Zpráva NRL ke dni 6. 3. 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 - 5
Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě	Strana 6 - 8
A/H5N1 souhrnné informace	Strana 9
Závěr a odkazy	Strana 10 - 12

Diskriminační PCR – vyhodnocení dat

- V období od 26. 2. do 5. 3. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 47 hlášených testů diskriminační PCR ze 6 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/BN.1.x	16
Non CH.1.1.	4
Omicron	27
Celkový součet	**47**

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoře	Počet
COP plus, s.r.o.	3
FN Královské Vinohrady	1
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	11
SPEA Olomouc, s.r.o.	3
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	17
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	12
Celkový součet	**47**

Mikrobiologie - sekvenační data

- K 6. 3. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 57 048 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL. Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 338 vzorků s datem odběru od 6. 1. 23 do 6. 3. 23.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu BQ.1.x, XBB.1.5 a BN.1.x a CK.1. V únoru (data nejsou uveřejněna) jasně dominuje varianta XBB.1.5, označována jako Kraken, dosahuje prevalence 59 %, další nejčetnější varianta BQ.1.1 byla detekována u necelých 7 % sekvenovaných vzorků.
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3, malý počet sekvenací je ovlivněn počtem vzorků zaslaných do NRL a nejasností ve financování sekvenací.
- Souhrnný přehled sekvenací za sledované období s výpisem sledovaných variant zohledňuje tabulka 4.
- Grafický přehled zastoupení variant zobrazuje graf. 1.

Tabulka 4: Souhrnný přehled sekvenovaných variant za sledované období

Varianta	Počet	Podíl
XBB.1.5	122	36.1%
BN.1.x	33	9.8%
BQ.1.1	29	8.6%
CK.1	27	8.0%
XBB.1.x	12	3.6%
CH.1.1/CH.1.1.1	12	3.6%
BA.5.x	7	2.1%
BF.x	7	2.1%
BN.1.3	6	1.8%
BF.7.x	5	1.5%
XBF	3	0.9%
BA.2	1	0.3%
Ostatní	74	21.9%

