



Zpráva NRL ke dni 13. 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

Prosíme o zaslání SARS-CoV-2 (včetně elektronické žádanky) a influenza A/B pozitivních vzorků k sekvenaci.

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 24.10. do 12.11. 2023 (ÚZIS)

Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
6313	5071	1709	6

Prosíme o zasílání SARS-CoV-2 (včetně elektronické žádanky) a influenza A/B pozitivních vzorků k sekvenaci.

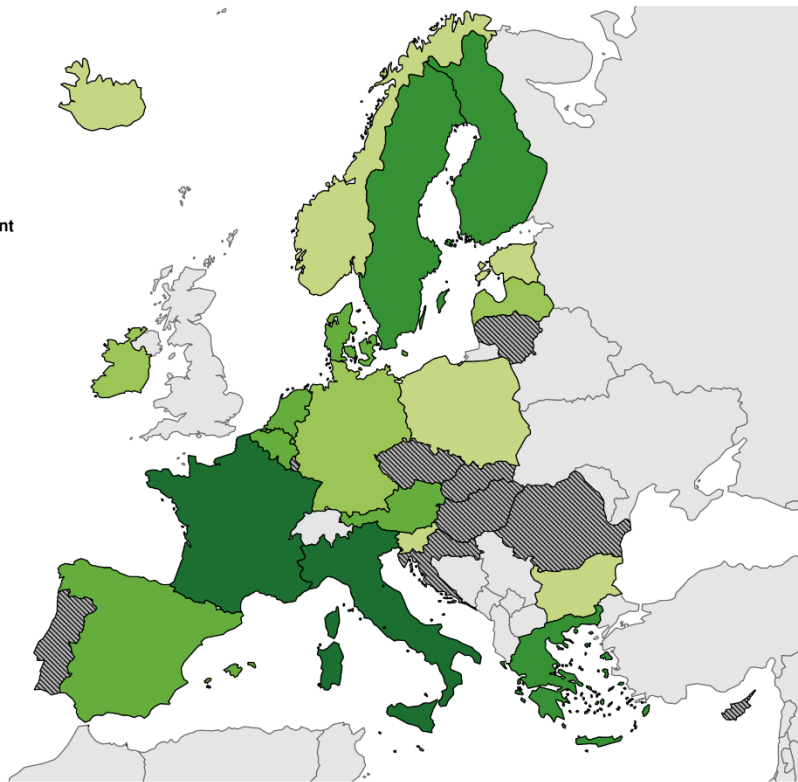
SARS-CoV-2: Evropa – počty sekvencí, data k 09. 11. 2023



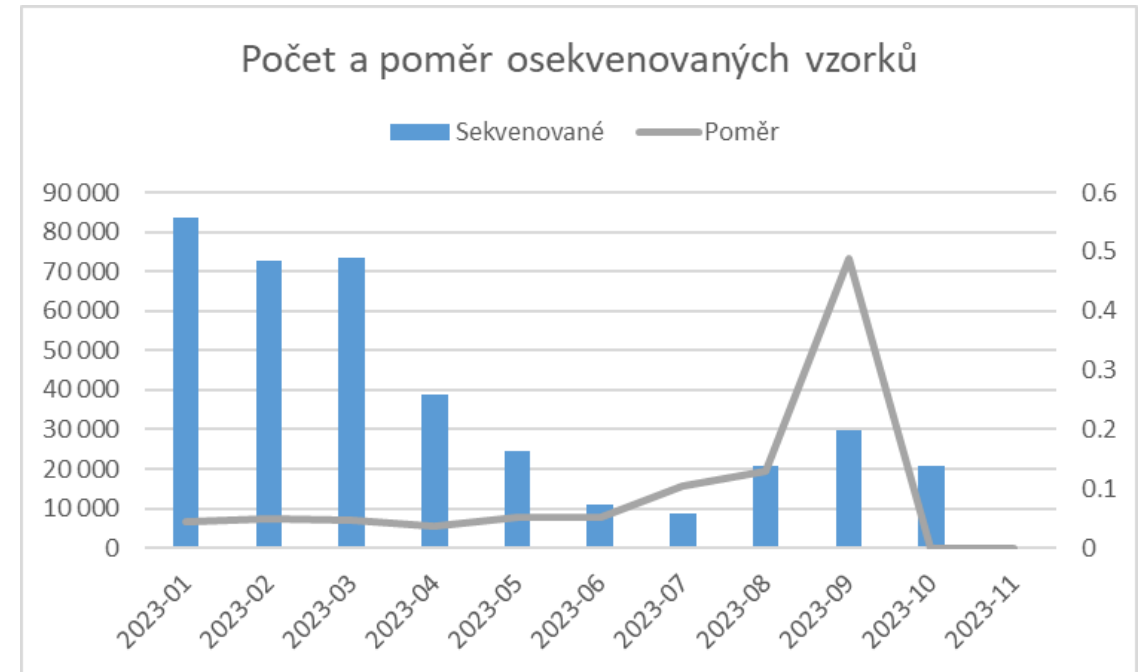
Volume of sequencing or genotyping sufficient to estimate variants circulating during weeks 2023-w42 to 2023-w43 at:

- ≤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

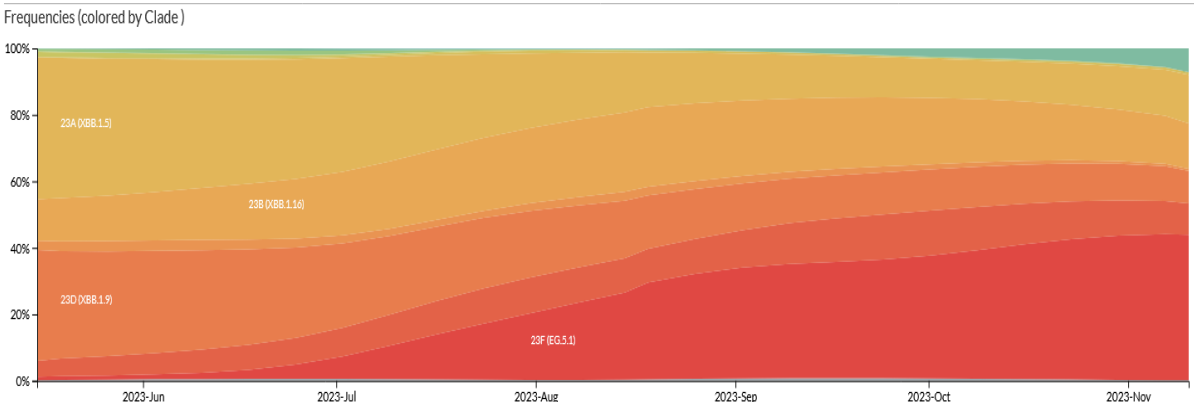


Source: GISAID EpiCoV™ and ECDC TESSy data. Administration boundaries: © Eurographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 9 November 2023



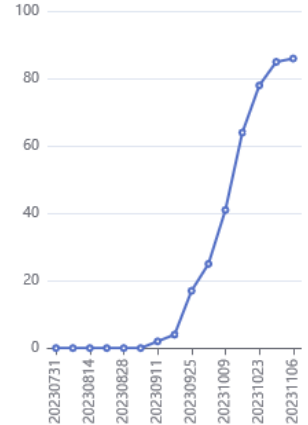
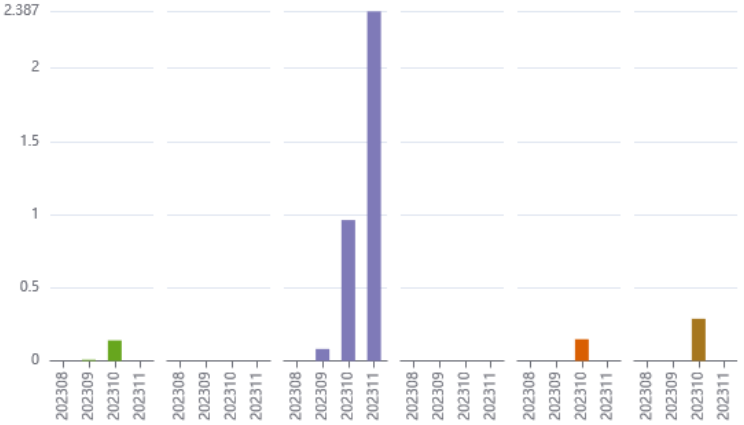
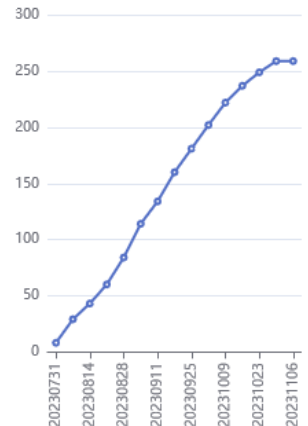
Celoevropská odhadovaná distribuce variant zájmu ve 44. KT byla:

- 68 % (66–71 %) pro XBB.1.5+F456L
- 19 % (15–26 %) pro XBB.1.5
- 8 % (3–11 %) pro BA.2 (z nichž převažuje BA.2.86)
- 2 % (0–2 %) pro BA.2.75



