



Zpráva NRL ke dni 30. 10. 2023

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

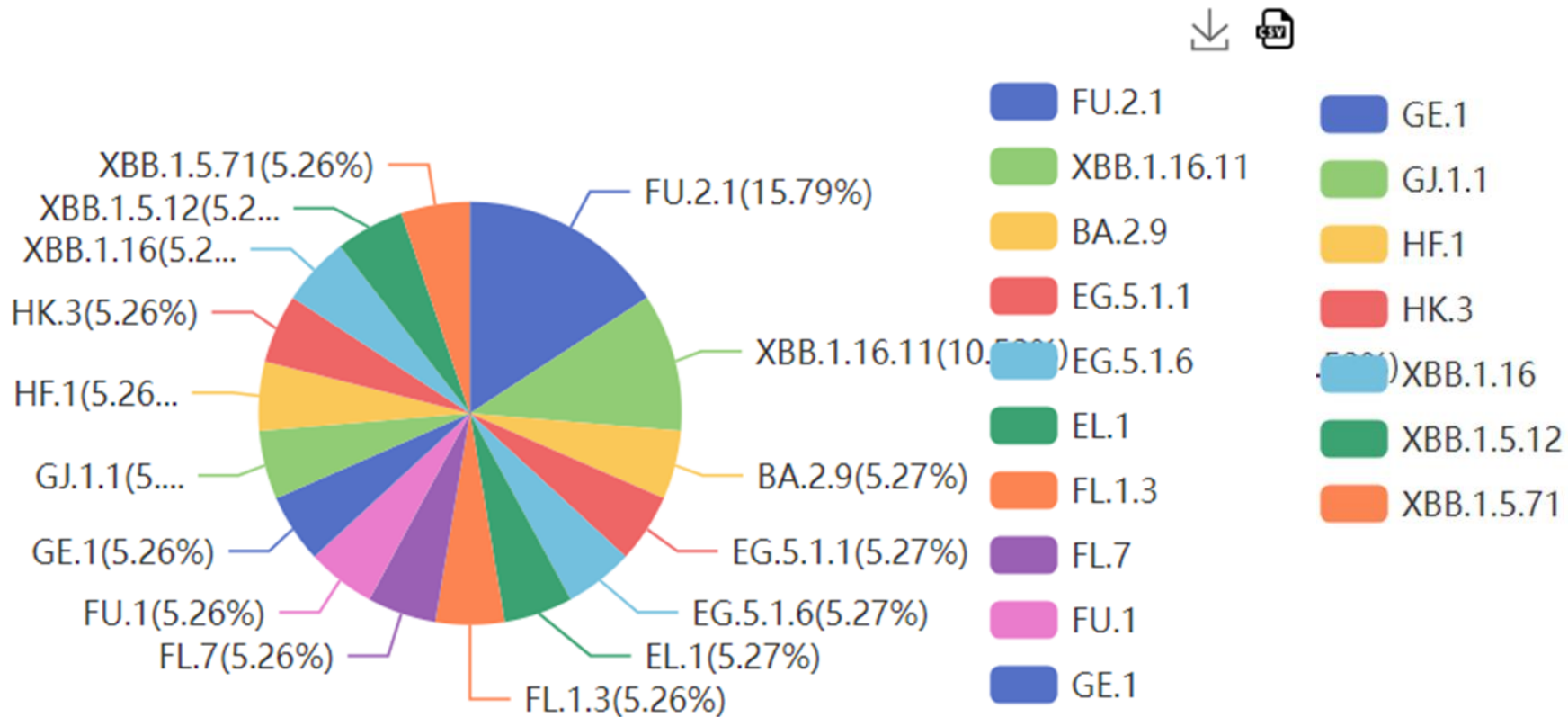
Obsah:

SARS-CoV-2 ČR PCR a molekulární data	Strana 2 - 4
SARS-CoV-2 EU/EEA data, aktuální situace	Strana 5 - 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 10.10. do 29.10. 2023 (ÚZIS)

Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
5715	4577	1308	5



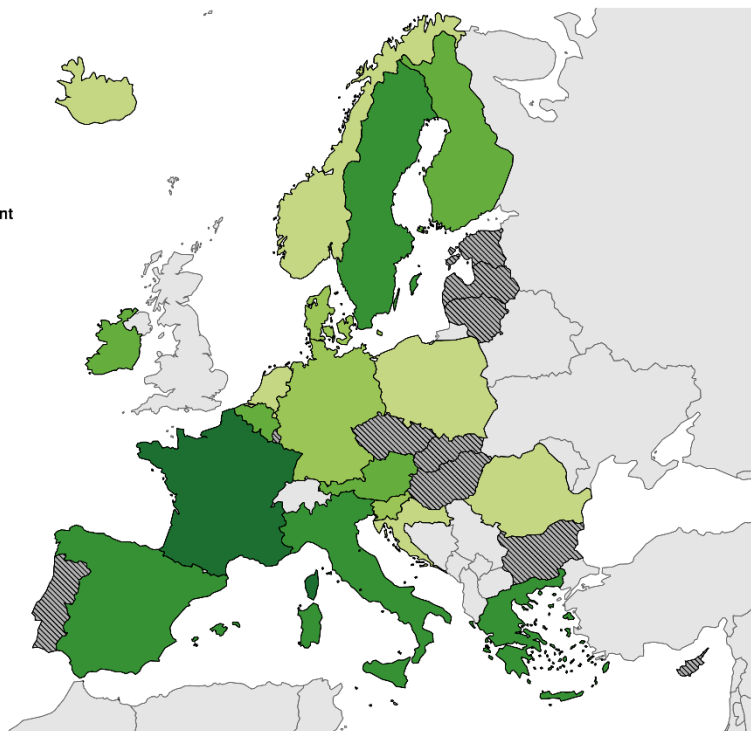
V současnosti lze pozorovat velmi pestré zastoupení sekvenovaných variant, přičemž vzhledem k malému počtu zaslaných a sekvenovaných vzorků nelze hovořit o dominanci. Většina detekovaných subvariant je odvozena od XBB.1.5, od minulého týdne nevidujeme změny.

SARS-CoV-2: Evropa – počty sekvencí, data k 26. 10. 2023



Volume of sequencing or genotyping sufficient to estimate variants circulating during weeks 2023-w40 to 2023-w41 at:

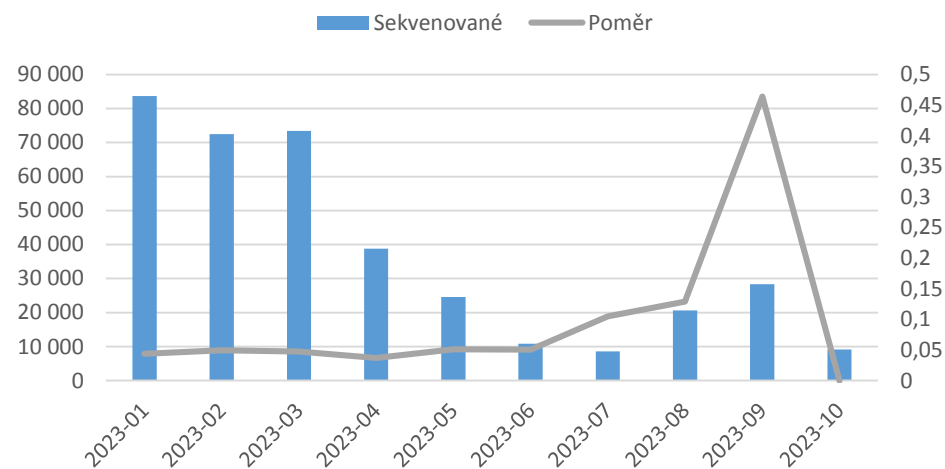
- ≤1% prevalence
- 1% to <2.5% prevalence
- 2.5% to <5% prevalence
- 5% to <10% prevalence
- 10% to <15% prevalence
- ≥15% prevalence
- No data reported
- Not included



