



Zpráva NRL ke dni 20. 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 – 6

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 7 - 9

Závěr a odkazy

Strana 10 - 12

- V období od 12. 3. do 18. 3. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data 63 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/BN.1.x	15
CH.1.1/BA.5/BQ.1	2
N/A	6
Omicron	40
Celkový součet	63

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoře	Počet
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	17
SPEA Olomouc, s.r.o.	5
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	16
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	25
Celkový součet	63

- K 20. 3. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 57 209 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 385 vzorků s datem odběru od 20. 1. 23 do 20. 3. 2023.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu XBB.1.5, BQ.1.x a v menší míře BN.1.x a CK.1. Jasně dominuje varianta XBB.1.5, označována jako Kraken, dosahuje prevalence 55 %. Další nejčetnější varianta BQ.1.x (70 vzorků) byla detekována u 18 % sekvenovaných vzorků.
- Celkový přehled všech sekvenovaných variant je uveden v tabulce 3, malý počet sekvenací je ovlivněn počtem vzorků zasláných 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	212	55.1%
BQ.1.x	70	18.2%
BN.1.x	28	7.3%
CK.1	23	6.0%
XBB.1.x	18	4.7%
CH.1.x	15	3.9%
XBF	4	1.0%
BF.x	3	0.8%
BA.5.x	3	0.8%
Ostatní	9	2.3%

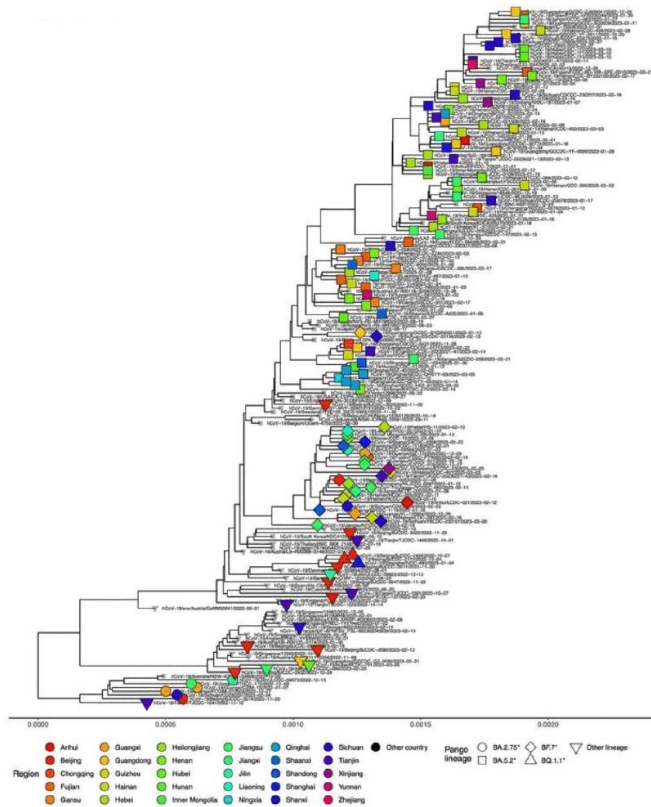
Tabulka 3: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.5.1.26	2	BQ.1.13.1	2
BA.5.5	1	BQ.1.14	1
BF.11.3	1	BQ.1.18	1
BF.14	2	BQ.1.2	1
BN.1	2	BQ.1.22	4
BN.1.1.1	10	BQ.1.5	3
BN.1.2	4	BR.2.1	1
BN.1.2.1	2	BR.3	1
BN.1.3	3	CH.1.1	10
BN.1.4	1	CH.1.1.1	3
BN.1.5	4	CH.1.1.2	2
BN.3.1	2	CJ.1	2
BQ.1	3	CK.1	23
BQ.1.1	20	CK.2.1	1
BQ.1.1.1	1	CM.8.1	3
BQ.1.1.18	1	DG.1	1
BQ.1.1.19	1	XBB.1	2
BQ.1.1.2	1	XBB.1.13	2
BQ.1.1.22	3	XBB.1.5	212
BQ.1.1.3	3	XBB.1.5.1	1
BQ.1.1.31	1	XBB.1.8	1
BQ.1.1.32	4	XBB.1.9	2
BQ.1.1.37	2	XBB.1.9.1	5
BQ.1.1.4	1	XBB.1.9.2	3
BQ.1.1.42	2	XBB.2	2
BQ.1.1.44	1	XBF	2
BQ.1.1.46	1	XBF.2	1
BQ.1.1.5	7	XBF.3	1
BQ.1.1.55	1		
BQ.1.10	4		
BQ.1.11	1		

Celkový počet 385

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

Sekvenační data z Číny naznačují prevalenci variant odvozených od BA.5.2 nebo BF.7 a BN.1.x, varianta XBB.1.5 se šíří pouze ve větších městech.



