



Zpráva NRL ke dni 19. 02. 2024

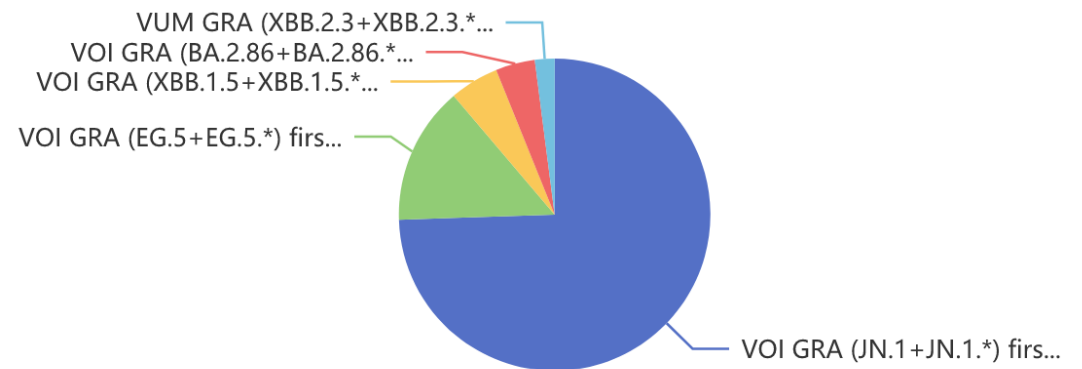
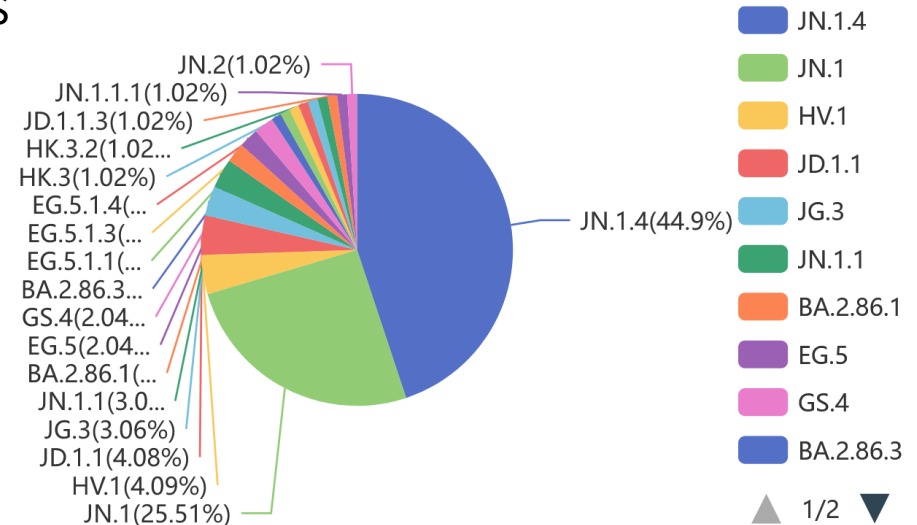
SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě
NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Obsah:

SARS-CoV-2 ČR a EU/EEA sekvenační data, aktuální situace	Strana 2 - 4
ARI/ILI –virologická surveillance v EU/EEA a WHO/EURO	Strana 5 - 7
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR	Strana 8 - 9
A/H5N1	Strana 10
Závěry	Strana 11 - 12

