

## Situace v ČR za 49. KT

V rámci surveillance bylo do NRL za 49. KT zasláno 24 vzorků, v nichž ve dvou byl detekován SARS-CoV-2. Vzrůstající incidence SARS-CoV-2 pozitivních negativně ovlivňuje surveillance, stejně jako v předchozích letech. Proto prosíme všechny KHS, aby v souladu s pokynem hlavní hygieničky MZ zahájily nebo zintenzivnily pravidelnou ARI/ILIS surveillance. Odběrové soupravy je možno vyzvednout v NRL (budova 4, SZÚ).

V rámci non sentinelového šetření, spolupracuje NRL s nemocničními laboratořemi v jednotlivých krajích.

Za 49. KT bylo ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 268 vzorků, v nichž bylo detekováno v 26 materiálech RSV, v jednom vzorku byl detekován adenovirus, v jednom vzorku byl detekován parainfluenza virus, v jednom byly detekovány herpetické viry, v 17 vzorcích byl detekován rhinovirus, v osmi materiálech byl detekován bocavirus a dále bylo detekovaných 12 smíšených infekcí.

**Závěr:** Trvale přetrvává mírná dominance RSV, především v non sentinelové surveillance.

## Situace v Evropě, 48. KT

Aktivita chřipky v Evropském regionu se zvýšila.

Za 48. KT bylo v rámci sentinelového vyšetření pacientů s příznaky ARI/ILI testováno 1 178 vzorků, z nichž 54 (96%) vzorků bylo pozitivní na chřipku A (z nichž 21 byly subtypovány jako A/H3 a 2 byly subtypovány jako A(H1)pdm09) a 2 vzorky byly pozitivní na chřipku B/Viktoria. V non-sentinelových vzorcích je virus chřipky nadále detekován sporadicky s dominance A(H3). Za 48. KT bylo 11 případů hospitalizace s laboratorně potvrzenou chřipkou A ve Francii, Švédsku a Spojeném království, z nichž 4 byly subtypovány jako A(H1)pdm09 a 1 jako A(H3).

### Kvalitativní indikátory

Intenzita: ze 41 zemí hlásí 32 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 9 zemí hlásí nízkou intenzitu (Ázerbájdžán, Bosna a Hercegovina, Estonsko, Kosovo, Kyrgyzstán, Rusko, Slovensko, Švédsko).

Zeměpisné rozšíření: ze 41 zemí hlásí 20 nulovou aktivitu, 12 zemí hlásí sporadický výskyt, 5 zemí hlásí lokální šíření (Estonsko, Francie, Norsko, Republika Severní Makedonie, Slovensko), 3 země hlásí regionální šíření (Kosovo, Kyrgyzstán, Švédsko) a jedna země hlásí rozšířené šíření (Rusko).

- Internetové stránky WHO : <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>
- Internetové stránky ECDC: <https://www.ecdc.europa.eu/en/novel-coronavirus-china>

## Předběžné výsledky analýzy prvních ohnisek aviární influenzy H5N1 v ČR 2021.

Za účelem fylogenetické klasifikace byl zkonstruován H5 dendrogram na základě reprezentativních HA sekvencí subtypu H5N1 cirkulujících v Evropě od roku 2015. Z výsledků je patrné, že za poslední roky cirkulovaly v Evropské tři evolučně divergentní větve subtypu H5N1. První představuje rezidentní

Euroasijská větev H5N1 LPAI detekovaná ve Francii, Holandsku, nebo Německu v letech 2015-2016. Zbylé dvě, 2.3.2.1c a 2.3.4.4b, jsou descendentní větve linie A/goose/Guangdong/96, která se progresivně vyvíjí od roku 1996 s výraznou diverzifikací na mnohočetné fylogenetické skupiny.

Větev 2.3.2.1c byla detekovaná v Bulharsku v roce 2015 a na území EU se již nevyskytuje.

Všechny viry H5Nx zodpovědné za panevropská HPAI ohniska od roku 2016 patří do větve 2.3.4.4b. Dominantním subtypem této větve je H5N8. Viry 2.3.4.4b H5Nx byly také zodpovědné za dvě největší ohniska HPAI, která kdy byla v Evropě zaznamenána, a to v letech 2016/2017 a 2020/2021. V Evropě bylo během poslední HPAI sezóny (srpen 2020-září 2021) identifikováno pět subtypů 2.3.4.4b: H5N1, H5N3, H5N4, H5N5 a H5N8 a 19 různých genotypů. Zatímco subtypy H5N8 a H5N5 se vyskytovaly v různých genotypech, subtypy H5N1, H5N3 a H5N4 byly dosud identifikovány pouze v jedné genomové konstelaci

Ve všech ohniskách ptačí chřipky detekovaných v ČR od podzimu 2021 byl identifikován jediný subtyp H5N1. Přestože se jedná o stejný subtyp, jsou kmeny fylogeneticky zcela heterogenní.

Virus H5N1 detekovaný ve velkochovu hus Rohozná v okrese Jihlava ze dne 22.10.2021 (20689/21) je nízce patogenní a patří do Euroasijské větve nízce patogenních virů H5N1.

Na rozdíl od toho indexový případ H5N1 identifikovaný 27.9.2021 v domácím chovu drůbeže v lokalitě Trhové Dušnice (18520/21), okres Příbram, a virus H5N1 z labutě ze dne 1.11.2021 v okrese Tábor (21312/21) jsou vysoce patogenní zástupci větve 2.3.4.4b.

Subtyp H5N1 patřící do 2.3.4.4b má evoluční původ v genetickém reassortmentu mezi H5N8 a euroasijským virem nízce patogenní AI HxN1 neznámého původu v poměru 2:6. Nový subtyp (H5N1) si zachoval LPAI genomový základ, segmenty H5 a MP pocházely ze subtypu H5N8. Progenitorem H5N1 HPAI je A/Eurasian\_Wigeon/Netherlands/1/2020 z podzimu 2020 (NL/20).

V roce 2021 byl subtyp H5N1 hlášen především v severní části Evropy a ve Spojeném království a způsobil ohniska u komerční drůbeže v Německu, Nizozemsku, na Slovensku a v Maďarsku. Od května do září 2021 byl subtyp H5N1 nejčastěji detekovaným subtypem HPAI u volně žijících ptáků v Evropě. Náhlý výskyt viru H5N1 v ČR proto také naznačuje přenos z volně žijících ptáků.

Přes široké geografické rozšíření byla v Evropě zatím známá pouze jediná varianta genotypu H5N1 a to NL/20. Fylogenetická analýza všech osmi genomových segmentů českých virů ukázala, že virus 21312/21 je typický NL/20. Nicméně v případě indexového subtypu H5N1, 18520/21, se jedná o první známý reassortant NL/20 v Evropě a to s neznámým LPAI virem v poměru 7:1, kde si 18520/21 zachoval genomové jádro NL/20 s novým segmentem PB2. Naše výsledky naznačují kontinuální genetickou diverzifikaci viru HPAI i na území ČR. Sledování diverzity HPAI si vyžaduje zintenzívnění aktivního monitoringu AI minimálně na úrovni v letech 2007-2011. Fylogenetické vztahy znázorňuje obr. 1. v Příloze.

Zpracovali: Timotej Šurí, MSc., MGgr. Alexander Nagy, PhD. a RNDr. Helena Jiřincová

NRL pro chřipku a nechřipkovou respirační virovou onemocnění

Příloha: Obr. 1: Fylogenetické strom H5

