



# Zpráva NRL ke dni 27. 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 – 7

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 7 - 10

Závěr a odkazy

Strana 11 - 13

- V období od 18. 3. do 26. 3. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 44 hlášených testů diskriminační PCR ze 3 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 7. 3. do 26. 3. 2023 bylo provedeno celkem 15 514 testů, z toho 3 616 bylo pozitivních a dle hlášení ÚZIS byly provedené pouhé dvě diskriminační PCR (viz tab.3).

**Tabulka 1: Přehled zachycených mutací**

Varianta	Počet
BA.2 like (XBB, BN)	22
omikron	22
<b>Celkový součet</b>	<b>44</b>

**Tabulka 3: Přehled PCR dat ÚZIS**

7. 3. 2023 - 26. 3. 2023			
Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
52	51	18	1
269	269	68	1
<b>15514</b>	<b>15487</b>	<b>3616</b>	<b>2</b>

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoř	Počet
Poliklinika AGEL, Dopravní zdravotnictví a.s., Plzeň	7
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	18
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	19
<b>Celkový součet</b>	<b>44</b>

**Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací**

<b>A570D</b>	<b>E484K</b>	<b>L452R</b>	<b>N501Y</b>	<b>P681R</b>	<b>Y505H</b>
--------------	--------------	--------------	--------------	--------------	--------------

- K 27. 3. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 57 259 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 405 vzorků s datem odběru od 26. 1. 23 do 26. 3. 2023, přehled sekvenovaných variant udává tabulka 3.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu XBB.1.5, ostatní varianty se uplatňují v menší míře, přehled sledovaných variant uvádí tabulka 4. Nově se objevila varianta XBB.1.16, která se šíří v Indii a okolních zemích (viz obr. strana 4), její růstová výhoda ve srovnání s XBB.1.5 je přibližně 5 %. Typické mutace pro tuto novou variantu jsou S:486P, S:T478R, ORF9b:I5T

**Tabulka 4: Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období**

Varianta	Počet
XBB.x	267
BQ.x	65
CK.1	14
BN	22
CH.1x	9
BF.x	3
XBF	2
BA.5	6
Ostatní	17

Celkový počet 405

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

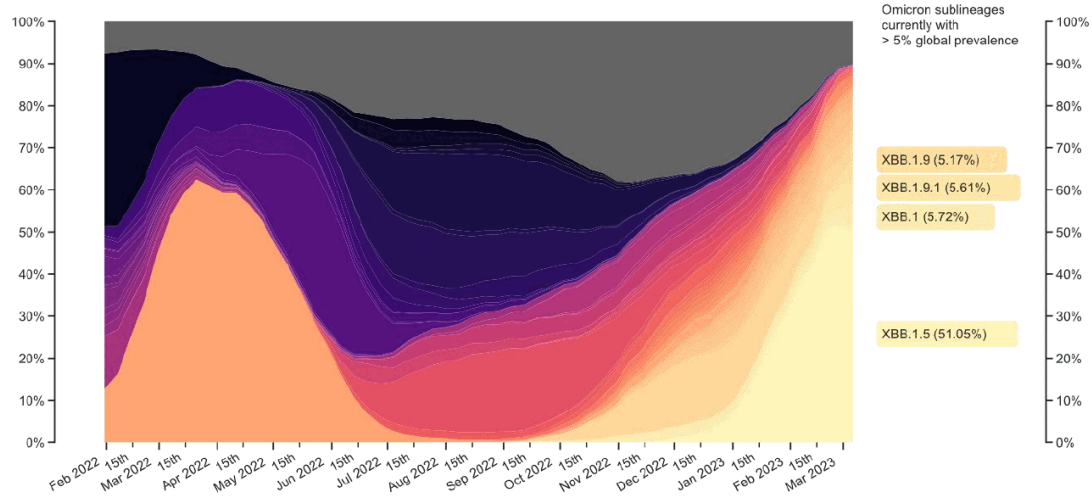
Varianta	Počet	Varianta	Počet
XBB.1.5	249	BA.5.5	1
BQ.1.1	21	BF.11.3	1
CK.1	14	BM.1.1.1	1
BQ.1.1.32	12	BM.2	1
XBB.1.9.1	9	BN.1.4	1
BQ.1.1.5	7	BN.1.9	1
BN.1.1.1	5	BQ.1.1.1	1
BN.1.2	4	BQ.1.1.18	1
BQ.1.10	4	BQ.1.1.19	1
CH.1.1.1	4	BQ.1.1.2	1
BA.5.2	3	BQ.1.1.3	1
BN.1.1	3	BQ.1.1.31	1
BQ.1.1.22	3	BQ.1.1.4	1
CM.8.1	3	BQ.1.12	1
CH.1.1.3	3	BQ.1.14	1
XBB.1	3	BQ.1.18	1
XBB.1.9	3	BQ.1.2	1
BA.5.1.26	2	BQ.1.5	1
BF.14	2	BR.2.1	1
BM.4.1.1	2	BR.3	1
BN.1.2.1	2	BU.1	1
BN.1.3	2	CK.2.1	1
BN.1.5	2	DU.1	1
BN.3.1	2	CH.1	1
BQ.1	2	CH.1.1	1
BQ.1.13.1	2	CH.1.1.4	1
BQ.1.22	2	XBB.1.8	1
CJ.1	2		
CH.1.1.2	2		
XBB.2	2		
XBF	2		

