



Zpráva NRL ke dni 19. 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 - 12
Závěr a odkazy	Strana 13 - 14

- V období od 10. 12. do 18. 12. 2022 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 111 hlášených testů diskriminační PCR z 9 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	Podíl
Omikron	62	55,9%
BA.2 /BF.x, BN.x BQ.x, rekombinantní	26	23,4%
BA.5.x	20	18,0%
Neprovedeno	3	2,7%

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	12
LMG Nemocnice Jihlava p.o.	3
Nemocnice Na Bulovce	18
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Pardubická krajská nemocnice a.s. odd. mikrobiologie	9
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	9
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	23
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	30
Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem	6

- K 19. 12. 2022 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 55 845 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL a mezinárodní platforma GISAID. V této databázi je zveřejněno celkem 95 sekvenací s datem odběru vzorku mezi 18. listopadem a 19. prosincem.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BF.7.x (24 %) a varianty BQ.1.x (více než 27 %). 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

Varianta	Počet	Podíl
BF.7.x	23	24,2%
BA.5.x	19	20,0%
BQ.1.1	13	13,7%
BQ.1.x	13	13,7%
BF.14	10	10,5%
BN.1.x	5	5,3%
BA.2.75.5	2	2,1%
BA.2.3.20	1	1,1%
BA.4.6.4	1	1,1%
Ostatní	8	9,5%

Celkový počet 95

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

Varianta	Počet	Podíl	Varianta	Počet	Podíl
BF.7	20	21,1%	BF.7.6	1	1,1%
BQ.1.1	13	13,7%	BN.1.2	1	1,1%
BF.14	10	10,5%	BN.1.5	1	1,1%
BQ.1	4	4,2%	BQ.1.1.1	1	1,1%
BA.5.1	3	3,2%	BQ.1.1.27	1	1,1%
BA.5.2	3	3,2%	BQ.1.1.3	1	1,1%
BA.5.2.6	3	3,2%	BQ.1.1.4	1	1,1%
BN.1.3	3	3,2%	BQ.1.1.5	1	1,1%
BA.2.75.5	2	2,1%	BQ.1.13	1	1,1%
BA.5.2.1	2	2,1%	BQ.1.2	1	1,1%
BA.5.3.1	2	2,1%	CA.7	1	1,1%
BQ.1.5	2	2,1%	CK.1	1	1,1%
CV.1	2	2,1%	CK.2.1	1	1,1%
BA.2.3.20	1	1,1%	CR.1	1	1,1%
BA.4.6.4	1	1,1%	DG.1	1	1,1%
BA.5.1.10	1	1,1%	XBB.1.5	1	1,1%
BA.5.1.26	1	1,1%			
BA.5.1.5	1	1,1%			
BA.5.2.13	1	1,1%			
BA.5.2.3	1	1,1%			
BA.5.2.44	1	1,1%			
BE.1.1	1	1,1%			
BF.7.5	1	1,1%			

Na konci 49. týdne 2022 se počet případů COVID-19 v zemích EU/EEA zvýšil o 6 % ve všech věkových kategoriích ve srovnání s předchozím týdnem. Obsazenost nemocnic od minulého týdne zvýšila, zatímco ukazatele obsazenosti JIP zůstávají stabilní.

Varianty s nejvyšším nárůstem detekcí ve 48. KT ve světě (GISAID data)

BQ.1.x - nárůst detekcí zvýšen 2,4krát až 53krát oproti minulému týdnu v závislosti na sublinii BQ, nejvyšší nárůst byl zaznamenán pro sublinii: BQ.1.1.15

XBB.x –nárůst detekcí 5 x

CQ.2 - nárůst detekcí 10 x

CR.1.1 - nárůst detekcí 10 x

BE.4.2 - nárůst detekcí 4 x

BW.1 - nárůst detekcí 5 x

Nově navržené varianty:

DJ.1.2: DJ.1 sublinie (S:N460K) Peru

BQ.1.1.25: BQ.1.18 (S:Y144-, S:F490S a N:G30-) New York

V rámci **non-sentinelové surveillance** bylo za 49. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 589 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 5. Do NRL bylo zasláno v rámci **sentinelové surveillance** ve 49. týdnu 48 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 6.

