



Zpráva NRL ke dni 6. 2. 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 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 -5

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 6 - 9

Závěr a odkazy

Strana 10 - 12

- V období od 29. 01. do 05. 02. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 15 hlášených testů diskriminační PCR ze 3 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Pro přiřazení k subvariantě BA.4/BA.5 lze použít pouze L452R, která není použita v testech nebo vzhledem k mutacím v místech pro vazbu primerů není detekována.

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
BA.2.x/XBB.x	10
BA.4/5/BQ.1.1	0
N/A	2
Omicron	3
Celkový součet	15

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoře	Počet
SPEA Olomouc, s.r.o.	2
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	10
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	3
Celkový součet	15

- K 05. 2. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 720 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Sekvenovaných bylo 424 vzorků s datem odběru od 05. 12. 22 do 05. 2. 23, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (20 %) a její subvarianty BF.7.x (13 %), pozorujeme mírný nárůst BQ.1.x včetně BQ.1.1 (24 %).
- XBB.1.5 včetně XBB.1 bylo detekováno 18 oproti 16 v minulém týdnu. Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3. Další XBF nebyla v ČR detekována.
- Tabulka 4 zohledňuje souhrnný přehled sekvenací za sledované období, s výpisem sledovaných variant.
- Výskyt nových subvariant omikronu zatím neovlivňuje nemocnost ARI, která vykazuje sestupný trend (viz grafy 2 a, b).

Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období

Varianta	Počet	Podíl
BA.5.x	85	20.0%
BQ.1.x	61	14.4%
BN.x	61	14.4%
BF.7.x	53	12.5%
BQ.1.1	42	9.9%
BF.14	30	7.1%
CK.x	22	5.2%
XBB.1.5	17	4.0%
CH.x	9	2.1%
BE.x	8	1.9%
BA.2.x	4	0.9%
XBB.1	1	0.2%
BA.4.6.x	1	0.2%
Ostatní	30	7.1%

