



# Zpráva NRL ke dni 20. 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 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 - 10

A/H5N1souhrnné informace

Strana 11

Závěr a odkazy

Strana 12 - 14

- V období od 12. 2. do 19. 2. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 53 hlášených testů diskriminační PCR ze 4 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.

**Tabulka 1: Přehled zachycených mutací**

Varianta	Počet
BA.2.x/XBB.x	16
BA.4/5/BQ.1.1	2
N/A	5
Omicron	30
<b>Celkový součet</b>	<b>53</b>

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoře	Počet
FN Královské Vinohrady	2
Mobile clinic expert MCE s.r.o.	1
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	22
SPEA Olomouc, s.r.o.	4
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	17
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	7
<b>Celkový součet</b>	<b>53</b>

- K 19. 2. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 56 922 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Sekvenovaných bylo 358 vzorků s datem odběru od 19. 12. 22 do 19. 2. 23, tedy za 2 měsíce.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovala subvarianta omikronu BN..x pozorujeme nárůst variant XBB.x, v 5ti vzorcích byla potvrzena v současnosti monitorovaná subvarianta BQ.1.1.32.
- XBB.1.5 včetně XBB.1 bylo detekováno 63 oproti 36 v minulém týdnu.
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3, malý počet sekvenací je ovlivněn počtem vzorků zaslaných do NRL, od konce roku 2022 NRL sekvenuje všechny kvalitativně vyhovující vzorky .
- Souhrnný přehled sekvenací za sledované období s výpisem sledovaných variant zohledňuje tabulka 4.

**Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období**

Varianta	Počet	Podíl
BN.x	65	18.2%
BQ.1.x	61	17.0%
XBB.1.5	53	14.8%
BQ.1.1	41	11.5%
CK.x	29	8.1%
BA.5.x	20	5.6%
BF.7.x	16	4.5%
BF.14	16	4.5%
XBB.1	10	2.8%
BA.2.x	2	0.6%
BA.4.6.x	1	0.3%
Ostatní	44	12.3%

**Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období**

Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.2	1	BN.1.1.1	27
BA.2.75.5	1	BN.1.2	5
BA.4.6.3	1	BN.1.3	18
BA.5.1	2	BN.1.4	3
BA.5.1.10	2	BN.1.5	4
BA.5.2	3	BQ.1	7
BA.5.2.1	2	BQ.1.1	41
BA.5.2.3	3	BQ.1.1.1	4
BA.5.2.34	2	BQ.1.1.10	1
BA.5.2.35	1	BQ.1.1.18	3
BA.5.2.44	1	BQ.1.1.22	2
BA.5.2.6	1	BQ.1.1.3	7
BA.5.3.1	2	BQ.1.1.32	5
BA.5.5	1	BQ.1.1.5	4
BF.11.3	2	BQ.1.1.7	1
BF.14	16	BQ.1.10	5
BF.7	16	BQ.1.14	2
BF.7.3	2	BQ.1.18	3
BF.7.4	1	BQ.1.2	2
BN.1	1	BQ.1.22	2
BN.1.1	7	BQ.1.23	3
BN.1.1.1	27	BQ.1.5	9
BN.1.2	5	BQ.1.8	1
BN.1.3	18	BR.2.1	2
BN.1.4	3	BR.3	1
BN.1.5	4	CA.7	2
BQ.1	7	CH.1.1	9
BQ.1.1	41	CH.1.1.1	3
		CJ.1	2
		CK.1	28
		CK.2.1	1
		CL.1	3
		CR.1	1
		DF.1	2
		DG.1	1
		XBB.1	10
		XBB.1.2	2
		XBB.1.5	53
		XBB.1.9.1	2
		XBB.2	4
		XBC.1	1
		XBF	3
		XBK	1

