



Zpráva NRL ke dni 23. 9. 2024

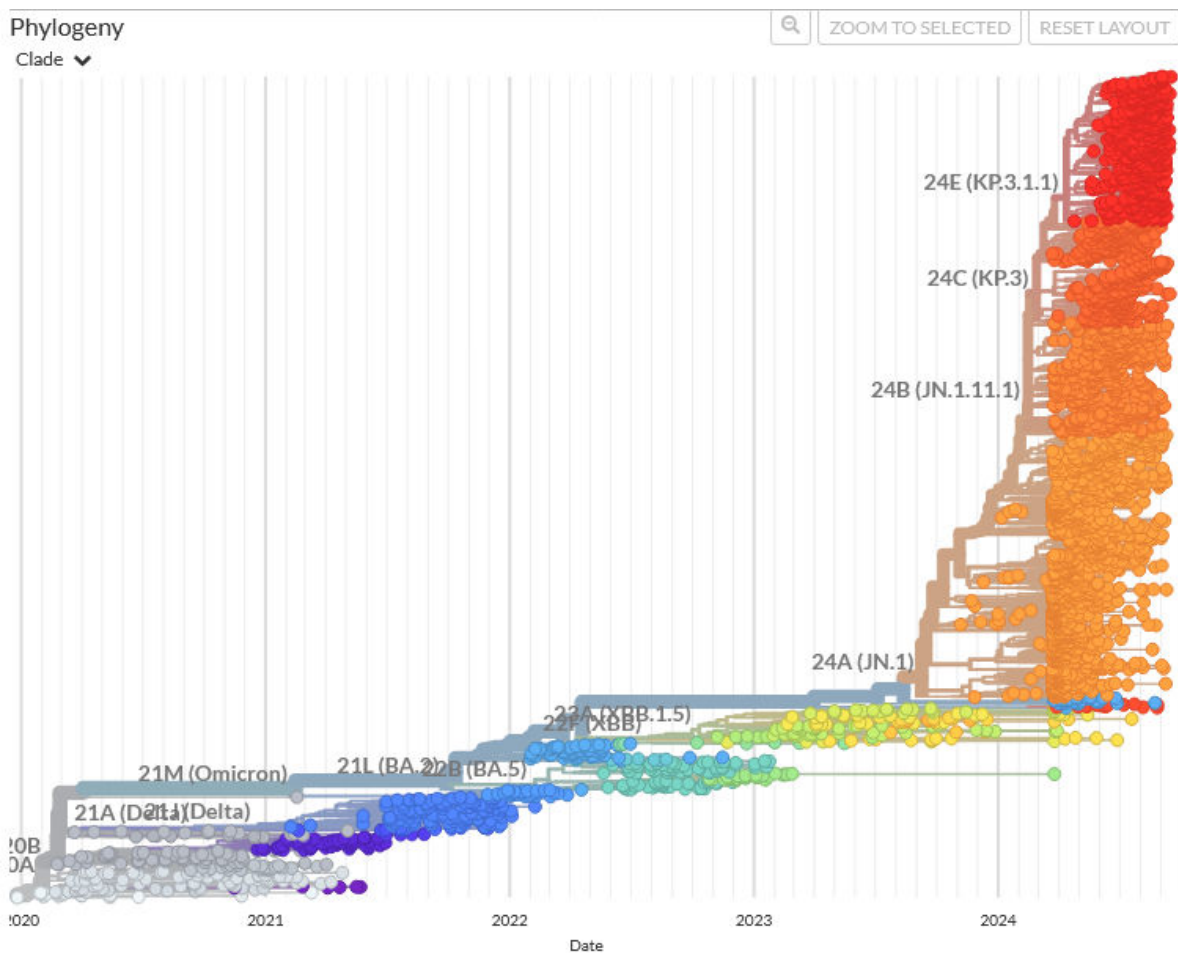
SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Obsah:

SARS-CoV-2 evropská sekvenční data, aktuální situace	Strana 2 – 4
ARI/ILI –virologická surveillance v Evropě v 37. KT	Strana 5
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR v 38. KT	Strana 6 - 7
CDC/WHO – ptačí chřipka A/H5N1 USA	Strana 8 - 11
Závěr: Ptačí chřipka A/H5N1 v USA; ARI/ILI v Evropě 37. KT a v ČR 38. KT	Strana 12

Genomická epidemiologie SARS-CoV-2 v Evropě za posledních 6 měsíců



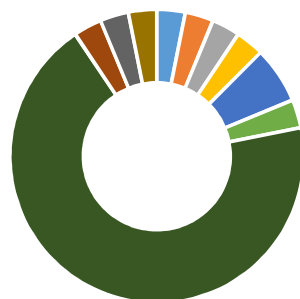
Zdroj: <https://cov-spectrum.org/explore/Europe/AllSamples/Past6M>
<https://nextstrain.org/ncov/gisaid/europe/6m>

- Dochází k postupnému nárůstu detekce nové varianty **XEC**
- XEC je rekombinantou variant KS.1.1 a KP.3.3, byla poprvé objevena v Německu

