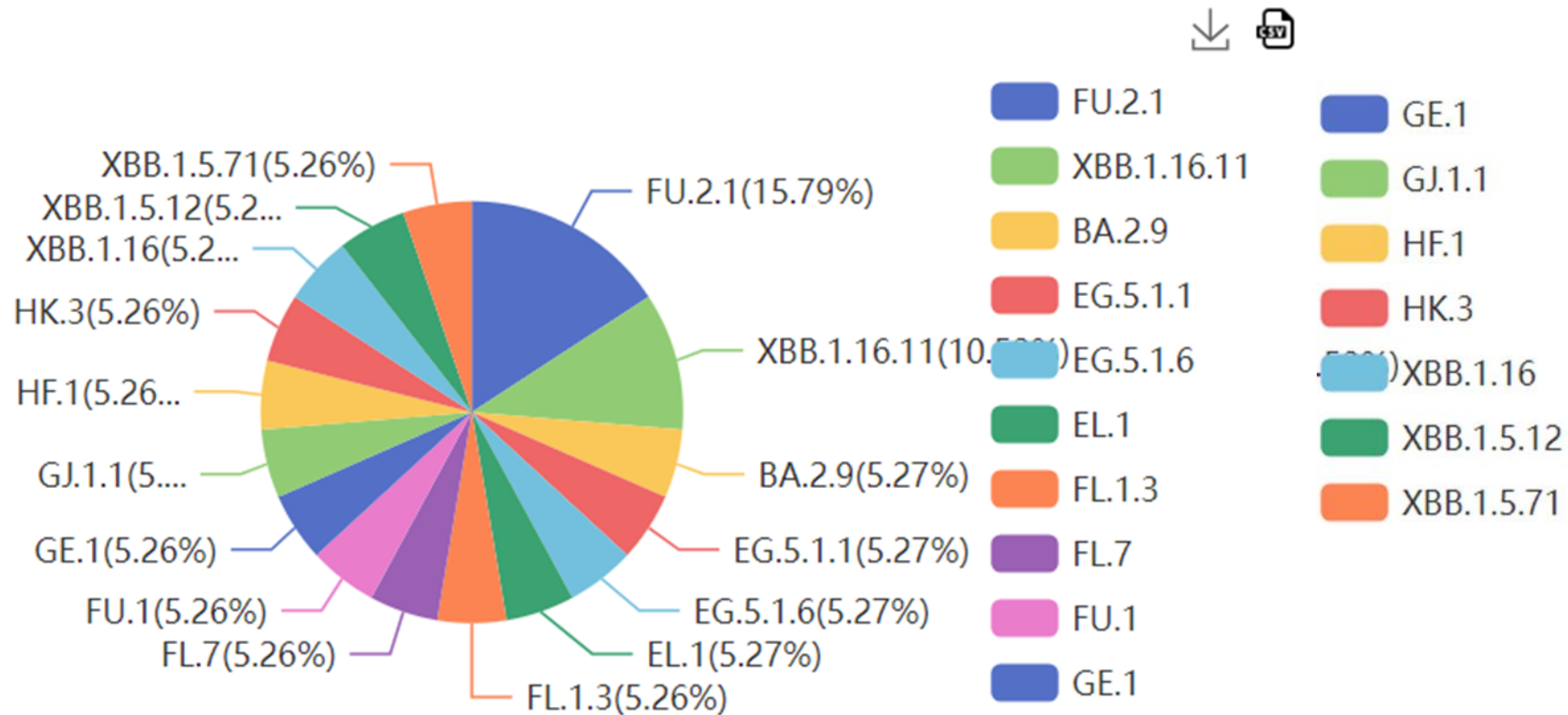
Obsah:

SARS-CoV-2 ČR PCR a molekulární data	Strana 2
SARS-CoV-2 EU/EEA data, aktuální situace	Strana 3 - 8
ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR,	Strana 9
Závěr	Strana 10
Pozvánka na jednodenní konferenci	Strana 11

Přehled provedených testů za měsíc říjen je uveden v tabulce 1 (zdroj ÚZIS), vzhledem k malému počtu vyšetření nelze vyhodnotit diskriminační PCR, vyšetřované mutace neumožňují bližší identifikaci nových variant.

