



Zpráva NRL ke dni 27. 12. 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 v ČR a ve světě	Strana 3 - 4
Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě	Strana 5 - 9
Závěr a odkazy	Strana 10 - 11

- V období od 17. 12. do 27. 12. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 63 hlášených testů diskriminační PCR ze 7 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- V současnosti sledované mutace ve spike již slouží pouze k potvrzení cirkulace omikronu.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
BA.2/BA.5.x	2
BA.4/5	3
BA.4/5/BA.5.x	4
NA	4
Omicron	50
Celkový součet	63

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet vzorků
Laboratoře Agel	1
Nemocnice Na Bulovce	26
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	2
SPEA Olomouc, s.r.o.	3
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	26
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	4
Celkový součet	63

- K 27. 12. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 55 979 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL 580 s datem odběru od 26.10. do 26.12, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu a její subvarianty BF.7.x (21 %), varianty odvozené od BA5.2 (15 %) a BQ.1.x (14 %). Pozorujeme nárůst detekcí variant BQ, jinde sledované varianty BN a rekombinantní XBB byly zachyceny pouze ojediněle.
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3.
- Tabulka 4 zohledňuje souhrnný přehled sekvenací za sledované období.

Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období

Linie	Počet	Podíl
BF.7.x	121	21%
BA.5.2.x	89	15%
BQ.1.x	81	14%
BF.14	64	11%
BA.5.1.x	53	9%
BA.5.2	48	8%
BF.x	22	4%
BE.1.1.x	22	4%
BA.5.x	20	3%
BA.2.75	19	3%
XBB.x	11	2%
BA.4.6.x	5	1%
Ostatní	25	4%