V evropském regionu WHO v týdnu 11/2023 bylo nahlášeno 330 882 nových potvrzených případů COVID-19 a 1 819 nových úmrtí.

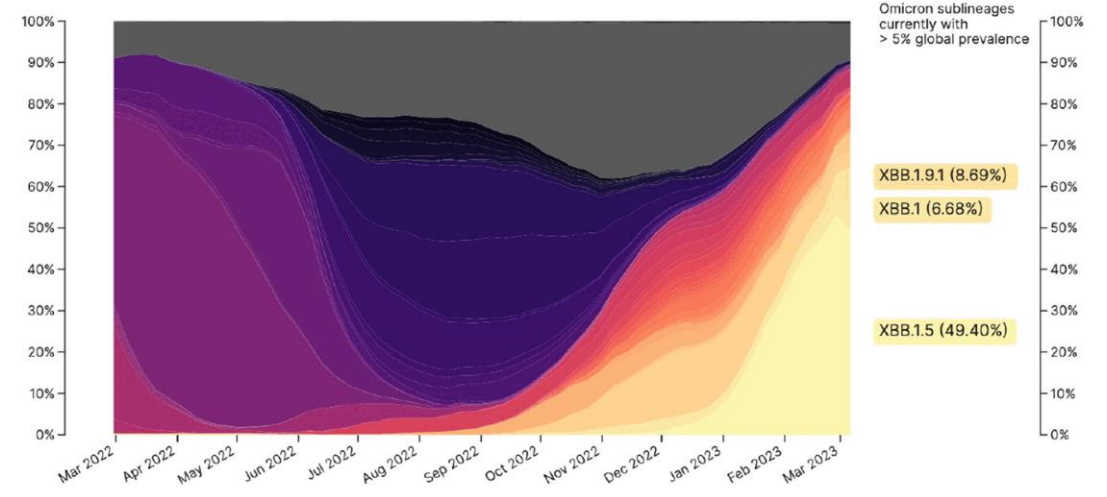
- v porovnání s předchozím týdnem došlo k poklesu o 8,8 % v počtu nových případů a poklesu o 28,9 % v počtu úmrtí ve srovnání s týdnem 10/2023.
- 31,7 % případů bylo nahlášeno u osob ve věku  $\geq 65$  let, 91,2 % smrtelných případů bylo nahlášeno u osob starších 65 let.
- Podíl detekovaných sledovaných variant činil:
  - BQ.1, 21,3 %
  - XBB.1.5, 14,9 %
  - BA.2.75, 11,3 %
  - XBB, 5,5 %
  - BA.4 a BA.5, 0,9 %
  - BA.2, 0,1
  - BA.3. 1 případ

Globální sekvenační data ukazují postupné rozšíření a současnou dominanci varianty Kraken (XBB.1.5) a Hyperion (XBB 1.9.1).

