



Zpráva NRL ke dni 06. 11. 2023

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

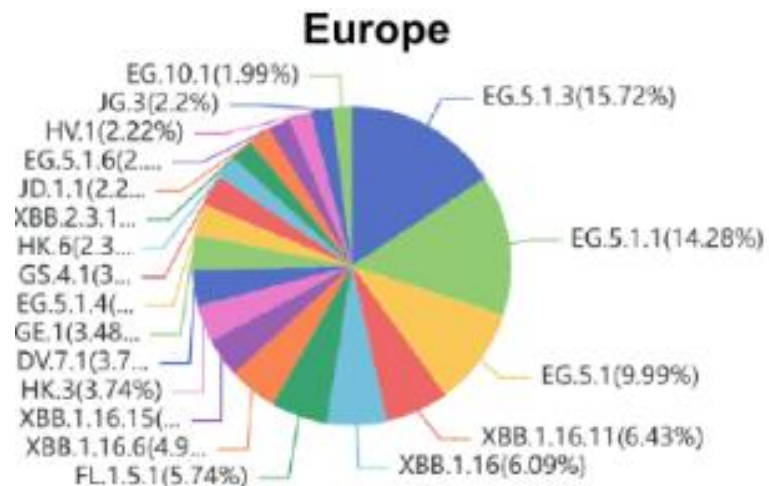
Obsah:

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

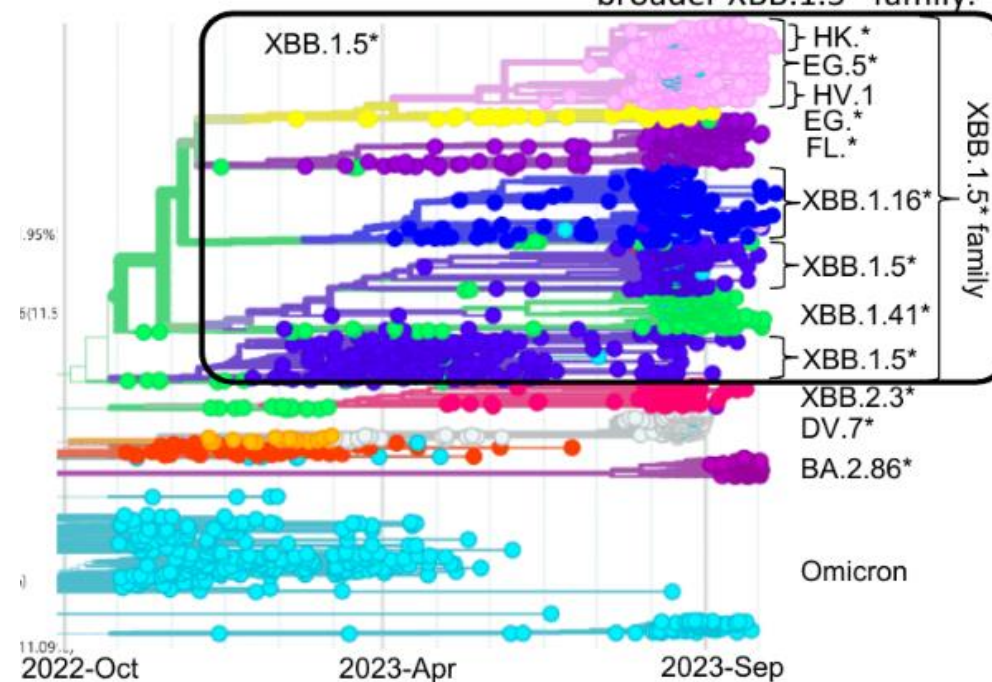
Přehled provedených testů za měsíc říjen je uveden v tabulce 1 (zdroj ÚZIS), vzhledem k malému počtu vyšetření nelze vyhodnotit diskriminační PCR, vyšetřované mutace neumožňují bližší identifikaci nových variant.

Tabulka 1 : Přehled provedených PCR od 17.10. do 05.11. 2023 (ÚZIS)

Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
6021	4824	1538	7



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.



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.