Tabulka 1 : Přehled provedených PCR od 03.10. do 22.10. 2023 (ÚZIS)

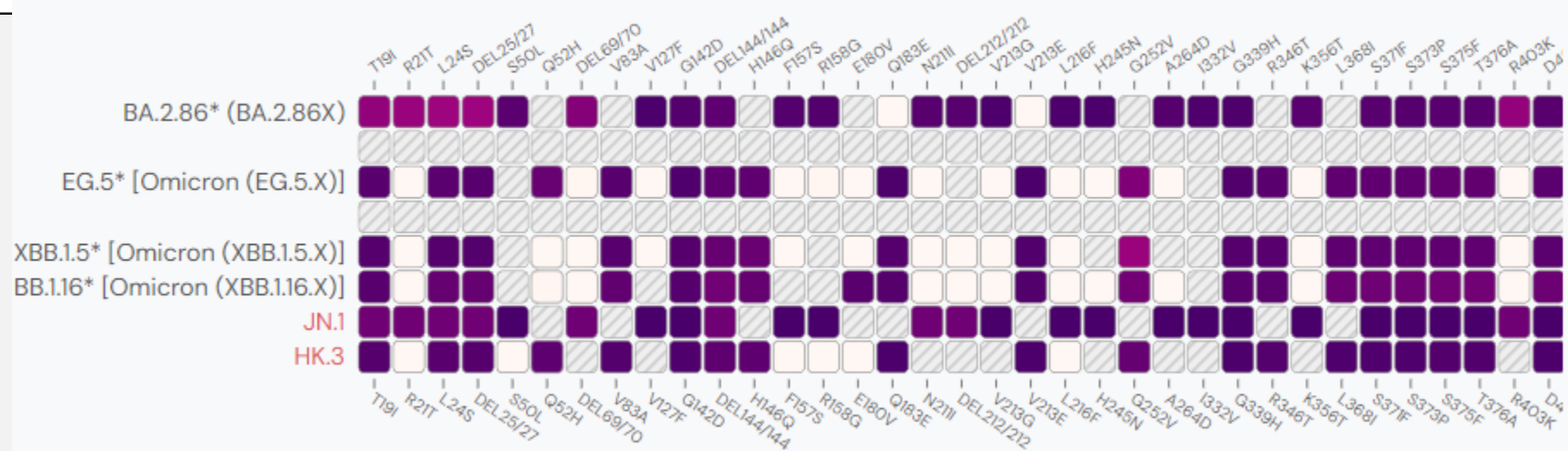
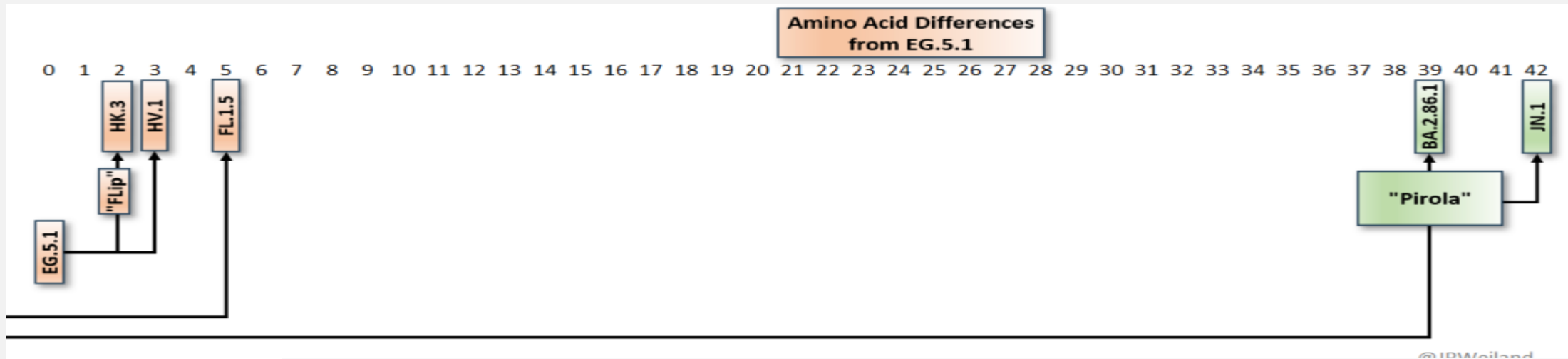
Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
5495	4432	1176	7



V současnosti lze pozorovat velmi pestré zastoupení sekvenovaných variant, přičemž vzhledem k malému počtu zaslaných a osekvenovaných vzorků nelze hovořit o dominanci. Většina detekovaných subvariant je odvozena od XBB.1.5.