Celkový počet 580

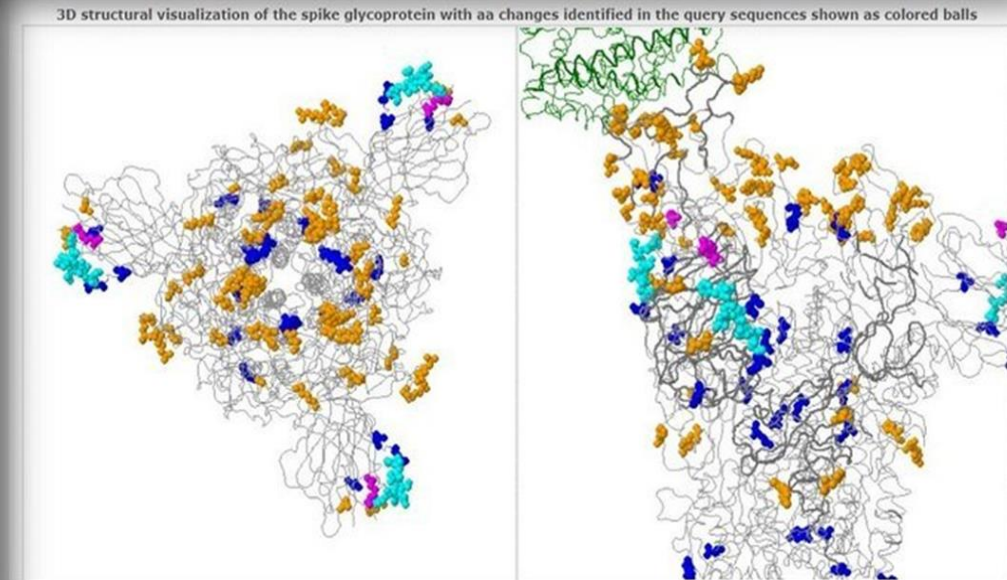
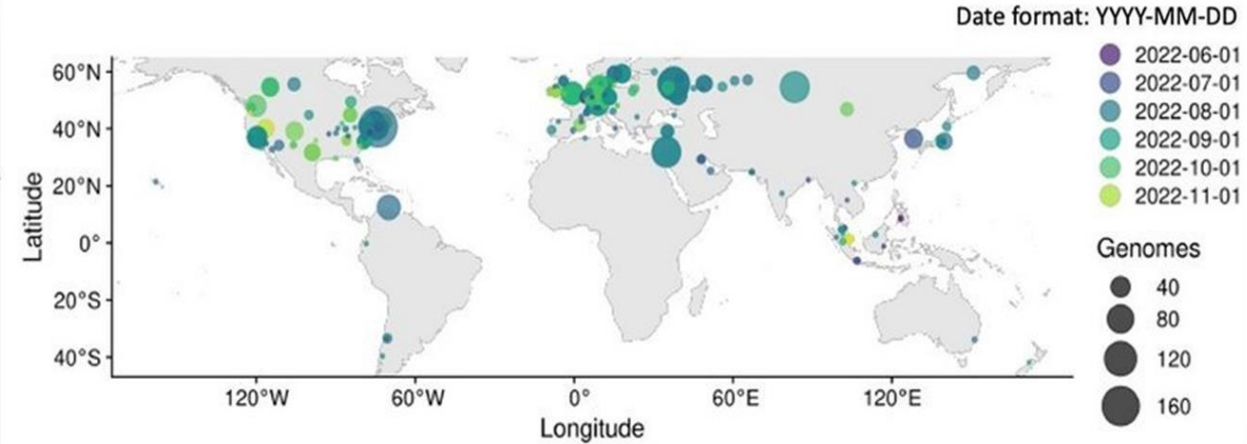
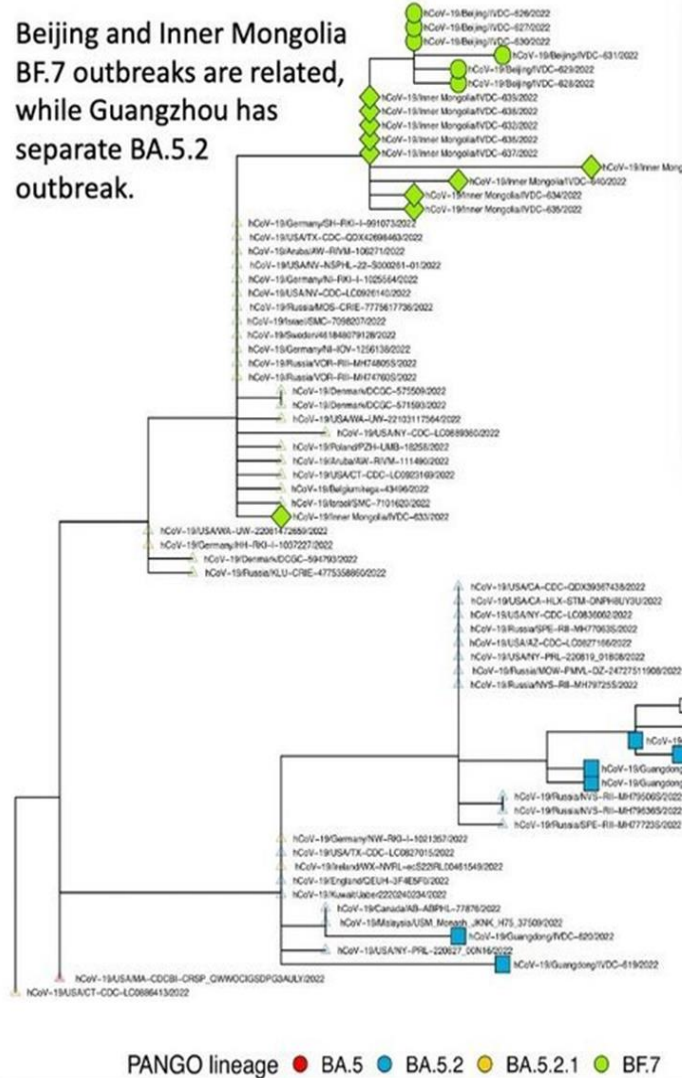
Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

