



Zpráva NRL ke dni 23. 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

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 6 - 8

Závěr a odkazy

Strana 9 - 11

- V období od 15. 1. do 22. 1. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 34 hlášených testů diskriminační PCR ze 5 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, malý počet zaslaných testů smižuje již tak chabou výpovědní hodnotu.
- 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.2.x/XBB.x	12
BA.4/5/BQ.1.1	6
N/A	4
Omicron	12
Celkový součet	34

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoře	Počet
FN Královské Vinohrady	1
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	5
SPEA Olomouc, s.r.o.	1
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	20
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	7
Celkový součet	34

- K 22. 1. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 510 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Sekvenovaných bylo 498 vzorků s datem odběru od 22. 11. 22 do 22. 1. 23, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (23 %) a její subvarianty BF.7.x (17 %), pozorujeme mírný nárůst BQ.1.x včetně BQ.1.1 (19 %). Detekce sledovaných variant (tabulka 5) vykazují zatím minoritní podíl. 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	115	23.1%
BQ.1.1	94	18.9%
BF.7.x	85	17.1%
BF.14	45	9.0%
BN.x	45	9.0%
BQ.1.x	29	5.8%
CK.x	19	3.8%
BE.x	9	1.8%
BA.2.x	5	1.0%
XBB.1.5	5	1.0%
XBB.1	4	0.8%
BA.4.6.x	2	0.4%
Ostatní	41	8.2%

Tabulka 5: Celkový počet detekovaných sledovaných variant

Varianta	Akronym	Počet
XBB.1		18
XBB.1.5	Kraken	6
XBC		1
XBF	Bythos	1
CH.1.1	Orthrus	4
CH.1.1.1		2

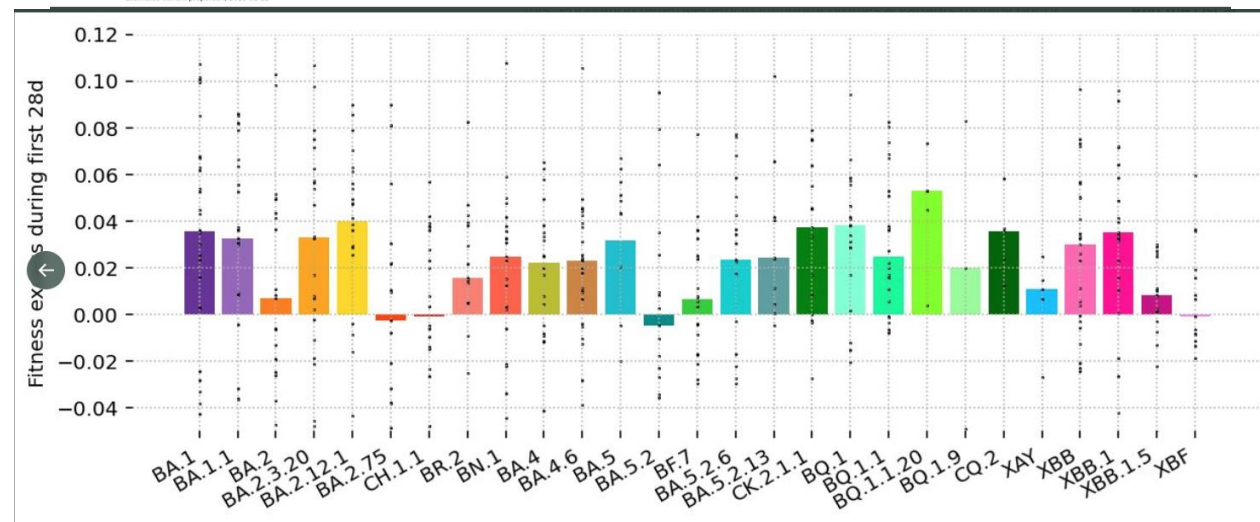
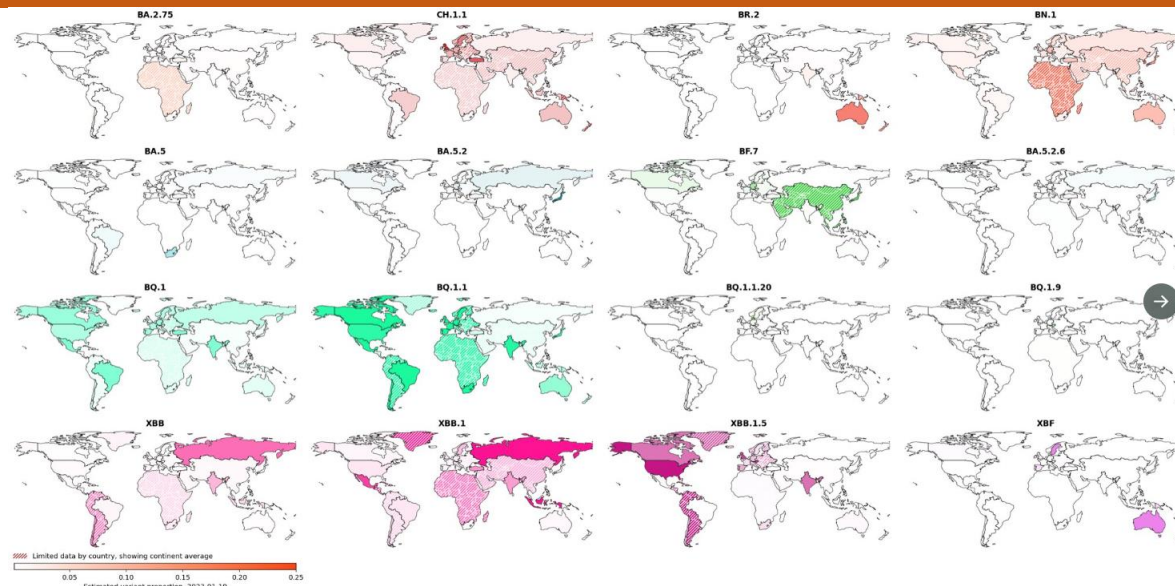
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.: <https://pangolin.cog-uk.io/>, 3 nezařazené sekvence není možné vyhodnotit ani jedním z algoritmů (GISAID,PANGO)