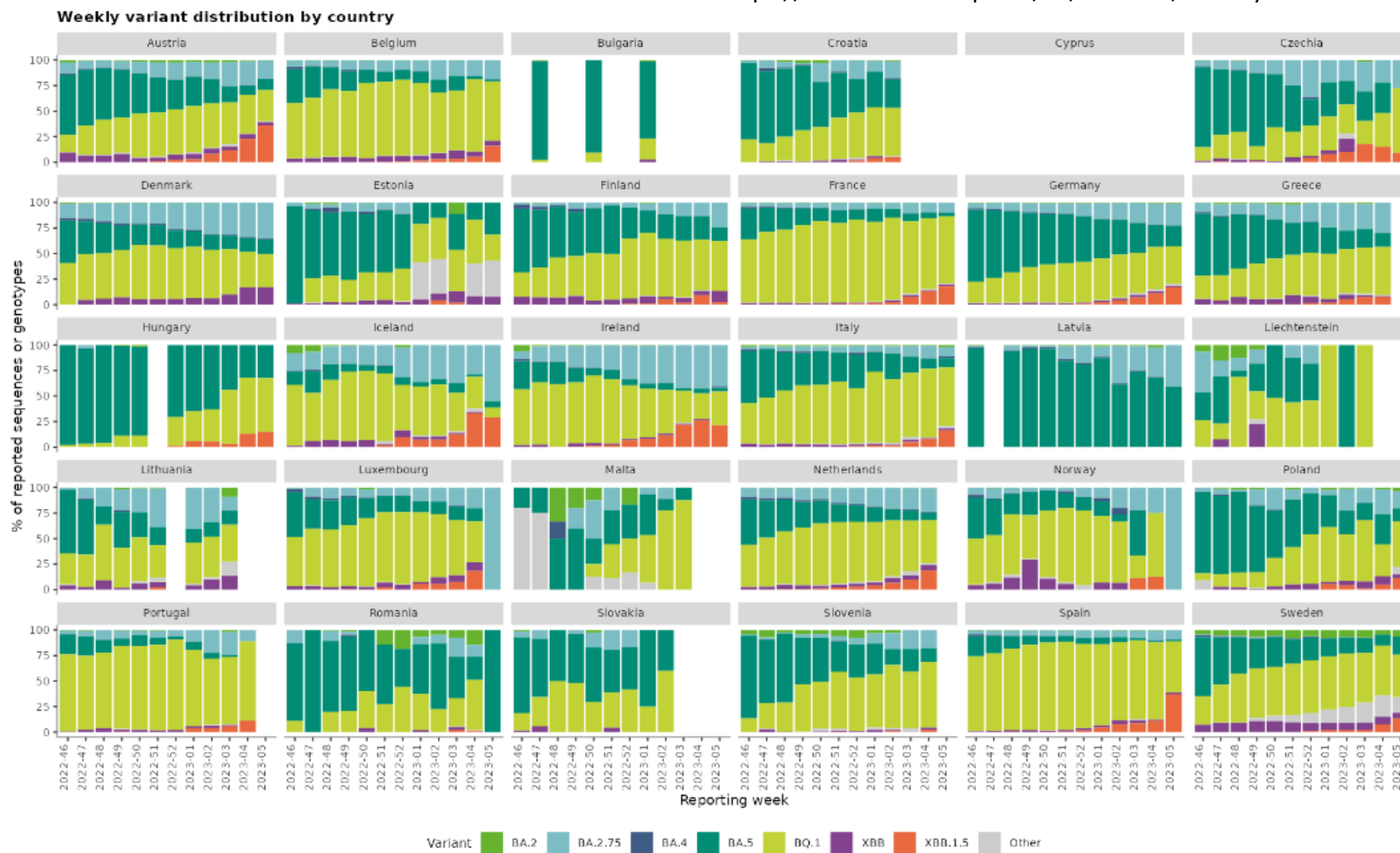
Celkový počet 358

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)

