



Zpráva NRL ke dni 9. 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 a dalších respiračních virů, 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 - 7

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 9 - 11

Závěr a odkazy

Strana 12 - 14

- V období od 1. 1. do 9. 1. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 30 hlášených testů diskriminační PCR ze 3 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.x | 18 |
| BA.4./BA.5/BA.5.x | 6 |
| N/A | 6 |
| Celkový součet | 30 |

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

| Laboratoře | Počet |
|--|-------|
| Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň | 2 |
| SPEA Olomouc, s.r.o. | 4 |
| Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě | 24 |
| Celkový součet | 30 |

- K 8. 1. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 135 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Sekvenovaných bylo 463 vzorků s datem odběru od 8. 11. 22 do 8. 1. 23, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (33 %) a její subvarianty BF.7.x (19 %), a BQ.1.x (včetně BQ.1.1 (16 %). Pozorujeme mírný nárůst detekcí sledované varianty BN (aktuálně 5 %), rekombinantní subvarianty XBB byly zachyceny pouze ojediněle (2 %).
- 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 |
|----------|-------|-------|
| BA.5.x | 152 | 32.8% |
| BF.7.x | 87 | 18.8% |
| BQ.1.1 | 55 | 11.9% |
| BF.14 | 53 | 11.4% |
| BN.x | 22 | 4.8% |
| BE.1.1 | 16 | 3.5% |
| BQ.1.x | 16 | 3.4% |
| CK.x | 14 | 3.0% |
| XBB.1 | 8 | 1.7% |
| BA.2.x | 6 | 1.3% |
| BA.4.6 | 4 | 0.9% |
| XBB.1.5 | 2 | 0.4% |
| Ostatní | 28 | 6.0% |

Celkový počet 463

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

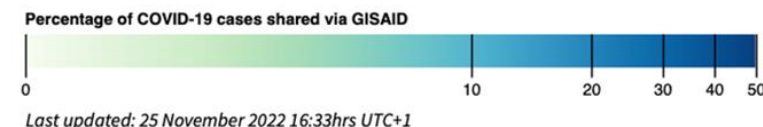
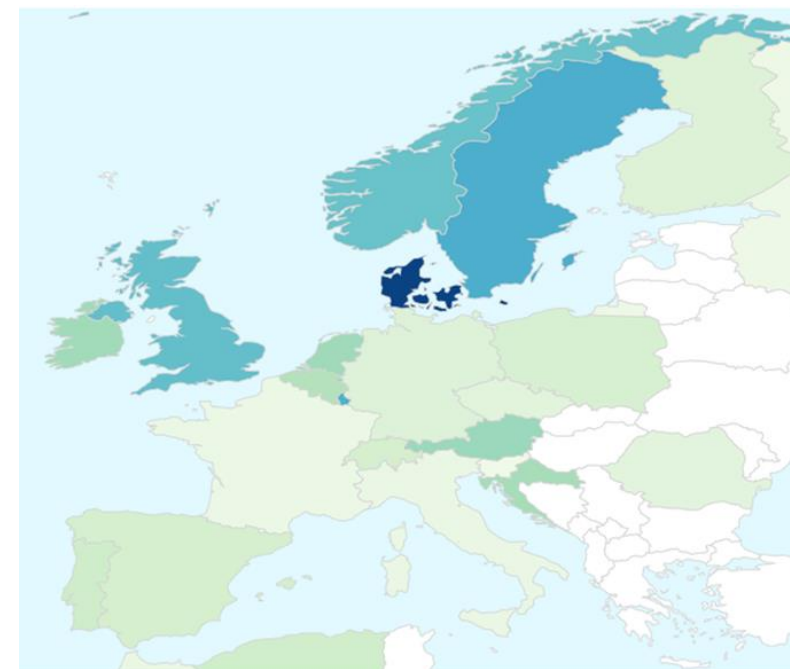
| Varianta | Počet | Varianta | Počet | Varianta | Počet |
|-----------|-------|----------|-------|-----------|-------|
| BA.2 | 1 | BA.5.6.4 | 1 | BQ.1.1.1 | 4 |
| BA.2.3.20 | 2 | BA.5.9 | 5 | BQ.1.1.13 | 1 |
| BA.2.75.5 | 3 | BE.1 | 1 | BQ.1.1.15 | 2 |
| BA.4.6 | 3 | BE.1.1 | 14 | BQ.1.1.18 | 1 |
| BA.4.6.4 | 1 | BE.1.1.2 | 2 | BQ.1.1.27 | 1 |
| BA.5 | 1 | BE.6 | 1 | BQ.1.1.3 | 1 |
| BA.5.1 | 21 | BF.10 | 1 | BQ.1.1.4 | 2 |
| BA.5.1.10 | 3 | BF.11 | 1 | BQ.1.1.5 | 1 |
| BA.5.1.23 | 7 | BF.14 | 53 | BQ.1.1.7 | 1 |
| BA.5.1.26 | 1 | BF.2 | 1 | BQ.1.10 | 2 |
| BA.5.1.3 | 1 | BF.23 | 1 | BQ.1.11 | 2 |
| BA.5.1.5 | 1 | BF.27 | 1 | BQ.1.12 | 1 |
| BA.5.2 | 41 | BF.4 | 1 | BQ.1.13 | 1 |
| BA.5.2.1 | 23 | BF.5 | 3 | BQ.1.18 | 1 |
| BA.5.2.13 | 6 | BF.7 | 72 | BQ.1.19 | 3 |
| BA.5.2.20 | 4 | BF.7.3 | 8 | BQ.1.2 | 3 |
| BA.5.2.3 | 2 | BF.7.4 | 4 | BQ.1.5 | 5 |
| BA.5.2.34 | 2 | BF.7.5 | 1 | BT.2 | 1 |
| BA.5.2.35 | 3 | BF.7.6 | 2 | CA.7 | 1 |
| BA.5.2.44 | 12 | BF.8 | 1 | CC.1 | 1 |
| BA.5.2.6 | 10 | BL.2 | 1 | CG.1 | 1 |
| BA.5.3.1 | 4 | BN.1.1 | 1 | CK.1 | 12 |
| BA.5.3.3 | 1 | BN.1.1.1 | 3 | CK.2.1 | 1 |
| BA.5.5 | 2 | BN.1.2 | 1 | CK.2.1.1 | 1 |
| BA.5.5.1 | 1 | BN.1.3 | 14 | CP.1 | 1 |
| | | BN.1.3.1 | 1 | CR.1 | 4 |
| | | BN.1.4 | 1 | CV.1 | 2 |
| | | BN.1.5 | 1 | DF.1 | 1 |
| | | BQ.1 | 8 | DG.1 | 3 |
| | | BQ.1.1 | 31 | XBB.1 | 8 |
| | | | | XBB.1.5 | 2 |