Tabulka 5 - Non-sentinelové surveillance

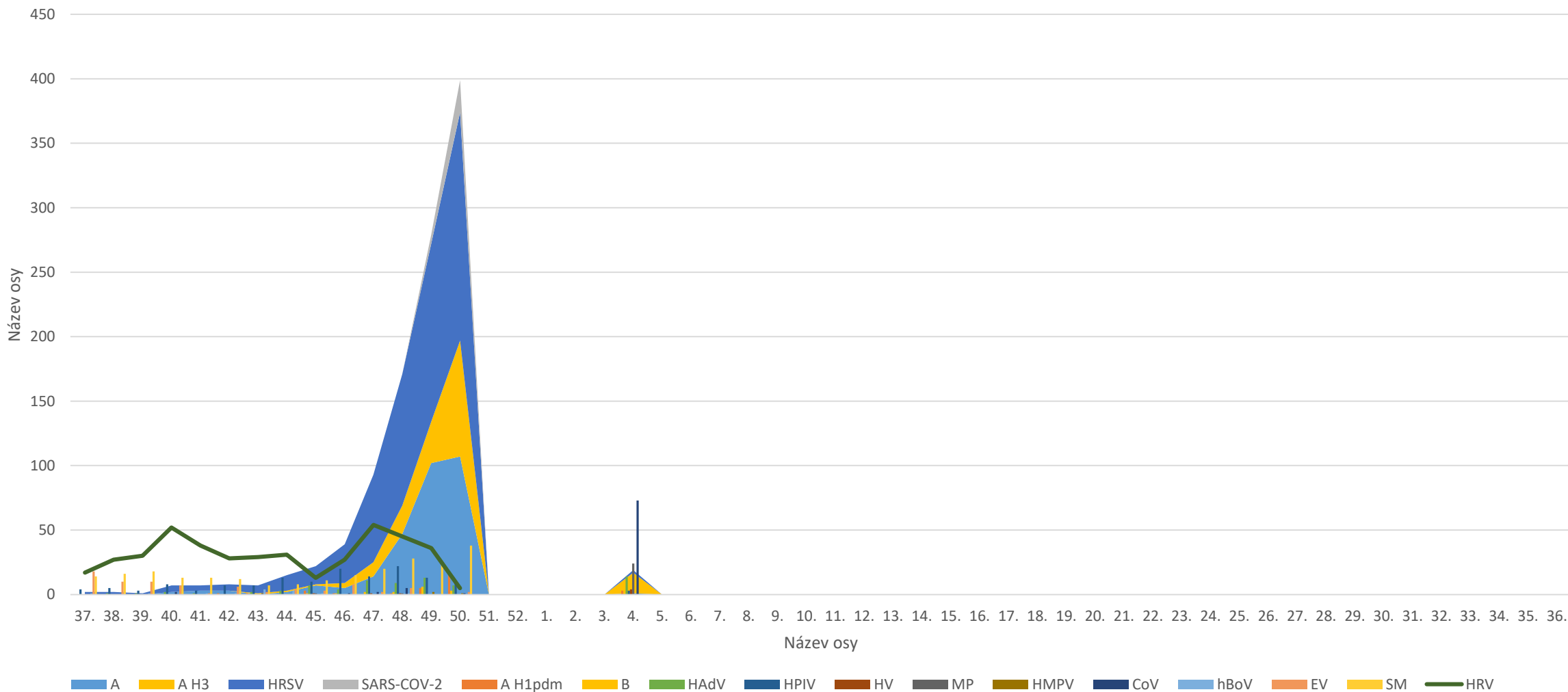
Patogen	Počet detekcí
Chřipka A	107
Chřipka A H ₁ pdm	15
Chřipka A H ₃	90
Chřipka B	3
Lidský rhinovirus	5
Adenovirus	7
Parainfluenza virus	9
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	1
Sezonní koronavirus	1
RSV	177
Bocavirus	0
Enterovirus	2
SARS-COV-2	25
Smíšená infekce	38
Celkový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

