



# Zpráva NRL ke dni 2. 1. 2023

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 - 8

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 9 - 11

Závěr a odkazy

Strana 12 - 14

- V období od 25. 12. do 2. 1. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 31 hlášených testů diskriminační PCR ze 4 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.4./BA.	1
BA.4./BA.5/BA.5.x	29
BA.5.x	1
Celkový součet	31

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoře	Počet
Laboratoře Agel a.s. Nový Jičín 2	4
Nemocnice Na Bulovce	10
Oblastní nemocnice Trutnov a.s.	1
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	16
Celkový součet	31

- K 1. 1. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 60,017 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL 545 s datem odběru od 1. 11. 22 do 1. 1. 23, tedy za 2 měsíce. Průměrně bylo osekvenováno 1 % vzorků s dobou odezvy 26 dnů.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu a její subvarianty BF.7.x (21 %), varianty odvozené od BA.5 (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 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období**

Varianta	Počet	Varianta	Počet	Varianta	Počet
BF.7	89	BA.4.6	3	BA.2	1
BF.14	66	BA.5.1.26	3	BA.4.6.4	1
BA.5.2	42	BA.5.1.5	3	BA.4.6.5	1
BQ.1.1	40	BA.5.2.21	3	BA.5.1.12	1
BA.5.2.1	27	BA.5.2.34	3	BA.5.1.3	1
BA.5.1	24	BA.5.2.35	3	BA.5.2.22	1
BF.7.3	15	BE.1.1.1	3	BA.5.2.9	1
BE.1.1	13	BF.7.6	3	BA.5.5	1
BA.5.2.44	12	BN.1.1.1	3	BE.6	1
BA.5.2.6	12	BQ.1.11	3	BF.10	1
BN.1.3	10	BQ.1.2	3	BF.11	1
XBB.1	10	DG.1	3	BF.11.1	1
BQ.1	9	BA.2.3.20	2	BF.11.3	1
BA.5.2.13	8	BA.5.1.10	2	BF.23	1
BF.5	8	BA.5.2.3	2	BF.4	1
CK.1	8	BA.5.6.4	2	BF.7.5	1
BA.5.1.23	7	BE.1.1.2	2	BM.1.1.3	1
BA.5.2.20	7	BM.5	2	BN.1.2	1
BA.5.9	6	BN.1	2	BN.1.3.1	1
BA.5.3.1	5	BQ.1.1.15	2	BN.1.5	1
BQ.1.1.1	5	BQ.1.1.4	2	BQ.1.1.13	1
BA.5	4	BQ.1.10	2	BQ.1.1.27	1
BF.7.4	4	BQ.1.19	2	BQ.1.1.3	1
CR.1	4	BQ.1.22	2	BQ.1.1.5	1
BA.2.75.5	3	BQ.1.5	2	BQ.1.1.7	1
		CV.1	2	BQ.1.12	1
		CH.1.1	2	BQ.1.13	1
		XBB.1.5	2	BQ.1.18	1
		NA	2	BQ.1.23	1
				BQ.1.8	1
				BR.1.2	1
				CA.7	1
				CG.1	1
				CK.2.1	1
				CK.2.1.1	1
				CP.1	1
				DF.1	1

**Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období**

Varianta	Počet	Podíl
BA.5.x	180	33,0%
BF.7.x	112	20,6%
BF.14	66	12,1%
BQ.1.x	42	7,7%
BQ.1.1	40	7,3%
BE.1.1	18	3,3%
BN.X	18	3,3%
XBB.1	10	1,8%
BA.2.x	6	1,1%
BA.2.x	6	1,1%
BA.4.6	5	0,9%
BA.4.6	5	0,9%
XBB.1.5	2	0,4%
CH.1.1	2	0,4%
Ostatní	33	6,1%

Celkový počet 545

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)

Country / territory	Sequences shared	Reported COVID-19 cases	Reported deaths from COVID-19	% of cases sequenced and shared	Most recent submission, days ago	Most recent collection, days ago	Median days to deposition
Czech Republic	56,012	4,576,689	42,063	1.224	6	25	26

