



Zpráva NRL ke dni 29. 04. 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 evropská sekvenační data, aktuální situace	Strana 2 – 5
ARI/ILI Evropa ECDC, WHO v 16. KT	Strana 6 - 7
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR v 17. KT	Strana 8 - 9
CDC/WHO – ptačí chřipka A/H5N1 USA, Indie	Strana 10
Závěr: Ptačí chřipka A/H5N1 v USA; ARI/ILI v Evropě 16. KT a v ČR 17. KT	Strana 11

Zastoupení detekcí sledovaných variant

VOC/VOI

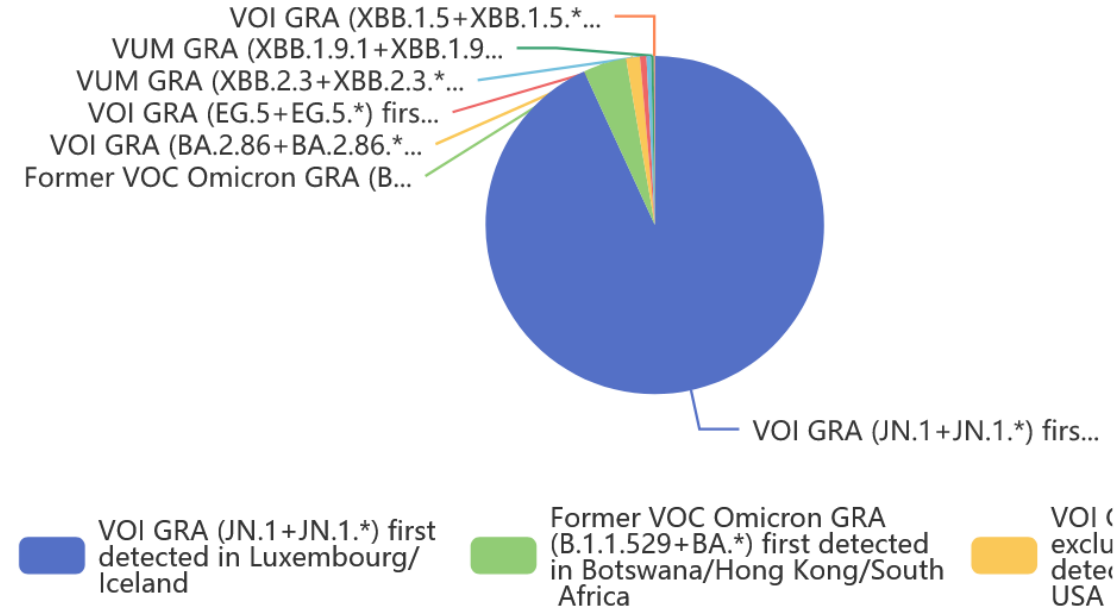
VOI GRA (JN.1+JN.1.x) poprvé detekován v Lucembursku/ Islandu

Omicron GRA (B.1.1.529+BA.x) poprvé detekován v Botswaně/Hong Kongu/JAR

VOI GRA (BA.2.86+BA.2.86.x excluding JN.1, JN.1.x) poprvé detekován v Dánsku/Izraeli/USA