SARS-CoV-2: aktuálně sledované varianty EG.5.1 a BA.2.86

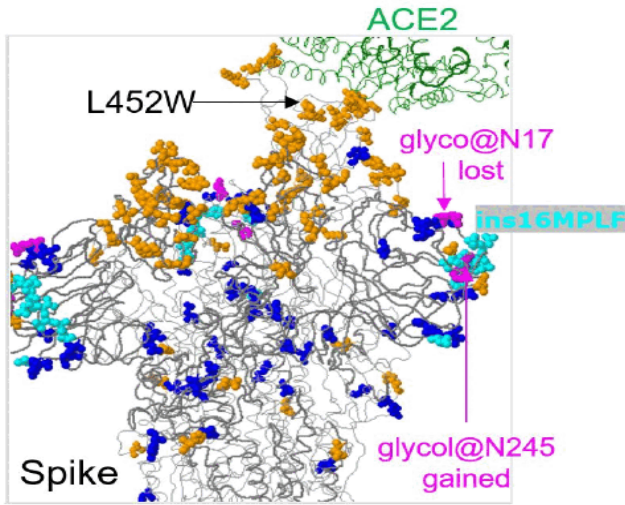
WHO/ECDC nezměnila seznam VOC, VOI a VUM. Ve světě jsou nyní sledované varianty, jejichž ancestory jsou EG.5.1 a BA.2.86, počty aminokyselinových substitucí a evoluční vzdálenost je graficky znázorněna níže.



Emerging variant analysis 2023-10-17

EpiCoV™ Update

New VUM BA.2.86 with unusual number of spike substitutions

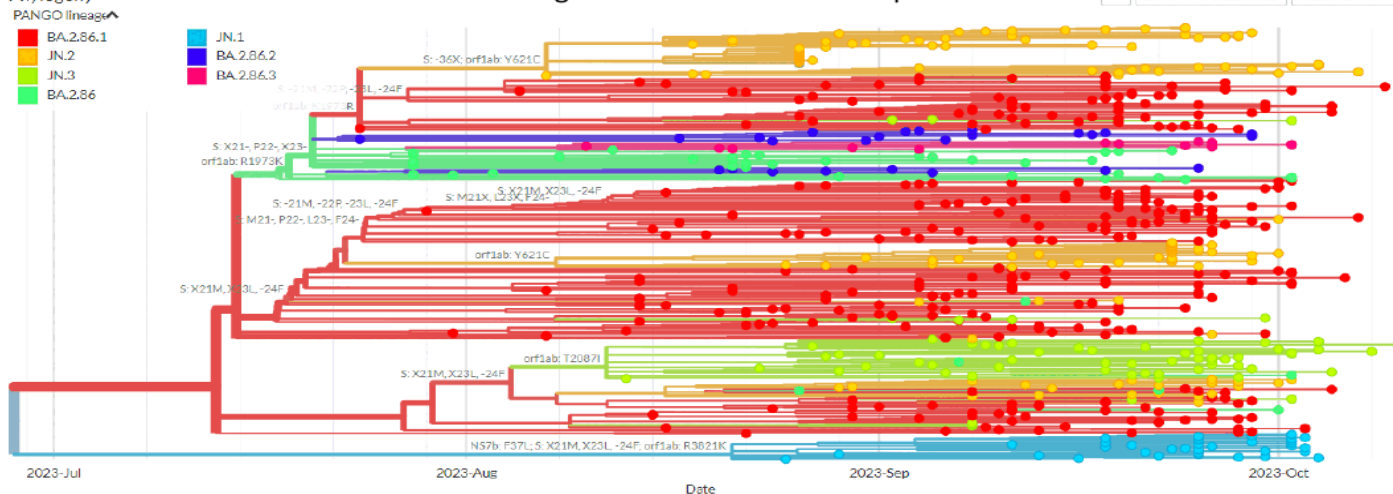


BA.2.86 obsahuje 59 mutací pouze ve spike genu v porovnání s původním kmenem z Wuhanu a 43 mutací v celém genomu a více než 30 substitucí v genu pro spike v porovnání s variantou EG.5.1, přičemž 4 mutace představují inserce v N-terminální oblasti (ins16MLFP, znázorněno tyrkysovou barvou na obrázku vlevo), některé z mutací jsou známy z předchozích variant a zasahují vazebnou oblast na ACE2 receptor (E484K), některé jsou naopak nové L452W oproti L452K), navíc v důsledku mutace N17 ztrácí BA.2.86 jedno glykosylační místo, a jedno glykosylační místo (N245) získává.