Porovnání frekvence výskytu variant za poslední měsíc

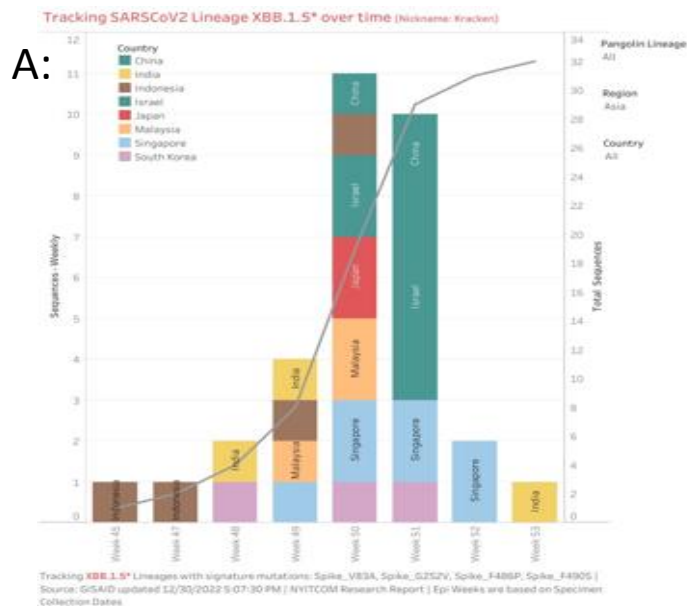
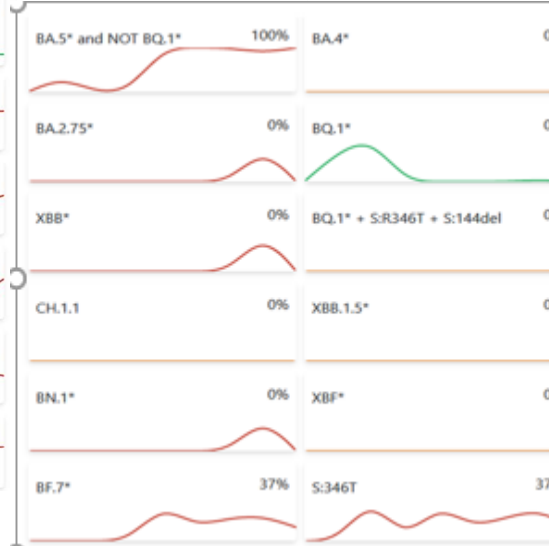
## Česká republika



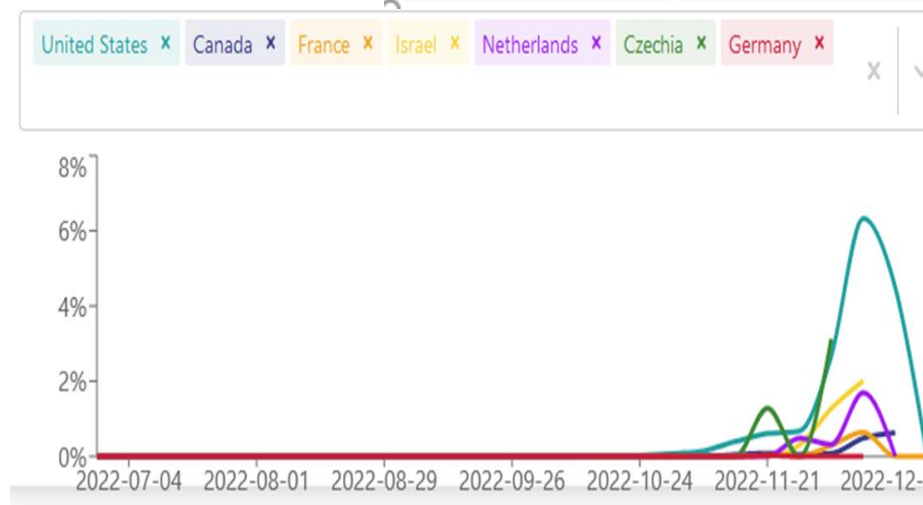
## Svět



## Čína



**B:**



Podíl detekované varianty XBB.1.5 A: v JV Asii, B: ve vybraných zemích světa

Tracking XBB.1.5\* Lineages with signature mutations: Spike\_V83A, Spike\_G252V, Spike\_F486P, Spike\_F490S | Source: GISAID (updated 12/30/2022 5:07:30 PM) | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates

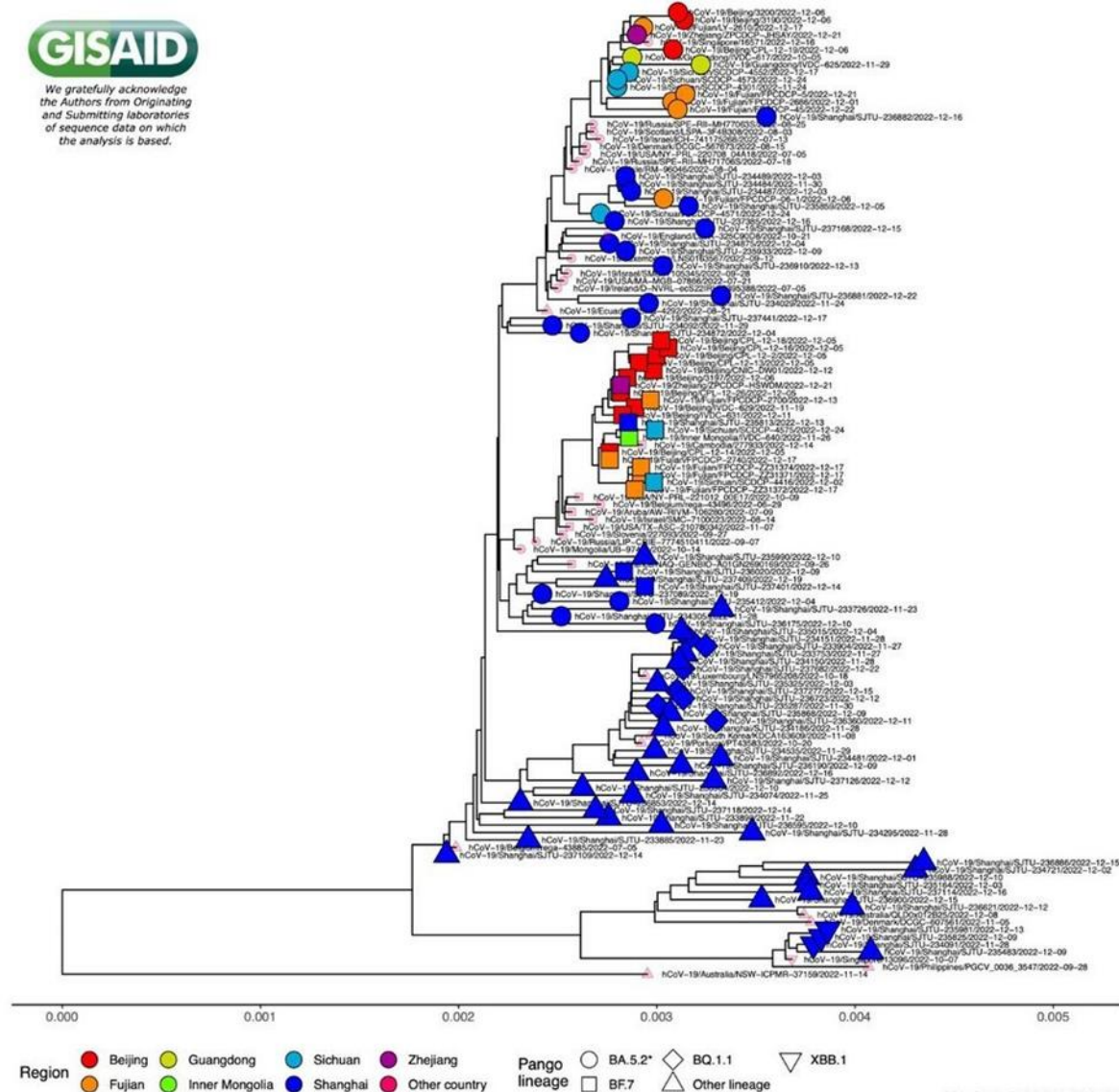
Prevalence of sublineages collected 29 Nov 2022-27 Dec 2022 compared with sublineages collected 01 Nov 2022-29 Nov 2022