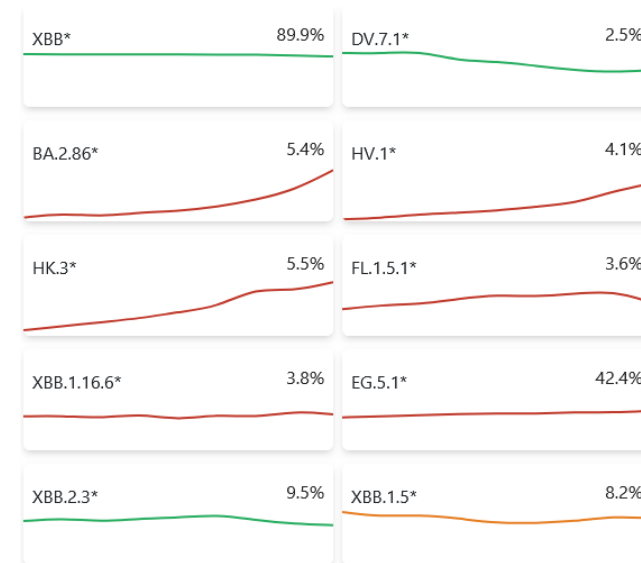
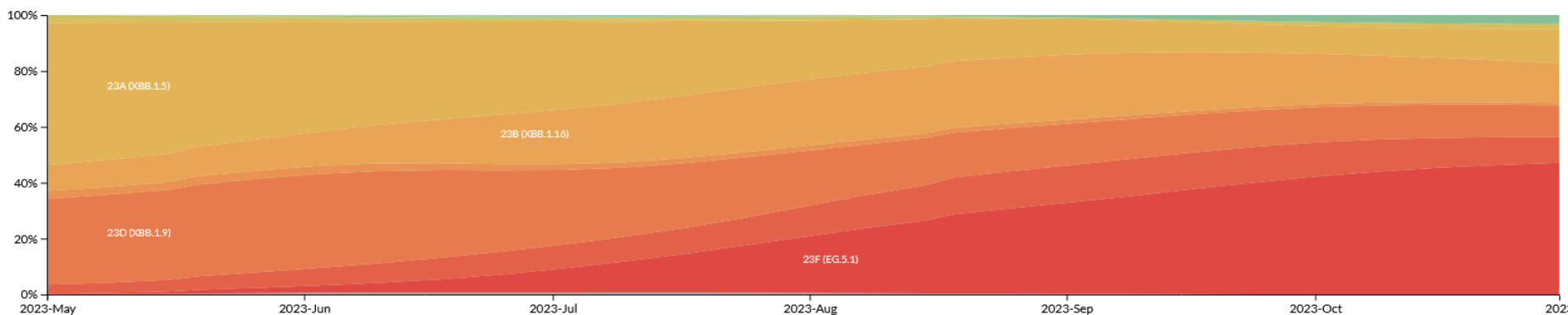
- Countries not visible in the main map extent
- Malta
 - Liechtenstein

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 26 October 2023

Počet a poměr osekvenovaných vzorků



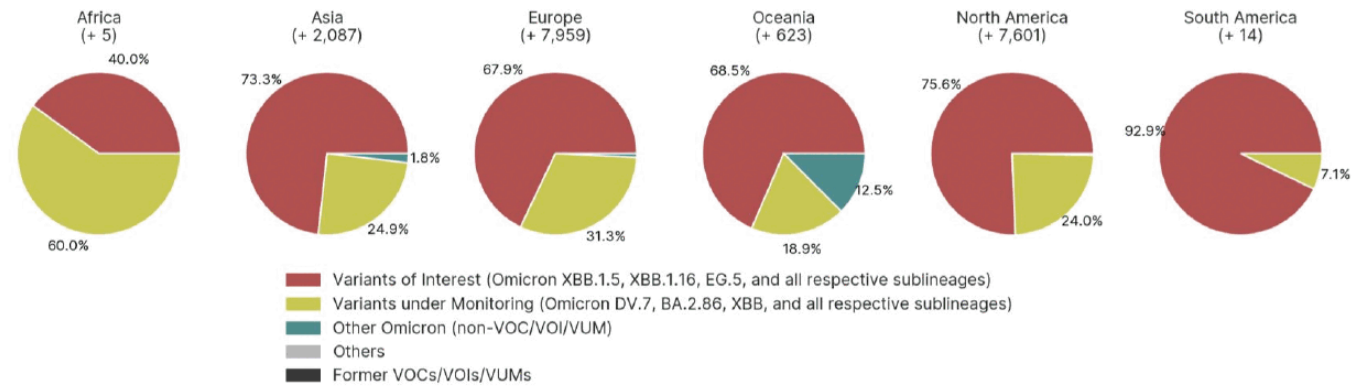
Frequencies (colored by Clade)



V klasifikaci variant (VOC/VPI/VUM) SARS-CoV-2 nebyly provedeny žádné změny.

