



Zpráva NRL ke dni 28. 11. 2022

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

Úvod:

NRL pravidelně analyzuje data a poskytuje MZČR i laboratořím týdenní přehledový dokument, jehož cílem je monitorovat šíření variant **SARS-CoV-2**, chřipky a případně dalších respiračních virů, které se na území ČR vyskytují, poskytovat informace o nových potenciálních i reálných rizicích v souvislosti s šířením a evolucí viru SARS-CoV-2, poskytovat metodické pokyny vyšetřujícím laboratořím a poskytovat další kvalitativní i kvantitativní informace.

Obsah:

Mikrobiologie – vyhodnocení dat z diskriminační PCR	Strana 2
Mikrobiologie – vyhodnocení sekvenačních dat	Strana 3 - 4
Informace o nově sledovaných variantách	Strana 5 - 6
Závěr a odkazy	Strana 7 - 8

V období od 20. 11. do 28. 11. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 118 hlášených testů diskriminační PCR z 11 laboratoří. Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1. V současnosti sledované mutace ve spike již slouží pouze k utvrzení o cirkulaci omikronu. Pro sledování mutací zájmu by bylo třeba zařadit mutace na pozicích 346, 446, 486 a na pozici 452 umožnit sledování více bodových změn. Je pravděpodobné, že část vzorků negativních na L452R nese na této pozici mutaci určující jinou aminokyselinu a spadá tak např. pod skupinu cirkulujících variant BQ.x.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
BA.1/BA.2	31
BA.4/BA.5	39
Nevalidní/neprovedeno	5
Omikron	43
Celkový součet	118

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
FN Královské Vinohrady	1
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	7
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	3
Nemocnice Na Bulovce	13
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	35
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	12
SPEA Olomouc, s.r.o.	2
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	26
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	15
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	3
Celkový součet	118

K 28. 11. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 55 268 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 98 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 27. říjnem a 27. listopadem Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5.2 (36 sekvencí, 37 %) a z ní odvozené varianty, BE, BF, BQ. Ve sledovaném období je pozorován nárůst monitorovaných variant BQ.1, BQ1.1, obecně BQ.1.x. a BQ.1.2 Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3. Tabulka 4 zohledňuje souhrnný přehled sekvenací za sledované období. Vývoj podílu jednotlivých sekvenovaných variant od 1. 5. 2022 zobrazuje graf 1.

Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období

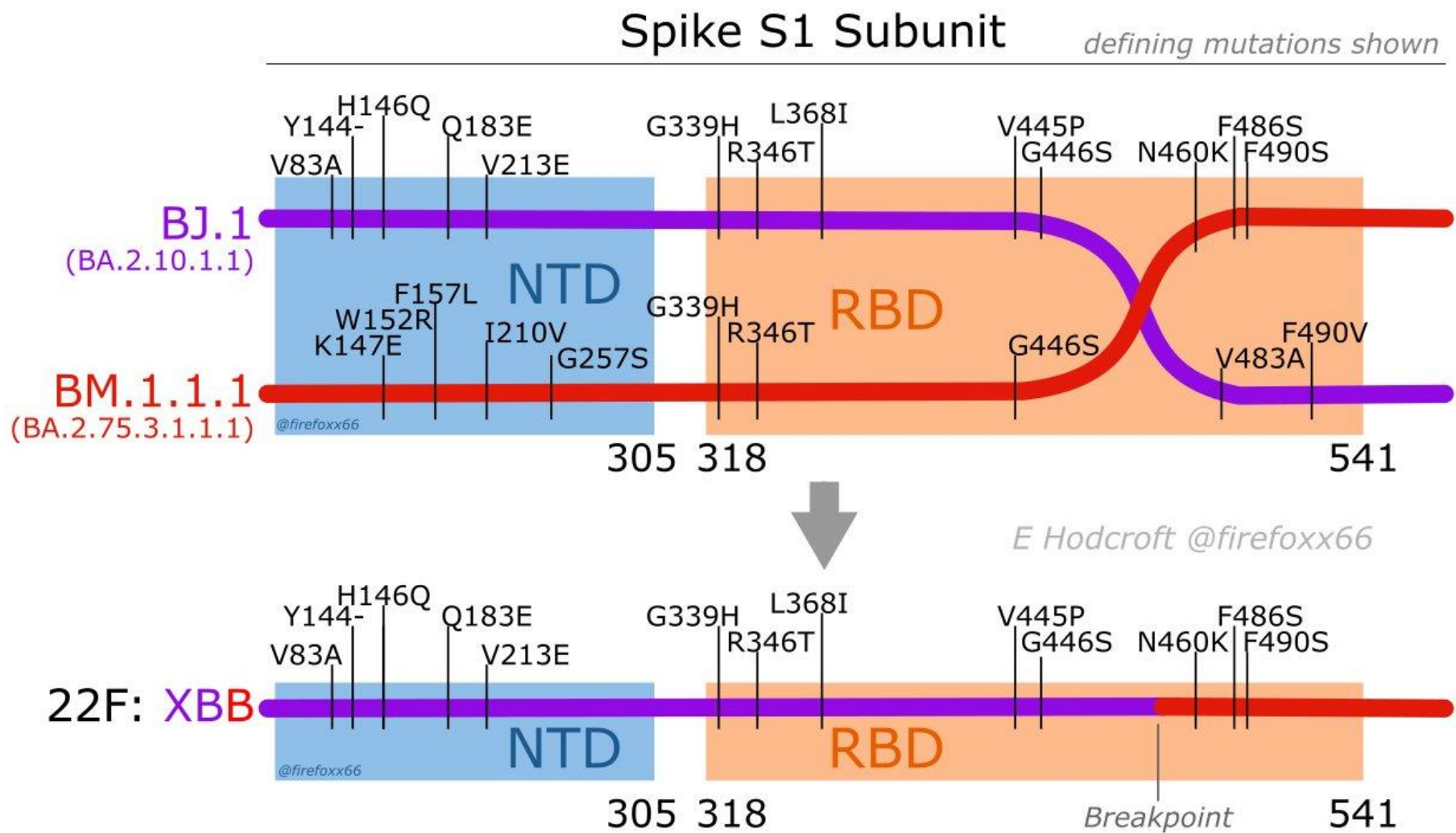
Varianta - Počet		Podíl
BA.5.2.x	36	36,7%
BF.7.x	21	21,4%
BA.5.1.x	14	14,3%
BF.14	9	9,2%
BQ.1.x	9	9,2%
BA.2.x	3	3,1%
BF.5	2	2,0%
BN.1.3	2	2,0%
BA.5.9	1	1,0%
BE.1.1	1	1,0%

Celkový počet 98

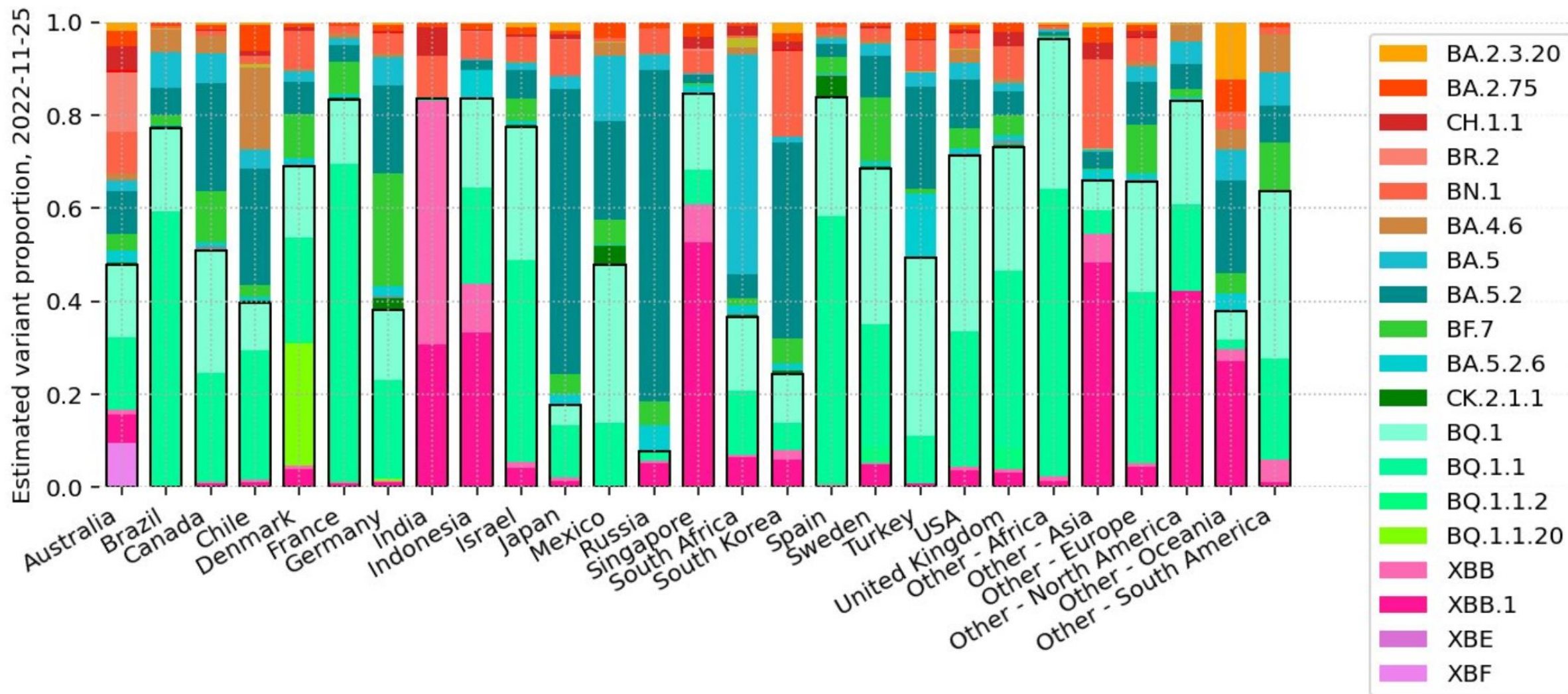
Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