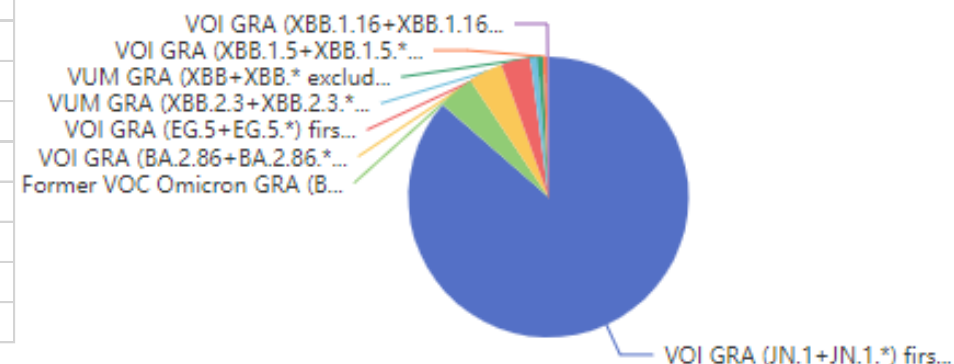
- V ČR bylo od 12. 12. 2023 osekvenovaných 98 vzorků, z toho 3 s datem odběru v lednu 2024; majoritní varianta je JN.1.4 a JN.1.1
- V rámci skupin kategorizovaných jako varianty zájmu v listopadu stále převažovala detekce variant BA.2.86 like (JN.1*), které zaujímají 74,5% podíl sekvenovaných variant (tmavomodrá výseč na grafu dole), následována variantami EG.5 like (Erik) odvozených od XBB.1.9.2 (14,3 % - zelená výseč na grafu dole).
- Ve shodě s dalšími zeměmi pozorujeme dominanci BA.2.86 like variant, především JN.1.
- Varianty se od sebe svými klinickými příznaky neliší.

Zastoupení 20 nejčtetnějších variant v ČR od 12. 12. 2023
Celkem 98 WGS



Zastoupení detekcí sledovaných variant

VOC/VOI	Podíl
VOI GRA (JN.1+JN.1.*) first detected in Luxembourg/Iceland,	86.43%
Former VOC Omicron GRA (B.1.1.529+BA.*) first detected in Botswana/Hong Kong/South Africa,	4.18%
VOI GRA (BA.2.86+BA.2.86.* excluding JN.1, JN.1.*) first detected in Denmark/Israel/USA,	3.97%
VOI GRA (EG.5+EG.5.*) first detected in Indonesia/France,	3.34%
VUM GRA (XBB.2.3+XBB.2.3.*) first detected in India/USA,	0.84%
VUM GRA (XBB+XBB.* excluding XBB.1.5, XBB.1.16, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3) first detected in India,	0.63%
VOI GRA (XBB.1.5+XBB.1.5.*) first detected in Austria/India/Bangladesh,	0.42%
VOI GRA (XBB.1.16+XBB.1.16.*) first detected in India,	0.21%

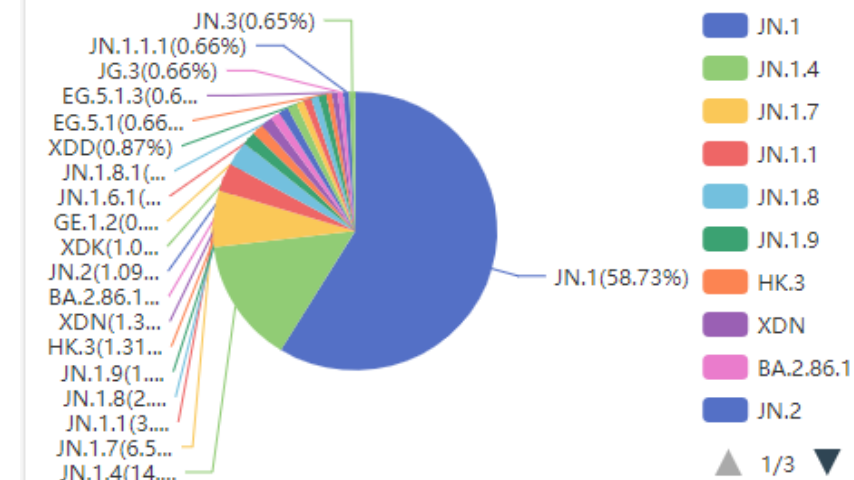


20 nejčtenějších variant v Evropě od 1. 2 2024
Celkem 458 WGS

Dominující varianty

- JN.1 – 59+ %
- JN.1.4 – 14,4 %

Varianta	Podíl
JN.1,	58.73%
JN.1.4,	14.41%
JN.1.7,	6.55%
JN.1.1,	3.28%
JN.1.8,	2.84%
JN.1.9,	1.53%
HK.3,	1.31%
XDN,	1.31%
BA.2.86.1,	1.09%
JN.2,	1.09%
XDK,	1.09%
GE.1.2,	0.87%
JN.1.6.1,	0.87%
JN.1.8.1,	0.87%
XDD,	0.87%
EG.5.1,	0.66%
EG.5.1.3,	0.66%
JG.3,	0.66%
JN.1.1.1,	0.66%
JN.3,	0.66%