Timecourse of Omicron variant sublineage distribution  
2023-03-14



Timecourse of Omicron variant sublineage distribution  
2023-03-21



- |           |           |           |           |                          |
|-----------|-----------|-----------|-----------|--------------------------|
| XBB.1.5   | BA.5.2.48 | BE.1.1    | BA.1.15   | BA.4.1                   |
| XBB.1     | BQ.1.12   | BQ.1.1.20 | BA.1.15.1 | BA.4.6                   |
| XBB.1.9.1 | XBB.2     | BF.5      | BA.1.17   | BA.5.1                   |
| XBB.1.9   | BQ.1.1.5  | BQ.1.10   | BA.1.17.2 | BA.5.1.22                |
| BQ.1.1    | BA.5.2.6  | BQ.1.2    | BA.1.18   | BA.5.2.1                 |
| CH.1.1.1  | BQ.1.1.13 | BF.7      | BA.2.1    | BA.5.2.20                |
| BQ.1.1.32 | BF.7.14   | BQ.1.1.4  | BA.2.10   | BA.5.2.9                 |
| CH.1.1.3  | BQ.1      | BA.1      | BA.2.12.1 | BA.5.5                   |
| XBF       | BA.5      | BF.10     | BA.2.3    | BA.1.1                   |
| CH.1.1    | BQ.1.23   | BA.2.23   | BE.1      | BA.5.6                   |
| BQ.1.1.18 | BA.5.2    | BA.1.1.1  | BA.2.9    | Omicron sublineages < 1% |
| BA.2      | BN.1.3    | BA.1.1.18 | BA.4      | Other lineages           |
| BQ.1.1.31 | BN.1.2    | BA.1.1.2  |           |                          |

- |           |           |           |           |                          |
|-----------|-----------|-----------|-----------|--------------------------|
| XBB.1.5   | CH.1.1    | BQ.1.23   | BA.2.1    | BA.5.2                   |
| XBB.1     | BN.1.3    | CH.1.1.3  | BA.2.10   | BA.5.2.1                 |
| XBB.1.9.1 | BQ.1.1.32 | BN.1.2    | BA.2.12.1 | BA.5.2.20                |
| BA.2.10.1 | BQ.1.1.13 | BF.7.14   | BA.2.23   | BA.5.2.48                |
| BQ.1.1    | XBF       | BA.1      | BA.2.3    | BA.5.2.6                 |
| XBB.1.9   | BQ.1.2    | BA.1.1    | BA.2.9    | BA.5.2.9                 |
| BR.2.1    | BQ.1.1.5  | BA.4.1    | BA.4      | BA.5.5                   |
| BQ.1.25   | BQ.1.1.4  | BA.1.1.1  | BA.4.6    | BA.5.6                   |
| BF.7      | BQ.1.10   | BA.1.1.2  | BE.1      | BE.1                     |
| XBB.2     | BQ.1.1.18 | BA.1.15   | BA.5      | BF.10                    |
| CL.1      | BQ.1.12   | BA.1.17.2 | BA.5.1    | Omicron sublineages < 1% |
| BN.3.1    | BF.5      | BA.2      | BA.5.1.22 | Other lineages           |
| CH.1.1.1  | BQ.1      |           |           |                          |