Dominující varianty

- KP.3.1.1 – 53.95%
- XEC – 9.06%
- KP.3.1 – 7.19%

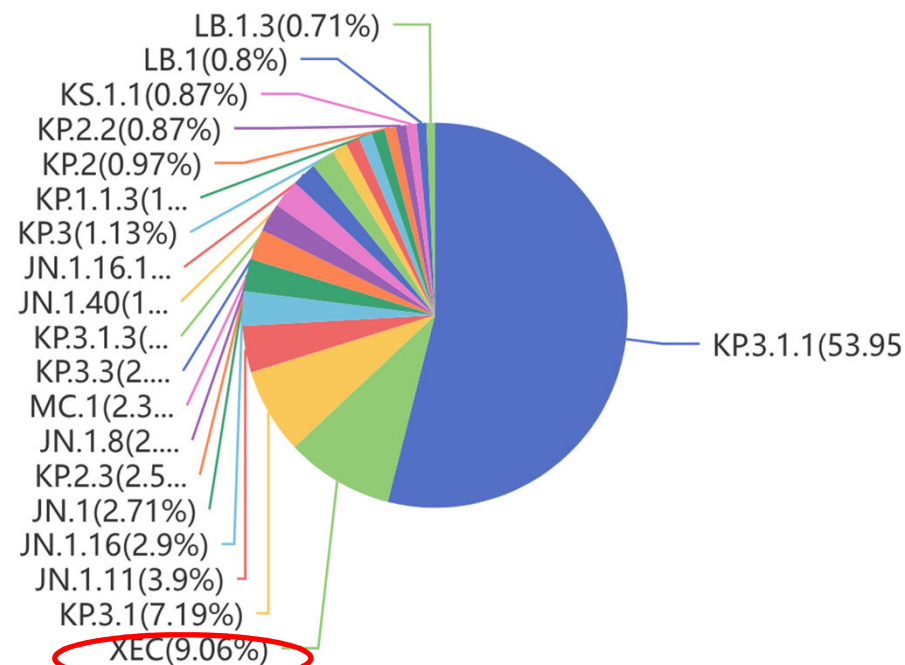
Sekvence SARS-CoV-2 od 1.8.2024 v ČR



■ BQ.1.1.32 ■ KP.1.1 ■ KP.1.1.5 ■ KP.2.2 ■ KP.2.3

Zastoupení detekcí sledovaných variant v ČR

20 nejčtenějších variant v Evropě od 13. 4. 2024
Celkem 3 487 WGS





SARS-CoV-2: Varianta XEC

- V poslední době patří ke sledovaným variantám se schopností rychlého šíření XEC, která patří mezi potomky JN.1 a je rekombinantou potomků JN.1: KS.1.1 a KP.3.3.
- Zatím není zřejmé, zda se místo KP.3.1.1 stane příští dominantní variantou, ale její dominanci můžeme v ČR očekávat z října.
- Klinické příznaky - zatím nejsou hlášeny netypické projevy.

Country	Pangolin Li.	Division	Min. Date	Max. Date	
USA	XEC	New York	8/6/2024	9/11/2024	21
		New Jersey	8/2/2024	9/11/2024	19
		California	8/11/2024	9/11/2024	18
		Virginia	7/14/2024	9/9/2024	12
		Ohio	Null	Null	12
		Washington	7/26/2024	9/11/2024	8
		Delaware	8/28/2024	9/3/2024	8
		Arizona	7/28/2024	8/30/2024	8
		Nebraska	8/31/2024	9/11/2024	7
		Texas	8/3/2024	9/2/2024	6
		Rhode Island	8/7/2024	8/27/2024	6
		Utah	8/20/2024	9/8/2024	5
		Nevada	8/27/2024	9/3/2024	5
		Maryland	7/23/2024	8/24/2024	5
		Iowa	8/22/2024	9/12/2024	4
		Illinois	8/2/2024	9/2/2024	4
		South Dakota	8/5/2024	8/20/2024	3
		Massachusetts	8/21/2024	8/26/2024	3
		Florida	8/7/2024	9/6/2024	3
		Pennsylvania	7/25/2024	8/19/2024	2
North Carolina	8/13/2024	8/21/2024	2		
South Carolina	8/13/2024	8/13/2024	1		
Michigan	7/29/2024	7/29/2024	1		
Hawaii	7/29/2024	7/29/2024	1		
District of Columbia	8/24/2024	8/24/2024	1		
Colorado	7/24/2024	7/24/2024	1		
Germany	XEC	Bavaria	6/27/2024	9/2/2024	36
		North Rhine-Westphalia	7/2/2024	9/3/2024	23
		Berlin	6/24/2024	9/2/2024	15
		Baden-Wuerttemberg	7/16/2024	8/28/2024	13
		Lower Saxony	7/28/2024	8/27/2024	11
		Mecklenburg-Western Pome..	7/22/2024	8/22/2024	7
		Schleswig-Holstein	7/24/2024	8/30/2024	5
		Saarland	8/14/2024	8/29/2024	3
		Rhineland-Palatinate	7/8/2024	8/29/2024	3
		Brandenburg	8/26/2024	9/3/2024	2
		Thuringia	8/24/2024	8/27/2024	2
United Kingdom	XEC	Scotland	6/27/2024	9/2/2024	41
		England	7/18/2024	9/8/2024	28
		Wales	8/7/2024	9/7/2024	23
		Northern Ireland	8/12/2024	8/12/2024	1
Canada	XEC	Ontario	8/9/2024	9/10/2024	63
		Alberta	7/28/2024	8/31/2024	13
		Quebec	8/25/2024	9/2/2024	4
		British Columbia	8/27/2024	8/30/2024	3
		New Brunswick	9/11/2024	9/13/2024	2