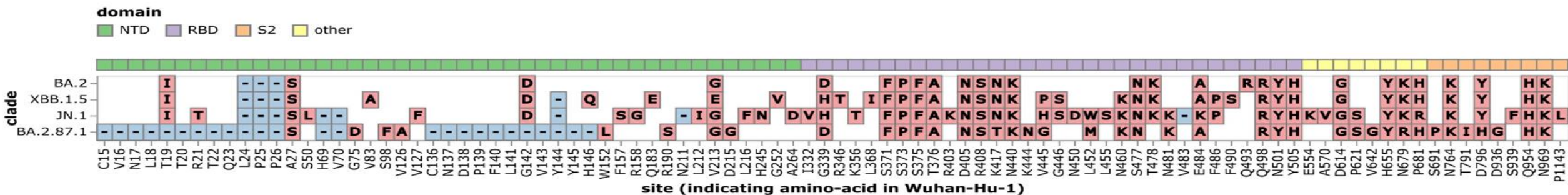
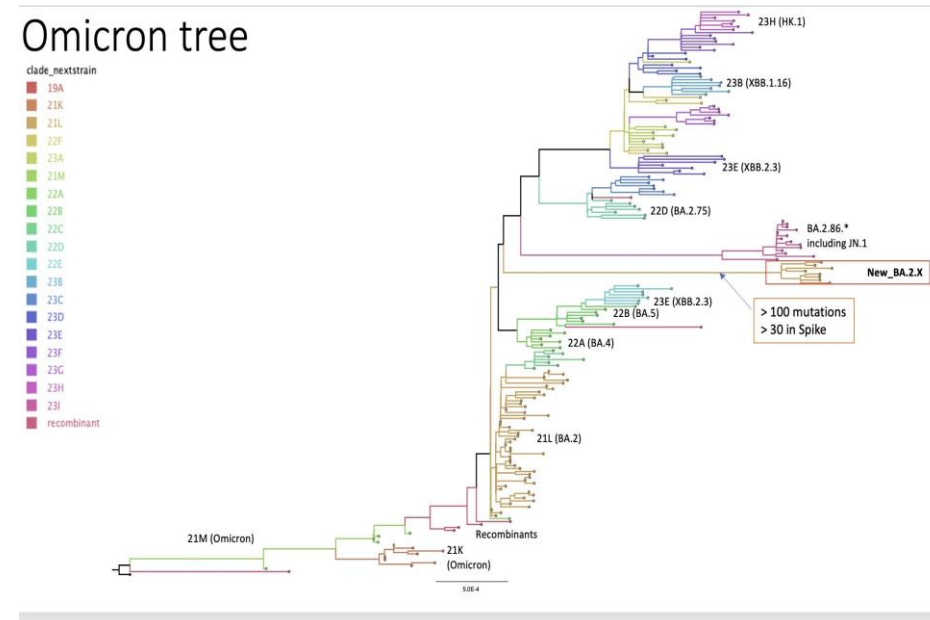




SARS-CoV-2: BA.2.87/BA.2.87.1

- Vzhledem k faktu, že varianta BA.2.87 a BA.2.87.1 vykazuje více než 30 změn v spike proteinu ve srovnání s XBB.1.5, variantou pokrytou současnou monovalentní vakcínou, je tato varianta hodnocena jako monitorovaná (VUM) jak CDC, tak ECDC.
- V Jižní Africe byly případy hlášeny ze tří provincií během 3 měsíců, což naznačuje, že BA.2.87.1 se může šířit mezi lidmi. Zatím však není pozorován nárůst případů c19 v Jižní Africe v důsledku šíření této varianty.
- Neexistují důkazy o snadné transmisibilitě a vyšší míře šíření BA.2.87.
- Zkušenosti s BA.2.86, která rovněž vykazovala nízkou schopnost se šířit mezi lidmi, ale odvozené varianty JN.1 a dalších JN.x se v důsledku malých změn dokázaly velmi rychle rozšířit globálně, jsou důvodem ke monitoringu.