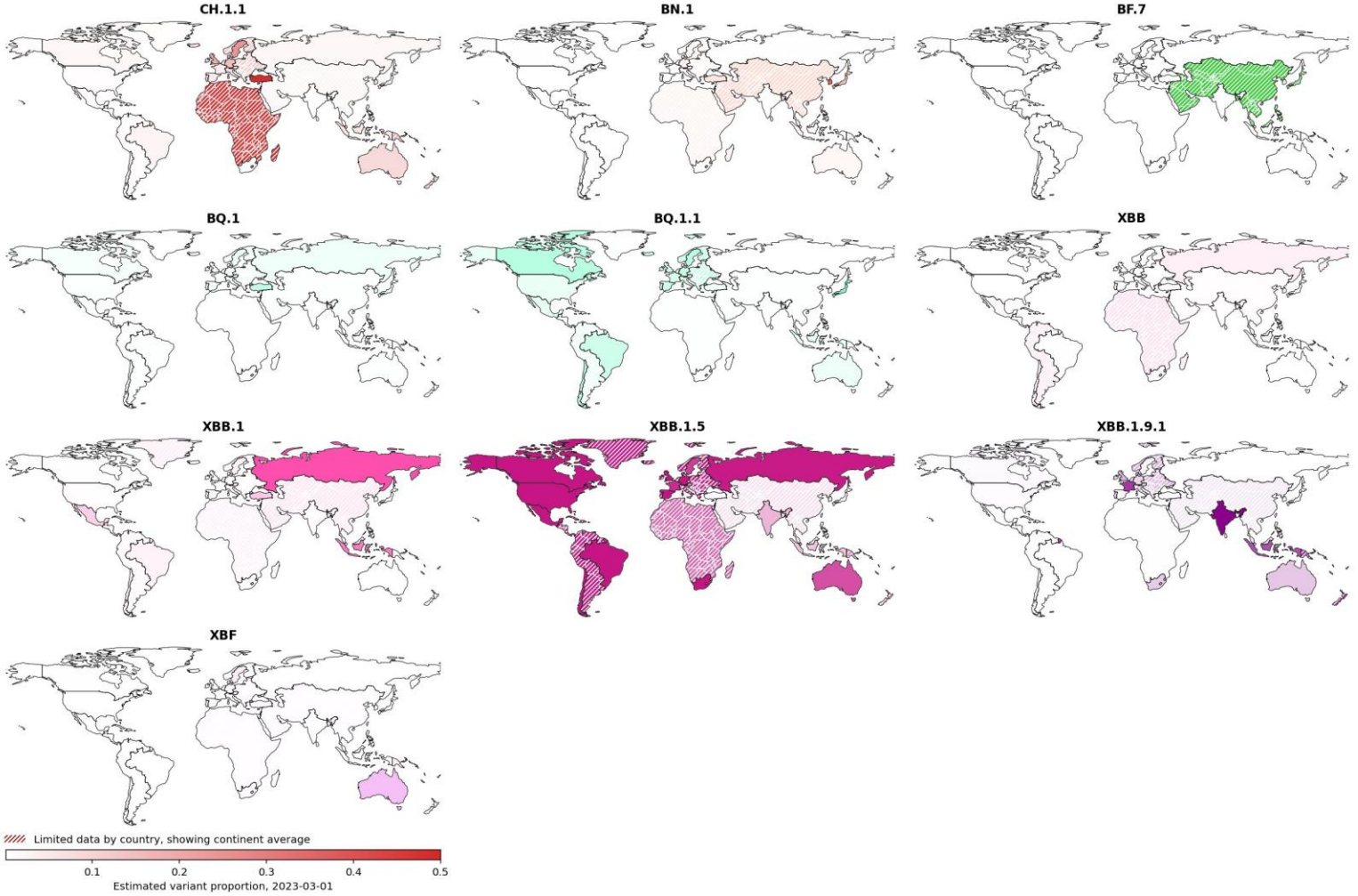
Celkový počet 338

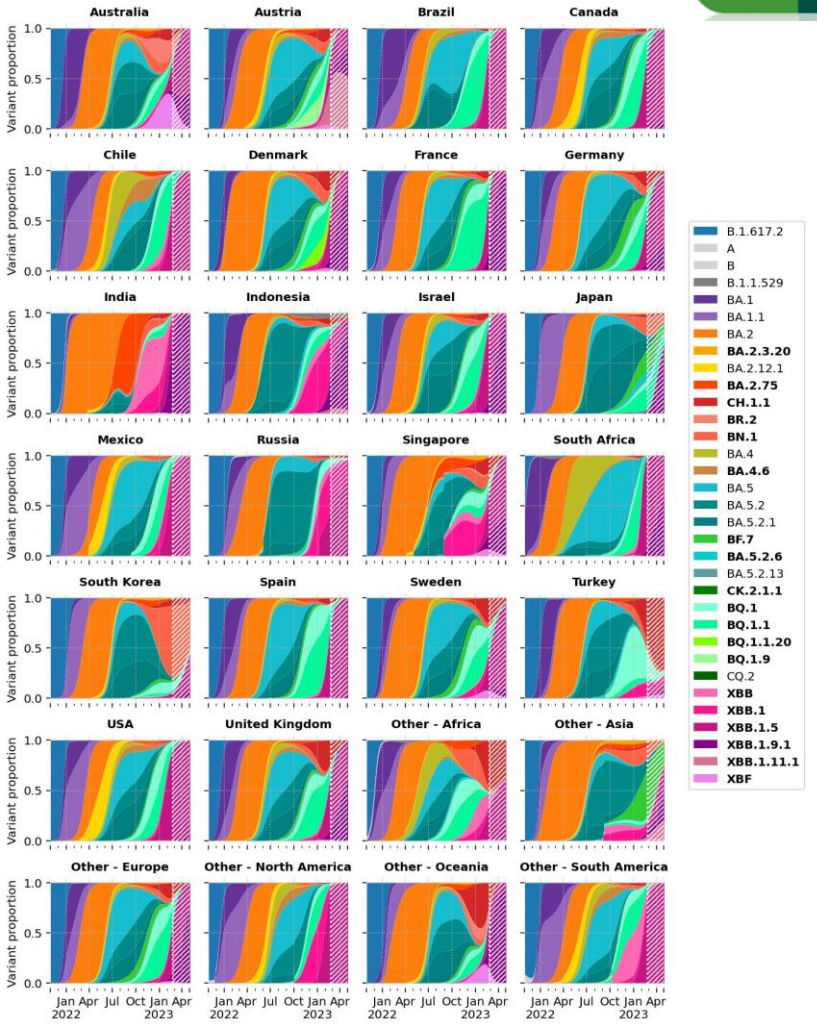
Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.: https://pangolin.cog-uk.io/

Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet
BA.2	1
BA.5.1	1
BA.5.1.26	1
BA.5.2	1
BA.5.2.1	1
BA.5.2.34	1
BA.5.2.44	1
BA.5.5	1
BF.14	7
BF.7	4
BF.7.3	1
BN.1	1
BN.1.1	1
BN.1.1.1	20
BN.1.2	5
BN.1.3	6
BN.1.3.5	1
BN.1.4	2
BN.1.5	3
BQ.1	6
BQ.1.1	29
BQ.1.1.1	1
BQ.1.1.18	1
BQ.1.1.22	2
BQ.1.1.3	5
BQ.1.1.31	1
BQ.1.1.32	5
BQ.1.1.35	1
BQ.1.1.37	2
BQ.1.1.46	1
BQ.1.1.5	7
BQ.1.1.7	1
BQ.1.10	5
BQ.1.11	1
BQ.1.13.1	1
BQ.1.14	1
BQ.1.18	2
BQ.1.2	1
BQ.1.22	3
BQ.1.23	1
BQ.1.5	6
BQ.1.8	1
BR.2.1	1
BR.3	1
CH.1.1	10
CH.1.1.1	2
CH.1.1.2	1
CJ.1	2
CK.1	27
CL.1	1
CL.1.1	1
CM.8.1	2
DF.1	2
DG.1	1
XBB.1	1
XBB.1.13	5
XBB.1.5	122
XBB.1.5.1	1
XBB.1.9	1
XBB.1.9.1	3
XBB.1.9.2	1
XBB.2	4
XBC.1	1
XBF	3
XBF.2	1
XBK	1

