



# Zpráva NRL ke dni 13. 5. 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 – 3
SARS-CoV-2 „FLiRT varianty“	Strana 4 - 6
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR v 19. KT	Strana 7 - 8
CDC/WHO – ptačí chřipka A/H5N1 USA	Strana 9
Závěr: Ptačí chřipka A/H5N1 v USA; ARI/ILI v ČR 19. KT	Strana 10

S ohledem na nízký výskyt respiračních onemocnění nebude od 20. KT vydávaná zpráva z NRL v týdenním režimu.

Zpráva NRL bude vydávána v případě výskytu mimořádných událostí.

Děkujeme všem PL, PLDD a KHS zapojených do sentinelové surveillance respiračních virů za spolupráci.



# SARS-CoV-2: Evropa distribuce variant k 13. květnu 2024

## 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

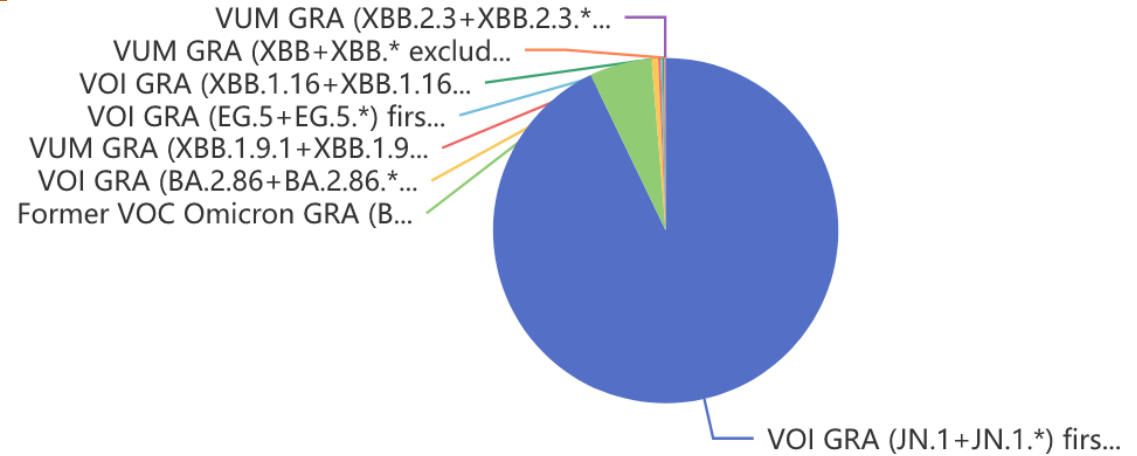


Podíl

92.85%

5.83%

0.62%

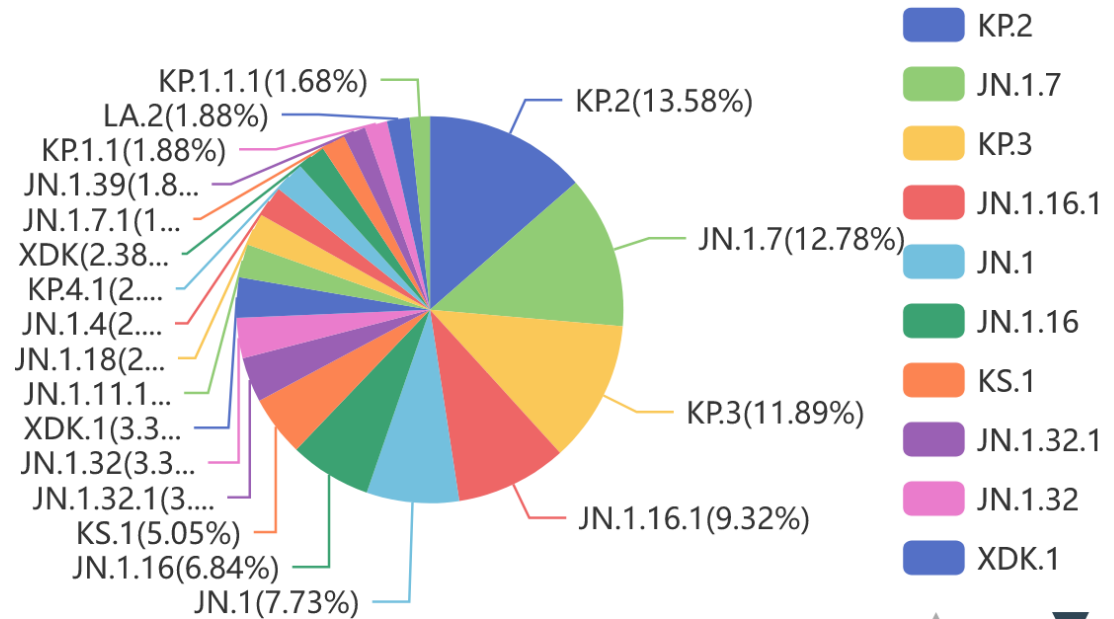


20 nejčtenějších variant v Evropě od 13. 4. 2024  
Celkem 1 287 WGS

## Dominující varianty

- KP.2 – 13,58 %
- JN.1.7. – 12,78 %
- KP.3 – 11,89 %

VUM KP.x (JN.x + R346T) více než 41,7 %

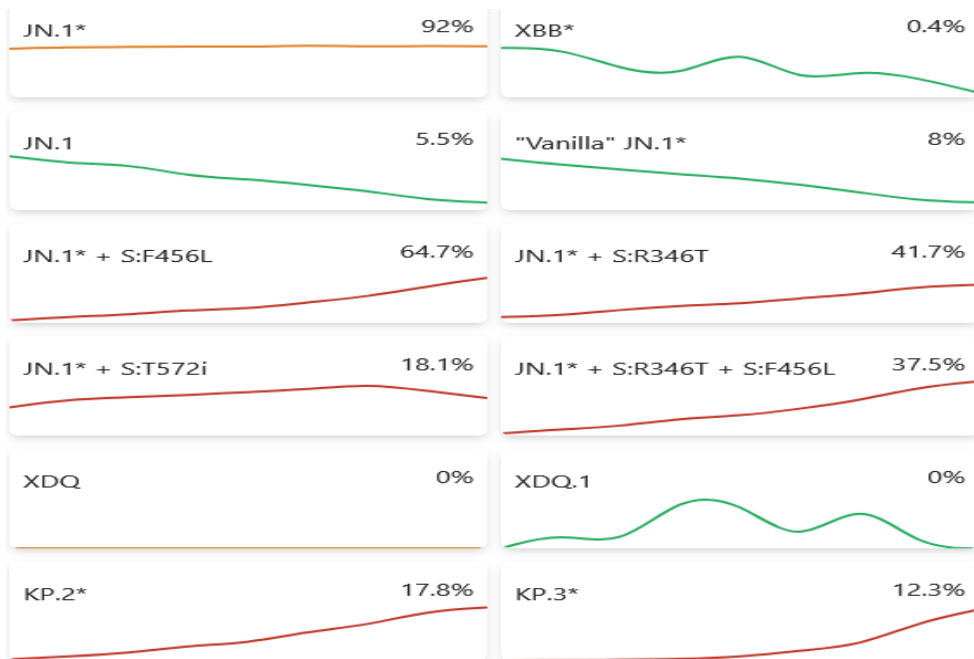
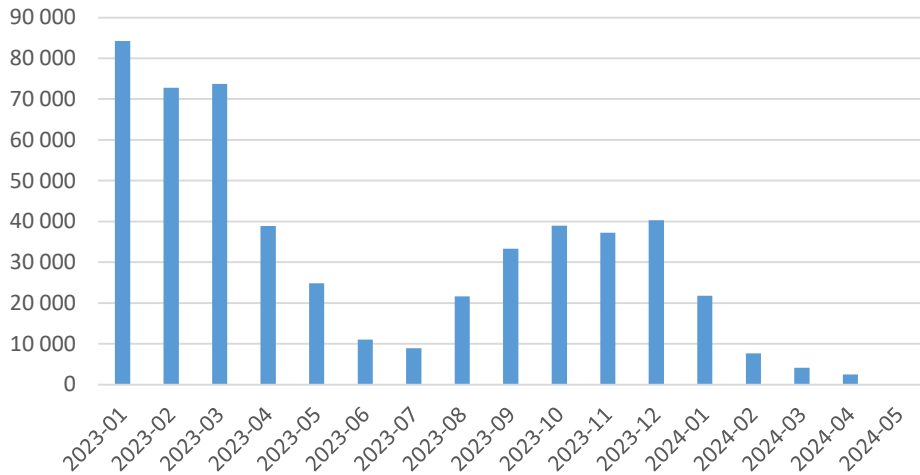