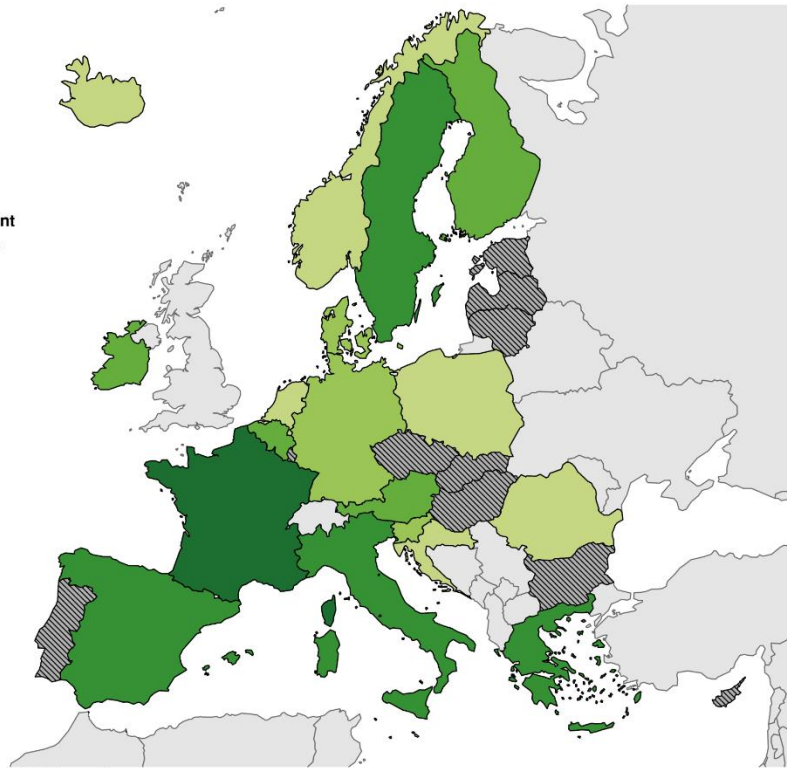
SARS-CoV-2: Evropa – počty sekvencí, data k 26. 10. 2023



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

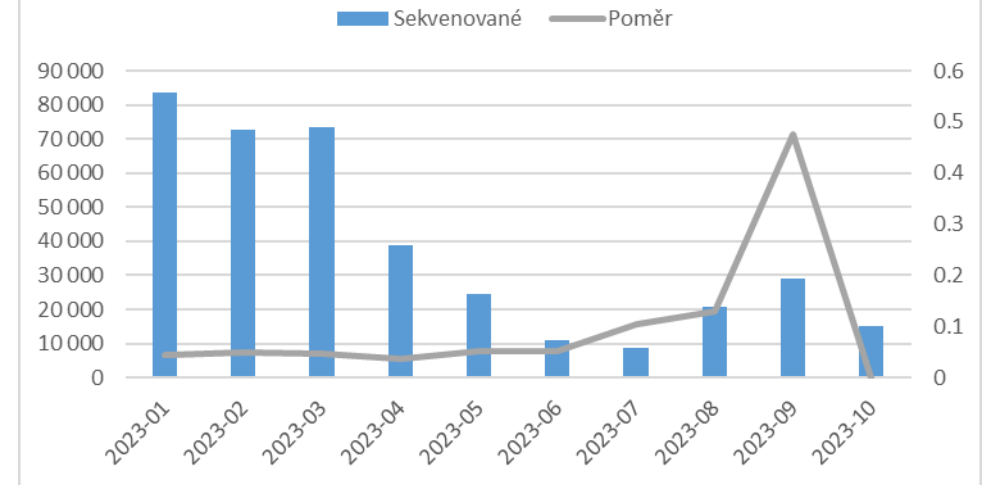
- ≤1% prevalence
- 1% to <2.5% prevalence
- 2.5% to <5% prevalence
- 5% to <10% prevalence
- 10% to <15% prevalence
- ≥15% prevalence
- No data reported
- Not included