Linie	Počet	Linie	Počet	Linie	Počet
BF.7	100	BA.2.75	2	BQ.1.1.13	1
BF.14	64	BA.5.1.3	2	BQ.1.1.3	1
BA.5.2	48	BA.5.2.3	2	BQ.1.1.7	1
BA.5.2.1	38	BA.5.2.35	2	BQ.1.10	1
BQ.1.1	29	BA.5.6.4	2	BQ.1.11	1
BA.5.1	28	BE.1.1.2	2	BQ.1.12	1
BA.2.75 (Emerging Variants AA subst)	17	BF.11	2	BQ.1.13	1
BE.1.1	16	BF.7.4	2	BQ.1.8	1
BF.7.3	14	BQ.1.1.15	2	BQ.1.9	1
BA.5.2.44	11	BQ.1.1.24	2	BU.1	1
BA.5	10	BQ.1.1.4	2	CA.7	1
BA.5.2.20	9	BQ.1.18	2	CG.1	1
BA.5.2.6	9	BQ.1.2	2	CK.2.1	1
BF.5	9	BQ.1.23	2	CN.1	1
BA.5.2.13	8	BQ.1.26	2	CP.1	1
BA.5.1.23	7	CM.2	2	DF.1	1
BA.5.9	7	DG.1	2	XBB (Emerging Variants AA subst)	1
XBB.1	7	Nezařazeno *	2	XBB.1.5	1
BQ.1	6	XBB	2		
BQ.1.1.1	6	BA.4.6.4	1		
CK.1	6	BA.4.6.5	1		
BA.5.1.10	5	BA.5.1.12	1		
BA.5.3.1	5	BA.5.2.22	1		
BQ.1.1.18	5	BA.5.2.26	1		
BA.5.1.5	4	BA.5.2.9	1		
BA.5.2.34	4	BA.5.5	1		
BE.1.1.1	4	BE.6	1		
BQ.1.1.5	4	BF.10	1		
BQ.1.5	4	BF.23	1		
CR.1	4	BF.4	1		
BA.4.6	3	BF.7.5	1		
BA.5.1.24	3	BF.7.9	1		
BA.5.1.26	3	BN.1.1	1		
BA.5.2.21	3	BN.1.5	1		
BF.7.6	3	BQ.1.1.13	1		
BQ.1.22	3	XBB.1.5	1		

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.1.3.:
<https://pangolin.cog-uk.io/>, 2 nezařazené sekvenace není možné vyhodnotit ani jedním z algoritmů (GISAID,PANGO)

Čínské CDC sdílí opět sekvenční data v GISAID. Sekvence z Číny jsou odpovídající současným světovým zjištěním, k nejčastějším patří BF.7 a BA.5.2. Sekvence BF.7 z Číny a Mongolska jsou příbuzné, Guanzhou vykazuje oddělené ohnisko s majoritní linií BA.5.2

Beijing and Inner Mongolia BF.7 outbreaks are related, while Guangzhou has separate BA.5.2 outbreak.



Common BF.7 and BA.5.2 spike changes pattern

V rámci **non-sentinelové surveillance** bylo za 51. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 1 150 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 5.

Do NRL bylo zasláno v rámci **sentinelové surveillance** v 50. KT 70 vzorků. A v 51. týdnu 68 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 6.

Tabulka 5 - Non-sentinelové surveillance

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A	107
Chřipka A H ₁ pdm	15
Chřipka A H ₃	90
Chřipka B	3
Lidský rhinovirus	5
Adenovirus	7
Parainfluenza virus	9
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	1
Sezonní koronavirus	1
RSV	177
Bocavirus	0
Enterovirus	2
SARS-COV-2	25
Smíšená infekce	38
Celkový počet vyšetření:	589

Tabulka 6 - NRL sentinelové surveillance

Patogen	Počet detekcí 50. KT	Počet detekcí 51. KT
Chřipka A	1	0
Chřipka A H ₁ pdm	3	5
Chřipka A H ₃	15	26
Chřipka B	0	2
Lidský rhinovirus	6	12
Parainfluenza virus	0	1 (PIV 3)
RSV	16	2
SARS-COV-2	4	0
Smíšená infekce	5 (1x A/H3 + SARS CoV-2)	3 (1x A/H3 + SARS CoV-2)
Negativní	20	18
Celkový počet vyšetření:	70	68

- V **non-sentinelové surveillance** dominuje RSV a virus chřipky A; A/H3. narůstá počet detekcí viru chřipky A/H1pdm 2009.
- V **sentinelové surveillance** cirkuluje dominantně virus chřipky A/H3 a detekovali jsme první případy A/H1 pdm 2009 a chřipky typu B