Celkový počet 424

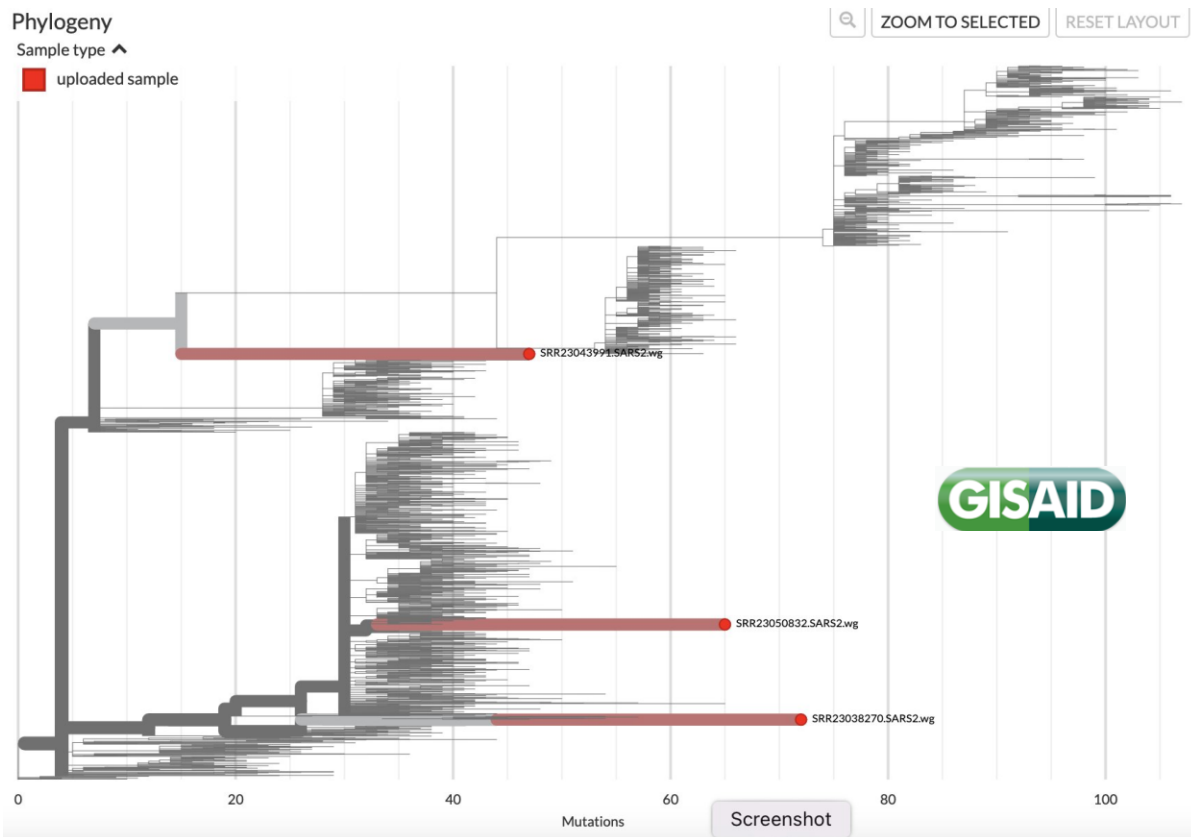
Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.2	1	BF.27	1
BA.2.3.20	1	BF.5	1
BA.2.75.5	2	BF.7	45
BA.4	1	BF.7.3	5
BA.4.6.3	1	BF.7.4	2
BA.5	1	BF.7.4.1	1
BA.5.1	15	BF.8	1
BA.5.1.10	3	BL.2	1
BA.5.1.18	1	BN.1	1
BA.5.1.23	2	BN.1.1	7
BA.5.1.26	1	BN.1.1.1	16
BA.5.2	25	BN.1.2	2
BA.5.2.1	14	BN.1.3	26
BA.5.2.20	1	BN.1.3.1	4
BA.5.2.3	2	BN.1.4	2
BA.5.2.34	3	BN.1.5	3
BA.5.2.6	9	BQ.1	6
BA.5.3.1	2	BQ.1.1	42
BA.5.3.3	1	BQ.1.1.1	6
BA.5.5	2	BQ.1.1.10	1
BA.5.5.1	1	BQ.1.1.15	2
BA.5.5.1	1	BQ.1.1.18	4
BA.5.6.4	1	BQ.1.1.3	4
BA.5.9	1	BQ.1.1.32	2
BE.1	1	BQ.1.1.4	1
BE.1.1	7	BQ.1.1.5	2
BF.11.3	4	BQ.1.10	6
BF.14	30	BQ.1.13.1	2
BF.2	1	BQ.1.14	2
		BQ.1.18	2
		BQ.1.19	1
		BQ.1.22	2
		BQ.1.23	2
		BQ.1.3	4
		BQ.1.5	12
		BR.2.1	1
		BT.2	1
		CA.7	2
		CC.1	1
		CH.1.1	7
		CH.1.1.1	2
		CK.1	20
		CK.2.1	2
		CL.1	3
		CR.1	1
		DF.1	3
		XBB.1	7
		XBB.1.2	1
		XBB.1.5	17
		XBF	1