Tabulka 6 - NRL sentinelové surveillance

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A 1	1
Chřipka A H ₁ pdm	3
Chřipka A H ₃	16
Lidský rhinovirus	6
Parainfluenza virus	2
RSV	14
SARS-COV-2	3
Smíšená infekce	4
Negativní	24
Celkový počet vyšetření:	73

- 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 chřipka A/H3 a RSV, detekovali jsme první případy A/H1 pdm 2009..

Graf 1: ARI/ILI – nonsentinelová surveillace v ČR – situace k 50. KT



Upozornění: Prosíme spolupracujících laboratoře, které hlásí ARI/ILI vyšetření, o vyplnění počtu vyšetření na SARS-CoV-2.

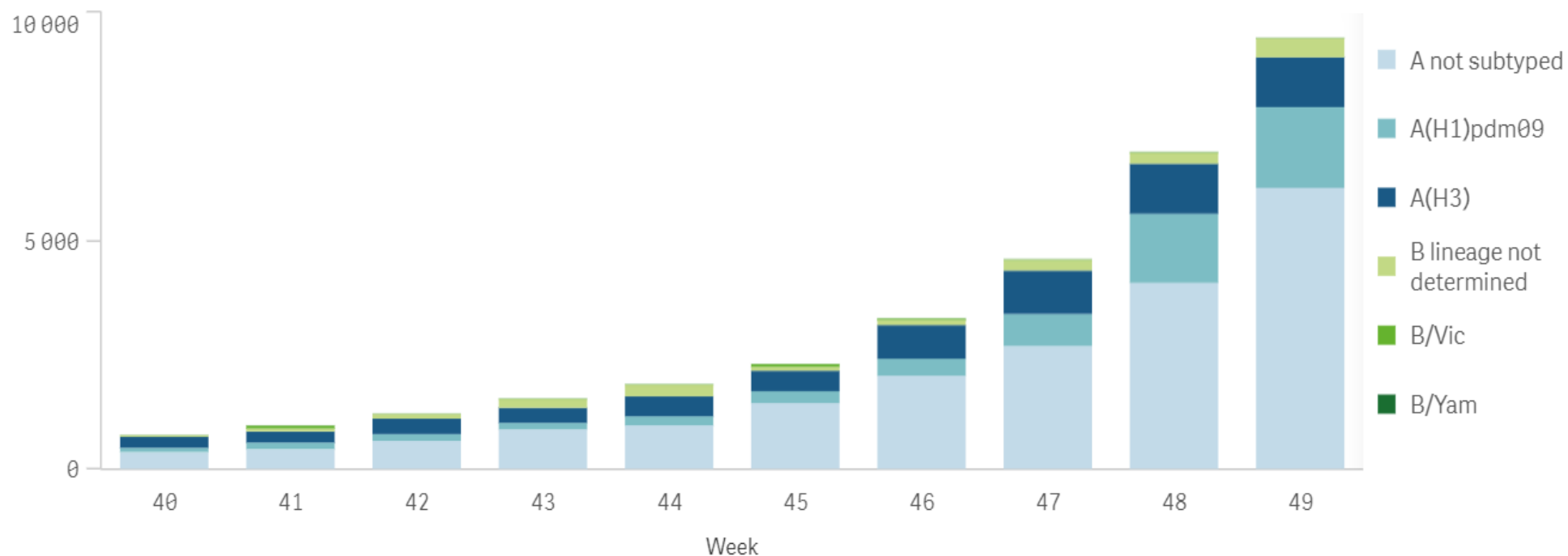
Rakousko, Estonsko, Francie, Německo, Holandsko, Portugalsko, Rusko, Ukrajina, Skotsko a Wales hlásí celoplošné šíření viru chřipky.