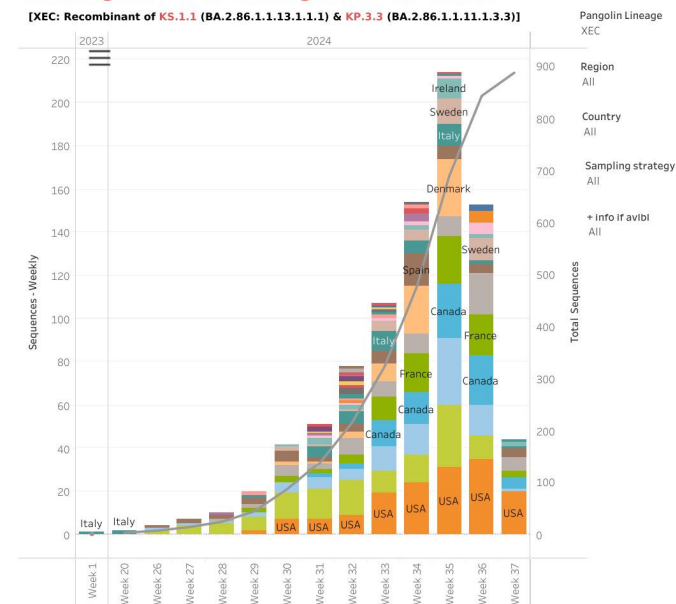
Tracking SARS-CoV-2 XEC* Lineage (recombinant of KS.1.1/KP.3.3) over time | Min. Date/Max. Date = Earliest/Latest Sample Collection Dates | Data is dynamic and the recent epiweek is incomplete | *Includes airport surveillance and targeted sequencing data

- More info on XEC* lineages:
1. PANGO Issue: <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/2717>
 2. Mutational Profile: <https://twitter.com/Railab/status/1830344638496194811>
 3. Relative Growth Advantages of top lineages: <https://cov.spectrum.org/collections/42>
 4. <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#datatracker-home>
 5. Nicknames: <https://whn.global/common-names-for-variants/>
 6. Global Lineage 30 day Trends: https://public.tableau.com/app/profile/raj_rajnarayanan/viz/ConvergentLineages-VariantSoup-World/G20
 7. <https://www.cdc.gov/respiratory-viruses/whats-new/covid-19-variant.html>

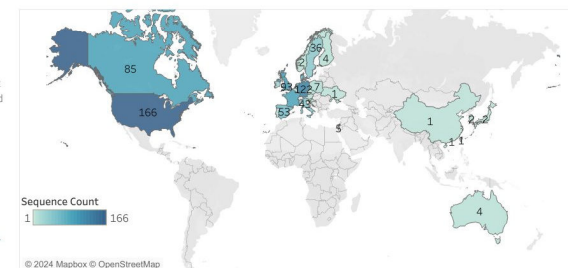
Zdroj: Raj Rajnarayanan

https://public.tableau.com/app/profile/raj_rajnarayanan/viz/TrackingSARSCoV2LineageXEC-Globally/XEC

Tracking SARSCoV2 Lineage XEC* over time



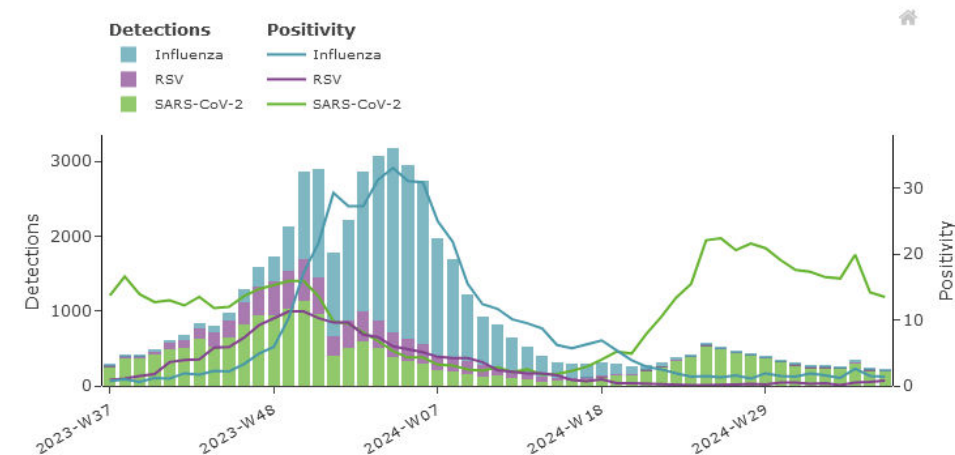
Tracking XEC* Lineage (recombinant of KS.1.1/KP.3.3) with signature mutations: Spike T22N, Spike F59S, Spike F456L, Spike Q493E, Spike V1104L, Orf9b:P3H, N-R204P | Source: GISAID 9/23/2024 3:43:30 AM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates | Note: Data from recent epi-weeks are incomplete; Potential Collection date error: Week 1 @ 2023



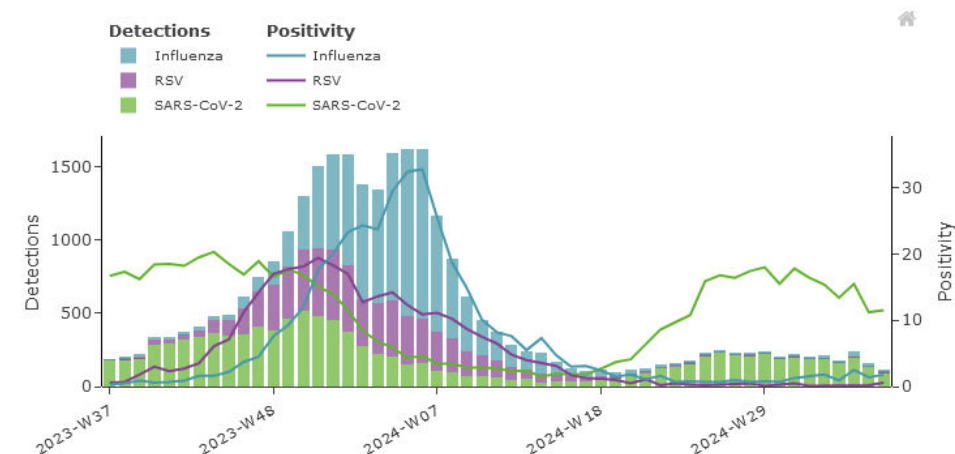
- V rámci ARI/ILI virologické sentinel surveillance jednoznačně dominovaly detekce SARS-CoV-2, a to 16 % (11–38 %). Mezitýdenní pozitivita testu kolísala, ale celkově vykazovala stabilní nebo klesající trend.
- Z 15 hlásících zemí, dvě hlásí nízkou intenzitu chřipky. Tři země hlásí sporadicky a dvě regionální rozšíření chřipky.
- Detekovány byly hlavně viry chřipky typu A (85 %) a mezi subtypovanými viry chřipky A (n=9) byla směs A(H3) (67 %) a A(H1)pdm09 (33 %).
- Podíl RSV v sentinel surveillance byl <1 % se stabilním trendem velmi nízké cirkulace viru.

