



Zpráva NRL ke dni 16. 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 - 6

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 7 - 11

Závěr a odkazy

Strana 12 - 14

- V období od 8. 1. do 15. 1. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 13 hlášených testů diskriminační PCR ze 2 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 a nelze usuzovat na přítomnost subvarianty.
- Vzhledem k šíření varianty CH.1.1 a jejích subvariant, které obsahují mutaci P681R související se závažnějšími klinickými projevy (indukce fúze buněk), doporučuje NRL ke zvážení sledovat tuto mutaci.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
BA.x	13
Celkový součet	13

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoře	Počet
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	6
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	7
Celkový součet	13

- K 15. 1. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 416 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Sekvenovaných bylo 555 vzorků s datem odběru od 15. 11. 22 do 15. 1. 23, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (28 %) a její subvarianty BF.7.x (18 %), pozorujeme mírný pokles BQ.1.x včetně BQ.1.1 (17 %). Detekce sledovaných variant jsou zatím minoritní. 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	157	28.3%
BF.7.x	102	18.4%
BQ.1.1	95	17.1%
BF.14	53	9.5%
BN.x	36	6.5%
BQ.1.x	26	4.7%
BE.x	16	2.9%
CK.x	14	2.5%
XBB.1	11	2.0%
BA.2.x	8	1.4%
BA.4.6.x	3	0.5%
XBB.1.5	3	0.5%
Ostatní	31	5.6%

Tab. 5: Celkový počet detekovaných sledovaných variant

Varianta	Akronym	Počet
XBB.1		15
XBB.1.5	Kraken	5
XBB.2		1
XBF	Bythos	0
CH.1.1	Orthrus	3
CH.1.1.1		2

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.: <https://pangolin.cog-uk.io/>, 3 nezařazené sekvence není možné vyhodnotit ani jedním z algoritmů (GISAID,PANGO)

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR sledované období

Varianta	Počet	BA.5.9	1	BQ.1.1.1	11
BA.2.3.20	3	BE.1	1	BQ.1.1.13	1
BA.2.75.5	5	BE.1.1	11	BQ.1.1.15	3
BA.4.6	2	BE.1.1.2	2	BQ.1.1.18	1
BA.4.6.4	1	BE.6	1	BQ.1.1.27	1
BA.5	4	BE.7	1	BQ.1.1.3	1
BA.5.1	19	BF.10	1	BQ.1.1.4	2
BA.5.1.10	4	BF.11	2	BQ.1.1.5	2
BA.5.1.23	5	BF.11.3	2	BQ.1.1.7	1
BA.5.1.26	3	BF.14	53	BQ.1.10	3
BA.5.1.29	2	BF.2	1	BQ.1.11	2
BA.5.1.5	2	BF.27	1	BQ.1.12	1
BA.5.2	36	BF.4	1	BQ.1.13	3
BA.5.2.1	20	BF.5	1	BQ.1.14	1
BA.5.2.13	5	BF.7	86	BQ.1.18	1
BA.5.2.20	2	BF.7.3	6	BQ.1.19	4
BA.5.2.21	3	BF.7.4	5	BQ.1.2	3
BA.5.2.26	2	BF.7.4.1	1	BQ.1.22	1
BA.5.2.3	1	BF.7.5	1	BQ.1.23	1
BA.5.2.34	5	BF.7.6	2	BQ.1.5	12
BA.5.2.35	3	BF.7.8	1	BT.2	1
BA.5.2.44	7	BF.8	1	CA.7	3
BA.5.2.6	20	BL.2	1	CC.1	1
BA.5.2.7	1	BM.1.1.1	1	CH.1.1	3
BA.5.3.1	2	BN.1.1	1	CH.1.1.1	2
BA.5.3.3	1	BN.1.1.1	5	CK.1	11
BA.5.5	4	BN.1.2	1	CK.2.1	2
BA.5.5.1	1	BN.1.3	23	CK.2.1.1	1
BA.5.6.4	4	BN.1.3.1	2	CP.1	1
		BN.1.4	2	CR.1	4
		BN.1.5	2	CV.1	2
		BQ.1	9	DF.1	1
		BQ.1.1	57	DG.1	3
				XBB.1	8
				XBB.1.5	3
				XBB.2	1

Celkový počet 555

V současné době patří k nejsledovanějším variantám XBB.1.5 (Kraken), XBF (Bythos) a CH.1.1 (Orthrus). Poslední zmíněná varianta nese mutaci P681R, která je zásadní pro fúzi buněk a patřila k charakteristickým mutacím u varianty delta.