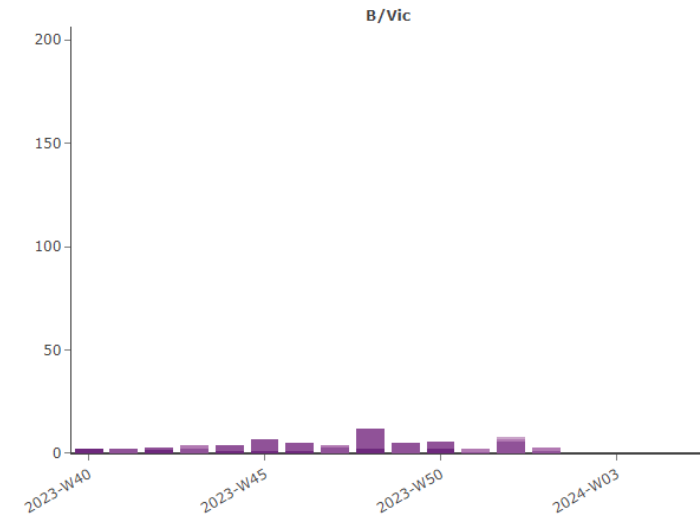
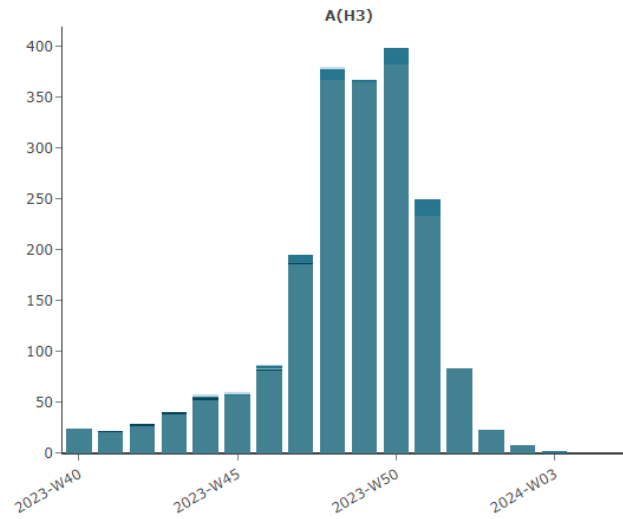
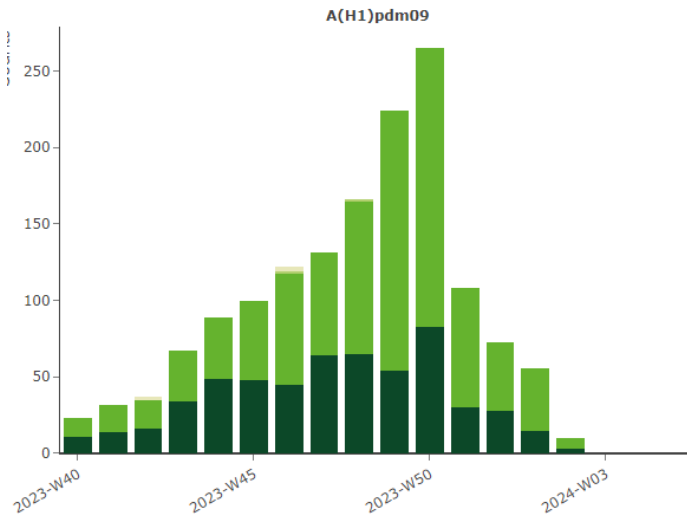
Omicron tree



- A(H1)pdm09_5a.2a.1_A/Victoria/4897/2022
- A(H1)pdm09_5a.2a.1_A/Wisconsin/67/2022
- A(H1)pdm09_5a.2a_A/Sydney/5/2021
- A(H1)pdm09_NOClade
- A(H1)pdm09_SubgroupNotListed