BA.2	+2.6%	-0.2%	+0.5%	+0.0%	+1.8%	+0.1%
BA.2.75	-2.9%	+2.8%	+5.9%	+22.1%	+0.3%	+0.3%
BA.4	+1.4%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.1%
BA.4.1.8	-2.3%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BA.4.6	-1.6%	-0.1%	-0.4%	-0.5%	-1.6%	-3.3%
BA.5.1	+0.0%	-0.0%	-1.7%	-1.6%	-1.5%	-2.3%
BA.5.11	-3.2%	-0.0%	+1.1%	+0.0%	+0.0%	+0.0%
BA.5.2	+0.3%	-6.0%	-4.1%	-6.1%	-3.0%	-1.7%
BA.5.2.1	-0.9%	-3.4%	-2.3%	-5.0%	-3.9%	-1.3%
BA.5.3.1	-0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.1%	-0.0%	-2.5%
BA.5.3.5	-1.8%	-0.0%	-0.0%	-0.1%	+0.0%	+0.0%
BE.5	+0.3%	+0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	-2.6%
BE.7	+3.9%	+0.0%	+0.0%	-0.1%	+0.0%	-0.0%
BE.8	+1.6%	-0.0%	+0.0%	+0.1%	-0.0%	-0.0%
BF.5	+0.0%	+2.2%	-0.6%	-0.5%	-0.4%	-0.0%
BF.7	-0.1%	+1.8%	-3.0%	-1.6%	-0.9%	-0.7%
BN.1.2	-3.2%	-0.0%	+0.1%	-0.0%	+0.0%	+0.7%
BQ.1	+5.1%	-0.2%	-0.6%	-0.4%	+1.0%	+0.5%
BQ.1.1	+9.2%	+0.4%	+0.4%	+1.2%	+5.1%	+3.7%
BQ.1.1.13	+0.0%	+0.0%	+0.6%	+0.1%	+0.2%	+6.3%
BQ.1.1.18	+1.0%	+0.1%	+0.7%	+0.0%	+0.3%	-0.2%
BQ.1.1.20	+0.0%	+0.0%	+1.8%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BQ.1.1.22	+1.0%	+0.8%	+2.3%	+0.9%	+1.1%	+0.7%
BQ.1.1.24	+2.8%	-0.0%	+0.1%	+0.1%	+0.3%	-0.0%
BQ.1.1.4	+0.0%	-0.0%	+0.3%	+0.2%	+0.7%	+2.9%
BQ.1.1.6	+1.4%	+0.0%	+0.1%	+0.1%	+0.1%	-1.0%
BQ.1.1.7	-1.5%	+0.0%	+0.1%	+0.0%	+0.1%	+0.2%
BQ.1.13	+1.4%	+0.2%	+0.3%	+0.1%	+0.3%	+0.1%
BQ.1.23	+1.2%	+0.1%	+0.3%	+0.6%	+0.6%	-0.3%
BQ.1.26	+1.4%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.2%	+0.1%
BQ.1.8	-4.2%	+0.2%	+0.2%	+0.2%	-0.0%	-0.3%
CJ.1	+1.4%	-0.0%	+0.1%	-0.0%	+0.0%	+0.0%
DJ.1	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	-1.5%
DJ.1.1	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.1%	-1.8%
XBB	+1.2%	+4.1%	+2.1%	+1.5%	+2.2%	+1.8%
XBB.1	-4.1%	-1.6%	-0.7%	-1.8%	+0.1%	+1.9%
XBB.1.5	+0.0%	+0.1%	+0.1%	+0.1%	+3.0%	+0.3%
XBB.2	+1.0%	-0.3%	-0.3%	-0.4%	-0.1%	+5.3%
	Africa	Asia	Europe	Oceania	North America	South America

Čínské CDC sdílí opět sekvenční data v GISAID. Sekvence z Číny jsou odpovídající současným světovým zjištěním, k nejčtenějším patří BF,7 a BA.5.2.



We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



1. Lidé cestující z Číny by měli být testováni na SARS-CoV-2 a chřipku, pokud mají příznaky infekce respiračního traktu.
2. SARS-CoV-2 detekovaný ve vzorcích odebraných osobám cestujícím z Číny by měl být sekvenován, aby se určil typ varianty, a sekvenční data by měla být sdílena s mezinárodním společenstvím (13, 14), aby bylo možné detekovat vznik nových mutací, nebo mutace vytvořené tak, aby poskytly imunitní únikový fenotyp.
3. Osoby cestující do Číny by si měly být vědomy toho, že během několika příštích měsíců existuje velmi vysoké riziko infekce SARS-CoV-2. Pokud cestujete do Číny, důrazně se doporučuje kompletní očkovací cyklus tří až čtyř dávek včetně nové bivalentní vakcíny.