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

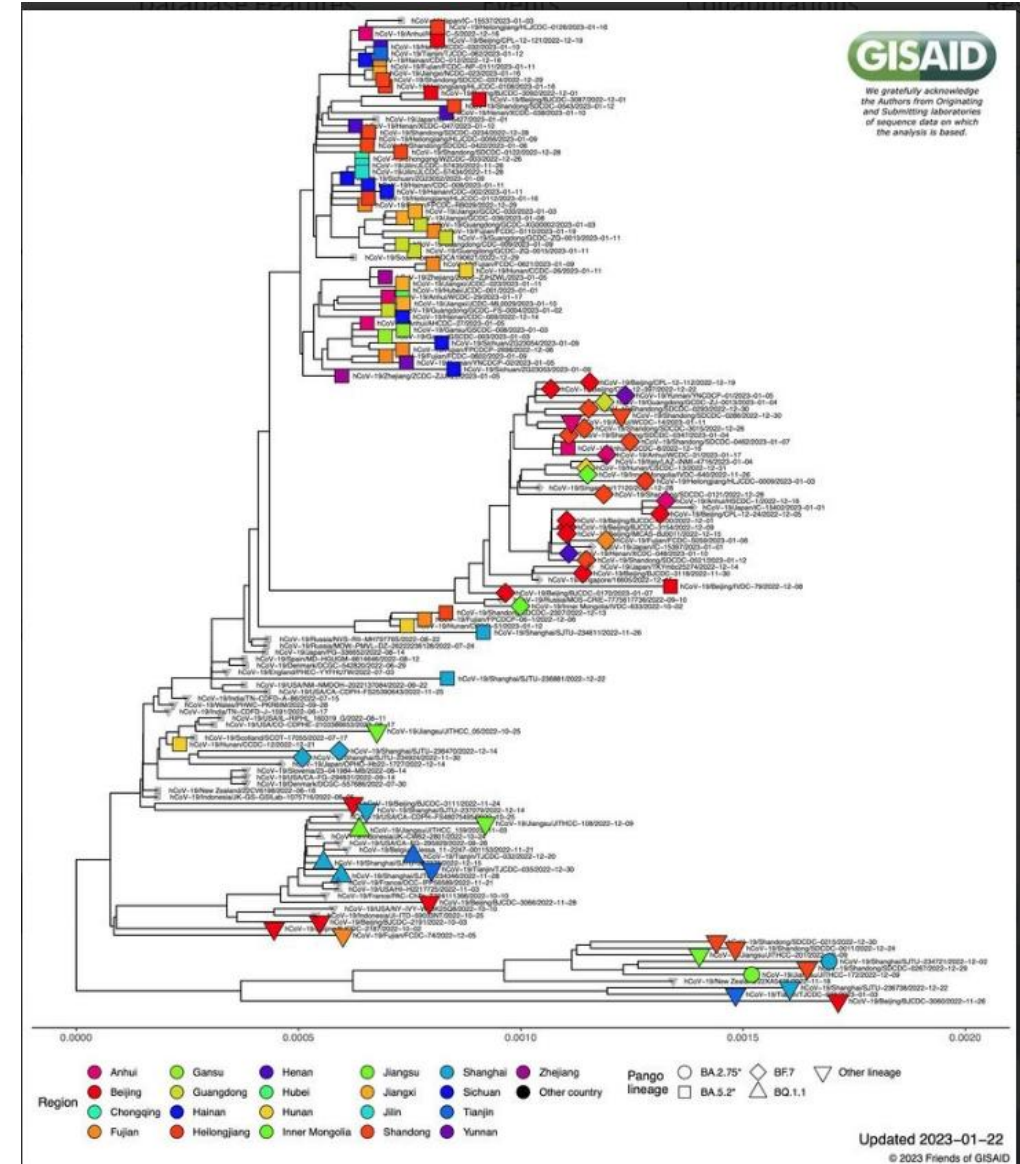
Varianta	Počet	Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.5.6.4	4	BQ.1.1.27	1		
BA.2.3.20	1	BA.5.9	1	BQ.1.1.3	2
BA.2.75.5	4	BE.1	1	BQ.1.1.32	1
BA.4	1	BE.1.1	7	BQ.1.1.4	1
BA.4.6.3	1	BE.6	1	BQ.1.1.5	1
BA.4.6.4	1	BF.11	2	BQ.1.1.7	1
BA.5	2	BF.11.3	4	BQ.1.10	3
BA.5.1	14	BF.14	45	BQ.1.11	2
BA.5.1.10	2	BF.2	1	BQ.1.13.1	3
BA.5.1.18	1	BF.27	1	BQ.1.14	1
BA.5.1.23	3	BF.5	1	BQ.1.18	2
BA.5.1.26	2	BF.7	75	BQ.1.19	1
BA.5.1.30	1	BF.7.3	4	BQ.1.2	3
BA.5.1.5	1	BF.7.4	2	BQ.1.22	2
BA.5.2	28	BF.7.4.1	1	BQ.1.23	1
BA.5.2.1	19	BF.7.5	1	BQ.1.3	4
BA.5.2.13	3	BF.7.6	1	BQ.1.5	11
BA.5.2.20	1	BF.7.8	1	BR.2.1	1
BA.5.2.21	1	BF.8	1	BT.2	1
BA.5.2.26	1	BL.2	1	CA.7	3
BA.5.2.3	1	BN.1.1	3	CC.1	1