Podíl
93.14%
4.13%
1.32%

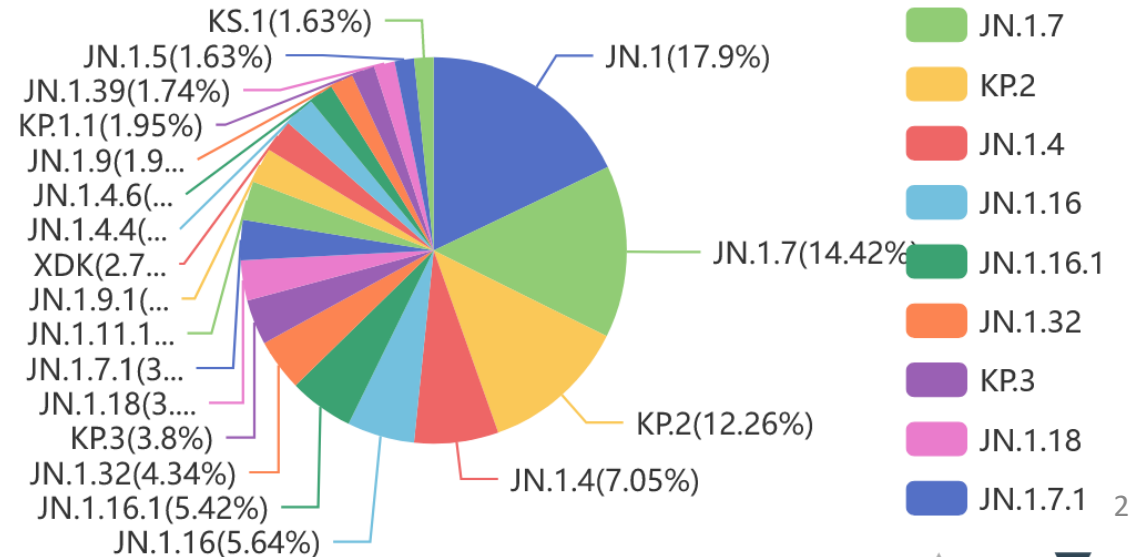


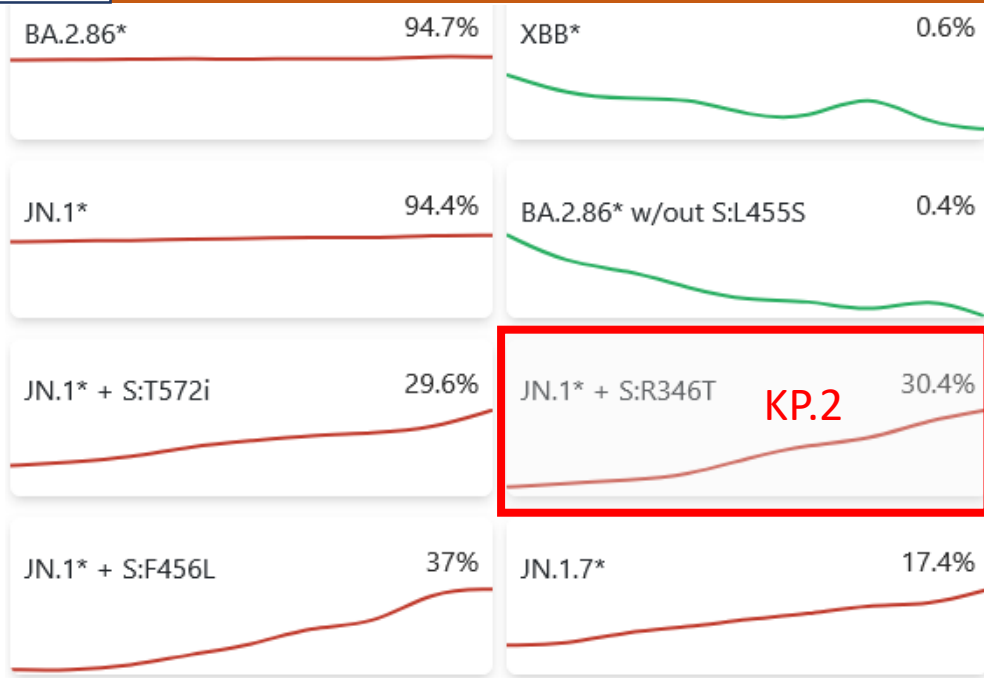
20 nejčtenějších variant v Evropě od 29. 3. 2024
Celkem 1 138 WGS

Dominující varianty

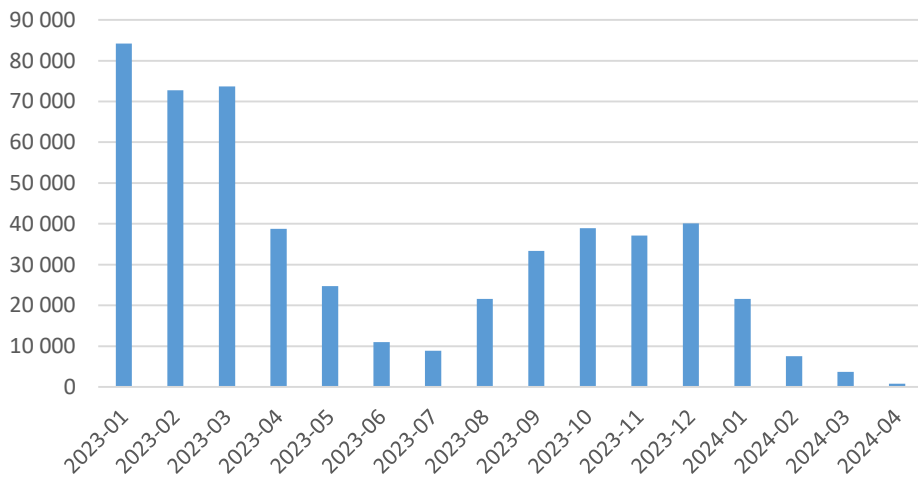
- JN.1 – 17,9 %
- JN.1.7 – 14,42 %
- KP.2 – 12,26 %