Phylogeny
PANGO lineage

- BA.2.86.1
- JN.2
- JN.3
- BA.2.86

Genetic divergence tree of BA.2.86* sequences

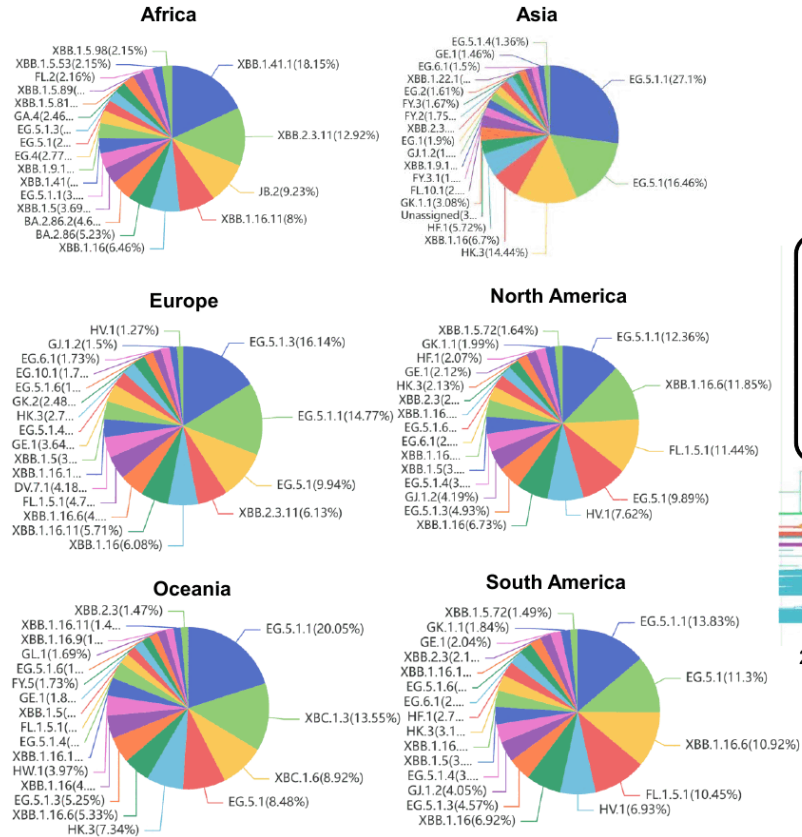


by BII/GIS, A*STAR Singapore



SARS-CoV-2: Globální data k 20. 10. 2023

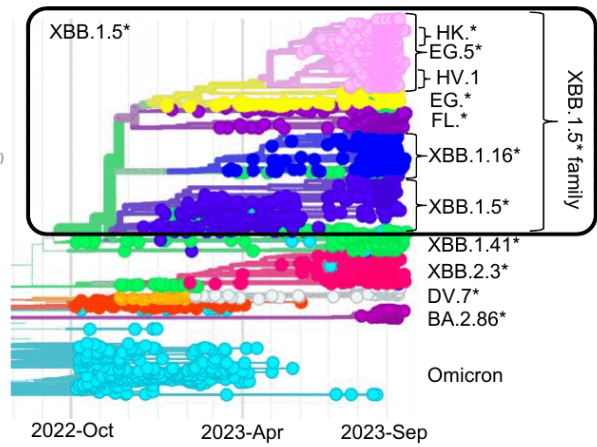
EpiCoV™ Update



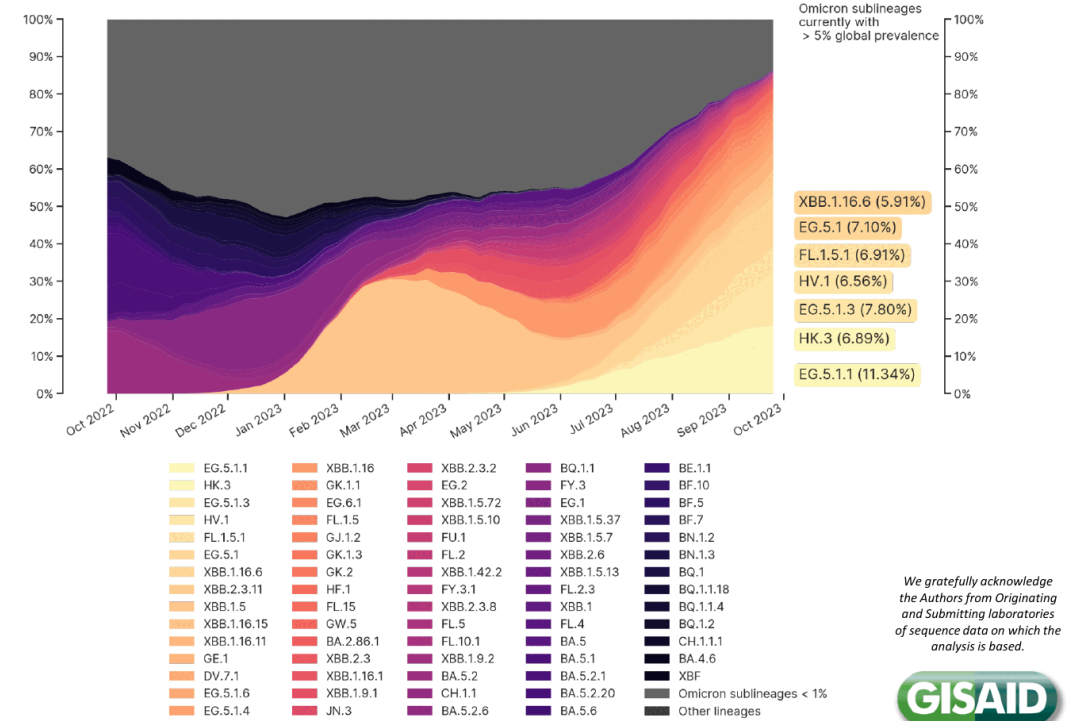
Lineage distribution Aug – Oct 2023 (by collection date)