Globální sekvenační data – prevalence XBB.1.5

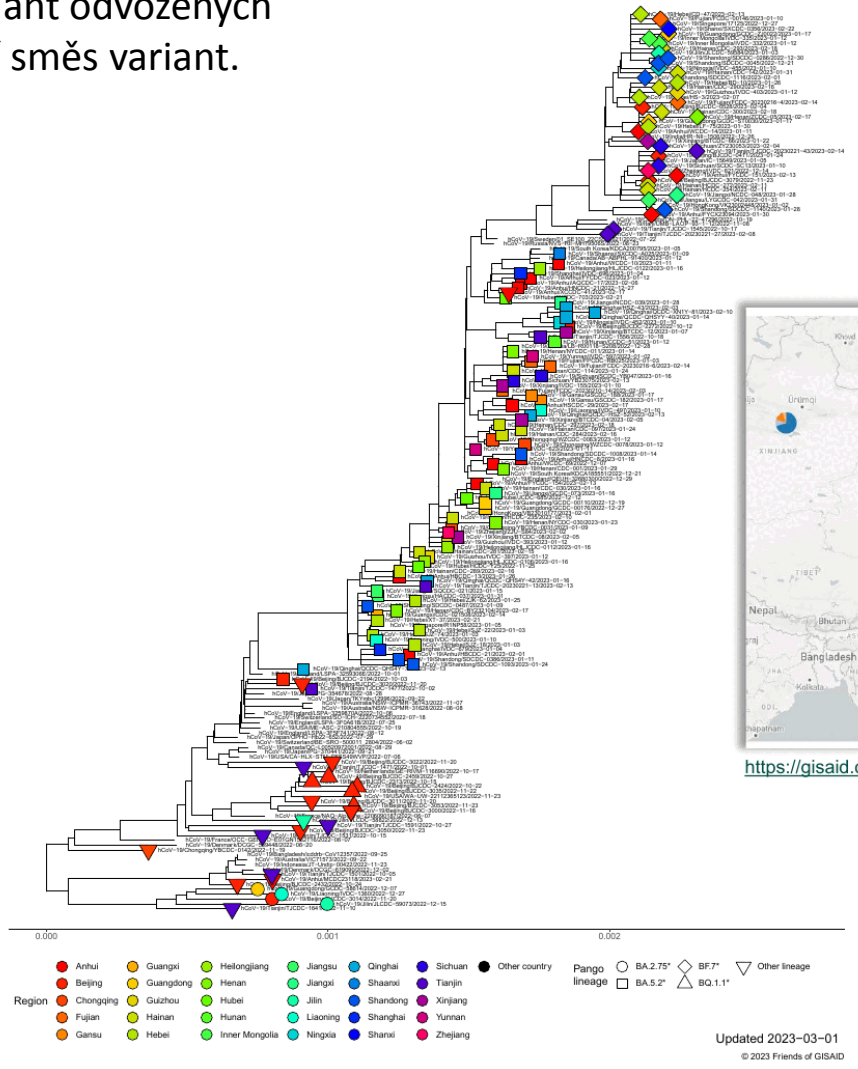




Globální sekvenační data k 1.3.2023 ukazují dominantní šíření XBB.1.5 (based on GISAID data Moritz Gorstung, Heidelberg).

Globální sekvenační data - Čína

Sekvenační data z Číny naznačují prevalenci variant odvozených od BA.5.2 a pouze větší města vykazují pestřejší směs variant.



Representative phylogenetics of recent genome sequences from 30 regions across China (in global context) 2023-03-01

https://gisaid.org/phylodynamics/china-cn/

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

GISAID

by FIOCRUZ, Brazil

ARI/ILI virologická surveillance v ČR – situace k 9. KT

V non-sentinelové surveillance dominuje SARS-CoV-2, chřipka B a RSV, v menší míře se uplatňují rhinoviry a sezónní koronaviry.
Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 9. KT 44 vzorků, nejčastěji byly detekovány rhinoviry a virus chřipky B.