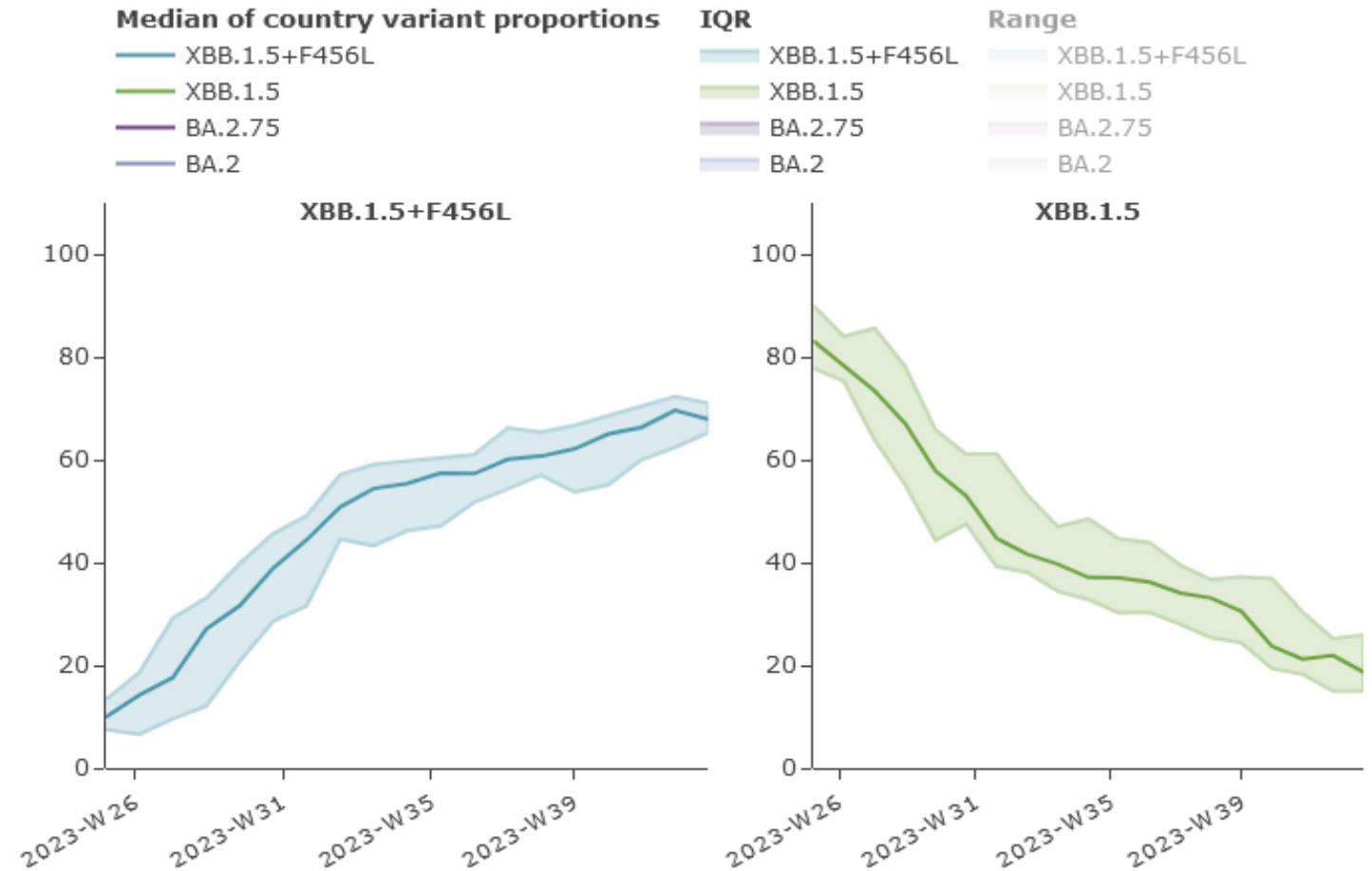
SARS-CoV-2: Rozvíjející se varianty – GISAID 07.11.2023

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.

Constellation (Clade/Lineage) (New Lineage)	Count(past 100 days) ↑↓	Current Ranking ↑↓	Dissimilarity Score ↑↓	Cumulative#loc	%inEachContinent						geoMap
Search...					North America	South America	Europe	Africa	Asia	Oceania	
<p>1</p> <p>GRA/JN.1+Spike_L45 2W+Spike_R158G+Spike_V70del+Spike_I3 32V+N_Q229K+Spike_V483del+Spike_N45 0D+Spike_P681R+Spike_A570V+Spike_H6 9del+Spike_V445H+Spike_R403K+Spike_H245N+Spike_E484K+Spike_N481K+Spike_L455S+Spike_K356T+Spike_S939F</p> <p>Search EpiCoV Spike 3D</p>	325	1	50								
<p>1</p> <p>GRA/JD.1.1</p> <p>Search EpiCoV Spike 3D</p>	2757	2	1								