Representative phylogenetics of recent genome sequences from 30 regions across China (in global context) 2023-03-14

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



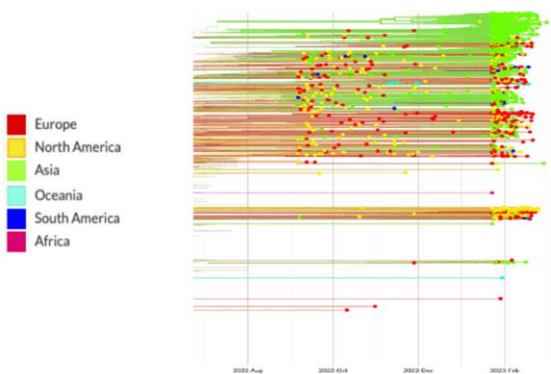
Globální sekvenační data ukazují postupné rozšíření a současnou dominanci varianty Kraken (XBB.1.5) a Hyperion (XBB 1.9.1). Pouze v Oceánii je zatím dominantní XBF a v Asii jen mírně převažuje varianta BN.1.2.

Showing 1,258 genomes collected between Sept 2022 and Mar 2023

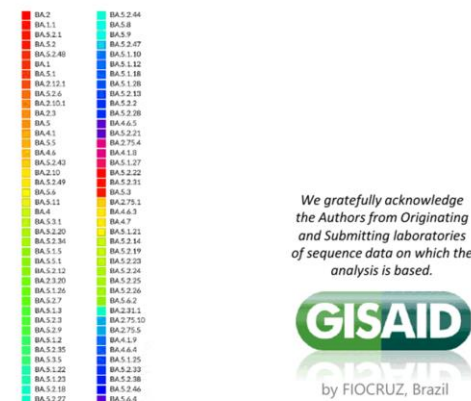
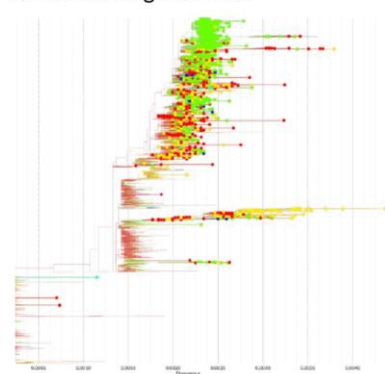
Omicron Phylodynamics 2023-03-14

Timecourse of Omicron variant sublineage distribution 2023-03-14

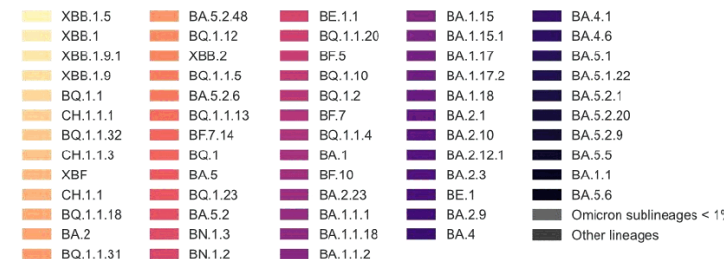
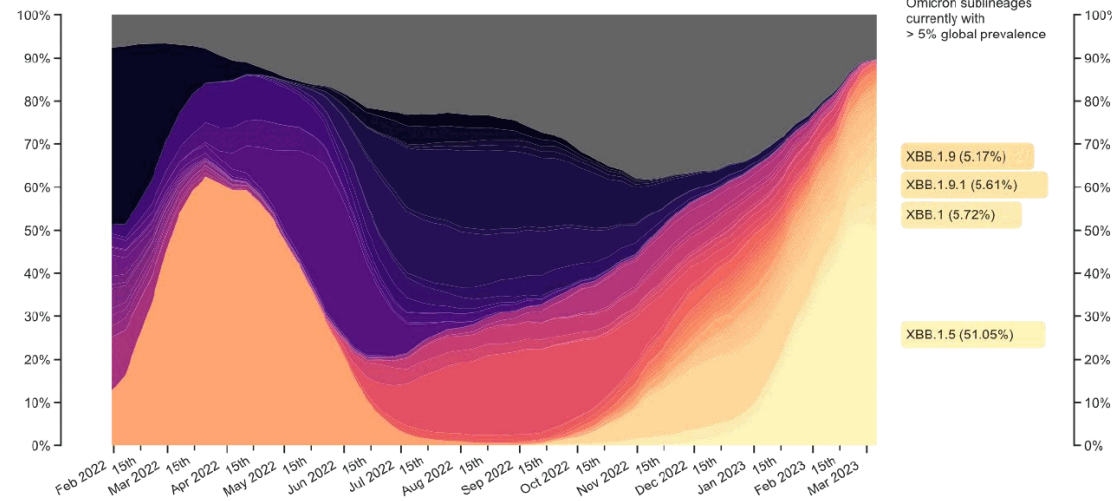
Time-resolved tree