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se zvýšilo na 23 % z 20 % v předchozím týdnu, což je nad epidemickým prahem pro země EU/EEA stanoveným na 10 %.
- 27 zemí hlásí zvýšenou aktivitu chřipky o střední až vysoké intenzitě. Gruzie, Německo, Itálie, Kyrgyzstán, Lotyšsko, Portugalsko a Slovensko hlásí více než 40 % pozitivních detekcí chřipky v sentinelové surveillanci.
- V sentinelové surveillanci dominuje virus chřipky A/H3, v non-sentinelové surveillanci převládá detekci A/H1 pdm 2009.
- Za 49. KT bylo v rámci sentinelového vyšetření pacientů s příznaky ARI/ILI testováno 3 947 vzorků, z nichž 921 (23 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (95 % chřipka typu A a 5 % jako chřipka typu B). V 658 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A/H3 (82 %), A(H1)pdm09 byl pozitivní u 18 % vzorků a všech 7 izolátů chřipky B bylo určeno jako B/Victoria.

Kvalitativní indikátory (viz graf 2)

- Intenzita: z 39 zemí hlásí 8 zemí aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 10 zemí hlásí nízkou intenzitu, 14 zemí hlásí střednou intenzitu, 4 země hlásí vysokou intenzitu (Kazachstán, Lotyšsko, Malta, Slovensko) a 2 země hlásí velmi vysokou intenzitu (Rakousko a Rusko).
- Zeměpisné rozšíření: z 39 zemí hlásí 2 země nulovou aktivitu, 7 zemí hlásí sporadický výskyt, 5 zemí hlásí lokální šíření, 8 zemí hlásí regionální šíření a 16 zemí hlásí celoplošné rozšíření.

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

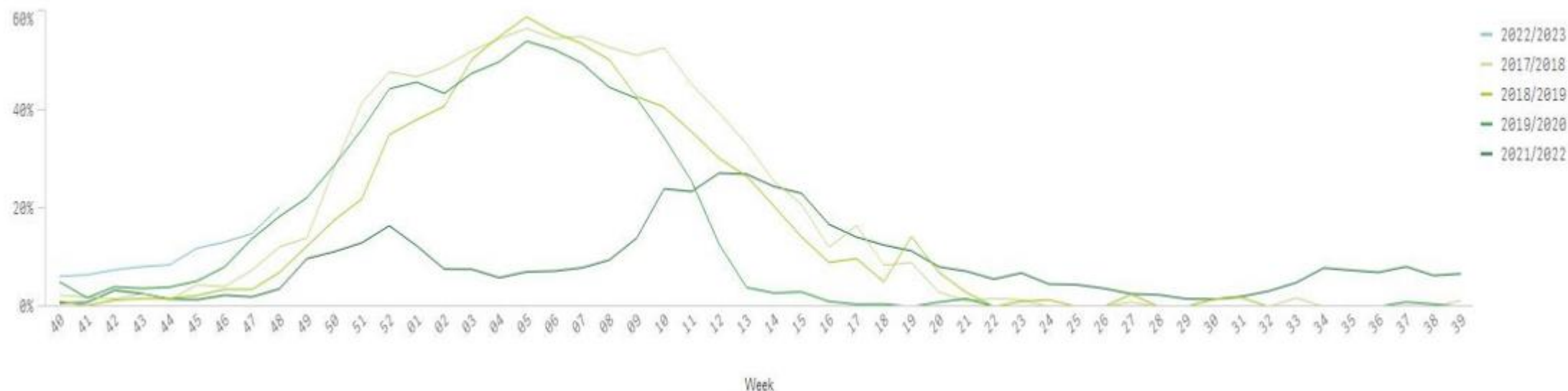


Ze 184 geneticky charakterizovaných kmenů A(H1)pdm09 spadalo 183 do klády 6B.1A.5a.2 (shoda s vakcinálním kmenem), v jednom případě byl detekován kmen z klády 6B.1A.5a.1 (vakcinální kmen loňské sezóny).