VUM KP.x (JN.x + R346T) více než 30,4 %

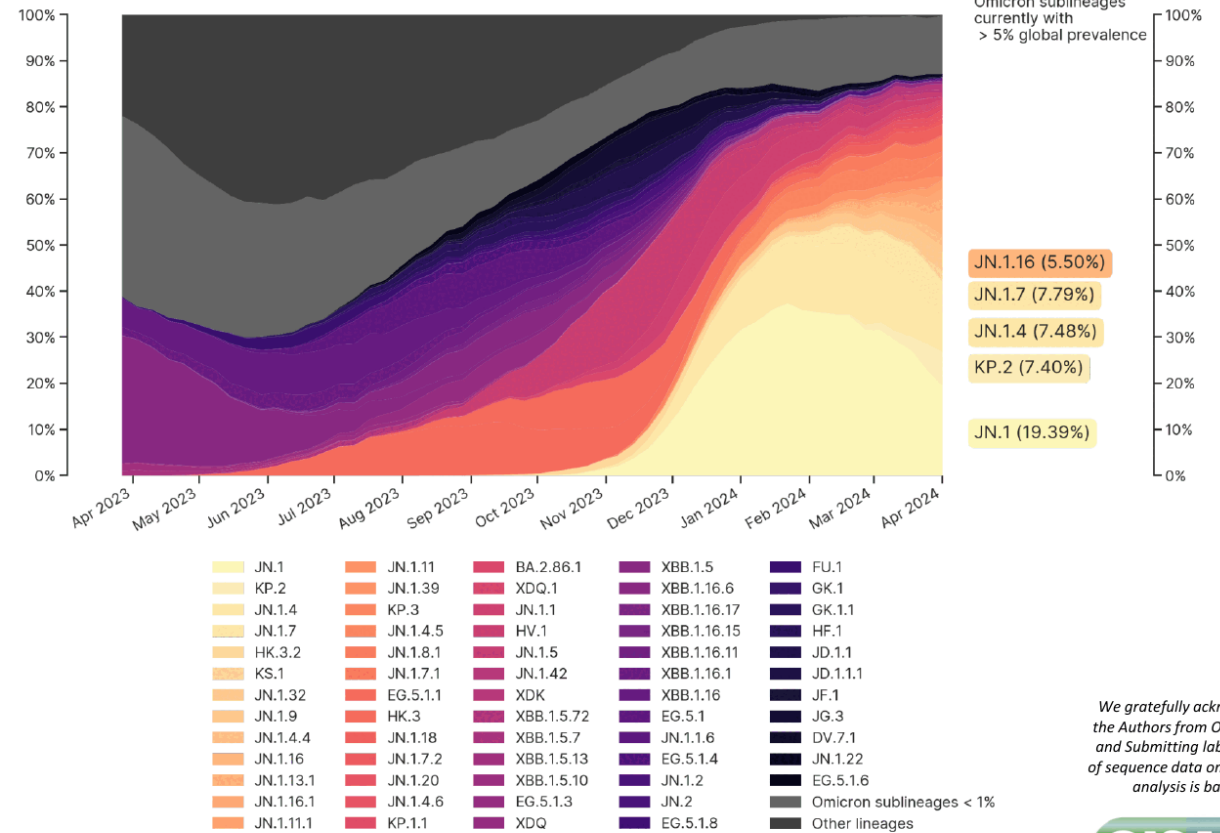




Počet osekvenovaných vzorků za Evropu



Timecourse of Omicron variant sublineage distribution
2024-04-23



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

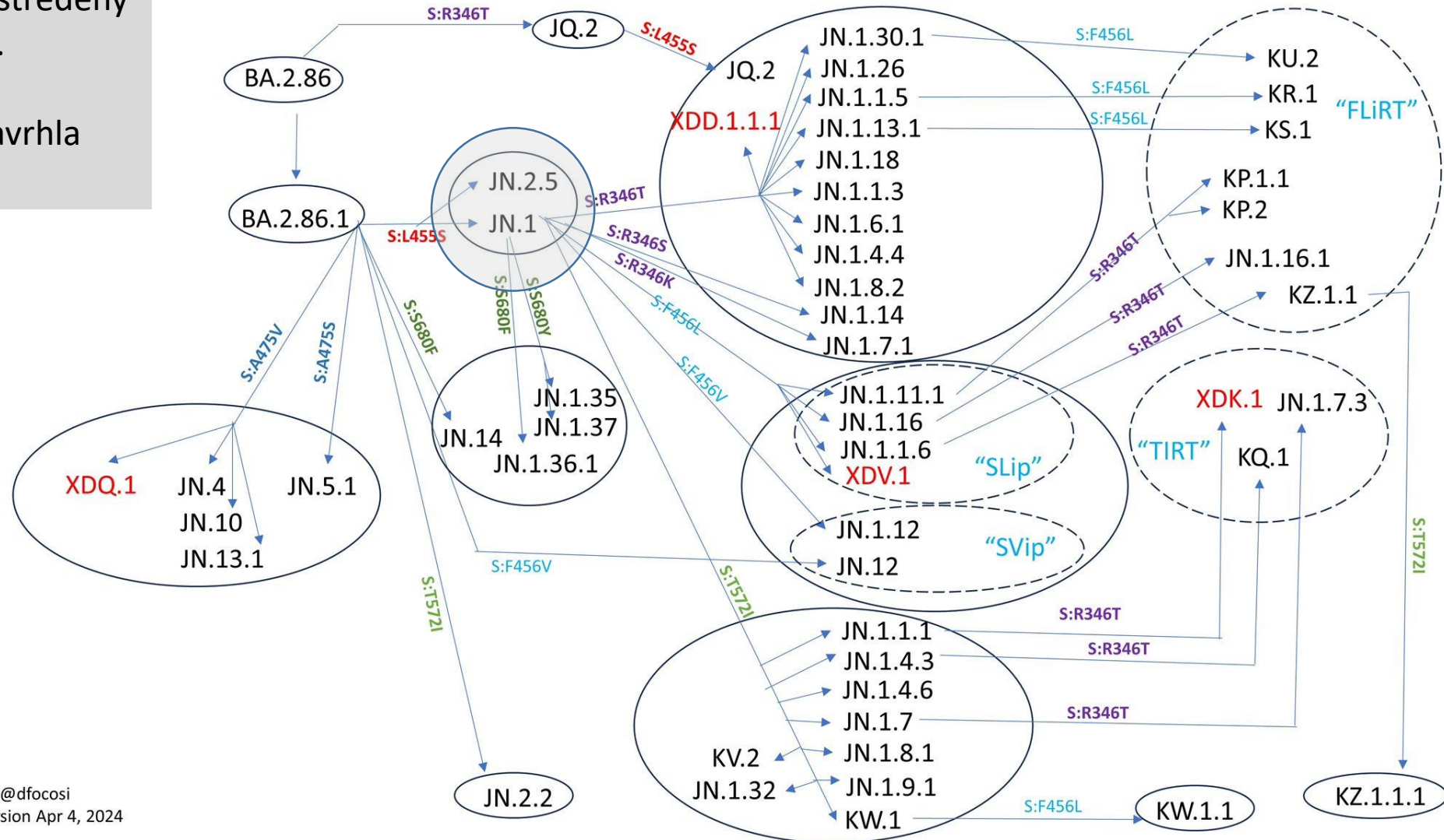
We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



by BII/GIS, A*STAR Singapore

Hlavní mutace ve spike jsou soustředěny na pozicích: 346+455+456+572I.

Jako booster pro další sezónu navrhla WHO JN.1



Spike glycoprotein mutation surveillance 2024-04-23

Changes in the spike glycoprotein for the top 4 spreading lineages based on 9,185 sequences collected in the past 60 days.

Full list at www.gisaid.org/spike



Numbering relative to start
 codon 21,563 in hCoV-
 19/Wuhan/WIV04/2019

- Spike glycoprotein variation found in ≤ 100 sequences
- Spike glycoprotein variation found in >100 sequences
- Spike glycoprotein variation found in ≥ 10% of sequences from the lineage

- Spike glycoprotein variation near host receptor, or other functional annotation
- Insertion/deletion
- Spike glycoprotein variation altering potential N-glycosylation sites

lineage defining mutations: amino acid changes found in ≥ 10% of sequences in the lineage

lineage emerging mutations: amino acid changes found in <10% of sequences in the lineage that are also found in top 50 emerging constellations by Spread and top 20 emerging constellations by Acceleration (See emerging variant analysis for details)