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)

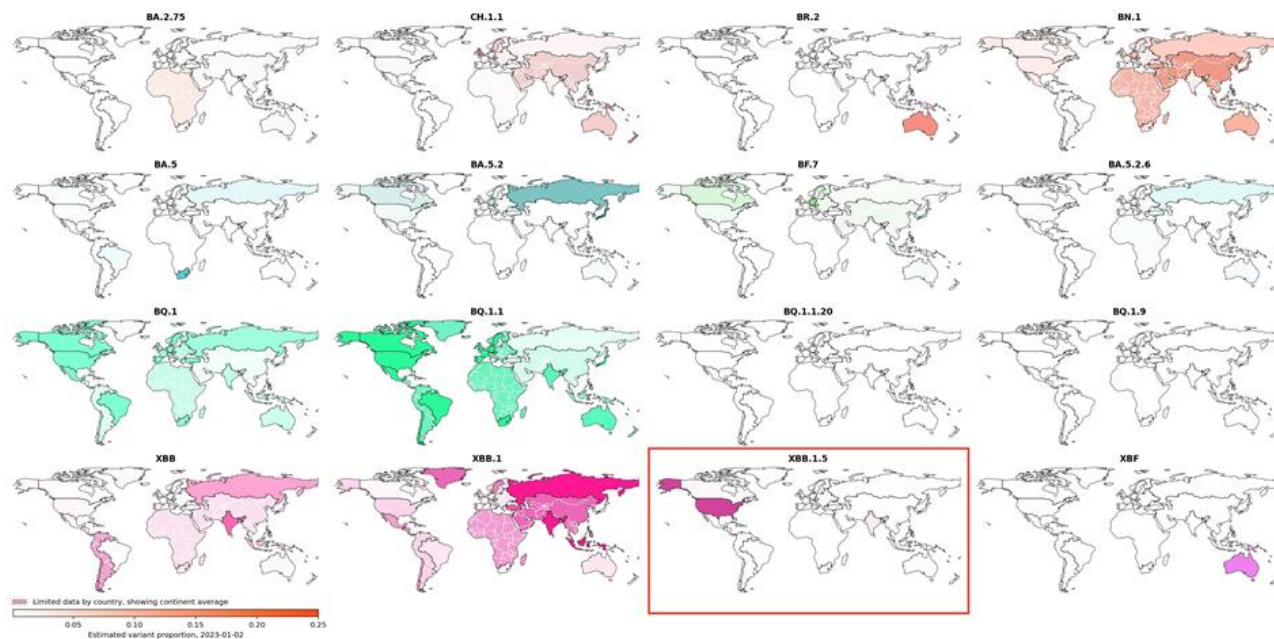
Od 4. čtvrtletí 2022 globálně poklesla sekvenační kapacita celosvětově (viz obr. 1), GISAID hlásí úbytek až 90 %. Důvodem je optimismus týkající se vývoje viru a komunitní imunity a nástup ekonomické krize. Proto je extrémně důležité nastavit principy surveillance a netestovat náhodný vzorek pozitivních případů. V dobře nastavené surveillance je kladen důraz na výběr reprezentativního podílu vzorků, který je doplněn o vzorky z cílené surveillance. Reprezentativní výběr zahrnuje všechny věkové kategorie a pokrývá geograficky rovnoměrně území. Otázkou je, zda by mělo být pokrytí území dáno staticky, tedy navázáním na počet obyvatel v dané územní jednotce, či dynamicky a tedy kromě počtu obyvatel zahrnout i aktuální nemocnost či míru pozitivitu na sledovaný patogen. Cílená surveillance se zaměřuje na sekvenaci např. vzorků těžkých případů či importů.