Varianta	Počet	Podíl
BA.5.2	18	18,4%
BF.7	18	18,4%
BA.5.2.1	10	10,2%
BF.14	9	9,2%
BA.5.1	6	6,1%
BA.5.2.20	4	4,1%
BF.7.3	3	3,1%
BQ.1	3	3,1%
BQ.1.1	3	3,1%
BA.2	2	2,0%
BA.5	2	2,0%
BA.5.1.10	2	2,0%
BA.5.1.23	2	2,0%
BA.5.1.5	2	2,0%
BF.5	2	2,0%
BN.1.3	2	2,0%
BA.2.3.20	1	1,0%
BA.5.2.22	1	1,0%
BA.5.2.26	1	1,0%
BA.5.2.27	1	1,0%
BA.5.2.34	1	1,0%
BA.5.9	1	1,0%
BE.1.1	1	1,0%
BQ.1.1.1	1	1,0%
BQ.1.1.5	1	1,0%
BQ.1.18	1	1,0%

Obr.1: Přehled vzniku některých rekombinantních variant



Graf 1: Přehled globální distribuce subvariant omikronu



Zdroj: [Moritz Gerstung](#)
, based on GISAID data

Malta, Kazachstán, Německo a Skotsko hlásí celoplošné šíření viru chřipky.

Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, zůstává na 12 %, což je nad epidemickým prahem stanoveným pro země EU/EEA na 10 %.

Deset zemí hlásí detekci nad 10% v sentinelové surveillanci (Kazachstán (100 %), Portugalsko (61 %), Německo (29 %), Kyrgyzstán (25 %), Řecko (21 %), Nizozemsko (12 %), Španělsko (12 %), Izrael (12 %), Skotsko (11%) a Francie (11%)). Ve všech případech cirkuluje dominantně subtyp A/H3.

Za 46. KT bylo v rámci sentinelového vyšetření pacientů s příznaky ARI/ILI testováno 2 777 vzorků, z nichž 331 vzorků bylo pozitivních na chřipku (306 chřipka typu A a 25 jako chřipka typu B). V 264 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A/H3 (85%) a virus A(H1)pdm09 (15%). Z chřipky B byly subtypovány 3 viry, z nich všechny byly B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

Intenzita: z 39 zemí hlásí 18 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 18 zemí hlásí nízkou intenzitu, 1 země hlásí střednou intenzitu (Rumunsko) a 2 země hlásí vysokou intenzitu (Malta, Kazachstán).

Zeměpisné rozšíření: z 39 zemí hlásí 8 zemí nulovou aktivitu, 19 zemí hlásí sporadický výskyt, 3 země hlásí lokální šíření, 7 zemí hlásí regionální šíření (Albánie, Finsko, Francie, Kazachstán, Moldavsko, Ruská Federace, Ukrajina) a 2 země hlásí celoplošné rozšíření (Německo, Skotsko).

V rámci non-sentinelové surveillace bylo za 47. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 290 vzorků, v 7 materiálech byl detekován virus chřipky chřipka A/H3, v 14 materiálech chřipka typu A bez další subtypizace, dále evidujeme 50 záchyťů RSV, ve 33 vzorcích byly prokázány rhinoviry, v 10 vzorcích virus parainfluenzy, v 2 případech enteroviry, v 7 případech lidský adenovirus, v 2 případech byl detekován sezonní koronavirus, v 1 případě bocavirus. a dále byly v 4 případech nahlášené detekce smíšené infekce.

Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillace ve 47. týdny 30 vzorků, z nichž ve 16 případech byly detekovány lidské rhinoviry, v 4 byly detekovány parainfluenza viry, v 1 vzorku byl detekován adenovirus, v 6 vzorcích byl detekován RSV, ve dvou vzorcích jsme prokázali přítomnost viru A/H3N2, SARS-CoV-1 byl detekován ve 3 případech z toho ve dvou případech ve smíšené infekci s rhinoviry. Jedenkrát byla detekována smíšená infekce rhinoviry a parechoviry.

V non sentinelové surveillanci stále dominuje RSV, postupně přibývá detekcí chřipky A/H3. V sentinelové surveillanci cirkulují dominantně rhinoviry, evidujeme mírný nárůst detekcí chřipky A/H3.

H1N1pdm2009:

- 74 A/H1N1pdm, které byly sekvenovány patří do klády 6B.1A.5a.2, do stejné genetické skupiny patří i vakcinální kmeny (A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-like virus určený pro výrobu vakcíny na vajíčkách, nebo A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-like virus určený pro výrobu vakcíny na buněčných kulturách).

H3N2:

- 96 izolátů chřipky A/H3N2, které byly sekvenovány patří do klády 3C.2a1b.2a.2, do stejné genetické skupiny patří i vakcinální kmeny (A/Darwin/9/2021 (H3N2) určený pro výrobu vakcíny na vajíčkách nebo A/Darwin/6/2021 (H3N2) určený pro výrobu vakcíny na buněčných kulturách).