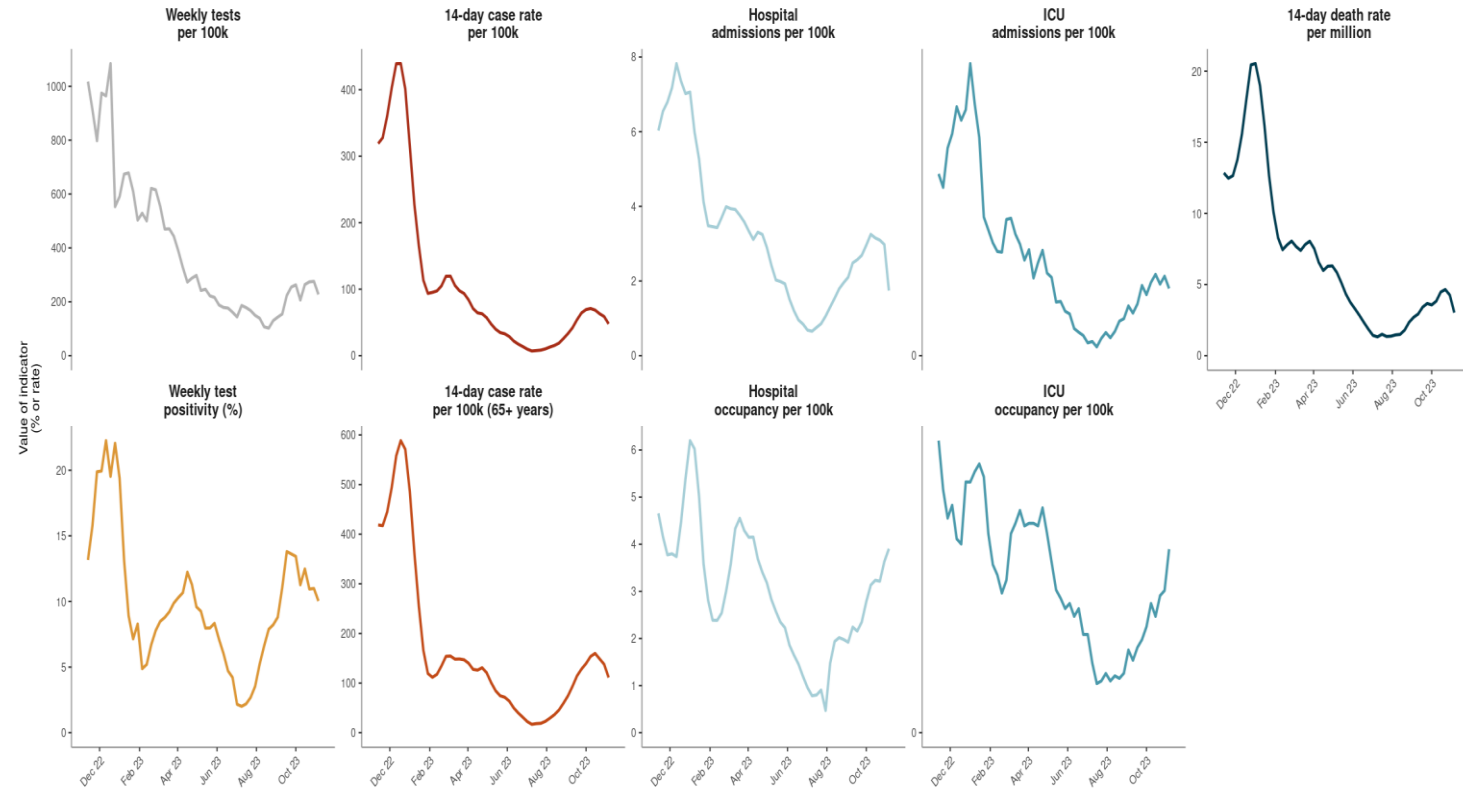
V klasifikaci variant (VOC/VPI/VUM) SARS-CoV-2 nebyly provedeny žádné změny.

- 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.



Přestože celková data indikují pokles cirkulace SARS-CoV-2 v zemích EU/EEA, některé země hlásí nárůst covid 19 případů ve starších věkových skupinách. To se v některých zemích promítlo v nárůstu počtu hospitalizací a úmrtí na COVID-19 v nemocnicích a na jednotkách intenzivní péče přestože absolutní hodnoty jsou na nízké úrovni ve srovnání s předchozími lety.