Zdroj: <https://www.epicov.org/epi3/frontend#484f9b>

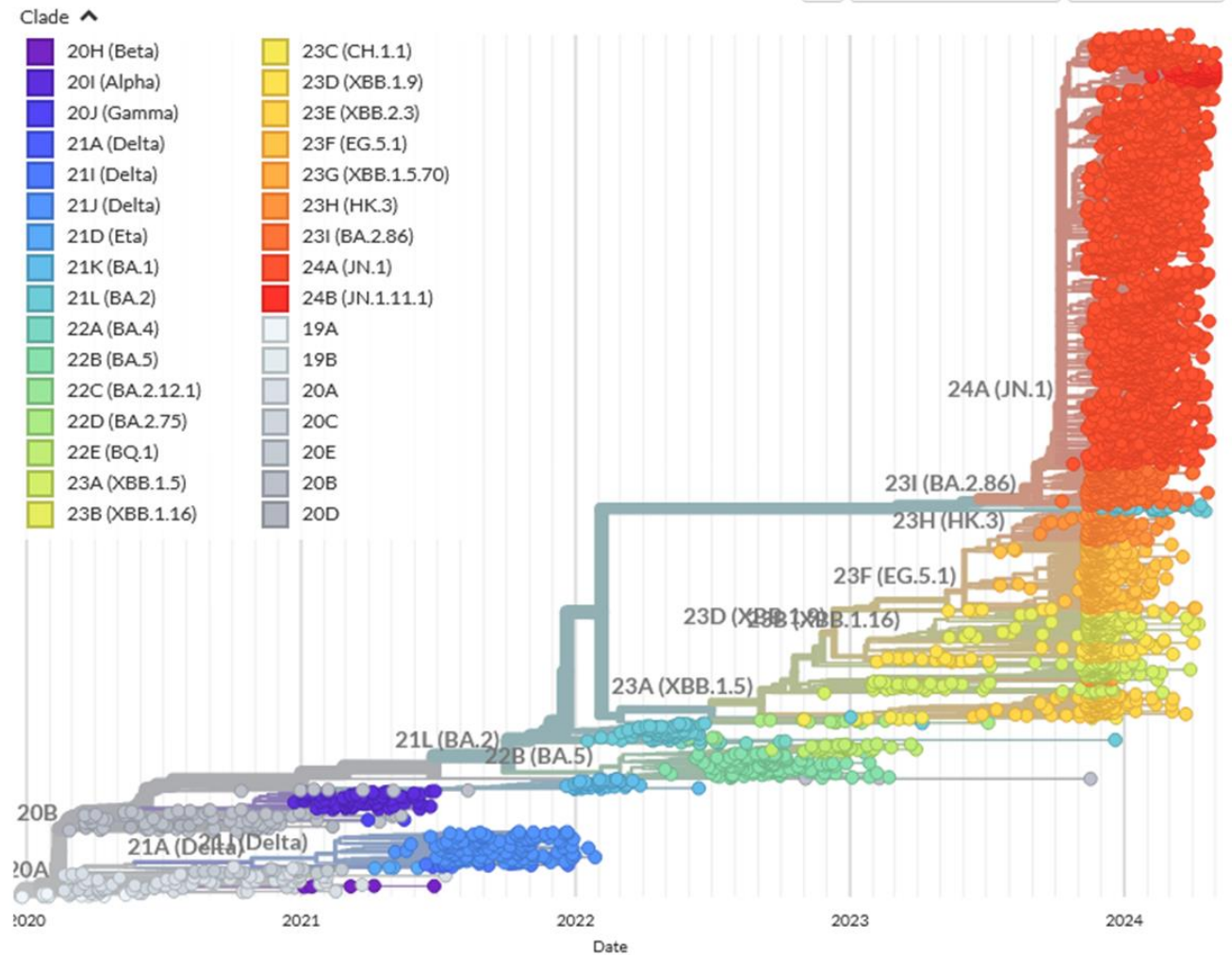


# SARS-CoV-2: Evropa – počty WGS k 13. 5. 2024

### Počet osekvenovaných vzorků za Evropu



### Phylogeny



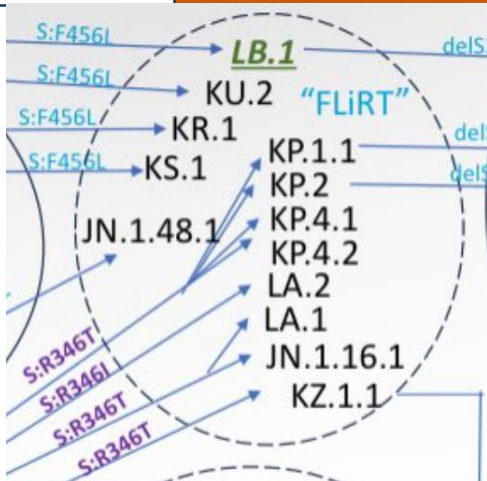
Zdroj: <https://cov-spectrum.org/explore/Europe/AllSamples/Past6M>  
<https://nextstrain.org/ncov/gisaid/europe/6m>



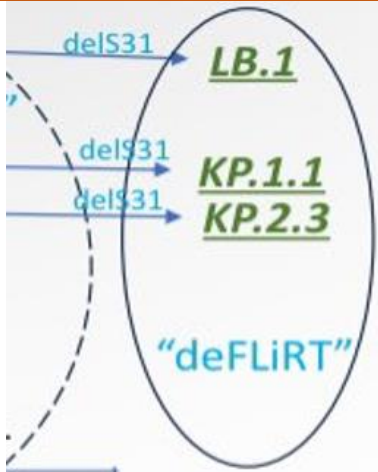


# SARS-CoV-2: význam zkratky FLiRT

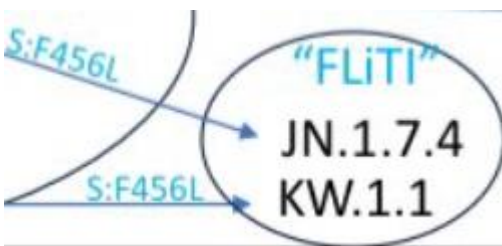
1



2



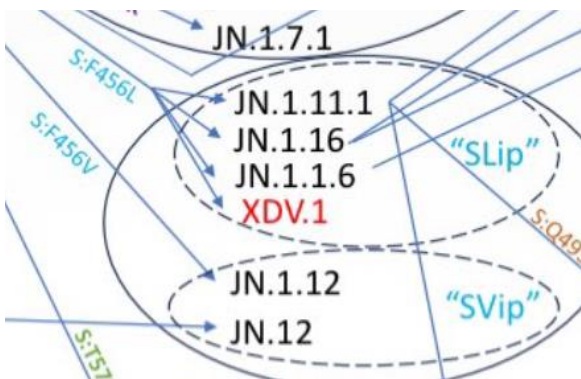
3



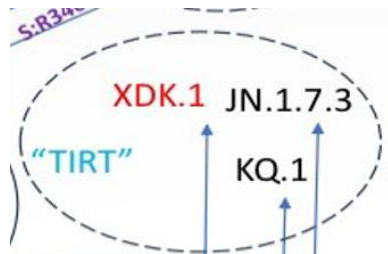
4



5



6



V minulém týdnu se v médiích objevilo mnoho zpráv o tom, že se vědci obávají nové FLiRT varianty. Jedná se o skupinu variant, nesoucí charakteristické mutace vyjádřené jako změna aminokyseliny na definované pozici spike proteinu.

1. Každá aminokyselina má jednopísmenný kód, pokud dekódujeme zkratku FLiRT (obr 1):
  - FL znamená záměnu fenyalaninu na pozici 456 za leucin
  - RT záměnu argininu na pozici 346 za threonin
3. Tyto konvergentní mutace nese několik variant LB.1, KP1.x až KP.4.2, JN.1.16.1, a další.
4. Podobně jsou značeny i jiné skupiny variant charakterizované významnými aminokyselinovými záměnami (mutacemi) - deFLiRT, FLiTI, FLiRTTI, Slip, Svip, TIRT (obr 2 – 6)
5. Tzv. důvodem k obavám byla změna ve spike vedoucí k úniku před protilátkami indukovanými předchozí vakcínou XBB.1.5.
6. Proto byl navržen nový vakcinální kmen (viz str. 6).