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



by BII/GIS, A\*STAR Singapore

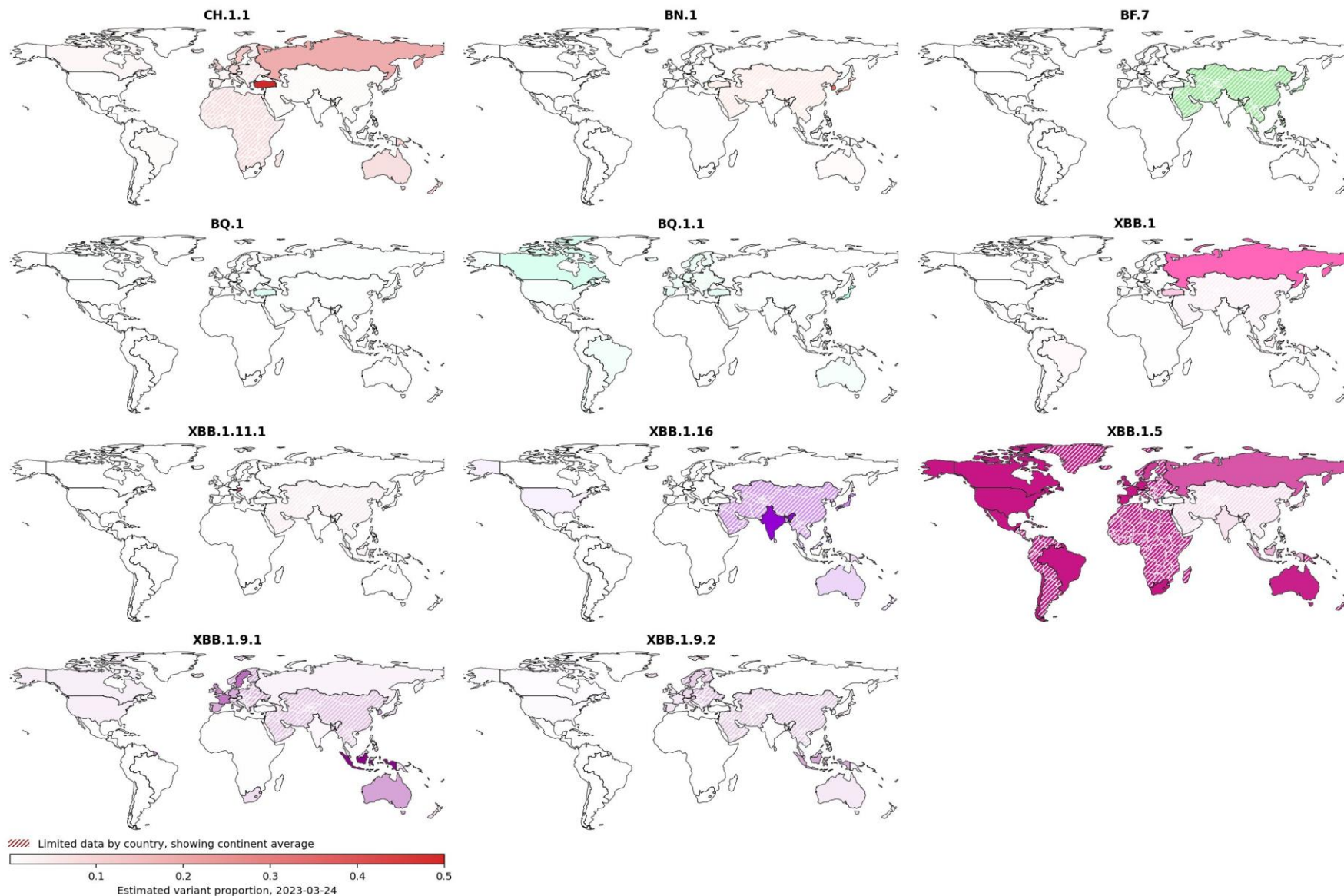
We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