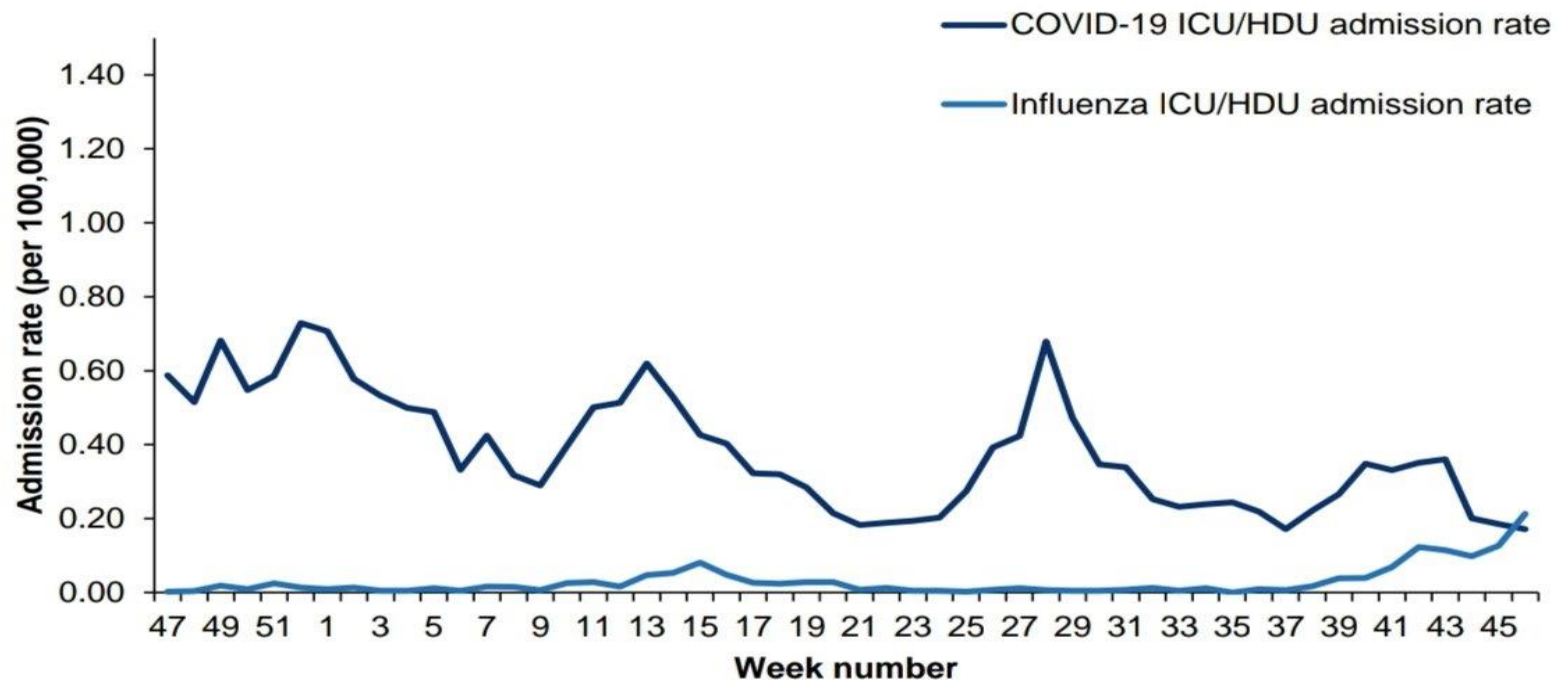
B/Victoria

- 16 izolátů chřipky B/Victoria, které byly sekvenovány patří do klády V1A.3a.2, do stejné genetické skupiny patří i vakcinální kmen B/Austria/1359417/2021 určený pro výrobu vakcíny na vajíčkách i buněčných kulturách
- Žádný izolát viru chřipky B zatím nespadal do skupiny B/Yamagata.

Porovnání v počtu hospitalizovaných na JIP ve Velké Británii v souvislosti s diagnózami covid-19 a chřipka

Poprvé od roku 2020 bylo na jednotky intenzivní péče ve Velké Británii přijato více osob s chřipkou než s c-19.

Figure 41: Weekly overall ICU or HDU admission rates of new COVID-19 and influenza positive cases per 100,000 population reported through SARI Watch, England



Zdroj: UK Health Security Agency: Weekly national Influenza and COVID-19 surveillance report Week 47 report (up to week 46 data) 24 November 2022

SARS-CoV-25

NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillace stále probíhá, pozitivní vzorky by měly být zasílány pouze do NRL.

- Situace se od minulého praktiky nezměnila, pozorujeme mírný nárůst zastoupení variant BQ.1x..

Chřipka a RSV

- Vzhledem k počínající epidemii chřipky a vyšší incidenci RSV u hospitalizovaných dětí v Evropě je třeba zasílat do NRL vzorky, které byly určeny jako chřipka A nebo chřipka B, nebo RSV k subtypizaci a sekvenaci, rovněž subtypované vzorky prosíme zasílejte do NRL. Ideálně izolovanou RNA i původní materiál.

- Aktuálně hlášená nemocnost ARI v ČR zatím odpovídá nemocnosti obvyklé pro toto roční období.

- Aktuální zhruba 20%ní nárůst ARI je z velké míry kompenzačním za státní svátek v minulém týdnu. U nemocnosti ILI se sporadické případy chřipky zatím také ještě "nepropisují" do dat. Pro predikce jsou nyní mnohem důležitější virologická data, neboť zde již jsou viditelné určité odlišnosti oproti běžnému sezonnímu trendu. I to, že v rámci Evropy jsme druhý týden nad 10 % pozitivitu svědčí o tom, že aktivita chřipky je zvýšená a mírně vyšší než je v tomto období běžné.

- Ve virologických datech Evropských pozorujeme jasný stoupající trend detekcí viru chřipky A/H3, i na malých číslech ČR je v rámci virologické non sentinelové i sentinelové surveillace jasně patrný stoupající trend detekcí chřipky typu A s převažujícím podílem A/H3N2. Současná vakcína se dobře shoduje s izoláty viru charakterizovanými sekvenačně, a to pro všechny cirkulující varianty viru, A/H3N2, A/H1N1pdm a B/Victoria.

- Projekt COVD ukazuje linie viru SARS-CoV-2 v přehledném grafu:
<https://virus.img.cas.cz/lineages>
- Testování antigenních testů na covid-19
[Antigenní COVID testy – Vysoká škola ekonomická v Praze \(vse.cz\)](https://vse.cz)
- Seznam testů SÚKL
<https://www.sukl.cz/prehled-testu-k-diagnostice-onemocneni-covid-19>

Další zdroje:

- [Tracking SARS-CoV-2 Variants](#)
- [COVID-19 new variants: Knowledge gaps and research](#)
- [Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health](#)
- [Considerations for implementing and adjusting public health and social measures in the context of COVID-19](#)
- [VIEW-hub: repository for the most relevant and recent vaccine data](#)
- [WHO Statement on Omicron sublineage BA.2](#)