



# Zpráva NRL ke dni 29. 1. 2024

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	Strana 2
SARS-CoV-2 ČR a EU/EEA sekvenační data, aktuální situace	Strana 3 - 7
ARI/ILI –virologická surveillance v EU/EEA a WHO/EURO	Strana 8 - 9
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR	Strana 10 - 11
A/H5N1 - humánní případy	Strana 12
Závěr	Strana 13 - 14

- Prosíme o zasílání SARS-CoV-2 (včetně elektronické žádanky) a influenza A/B pozitivních vzorků k sekvenaci.
- 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 chřipka a také o zaslání vzorků pozitivních na chřipku typu A k subtypizaci.
- Výsledky uveřejníme anonymně včetně čísla zasílající laboratoře .

## Přehled provedených PCR od 22. 1. do 28. 1. 2024 Tabulka 1 (ÚZIS)

Tabulka 1

Celkový počet PCR testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet PCR pozitivních
8 232	6 205	913

Zdroj: reporty@uzis.cz

## Přehled testů dle MZČR, 22. 1. – 27./28. 1. 2024

Týdenní přehled počtu osob s nově prokázaným onemocněním COVID-19 dle hlášení krajských hygienických stanic a laboratoří (včetně rozdělení na reinfekce), Tabulka 2

Tabulka 2 (22. – 27. 1. 2024)

Nové případy	1. reinfekce	2. reinfekce	celkem
1 163	447	76	1 686

Přehled počtu provedených PCR a antigenních testů, Tabulka 3

Tabulka 3 (22. – 28. 1. 2024)

Počet provedených PCR testů	Počet provedených antigenních testů
3 302	22 327

Přehled počtu provedených testů podle indikace, Tabulka 4

Tabulka 4 (22. – 28. 1. 2024)

Diagnostická	Epidemiologická	Preventivní
17 350	6 045	1 448

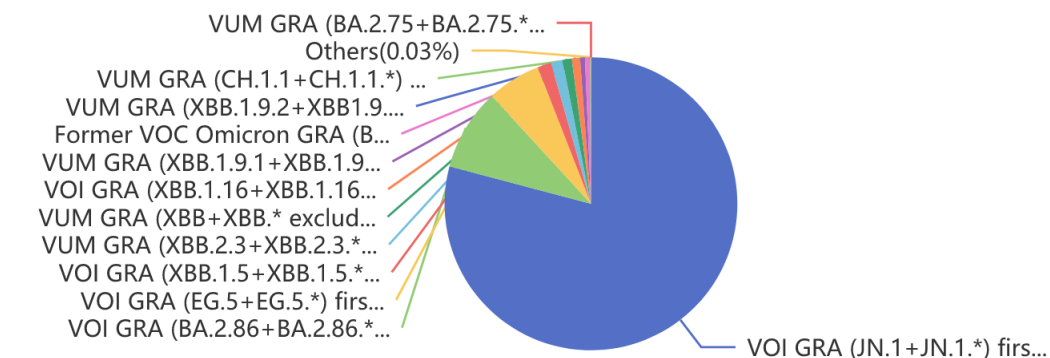
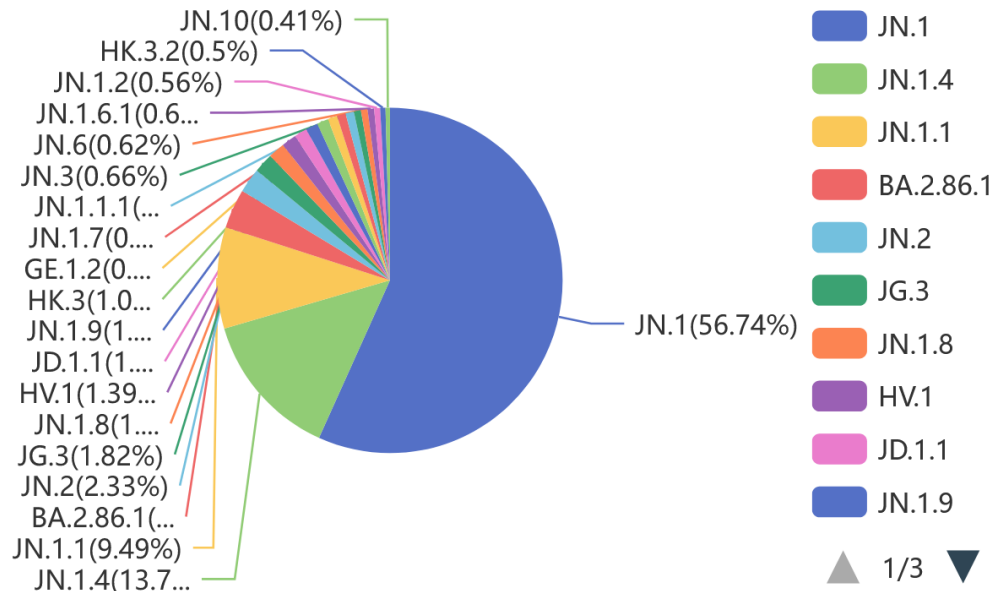
Zdroj: <https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/covid-19>