SYMBOL		
1-Letter	3-Letter	AMINO ACID
Y	Tyr	tyrosine
G	Gly	glycine
F	Phe	phenylalanine
M	Met	methionine
A	Ala	alanine
S	Ser	serine
I	Ile	isoleucine
L	Leu	leucine
T	Thr	threonine
V	Val	valine
P	Pro	proline

SYMBOL		
K	Lys	lysine
H	His	histidine
Q	Gln	glutamine
E	Glu	glutamic acid
Z	Glx	Glu and/or Gln
W	Trp	tryptophan
R	Arg	arginine
D	Asp	aspartic acid
N	Asn	asparagine
B	Asx	Asn and/or Asp
C	Cys	cysteine
X	Xaa	Unknown or other

## **EMA doporučila aktualizovat složení vakcíny proti covid-19 pro nadcházející podzimní sezónu 2024/2025**

Pracovní skupina pro mimořádné události Evropské lékové agentury (EMA's Emergency Task Force) dne 30.4.2024 doporučila pro podzimní očkovací kampaň roku 2024/2025 aktualizovat vakcíny proti covid-19 tak, aby se zaměřovaly na **novou variantu SARS-CoV-2 označenou JN.1**.

Subvarianta viru JN.1 patří do rodiny BA.2.86 Omicron subvariant, která je antigenně vzdálená od varianty XBB a od dříve cirkulujících variant. V současné době se JN.1 diferencuje a vyvíjí do nové skupiny driftových variant. Zatím nejsou k dispozici informace, že by subvarianta JN.1 způsobovala jiné příznaky než předchozí varianty covidu-19. V rámci rozhodování se posuzovaly důkazy o účinnosti stávajících očkovacích látek zaměřených na XBB.1.5, údaje o epidemiologii a vývoji variant viru, studie na zvířatech a lidech týkající se zkřížené neutralizace vyvolané vakcínami proti XBB proti nově se objevujícím variantám virů a studie na zvířatech s kandidátními vakcínami obsahujícími subvariantu viru JN.1.

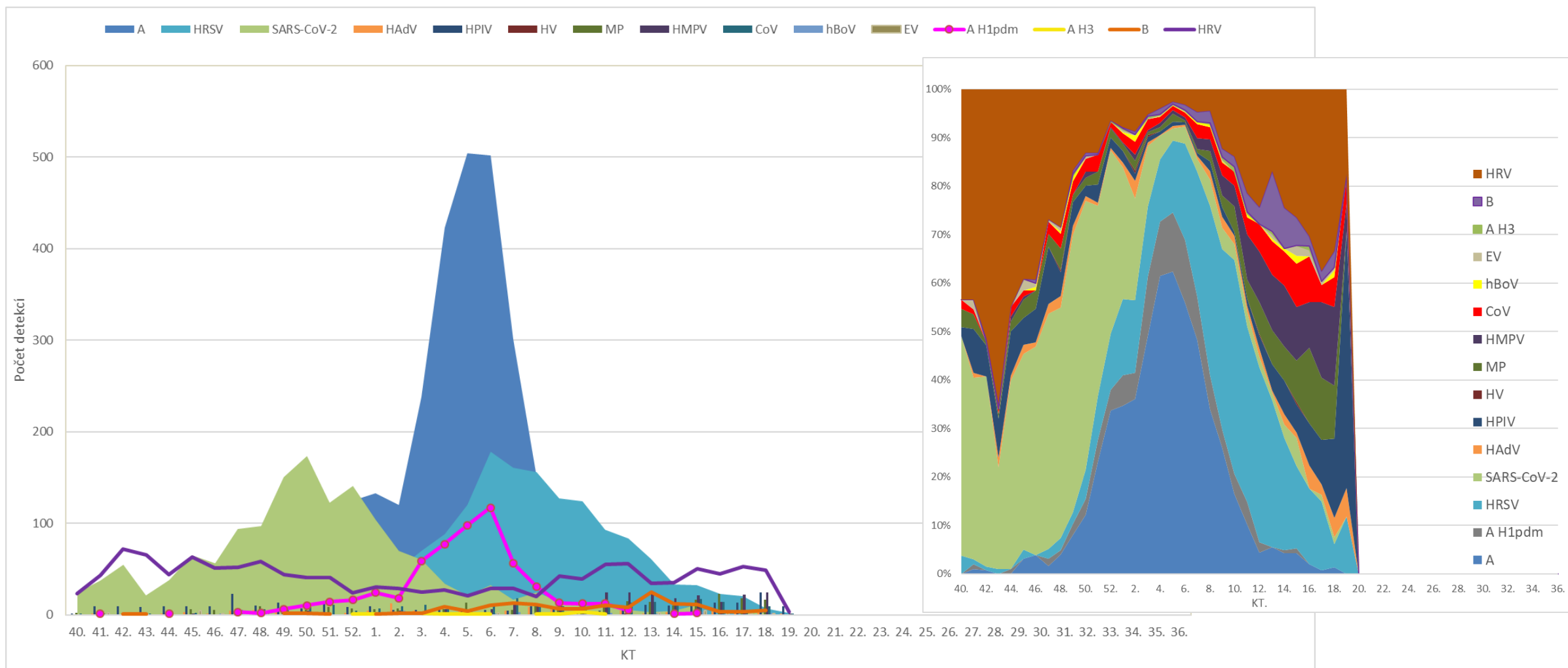
Od prvního schválení covidové vakcíny v roce 2020 se bude jednat již o třetí změnu ve složení původní vakcíny.