The XBB.1.5* family tree 2023-10-17

Recently approved updated vaccines use XBB.1.5 strains as basis. The majority of current strains in circulation globally continue to belong to the broader XBB.1.5* family.



Timecourse of Omicron variant sublineage distribution 2023-10-17



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.



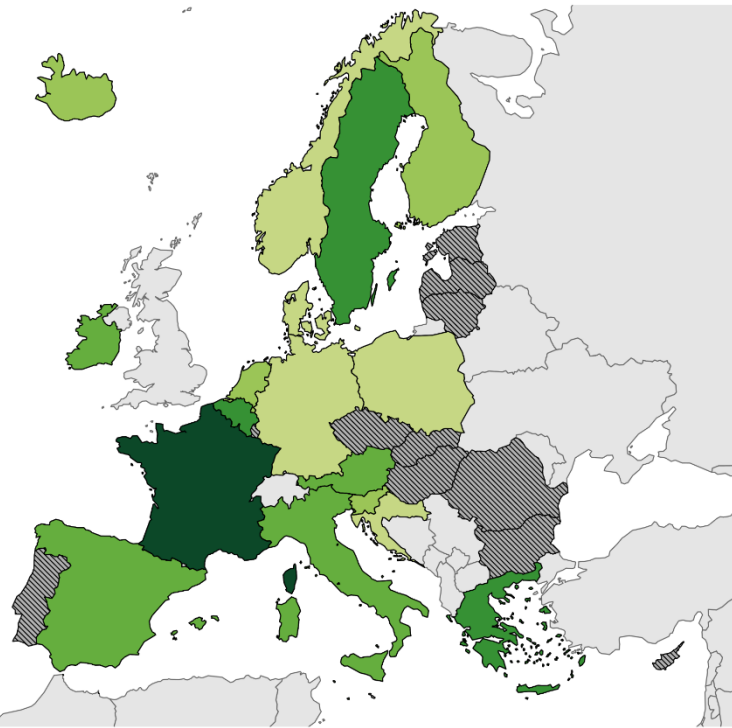
Ačkoli je aktuální situace související s evolucí SARS-CoV-2 poměrně pestrá a cirkuluje velké množství variant, naprostá většina je odvozena od XBB.1.5. Aktuální bivalentní vakcína obsahuje právě XBB.1.5. Zatím není jasné, do jaké míry se uplatní varianty odvozené od BA.2.86, tedy JN.1 až JN.3, které jsou nyní příčinou ohnisek onemocnění v některých zemích (např. Francie a Spojené Království - JN.1, Kanada a Švédsko - JN.2, Španělsko, Spojené Království a USA – JN.3).