Mezi 348 kmeny A(H3) charakterizovanými spadalo 342 do klády 3C.2a1b.2a.2 (shoda s vakcinálním kmenem). Šest (1,7 %) virů nebylo možné fylogeneticky zařadit.

Bylo charakterizováno 31 kmenů B/Victoria, z nichž 19 (61,3 %) bylo z klády V1A.3a.2 reprezentované B/Austria/1359417/2021; 12 (38,7 %) nebylo možné fylogeneticky zařadit.

Graf 3: Influenza positivity in sentinel-source specimens by week - WHO Europe



© World Health Organization 2022.
 © European Centre for Disease Prevention and Control 2022.
 Reproduction is authorised, provided the source is acknowledged.



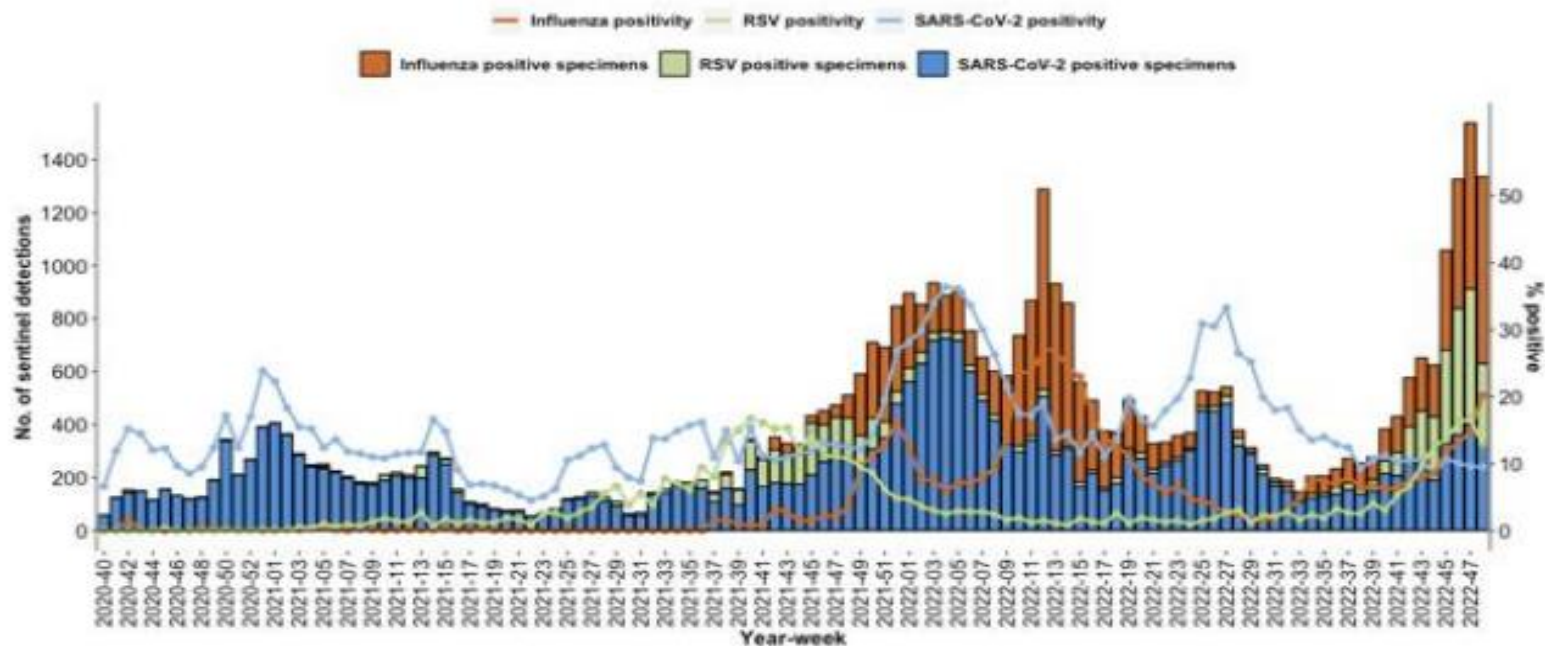
Nástup sezóny epidemie chřipky byl časnější než u předchozích 4 sezón (viz graf 3). V sentinelových vzorcích převažuje subtyp A/H3, u hospitalizovaných pacientů naopak subtyp A/H1 pdm 2009 (65,6 %). V některých zemích narůstá počet osob hospitalizovaných na JIP s chřipkou typu B.