## Evropa:

- Odhadovaná distribuce variant zájmu (VOI) k 3. KT (medián a IQR podílů ze 12 zemí) byla:
  - 84 % (80–95 %) pro BA.2.86 (který zahrnuje izoláty JN.1),
  - 8 % (4–13 %) pro XBB.1.5+F456L a
  - 0,8 % (0–4,5 %) pro XBB.1.5-like.
- Podíl BA.2.86like variant nadále roste, přičemž XBB.1.5-like+F456L a XBB.1.5 vykazují klesající trendy.
- V Evropě výrazně převažují detekce variant odvozených od BA.2.86 tedy JN.x

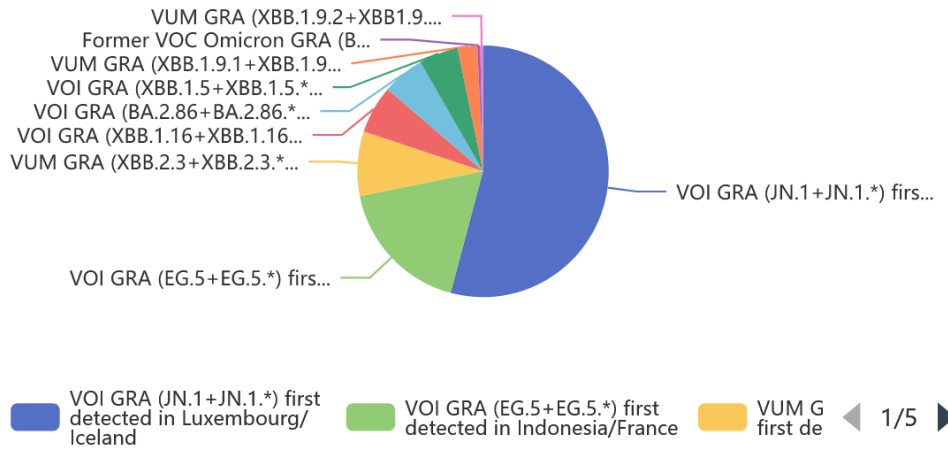
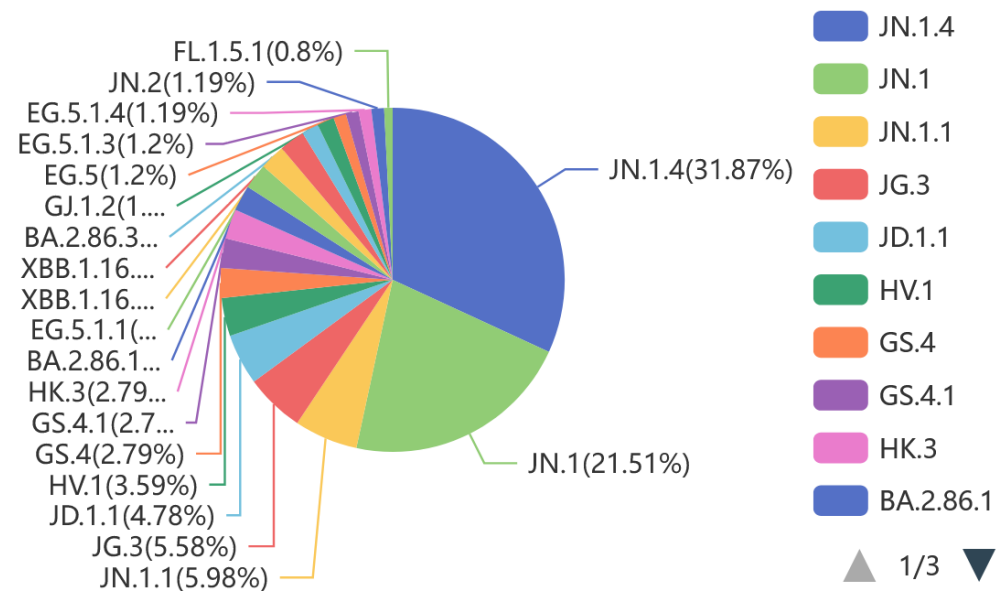
## Zastoupení 20 nejčtenějších variant v Evropě od 29. 12. 2023

Celkem 8 800 WGS



- V ČR bylo od 29. 11. 2023 osekvenovaných 277 vzorků; majoritní varianta je JN.1.4 a JN.1.1, z toho 247 vzorků s datem odběru v prosinci
- V rámci skupin kategorizovaných jako varianty zájmu v listopadu stále mírně převažovala detekce variant BA.2.86 like (JN.1\*), které zaujímají 37,5% podíl sekvenovaných variant (tmavomodrá výšeč na grafu dole) následována variantami EG.5 like (Erik) odvozených od XBB.1.9.2 (31,25 % - zelená výšeč na grafu dole). V prosinci činil podíl variant odvozených od BA-2.86 téměř 50 %.
- Ve shodě s dalšími zeměmi pozorujeme nárůst BA.2.86 like variant, především JN.1. Varianty se od sebe svými klinickými příznaky neliší.