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

- Surveillance v primární a sekundární péči ukazuje, že respirační aktivita ve většině zemí EU/EHP klesla pod základní úroveň.
- Aktivita sezónní chřipky na úrovni EU/EHP nadále klesá:
 - Pět týdnů po sobě zůstala pozitivita chřipky v primární péči v zemích EU/EHP pod 10 %.
 - Většina zemí nyní hlásí bazální nebo nízkou úroveň intenzity chřipky a bazální hodnoty chřipce podobných onemocnění (ILI). Země nadále hlásí různé geografické rozšíření, což naznačuje pokračující heterogenitu chřipkové aktivity.
 - V 16. týdnu představovala chřipka typu B 83 % zjištěných virů chřipky v zemích EU/EHP. Čtyři týdny po sobě bylo detekováno více chřipky B než chřipky A, i když detekce zůstávají nízké a nadále klesají, přičemž pouze jedna země hlásila zvýšenou aktivitu způsobenou chřipkou B.
- Aktivita RSV nadále klesala na nízkou úroveň ve většině hlásících zemí EU/EHP.
- Aktivita SARS-CoV-2 zůstala nízká ve všech zemích EU/EHP.

- Výskyt ARI/ILI onemocnění byl nad bazální úrovní v 6/29 hlásících zemích.
- Úroveň chřipkové aktivity se drží již 3 týdny pod epidemickým prahem.
- Výskyt RSV a SARS-CoV-2 se drží na nízké úrovni.

Charakterizace 6 436 virů chřipky ze sentinelové a nonsentinelové surveillance od začátku respirační sezóny (40 KT. 2023):

A/H1 pdm09: 53 %

- A/Sydney/5/2021 v 69 %
- A/Victoria/4897/2022 v 30 %
- A/Wiscansin/67/2022 v 1%