V SARI hlášených případech převažují detekce viru chřipky typu B.

Ve 157 případech byl prokázán virus chřipky typu A, ve 132 případech byla provedena subtypizace: A(H1)pdm09 detekována v 89 vzorcích (67 %), A(H3) detekována ve 43 případech (33 %). U 143 hospitalizovaných byla detekována chřipka B, v 73 % provedena charakterizace vždy s výsledkem B/Victoria .

Graf 4:

COVID-19, influenza and RSV¹ detections in primary care sentinel-source specimens by week, WHO European Region



¹RSV: Respiratory Syncytial Virus. Note: Data were excluded for any country-week where no denominator (number of tests carried out) was reported for SARS-CoV-2 or RSV.

Vysoký podíl detekcí RSV v celém evropském regionu byl pozorován od týdne 40. KT, ale celková pozitivita mezi pacienty v primární péči s akutním respiračním onemocněním klesla ve 48. KT na 11,6 % z předchozích 16 %.



Upozornění na problémy s detekcí virů chřipky subtypu A/H1 2009 pdm v systému COBAS

NORTHERN IRELAND OCTOBER 2022 TESTING

Sample ID	COBAS SARS CoV2/INFLUENZA AB				IN-HOUSE TAQMAN PCR			
	SARS CoV2 Target 1 (Ct)	SARS CoV2 Target 2 (Ct)	Influenza A (Ct)	Influenza B (Ct)	INFLUENZA A MATRIX (Ct)	INFLUENZA B (Ct)	H1pdm09 (Ct)	H3/H1 pdm09
V32403889	NEG	NEG	40.51	NEG	26.91	NEG	26.35	H1pdm09 variant
V32403990	16	15	44.09	NEG	26.57	NEG	25.1	H1pdm09 variant
V32405317	NEG	NEG	40.3	NEG	38.17	NEG	34.58	H1pdm09 variant
V32406477	NEG	NEG	36.09	NEG	20.63	NEG	19.58	H1pdm09 variant
V32407315	NEG	NEG	41.87	NEG	34.94	NEG	27.33	H1pdm09 variant
V32399280	NEG	NEG	32.78	NEG	14.7 (Cepheid)	NT	18.45	H1pdm09 variant
V32399277	NEG	NEG	35.71	NEG	29.82	NT	29.48	H1pdm09 variant
V22035918	NEG	NEG	43.08	NEG	24.3	NEG	22.88	H1pdm09 variant
V22038767	NEG	NEG	40.08	NEG	26.11	NEG	26.65	H1pdm09 variant
V22039362	NEG	NEG	36.14	NEG	16.7	NEG	22.86	H1pdm09 variant
V32409910	NEG	NEG	35.25	NEG	22.22	NEG	20.87	H1pdm09 variant
V32408989	NEG	NEG	44.94	NEG	29.1	NEG	28.05	H1pdm09 variant
V32408447	NEG	NEG	36.67	NEG	24.54	NEG	24.26	H1pdm09 variant
V22039523	NEG	NEG	NEG	NEG	30.51	NEG	31.12	H1pdm09 variant
V22039608	34.86	34.39	NEG	NEG	30.48	NEG	30.1	H1pdm09 variant
V32409708	NEG	NEG	38.08	NEG	No extract	NEG	26.96	H1pdm09 variant
V22039695	NEG	NEG	NEG	NEG	34.34	NEG	33.66	H1pdm09 variant
V22039755	NEG	NEG	NEG	NEG	33.75	NEG	30.28	H1pdm09 variant
V22039759	30.95	30.63	39.26	NEG	25.18	NEG	23.6	H1pdm09 variant
V22039835	NEG	NEG	35.82	NEG	30.1	NEG	25.35	H1pdm09 variant
V32410320	NEG	NEG	30.71	NEG	22.51	NEG	22.23	H1pdm09 variant
V22039887	NEG	NEG	33.44	NEG	14.10 (Cepheid)	NT	19.18	H1pdm09 variant
V32399280	NEG	NEG	32.78	NEG	20.47	NEG	18.45	H1pdm09 variant
V32411273	NEG	NEG	NEG	NEG	29.75	NEG	27.53	H1pdm09 variant
V32411588	NEG	NEG	NEG	NEG	33.22	NEG	32.61	H1pdm09 variant