by BII/GIS, A\*STAR Singapore

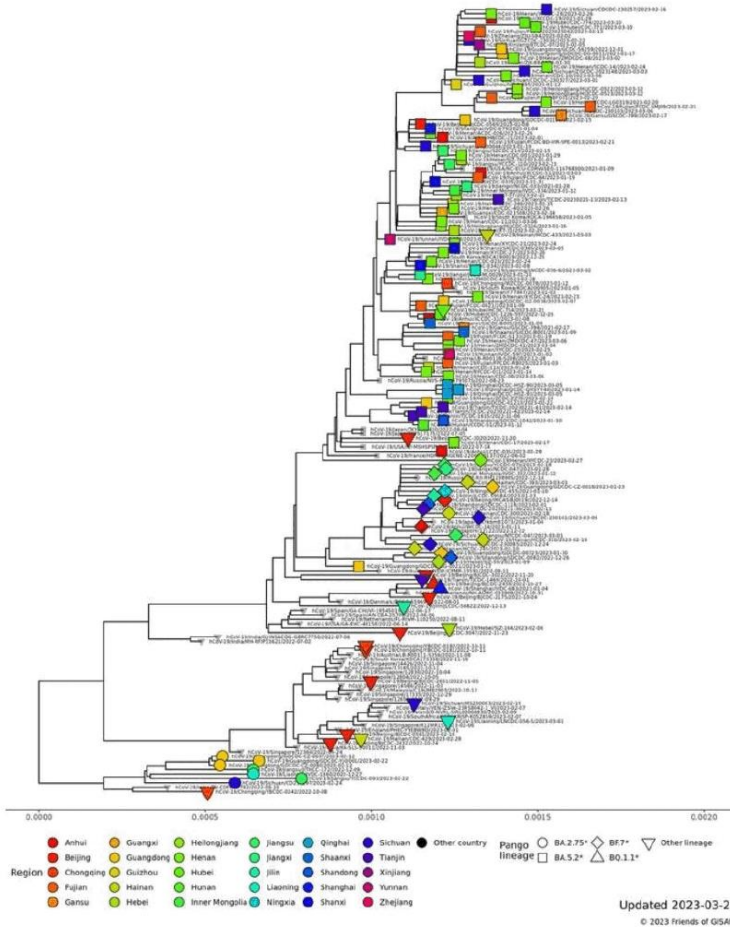
See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

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



Sekvenační data z Číny postupně kopírují globální situaci a nevykazují významné odchylky.

Representative phylogenetics of recent genome sequences from 30 regions across China (in global context) 2023-03-21



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



V non-sentinelové surveillanci nelze hovořit o dominanci, ale spektrum detekovaných agens se oproti epidemickým vlnám RSV a chřipky rozšířilo. Do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 12. KT 45 vzorků.

**Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillace**

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	14
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	3
Chřipka A H <sub>3</sub>	0
Chřipka B	81
RSV	13
Adenovirus	13
Parainfluenza virus	1
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	6
Sezonní koronaviry	4
Lidský rhinovirus	14
Bocavirus	5
Enterovirus	2
SARS-COV-2**	59
Smíšená infekce	6
Negativní	540
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>759</b>