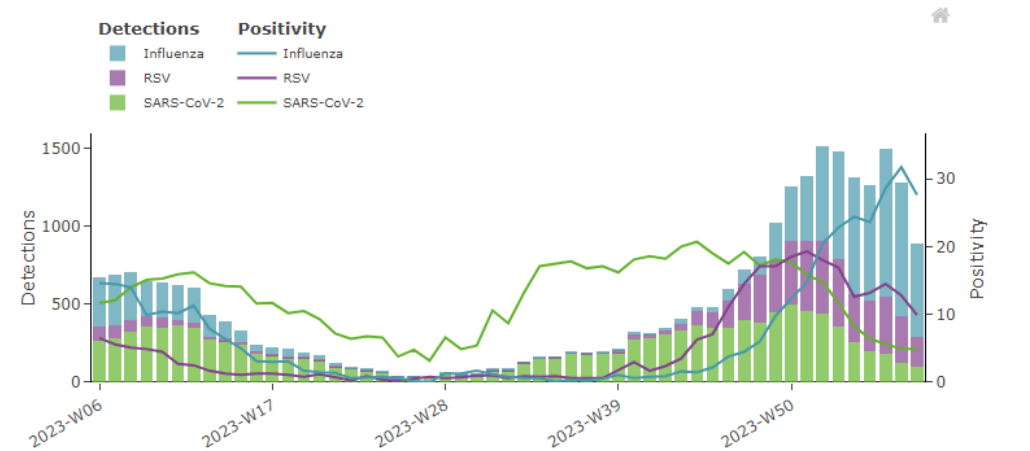
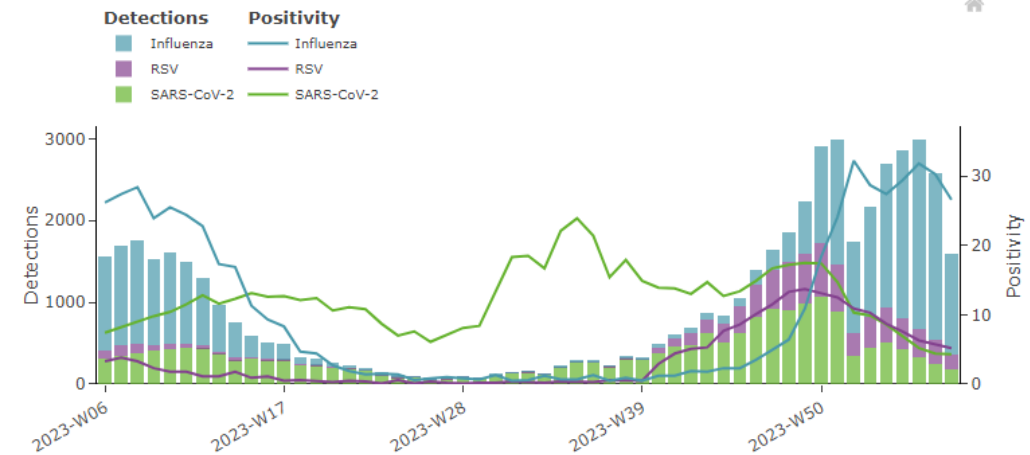
- A(H3)_2a.3a.1_A/Thailand/8/2022
- A(H3)_2a.3a_A/Finland/402/2023
- A(H3)_2a.3b_A/Sydney/732/2022
- A(H3)_2a_A/Darwin/9/2021
- A(H3)_NOClade
- A(H3)_SubgroupNotListed

- B(Vic)_V1A.3a.2_B/Austria/1359417/2021
- B(Vic)_V1A.3a.2_B/Catalonia/2279261NS/2023
- B(Vic)_V1A.3a.2_B/Connecticut/01/2021
- B(Vic)_V1A.3a.2_B/Moldova/2030521/2023



- Detekce viru chřipky se drží nad 10% ECDC epidemickým prahem, a to na 27% ve srovnání s 30 % v předchozím týdnu. Střední míra pozitivity pro 23 zemí byla 32 % (rozmezí: 9 – 82 %) a 18 zemí uvedlo alespoň 10 %. Tento týden byl ve 12 sledovaných zemích pozorován rostoucí trend v pozitivitě chřipky.
- SARS-CoV-2 byl prokázán ve 4 % vzorků, stejně jako v minulém týdnu. Střední míra pozitivity byla pro 22 zemí 4 % (rozsah: 0 %–14 %). Rostoucí trend v pozitivitě SARS-CoV-2 byl tento týden pozorován ve 4 reportujících zemích WHO: ruská federace (13 %), Litva (6 %), Německo (6 %) a Ukrajina (5 %).
- Úroveň RSV pozitivity byla 5 % ve srovnání s 6 % v předchozím týdnu. Střední míra pozitivity pro 19 zemí byla 5 % (rozsah: 0 %–14 %). Rostoucí trend v pozitivitě RSV byl tento týden pozorován v 7 hlásících zemích.