Zastoupení 20 nejčtetnějších variant v ČR od 29. 11. 2023  
Celkem 277 WGS

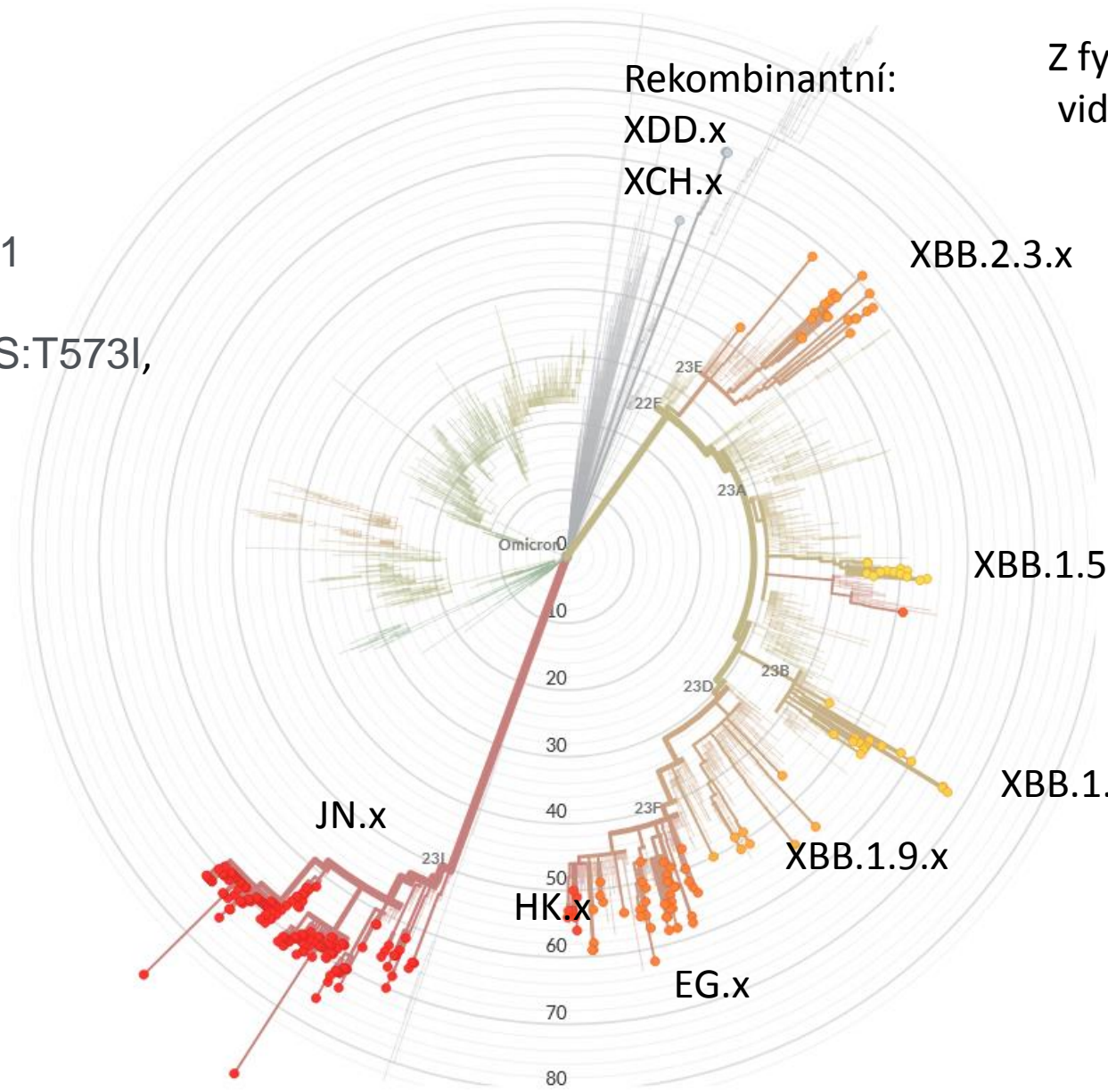




# SARS-CoV-2: Fylogeneze SARS-CoV-2 na základě WGS dat za ČR od 29. 11. 2023

- Clade ^
- 23A
  - 23B
  - 23D
  - 23E
  - 23F
  - 23G
  - 23H
  - 23I
  - recombinant

XDD = EG.5.1.1\*(HK)/JN.1  
XCH = GK.1.1/XBB.1.9.1  
GK.1.1 = XBB.1.5.70.1.1, S:T573I,



Z fylogenetického stromu je zřetelně vidět původ BA.2.86 like variant (JN.x)