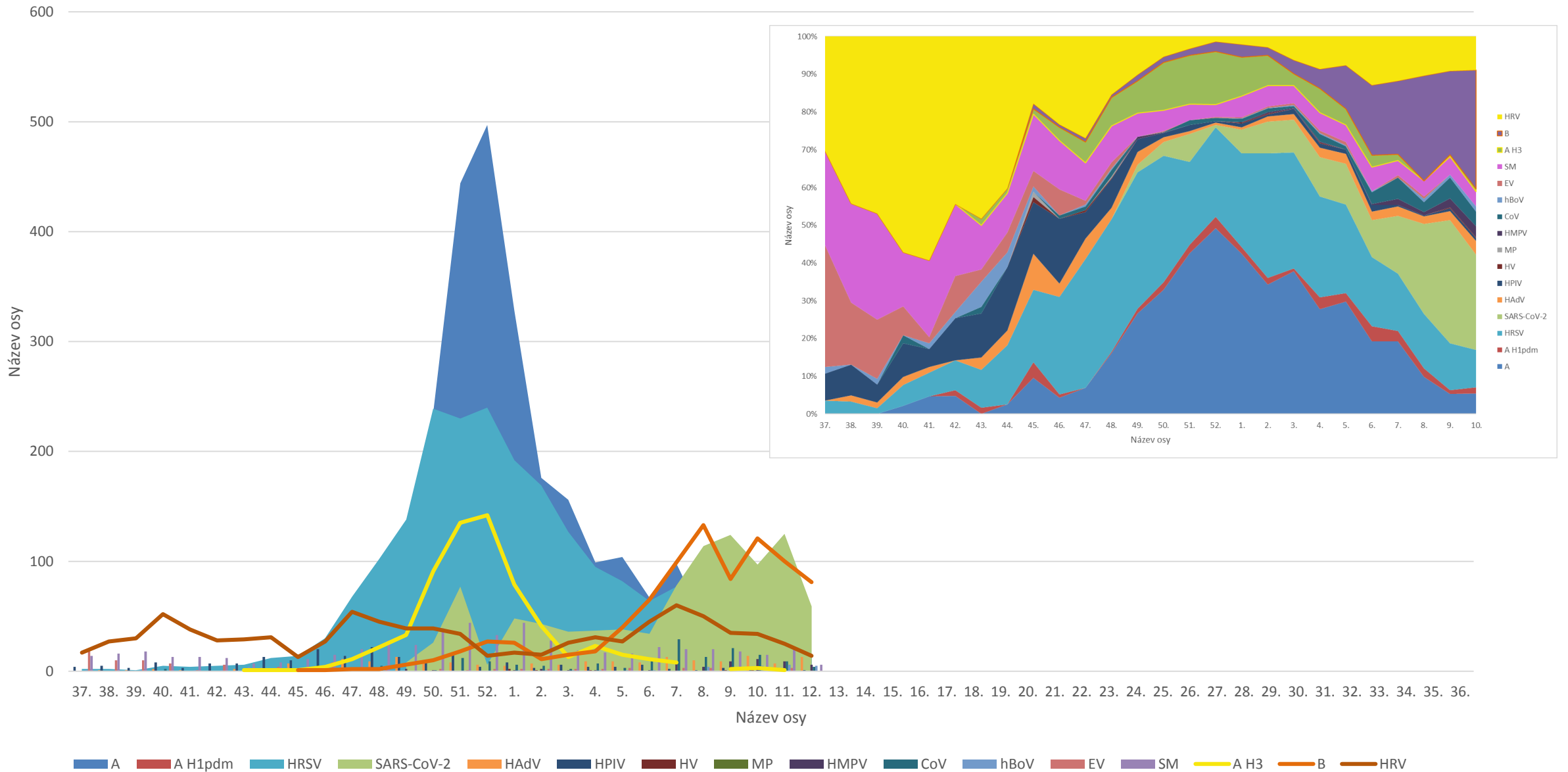
**Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillace**

Patogen*	Počet detekcí 11. KT	Počet detekcí 12. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	2	1
Chřipka A H <sub>3</sub>	0	0
Chřipka B	8	4
Lidský rhinovirus	1	5
Parainfluenza virus	0	1
RSV	1	0
Enterovirus	2	1
MPV	3	3
koronaviry	2	2
SARS-COV-2	4	2
Adenovirus	2	2
BOCA-V	0	1
Smíšená infekce	2	3
Negativní	11	21
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>38</b>	<b>45</b>

- \* V tabulce 7 jsou uvedeny pozitivní respirační viry, nikoli celý vyšetřovaný panel.
- Do vyšetření SARS-CoV-2 \*\* jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2