EU/EEA: epidemiological indicators

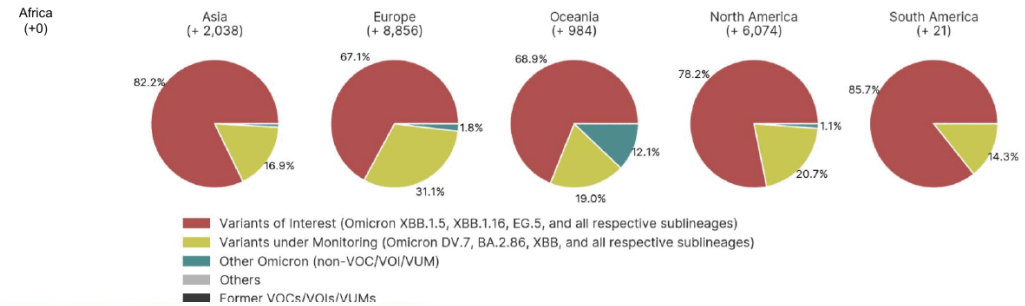


ECDC, Figure produced 9 November 2023
 Pooled data from Member States (n = 10 for week 44); Hospital admissions, ICU admissions;
 Pooled data from Member States (n = 3 for week 44); Hospital occupancy;
 Pooled data from Member States (n = 6 for week 44); ICU occupancy;
 TESSy COVID-19 (n = 16 for week 44); 14-day death rate;
 TESSy COVID-19 (n = 17 for week 44); Tests, Test positivity (%), 14-day case rate;
 TESSy COVID-19 (n = 19 for week 44); 14-day case notification rate

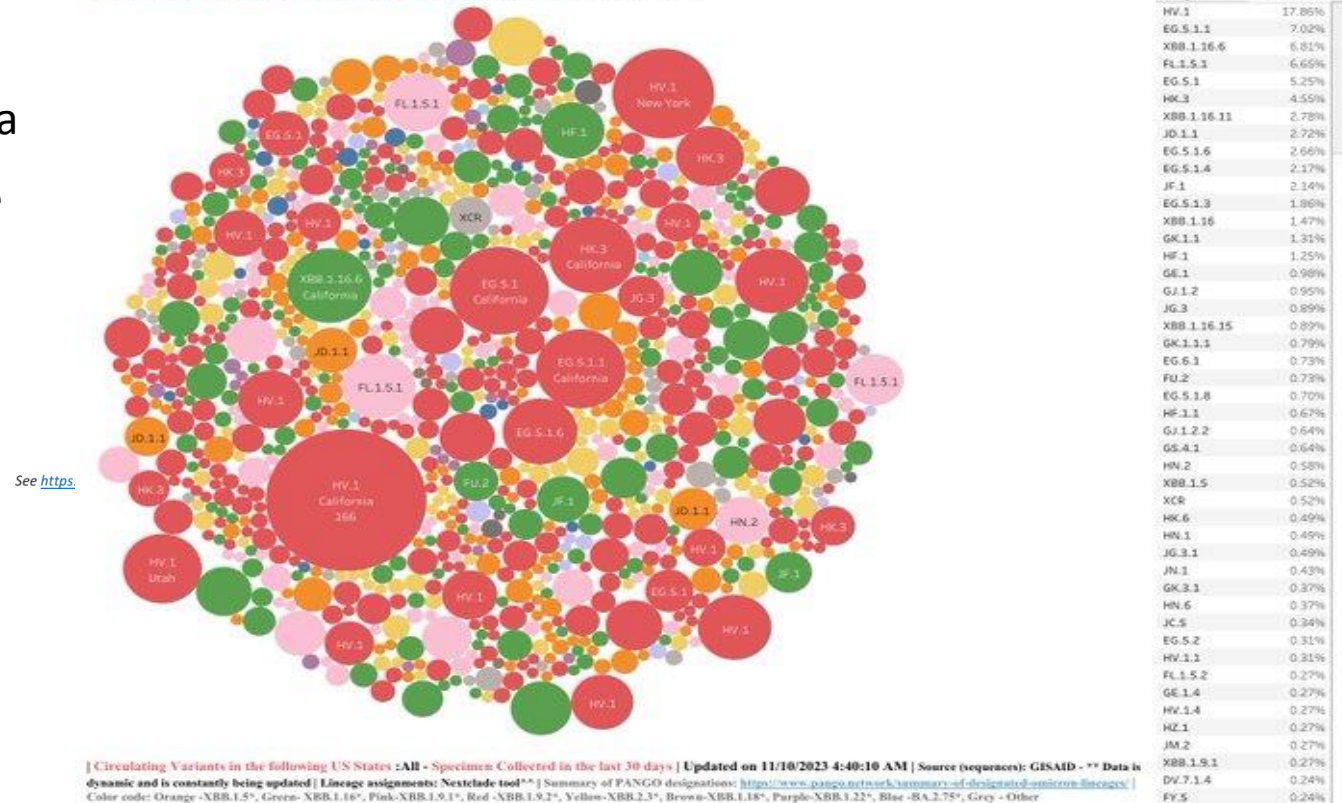
V klasifikaci variant (VOC/VPI/VUM) SARS-CoV-2 nebyly provedeny žádné změny.