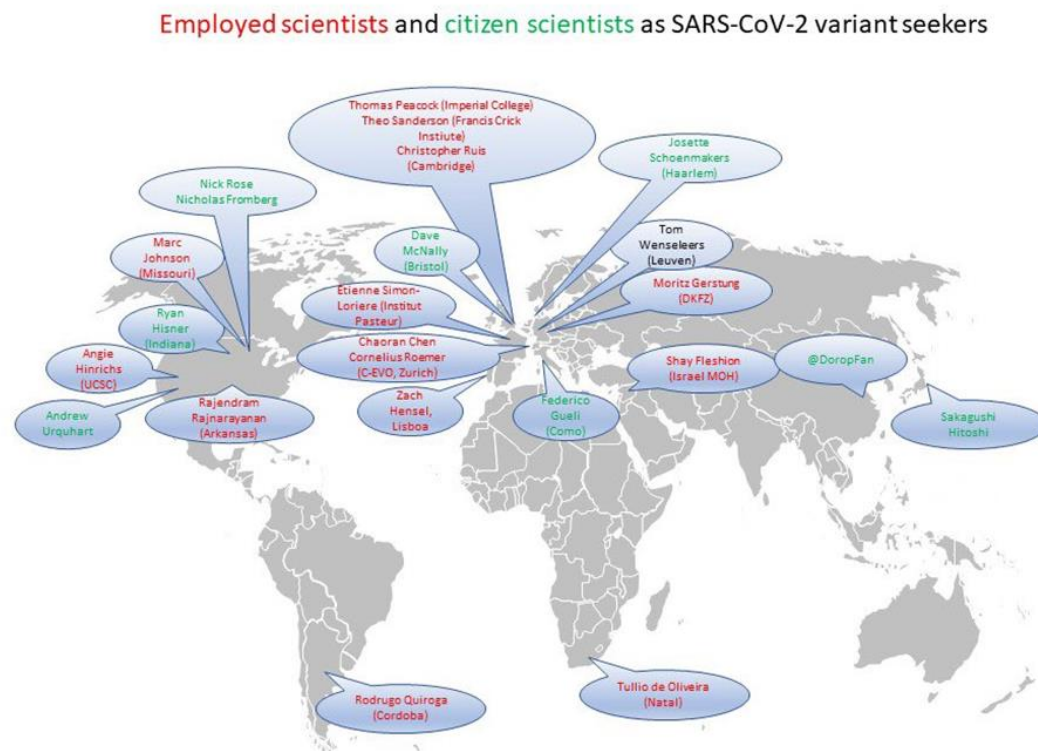
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.: <https://pangolin.cog-uk.io/>, 3 nezařazené sekvence nemohou být vyhodnoceny ani jedním z algoritmů (GISAID, PANGO)

Obr. 1: V rámci vyšetřování odpadních vod jsou v centru pozornosti 3 linie, dvě pocházející z Evropy, jedna z USA. Ancestrální linie dvou variant obsahuje mutace N501Y a L452R. Předkem pro 3. linii je sekvence obsahující základní mutace Q498H/Y. Q498H/Y je typická mutace detekovaná u chronicky nemocných imunosuprimovaných pacientů.