Primary care sentinel testing



- V rámci ARI/ILI virologické sentinel surveillace byl medián positivity testu na úrovni EU/EHP nejvyšší u chřipky, a to 44 % (22–52 %) s pozorovaným rostoucím, klesajícím i stabilním trendem v jednotlivých zemích. 13 hlásících zemí hlásí v primární sentinelové péči aktivitu viru chřipky nad 10 % hranicí. Osmnáct zemí z 20 hlásících hlásí celoplošné šíření sezónní chřipky. Podobný trend zaznamenán i v nonsentinel surveillace.
- Z 907 potvrzených detekcí viru chřipky v sentinelové surveillace představovalo 96 % typ A viru chřipky a 4 % typ B viru chřipky. Z virů chřipky typu A bylo subtypováno 78 % jako A/H1pdm09 a 23 % jako A/H3. 11 pozitivních vzorků chřipky typu B bylo dále určeno jako linie B/Victoria, 24 vzorků viru chřipky typu B nebylo charakterizováno.
- Střední pozitivita SARS-CoV-2 sentinel surveillace byla na úrovni 4 %, stejně jako v minulém týdnu. Incidence klesá od 49. týdne 2023. Stabilní klesající trend incidence SARS-CoV-2 byl zaznamenán ve všech zemích EU/EHP.
- Podíl RSV v sentinel surveillace byl 5 % (sdružený: 6 %; IQR: 3–6). Některé země nadále hlásí zvyšující se pozitivitu v sentinel surveillace a/nebo stoupající nebo zvýšenou pozitivitu v non sentinelové virologické surveillace.

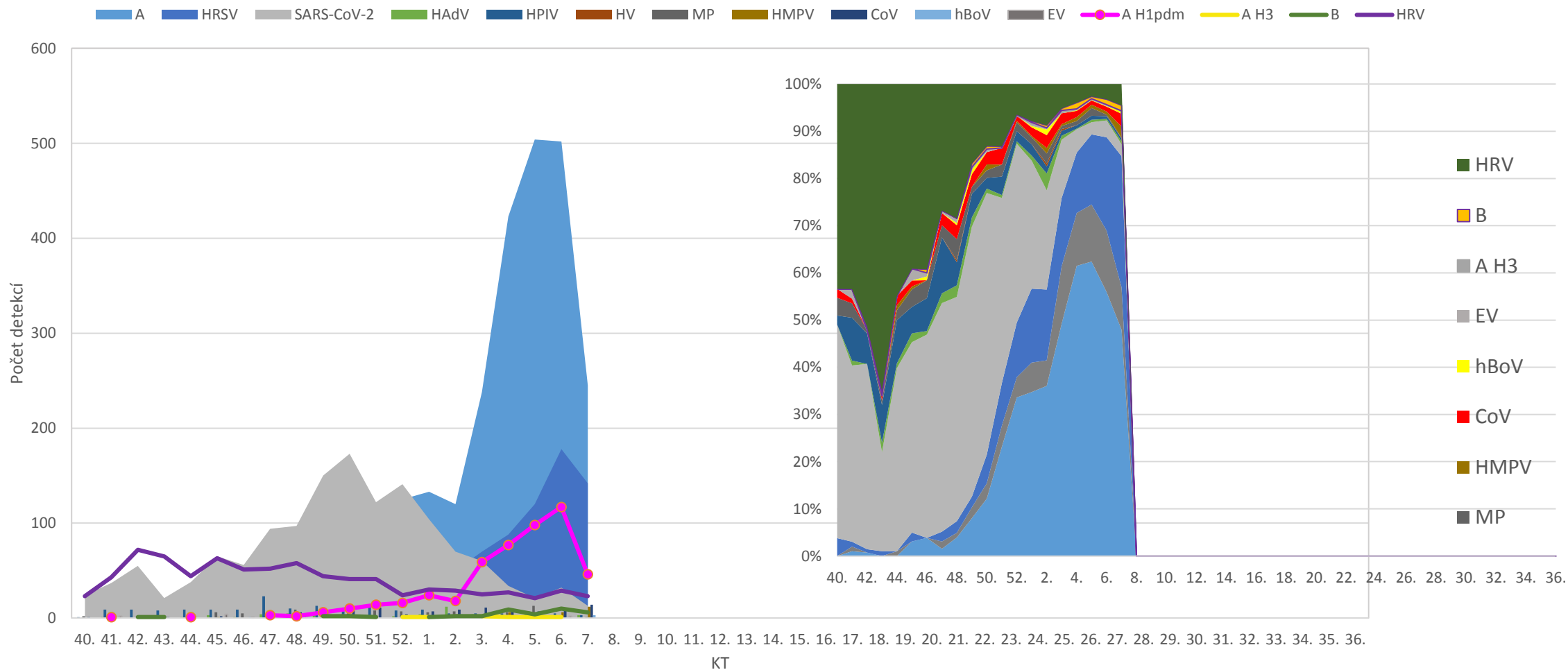
SARI:

- Počty případů závažných akutních respiračních infekcí (SARI) byly vyšší než ve stejném období loňského roku. Šest ze sedmi zemí hlásí všechny 3 patogeny:
- Sezónní chřipka: 19%, s klesajícím trendem
- RSV: pokles na 10 %, nejvyšší výskyt u dětí 0–4 roky, od 52. KT 2023 klesající trend
- SARS-CoV-2: pokles na 6 %
- Celkově od 50. KT 2023 postupně klesaly počty hospitalizací, hospitalizace na JIP a úmrtí. Klesající nebo stabilní trend hlásí všechny reportující země.

- V sentinelové i nonsentinelové virologické surveillace je i v 7. KT jednoznačně dominujícím patogenem virus chřipky typu A (pravděpodobně především A/H1pdm), který byl určen u téměř 55 % pozitivních detekcí. A/H3 v ČR zachycen nebyl a virus chřipky B se držel na nízké úrovni. Druhým majoritně cirkulujícím patogenem je RSV, který byl detekován v necelých 27 % pozitivních vzorků.
- Detekce SARS-CoV-2 má trvale klesající tendenci, byl detekován pouze ve 2,4 % pozitivních vzorků.
- V sentinelové surveillace (výsledky NRL/CHNCH) nadále dominuje cirkulace viru chřipky typu A, převážně A/H1pdm, ale celkový podíl detekcí chřipky A již klesá. Virus chřipky typu B, stejně jako subtyp chřipky A/H3, nebyl prokázán (za 7. KT NRL nedisponuje kompletními daty). Další patogen, který se více uplatnil je HRSV. SARS-CoV-2 byl zachycen pouze v malém procentu pozitivních záchytů. Z virologické surveillace vyplývá, že epidemie chřipky má sestupný charakter.

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)		6. KT	7. KT nekompletní data	7. KT % z pozitivních detekcí
Detekce viru A		502	245	A + H1pdm: 54,6 %
	A H1pdm	117	46	
	A H3	1	0	
	B	10	6	
	HRSV	178	142	26,6 %
	HAdV	3	3	
	HPIV	5	3	
	HV	0	0	
	MP	3	1	
	HMPV	6	12	
	CoV	9	14	
	HRV	29	23	4 %
	hBoV	1	3	
	EV	2	0	
	SARS-CoV-2	32	13	2,4 %
	SM	23	22	
	negativní	1320	1205	
Celkem pozitivních:		921	533	
Celkový počet vyšetření:		2241	1738	



- 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

- Souhrn publikace: Porovnání současné panzoozie (2020–2023) a předchozí vlny infekce (2003–2019)

(Plaza PI, Gamarra-Toledo V, Rodríguez Euguí J, Lambertucci SA. Recent changes in patterns of mammal infection with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus worldwide. *Emerg Infect Dis.* 2024 Mar [date cited]. <https://doi.org/10.3201/eid3003.231098>, DOI: 10.3201/eid3003.231098)