Evoluce SARS-CoV-2 je v poslední době charakterizována nerovnoměrnou geografickou distribucí variant (obr. 2), což je dáno konvergentní evolucí. Varianty s největší schopností se rychle šířit a unikat protilátkám se postupně šíří v globálnější měřítku, příkladem jsou BQ.1.x, BF. 7.x, BA.5.2.x. Některé varianty se uplatnily lokálně (BA.2.75.x), ale svým dalším vývojem budí pozornost (CH.1.1). Pozornost odborníků přitahují i varianty vzniklé rekombinací, například XBB.1.5 či XAY.x.

Obr. 1: EU – sekvenační kapacita.



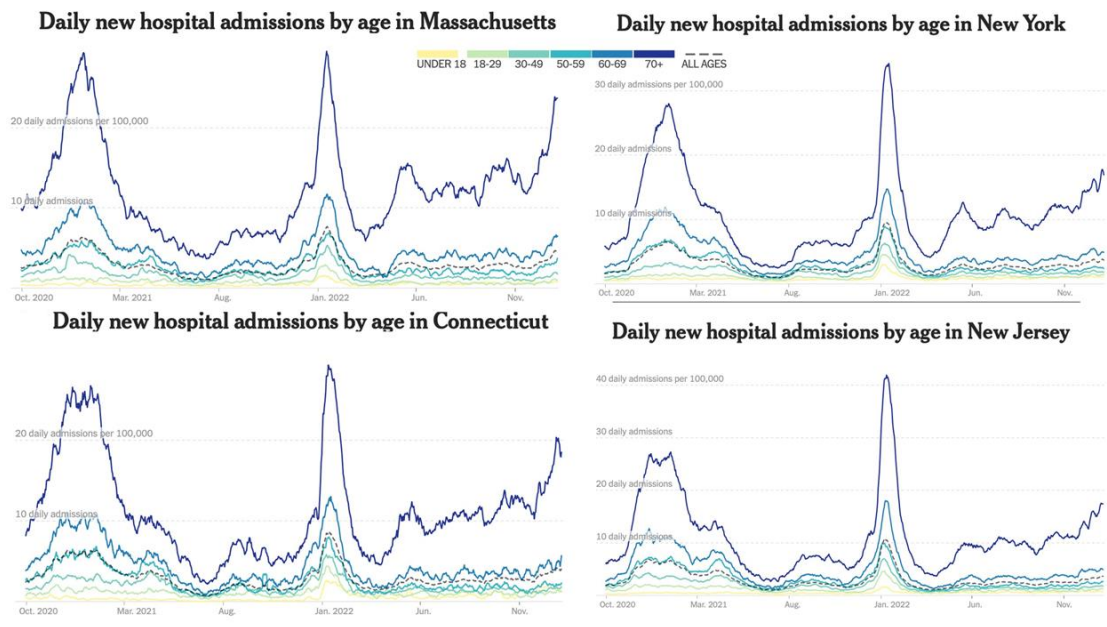
Obr. 2: Geografická distribuce některých variant