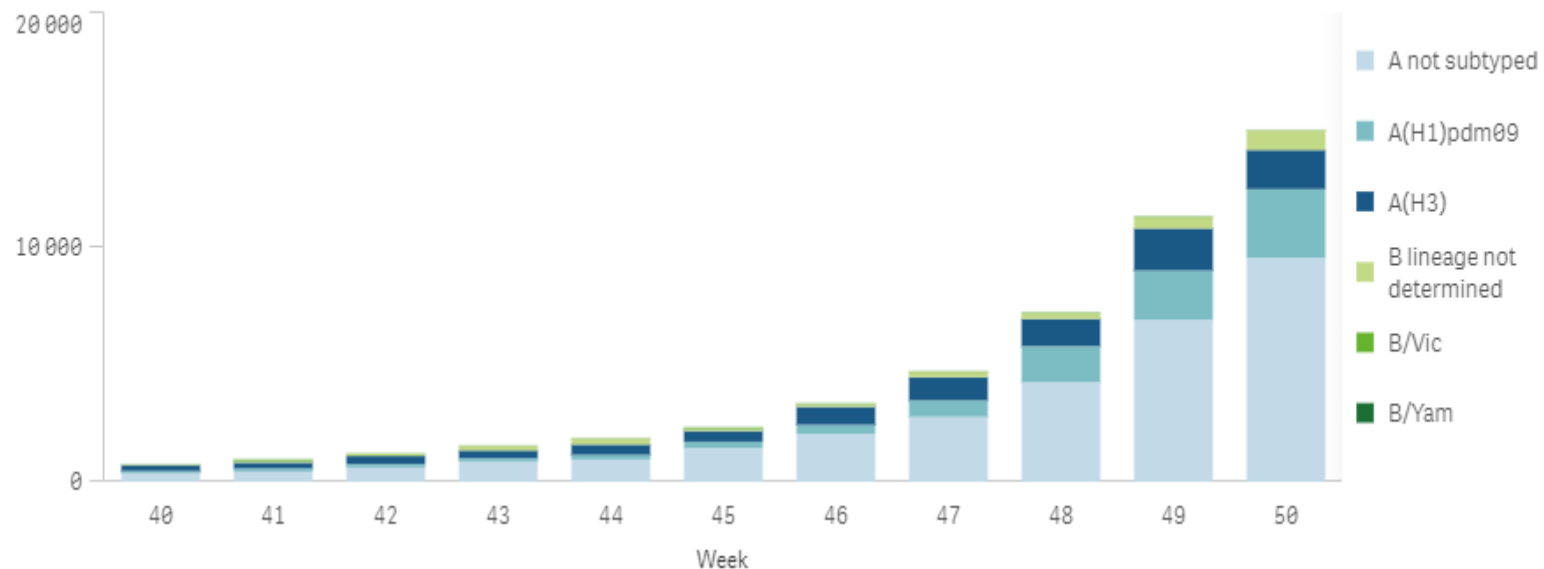
- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se zvýšilo na 31 % z 26 % v předchozím týdnu, což je nad epidemickým prahem pro země EU/EEA stanoveným na 10 %.
- 33 zemí hlásí zvýšenou aktivitu chřipky o střední až vysoké intenzitě. Estonsko, Finsko, Francie, Německo, Kyrgyzstán, Lotyšsko, Lucembursko, Polsko, Portugalsko, Moldávie, Slovinsko, Slovensko, Švýcarsko a Uzbekostán hlásí více než 40 % pozitivních detekcí chřipky v sentinelové surveillanci.
- V sentinelové surveillanci dominuje virus chřipky A/H3 a virus chřipky B, v non-sentinelové surveillanci převládá detekci A/H1 pdm 2009.

Kvalitativní indikátory (viz graf 2)

- Intenzita: ze 43 zemí hlásí 9 zemí aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 7 zemí hlásí nízkou intenzitu, 15 zemí hlásí střední intenzitu, 6 zemí hlásí vysokou intenzitu (Kazachstán, Lotyšsko, Malta, Slovensko) a 6 zemí hlásí velmi vysokou intenzitu (Rakousko a Rusko).
- Zeměpisné rozšíření: ze 43 zemí hlásí 4 země nulovou aktivitu, 6 zemí hlásí sporadický výskyt, 4 země hlásí lokální šíření, 6 zemí hlásí regionální šíření a 23 zemí hlásí celoplošné rozšíření.