Obr. 1: Marc Johnson – GISAID:
www.epicov.org/epi3/frontend#335f5b



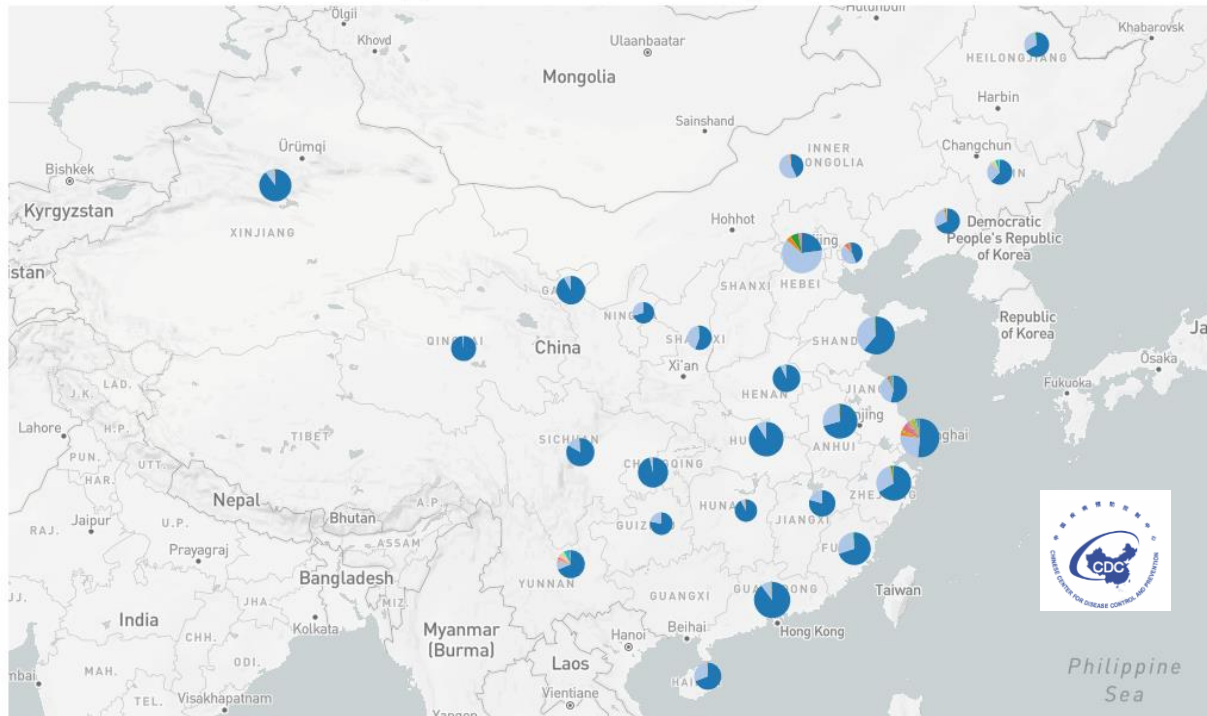
Obr. 2: Nejvýznamnější vědci, kteří se podílejí na definici nových variant



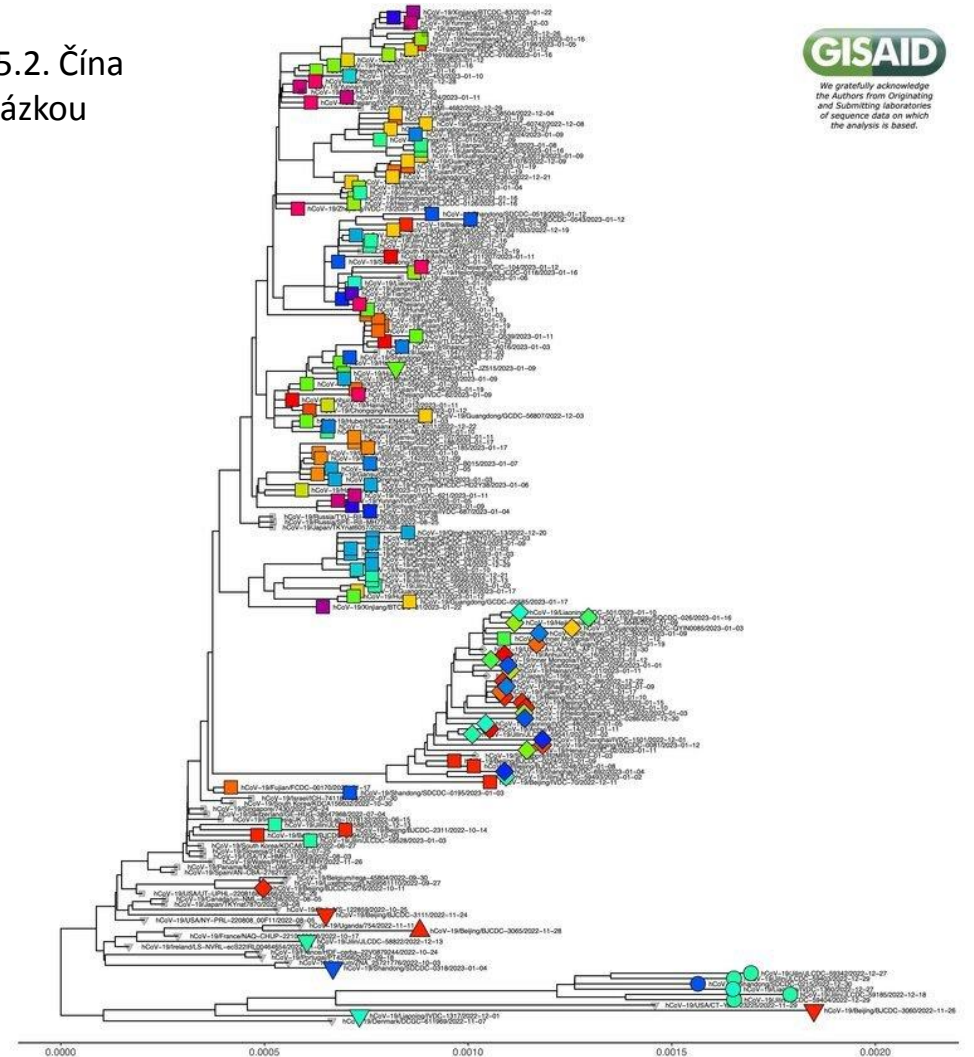
Sekvenační data z Číny jsou stabilní, rozdíly v zastoupení subvariant omikronu mezi jednotlivými provinciemi postupně mizí. Nové varianty jsou detekovány ojedinelé v rámci evoluce BA.2 a BA.5.2. Čína zatím není místem velkého evolučního tlaku na virus a riziko vzniku nových variant zde je spíše otázkou budoucího vývoje.