# SARS-CoV-2: Nově se rozšiřující varianty a VOI

## VOI dle ECDC ze dne 19. 01. 2024

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity
Omicron	XBB.1.5-like (a)	United States	N460K, S486P, F490S	n/a	Similar to Baseline (1, 2)	Reduced (v) (1, 3)	Similar to Baseline (4)
Omicron	XBB.1.5-like + F456L (b)  (e.g. EG.5, FL.1.5.1, XBB.1.16.6, and FE.1)	n/a	F456L, N460K, S486P, F490S	n/a	Baseline	Baseline (5)	Baseline
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P	n/a	Unclear (6)	Unclear (6-8)	No evidence

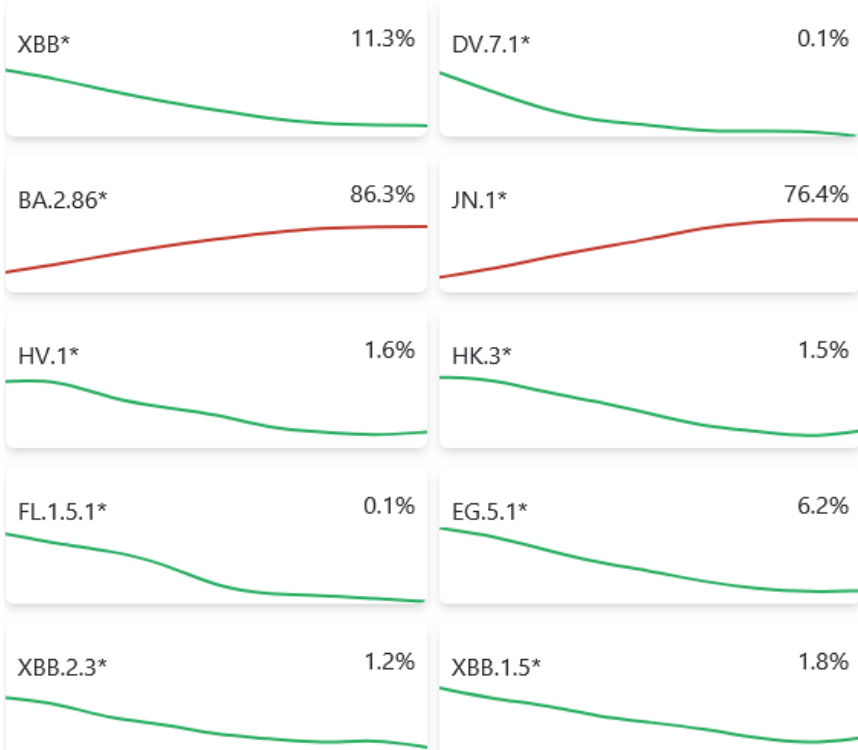
## Emergentní varianty označení

PANGO label	Nickname	Nickname Date	WHO VUM Date	WHO VOI Date
XBB*	Gryphon	Sept. 25, 2022	Oct. 12, 2022	N/A
CH.1.1	Orthrus	Dec. 14, 2022	Feb. 8, 2023	N/A
XBB.1.5	Kraken	Dec. 28, 2022	Feb. 9, 2023	Mar. 15, 2023
XBB.1.9.1 / XBB.1.9.2	Hyperion	Feb. 18, 2023	Mar. 30, 2023 / Apr. 26, 2023	N/A
XBB.1.16	Arcturus	Mar. 13, 2023	Mar. 22, 2023	Apr. 17, 2023
XBB.2.3	Acrux	Apr. 29, 2023	May 18, 2023	N/A
XBB.1.22	Bellatrix	May 24, 2023	N/A	N/A
EG.5 / EG.5.1	Eris	Aug. 1, 2023	July 19, 2023	Aug. 9, 2023
FL.1.5.1	Fornax	Aug. 11, 2023	N/A	N/A
BA.2.86	Pirola	Aug. 18, 2023	Aug. 17, 2023	Nov. 21, 2023
DV.7	Orthrus clan	N/A	Oct. 23, 2023	N/A
JN.1	Pirola clan	N/A	N/A	Dec. 17, 2023

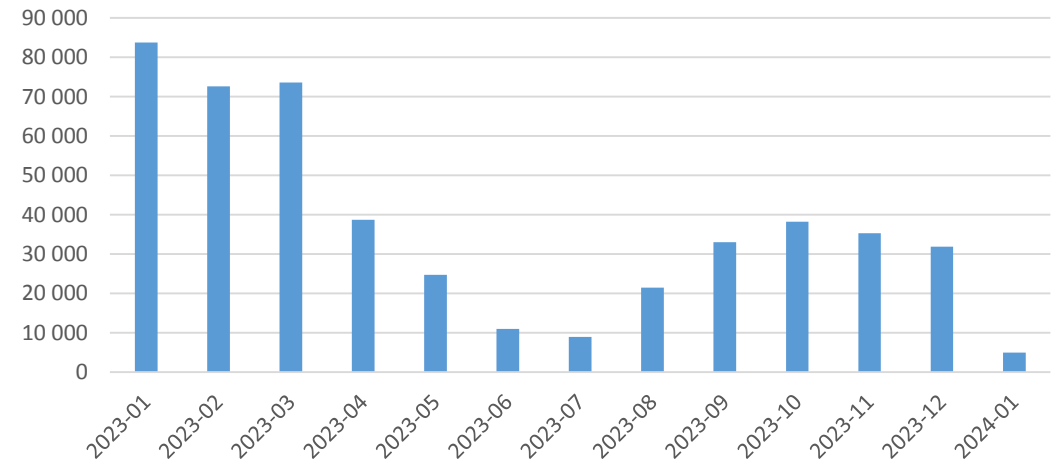
BA.2.75 a od ní odvozená DV.7.1 byly staženy ze seznamu variant budících pozornost.