Graf 2: Chřipka – virologická surveillance v Evropě ke 49. KT

Influenza virus detections by type, subtype/lineage and week - WHO Europe, season 2022/2023



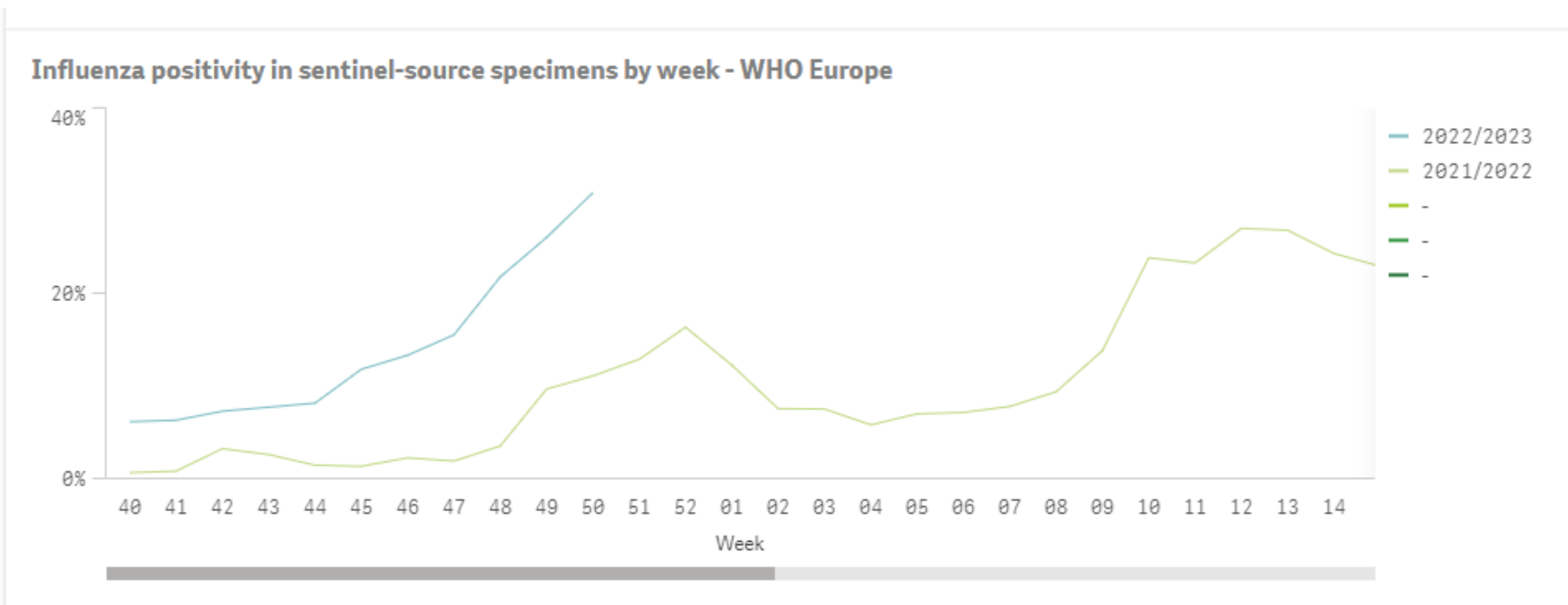
Z 217 sekvenovaných kmenů A(H1)pdm09, 216 spadá do klády 6B.1A.5a.2: 131 (61%) je reprezentováno kmenem AH1/Norway/25089/2022, 84 (39%) je reprezentováno kmenem AH1/Sydney/5/2021, 1 (0.5%) je reprezentováno kmenem AH1/Victoria/2570/2019. 1 sekvence (0.5%) spadá do klády 6B.1A.5a.1 reprezentované AH1/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019.