## Distribution of variants of concern (VOCs) and variants of interest (VOIs)

- Among the seven countries with an adequate volume of sequencing or genotyping for weeks 4–5 (23 January to 5 February 2023), the estimated distribution of variants of concern (VOC) or of interest (VOI) was 41.2% (33.8–68.4% from six countries) for BQ.1, 22.5% (9.6–34.3% from six countries) for BA.2.75, 14.0% (9.5–26.9% from five countries) for XBB.1.5, 13.1% (5.4–65.1% from seven countries) for BA.5, 4.6% (1.0–16.9% from six countries) for XBB, 0.9% (0.1–5.4%, 107 detections from seven countries) for BA.2 and 0.5% (0.1–1.1%, 34 detections from six countries) for BA.4.

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/country-overviews>



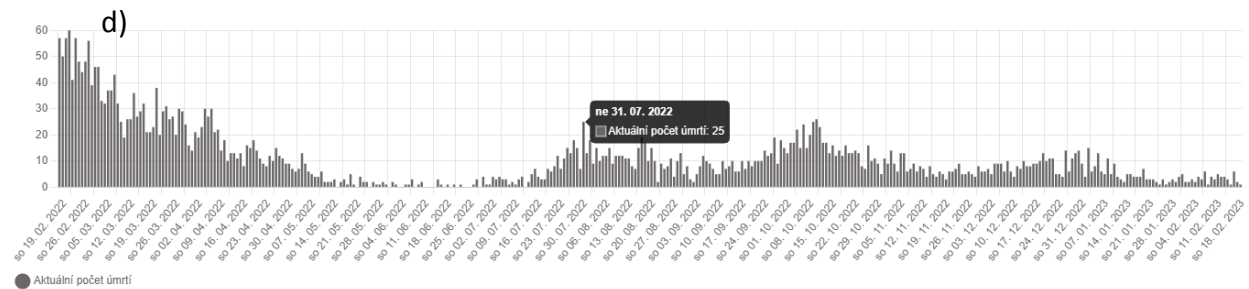
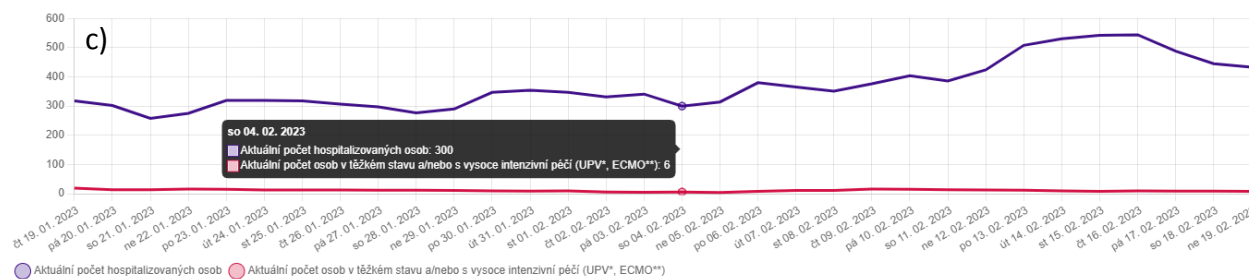
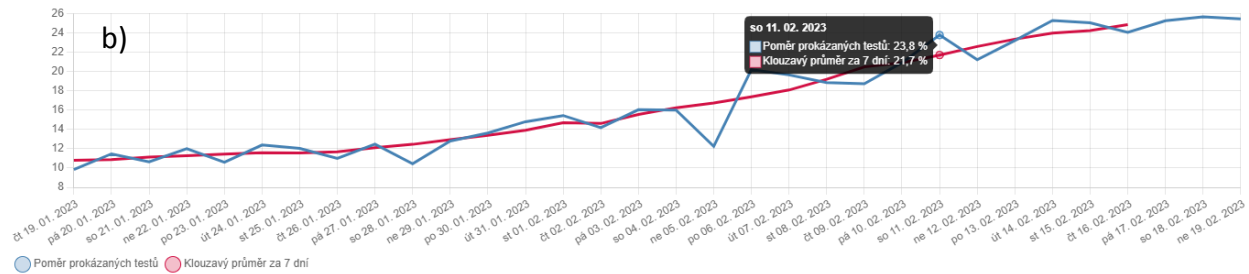
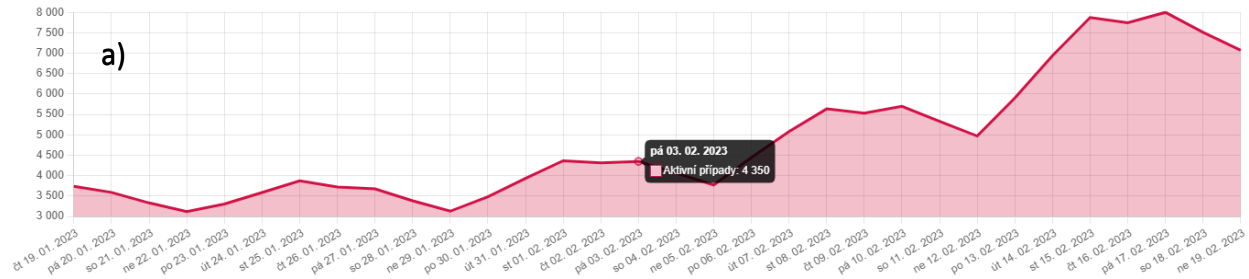
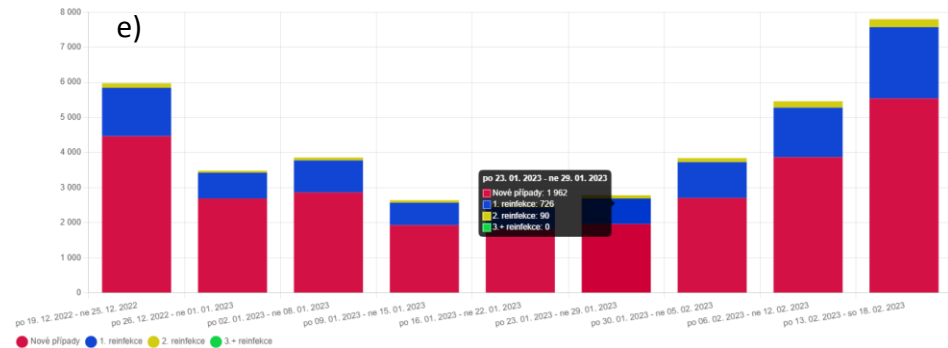
# Covid19 – MZČR data 19. 1. – 19. 2. 2023