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

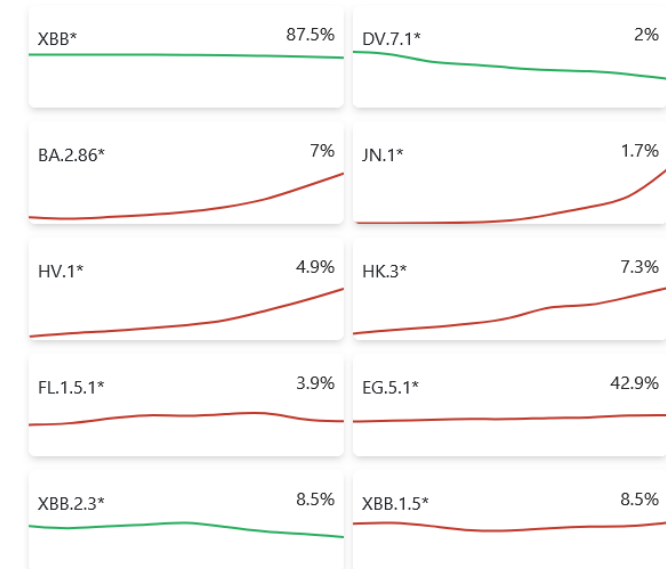
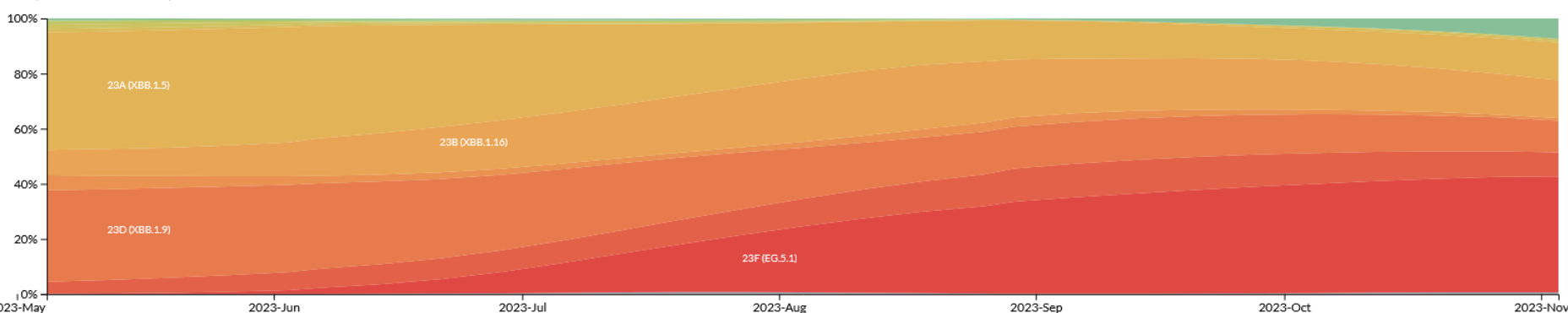


Source: GISAID EpiCoV™ and ECDC TESSy data. Administration boundaries: © Eurographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 26 October 2023