.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillance

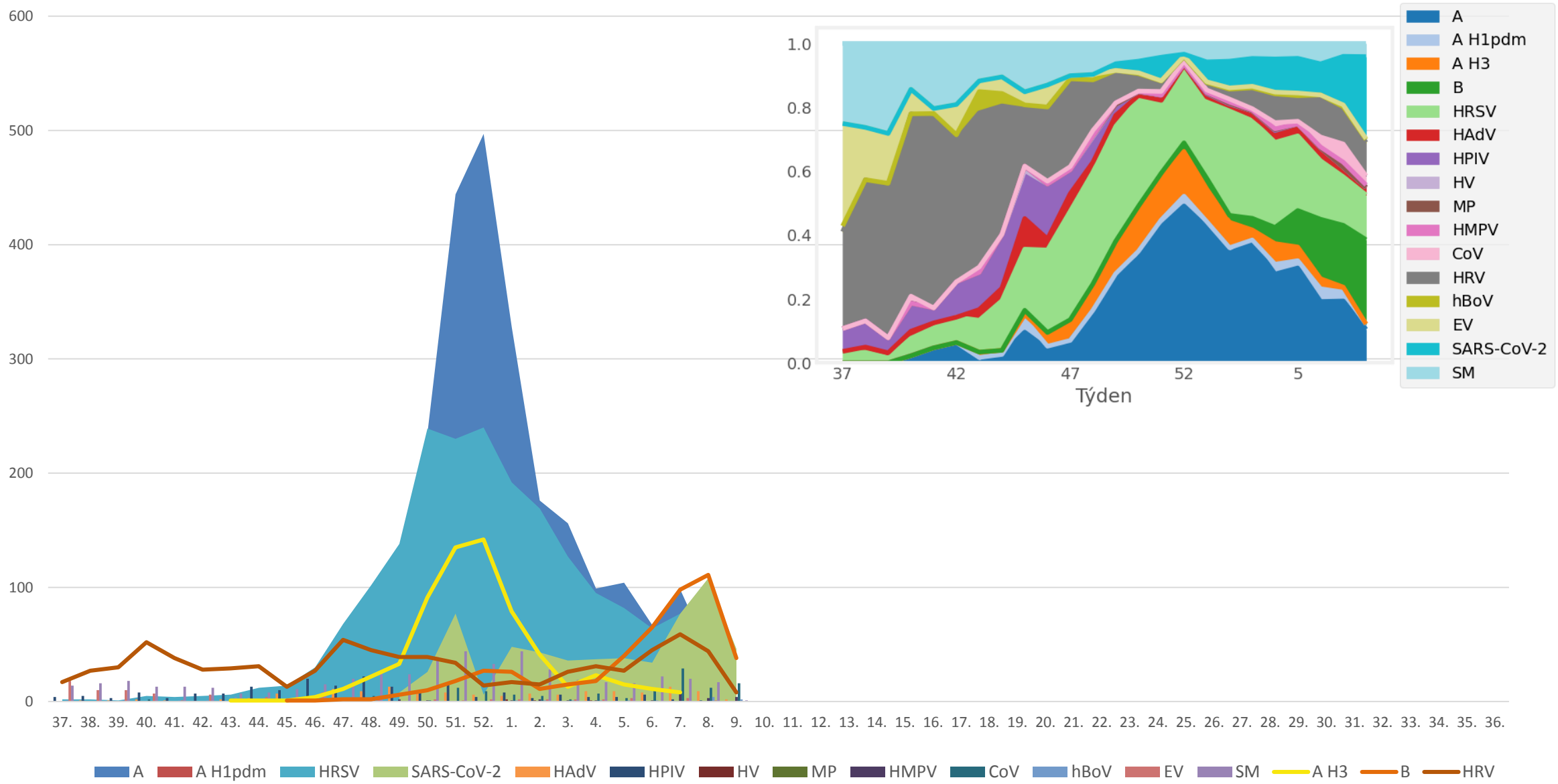
Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	7
Chřipka A H_1pdm	2
Chřipka A H_3	1
Chřipka B	38
RSV	22
Adenovirus	2
Parainfluenza virus	0
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	4
Sezonní koronaviry	16
Lidský rhinovirus	8
Bocavirus	2
Enterovirus	0
SARS-COV-2**	46
Smíšená infekce	1
Negativní	508
Celkový počet vyšetření:	647

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillance

Patogen*	Počet detekcí 8. KT	Počet detekcí 9. KT
Chřipka A	1	0
Chřipka A H_1pdm	4	0
Chřipka A H_3	0	1
Chřipka B	14	6
Lidský rhinovirus	7	7
Parainfluenza virus	0	0
RSV	1	3
Enterovirus	2	0
MPV	0	0
koronaviry	0	0
SARS-COV-2	1	0
Adenovirus	0	2
Smíšená infekce	3	3
Negativní	18	22
Celkový počet vyšetření:	51	44

- * V tabulce 6 jsou uvedeny pozitivní respirační viry, nikoli celý panel.
- Do vyšetření SARS-CoV-2 ** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2

Graf 1: ARI/ILI – nonsentinelová surveillance v ČR – situace k 9. KT



Chřipka – situace v Evropě (WHO evropský region) k 8. KT

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky kleslo na 25 % (v předchozích týdnech 28 %).

- Švédsko, Slovinsko, Nizozemsko, Francie a Slovensko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 40% pozitivitu v sentinelové surveillance.