Tyto varianty jsou dominantní převážně v místech vzniku, XBB.1.5 v některých státech USA, CH.1.1 na Novém Zélandu, XBF v Austrálii.

Další varianty s potenciálem k možnému šíření jsou rekombinanty mezi BA.2.75s + BQs + CM.8.1, případně BE.9.

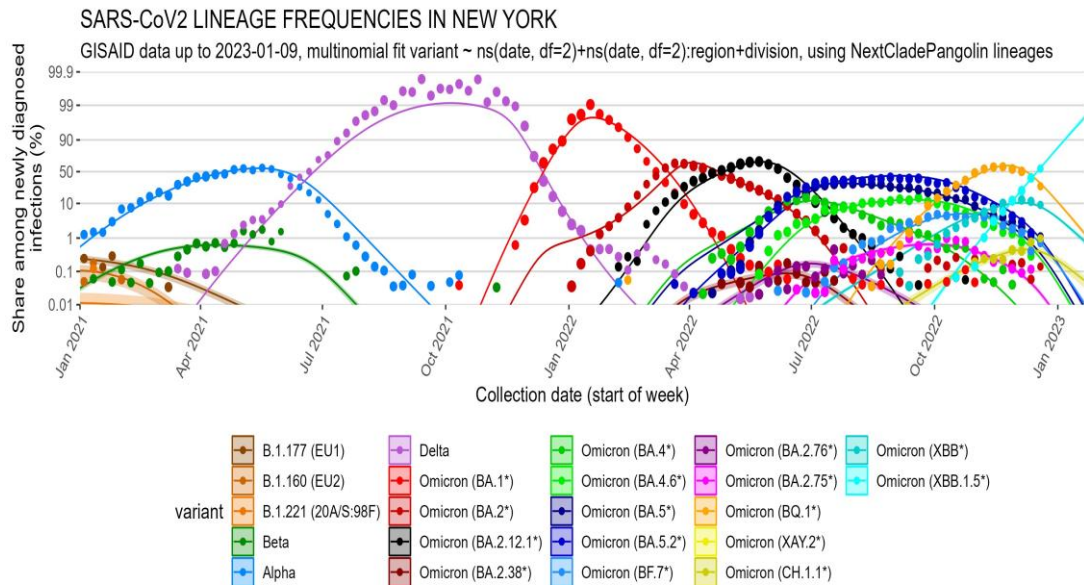
V tabulce uveden přehled sekvenací uveřejněných v GISAID od 31.12. 2022 do 9.1. 2023