Ačkoli počet pozitivních detekcí ve skupině osob testovaných pouze na přítomnost SARS-CoV-2 v posledních 2 měsících setrvale vzrůstá (graf a), stejně jako vzrůstá počet onemocnění (odpovídá procentu pozitivních detekcí z diagnostického důvodu, graf b), počet přijatých vzorků k sekvenaci je naopak klesající.

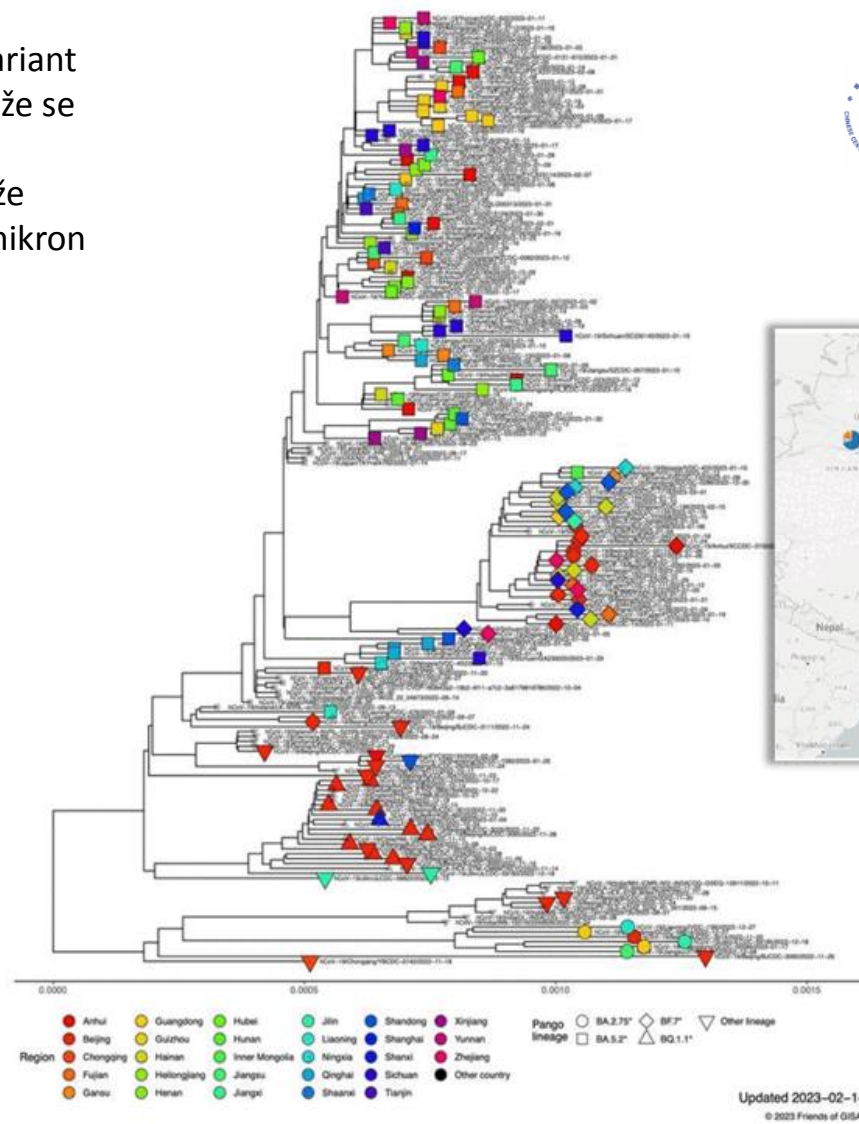
V posledních týdnech přijímá NRL přibližně 50 vzorků SARS-CoV-2 pozitivních/týden k sekvenaci.

Proto prosíme laboratoře, které zasílaly vzorky do NRL, aby v zasílání nadále pokračovaly.

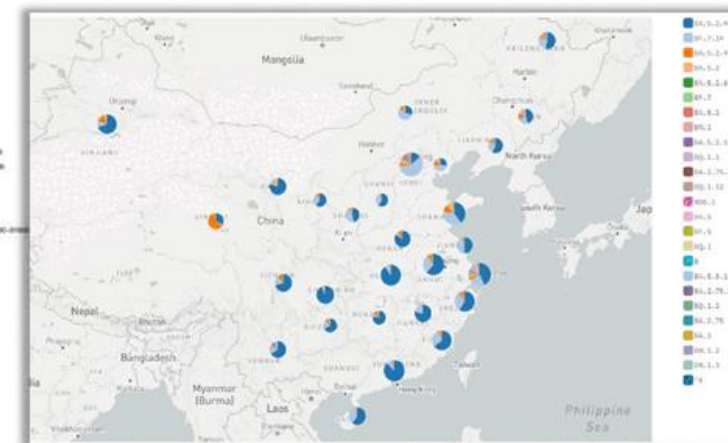
Zvyšující se počet pozitivních detekcí se zatím na počtu hospitalizací odráží jen mírně (graf c) stejně jako na počtu úmrtí (graf d). Počet reinfekcí činí stále zhruba stejný podíl a dle údajů MZ se jedná především o 1. reinfekce (graf e).