<https://cov-spectrum.org/explore/Europe/AllSamples/Past6M>

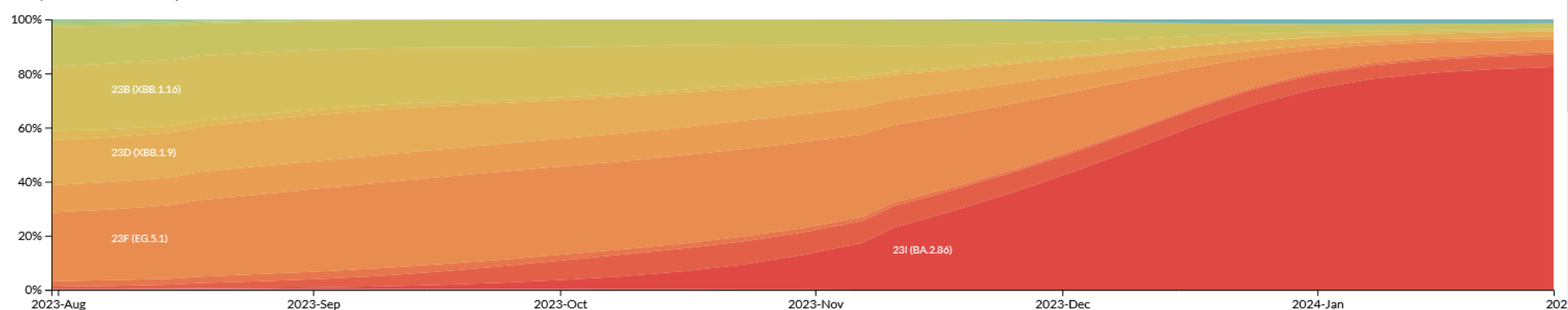


Počet osekvenovaných vzorků za Evropu



Z grafu je názorně vidět, že dlouhou prodlevu v získávání sekvenačních dat vykazuje většina laboratoří Evropy.

Frequencies (colored by Clade)



<https://nextstrain.org/nCoV-gisaid/europe/6m>

- Na konci 3. týdne (končícího 21. ledna 2024) byla míra ARI/ILI zvýšená nad epidemickým prahem ve většině zemí EU/EHP. Počty případů závažných akutních respiračních infekcí (SARI surveillance) zůstaly na úrovni srovnatelné s loňským rokem.
- Sezónní chřipka cirkulovala ve vyšší míře než SARS-CoV-2 a respirační syncytiální virus (RSV). Pokračuje vysoká aktivita chřipky (všechny reportující země hlásí incidenci nad 10% prahem positivity v sentinelové surveillance a většina reportujících zemí pozorovala zvýšenou intenzitu i geografické rozšíření nad výchozí ILI MEM prahovou hodnotu). Dominantně zastoupeným virem je A(H1)pdm09.
- Medián positivity testu na sezónní chřipku u případů SARI byl 23 % na základě údajů z pěti zemí. Nejvyšší pozitivita byla tento týden pozorována ve věkové kategorii 5–14 let, nejvíce případů hlásí Německo a Španělsko.
- Během týdnů 40/2023–03/2024 bylo geneticky charakterizováno (sekvenováno) 990 virů A(H1)pdm09, 395 A(H3) a 39 virů B/Victoria v sentinel i non sentinel surveillance. Z virů A(H1)pdm09, které byly osekvenovány, bylo 490 hlášeno jako kláda 5a.2a a 493 spadá do 5a.2a.1 klády (stejně jako vakcinální kmen). Z virů A(H3), bylo pět hlášeno jako kláda 2a.3a a 387 bylo kláda 2a.3a.1, přičemž vakcinální kmen spadá do ancestrální klády 2a. Všech 39 virů B/Victoria bylo hlášeno jako kláda V1A.3a.2, tedy spadající do stejné genetické skupiny jako vakcinální kmen.
- Testy RSV mezi případy SARI byly hlášeny pěti zeměmi v 3. KT s mediánem positivity testu 10 % (pozitivita souhrnného testu: 12 %; IQR hodnot zemí: 2–11 %). Nejvyšší pozitivita testu byla pozorována ve věkové skupině 0–4 let (sdružená pozitivita testu: 52 %).
- Pozitivita souhrnného testu SARS-CoV-2 u případů SARI v posledních týdnech nadále klesala (7 % za týden 3; medián positivity: 7 %, IQR hodnot země: 3–7 %). Celkově od 50. týdne postupně klesaly počty hospitalizací, včetně hospitalizací na JIP a úmrtí.
- Sdružené odhady týdenního počtu nadúmrtí v EuroMOMO ukázaly „zvýšený počet nadúmrtí jak celkově tak i ve věkových kategoriích nad 45 let“.