3 week period:
Ct >40 = 13/25= 52% called negative

Velká Británie: 2 laboratoře nahlásily problém s detekcí subtypu A/H1pdm 2009 v systému Cobas Roche, je pravděpodobné, že tato diagnostika je ovlivněna genetickým driftem současných H1N1 kmenů.

A(H1N1)pdm09 HA-gene phylogeny: GISAID 17.11.2022 UK sequences

Vaccine viruses
Reference viruses

Collection date
Jun 2022
Jul 2022
Aug 2022
Sep 2022
Oct 2022

M-gene mutations

C124A
C124A+G141A



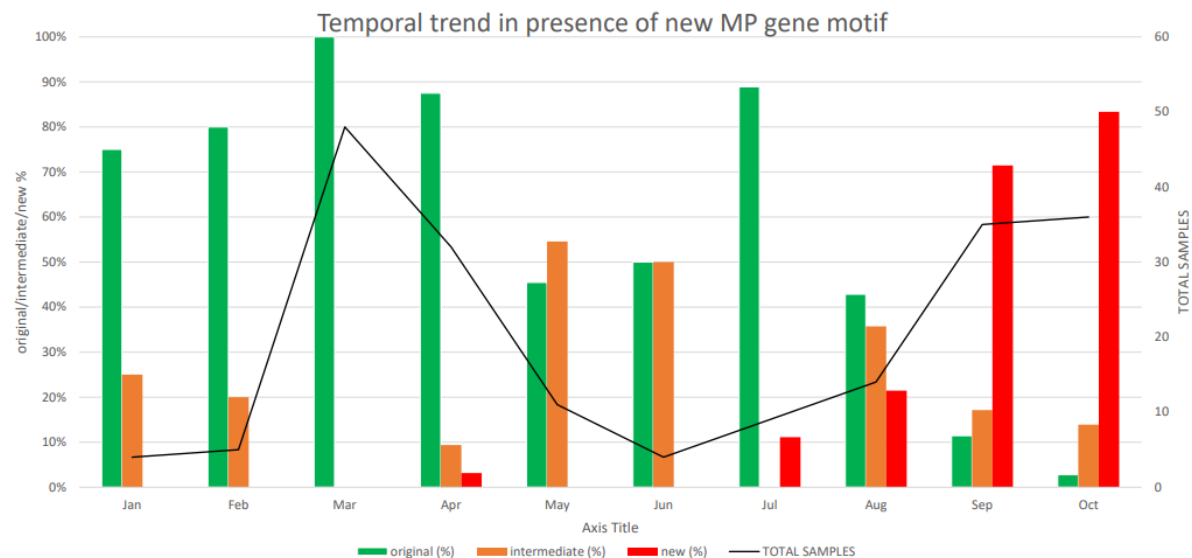
6B.1A.5a.2

6B.1A.5a.1

Temporal changes in M Gene

M						
nucleotide	c124a	g141a	g183a	a293g	t420a	c704a
amino acid	L42I	K46	G61	K98R	T140	A235E