BA.5.2.34	2	BN.1.1.1	6	CH.1.1	4
BA.5.2.35	2	BN.1.2	2	CH.1.1.1	2
BA.5.2.44	3	BN.1.3	27	CK.1	16
BA.5.2.6	15	BN.1.3.1	2	CK.2.1	3
BA.5.3.1	3	BN.1.4	2	CL.1	3
BA.5.3.3	1	BN.1.5	3	CM.12	1
BA.5.5	3	BQ.1	8	CP.1	1
BA.5.5.1	1	BQ.1.1	57	CR.1	3
		BQ.1.1.1	11	DF.1	1
		BQ.1.1.10	1	DG.1	3
		BQ.1.1.15	3	XBB.1	4
		BQ.1.1.18	3	XBB.1.2	3
				XBB.1.5	5
				XBB.1.9	1
				XBK	1

Celkový počet 498

S postupujícím šířením XBB.1.5 se snižuje rychlost šíření této varianty. Tento trend kopíruje dříve pozorovaný útlum v šíření BQ.1 a BQ.1.1. Pro tento jev zatím neexistuje vysvětlení. Varianta XVF (Bythos) se šíří zatím především, v Austrálii.



Sekvenační data z Číny zatím kopírují globální situaci, rozdíly v zastoupení subvariant omikronu mezi jednotlivými provinciemi postupně mizí.