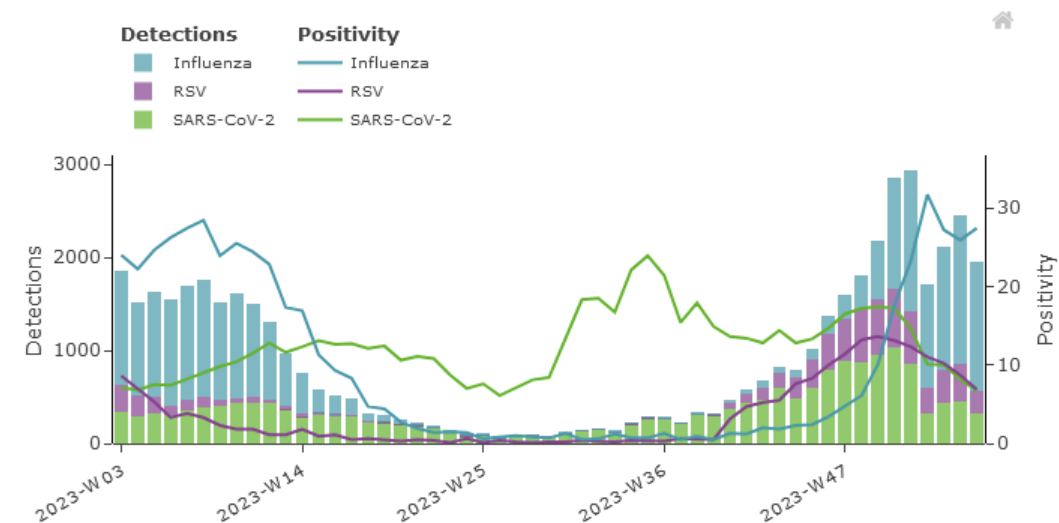
Virologická sentinel surveillance (WHO/EURO):

**Epidemický práh pro virologickou surveillance v rámci WHO je definován jako podíl větší než 10 %.**

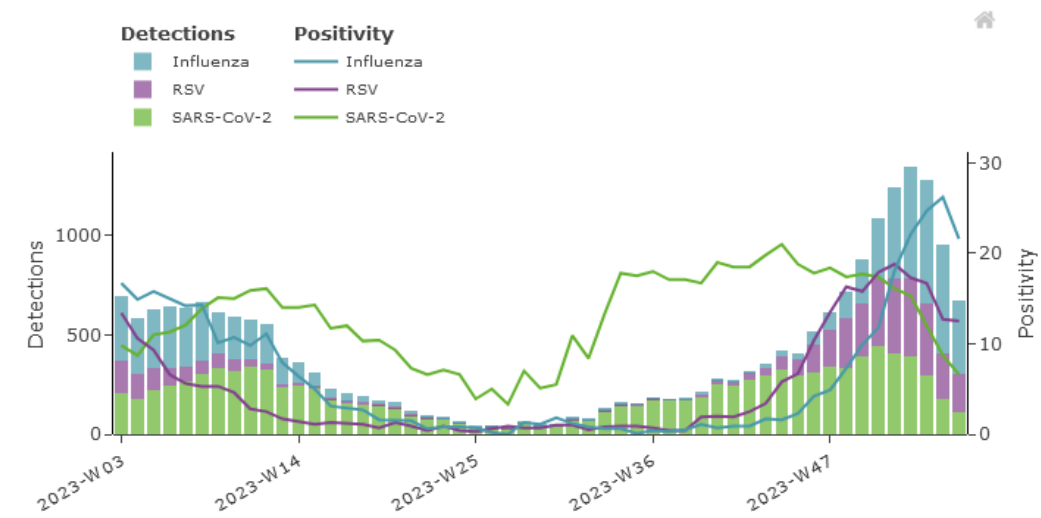
- Detekce viru chřipky se drží nad 10% ECDC epidemickým prahem a to na 27 % ve srovnání s 26 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity činí 29 % (rozsah: 0 %–62 %) u 30 hlásících zemí, přičemž 25 zemí uvedlo alespoň 10 %. Tento týden byl v 18 sledovaných zemích a oblastech pozorován rostoucí trend v pozitivitě chřipky.
- SARS-CoV-2 byl detekován v 7 % vzorků ve srovnání s 8 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 28 zemí a oblastí byla 5 % (rozsah: 0 %–31 %). Tento týden byl v 7 sledovaných zemích a oblastech pozorován rostoucí trend v pozitivitě SARS-CoV-2.
- RSV incidence poklesla na 7 % ve srovnání s 9 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 24 zemí byla 6 % (rozsah: 0 %–35 %). Tento týden byl v 8 sledovaných zemích pozorován rostoucí trend v pozitivitě RSV.