Zdroj: <https://www.vakcinace.eu/novinky/ema-doporučila-aktualizovat-slozeni-vakciny-proti-covid-19-pro-nadchazejici-podzimni-sezonu-20242025>

**WHO Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines (<https://www.who.int/news/item/26-04-2024-statement-on-the-antigen-composition-of-covid-19-vaccines>)**

Booster vakcína XBB.1.5 byla poslední aktualizací vakcíny proti covid-19. Varianta XBB.1.5. (Kraken), globálně dominovala od jara 2023, a přestože byla postupně vystřídána variantami XBB.2.3, XBB.1.16, FL.1.5.1, EG.5.1 (Erik), a BA.2.86 (Pirola) odvozenými variantami, protilátky indukované touto vakcínou měly významný virus neutralizační potenciál. S evolucí viru směrem k úniku před protilátkami, byl pro tento virus neutralizační potenciál snížen. Proto byla pro další výrobu doporučena nová varianta JN.1. Některé vědecké skupiny doporučují pro příští vakcínu vybrat také jednu z variant ze skupiny FLiRT.

<https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2024.101445>



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 sentinelové a nonsentinelové virologické surveillanci byl v 19. KT zaznamenán další pokles pozitivních detekcí i počtu vyšetřených vzorků.
- Celkem bylo vyšetřeno 96 vzorků, z nichž 78 bylo negativních.
- Převažujícím respiračním patogenem byly viry parainfluenzy.
- Viry chřipky ani SARS-CoV-2 detekovány nebyly.

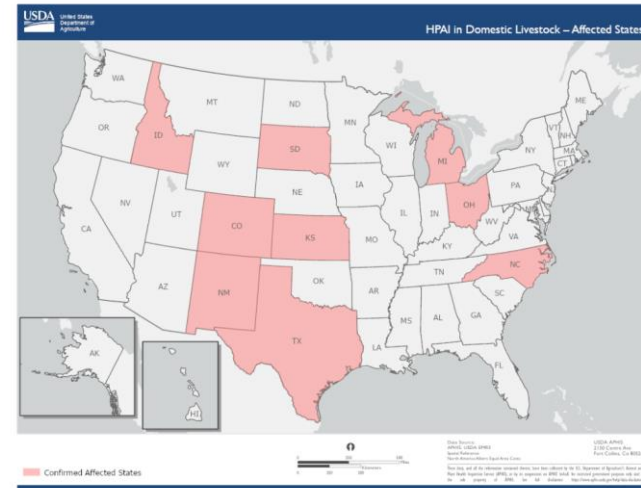
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Kalendářní týden (KT)		18. KT	19. KT (neúplná data)
Detekce viru	A	2	2
	A H <sub>1</sub> pdm		
	A H <sub>3</sub>		
	B	5	4
	HRSV	7	8
	HAdV	6	4
	HPIV	24	16
	HV		
	MP	16	11
	HMPV	24	11
	CoV	9	3
	HRV	49	47
	hBoV	2	
	EV	1	
	SARS-CoV-2	2	3
	SM	23	5
	negativní	520	2
<b>Celkový počet vyšetření:</b>		<b>690</b>	<b>672</b>