基于从2022年10月1日采集的数据。百分比小于0.1%的谱系已被合并到其父系并计入父系。图表的数据更新于2023-02-06 11:15。

2019人类冠状病毒谱系分布地图 - 全国 (不含港澳台)



- BA.5.2
- BF.7
- BA.5.2.1
- BN.1
- BA.5.1
- BA.5.2.6
- BQ.1.1
- BA.2.75.2
- BF.5
- BA.5
- B
- BA.2
- BA.5.3.1
- BA.2.75
- BQ.1
- BN.1.2
- BN.1.3
- BQ.1.2
- XB.1
- BA.2.75.3
- >X



CDC Čína: přehled distribuce variant SARS-CoV-2

- Pango lineage: ○ BA.2.75* ◇ BF.7* △ BQ.1.1* ▽ Other lineage
- | | | | | | |
|-------------|----------------|------------------|------------|------------|-----------------|
| ● Anhui | ● Guangdong | ● Hubei | ● Jilin | ● Shandong | ● Yunnan |
| ● Beijing | ● Guizhou | ● Hunan | ● Liaoning | ● Shanghai | ● Zhejiang |
| ● Chongqing | ● Hainan | ● Inner Mongolia | ● Ningxia | ● Sichuan | ● Other country |
| ● Fujian | ● Heilongjiang | ● Jiangsu | ● Qinghai | ● Tianjin | |
| ● Gansu | ● Henan | ● Jiangxi | ● Shaanxi | ● Xinjiang | |

V rámci non-sentinelové surveillance bylo ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 875 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 6, stále dominuje detekce chřipky A a RSV, od minulého týdne se uplatňuje rovněž virus chřipky B a SARS-CoV-2.

Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 5. KT 56 vzorků, v rámci malých čísel nelze hodnotit dynamiku výskytu jednotlivých virů.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	77
Chřipka A H ₁ pdm	5
Chřipka A H ₃	8
Chřipka B	25
Lidský rhinovirus	21
Adenovirus	6
Parainfluenza virus	3
Herpetické viry	
Mycoplasma pneumoniae	
Lidský metapneumovirus	
Sezonní koronaviry	2
RSV	54
Bocavirus	1
Enterovirus	1
SARS-CoV-2**	28
Smíšená infekce	9
Negativní	635
Celkový počet vyšetření:	875