- XBB.1.5-like+F456L jsou v současnosti dominující v EU/EEA.
- Varianty XBB.1.5-like+L455F+F456L, včetně linií HK.3 a GK.x vykazují rostoucí trendy s průměrným podílem 19 % v EU/EEA zemích
- BA.2.86 cirkuluje v zemích EU/EEA na nízké úrovni. V posledních dvou týdnech byl pozorován mírný nárůst sekvencí JN.1 (sublinie BA.2.86 obsahující ve spike L455S)
- Situace není shodná ve všech WHO regionech, viz obrázky vpravo.

Regional distribution of variants in sequences collected from 2023-09-26 to 2023-10-24



Change in proportions of variants compared to the four weeks before 2023-09-26



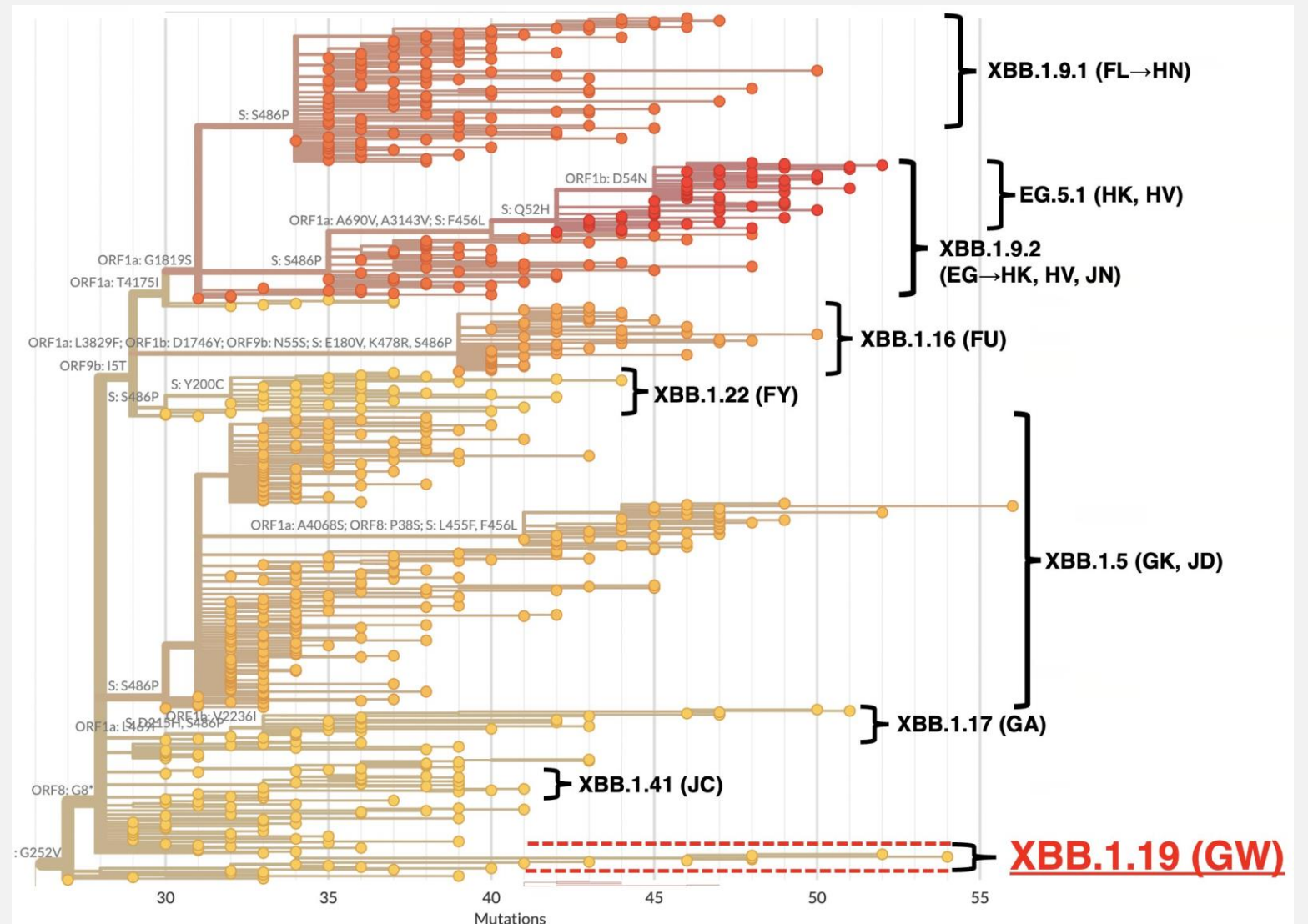
We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