# H5N1 – detekce viru v USA

V USA stoupl počet stád nakažených dojnic z 39 v minulém týdnu na 42. Virus je rozšířen a znepokojivý je fakt, že krávy nesou ve tkáních mléčné žlázy jak savčí tak ptačí receptor pro virus, otázkou je, zda může dojít k adaptaci u krav stejně jako v rámci infekce prasete, kdy prase nese oba typy receptorů na epitelu trachey. U některých vzorků ve stádech z Texasu a Kansasu byly zjištěny adaptační mutace v jednom z genů polymerázového komplexu: M631L a E627K (zdroj CDC a GISAID). V souvislosti s touto epizooií bylo otestováno 260 osob, pouze v jednom případě byla zjištěna pozitivita A/H5N1 s mírnými klinickými příznaky (konjunktivitis)



Stát	Počet stád
Colorado	2
Idaho	3
Kansas	4
Michigan	10
New Mexico	8
North Carolina	1
Ohio	1
South Dakota	1
Texas	12
Celkový součet	42

## PB2 Mutational Profile - H5N1 Clade 2.3.4.4b - USA by [Raj Rajnarayanan](#)

### PB2 Mutation Profile of all the uploaded H5N1 Clade 2.3.4.4b sequences in GISAID in 2024 | USA

State	Subtype	Species	Collection Date	Submission Date	List of mutations
Kansas	A/H5N1	dairy cattle	2024-04	4/27/2024	T58A, V109I, V139I, K389R, D441N, V478I, V495I, E627K, M631L, V649I, M676A
Missouri	A/H5N1	turkey	2024-02-07	2024-05-02	V139I, R251K, V344M, K353R, K389R, V478I, M570I, E627K, K663R, V667I, M676T
			2024-02-17	2024-05-02	Q75H, V139I, R251K, V344M, K353R, K389R, V478I, M570I, E627K, K663R, V667I, M676T
					V139I, R251K, V344M, K353R, K389R, V478I, M570I, E627K, K663R, V667I, M676T
Texas	A/H5N1	Human	2024-03-28	2024-04-02	T58A, V109I, V139I, K389R, D441N, V478I, V495I, E627K, V649I, M676A
Washington	A/H5N1	skunk	2024-02-23	2024-05-02	ins53P, ins53stop, ins53L, ins53M, ins53C, ins53R, ins53E, ins53Q, V139I, Q194K, R251K, K353R, K389R, V478I, E627K, K663R, V667I, M676T
					V139I, Q194K, R251K, E341G, K353R, K389R, V478I, E627K, K663R, V667I, M676T
					V139I, Q194K, R251K, K353R, K389R, V478I, E627K, K663R, V667I, M676T

State

Species

PB2 E627K

PB2 M631L

Reference template (best overall AA identity/coverage): PB2: A/Duck/Guangdong/E1/2012 & HA: A/American wigeon/South Carolina/22-000345-001/2021

Note: Includes all H5N1 Clade 2.3.4.4b sequences submitted to GISAID with submission dates on or after 01/01/2024

Link to dashboards: [Profile - raj rajnarayanan | Tableau Public](#) | #NYITCOMResearch

Sequence data provided on this Viz are subject to GISAID's Terms and Conditions: <https://www.gisaid.org/registration/terms-of-use/> | We gratefully acknowledge all the data contributors, ie., the authors, from the Originating laboratories responsible for obtaining the specimens and the Submitting laboratories where genetic sequence data were generated and shared via the GISAID Initiative, on which this research is based.

## **Ptačí chřipka A/H5N1 v USA:**

V USA stoupl počet stád dojnic ze 39 v minulém týdnu na 42. Virus je rozšířen a znepokojivý je faktem je, že krávy nesou ve tkáních mléčné žlázy jak savčí tak ptačí receptor pro virus. Je tedy otázkou, zda může v mléčné tkáni krav dojít k další adaptaci viru na savce, tedy podobné situaci jako v trachee u prasat.

**ARI/ILI WHO a EU/EHP v 18. KT:** informace nejsou k dispozici

## **ARI/ILI ČR v 19. KT:**

- V nonsentinelové virologické surveillanci byl zaznamenán další pokles pozitivních detekcí i počtu vyšetřených vzorků. Dominují rhinoviry, ale nelze přehlížet cirkulaci RSV, virů parainfluenzy a metapneumovirů. Ojedinele byly detekovány viry chřipky a SARS-CoV-2. V sentinelové surveillanci bylo vyšetřeno 96 vzorků, z nichž 78 bylo negativních. Převažujícím respiračním patogenem byly viry parainfluenzy. V omezené míře cirkulují rhinoviry a letos epidemicky významnější metapneumoviry. V jednom případě byl detekován SARS-CoV-2.