- 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 nahoře.
- Spektrum detekovaných variant v USA je zobrazeno na obrázku vpravo dole, převažuje cirkulace variant odvozených od XBB.1.5, vyjma varianty HV.1., která je stěhně jako EG.5.1 potomkem XBB.1.9 (HV.1), pozornost související s otázkou efektivity boosteru budí v USA šíření HV.1.:
 - HV.1 (17.9%)
 - EG.5.1.1 (7%)
 - XBB.1.16.6 (6.8%)
 - FL.1.5.1 (6.7%)
 - EG.5.1 (5.3%)
 - HK.3 (4.6%)

Regional distribution of variants in sequences collected from 2023-10-10 to 2023-11-07



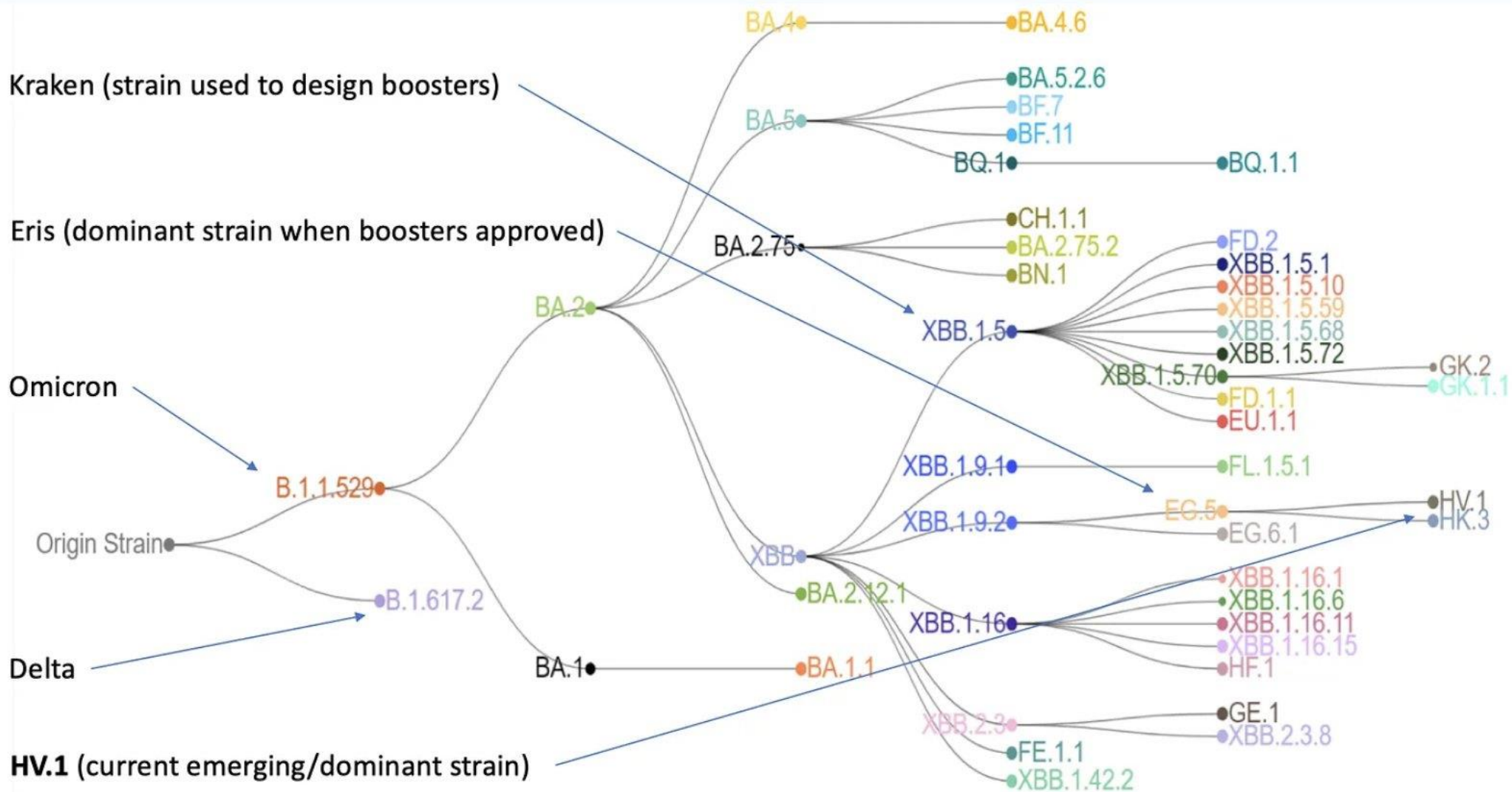
SARSCoV2 Variant Dashboard - USA | 30-DAY TRENDS* | NYITCOM Research Report