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

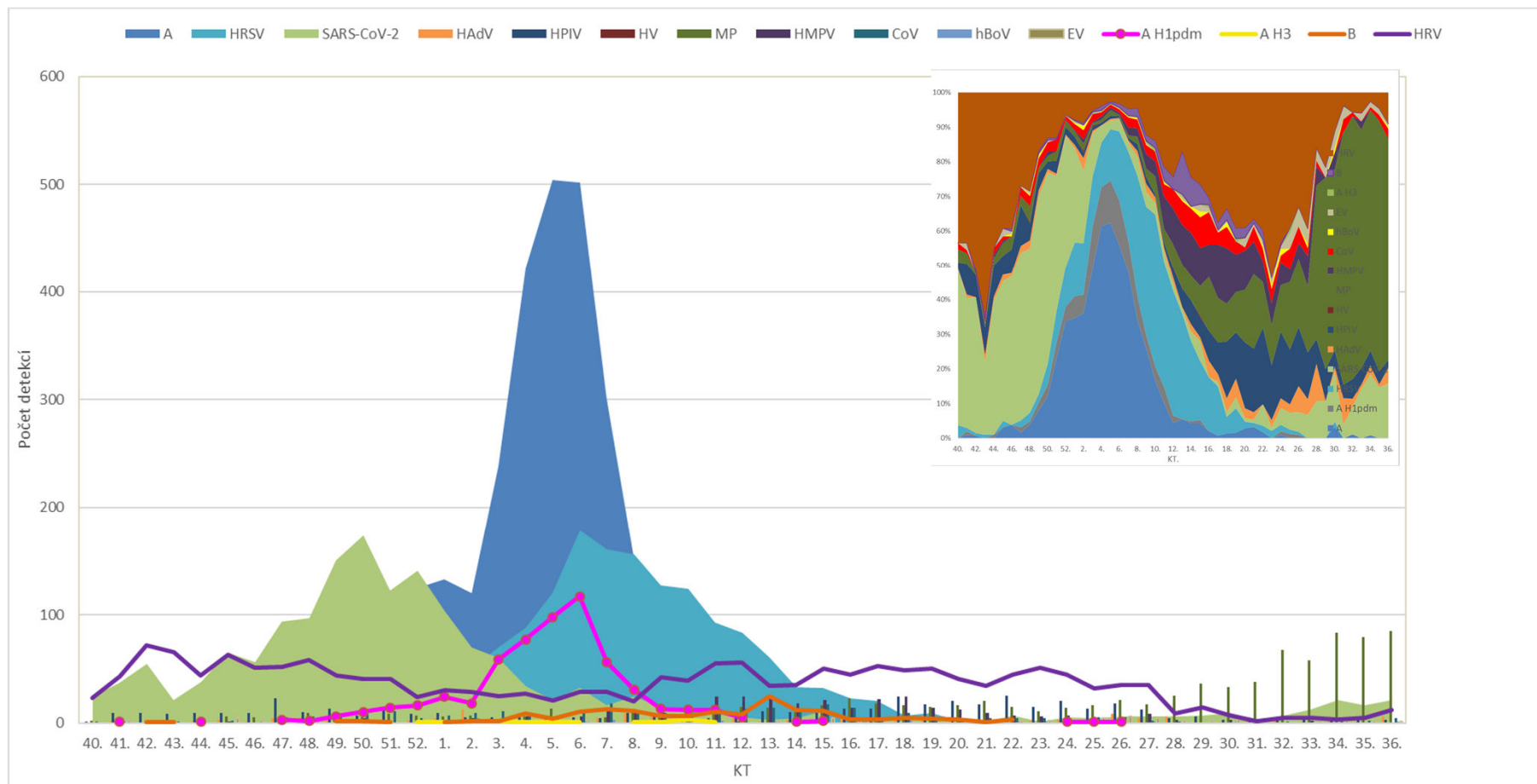
Primary care sentinel testing



Secondary care sentinel testing



ARI/ILI: sentinel/non-sentinel virologická surveillace v ČR, 38. KT



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



ARI/ILI: sentinel/non-sentinel virologická surveillance v ČR, 38. KT

V kumulované surveillanci sentinelové i nonsentinelové jsou aktuálně nejčastěji detekovány rhinoviry, SARS-CoV-2 a *Mycoplasma pneumoniae*.

Virové respirační patogeny se však na nemocnosti ARI projevují menším podílem (pouze ve 25 % vyšetření je zachycen virový patogen, nebo M. pn.).

Nelze vyloučit post-covidové bakteriální infekce, případně bakteriální superinfekce u pertuse.

Infekce covid19 je nyní vyvolána dominantně cirkulující variantou KP.3.1.1 (potomek JN.1), varianta XEC nebyla v ČR potvrzena.