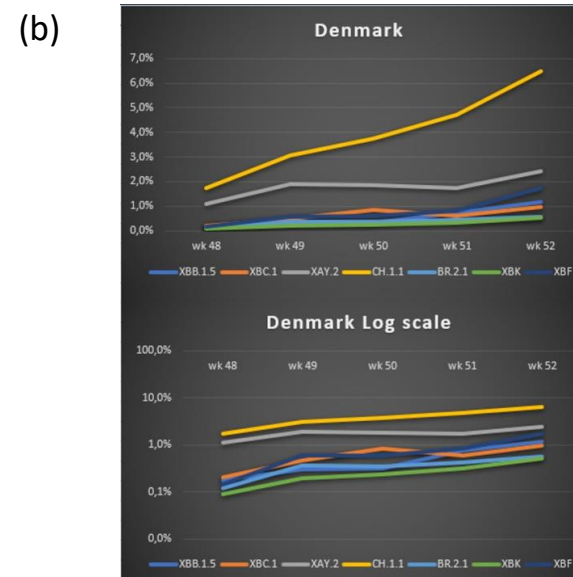
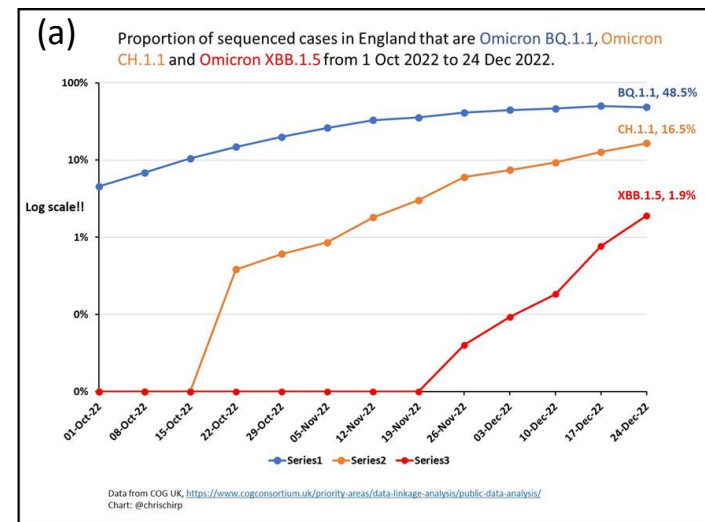
Poslední dominantní varianta BQ.1.1 již ztrácí svou dominanci - místo toho vykazuje stoupající trend detekce CH.1.1 (~16 % případů v Dánsku) a XBB.1.5 (~2 % v Dánsku.). První data naznačují, že XBB.1.5 má schopnost šířit se rychleji než CH.1.1. Tato varianta se vyznačuje přítomností substituce S:P681R a současně postrádá substituce, které byly identifikovány jako možná příčina zmírnění klinického dopadu omikronu (954H a 969K) především pro snížení tendence k indukci fúze buněk.

Rovněž varianta XBB.1.5 může mít závažnější klinický dopad, což naznačují data z USA, kde došlo k nárůstu hospitalizací v souvislosti s šířením této varianty.

Obr. 4: Nárůst hospitalizací s covidem na severovýchodě USA (zejména v Massachusetts), kde varianta XBB.1.5 představuje ~75 % případů, mezi lidmi ve věku 70+



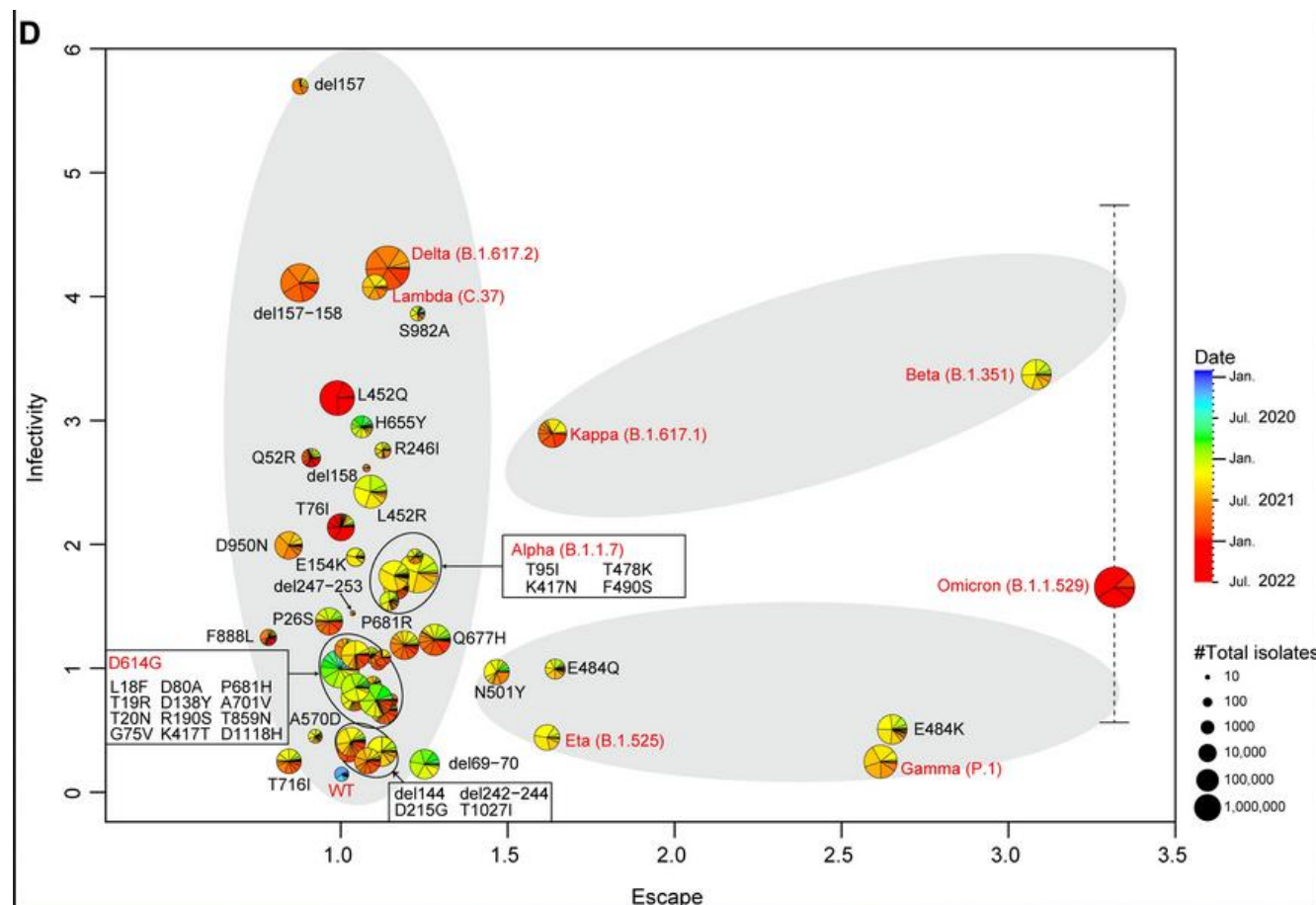
Obr.3 a/b: přehled šíření některých variant ve Velké Británii (a) a Dánsku (b)