Genetic divergence tree



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



Omicron sublineages currently with > 5% global prevalence

- XBB.1.9 (5.17%)
- XBB.1.9.1 (5.61%)
- XBB.1 (5.72%)
- XBB.1.5 (51.05%)

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



See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

by BII/GIS, A*STAR Singapore

Přehled aktuálně sledovaných variant SARS-CoV-2 ECDC/WHO

Pango alias	Social media	ECDC	WHO
BA.2	(See note)	Variant of Concern	
BA.2.3.20	Basilisk	Variant Under Monitoring	
BA.2.75	Centaurus	Variant of Interest	Subvariant Under Monitoring
BA.2.75.2	Chiron		
BA.2.75.6	Dictys		
BA.4	(See note)	Variant of Concern	
BA.4.1.9	Cetus		
BA.4.6	Aeterna		
BA.5	(See note)	Variant of Concern	
BA.5.1	Sphinx		
BA.5.2	Triton		
BA.5.2.48	Pallas		
BF.7	Minotaur	Variant Under Monitoring	Subvariant Under Monitoring
BF.7.14	Tarandos		
BF.11	Python		
BJ.1	Argus		
BM.1.1.1	Mimas		
BN.1	Hydra	Variant Under Monitoring	
BQ.1	Typhon	Variant of Interest	Subvariant Under Monitoring
BQ.1.1	Cerberus		
BR.2.1	Cerastes		
CH.1.1	Orthrus	Variant Under Monitoring	Subvariant Under Monitoring
XAY		Variant Under Monitoring	
XBB	Gryphon	Variant of Interest	Subvariant Under Monitoring
XBB.1	Hippogryph		
XBB.1.5	Kraken	Variant of Interest	Subvariant Under Monitoring
XBC		Variant Under Monitoring	
XBF	Bythos		Subvariant Under Monitoring

Note: There is support among variant trackers on social media for the BA.2, BA.4, and BA.5 lineages to be given Greek letters (Pi, Rho, and Sigma), consistent with ECDC designations as variants of concern.

V non-sentinelové surveillanci dominuje chřipka B a SARS-CoV-2; v menší míře se vyskytují RSV a rinoviry.

Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 11. KT 38 vzorků, nejčastěji byly detekovány viry chřipky B.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillace

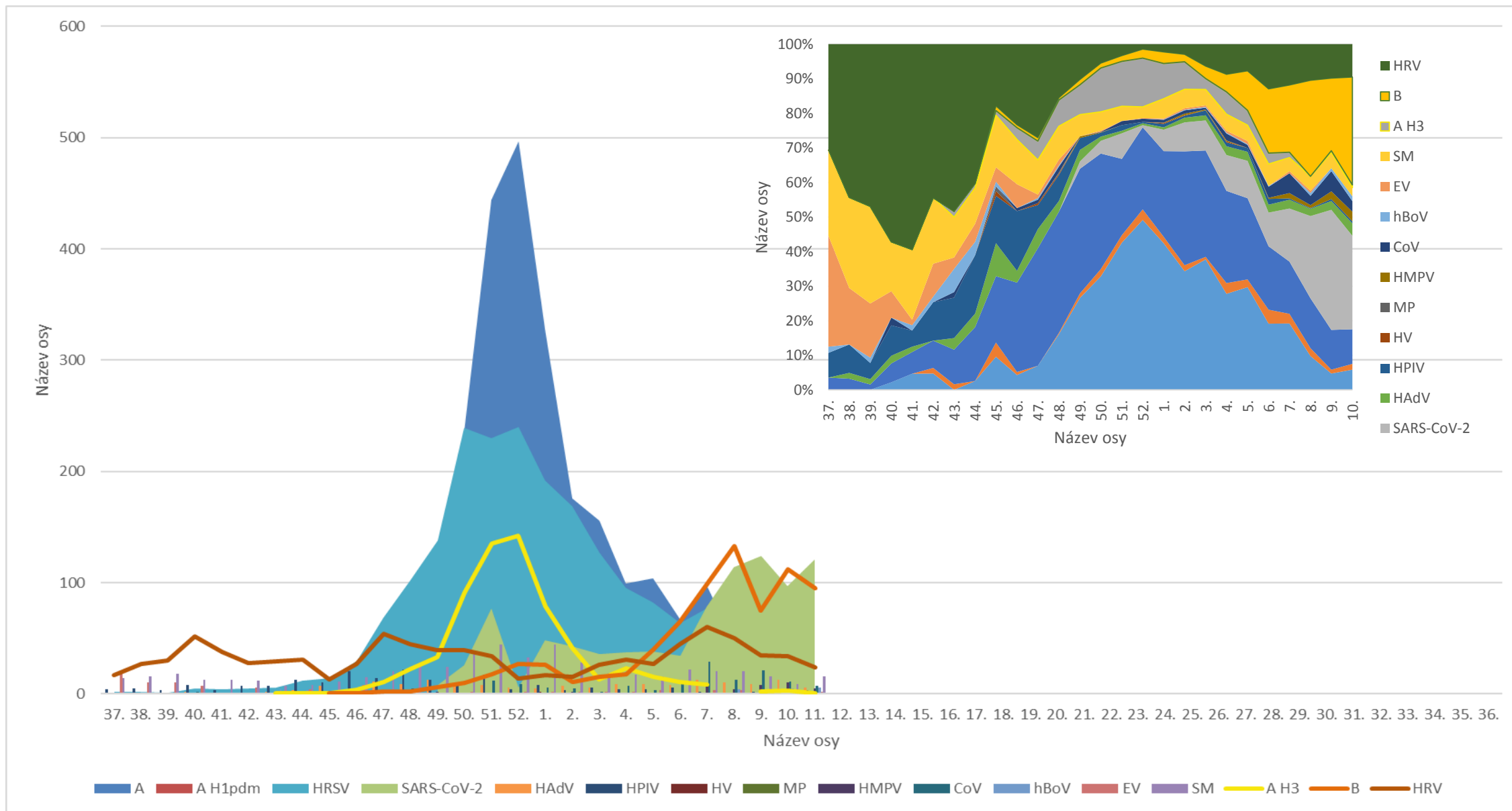
Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	17
Chřipka A H ₁ pdm	4
Chřipka A H ₃	1
Chřipka B	95
RSV	19
Adenovirus	6
Parainfluenza virus	3
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	5
Sezonní koronaviry	7
Lidský rhinovirus	24
Bocavirus	6
Enterovirus	2
SARS-COV-2**	121
Smíšená infekce	16
Negativní	859
Celkový počet vyšetření:	1185

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillace

Patogen*	Počet detekcí 10. KT	Počet detekcí 11. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	1	2
Chřipka A H ₃	2	0
Chřipka B	5	5
Lidský rhinovirus	6	0
Parainfluenza virus	0	0
RSV	0	0
Enterovirus	0	1
MPV	0	1
koronaviry	0	2
SARS-COV-2	2	0
Adenovirus	3	2
Smíšená infekce	4	2
Negativní	17	23
Celkový počet vyšetření:	42	38

- * 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 surveillace v ČR – situace k 11. KT



- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky se zvýšilo na 26 % (v předchozím týdnu 24 %).
- Francie, Maďarsko, Rumunsko a Slovinsko hlásily aktivitu sezónní chřipky nad 40% pozitivitu v sentinelové surveillanci.
- Za 10. KT bylo v rámci sentinelové surveillancie testováno 3 671 vzorků, z nichž 939 (26 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (28 % chřipka typu A; 72 % chřipka typu B).
- V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (93 %).
- Všechny 184 subtypizovaných izolátů chřipky B spadají do linie B/Victoria.