Počet a poměr osekvenovaných vzorků

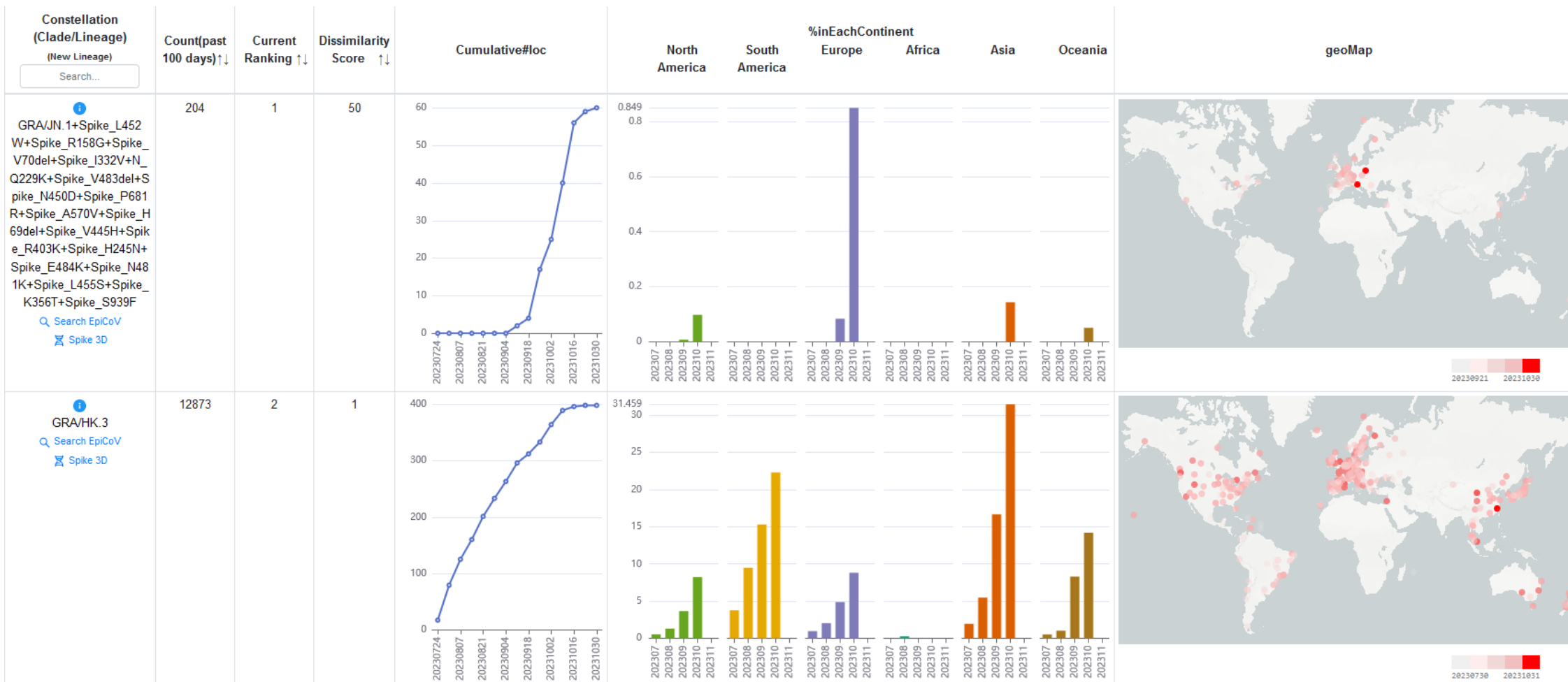


Frequencies (colored by Clade)



SARS-CoV-2: Rozvíjející se varianty – GISAID 30.10.2023

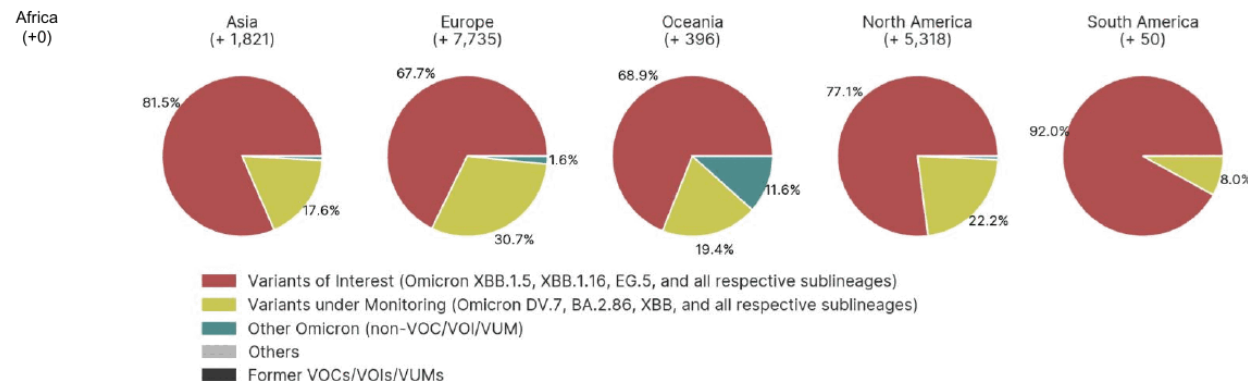
Varianty, které by se mohly stát relevantními v důsledku známek zvýšeného šíření (odhadované změnou počtu lokalit) v kombinaci s potenciálními účinky na vazbu receptoru nebo protilátky.



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.
- 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 obrázek vpravo.