V rámci **non-sentinelové surveillance** bylo za 3. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 935 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 6. Do NRL bylo zasláno v rámci **sentinelové surveillance** ve 3. KT pouze 47 vzorků, výsledky vyšetření jsou v tabulce 7.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	132
Chřipka A H ₁ pdm	3
Chřipka A H ₃	13
Chřipka B	11
Lidský rhinovirus	24
Adenovirus	4
Parainfluenza virus	6
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	1
Sezonní koronaviry	2
RSV	101
Bocavirus	1
Enterovirus	2
SARS-COV-2**	25
Smíšená infekce	19
Negativní	638
Celkový počet vyšetření:	982

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance

Patogen*	Počet detekcí 2. KT	Počet detekcí 3. KT
Chřipka A	1	0
Chřipka A H ₁ pdm	4	2
Chřipka A H ₃	16	6
Chřipka B	0	1
Lidský rhinovirus	13	2
Parainfluenza virus	0	1
RSV	4	7
Enterovirus	0	1
MPV	0	1
koronaviry	1	0
SARS-COV-2	4	5
Smíšená infekce	2	3
Negativní	3	18
Celkový počet vyšetření:	48	47

- V **sentinelové surveillance** dominuje virus chřipky A/H3.
- * V tabulce 6 jsou uvedeny pouze aktuálně pozitivní respirační viry.
- V non-sentinelové surveillance nadále dominuje chřipka A bez subtypizace a rhinovirus.
- 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 22 % z 29 % v předchozím týdnu.
- Arménie, Finsko, Izrael, Černá Hora, Polsko, Moldavská republika a Slovinsko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 40% pozitivitu v sentinelové surveillance.
- Za 2. KT bylo v rámci sentinelového vyšetření pacientů s příznaky ARI/ILI testováno 3 679 vzorků, z nichž 822 (22 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (715 – 87 % chřipka typu A; 107 – 13 % chřipka typu B). V 511 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A(H1)pdm09 (60 %) a virus A/H3 (40 %). Všech 13 subtypizovaných izolátů chřipky B bylo subtypováno jako B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** ze 40 zemí hlásí 4 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 7 zemí hlásí nízkou intenzitu, 18 zemí hlásí střední intenzitu, 9 zemí hlásí vysokou intenzitu (Dánsko, Řecko, Kosovo, Lotyšsko, Malta, Severní Makedonie, Polsko, Rumunsko, Slovensko) a 2 země hlásí velmi vysokou intenzitu (Finsko, Rusko).
- **Zeměpisné rozšíření:** 40 zemí hlásí aktivitu chřipky; 3 země hlásí sporadický výskyt (Ázerbájdžán, Severní Irsko, Uzbekistán), 2 země hlásí lokální šíření (Malta, Slovensko), 5 zemí hlásí regionální šíření (Bosna a Hercegovina, Bulharsko, Černá Hora, Srbsko a Kosovo) a 30 zemí napříč regionem hlásí celoplošné šíření.

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,
- Globální trend je stále založen na vzniku nových subvariant, které vykazují vyšší míru lokálního šíření, Ke sledovaným variantám (Kraken (XBB1.5, Orthrus CH.1.1 a Bythos XBF) se nyní řadí XBC.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala varianta omikronu BA.5 (23 %) a její subvarianty BF.7.x (17 %), pozorujeme mírný nárůst BQ.1.x včetně BQ.1.1 (19 %). Detekce sledovaných Kraken (XBB.1.5) a Orthrus (CH.1.1, poprvé byla detekována další sledovaná varianta Bythos (XBF).

Virologie chřipka

- V non-sentinelové surveillance nadále dominuje chřipka A a RSV, v menší míře se uplatňují rhinoviry a další respirační virová agens. RSV je spolu s virem chřipky A hlavní příčinou hospitalizací, přestože počet detekcí nadále klesá.
- V sentinelové surveillance nelze o dominanci hovořit, ale ve větší míře se uplatňují viry chřipky a SARS-CoV.1, pozorujeme poměrně rapidní pokles epidemie založené na cirkulaci virů chřipky a na nemocnosti se mohou podílet i jiná respirační agens případně komplikace spojená s onemocněním chřipkou, příkladem mohou být bakteriální superinfekce..

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 3. kalendářním týdnu 2023 (23. 1. 2023)

Ve 3. týdnu 2022 se nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) snížila o 12 % a dosáhla hodnoty 1417 případů na 100 000 obyvatel. Pokles je pozorován ve všech krajích a ve všech věkových skupinách. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně hlášena z krajů Moravskoslezského a Jihomoravského.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost snížila o 25,3 %, pokles je evidován zejména ve věkové skupině 25 - 64 let. Nemocnost však stále zůstává na relativně vysokých hodnotách a svědčí o tom, že **chřipková epidemie v ČR odeznívá velmi pomalu.**

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 20. 1. 2023 hlášeno celkem 227 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž v 74 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