See <https://www.nyitcom.com/research-reports/sarscov2-variant-dashboard-usa>

*Circulating Variants in the following US States :All - Specimen Collected in the last 30 days | Updated on 11/10/2023 4:40:10 AM | Source (sequences): GISAID - ** Data is dynamic and is constantly being updated | Lineage assignments: Nextclade tool** | Summary of PANGO designations: <https://www.pango.network/summaries-of-designated-omicron-lineages/> | Color code: Orange -XBB.1.5*, Green -XBB.1.16*, Pink-XBB.1.9.1*, Red -XBB.1.9.2*, Yellow-XBB.2.3*, Brown-XBB.1.18*, Purple-XBB.1.22*, Blue -BA.2.75*, Grey -Other

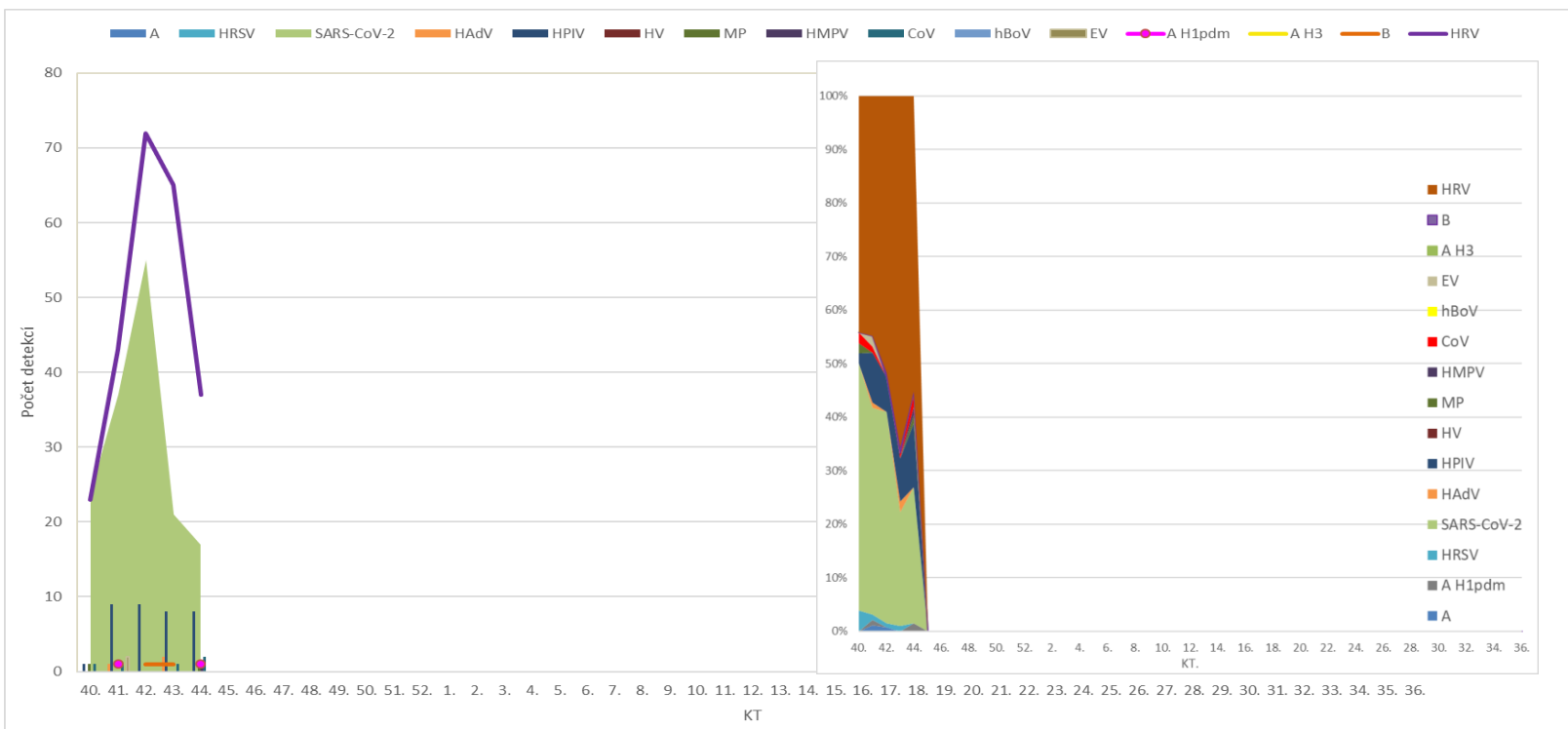
Mezi nejnovější monitorované varianty patří :
 XCT.1,
 JN.4,
 JD.1.2.1,
 HK.21,
 HK.22