SARS-CoV-2: Evropa – počty sekvencí, data k 20. 10. 2023



Volume of sequencing or genotyping sufficient to estimate variants circulating during weeks 2023-w39 to 2023-w40 at:

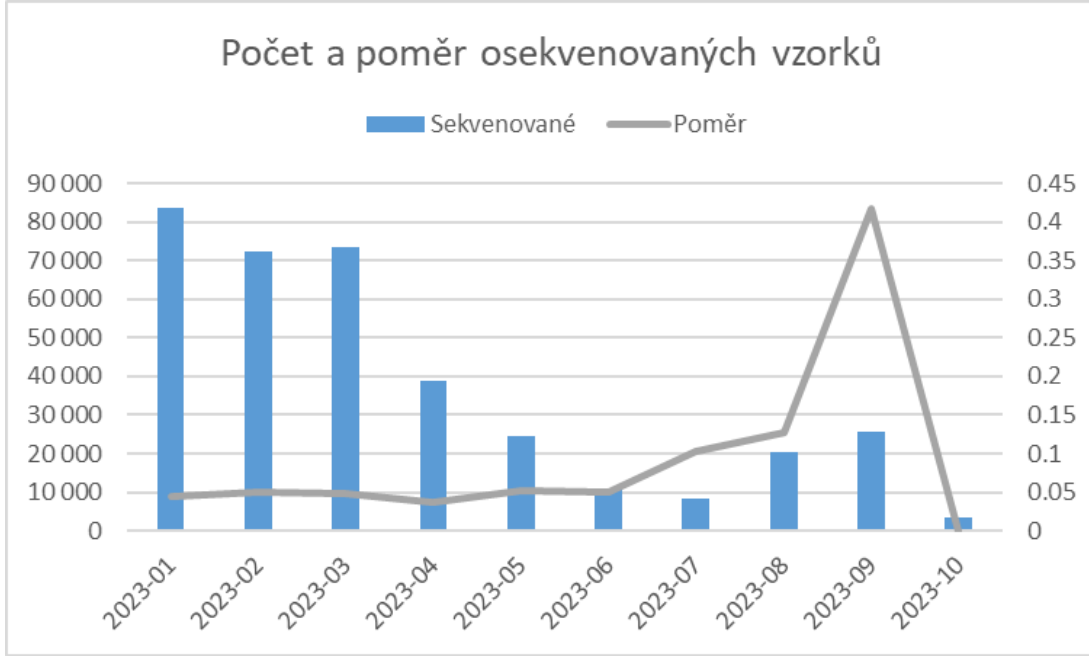
- ≤1% prevalence
- 1% to <2.5% prevalence
- 2.5% to <5% prevalence
- 5% to <10% prevalence
- 10% to <15% prevalence
- ≥15% prevalence
- No data reported
- Not included



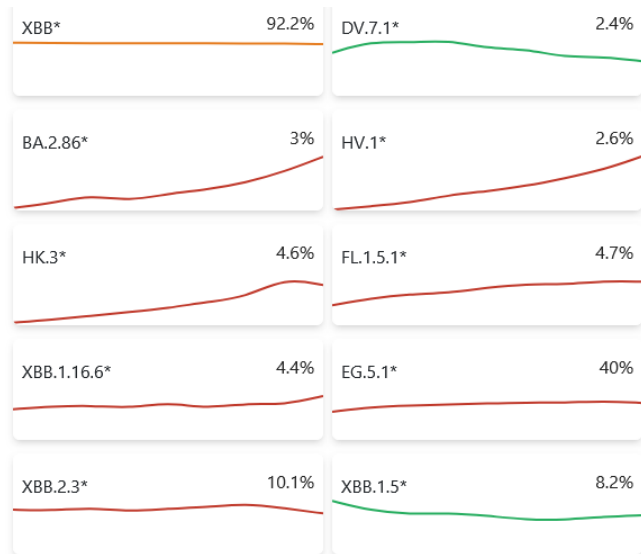
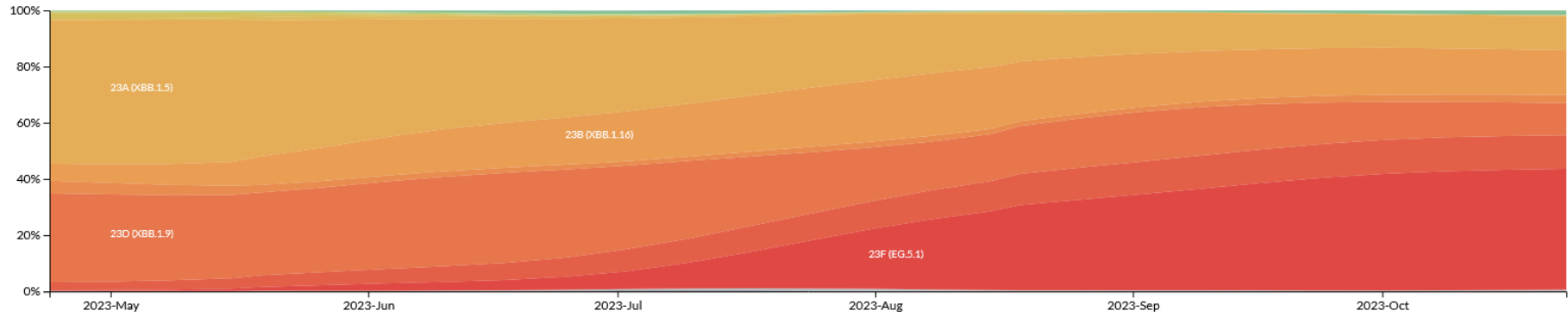
Countries not visible in the main map extent