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

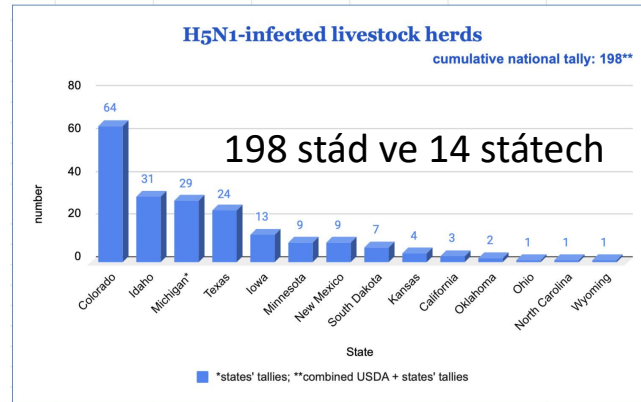
Kalendářní týden (KT)		37. KT	38. KT (neúplná data)
Detekce viru	A		
	A H ₁ pdm		
	A H ₃		
	B		
	HRSV		
	HAdV	1	
	HPIV		3
	HV		
	MP	73	46
	HMPV		
	CoV	5	5
	HRV	29	42
	hBoV		
	EV	3	
	SARS-CoV-2	23	36
	SM	3	2
	negativní	530	410
Celkový počet vyšetření:		667	544

H5N1 – detekce viru v USA

H5N1 je detekována RNA viru chřipky typu A v odpadních vodách některých států, poslední data uvádí tabulka 1.

Virus je rovněž detekován u volně žijících ptáků, tedy v USA se opakuje situace z Evropy, kdy došlo k vymizení sezónnosti.

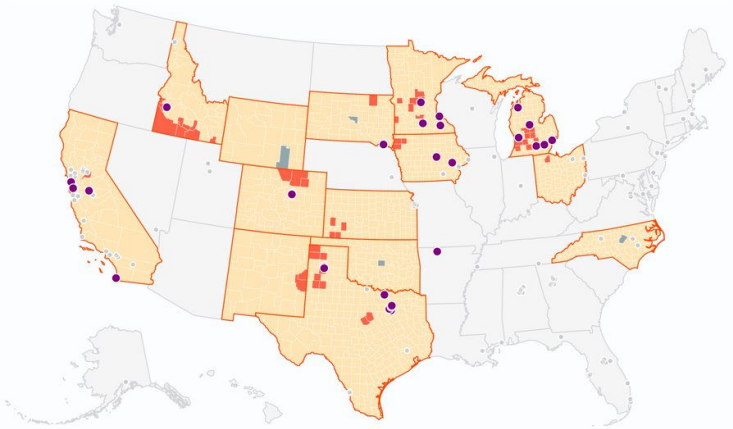
CDC hodnotí riziko nákazy pro obyvatele USA jako nízké.



Přehled států v s infikovanými stády dojnic v USA v posledních 30 dnech (zdroj CDC)

2024 U.S. Highly Pathogenic Avian Influenza in Livestock H5N1 Livestock Detections and H5 Influenza Wastewater Data

Herd detections from 7 Mar to 30 Aug 2024; Wastewater data from 16 May to 4 Sep 2024

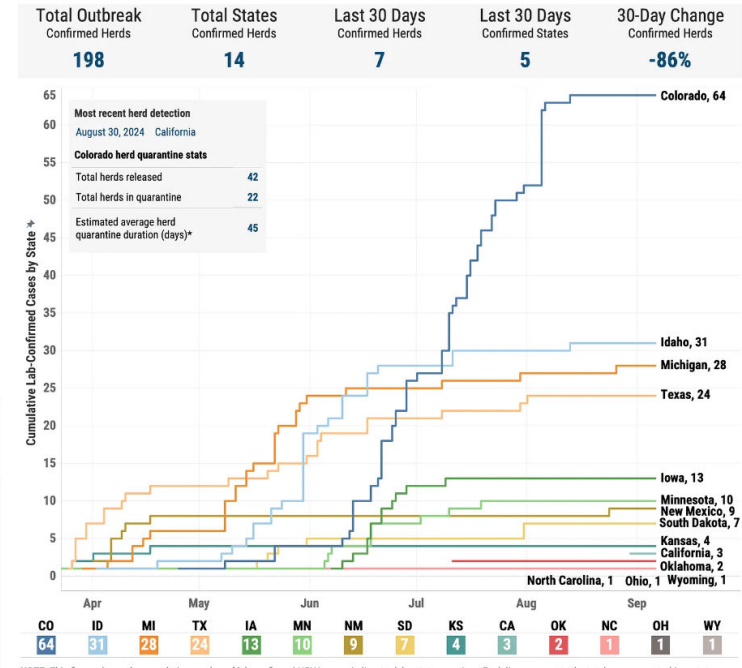
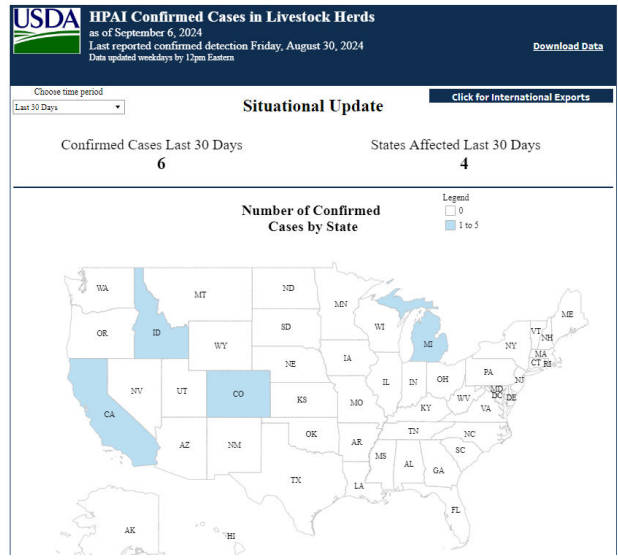