by BII/GIS, A*STAR Singapore

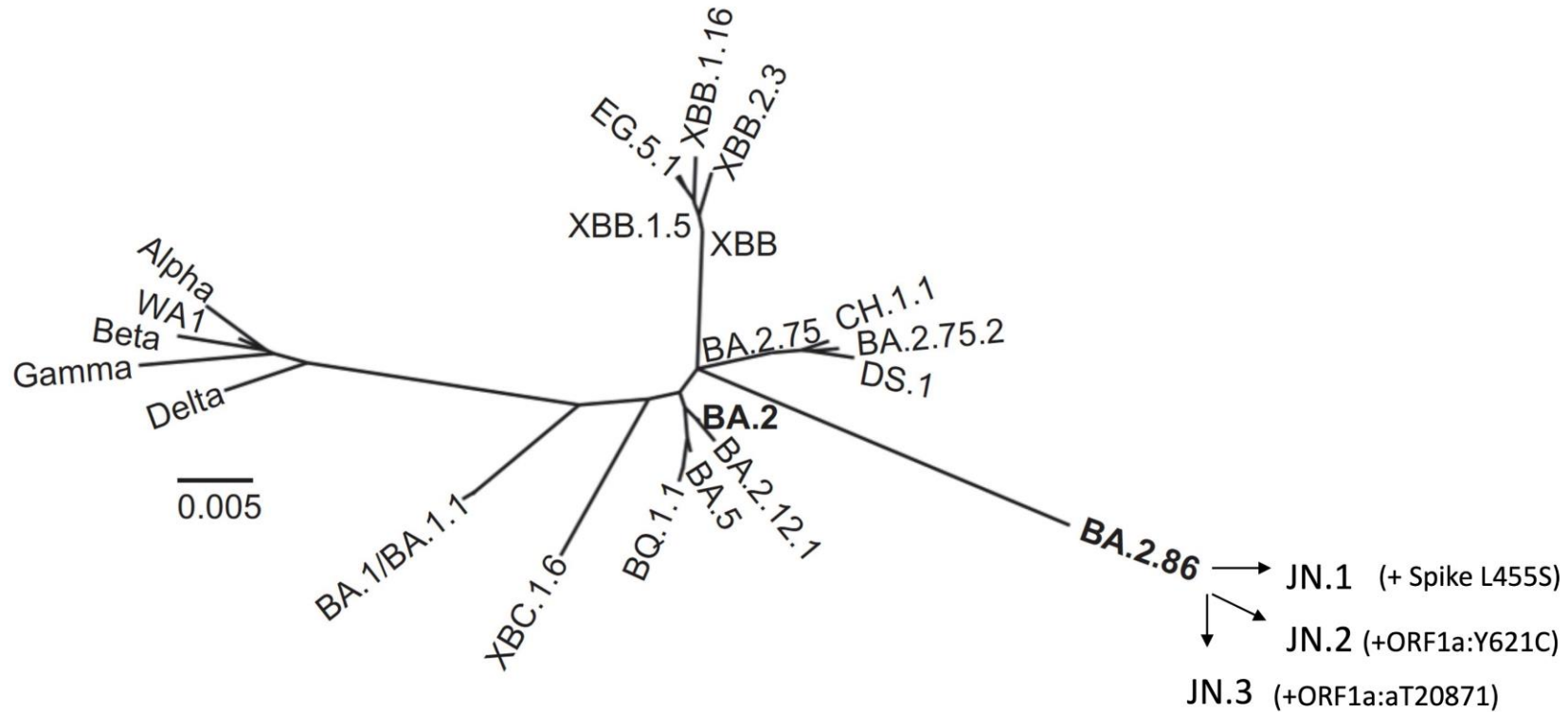
See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

V poslední době je pro nově se objevující varianty SARS-CoV-2 charakteristická částečná či úplná delece některých genů kódujících nestrukturální proteiny, a to ORF7a, ORF7b, ORF8. Jedná se především o linie GW.5.1.1, XBB.1.19 + FLip lineage, která nese jako bonus v ORF9b/N TRS (transkripční regulační sekvence). Výše uvedené delece nemají u transgenních myší (hAC2+) vliv na replikaci a patogenitu. TRS doména v ORF 9b byla pozorována i v laboratorních experimentech se SARS-CoV (2003) DOI: <https://doi.org/10.1128/jvi.00402-21>. ORF8 delece/knock out byla pozorována u více linií, a byla zjištěna pozitivní selekce takto deletovaných variant (<https://doi.org/10.1101/2023.09.21.23295927>).