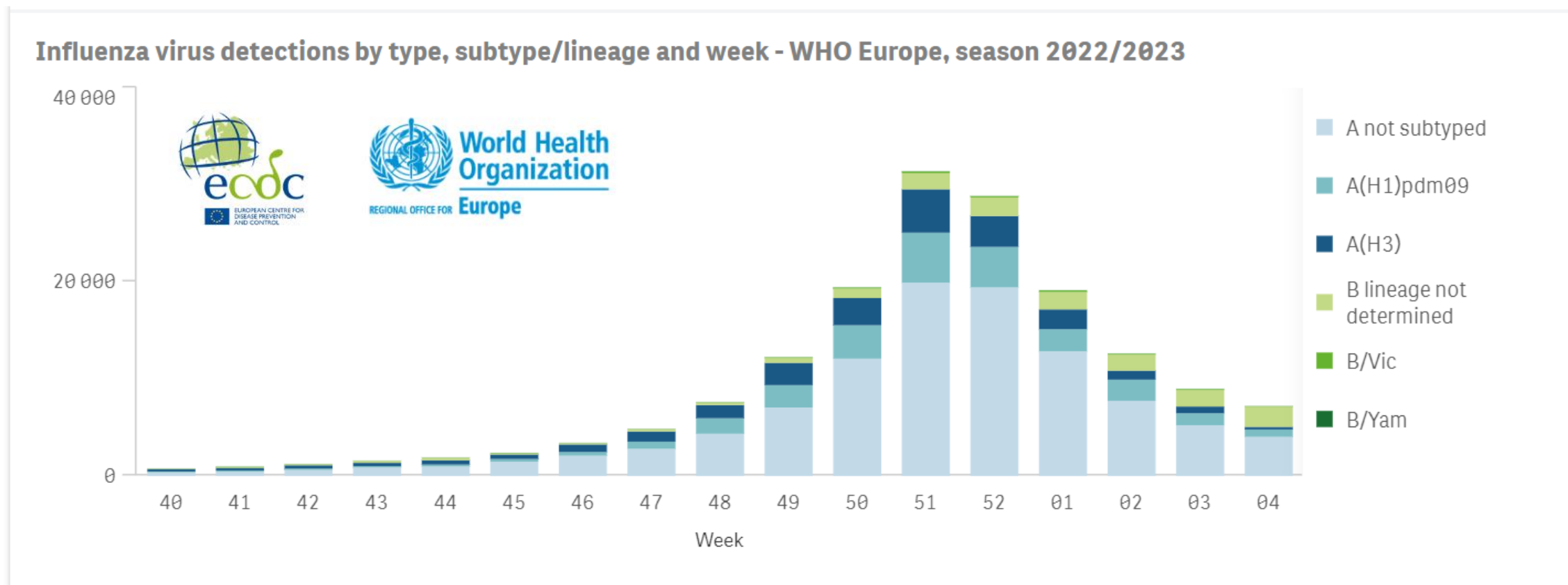
Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance

Patogen*	Počet detekcí 4. KT	Počet detekcí 5. KT
Chřipka A	1	
Chřipka A H ₁ pdm	7	1
Chřipka A H ₃	8	2
Chřipka B	3	2
Lidský rhinovirus	10	6
Parainfluenza virus	1	1
RSV	5	
Enterovirus	1	1
MPV	0	0
koronaviry	1	
SARS-CoV-2	2	1
Adenovirus	3	
Smíšená infekce	5	2
Negativní	13	40
Celkový počet vyšetření:	60 (+3)	56

- * V tabulce 6 jsou uvedeny pouze aktuálně pozitivní respirační viry.
- Do vyšetření SARS-CoV-2** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2, tabulka nezahrnuje výsledky z Nemocnice Na Bulovce (NNB).

Graf 2: Zastoupení subtypů/variant viru chřipky A/B v evropském regionu WHO

Z grafu je patrná počáteční dominance H3 subtypu, která vedla posléze k vyrovnání s H1 subtypem. V závěru epidemie chřipky vidíme dominanci viru chřipky typu B. V této sezóně byla detekována pouze varianta B/Victoria.