WastewaterSCAN Sites
H5 Marker has been detected at 29 wastewater sites in 9 states.
● H5 detected at the site ● H5 not detected at the site

Influenza A(H5N1) Detections in Livestock
198 herds confirmed (196 dairy herds, 1 alpaca herd, 1 goat herd) in 14 states.
■ Reported affected states ■ Reported affected counties*

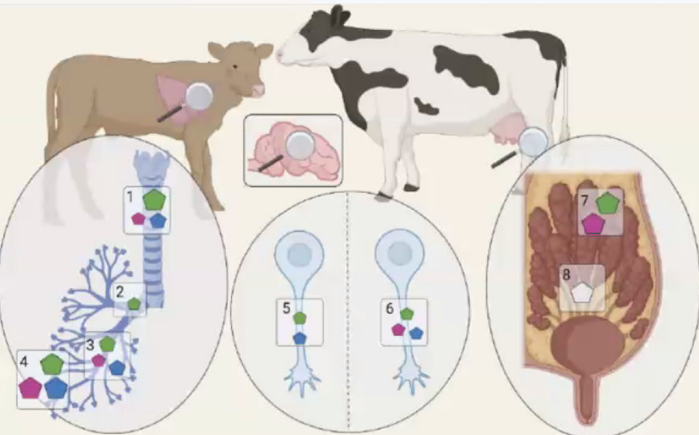
*Some herd detection counties are reported to WOAHH with altered location for privacy: CA (Sacramento), CO (Broomfield), WY (Albany), SD (Hughes), OK (Oklahoma), and NC (Wake)

Data Sources (as of Sep 9, 2024): WastewaterSCAN: These data were collected as part of a partnership between Stanford University, Emory University, and Verily funded philanthropically through a gift to Stanford University. Citation: Boehm, A.B., Wolfe, M.K., Wigginton, K.R. et al. Human viral nucleic acids concentrations in wastewater solids from Central and Coastal California USA. Sci Data 10, 396 (2023) | World Organisation for Animal Health (WOAH) | Minnesota Board of Animal Health



NOTE: This figure shows the cumulative number of lab confirmed H5N1 cases in livestock by state over time. Each line represents the total cases reported in a state, accumulating as new cases are confirmed. | AFFECTED SPECIES: MN includes 1 goat farm, ID includes 1 alpaca farm, and others are dairy herds.
30-DAY CHANGE (%): Change between confirmed cases in the most recent 30 days vs. the 30 days prior | AVERAGE HERD QUARANTINE DURATION (DAYS): Estimated

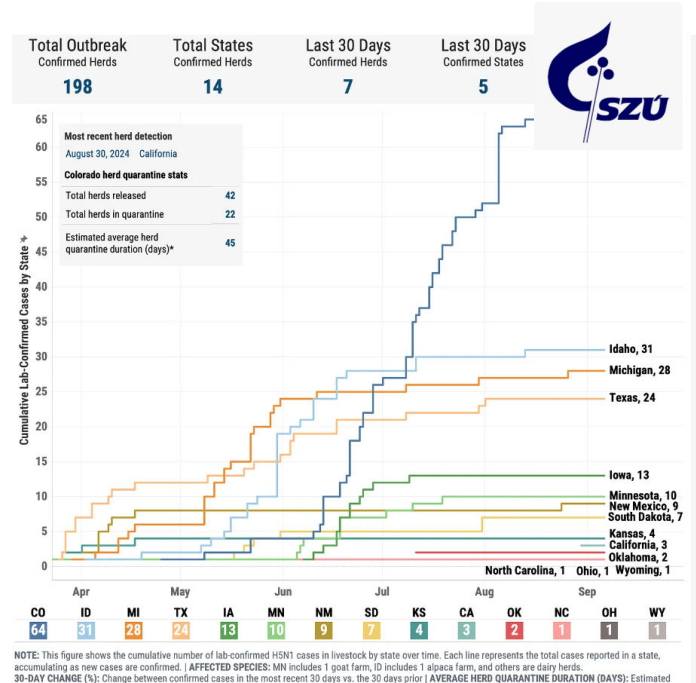
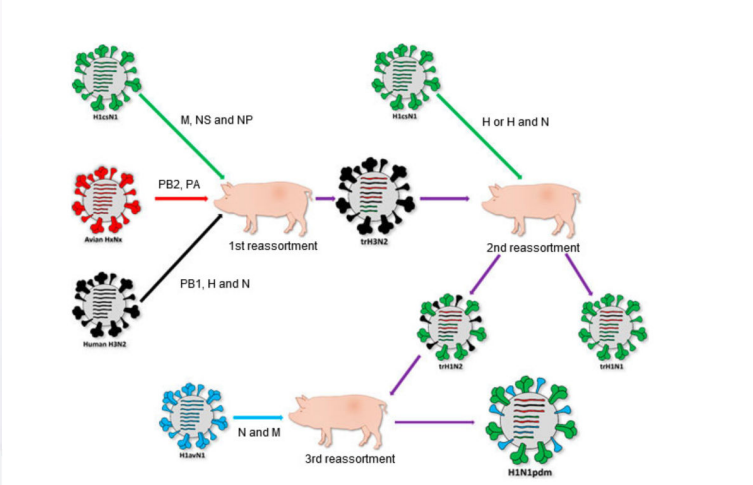
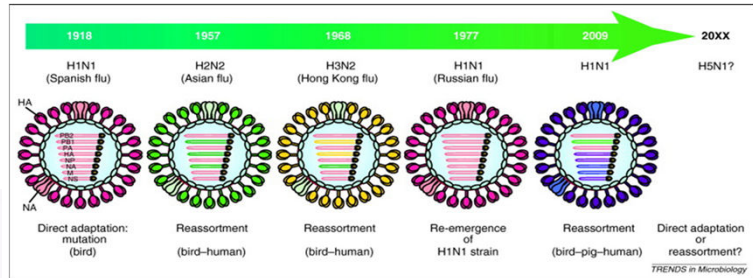
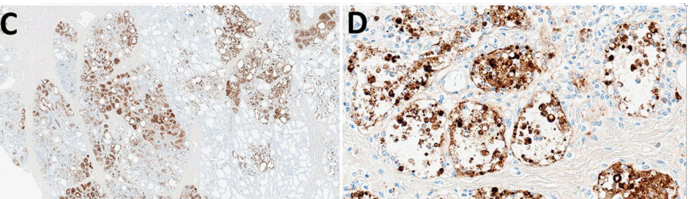
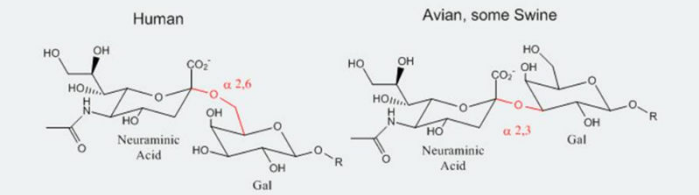
Mixing vessel?