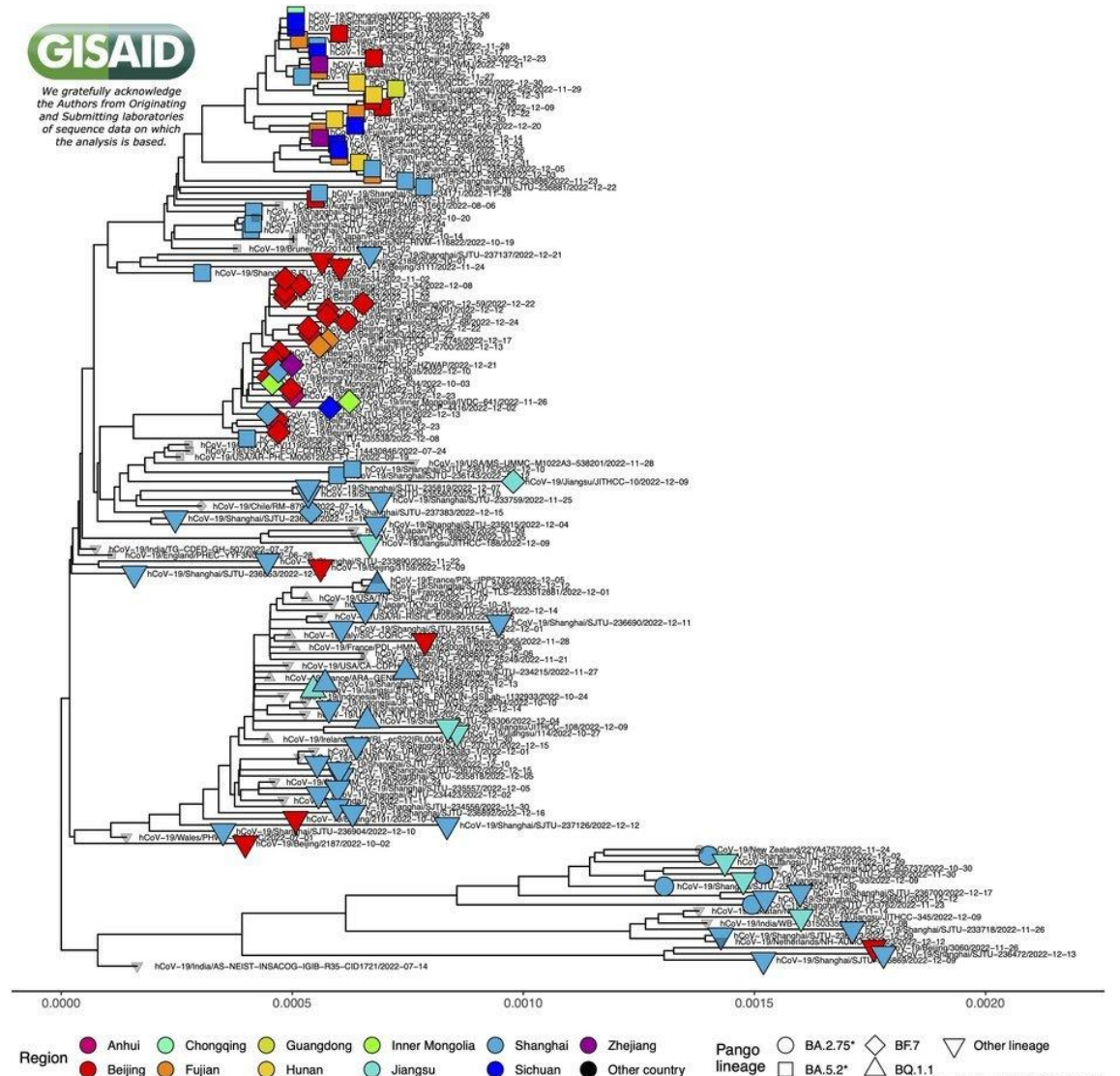
V souvislosti s úsilím o vytvoření univerzální anti SARS-CoV-2 vakcíny byla analyzována sekvenační data a byly vyhodnoceny mutace či varianty vedoucí k vyšší infekčnosti a k úniku před protilátkami.