Sekvenační data z Číny jsou stabilní, rozdíly v zastoupení subvariant omikronu mezi jednotlivými provinciemi postupně mizí. Přestože se jeví situace v Číně jako stabilní z hlediska evoluce viru, je třeba nadále sledovat vývoj viru celogenomovou sekvenací. Grafy níže ukazují, že v nedostatečně proočkované populaci nelze brát omikron na lehkou váhu.



**Representative phylogenetics of recent genome sequences from 28 regions across China (in global context) 2023-02-14**



<https://gisaid.org/phylogenetics/china-cn/>

*We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.*



Updated 2023-02-14  
© 2023 Friends of GISAID



V rámci non-sentinelové surveillance bylo za 7. KT ve spolupracujících laboratořích vyšetřeno 886 vzorků, výsledky vyšetření jsou uvedeny v tabulce 6, stále dominuje detekce chřipky A, stoupá zastoupení chřipky B. Z nechřipkových virů se uplatňují rhinoviry a RSV.

Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 7. KT 50 vzorků, nejčastěji byly detekovány rhinoviry a viry chřipky B, a sporadicky i A/H1pdm, přehled výsledků vyšetření jsou v tabulce.

**Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance**

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	62
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	13
Chřipka A H <sub>3</sub>	9
Chřipka B	58
Lidský rhinovirus	50
Adenovirus	5
Parainfluenza virus	6
Herpetické viry	
Mycoplasma pneumoniae	
Lidský metapneumovirus	1
Sezonní koronaviry	10
RSV	40
Bocavirus	1
Enterovirus	
SARS-COV-2**	34
Smíšená infekce	18
Negativní	579
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>886</b>

**Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance**

Patogen*	Počet detekcí 6. KT	Počet detekcí 7. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	3	0
Chřipka A H <sub>3</sub>	5	3
Chřipka B	10	14
Lidský rhinovirus	8	15
Parainfluenza virus	0	0
RSV	1	0
Enterovirus	0	2
MPV	0	0
koronaviry	2	2
SARS-COV-2	1	1
Adenovirus	2	0
Smíšená infekce	3	1
Negativní	13	12
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>48</b>	<b>50</b>