## For EITaF

Gilbert Greub, Pikka Jokelainen, Onder Ergonul, Nick Beeching, Eskild Petersen, Marion Koopman

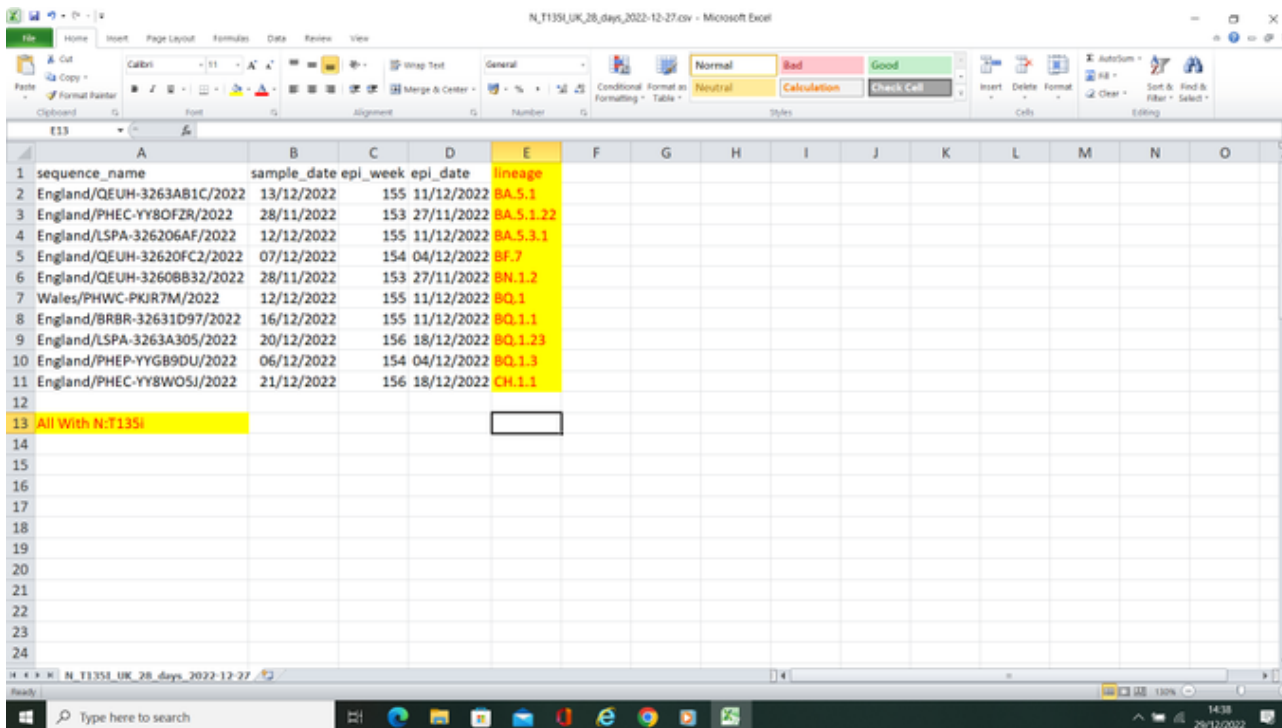


**EITaF** EMERGING  
INFECTIONS  
TASK FORCE

European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases

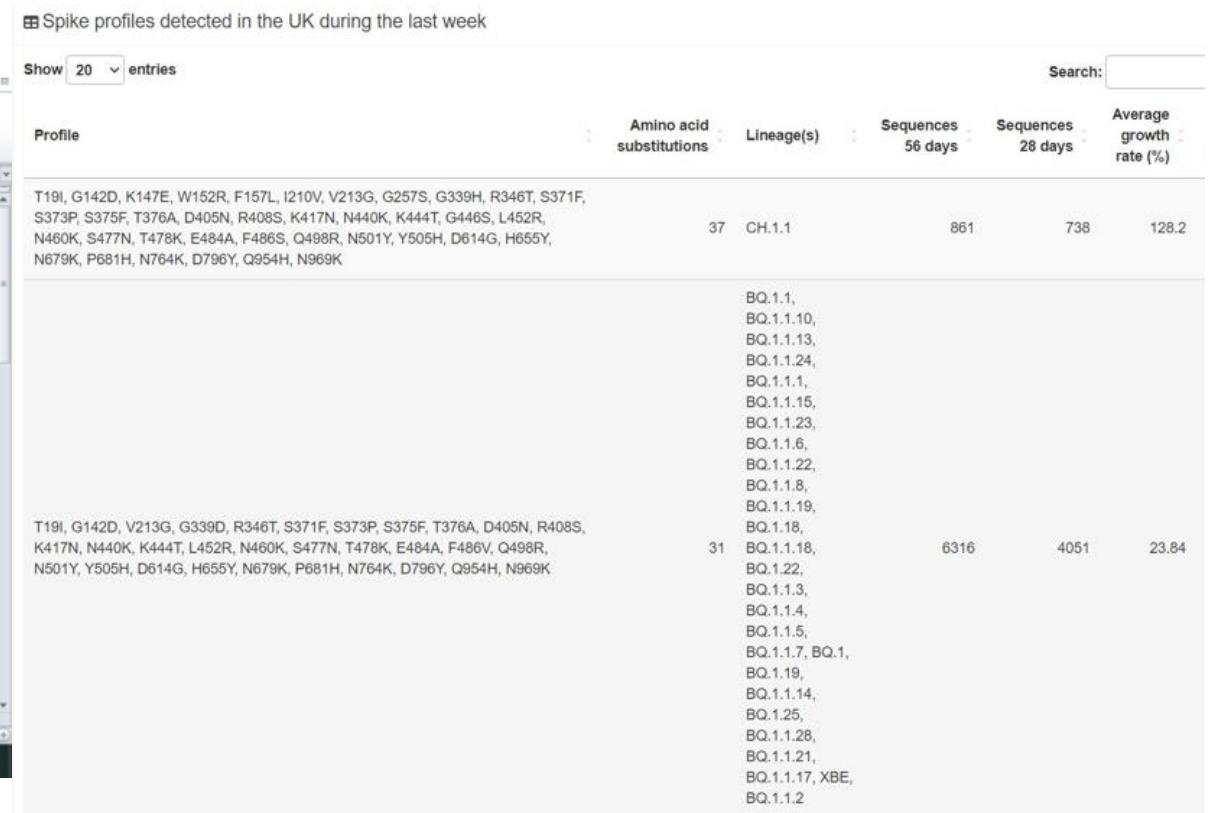
V souvislosti se zvýšeným počtem úmrtí na c19 v Japonsku, kde vzrůstá výskyt varianty BA.5 se substitucí v genu pro nukleoprotein T135I je nyní věnována pozornost této mutaci i v jiných liniích (obr.1). Této mutaci je připisována schopnost rychlého šíření. V Japonsku rovněž narůstá detekcí mutace ORF3a:D155Y, která je charakteristická pro dlouhou úvodní asymptomatickou fází. Rovněž jsou detekovány varianty s velkým počtem substitucí, které lze s největší pravděpodobností připsat na vrub podávání molnupiraviru (v ČR Lagevrio). Jedná se o varianty BM.1xx a CH.1.1 (obr. 2).

Obr.1



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	sequence_name	sample_date	epi_week	epi_date	lineage										
2	England/QEUIH-3263AB1C/2022	13/12/2022	155	11/12/2022	BA.5.1										
3	England/PHEC-YY8OF2R/2022	28/11/2022	153	27/11/2022	BA.5.1.22										
4	England/LSPA-326206AF/2022	12/12/2022	155	11/12/2022	BA.5.3.1										
5	England/QEUIH-32620FC2/2022	07/12/2022	154	04/12/2022	Bf.7										
6	England/QEUIH-32608B32/2022	28/11/2022	153	27/11/2022	BN.1.2										
7	Wales/PHWC-PKJIR7M/2022	12/12/2022	155	11/12/2022	BQ.1										
8	England/BRBR-32631D97/2022	16/12/2022	155	11/12/2022	BQ.1.1										
9	England/LSPA-3263A305/2022	20/12/2022	156	18/12/2022	BQ.1.23										
10	England/PHEP-YYGB9DU/2022	06/12/2022	154	04/12/2022	BQ.1.3										
11	England/PHEC-YY8WOSI/2022	21/12/2022	156	18/12/2022	CH.1.1										
12															
13	All With N:T135I														
14															
15															
16															
17															
18															
19															
20															
21															
22															
23															
24															