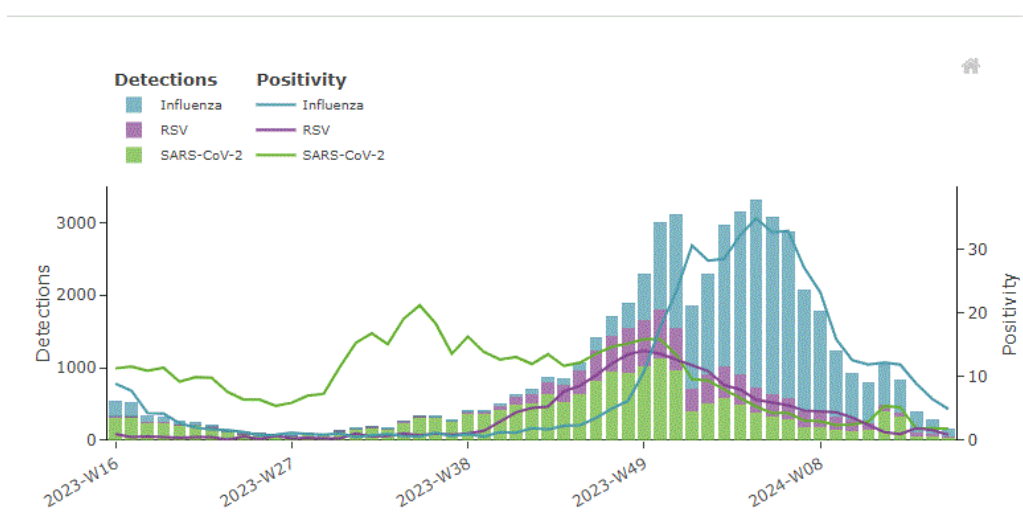
A/H3: 44 %

- A/Thailand/8/2022 v 92 %
- A/Darwin/9/2021 v 7 %

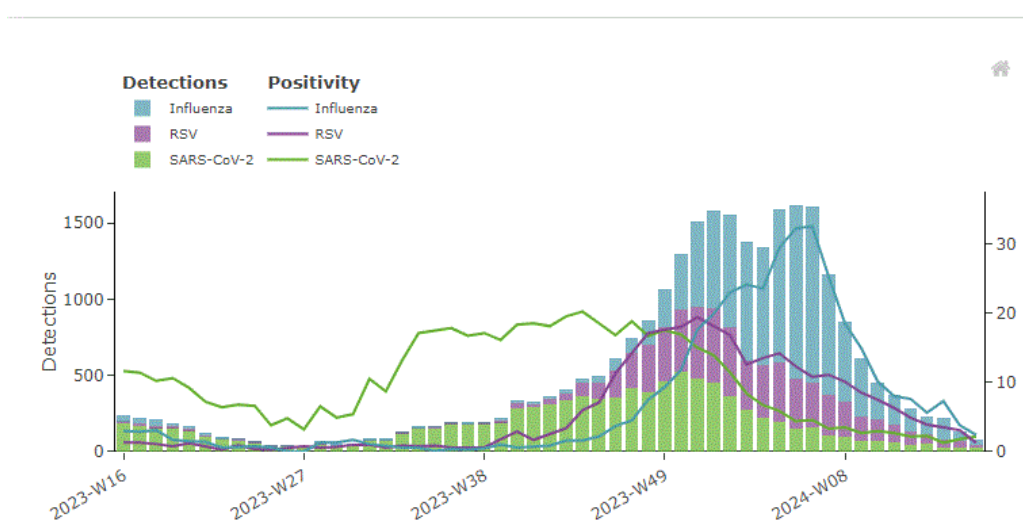
B/Vic: 3 %

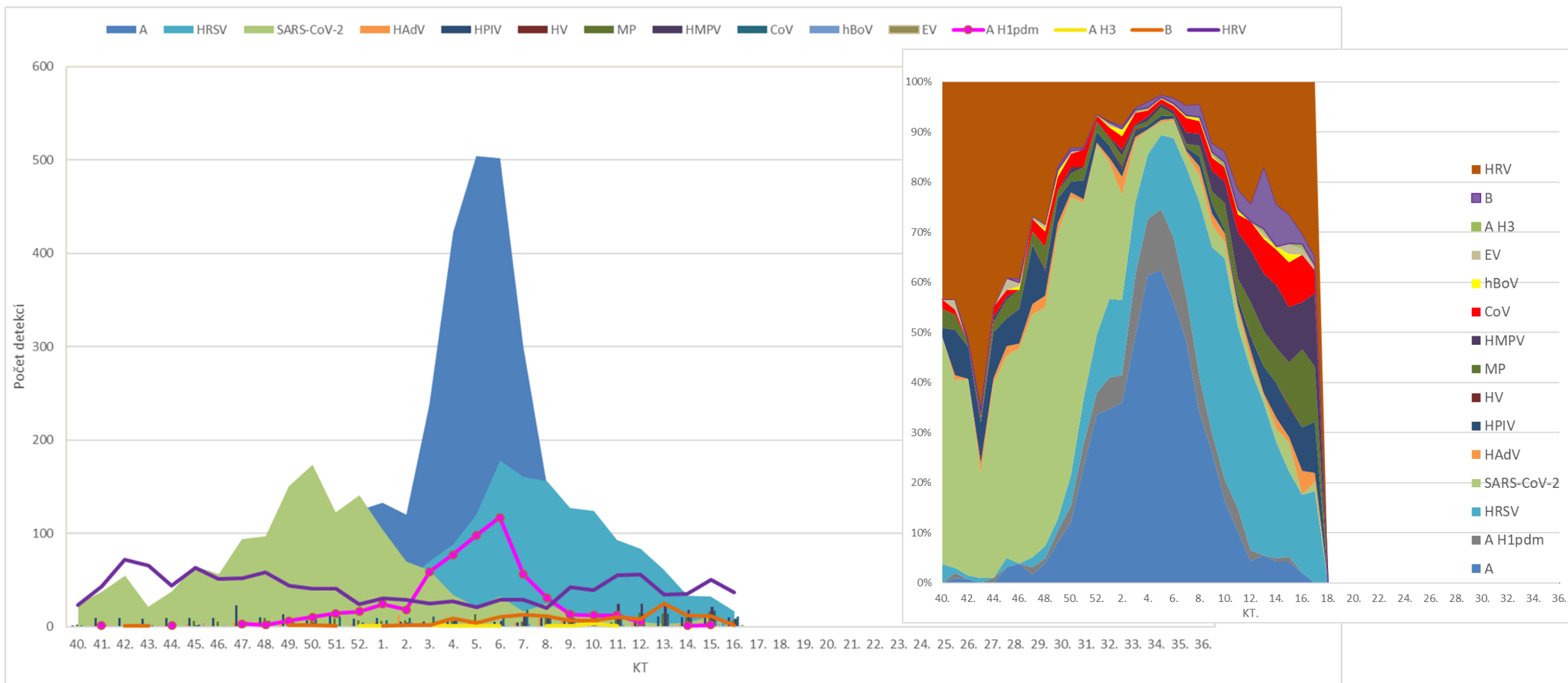
- B/Catalonia/2279261NS/2023 v 62 %
- B/Austria/1359417/2021 v 18 %
- B/Connecticut/01/2021 v 18 %
- B/Moldova/2030521/2023 1 %