Za pozornost stojí nejen porovnání VOC alfa, beta, gama, delta a omikron, ale i některé sledované substituce, např. E484K, L452R, A570D, N501Y

Obr. 5: Schéma vývoje SARS-CoV-2. Osa x ukazuje schopnost imunitního úniku a osa y ukazuje infekčnost variant SARS-CoV-2. Barva koláčových grafů označuje dobu izolace uvedených variant zaznamenaných v databázi GISAID. Plošná velikost každého sektoru udává počty izolátů jednotlivých variant do července 2022 (za měsíc). Šedé stíny ukazují evoluční dráhy.



- Čínská CDC nadále zveřejňuje data v GISAID.
- Výsledky sekvenací vzorků z 12 provincií Číny zatím kopírují globální situaci.
- Odlišnost vykazují sekvenační data především ze Shanghai, Jiangsu a Pekingu.



V rámci **non-sentinelové surveillance** bylo za 1. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 1 822 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 5. Do NRL bylo zasláno v rámci **sentinelové surveillance** v 1. KT 63 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 6.

Tabulka 5 - Non-sentinelová surveillance

| Patogen | Počet detekcí |
|-----------------------------------|---------------|
| Chřipka A (bez další subtypizace) | 238 |
| Chřipka A H ₁ pdm | 14 |
| Chřipka A H ₃ | 78 |
| Chřipka B | 17 |
| Lidský rhinovirus | 16 |
| Adenovirus | 3 |
| Parainfluenza virus | 7 |
| Herpetické viry | 2 |
| Mycoplasma pneumoniae | 0 |
| Lidský metapneumovirus | 1 |
| Sezonní koronavirus | 6 |
| RSV | 140 |
| Bocavirus | 2 |
| Enterovirus | 47 |
| SARS-COV-2** | 31 |
| Smíšená infekce | 26 |
| Celkový počet vyšetření: | 1 822 |

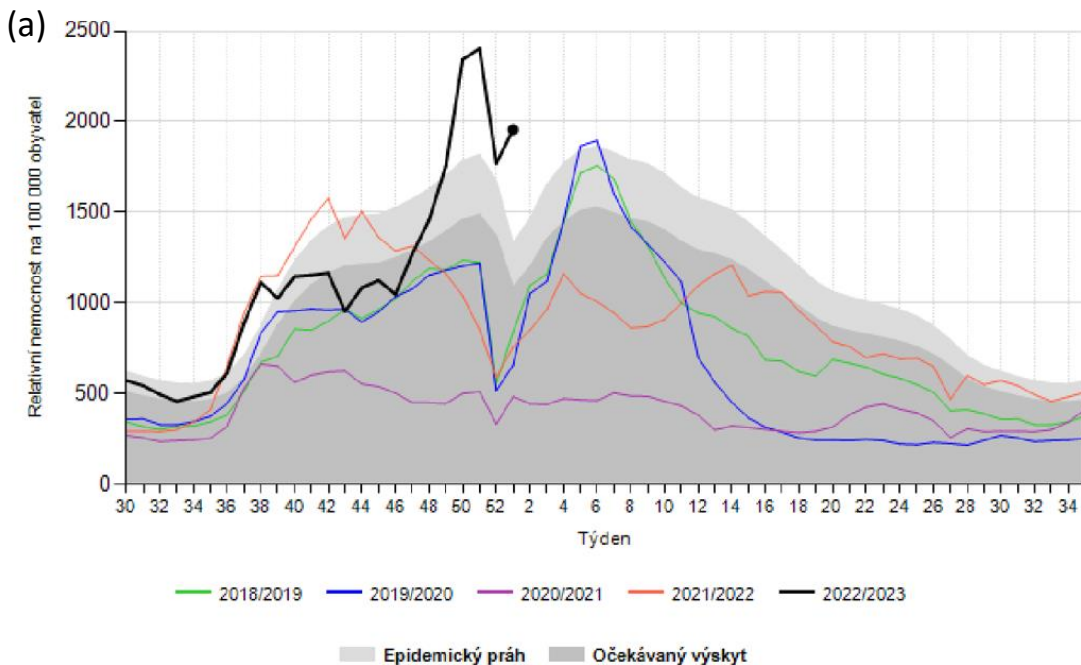
Tabulka 6 - NRL sentinelová surveillance