Obr. 2



Profile	Amino acid substitutions	Lineage(s)	Sequences 56 days	Sequences 28 days	Average growth rate (%)
T19I, G142D, K147E, W152R, F157L, I210V, V213G, G257S, G339H, R346T, S371F, S373P, S375F, T376A, D405N, R408S, K417N, N440K, K444T, G446S, L452R, N460K, S477N, T478K, E484A, F486S, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H, N969K	37	CH.1.1	861	738	128.2
T19I, G142D, V213G, G339D, R346T, S371F, S373P, S375F, T376A, D405N, R408S, K417N, N440K, K444T, L452R, N460K, S477N, T478K, E484A, F486V, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H, N969K	31	BQ.1.1, BQ.1.1.10, BQ.1.1.13, BQ.1.1.24, BQ.1.1.1, BQ.1.1.15, BQ.1.1.23, BQ.1.1.6, BQ.1.1.22, BQ.1.1.8, BQ.1.1.19, BQ.1.18, BQ.1.1.18, BQ.1.22, BQ.1.1.3, BQ.1.1.4, BQ.1.1.5, BQ.1.1.7, BQ.1, BQ.1.19, BQ.1.1.14, BQ.1.25, BQ.1.1.28, BQ.1.1.21, BQ.1.1.17, XBE, BQ.1.1.2	6316	4051	23.84



V rámci **non-sentinelové surveillance** bylo za 52. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 915 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 5. Hlášení doplněné o data z Nemocnice na Bulovce, FN Motol a ZÚ Ostrava bude k dispozici v příštím týdnu.

Do NRL bylo zasláno v rámci **sentinelové surveillance** v 51. KT 68 vzorků, 52. týdnu pouze 13 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 6.

**Tabulka 5 - Non-sentinelové surveillance**

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A	<b>264</b>
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	<b>21</b>
Chřipka A H <sub>3</sub>	<b>80</b>
Chřipka B	<b>17</b>
Lidský rhinovirus	7
Adenovirus	3
Parainfluenza virus	0
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	1
Sezonní koronavirus	8
RSV	<b>115</b>
Bocavirus	0
Enterovirus	1
SARS-COV-2	<b>6</b>
Smíšená infekce	26
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	915

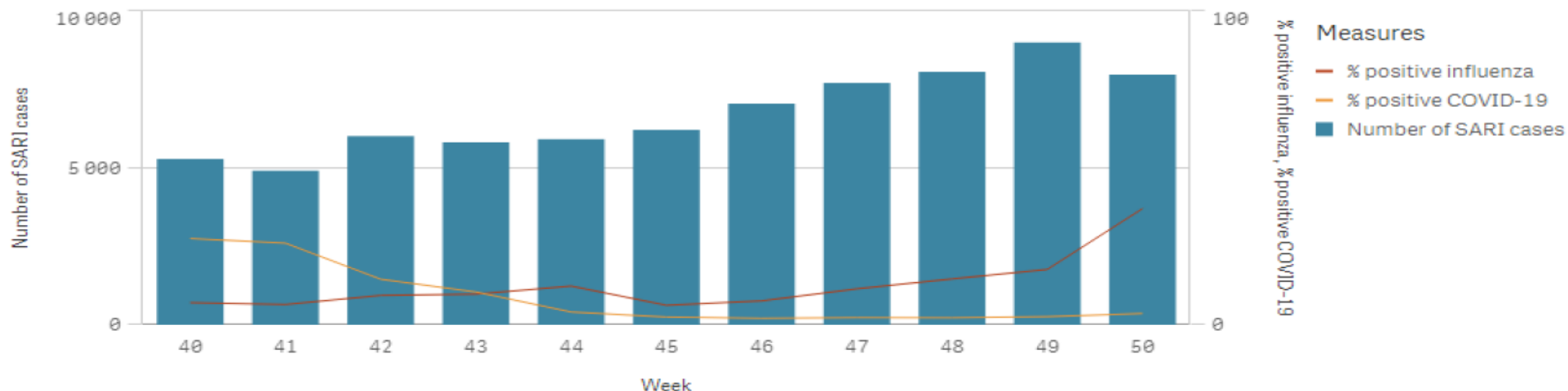
**Tabulka 6 - NRL sentinelové surveillance**

Patogen*	Počet detekcí 51. KT	Počet detekcí 52. KT
Chřipka A	<b>0</b>	<b>0</b>
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	<b>5</b>	<b>0</b>
Chřipka A H <sub>3</sub>	<b>27</b>	<b>1</b>
Chřipka B	2	<b>1</b>
Lidský rhinovirus	4	0
Parainfluenza virus	3	0
RSV	<b>3</b>	<b>0</b>
SARS-COV-2	<b>3</b>	<b>0</b>
Smíšená infekce	4 (A/H3 + 4 xSARS CoV-2, 1x Adv, 1x HRV)	1 (1x A/H3 HRV)
Negativní	17	10
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	68	13

- V **sentinelové surveillance** dominuje virus chřipky A/H3, narůstá počet detekcí viru chřipky A/H1pdm 2009 a evidujeme ojedinělé záchyty viruchřipky typu B.
- \* V tabulce 6 jsou uvedeny pouze aktuálně pozitivní respirační viry.
- V non-sentinelové surveillance se nadále dominuje chřipka A. Počet detekcí RSV poklesl zhruba o 50 %.