Name	Query	Number sequences	Submitted in past 10 days	CI (low) ↓
★ XBB.1.5	XBB.1.5* (Nextclade)	196	124	95.70%
★ Lineages carrying S:F486P	S:F486P	358	204	59.15%
★ XBF (recombinant BA.5.2/CJ.1)	XBF* (Nextclade)	67	47	52.75%
★ CH.1 (BM.4.1.1.1)	CH.1* (Nextclade)	2.777	1.104	45.39%
★ CH.1.1 (BM.4.1.1.1.1)	CH.1.1* (Nextclade)	2.777	1.104	45.39%
★ BM.4.1.1.1 (Ba.2.75.3.4.1.1)	BM.4.1.1* (Nextclade)	2.833	1.123	45.07%
★ BM.4 (BA.2.75.3.4)	BM.4* (Nextclade)	2.834	1.124	45.00%
★ BM.4.1 (BA.2.75.3.4.1)	BM.4.1* (Nextclade)	2.834	1.124	45.00%
★ BA.2.75.3*	BA.2.75.3* (Nextclade)	3.020	1.167	40.94%
★ CH.1.1.1	CH.1.1.1* (Nextclade)	804	346	40.32%
★ CH.1.1.2	CH.1.1.2* (Nextclade)	208	91	39.20%
★ Level 7	[exactly-7-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450, S:446, S:452, S:460, S:486, S:490, S:494, S:493Q]& ! (S:346- S:356- S:444- S:445- S:450- S:446- S:452- S:486- S:490- S:494-) & !nextstrainClade:21K	4.152	1.487	34.76%
★ Level 6	[6-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450, S:446, S:452, S:460, S:486, S:490, S:494, S:493Q]& ! (S:346- S:356- S:444- S:445- S:450- S:446- S:452- S:486- S:490- S:494-) & !nextstrainClade:21K	18.287	5.009	28.17%
★ BQ.1.1.27	BQ.1.1.27* (Nextclade)	54	9	25.61%
★ BQ.1.23	BQ.1.23* (Nextclade)	158	67	19.87%
★ BQ.1.25 (BE.1.1.1.1.25)	BQ.1.25* (Nextclade)	64	25	18.18%
★ BQ.1.1.13	BQ.1.1.13* (Nextclade)	675	203	18.08%
★ BQ.1.1.2 (BE.1.1.1.1.1.2)	BQ.1.1.2* (Nextclade)	647	193	17.71%
★ BQ.1.1.28	BQ.1.1* (Nextclade) + S:P251L	114	29	15.31%
★ BA.2.75*	BA.2.75* (Nextclade)	5.649	1.636	14.79%
★ XBB.1	XBB.1* (Nextclade)	996	310	14.56%
★ BQ.1.1.10	BQ.1.1.10* (Nextclade)	68	37	14.06%
★ BE.9 (BA.5.3.1.9)	BA.5.3.1* (Nextclade) + T28693C + S:K444T, S:N422K, S:Y444A	32	14	13.87%



Na obou grafech je znázorněno šíření sledovaných variant, na grafu 1 je znázorněn rapidní nárůst detekcí varianty XBB.1.5 ve státě New York (USA), na grafu 2 znázorněna geografická odlišnost. Relativní růstová rychlost (graf 2) je veličina vypočítaná dle zastoupení sekvencí v GISAID.