SARS-CoV-2 PANGO LINEAGES, PHYLOGENETIC RELATEDNESS
 (<https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#variant-proportions>)

- Ve sledovaném období byl podíl SARS-CoV-2 na ARI/ILI v primární a sekundární sentinel surveillance vyšší než podíl RSV a sezónní chřipky.
- Počet detekcí RSV vzrostl, přičemž ve dvou zemích byl pozorován velký nárůst byl u hospitalizovaných dětí ve věku 0–4 let (SARI – těžké ARI) .
- Intenzita sezónní chřipky zůstala na nízké úrovni, zeměpisné rozšíření se postupně zvyšuje.
- Souhrnná pozitivita testů na úrovni EU/EEA zůstala nejvyšší pro SARS-CoV-2, a to 16 % (medián 19 %; IQR: 14 %–22 %).
- V rámci sentinel surveillance byl virus chřipky typu A detekován ve 22 případech (A/H1pdm2009 v 11 případech, A/H3 ve 4 případech) a virus chřipky typu B byl prokázán v jednom případě.
- Kvalitativní ukazatele se v současnosti vykazují pouze u sezónní chřipky. Z 20 zemí, které hlásily intenzitu chřipky, pouze dvě země hlásí střední úroveň intenzity. Z 21 hlásících zemí, pouze tři hlásily regionální rozšíření.

ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillace v ČR, 45. KT



Kalendářní týden (KT)		43.	44.	45.
Detekce viru	A			5
	A H ₁ pdm		1	
	A H ₃			
	B	1		
	HRSV	1		2
	HAdV	2	1	3
	HPIV	8	9	8
	HV			
	MP		1	1
	HMPV		1	1
	CoV	1	2	2
	HRV	65	44	62
	hBoV			
	EV			4
	SARS-CoV-2	21	38	44
	SM	11	8	5
	negativní	341	442	345
Celkový počet vyšetření:		451	547	482
Celkový počet pozitivních:		110	105	137

- Ve 44. kalendářním týdnu bylo z 547 vyšetřovaných vzorků 105 pozitivních, převažovaly rhinoviry (42 %) a SARS-COV-2 (36 %). Z tohoto počtu bylo v rámci sentinelové surveillace v NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění (NRL/CHNCH) vyšetřeno 43 vzorků, z nichž bylo 20 pozitivních. Ze všech pozitivních vzorků byly nejvíce zastoupeny rhinoviry (29 %) a stejnou měrou i SARS-COV-2 (29 %). Ve 45.KT byly v nonsentinelové surveillace prokázány první případy pozitivní detekce viru chřipky typu A.
- Ve 45. kalendářním týdnu vyšetřila NRL/CHNCH 51 vzorků, z nichž bylo 36 pozitivních. Ze všech pozitivních vzorků byly nejvíce zastoupeny rhinoviry (42 %) a SARS-COV-2 (30 %). Viry chřipky se zatím neuplatnily. Ve 45. kalendářním týdnu bylo z 482 vyšetřovaných vzorků 137 pozitivních, převažovaly rhinoviry (45 %) a SARS-COV-2 (32 %).

Legenda:

A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM – Smíšená infekce

ČR

- K nejčastěji detekovaným patogenům patří **rhinoviry, SARS-CoV-2 a viry parainfluezy** stejně jako v předchozím týdnu. První detekce viru chřipky typu A v non sentinelové surveillanci naznačují možný nástup epidemie chřipky v prosinci 2023, tedy obdobný počátek jako v loňské sezóně.
- 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 chřipky a také o zaslání vzorků pozitivních na chřipku typu A k subtypizaci.**
- V ČR nelze o dominanci konkrétní subvarianty omikronu hovořit, ale detekujeme varianty odvozené od XBB.1.5, a XBB.1.9 - především od sledované varianty EG.5.1.

EU/EEA

- Aktivita **RSV** se v zemích EU/EEA od 36. týdne rychle zvyšuje, což vede ke zvýšení počtu hospitalizací ve věkové skupině 0–4 let ve stejném regionu. Z prvních dat se jeví pozdější nástup RSV epidemické vlny (zpoždění cca čtyři týdny).
- Zvýšená cirkulace **SARS-CoV-2** je v EU/EEA pozorována od konce léta (přelom srpna a září). Celková data naznačují pokles, ale cirkulace není homogenní ve všech zemích, a tedy některé země aktuálně hlásí prudký nárůst s viditelným dopadem na počet závažných onemocnění ve věkové kohortě 65 let a více.
- Aktivita chřipky zůstává nízká.