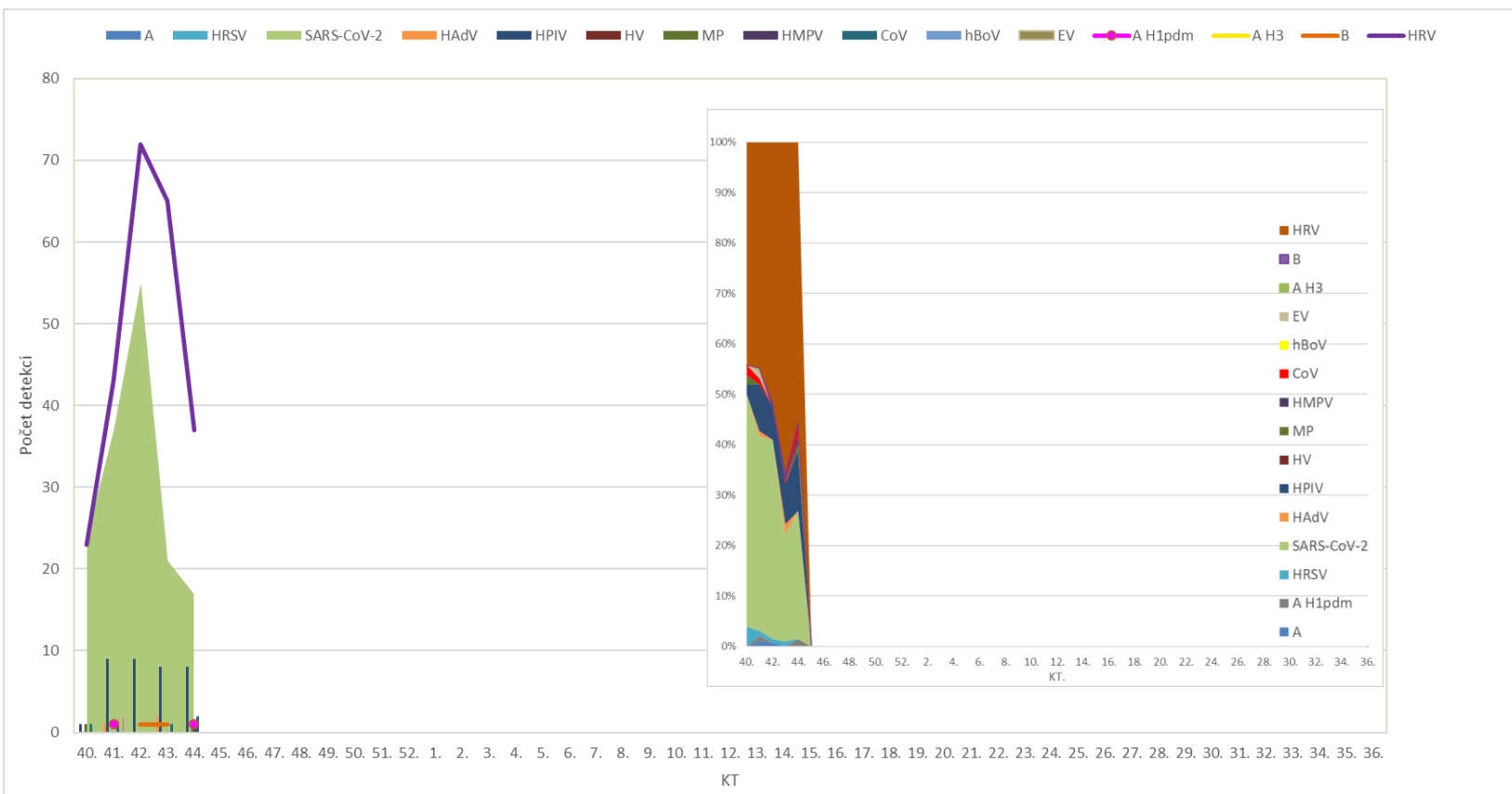
Regional distribution of variants in sequences collected from 2023-10-03 to 2023-10-31



Change in proportions of variants compared to the four weeks before 2023-10-03



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



Kalendářní týden (KT)		42.	43.	44.
Detekce viru	A	1		
	A H ₁ pdm			1
	A H ₃			
	B	1	1	
	HRSV	1	1	
	HAdV		2	
	HPIV	9	8	8
	HV			
	MP			1
	HMPV			1
	CoV		1	2
	HRV	72	65	37
	hBoV			
	EV			
	SARS-CoV-2	55	21	17
	SM	9	11	7
	negativní	440	338	349
Celkový počet vyšetření:		588	448	423

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, z grafu tedy nelze odvodit, zda evidujeme pokles detekcí respiračních virů.

Přesto je jasně patrná dominance rhinovirů a SARS-CoV-2, rovněž se uplatňují viry parainfluenzy, stejně jako v minulém týdnu.

Virologie chřipka, SARS-CoV-2 a respirační viry

- K nejčastěji detekovaným patogenům patří rhinoviry, SARS-CoV-2 a viry parainfluezy stejně jako v předchozím týdnu.
- NRL přijímá ke konfirmaci/sekvenaci vzorky z nemocničních laboratoří (SARS-CoV-2, chřipka A/B, RSV A/B), **prosíme o zaslání vzorků od pacientů hospitalizovaných pro diagnózu chřipku a také 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 6).
- V ČR nelze o dominanci konkrétní subvarianty omikronu hovořit, ale detekujeme varianty odvozené od XBB.1.5, především od sledované varianty EG.5.1.
- Data ARI/ILI pro evropský region zatím nejsou pro 43. KT k dispozici.
- **Prosíme o zaslání SARS-CoV2 pozitivních vzorků (včetně elektronické žádanky) a influenza pozitivních vzorků k sekvenaci.**