| Patogen* | Počet detekcí 52. KT | Počet detekcí 1. KT |
|---------------------------------|----------------------|---------------------|
| Chřipka A | 0 | 0 |
| Chřipka A H ₁ pdm | 0 | 1 |
| Chřipka A H ₃ | 2 | 16 |
| Chřipka B | 1 | 2 |
| Lidský rhinovirus | 1 | 3 |
| Parainfluenza virus | 0 | 0 |
| RSV | 0 | 5 |
| ADV | 0 | 1 |
| MPV | 0 | 0 |
| SARS-COV-2 | 0 | 4 |
| Smíšená infekce | 1 | 4 |
| Negativní | 8 | 36 |
| Celkový počet vyšetření: | 13 | 63 |

- V **sentinelové surveillance** dominuje **virus chřipky A/H3**, narůstá počet detekcí viru chřipky A/H1pdm 2009 a evidujeme ojedinělé záchyty viru chřipky typu B.
- * V tabulce 6 jsou uvedeny pouze aktuálně pozitivní respirační viry.
- V non-sentinelové surveillance se nadále dominuje chřipka A. Stále evidujeme vyšší podíl detekcí RSV.
- Do vyšetření SARS-CoV-2** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2.

Graf 2: ARI/ILI – porovnání nemocnosti za posledních 5 sezón v ČR (obr. a+b) a USA (obr. c)

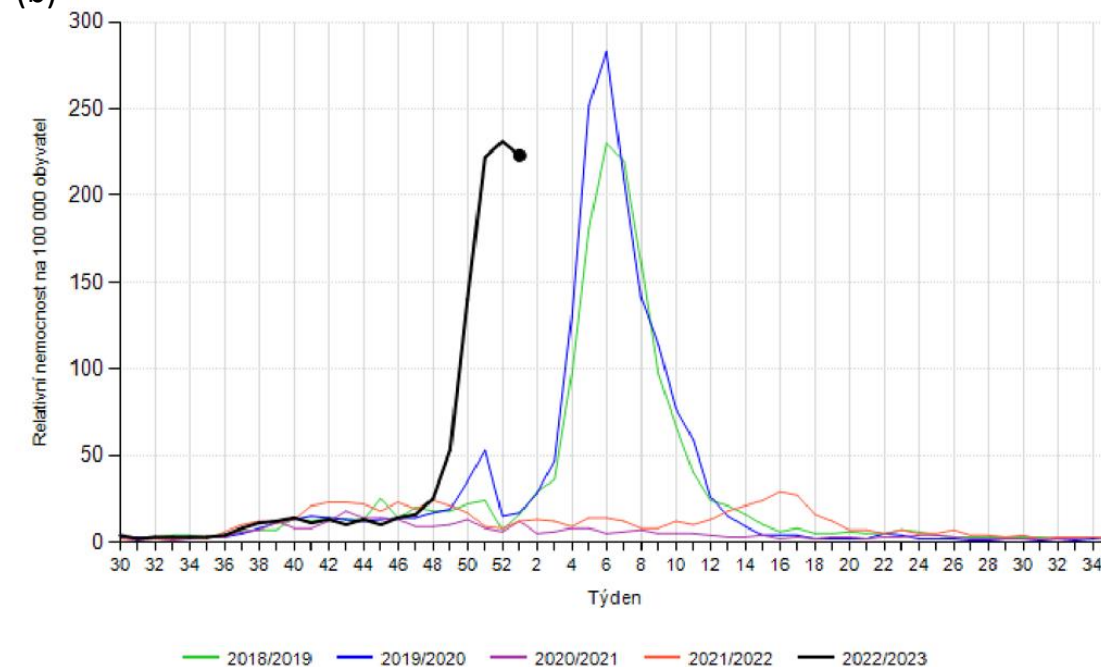
Akutní respirační infekce včetně chřipky (ARI) v České republice – porovnání posledních pěti sezón