- Za KT 51 nejsou k dispozici aktualizovaná data.
- V souvislosti s nástupem epidemie chřipky převýšil podíl závažných případů chřipky vyžadujících hospitalizaci včetně ARO/JIP podíl závažných případů v důsledku onemocnění covid 19.



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

## Virologie SARS-CoV-2

- European society of microbiology and infectious diseases doporučuje testovat všechny cestující z Číny s horečkou na SARS-CoV-2 a chřipku.
- NRL v této souvislosti prosí **o zaslání všech pozitivních vzorků s cestovní anamnézou z Číny k sekvenaci.**
- Rovněž upozorňujeme na striktní dodržování léčebného schéma při podávání **molnupiraviru (Lagevrio)**, tento lék by neměl být podáván imunosuprimovaným pacientům. V případě podávání molnupiraviru při nezlepšení klinického stavu či při přetrvávající pozitivitě musí být tyto vzorky zaslány do **NRL k sekvenaci.**
- V souvislosti s podáváním molnupiraviru se objevují první varianty s vysokým počtem mutací, neuvážené podávání molnupiraviru by mohlo vést k vytvoření emergentní varianty SARS-CoV-2, která by mohla mít závažný epidemický i klinický dopad.
- Varianta s vysokým potenciálem efektivního šíření XBB.1.5 je zatím se vzrůstající tendencí detekována na severoamerickém kontinentu, především v USA.
- Dle CDC Čína lze zařadit většinu sekvenovaných vzorků na území Číny a Mongolska k subvariantám omikronu BF.7 a BA.5.2, v Číně zatím nedošlo k vytvoření znepokojivé varianty.
- Ve sledovaném časovém období převažovaly v ČR varianty omikronu odvozené od BA.5 (33 %), dále varianty BF.7 (21 %) a BF.14 (12 %). Jednotlivě detekujeme i varianty M.1, M.1.x a Ch.1.1, jejichž vývoj lze připsat na vrub podávání molnupiraviru. Detekujeme mírné navýšení rekombinantní varianty XBB.1 (1,8 %).

## **Virologie chřipka**

V sentinelové surveillanci detekujeme především A/H3 i A/H1pdm 2009 a zaznamenali jsme první detekce viru chřipky typu B. Probíhající epidemie chřipky je zatím založena na cirkulaci A/H3, postupně se přidává A/H1 pdm.

## **Epidemiologická data ARI/ILI**

V 52. týdnu 2022 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) snížila o 26,3 % a dosáhla hodnoty 1770 případů na 100 000 obyvatel. Nejvyšší pokles (-41,7 %) je evidován ve věkové skupině 6-14 let. Data nemocnosti jsou však významně ovlivněna vánočními a novoročními svátky, pokles neodpovídá reálné situaci, v neepidemické sezoně navíc obvykle bývá pokles podstatně větší. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena z krajů Jihomoravského, Moravskoslezského, Jihočeského, Vysočiny, Libereckého a Pardubického.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost nadále zvyšuje, aktuálně o 4,1 %, přičemž nejvyšší vzestup (+ 27,7%) je evidován ve věkové skupině dospělých 25-64 let.

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.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 30.12.2022 hlášeno celkem 75 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž v 18 případech došlo k úmrtí. Čtyři nemocní se závažným průběhem chřipky byli ve věkové skupině 0-5 let, čtyři ve skupině 6-14 let, dva ve skupině 15-24 let, 16 ve skupině 25-64 let a 46 ve skupině od 60 let. Z uvedeného počtu pacientů se jednalo v 41 případech o muže a v 34 případech o ženy. Úmrtí na závažný průběh chřipkové infekce byla evidována především u osob ve věku nad 65 let (16 případů) a 2 případy u osob ve věku 25-64 let.

**V České republice nadále probíhá epidemie ARI včetně chřipky.**

- 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/antigenni-covid-testy)
- 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/>