- \* 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





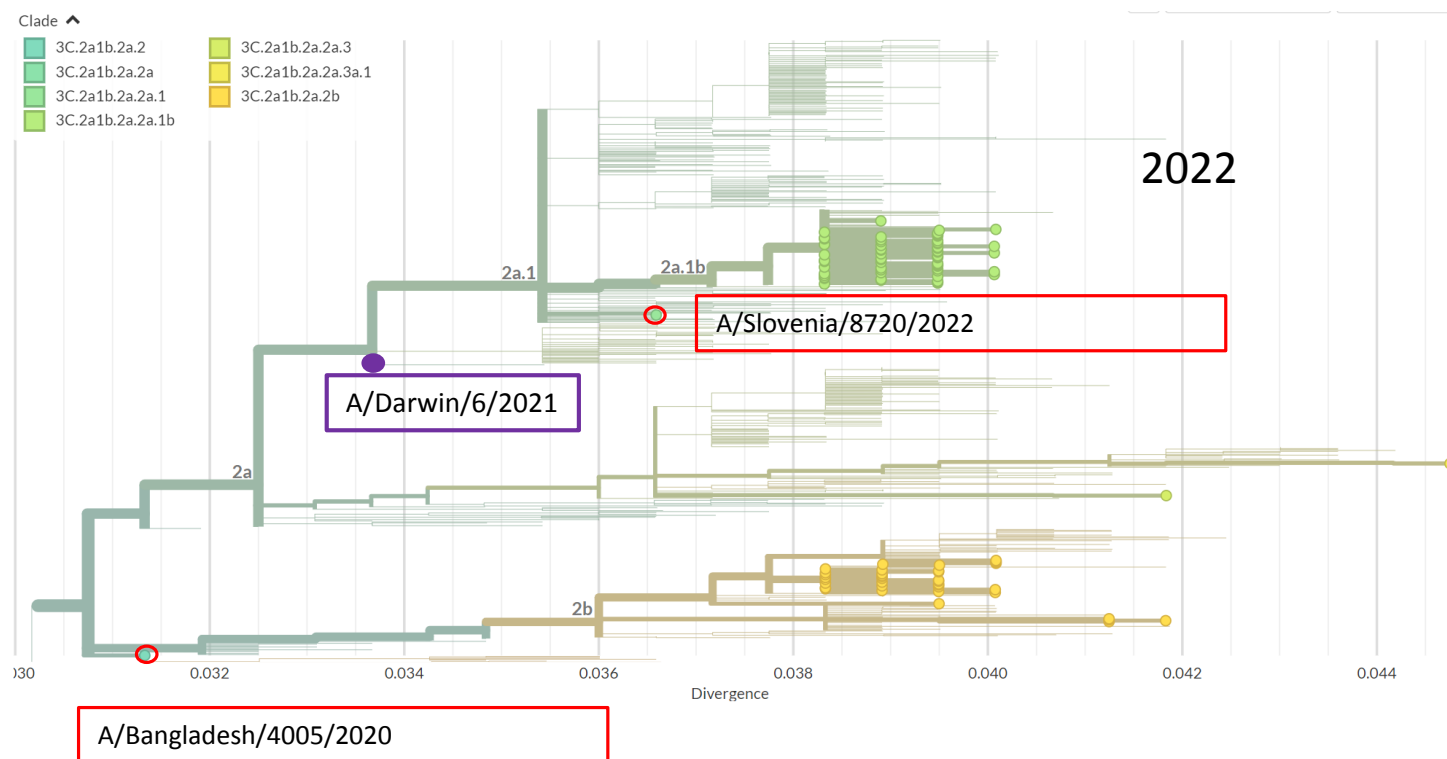
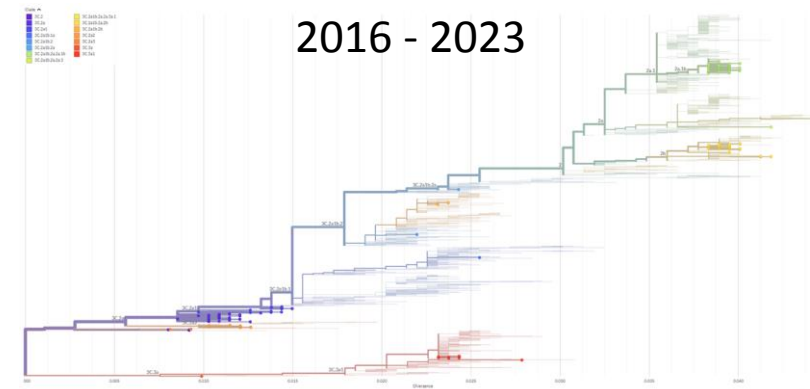
Evropa: z 1 718 sekvenovaných kmenů A(H3) bylo 1 634 připsáno do klády 3C.2a1b.2a.2, z nichž:

- 1 044 (64 %) představovaly kmeny reprezentované A/Bangladesh/4005/2020,
- 494 (30 %) A/Slovinsko/8720/2022 a
- 96 (6 %) A/Darwin/9/2021.
- 81 (5 %) virů nebylo přiřazeno do podskupiny.
- Pouze 3 viry byly připsány do klády 3C.2a1b.1a reprezentované A/Denmark/3264/2019.