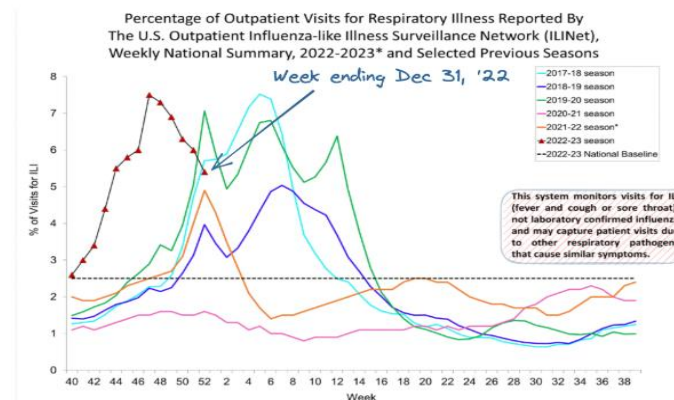
Porovnání nemocnosti ILI za posledních 5 sezón ukazuje, že letošní chřipková epidemie v ČR začala dříve než obvykle, rozsahem se však nevymyká chřipkovým epidemiím z předcovidového období. Celková nemocnost ARI se významně neodlišuje od situace před nástupem pandemie covid-19, aktuální nemocnost ARI je mírně vyšší než během posledních dvou chřipkových epidemií z předcovidového období.

Data z USA (c) ukazují prudký pokles positivity na chřipku a RSV. Tato situace naznačuje běžný stav imunity v populaci, který je v rámci post covidového restriktivního období zpochybňován.

Chřipce podobná onemocnění (ILI) v České republice – porovnání posledních pěti sezón



(c)



- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se snížilo na 34 % z 37 % v předchozím týdnu, nejpravděpodobněji ovlivněno svátečního období s nižším testováním a hlášením.
- Moldavská republika, Švédsko, Litva, Slovensko, Slovinsko, Polsko, Nizozemsko a Estonsko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 50 % pozitivitu v sentinelové surveillance.
- Za 52. KT bylo v rámci sentinelového vyšetření pacientů s příznaky ARI/ILI testováno 2 384 vzorků, z nichž 821 vzorků bylo pozitivních na chřipku (755 chřipka typu A a 66 jako chřipka typu B). V 418 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A/H3 (67 %) a virus A(H1)pdm09 (33 %). Všechny 15 subtypizovaných izolátů chřipky B bylo subtypováno jako B/Victoria.

Kvalitativní indikátory (viz graf 2)

- Intenzita: z 32 zemí žádná nehlásí aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 11 zemí hlásí nízkou intenzitu, 5 zemí hlásí střední intenzitu, 11 zemí hlásí vysokou intenzitu (Česko, Německo, Řecko, Irsko, Litva, Malta, Moldavsko, Norsko, Polsko, Rumunsko, Slovensko) a 5 zemí hlásí velmi vysokou intenzitu (Rakousko, Finsko, Lotyšsko, Lucembursko, Rusko).
- Zeměpisné rozšíření: z 31 zemí hlásí 1 země nulovou aktivitu, 1 země hlásí sporadický výskyt, 1 země hlásí lokální šíření, 6 zemí hlásí regionální šíření (Bulharsko, Maďarsko, Kosovo, Severní Makedonie, Rumunsko, Srbsko) a 22 zemí hlásí celoplošné rozšíření (Albánie, Rakousko, Belgie, Chorvatsko, Česko, Francie, Německo, Řecko, Island, Irsko, Izrael, Lotyšsko, Litva, Moldavsko, Holandsko, Norsko, Polsko, Portugalsko, Rusko, Slovensko, Slovinsko, Ukrajina).

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.**
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (33 %) a její subvarianty BF.7.x (19 %), a BQ.1.x (včetně BQ.1.1 (16 %)). Pozorujeme mírný nárůst detekcí sledované varianty BN (aktuálně 5 %), rekombinantní subvarianty XBB byly zachyceny pouze ojediněle (2 %).

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.
- V non sentinelové surveillanci převažuje detekce A/H3 nad A/H1pdm, v menší míře se uplatňuje virus chřipky typu B. Stále se uplatňuje rovněž RSV.

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 1. kalendářním týdnu 2023 (7.1.2023)

- V 1. týdnu 2023 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) zvýšila o 10,5 % a dosáhla hodnoty 1 956 případů na 100 000 obyvatel. Nárůst je pozorován především v kategorii dospělých. Data nemocnosti jsou však nadále ještě ovlivněna novoročními svátky. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena z jihovýchodní části území ČR, konkrétně z krajů Jihomoravského, Moravskoslezského, Pardubického, Olomouckého, Vysočiny, Jihočeského a Zlínského.
- V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost nepatrně snížila (o 3,5 %), ovšem u dospělé populace je evidován vzestup o 26,6 % (skupina 65+ let) a vzestup o 18,2 % (skupina 25-64 let).
- V aktuální chřipkové sezóně bylo do 6. 1. 2023 hlášeno celkem 136 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž v 35 případech došlo k úmrtí.
- **V České republice nadále probíhá epidemie chřipky.**
- Aktuální nemocnost se významně neodlišuje od situace před nástupem pandemie covid-19 (graf 2a/b, slide 10).

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/>