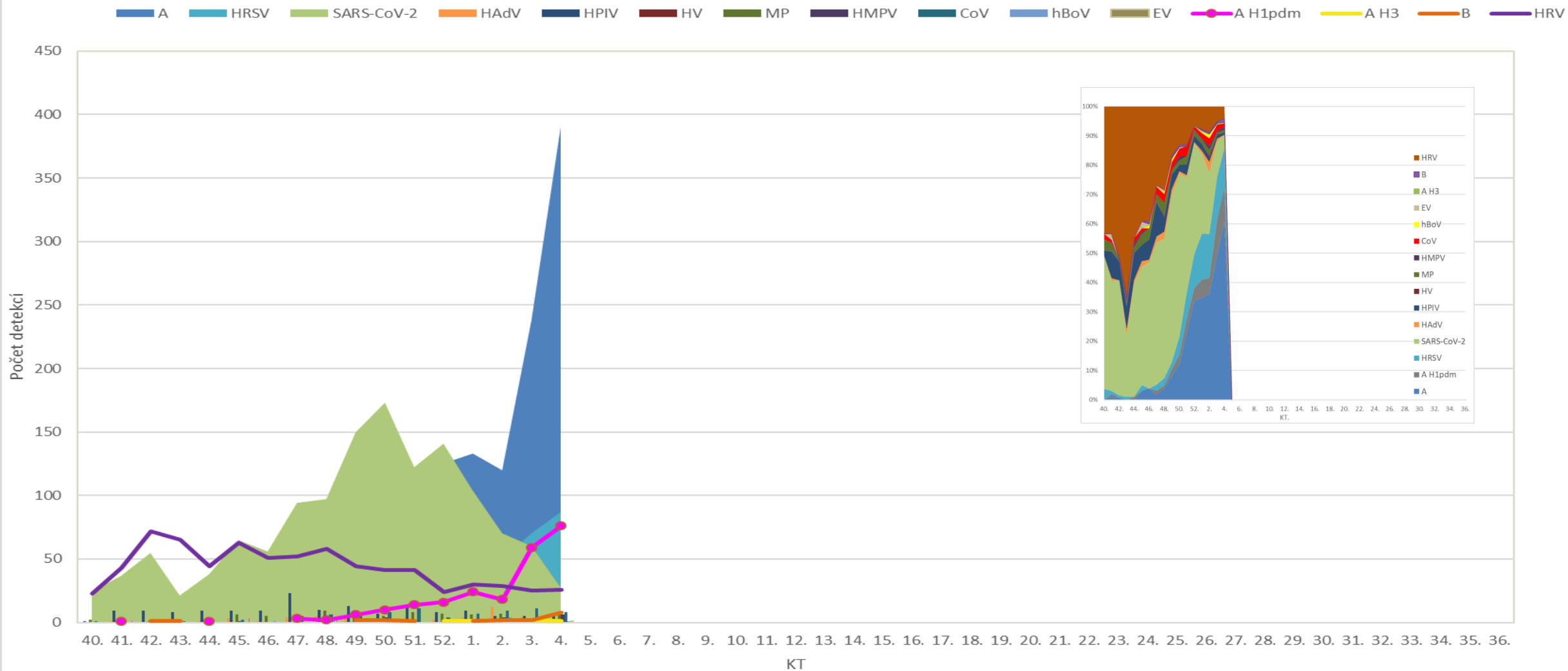
Zdoj: <https://erviss.org/>

Primary care sentinel testing



Secondary care sentinel testing





• 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

V **sentinelové i nonsentinelové virologické surveillanci** je i v 4. KT jednoznačně dominujícím patogenem virus chřipky typu A (pravděpodobně především A/H1pdm), virus chřipky typu A byl určen ve 70 % pozitivních detekcí. Evidujeme jednu detekci A/H3 a osm pozitivních detekcí chřipky typu B.

Druhým majoritně cirkulujícím patogenem je RSV, pravděpodobně především RSV A, oproti 6% zastoupení v minulém týdnu byl nyní detekován ve 4 % pozitivních vzorků.

Detekce SARS-CoV-2 má trvale klesající tendenci, ze 6 % ve 3. KT na 4 % ve 4. KT.

Mírně se zvyšuje incidence rhinovirů na 4 %.

V rámci **sentinelové surveillanci** bylo vyšetřeno 72 vzorků, z nichž 43 bylo pozitivních alespoň na jeden z vyšetřovaného spektra respiračních patogenů, i v této surveillanci je majoritním patogenem virus chřipky typu A (A/H1N1 pdm), který byl detekován u 56 %, celkem byl virus chřipky prokázán spolu s nesubtypovatelnými vzorky chřipky A u 66 % vzorků.

RSV se v sentinelových vzorcích uplatňuje pouze u 10 % pozitivních detekcí. V porovnání s minulým rokem, kdy jasně převažoval RSV B, evidujeme v sentinel surveillanci pouze RSV A.