- V současné panzoozii hlásilo 26 zemí více než 48 druhů savců infikovaných virem H5N1; v některých případech virus zasáhl tisíce jednotlivých zvířat. Geografická oblast a počet druhů zasažených současnou událostí jsou podstatně větší než v předchozích vlnách infekce. Nejpravděpodobnějším zdrojem infekce savců v obou obdobích se zdá být úzký kontakt s infikovanými ptáky, včetně jejich pozření. Některé studie naznačují, že přenos ze savce na savce může být zodpovědný za některé infekce.
- Detekované adaptabilní mutace usnadňující přenos na savce: E627K a D701N v polymerázovém bazickém proteinu 2 (PB2-E627K) (PB2-D701N).
- Klinické příznaky H5N1 u savců jsou neurologické a respirační. Tato zjištění naznačují, že virus H5N1 vykazuje u savců neurotropismus, jak je popsáno u ptáků, což způsobuje závažná onemocnění a patologické léze (např. encefalitidu); nekroptické nálezy dokazují nález viru v mozcích infikovaných uhynulých zvířat.
- Ačkoli neurologické a respirační příznaky jsou běžně hlášeny u savců infikovaných H5N1, některé druhy a jednotlivá zvířata vykazují subklinické onemocnění. Například infikovaná prasata (*Sus scrofa domesticus*) z Indonésie, Nigérie a Číny neměla žádné známky chřipky, ale byla pozitivně testována na H5N1 (40–42). Podobně v Rakousku vykazovali infikované domácí kočky asymptomatické infekce. Subklinické infekce jsou znepokojivé, protože je nelze snadno detekovat; infikovaná jednotlivá zvířata mohou přenášet virus na jiné druhy a dokonce i na lidi, což představuje riziko pro ekosystém a lidské zdraví.
- Za největší riziko je považováno ohrožení biodiverzity.
- Aktuální riziko infekce člověka je zatím nízké, ale případný pandemický potenciál viru je třeba nadále monitorovat.

- Nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) v ČR v 7. kalendářním týdnu roku 2024 je na úrovni 1713 nemocných na 100 000 osob, což představuje pokles o 9,9 % oproti minulému týdnu.
- Pokles je evidován ve všech sledovaných věkových skupinách.
- Aktuálně nejvyšší nemocnost je v Jihomoravském a Libereckém kraji.

- Taktéž v kategorii chřipce podobných onemocnění (ILI) je evidován pokles počtu nemocných, konkrétně o 25,4 %. Lze tedy s největší pravděpodobností konstatovat, že **epidemie chřipky již kulminovala a začíná pomalu ustupovat.**

- V rámci aktivního hlášení závažných případů respiračních infekcí (tzv. SARI) bylo v aktuální chřipkové sezoně do 16. 2. 2024 hlášeno celkem 286 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 58 osob infekci podlehl.

- V sentinelové surveillanci (výsledky NRL/CHNCH) nadále dominuje cirkulace viru chřipky typu A, převážně A/H1pdm, ale celkový podíl detekcí chřipky A již klesá. Virus chřipky typu B, stejně jako subtyp chřipky A/H3, nebyl v 7. KT prokázán (za 7. KT NRL nedisponuje kompletními daty). Z virologické surveillancie vyplývá, že epidemie chřipky má sestupný charakter. Další patogen, který se více uplatnil je HRSV. SARS-CoV-2 v NRL zachycen nebyl, v jednotkách případů byly detekovány rhinoviry.
- Charakterizace influenza kmenů: v H1N1pdm převazují detekce odpovídající 5a.2a.1 (odpovídající aktuálnímu vakcinálnímu kmenu) a 5a.2a (odpovídající vakcinálnímu kmenu pro jižní polokouli 2024).
- V sentinelové a nonsentinelové virologické surveillanci zatím stále převažuje záchyt chřipky A, vzestupný trend má výskyt RSV, který byl v 7. KT zachycen u necelých 27 % pozitivních detekcí. Záchyt SARS-CoV-2 nedosahuje ani 3 % ze všech pozitivních záchytů.
- Z virologické surveillancie vyplývá, že epidemie chřipky přetrvává, ale má sestupný charakter, více se uplatňují RSV, rhinoviry a další respirační patogeny. RSV mohou mít vliv na počty hospitalizovaných.
- HPAI A/H5N1: Za největší riziko je považováno ohrožení biodiverzity. Aktuální riziko infekce člověka je zatím nízké, ale případný pandemický potenciál viru je třeba nadále monitorovat. Zvýšený počet ohnisek u drůbeže a nálezy volně žijících uhynulých ptáků jsou pro toto období typické. V letošním roce se nešíří genotyp BB (je pravděpodobné, že populace racků nebude nadále ohrožena), ale nové genotypy DA a DI. Podíl cirkulujících nízké patogenních kmenů (LPAI) ptačí chřipky je předmětem výzkumu.
- *Autoři zprávy: RNDr. Helena Jiřincová, Alena Janypková, MUDr. Radomíra Limberková, MUDr. Jan Kynčl, Ph.D.*