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

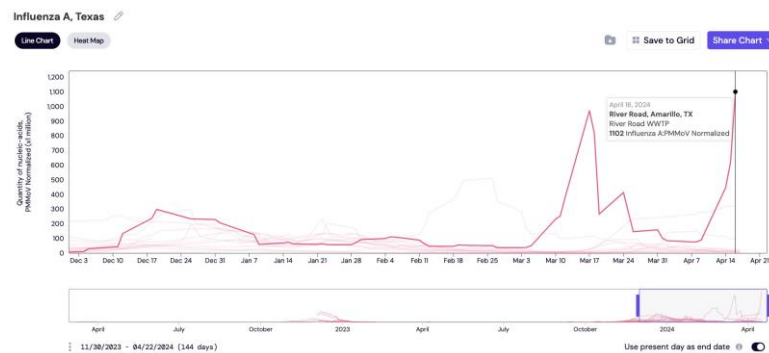
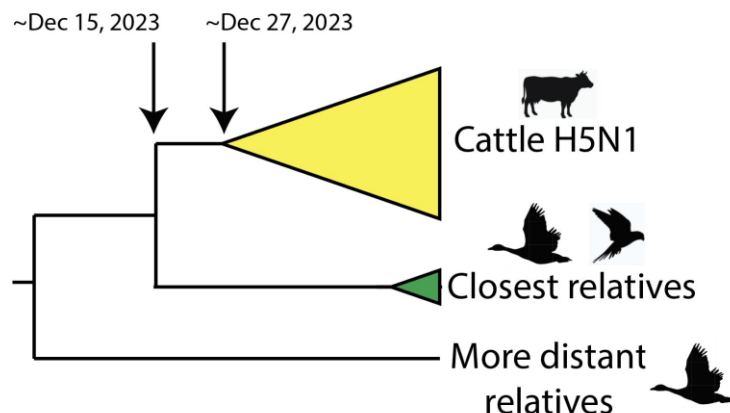
- V kumulované sentinel a nonsentinelové virologické surveillace byl v 17. KT zaznamenán další pokles pozitivních detekcí i počtu vyšetřených vzorků.
- Detekce virů chřipky typu A (včetně subtypů) byla nulová, současně je zaznamenán i pokles detekce virů chřipky B.
- V 17. KT jednoznačně dominovaly rhinoviry (29 %), RSV se drží na podobné úrovni (15 %) jako minulý týden. Stejnou měrou se uplatnily metapneumoviry a mycoplasma pneumoniae (12 %), posledním výrazněji se uplatňujícím patogenem byly viry parainfluenzy (8 %).
- Výrazněji jsou zastoupeny smíšené infekce u 17 % všech pozitivních záchytů.
- SARS-CoV-2 byl detekován pouze u dvou pacientů.

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

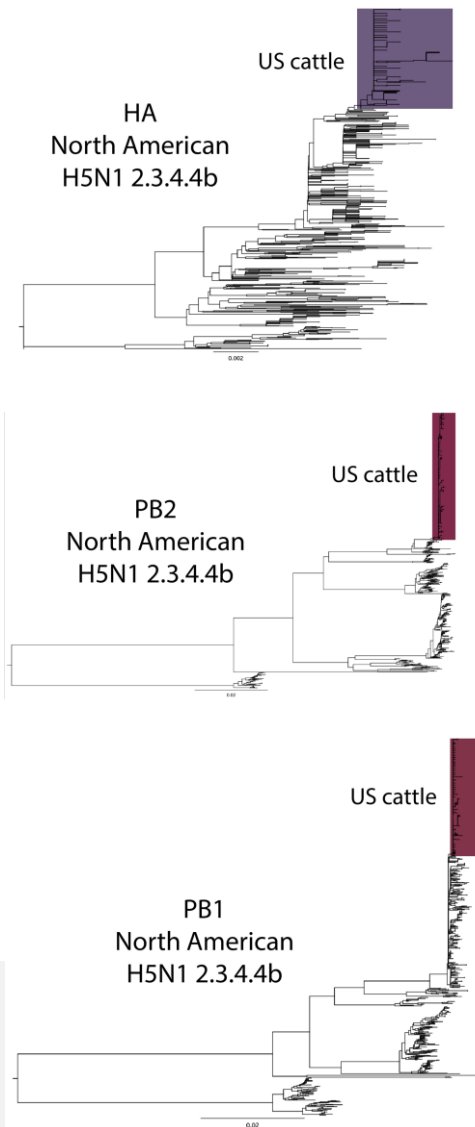
Kalendářní týden (KT)		16.	16. KT úplná data	17.	17. KT neúplná data
Detekce viru	A	3		0	
	A H ₁ pdm	0		0	
	A H ₃	1		0	
	B	3		2	
	HRSV	23	14 %	20	15 %
	HAdV	7		2	
	HPIV	13	8 %	11	8 %
	HV	0		0	
	MP	23	14 %	12	12 %
	HMPV	14	9 %	16	12 %
	CoV	14	9 %	5	
	HRV	45	28 %	38	29 %
	hBoV	0		0	
	EV	2		1	
	SARS-CoV-2	0		2	
	SM	12		22	
	negativní	813	84 %	628	83 %
Celkový počet vyšetření:		973		759	
Celkový počet pozitivních		160		131	