- Malta
- Liechtenstein

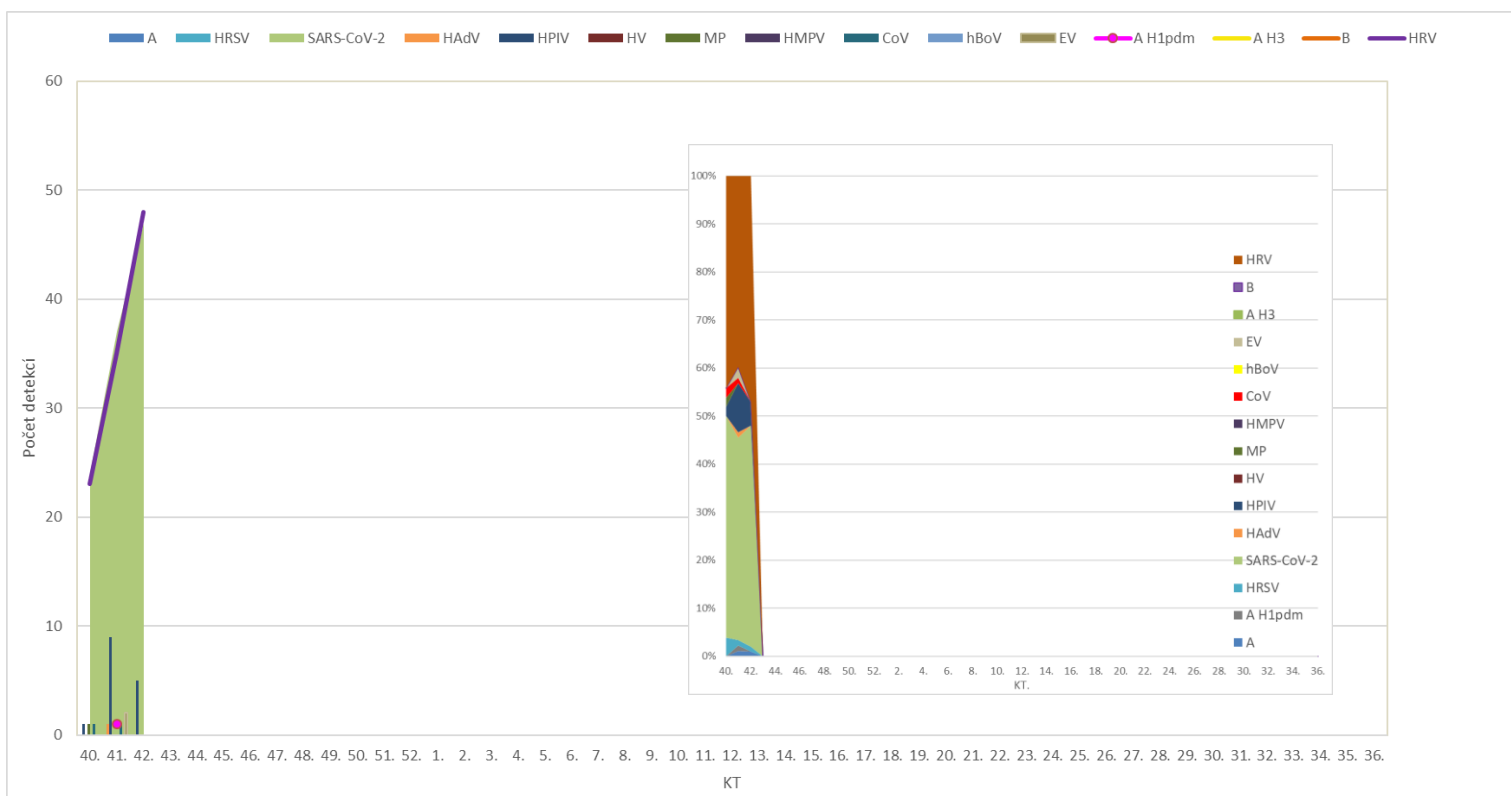
Source: GISAID EpiCoV™ and ECDC TESSy data. Administration boundaries: © Eurographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 20 October 2023