- Procento všech vzorků sentinelové surveillace od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky pokleslo na 21 % z 23 % v předchozím týdnu.
- Arménie, Bulharsko, Francie, Slovinsko, Švýcarsko a Moldavská republika hlásily aktivitu sezónní chřipky v sentinelové surveillace nad 40 %.
- Za 4. KT bylo v rámci sentinelové surveillace testováno 3 264 vzorků, z nichž 679 (21 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (68 % chřipka typu A; 32 % chřipka typu B). V 302 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A(H1)pdm09 (69 %) a virus A/H3 (31 %). Všech 32 subtypizovaných izolátů chřipky B bylo subtypováno jako B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** ze 38 zemí hlásí 7 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 7 zemí hlásí nízkou intenzitu, 16 zemí hlásí střední intenzitu, 8 zemí hlásí vysokou intenzitu (Chorvatsko, Finsko, Lotyšsko, Malta, Severní Makedonie, Polsko, Rusko, Slovensko).
- **Zeměpisné rozšíření:** ze 38 zemí hlásí 1 nulovou aktivitu chřipky; 2 země hlásí sporadický výskyt, 3 země hlásí lokální šíření, 5 zemí hlásí regionální šíření a 27 zemí napříč regionem hlásí celoplošné šíření.

Zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

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**. Data z Číny zatím odpovídají globální situaci, stále převažuje BA 5.2 a BF.7.
- Spektrum sledovaných variant zůstává od minulého týdne neměnné (VUM: Kraken XBB1.5, Orthrus CH.1.1 a Bythos XBF, a BF. XBC). V ČR jsou tyto nové varianty rovněž detekovány, ale zatím v malých počtech.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (20 %) a BQ.1.x včetně BQ.1.1 (24 %), stále se uplatňuje BF.7.x (13 %). Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3. Ani při zkrácení časového rámce nedochází k zásadní změně v zastoupení těchto subvariant.
- Výskyt nových subvariant omikronu zatím neovlivňuje nemocnost ARI, která vykazuje sestupný trend (viz grafy 2 a, b), byť pozorujeme mírně zvýšený počet detekcí SARS-CoV-2 v non-sentinel surveillance.
- Vyšel preprint publikace zabývající se detekcí variant, jejichž vznik souvisí s podáváním molnupiraviru: <https://doi.org/10.1101/2023.01.26.23284998>

Virologie chřipka

- V non-sentinelové surveillance nadále dominuje chřipka A a RSV, od minulého týdne pozorujeme vyšší zastoupení viru chřipky typu B, což odpovídá evropským datům. S ústupem chřipkové epidemie se opět uplatňují rhinoviry a SARS-CoV-2, případně další respirační virová agens. RSV je spolu s virem chřipky A hlavní příčinou hospitalizací, přestože počet detekcí nadále klesá
- V sentinelové surveillance nelze v rámci malých čísel hodnotit dynamiku výskytu jednotlivých virů.
- Pozorujeme rapidní pokles epidemie založené na cirkulaci virů chřipky.

V 5. týdnu 2022 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) téměř nezměnila (pokles o 0,2 %) a dosáhla hodnoty 1349 případů na 100 000 obyvatel. Nemocnost se mírně snížila u dospělých a naopak mírně zvýšila u dětí ve věku 0 - 14 let. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena z Pardubického kraje.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost snížila o 3,1 %, pokles je evidován téměř ve všech věkových skupinách, jen u dětí ve věku 6 - 14 let došlo k nárůstu.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 3. 2. 2023 hlášeno celkem 252 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž v 87 případech došlo k úmrtí.

Závěr:
Pomalu se snižuje aktivita chřipky, nadále přetrvávají lokální ohniska výskytu chřipkových onemocnění.

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