SARS-CoV-2 byl detekován ve 4,7 %, což je přibližně stejný podíl jako v minulém týdnu.

- 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

Kalendářní týden (KT)		1.	2.	3.	4.
Detekce viru	A	133	120	238	391
	A H <sub>1</sub> pdm	24	18	59	76
	A H <sub>3</sub>	1		2	1
	B	1	2	2	8
	HRSV	60	50	70	87
	HAdV	4	12	4	1
	HPIV	9	5	5	5
	HV		2	2	
	MP	6	7	3	6
	HMPV	1	4	2	6
	CoV	7	9	11	8
	HRV	30	29	25	26
	hBoV	1	4		1
	EV	2	1	1	1
	SARS-CoV-2	104	70	60	27
	SM	10	11	13	23
	pozitivní	393	344	497	667
	negativní	943	1016	894	948
Celkový počet vyšetření:		1336	1360	1391	1615

Kambodža hlásí 2 onemocnění člověka virem ptačí chřipky. Jedná se o 3letého chlapce, který byl 27. 1. 2024 hospitalizován na JIP a 69letého muže, hospitalizovaného na JIP 29.1.2024. V obou případech je v anamnéze kontakt s drůbeží.

Epidemiologicky případy nesouvisejí. Vláda se rozhodla distribuovat oseltamivir kontaktům v ohnisku.

- EU/EHS: Převažuje detekce viru chřipky A/H1pdm nad SARS-CoV-2 a RSV, přičemž ve všech zemích se detekce pohybují nad epidemickým prahem. SARS – CoV-2 má sestupnou tendenci ve všech hlásících zemích EU/EHP, RSV incidence v některých zemích roste. Ve většině případů je detekován subtyp A/H1N1pdm. Také v případě SARI – surveillance závažných respiračních infekcí dominuje chřipka A/H1pdm, RSV se uplatňuje ve věkové kategorii 0 – 4 let.
- ČR: Majoritním cirkulujícím virovým patogenem je jak v sentinel tak non-sentinel surveillance virus chřipky typu A, a to především A/H1N1 pdm, druhý nejčastěji detekovaný patogen je RSV, jehož incidence vykazuje oproti minulému týdnu vzestupný trend. V sezóně 2022/23 cirkuloval v ČR většinou RSV B, který byl v nadpoloviční většině RSV pozitivních vzorků detekován i v sezóně 2021/22 . V letošním roce se majoritně uplatňuje RSV A. Detekce SARS-CoV-2 nadále klesá. ČR data vykazují shodu s daty evropskými.
- Očkování proti chřipce: A(H1)pdm09: nadpoloviční počet sekvencí spadá do stejné genetické skupiny jako vakcinální kmen (5a.2a.1), menší část lze přiřadit k ancestrální genetické skupině (kláda 5a.2a). V případě A(H3) cirkulují kmeny geneticky odvozené od vakcinálního kmene (2a), většinou jsou detekovány kmeny spadající do 2a.3a.1, menšinou cirkulují kmeny 2a.3a. B/Victoria cirkulující kmeny spadají do identické genetické skupiny jako vakcinální kmen, výběr vakcinálních kmenů A/H1pdm a B/Victoria odpovídá situaci a účinnost vakcíny by neměla být snížena výběrem vakcinálního kmene, což potvrzují i testy antigenní příbuznosti. Testy antigenní příbuznosti vakcinálního kmene H3 zatím probíhají, vzhledem k minoritní cirkulaci tohoto kmene není k dispozici dostatek informací.

- SARS-CoV-2: V prosinci převažuje detekce variant odvozených od BA.2.86 – tedy JN.1 a JN.1.4 a dalších subvariant JN.\*. Minoritně se objevují nové rekombinantní varianty. Je možné se domnívat, že tyto varianty přes jejich vysokou míru transmisibility většinou vyvolaly jen mírné onemocnění a epidemie SARS-CoV-2 byla na vrcholu v prosinci. Nelze však podceňovat klinický i ekonomický dopad post-covidových problémů, především neurologických (vysoká afinita omikron-like variant k nervové tkáni).
- Nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) v ČR ve 4. kalendářním týdnu roku 2024 dosáhla úrovně 1750 nemocných na 100 000 osob, což je vzestup o 22,2 % oproti minulému týdnu. Nárůst je evidován ve všech krajích i všech věkových skupinách. Aktuálně nejvyšší nemocnost je v Jihomoravském, Karlovarském kraji a na Vysočině.
- V kategorii chřipce podobných onemocnění (ILI) je evidován další výrazný nárůst počtu nemocných, a to o více než 75 %.
- V rámci aktivního hlášení závažných případů respiračních infekcí (tzv. SARI) bylo v aktuální chřipkové sezoně do 26. 1. 2024 hlášeno celkem 90 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 18 osob infekci podlehl.
- ČR stejně jako většina evropských zemí se nachází v epidemii chřipky.

*Autoři zprávy: RNDr. Helena Jiřincová, MSc. Timotej Šúri, Alena Janypková a MUDr. Jan Kynčl, PhD.*