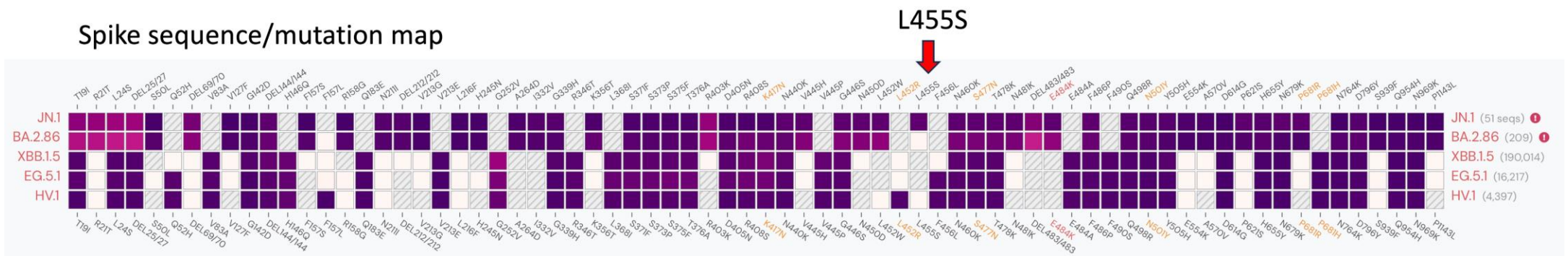




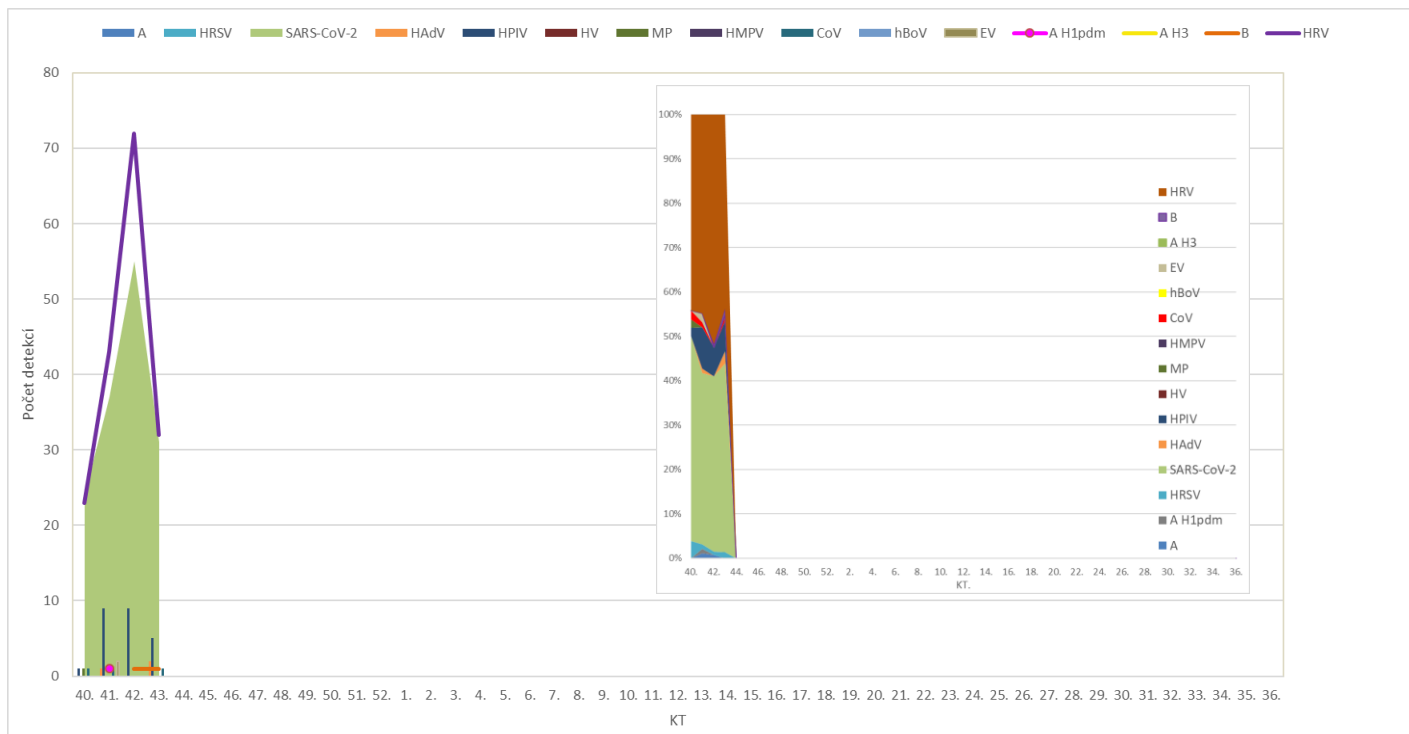
SARS-CoV-2: zjednodušený fylogenetický strom