Z 379 A(H3) sekvenovaných kmenů 371 spadá do klády 3C.2a1b.2a.2: 204 (54%) je reprezentováno kmenem AH3/Bangladesh/4005/2020, 147 (39%) je reprezentováno kmenem AH3/Slovenia/8720/2020 a 20 (5%) je reprezentováno kmenem AH3/Darwin/9/2021. 8 (2%) sekvencí nelze fylogeneticky zařadit.

Ze 44 B/Victoria sekvenovaných kmenů 30 (68%) spadá do klády V1A.3a.2 reprezentované kmenem B/Austria/1359417/2021 a 14 (32%) sekvencí nelze fylogeneticky zařadit.

	Week 2022-W50 Total virus detections	Week 2022-W50 % of influenza virus	Season 2022/2023 Total virus detections	Season 2022/2023 % of influenza virus
Total detected (tested)	15 006 (80 730)	19%	50 223 (658 886)	8%
Influenza A	14 161	94%	47 313	94%
A not subtyped	9 562	68%	30 242	64%
A(H1)pdm09	2 933	21%	8 654	18%
A(H3)	1 666	12%	8 417	18%

Graf 3:



Nástup sezóny epidemie chřipky byl časnější než u předchozích 4 sezón (viz graf 3). V sentinelových vzorcích převažuje subtyp A/H3 a viry chřipky B, u hospitalizovaných pacientů naopak subtyp A/H1 pdm 2009 (65,6 %).

Virologie SARS-CoV-2

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillace stále probíhá, pozitivní vzorky k sekvenaci by měly být zasílány pouze do NRL. A to především z velkých laboratoří alespoň 15 % pozitivních vzorků. Vyžadujeme kopii elektronické žádanky s doplněnou hodnotou Ct. Jedná se o vzorky s Ct < 30.
- Ve sledovaném časovém období převažovala v ČR varianta omikronu BF.7 (potomek BA.5) a stále přibývá detekcí variant BQ.1.
- Dle CDC Čína lze zařadit většinu sekvenovaných vzorků na území Číny a Mongolska k subvariantám omikronu BF.7 a BA.5.2

Virologie chřipka a RSV

- S ohledem na data ze sentinelové surveillace lze říci, že epidemie RSV pomalu ustupuje. Počtu případů onemocnění chřipkou narůstá, v sentinelové surveillanci detekujeme A/H3 i A/H1pdm 2009 a zaznamenali jsme první detekce viru chřipky typu B. Určení varianty zatím bude probíhat hromadně s ohledem na ekonomii provozu. Epidemie chřipky je zatím založena na cirkulaci A/H3, postupně se přidává A/H1 pdm. Chřipku typu B evidujeme pouze sporadicky a to v non sentinelových vyšetřeních. S ohledem na evropská data lze očekávat i nárůst případů covid19. Non-sentinelová surveillace zatím naznačuje stejný podíl virů chřipky a stále přetrvává dominantní detekce virů RSV B. Detekce případů SARS-CoV-2 je v sentinelové i non-sentinelové surveillanci minoritní. Virologická data odpovídají epidemiologickým.

Epidemiologická data ARI/ILI

V 51. týdnu 2022 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) zvýšila o 2,6 % a dosáhla hodnoty 2 403 případů na 100 000 obyvatel. Zatímco se počty nemocných s ARI zvyšují u dospělé populace (přibližně o 15 %), u předškolních dětí je evidován mírný pokles o necelých 7 %. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena z Jihomoravského, Pardubického a Moravskoslezského kraje.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost nadále zvyšuje, aktuálně o 58,6 %, přičemž vzestup je evidován ve všech věkových skupinách, což odpovídá zvyšujícím se počtům pozitivních záchytů chřipkových virů v populaci.

V současnosti se nadále uplatňuje několik původců akutních respiračních onemocnění, které vedle sebe ve vyšší míře cirkulují v populaci (zejména viry chřipky, SARS-CoV-2 a RSV), nicméně aktivita chřipky je dominantní.

Téměř na celém území České republiky lze situaci hodnotit jako probíhající epidemii ARI včetně chřipky. Výjimkou je pouze Praha, kde nemocnost ARI sice stoupá ve všech věkových skupinách, epidemický práh však zatím nebyl překročen.

- 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](#)

<https://flunewseurope.org/>