- Za 8. KT bylo v rámci sentinelové surveillance testováno 3 306 vzorků, z nichž 836 (25 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (30 % chřipka typu A; 70 % chřipka typu B). V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (87 %). Všech 136 subtypizovaných izolátů chřipky B spadají do linie B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

- **Intenzita**: ze 38 zemí hlásí 6 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 11 zemí hlásí nízkou intenzitu, 19 zemí hlásí střední intenzitu, 2 země hlásí vysokou intenzitu (Bosna a Hercegovina, Chorvatsko).

- **Zeměpisné rozšíření**: z 37 zemí, 4 země hlásí sporadický výskyt, 4 země hlásí lokální šíření, 8 zemí hlásí regionální šíření a 21 zemí napříč regionem hlásí celoplošné šíření.

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

Ptačí chřipka A/H5N1

- V únoru nahlásila Kambodža 2 případy onemocnění člověka virem ptačí chřipky A/H5N1, oba případy byly fatální a v obou případech se jednalo o přímou nákazu od infikované drůbeže. Sekvenací bylo potvrzeno, že se jedná o nákazu endemickým genotypem A/H5N1 2.3.2.1c a virus nenesl žádné znaky adaptace na člověka.

.

- Přehled aktuální situace cirkulace viru ptačí chřipky v ČR je zveřejněn na stránkách Státní veterinární správy:

  https://www.svscr.cz/zdravi-zvirat/ptaci-chripka-influenza-drubeze/ptaci-chripka-v-cr/

- V důsledku A/H5N1 u břehů Peru uhynulo nejméně 3 500 lachtanů, cirkulace viru ptačí chřipky klády 2.3.4.4b v populacích mořských živočichů je v současnosti ohromnou ekologickou katastrofou. Nelze vyloučit přenos na jiné vzácné mořské savce, u některých kytovců již byl tento virus prokázán. Rovněž ohromný úhyn ptáků sídlících v příbřežních koloniích, a to v létě 2022 na SZ pobřeží Skandinávie a v časných měsících 2023 u břehů Jižní Ameriky, může mít velké ekologické důsledky.

Závěr: virologie SARS-CoV-2/ARI/ILI

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 se dominantní stává subvarianta XBB.1.5, která v současnosti spolu s XBB.1.9.1 jasně dominuje globálně. Tato varianta stojí pravděpodobně za nárůstem pozitivních případů SARS-CoV-2.
- NRL přes nejasné financování doporučuje zasílat pozitivní vzorky na sekvenaci a stejně tak zvýšit intenzitu vzorkování odpadních vod.

Virologie chřipka

- V non-sentinelové surveillance dominuje chřipka B a SARS-CoV-2, stále se uplatňuje chřipka A, především A/H1pdm, RSV a rhinoviry, v menší míře se uplatňují další respirační virová agens. Přes zvyšující se nemocnost klesl počet vyšetřených vzorků jak v sentinel tak nonsentinel surveillance. V sentinel surveillancer pro malý počet vzorků nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů.

Závěr: epidemiologická data ARI/ILI

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 9. kalendářním týdnu 2023

V 9. kalendářním týdnu se situace ve výskytu akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) významně nezměnila, došlo k mírnému zvýšení nemocnosti o 0,7 % a celková nemocnost je na úrovni 1422 na 100 000 obyvatel. Vzestup nemocnosti se týká především dospělých ve věku 25-64 let. Nejvyšší nemocnost je nadále v Pardubickém a Jihomoravském kraji.
V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) se nemocnost zvýšila o 18,1 %, vzestup nemocnosti je nejvyšší mezi dospělými ve věku 25 let a více.
V aktuální chřipkové sezoně bylo do 3. 3. 2023 hlášeno celkem 291 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči, z nichž ve 106 případech došlo k úmrtí.
Ve většině krajů se vyskytují epidemická ohniska respiračních onemocnění.

Zpracovali: RNDr. Helena Jiřincová, MUDr. Jan Kynčl, Ph.D., Timotej Šúri, MSc.

Odkazy

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