Graf 1: Zastoupení variant na území státu New York

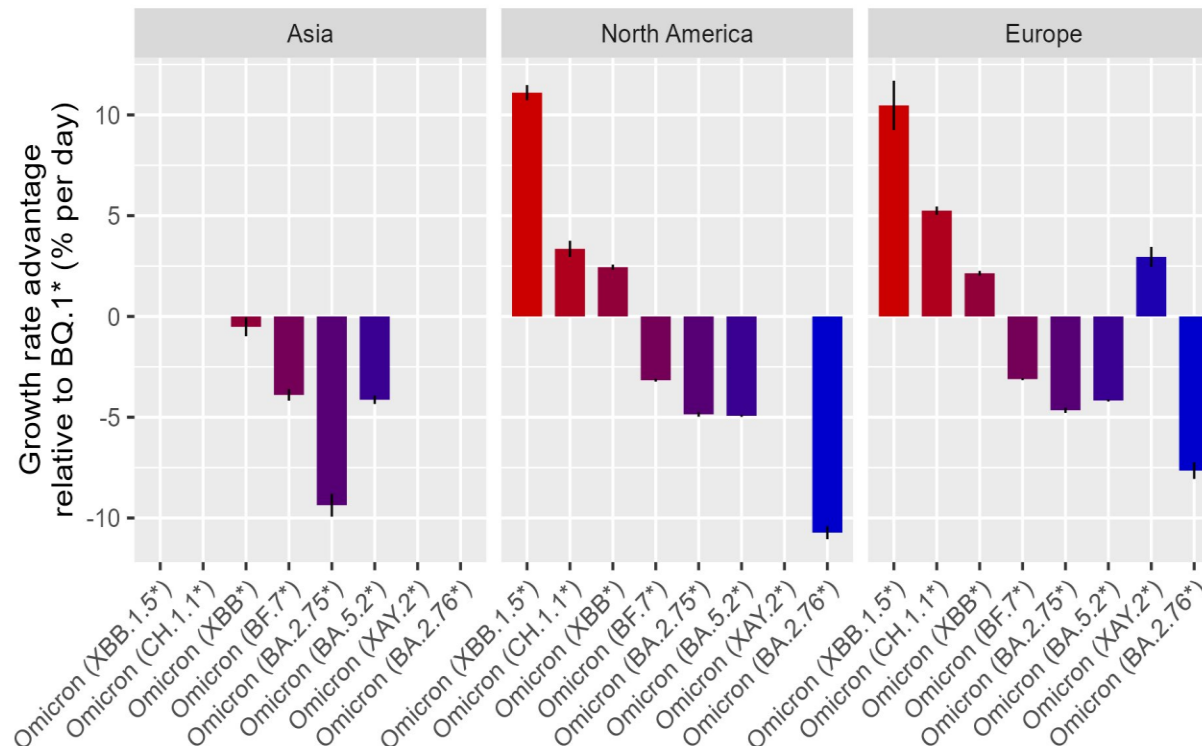


@TWenseleers
2023-01-09

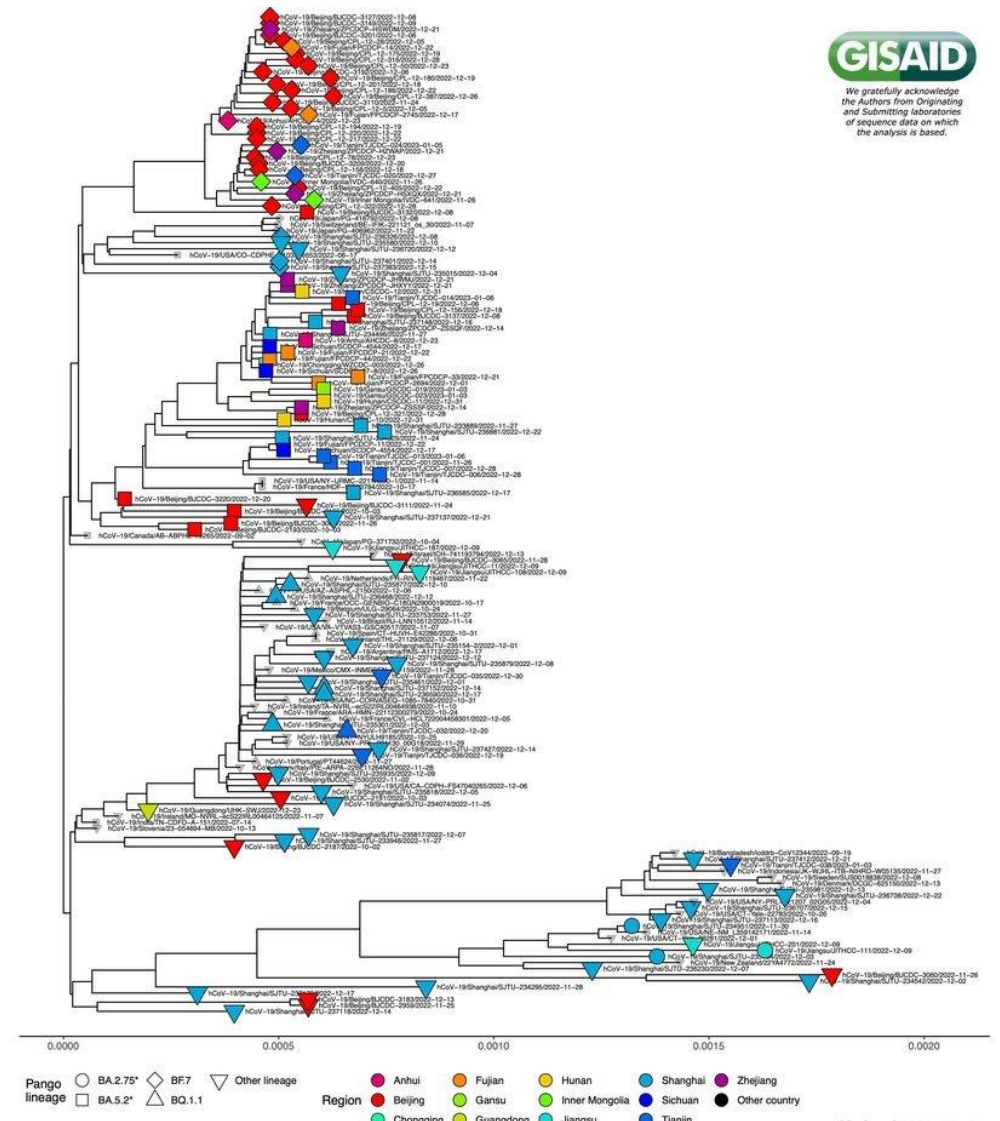
Graf 2: Závislost relativní růstové rychlosti variant omikronu na geografické distribuci