- Virus ptačí chřipky byl prokázán u 33 farem s chovem krav v 8 státech USA.
- Byl prokázán přímý přenos mezi infikovanými zvířaty, jedná se pravděpodobně o monofyletický původ (WGS data), genotyp 3B.13
- V okolí farem bylo potvrzeno 7 detekcí viru u koček, které trpěly neurologickými příznaky.
- Bylo vyšetřeno 150 náhodně vybraných vzorků mléka, 58 z nich (více než třetina), bylo pozitivních na virus chřipky A/H5N1. Z celkové produkce mléka je 99 % pasterizováno, tedy virus A/H5N1 je inaktivován, ale i 1 % představuje poměrně významný možný zdroj infekce.
- Ve státě Texas byla zjištěna v odpadních vodách vysoká koncentrace viru chřipky, aniž by v tomto státě probíhala epidemie ILI. Texas je jedním ze států, kde byl potvrzen virus A/H5N1 ve stádech krav.
- CDC vydalo doporučení k zvýšenému monitoringu virů chřipky ve všech provozech s živočišnou produkcí a doporučení nepoužívat nepasterizované mléko.
- V sekvenčních datech nebyla zjištěna mutace typická pro adaptaci na savce PB E627K, ale byly zjištěny jiné mutace, za nejzávažnější lze považovat NP: Y52H, která umožňuje únik před obranou BTN3A3, PB2: M631L.
- Prevalence RNA v mléce a hodnoty Ct naznačuje vysoké rozšíření viru u krav.
- FAO/WHO/WOAH vydalo předběžné hodnocení rizika v této souvislosti. [2024 04 23 fao-woah-who h5n1 assessment.pdf](https://www.fao.org/press/2024/04/23/fao-woah-who-h5n1-assessment.pdf)
- V souvislosti s velkým ohniskem v Indii zahrnující více než 4 000 ks drůbeže je v karanténě 6 osob s podezřením na infekci virem A/H5N1.

North American H5N1 clade 2.3.4.4b



Podrobnější fylogenetické stromy:
<https://gisaid.org/resources/gisaid-in-the-news/highly-pathogenic-avian-influenza-outbreak-in-the-united-states/>



Ptačí chřipka A/H5N1:

- WHO a CDC upozorňují na šíření viru chřipky ve stádech krav v USA a doporučují zvýšený aktivní monitoring tohoto viru.

ARI/ILI EU/EHP v 16. KT:

- Aktivita sezónní chřipky na úrovni EU/EHP stále klesá, záchyt virů chřipky pod 10 %.
- Aktivita RSV i SARS-CoV-2 ve většině zemí EU/EHP nadále dosahovala nízké úrovně.

ARI/ILI ČR v 17. KT:

- V kumulované sentinel a nonsentinelové virologické surveillanci byl zaznamenán další pokles pozitivních detekcí i počtu vyšetřených vzorků. Detekce virů chřipky typu A byla nulová, současně je zaznamenán i pokles detekce virů chřipky B.
- Jednoznačně dominovaly rhinoviry (29 %), RSV se drží na podobné úrovni (15 %) jako minulý týden. Stejnou měrou se uplatnily metapneumoviry a mycoplasma pneumoniae (12 %), posledním výrazněji se uplatňujícím patogenem byly viry parainfluenzy (8 %).
- Výrazněji jsou zastoupeny smíšené infekce, které tvořily 17 % všech pozitivních záchytů.
- SARS-CoV-2 byl detekován pouze u dvou pacientů.