Sekvence z České republiky spadají z 55 % do subklády představované kmenem A/Slovinsko/8720/2022 a z 38 % do skupiny odvozené od kmene A/Bangladesh/4005/2020. Ve dvou případech byly detekovány i varianty spadající do evolučně vzdálenějších linií. Kmen A/Darwin/6/2021 je součástí letošní vakcíny,

Kláda	Počet	Příbuznost
3C.2a1b.2a.2a.1b	21 ((55 %)	A/Slovinsko/8720/2022
3C.2a1b.2a.2a.3	1 (2 %)	
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1 (2 %)	
3C.2a1b.2a.2b	15 (39 %)	A/Bangladesh/4005/2020

## Fylogenetická analýza kmenů chřipky A/H3



- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky bylo 25 %, jako v předchozím týdnu.
- Nizozemsko, Izrael, Slovinsko, Francie, Arménie, Dánsko a Švýcarsko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 40% pozitivitu v sentinelové surveillance.
- Za 6. KT bylo v rámci sentinelové surveillance testováno 3 645 vzorků, z nichž 927 (25 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (51 % chřipka typu A; 49 % chřipka typu B). V 287 subtypizovaných vzorcích viru chřipky A dominuje virus chřipky A(H1)pdm09 (71 %), virus A/H3 je minoritní (29 %). Všech 100 subtypizovaných izolátů chřipky B bylo subtypováno jako B/Victoria.

### Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** ze 38 zemí hlásí 10 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 5 zemí hlásí nízkou intenzitu, 18 zemí hlásí střední intenzitu, 5 zemí hlásí vysokou intenzitu (Chorvatsko, Kosovo, Polsko, Rusko, Slovensko).
- **Zeměpisné rozšíření:** z 37 zemí hlásí 1 nulovou aktivitu chřipky, 3 země hlásí sporadický výskyt, 2 země hlásí lokální šíření, 6 zemí hlásí regionální šíření a 25 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.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu BN.x, BQ.1.x a XBB.1.5, BN.x. Ze sledovaných variant rovněž detekujeme CH.1.1 a XBF. Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3, strana 3.

## Virologie chřipka

- V non-sentinelové surveillance nadále dominuje chřipka A, B, RSV a rhinoviry, v menší míře se uplatňují další respirační virová agens.
- V sentinelové surveillance dominuje virus chřipky B a rhinoviry. Virus chřipky A/H3 nebyl detekován a pouze sporadicky detekujeme subtyp A/H1 pdm, ostatní nechřipkové respirační patogeny jsou minoritní. Přestože se jedná o malé počty vyšetřených vzorků, tak pozorujeme soulad s evropskými daty, ve smyslu menší epidemické vlny vyvolané virem chřipky typu B. Ve všech vzorcích pozitivních na chřipku B byla prokázána varianta B/Victoria.
- V souvislosti s geografickým šířením A/H5N1 a s rozšiřováním hostitelského spektra upozornil ředitel WHO na nutnost pandemické připravenosti v souvislosti s cirkulací A/H5N1. V ECDC se zvyšuje počet zemí, které provádí aktivní surveillance u osob, které jsou či byly v kontaktu s infikovanými živočichy A/H5, a to i u osob bez klinických příznaků (např. Francie) nebo posiluje surveillance u volně žijících ptáků. Aktivní surveillance vychází buď z PCR testování v ohnisku nebo serologickou surveillance v určitém časovém odstupu.

## Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 7. kalendářním týdnu 2023 (20. 2. 2023)

V 7. kalendářním týdnu došlo ke zvýšení nemocnosti ARI o 4,3 %, celková nemocnost je na úrovni 1363 na 100 000 obyvatel. Nejvyšší nemocnost je nadále v Pardubickém a Jihomoravském kraji.

**Závěr:** V Evropě i v České republice sice klesá výskyt chřipky typu A, zvyšuje se však cirkulace chřipky typu B. S tím souvisí i aktuální mírný vzestup nemocnosti v ČR. Situaci lze nadále považovat za regionální ohniska respiračních 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