GROWTH RATE ADVANTAGE OF SARS-CoV2 VARIANTS

based on multinomial fit variant ~ ns(date, df=2)+ns(date, df=2):region+division
GISAID data with NextcladePangolin lineage definition,
using data from countries with >=5 XBB.1.5* sequences
Estimates shown for regions with >=50 seqs of each variant



- Čínská CDC nadále zveřejňuje data v GISAID, 95 % sekvencí patří k liniím BA.5.2 nebo BF.7.
- Odlišnost vykazují sekvenační data především ze Shanghai, Jiangsu a Pekingu.
- Data prezentovaná ke konci roku 2022 vycházela z více než 2000 genomů shromážděných a sekvenovaných od 1. prosince 2022. Čínská analýza CDC ukázala převahu omikronových linií BA.5.2 a BF.7 mezi lokálně získanými infekcemi. BA.5.2 a BF.7 společně představovaly 97,5 % všech lokálních infekcí podle genomového sekvenování. Minoritně bylo detekováno několik dalších známých subvariant omikronu.
- Ke 3. lednu bylo do databáze GISAID EpiCoV vloženo 773 sekvencí z pevninské Číny, přičemž většina (564 sekvencí) byla shromážděna po 1. prosinci 2022. Z nich je pouze 95 označeno jako lokálně získané případy, 187 jako importované případy a u 261 případů nejsou tyto informace k dispozici.
- V pravidelné zprávě ECDC byla zveřejněna sekvenační data týkající se importů, a všechny případy byly vyhodnoceny jako subvarianty BF.7 a BA.5.2.
- V ČR byly v NRL osekvenovány 2 případy cestujících z Číny s výsledkem kopírujícím situaci v Číně, tedy BF.7 a BA.5.2.1.



V rámci **non-sentinelové surveillance** bylo za 2. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 1 349 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 6. Do NRL bylo zasláno v rámci **sentinelové surveillance** ve 2. KT pouze 47 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 7.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	152
Chřipka A H ₁ pdm	9
Chřipka A H ₃	40
Chřipka B	10
Lidský rhinovirus	15
Adenovirus	7
Parainfluenza virus	3
Herpetické viry	1
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	2
Sezonní koronaviry	5
RSV	165
Bocavirus	1
Enterovirus	2
SARS-COV-2**	25
Smíšená infekce	28
Celkový počet vyšetření:	1 349

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance

Patogen*	Počet detekcí 1. KT	Počet detekcí 2. KT
Chřipka A	0	1
Chřipka A H ₁ pdm	1	4
Chřipka A H ₃	17	15
Chřipka B	2	0
Lidský rhinovirus	4	13
Parainfluenza virus	0	0
RSV	5	4
ADV	1	0
MPV	0	0
koronaviry	0	1
SARS-COV-2	5	4
Smíšená infekce	6	2
Negativní	22	30
Celkový počet vyšetření:	63	47

- V **sentinelové surveillance** dominuje **virus chřipky A/H3**, narůstá počet detekcí viru chřipky A/H1pdm 2009, virus chřipky B nebyl detekován, naopak narůstá počet detekcí rhinovirů.
- * V tabulce 6 jsou uvedeny pouze aktuálně pozitivní respirační viry.
- V non-sentinelové surveillance nadále dominuje chřipka A a RSV, evidujeme pokles počtu vyšetření i pokles detekcí chřipky A včetně subtypů. Počet detekcí RSV vykazuje mírný pokles.
- Do vyšetření SARS-CoV-2** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2.