Kvalitativní indikátory

- **Intenzita:** ze 40 zemí hlásí 6 aktivitu chřipky na „baseline“ úrovni, 15 zemí hlásí nízkou intenzitu, 18 zemí hlásí střední intenzitu, 1 země hlásí vysokou intenzitu (Chorvatsko).
- **Zeměpisné rozšíření:** z 39 zemí, 7 zemí hlásí sporadický výskyt, 4 země hlásí lokální šíření, 7 zemí hlásí regionální šíření a 20 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 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.

Virologie chřipka a respirační viry

- V souladu s evropskými daty i v ČR převažuje nyní detekce viru chřipky B a SARS-CoV-2, dalším agens jsou RSV a rinoviry, stále se uplatňuje chřipka A a další respirační viry.
- Virus ptačí chřipky klády 2.3.4.4.b se dále globálně šíří, kromě některých druhů ptáků (terejové, rybáci, chaluhy) je významným úhynem poznamenána populace lachtanů na pobřeží Peru a Chile (celkem uhynulo více než 4 000 zvířat), UK potvrdila další 2 případy nákazy u delfínů a v zemích, kde probíhá surveillance jsou v oblastech, kde dochází k úhynu volně žijících ptáků zaznamenány úhyny masožravců, kteří se živí umírajícími ptáky či kadavery (např. medvědi, lišky, jezevci). Pandemický potenciál tohoto viru nelze přehlížet, otázkou je, zda nezvýšit ochranu a surveillance v chovech prasat.

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky v 11. kalendářním týdnu 2023 (k 16.3.2023)

V 11. kalendářním týdnu došlo k poklesu akutních respiračních infekcí (ARI) a chřipkových onemocnění (ILI) prakticky ve všech věkových skupinách.

U ARI došlo k poklesu celkové nemocnosti o 6,7 % a nemocnost je na úrovni 1347 na 100 000 obyvatel. Pokles nemocnosti se týká všech věkových skupin kromě dětí ve věku 0-5 let, kde došlo k mírnému nárůstu o 0,2 %. Nejvyšší nemocnost zůstává i nadále v Pardubickém kraji (2181 na 100 000 obyvatel), dále v Jihomoravském a Karlovarském kraji; nicméně oproti předchozímu týdnu došlo v 11 krajích ČR k poklesu nemocnosti ARI, naopak k nárůstu došlo v Královéhradeckém kraji (o 11,5 %), Jihočeském kraji (o 5,1 %) a Zlínském kraji (o 0,4 %).

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) došlo oproti předchozímu týdnu k poklesu celkové nemocnosti o 22,5 %. K poklesu relativní nemocnosti došlo ve všech věkových skupinách, od dětí po seniory. Stále se udržuje vysoká nemocnost u nejmenších dětí ve věku 0-5 let, u dětí ve věku 6-14 let a u populace ve věku 15-24 let.

Nejvyšší nemocnost ILI přetrvává v Jihomoravském, Pardubickém a Olomouckém kraji přesto, že v minulém týdnu došlo v Jihomoravském a Olomouckém kraji k poklesu nemocnosti o 30,6 %, respektive o 49,6 %. K nárůstu nemocnosti oproti minulému týdnu došlo ve Zlínském kraji (o 22,2 %), Karlovarském kraji (o 20 %) a Středočeském kraji (o 13,9 %).

V aktuální chřipkové sezoně bylo k 11. kalendářnímu týdnu roku 2023 hlášeno celkem 353 klinicky závažných případů chřipky vyžadujících intenzivní péči. Počet osob, u nichž došlo v souvislosti se závažným průběhem chřipky k úmrtí, zůstává stejný (114 případů úmrtí).

Ve většině krajů se stále vyskytují epidemická ohniska respiračních onemocnění. Nejvyšší nemocnost byla v 11. kalendářním týdnu v Jihomoravském a Pardubickém kraji, ale i zde již dochází k poklesu nemocnosti, podobně jako v ostatních krajích. Původcem jsou nejen viry chřipky, ale též virus SARS-CoV-2 a další respirační viry.

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