Frequencies (colored by Clade)



- Míra respiračních onemocnění v komunitě byla ve většině zemí EU/EHP na očekávané úrovni pro toto roční období a byla částečně způsobena přenosem SARS-CoV-2. I nadále byl hlášen nárůst počtu případů, zejména u starších věkových skupin. To se v některých zemích EU/EHP promítlo do trvalého nárůstu hospitalizací a úmrtí na JIP.
- Míra konzultací pacientů přicházejících k sentinelovému praktickému lékaři s respiračním onemocněním zůstává na podobné úrovni jako ve stejném období loňského roku. V posledních dvou týdnech osm zemí hlásilo průměrnou sentinelovou týdenní pozitivitu SARS-CoV-2 mezi 9 % a 15 %.
- Nárůst počtu detekcí SARS-CoV-2 shromážděných na úrovni EU/EHP dosáhl vrcholu, ačkoli polovina z 18 zemí, které uvádějí údaje o věku, nadále pozoruje nárůst ve srovnání s předchozím týdnem u lidí ve věku 65 let a více.
- Přestože úrovně zůstávají relativně nízké, 5 ze 13 zemí zaznamenalo zvýšení úmrtnosti po dobu až šesti týdnů u osob ve věku 65 let a více.
- Odhadovaná distribuce sledovaných variant (VOC nebo VOI) byla:
 - XBB.1.5+F456L 66 % (59–72 %)
 - XBB.1.5 28 % (20–34 %)
 - BA.2.75 2 % (1–3 %)



Kalendářní týden (KT)		40.	41.	42.
Detekce viru	A		1	1
	A H ₁ pdm		1	
	A H ₃			
	B			1
	HRSV	2	1	1
	HAdV		1	
	HPIV	1	9	9
	HV			
	MP	1		
	HMPV			
	CoV	1	1	
	HRV	23	35	72
	hBoV			
	EV		2	
	SARS-CoV-2	24	37	47
	SM	12	11	9
	negativní	282	372	448
Celkový počet vyšetření:		346	471	588

Virologická non sentinelová surveillance: Počet vyšetření se v porovnání s předchozími týdny zvýšil. Majoritně jsou detekovány rhinoviry a SARS-CoV-2.

Poznámka: rozdíl v počtu vyšetřených vzorků v 41. KT z hlášení k 16. 10. a k 23. 10. 2023 je dán dodatečným dohlášením výsledků z laboratoří.

Virologie chřipka, SARS-CoV-2 a respirační viry

- Počet vzorků zaslaných do NRL se v souvislosti s vyhlášením surveillance zvýšil, děkujeme všem zasílajícím KHS za zajištění odběrů od spolupracujících PL a PLDD a organizaci svozu do NRL.
- K nejčastěji detekovaným patogenům patří rhinoviry a SARS-CoV-2. Nemocnost odpovídá předchozím rokům (2021 a 2022).
- NRL přijímá ke confirmaci/sekvenaci vzorky z nemocničních laboratoří (SARS-CoV-2, chřipka A/B, RSV A/B), **prosíme o zaslání vzorků od pacientů hospitalizovaných pro diagnózu chřipku o zaslání vzorků pozitivních na chřipku typu A k subtypizaci.**
- SARS-CoV-2: ve světě se aktuálně se šíří varianty odvozené od XBB.1.5, a to především varianty odvozené od EG.5.1 (HK.3 – FLIP, HV.1 a FL.1.5) a dále varianty odvozené od BA.2.86 – JN.1 až JN.3, které vyvolávají lokální ohniska onemocnění v některých zemích.
- V ČR nelze o dominanci konkrétní subvarianty omikronu hovořit, ale detekujeme varianty odvozené od XBB.1.5, především od sledované varianty EG.5.1. Prosíme laboratoře o zaslání SARS-CoV-2 pozitivních vzorků k sekvenaci, u těchto vzorků včetně elektronické žádanky.

- Dne 1. 11. 2023 pořádá Oddělení respiračních, střevních a exantematických virových nákaz ve spolupráci s Oddělením epidemiologie infekčních nemocí ve velké posluchárně SZÚ Jednodenní konferenci - konzultační den, přihlásit se můžete na webu SZÚ:
 - <https://szu.cz/udalost/jednodenni-odborna-konference-zamerena-na-virologickou-epidemiologickou-i-klinickou-problematiku-akutnich-respiracnich-a-exantematickych-infekci-strevnich-nakaz-a-infekci-zpusobenych-herpetickymi-vi/>