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se snížilo na 25 % z 30 % v předchozím týdnu, nejpravděpodobněji stále ovlivněno svátečního období s nižším testováním a hlášením.
- Moldavská republika, Finsko, Slovinsko, Slovensko a Polsko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 50% pozitivitu v sentinelové surveillance.
- Za 1. KT bylo v rámci sentinelového vyšetření pacientů s příznaky ARI/ILI testováno 3 424 vzorků, z nichž 852 vzorků bylo pozitivních na chřipku (750 chřipka typu A a 102 chřipka typu B). V 459 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A/H3 (52 %) a virus A(H1)pdm09 (48 %). Všech 21 subtypizovaných izolátů chřipky B bylo subtypováno jako B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** z 37 zemí 2 hlásí aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 8 zemí hlásí nízkou intenzitu, 13 zemí hlásí střední intenzitu, 12 zemí hlásí vysokou intenzitu (**Česko**, Estonsko, Německo, Řecko, Irsko, Litva, Malta, Severní Makedonie, Norsko, Polsko, Rumunsko, Slovensko) a 2 země hlásí velmi vysokou intenzitu (Finsko, Lotyšsko).
- **Zeměpisné rozšíření** 37 zemí hlásí aktivitu chřipky: 1 země hlásí sporadický výskyt, 3 země hlásí lokální šíření, 4 země hlásí regionální šíření (Bulharsko, Kosovo, Srbsko, Slovensko) a 27 zemí hlásí celoplošné rozšíření (Albánie, Rakousko, Belgie, Chorvatsko, **Česko**, Estonsko, Finsko, Francie, Německo, Maďarsko, Řecko, Island, Irsko, Lotyšsko, Litva, Moldavsko, Holandsko, Severní Makedonie, Norsko, Polsko, Portugalsko, Rumunsko, Švédsko, Slovinsko, Ukrajina, Skotsko, Wales).



Ptačí chřipka 1: A/H5N1, A/H9N2 – aktuální informace k humánním infekcím

H5N1:

V Ekvádoru byl potvrzen první případ detekce viru A/H5N1 u člověka, jednalo se o 9letou dívku vykazující mírné symptomy onemocnění, která byla pravděpodobně v kontaktu s ptáky pozitivními na tento virus. Zpráva uveřejněná na Promedmail obsahuje jen velmi málo podrobností.

Jedná se o 7. případ onemocnění člověka v důsledku infekce aktuálně cirkulujícím genotypem H5. Další případy jsou potvrzeny ve Spojeném království, Spojených státech, Španělsku, Vietnamu a Číně. Všechny zahrnovaly expozici nemocné drůbeži. Čtyři případy byly mírné, případy z Vietnamu a Číny byly závažné.

K 12. lednu 2023 bylo od ledna 2003 hlášeno celkem 240 případů lidské infekce virem ptačí chřipky A(H5N1) ze čtyř zemí v regionu západního Tichomoří. Z těchto případů bylo 135 smrtelných (CFR) 56 %.

H9N2:

Čína potvrdila další tři případy ptačí chřipky H9N2 (nízce patogenní virus) v různých provinciích.

Onemocnění se objevilo v říjnu a listopadu. Mezi pacienty patří 58letý muž z provincie Hunan, 5letá dívka z provincie Gansu a 3letý chlapec z provincie Anhui.

Je známo, že H9N2 cirkuluje u drůbeže v JV Asii, přičemž většina případů u člověka je hlášena z Číny. Infekce jsou obvykle mírné a postihují děti. Nejnovější případy v zemi zahrnovaly dvě děti, jedno z provincie Guangdong a druhé z provincie Gansu, které onemocněly v srpnu a září.