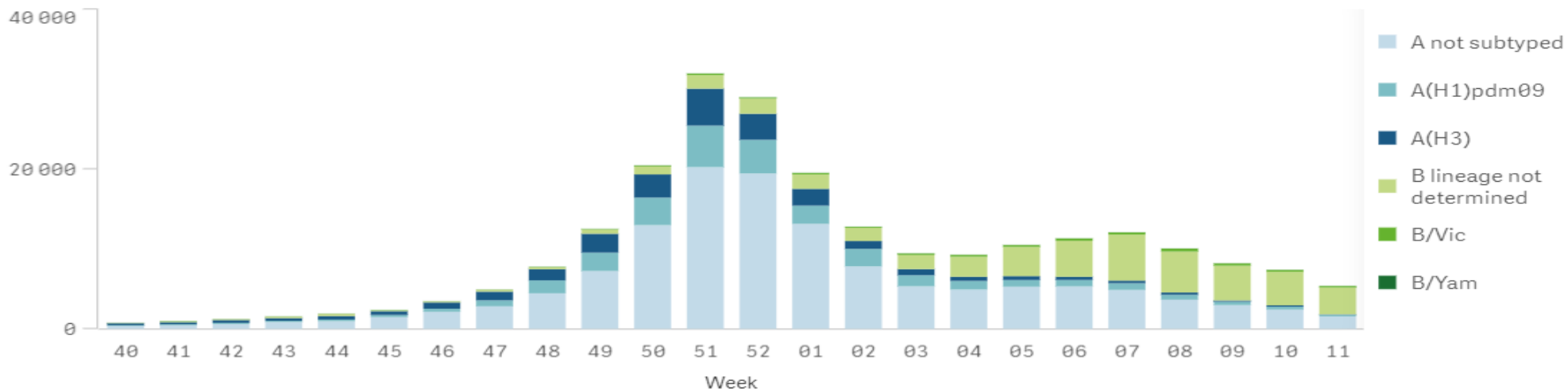
# Graf 1: ARI/ILI – virologická surveillace v ČR – situace k 12. KT



## Chřipka – situace v Evropě (WHO evropský region) k 11. KT

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, je stejné jako v předchozím týdnu, tedy 25 % a zůstává nad epidemickým prahem (10 %).
  - 16 z 37 zemí hlásí střední intenzitu a 18 z 36 zemí hlásí celoplošné šíření (pouze Maďarsko a Nizozemsko uvádí aktivitu nad 40 %), což naznačuje přetrvávající cirkulaci sezónních virů chřipky v celém regionu.
  - V sentinelové i nesentinelové surveillance převažuje chřipka typu B.
  - V rámci SARI surveillance hlásí 4 země míru positivity viru chřipky nad 10 %.
  - Za 11. KT bylo v rámci sentinelové surveillance testováno 3 470 vzorků, z nichž 857 (25 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (22 % chřipka typu A; 78 % chřipka typu B).
  - V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A (celkem 134) převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (93 %).
  - Všech 164 subtypizovaných izolátů chřipky B spadají do linie B/Victoria.
- zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

Influenza virus detections by type, subtype/lineage and week - WHO Europe, season 2022/2023



## 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. Nově se objevuje subvarianta XBB.1.16.
- 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, pozorujeme významný pokles detekcí RSV a rinovirů, v malé míře se stále uplatňuje chřipka A (H1pdm) a postupně se rozšiřuje spektrum cirkulujících respiračních virů.
- Virus ptačí chřipky klády 2.3.4.4.b se dále globálně šíří, byla hlášena ohniska ze Senegalu. U savců dochází k neurologickým projevům onemocnění a virus je detekován v nervové tkáni. Pandemický potenciál tohoto viru nelze přehlížet.

## **Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky ve 12. kalendářním týdnu 2023 (27.3.2023)**

Ve 12. kalendářním týdnu došlo k poklesu akutních respiračních infekcí (ARI) a chřipkových onemocnění (ILI) ve většině věkových skupin.

U ARI došlo k poklesu celkové nemocnosti o 4,5 % a celková nemocnost je na úrovni 1286 na 100 000 obyvatel. Pokles nemocnosti se týká všech věkových skupin kromě dětí ve věku 6-14 let, kde došlo k mírnému nárůstu o 2,8 %. I v krajích s dosud nejvyšší nemocností (Jihomoravský a Pardubický kraj) počty nemocných klesají a v žádném z regionů již nemocnost nepřevyšuje 1 700/100 000.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) došlo oproti předchozímu týdnu k poklesu celkové nemocnosti o 14,5 %. K poklesu relativní nemocnosti došlo téměř ve všech věkových skupinách kromě osob v kategorii 65+ let.

V ČR se i nadále vyskytují lokální až regionální epidemická ohniska respiračních onemocnění. Nejvyšší nemocnost byla v 12. kalendářním týdnu v Jihomoravském a Pardubickém kraji, ale i zde již dochází k poklesu nemocnosti. Původcem respiračních nemocí jsou nejen viry chřipky (především chřipka typu B), 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