H3 MP n=679	■ H3 original (%) ■ H3 intermediate (%)					
nucleotide	c124	g141	g183a	a293	t420	a704
amino acid	L42	K46	G61	K98R	T140	E235
Nuc. changes	0	0	48	0	0	0



Sekvenční analýza britských kmenů demonstruje vznik variantního M genu v průběhu roku 2021 s postupně rostoucím podílem. Proto je třeba provádět paralelně s detekcí subtypu rovněž subtypizaci a to především v systému COBAS.

ILI vzorky s negativní PCR analýzou pro respirační panel a virus chřipky A/B bez další subtypizace je třeba zaslat do NRL ke confirmaci.

SARS-CoV-2

- NRL upozorňuje, že molekulárně-biologická surveillance 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 varianta omikronu BF.7 (potomek BA.5) a zaznamenali jsme nárůst detekcí variant BQ.1.
- V zemích EU/EEA postupně narůstá počet případů pozitivních na SARS-CoV-2 v sentinelovém i non-sentinelovém šetření.

Chřipka a RSV

- NRL upozorňuje na možné falešně negativní detekce viru chřipky A u subtypu A/H1 pdm 2009, především v případech kdy se neprovádí subtypizace. Žádáme lokální výrobce a distributory o in-silico analýzu oligonukleotidů určených pro detekci viru chřipky typu A.
- S ohledem na evropská data lze říci, že kulminuje epidemie RSV, v příštích týdnech lze očekávat pokles. 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.
- V souvislosti s počínající epidemií chřipky lze ještě doporučit očkování proti chřipce. Stávající kmeny mírně antigenně driftují od navržených vakcinálních kmenů, ale spadají do stejné fylogenetické klády jako vakcinální kmeny.
- V 50. týdnu 2022 je evidován další vzestup nemoci akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI). Aktuálně nemocnost ARI v ČR dosáhla hodnoty 2 343 případů na 100 000 obyvatel, což představuje vzestup o 33,6 % v porovnání s minulým týdnem. Nárůsty nemocnosti jsou nadále evidovány ve všech krajích a ve všech věkových skupinách, což odpovídá zvyšujícím se počtům pozitivních záchytů chřipkových virů v populaci.
- Nemocnost se výrazně zvyšuje i u tzv. chřipkových onemocnění (ILI), což je na počátku chřipkové epidemie typické. V této kategorii se nemocnost v porovnání s minulým týdnem zvýšila o 164 %.

Na většině území České republiky lze situaci hodnotit jako probíhající epidemii ARI včetně chřipky. Výjimkou jsou dva regiony, Praha a Jihočeský kraj. V Praze se aktuálně jedná o zvýšený výskyt ARI. V Jihočeském kraji je situace ve výskytu ARI aktuálně hraniční, epidemický práh byl překročen jen ve dvou okresech, ale ve většině okresů zatím epidemický práh překročen nebyl.

V současnosti se uplatňuje několik původců akutních respiračních onemocnění, které vedle sebe nadále ve vyšší míře cirkulují v populaci (zejména viry chřipky, SARS-CoV-2 a RSV), nicméně aktivita chřipky se zvyšuje. Lze předpokládat, že i v dalším týdnu se počty nemocných s chřipkou ještě budou zvyšovat, ve shodě s Evropou můžeme očekávat postupný pokles hospitalizací v důsledku infekce virem RSV,

- 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](#)