Spike sequence/mutation map



- Do konce 42. týdne (končícího 22. října 2023) byla míra respiračních onemocnění ARI/ILI na očekávané úrovni pro toto roční období ve většině zemí EU/EEA. Na onemocnění se nejvíce podílí SARS-CoV-2, stále je hlášen nárůst počtu případů zejména u starších věkových skupin. To se v některých zemích EU/EEA promítlo do trvalého nárůstu hospitalizací na JIP a úmrtí ve zdravotnických zařízeních. Přestože trend hospitalizací je ve většině zemí rostoucí, celkově je v nemocniční péči méně pacientů než v loňském roce stejně tak je evidováno i méně úmrtí v absolutním počtu.
- Počty případů v sentinel surveillance odpovídají loňské sezóně. Průměrná pozitivita SARS-CoV-2 činí 14 % (medián hodnot země: 14 %; IQR: 12 %–23 %). Některé země jsou již pravděpodobně na sestupné epidemické křivce v souvislosti s pozitivitou SARS-CoV-2, některé země naopak vzestup hlásí až v tomto týdnu, nejpostiženější věkovou skupinou jsou pacienti nad 65 let věku.
- Aktivita chřipky je na velmi nízké úrovni, jsou hlášeny jen sporadické detekce.



Kalendářní týden (KT)		40.	41.	42.	43.
Detekce viru	A		1	1	
	A H ₁ pdm		1		
	A H ₃				
	B			1	1
	HRSV	2	1	1	1
	HAdV		1		2
	HPIV	1	9	9	5
	HV				
	MP	1			
	HMPV				
	CoV	1	1		1
	HRV	23	43	72	32
	hBoV				
	EV		2		
	SARS-CoV-2	24	37	55	31
	SM	12	11	9	10
	negativní	282	364	440	327
Celkový počet vyšetření:		346	471	588	410

Virologická non sentinel surveillance: Počet vyšetření je nižší oproti předchozímu týdnu vzhledem k tomu, že počty vyšetření nezaslaly všechny hlásící laboratoře, data budou doplněna co nejdříve. Nelze tedy z grafu odvodit, že evidujeme pokles detekcí respiračních virů. Přesto je jasně patrná dominance rhinovirů a SARS-CoV-2. Majoritně jsou detekovány rhinoviry a SARS-CoV-2, rovněž se uplatňují parainfluenza viry.

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 stejně jako v předchozím KT. Rovněž se uplatňují parainfluenza viry.
- NRL přijímá ke confirmaci/sekvenaci vzorky z nemocničních laboratoří (SARS-CoV-2, chřipka A/B, RSV A/B), **prosíme o zasílání 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. Rozšíření jednotlivých variant a jejich podíl není v rámci WHO regionů rovnoměrný, ve všech regionech vyjma Afriky, převažují varianty odvozené od XBB.1.x. Na Africkém kontinentu výrazněji převládá BA.2.86 (viz strana 4).
- 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 zasílání SARS-CoV-2 pozitivních vzorků k sekvenaci, u těchto vzorků včetně elektronické žádanky.
- **Prosíme o zasílání SARS-CoV2 pozitivních vzorků a influenza pozitivních vzorků k sekvenaci.**

- 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/>