Influenza A virus receptors <https://doi.org/10.1101/2024.05.03.592326>

SA- α 2,6	SA- α 2,3-Gal- β 1,4	SA- α 2,3-Gal- β 1,3	None detected

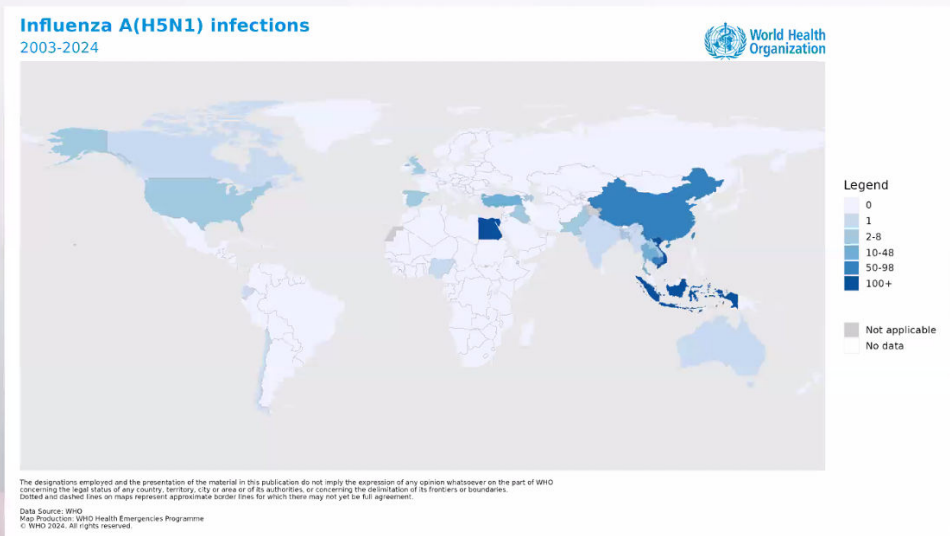
Binding Site for Influenza Hemagglutinin Protein



Šíření viru ve stádech krav sledujeme pro přítomnost savčího a ptačího receptoru pro viry ptačí chřipky v mléčné žláze skotu. Je otázkou, zda mohou krávy hrát roli mixážní nádoby pro virus chřipky obdobně jako prasata. Virus se od počátku roku šíří ve státech USA (viz obr vpravo nahoře), v posledních 30 dnech se šíří především v Kalifornii a Michiganu (potvrzeno 18 nově infikovaných stád).

C) Obrázek distribuci viru ptačí chřipky. D) silnou jadernou a intracytoplasmatickou imunoreaktivitu intaktních a odloupených epitelálních buněk v alveolech mléčné žlázy. doi: 10.3201/eid3007.240508 [10.3390/ijerph14030263](https://doi.org/10.3390/ijerph14030263)

Influenza A(H5N1) infections reported in humans, 2003-2024



Humánní infekce



JV Asie: 2.3.2.1

1/2003 - 07/2024 260 případů, CFR 55%.

Kambodža 10 (1 x reassortment 2.3.2.1c a 2.3.4.4b)

Od 2003 - 72 případů, 43 úmrtí (smrtnost 59,7 %).