Ke 13. lednu bylo hlášeno celkem 82 případů lidské infekce ptačí chřipkou A(H9N2), včetně dvou úmrtí (v obou případech se jednalo o osoby s komorbiditami).

K 12. lednu 2023 byly do WHO nahlášeny případy přenosu ptačí chřipky na člověka, jedná se pouze o laboratorně potvrzené nálezy.

H5N6:

Z oblasti Západního Pacifiku od roku 2014 hlášeno celkem 83 laboratorně potvrzených případů lidské infekce virem chřipky A(H5N6), včetně 33 úmrtí.

H5N8:

První případy hlásí Rusko v 1. čtvrtletí 2022, jednalo se o mírné onemocnění u několika osob v ohnisku ptačí chřipky u drůbeže.

H3N8:

Z oblasti Západního Pacifiku hlášeny celkem 2 laboratorně potvrzené případy lidské infekce virem chřipky A(H3N8) bez úmrtí.

H7N4:

Doposud potvrzen pouze jeden případ z Číny, a to z února 2018.

H7N9

Od začátku roku 2013 bylo hlášeno celkem 1 568 laboratorně potvrzených lidských infekcí virem ptačí chřipky A(H7N9), včetně 616 smrtelných případů (CFR: 39 %). Poslední případ lidské infekce ptačí chřipkou A(H7N9) byl hlášen WHO z regionu západní Pacifik v roce 2019. Do té doby vykazovaly infekce sezónní charakter s epidemickými vlnami.

H10N3:

Doposud potvrzeny pouze 2 případy lehkého onemocnění.

Virologie SARS-CoV-2

- ECDC nadále 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 (28 %) a její subvarianty BF.7.x (18 %), pozorujeme mírný pokles BQ.1.x včetně BQ.1.1 (17 %). Detekce sledovaných Kraken (XBB.1.5) a Orthrus (CH.1.1) variant jsou zatím minoritní, další sledovaná varianta Bythos (XBF) nebyla na území ČR detekována.
- V ČR byly v NRL osekvenovány 2 případy cestujících z Číny s výsledkem kopírujícím situaci v Číně, tedy BF.7 a BA.5.2.1.

Virologie chřipka

- V sentinelové surveillanci detekujeme především A/H3, mírně narůstá detekce A/H1pdm 2009, virus chřipky B nebyl ve 2. KT zachycen, mírně se zvyšuje spektrum dalších minoritně cirkulujících respiračních virů, narůstá počet detekcí rhinovirů, stále se uplatňuje RSV. Probíhající epidemie chřipky je zatím založena na cirkulaci A/H3 a rpněž virologická data mají sestupný charakter..
- V non-sentinel surveillanci nadále dominuje chřipka A a RSV, evidujeme pokles počtu vyšetření i pokles detekcí chřipky A včetně subtypů. Počet detekcí RSV vykazuje mírný pokles.
- Počty detekcí SARS-CoV-2 detekovaných v sentinel i non-sentinel surveillanci (v rámci vyšetření respiračních virů) ukazují poměrně minoritní charakter cirkulace SARS-CoV-2.
- Evropská data naznačují postupný ústup epidemie chřipky, původně jasně dominantní A/H3 se postupně vyrovnala s A/H1pdm. 12

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 2. kalendářním týdnu 2023 (16.1.2023)

Ve 2. týdnu 2022 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) snížila o 17,6 % a dosáhla hodnoty 1611 případů na 100 000 obyvatel. Pokles je pozorován ve všech krajích a ve všech věkových skupinách. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena z krajů Jihomoravského, Moravskoslezského a Pardubického.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost snížila o 23,8 %, pokles je evidován ve všech věkových skupinách. Nemocnost však zůstává na vysokých hodnotách a svědčí o tom, že **chřipková epidemie v ČR ještě probíhá**. V aktuální chřipkové sezoně bylo do 13. 1. 2023 hlášeno celkem 195 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž v 59 případech došlo k úmrtí.

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/>

Promedmail

GISAID

WHO