Austrálie 1

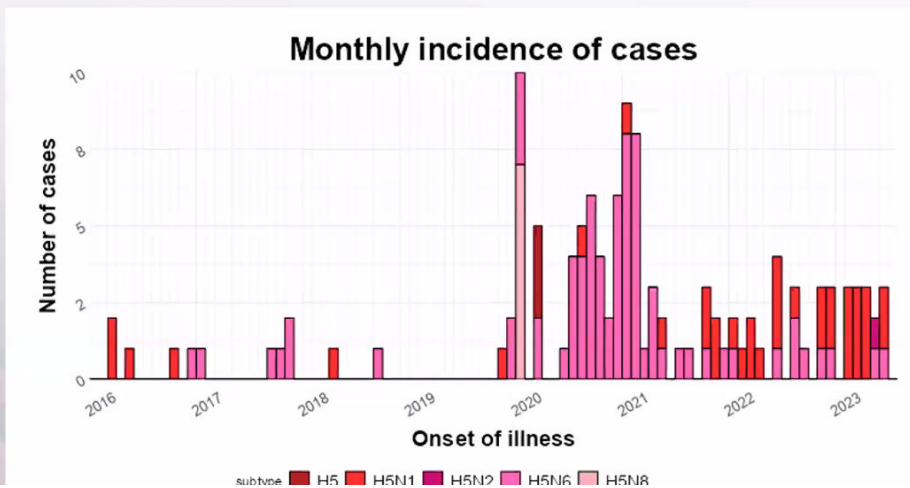
Čína 1

Vietnam 1

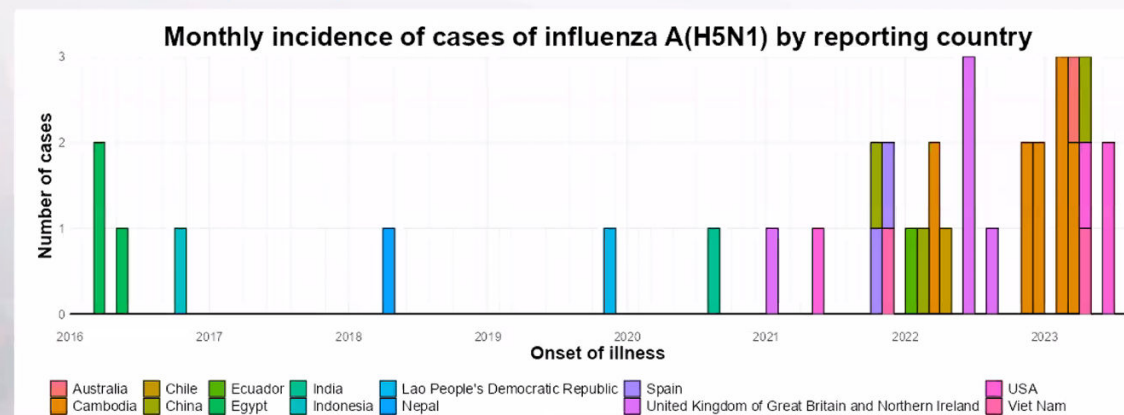
USA – 2.3.4.4b

14 případů (4 x expozice infikovaná stáda, 9x expozice drůbež), 1 bez epid. souvislosti, 3 suspektní případy mezilidského přenosu se vyšetřují (budou pouze serologická data)

Influenza A(H5) infections reported in humans, 2018-2024



Influenza A(H5N1) infections reported in humans, 2018-2024



Doporučení ECDC v rámci prevence přenosu ptačí chřipky na člověka:

- Neomezovat virologickou surveillance pouze na respirační sezónu.
- Subtypovat všechny SARI vzorky pozitivní na chřipku typu A, a v případě onemocnění encefalitidou či meningoencefalitidou zvážit i vyšetření na chřipku A. Všechny tyto vzorky je třeba zasílat do NRL.
- Informovat lékaře o symptomech typických pro infekci H5N1 (respirační onemocnění, konjunktivitidy, encefalitidy a meningoencefalitidy) a v případě pozitivní epidemické anamnézy zajistit vyšetření na chřipku A.
- V ohniscích ptačí chřipky zvýšit epidemický dohled nad osobami vystavenými riziku nákazy.
- Zvážit serologické vyšetření infekci exponovaných osob.

- Na základě aktuálně dostupných informací WHO/ECDC hodnotí současné riziko pro obecnou populaci, které tento virus představuje, jako nízké.
- V současnosti detekuje SVS ohniska H5N1 u drůbeže a ohniska v populacích volně žijících ptáků. Přesto je vhodné subtypovat všechny vzorky pozitivní na chřipku typu A a v případě onemocnění encefalitidou či meningoencefalitidou zvážit i vyšetření na chřipku A. Všechny tyto vzorky je třeba zasílat do NRL.

Inaktivovaná vakcína pro dospělé: Seqirus A/Astrakhan/3212/2020 (H5N8)-like strain (CBER-RG8A) (clade 2.3.4.4b) EMA)

ECDC zdroj:

<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Enhanced%20test%20of%20severe%20avian%20influenza%20virus%20infections.pdf>



Závěr: Ptačí chřipka A/H5N1 v USA; ARI/ILI v Evropě a ČR 37. resp. 38. KT

Ptačí chřipka A/H5N1 v USA:

- V USA interhumánní přenos není oficiálně potvrzen, ale současná situace naznačuje, že pacient z Missouri, který byl s infekcí H5N1 hospitalizován se nakazil od člena domácnosti, který rovněž popírá epidemický kontakt se zoonotickým zdrojem. Dále jsou vyšetřováni dva symptomatictí zdravotníci, kteří o pacienta pečovali.
- CDC/WHO a ECDC stále hodnotí riziko pro člověka jako nízké.

SARS-CoV-2 Evropa, ARI/ILI WHO a EU/EHP v 37. KT:

Sledujeme nárůst detekcí SARS-CoV-2 a nové varianty XEC. XEC v poslední době patří ke sledovaným variantám se schopností rychlého šíření. XEC patří mezi potomky JN.1 a je rekombinantou potomků JN.1: KS.1.1 a KP.3.3. Zatím není zřejmé, zda se namísto KP.3.1.1 stane příští dominantní variantou, ale její dominanci můžeme v ČR očekávat v říjnu. Varianta XEC tvoří v evropských datech 9 % detekcí.

ARI/ILI ČR v 38. KT - aktualizovat:

V kumulované surveillanci sentinelové i nonsentinelové jsou aktuálně nejčastěji detekovány rhinoviry, SARS-CoV-2 a *Mycoplasma pneumoniae*.

Virové respirační patogeny se však na nemocnosti ARI projevují menším podílem (pouze ve 25 % vyšetření je zachycen virový patogen, nebo *Mycoplasma pneumoniae*).

Nelze vyloučit post-covidové bakteriální infekce, případně bakteriální superinfekce u pertuse.

Infekce covid19 je nyní vyvolána dominantně cirkulující variantou KP.3.1.1 (potomek JN.1), varianta XEC nebyla v ČR potvrzena.

Autoři zprávy: RNDr. Helena Jiřincová, Timotej Šúri MSc., Alena Janypková,