



Zpráva NRL ke dni 17. 4. 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 a ptačí chřipky	Strana 7 - 11
Závěr a odkazy	Strana 12 - 13

- V období od 9. 4. do 16. 4. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 18 hlášených testů diskriminační PCR ze 2 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle diskriminačních PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 28. 3. do 16. 4. 2023 bylo provedeno celkem 11 281 testů, z toho 1 415 bylo pozitivních a dle hlášení ÚZIS byly provedené pouhé dvě diskriminační PCR (viz tab.3).

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
BQ.x/CH.x	1
NA	1
Omicron	9
XBB.x	7
Celkový součet	18

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	8
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	10
Celkový součet	18

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
11281	11212	1415	2

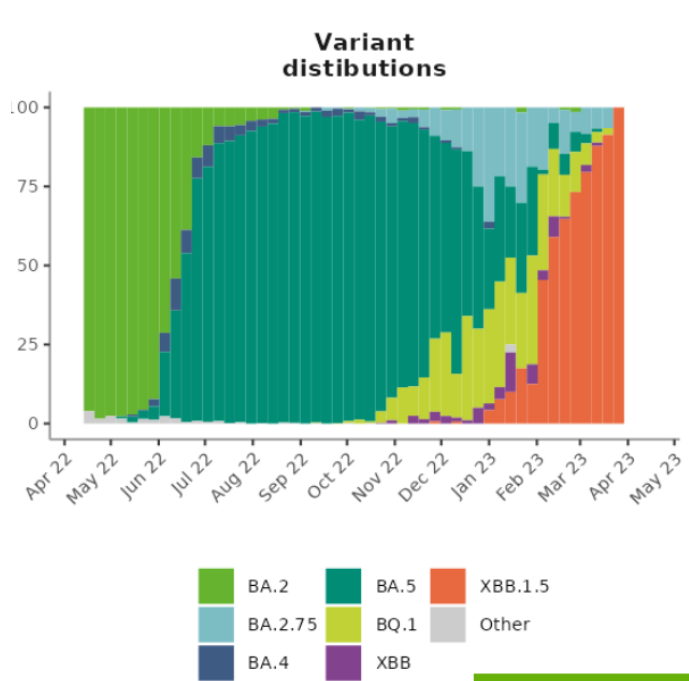
Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací

A570D	E484K	L452R	N501Y	Y505H
-------	-------	-------	-------	-------

- K 16. 4. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 57 543 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 465 vzorků s datem odběru od 16. 2. 23 do 16. 4. 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. Nově je monitorována varianta XBB.1.16, která se objevila v Indii, 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 a graf (ECDC): Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období

Varianta	Počet
XBB.1.5.x	346
BQ.x	35
CH.1.x	16
BN	14
XBB.1.9.x	11
CK.x	10
XBB.x	8
BF.x	6
XBF	3
BA.5	3
Ostatní	13



Celkový počet 465

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	Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.5.1.26	2	BQ.1.22	3	XBB.1.5.38	3
BA.5.5	1	BQ.1.31	2	XBB.1.9.1	11
BE.9	1	BQ.1.5	1	XBF.2	1
BF.11.3	1	BR.2.1	2	XBF.3	1
BF.14	1	CH.1.1	10	XBF.7	1
BF.7.19	1	CH.1.1.1	3		
BN.1	1	CH.1.1.11	2		
BN.1.1.1	3	CH.1.1.2	1		
BN.1.2.1	1	CK.1	9		
BN.1.2.3	1	CK.2.1	1		
BN.1.3	1	CM.8.1	2		
BN.1.4	1	CR.1.1	1		
BN.1.4.3	1	EG.1	6		
BN.1.5	3	EL.1	1		
BN.3	1	EN.1	1		
BN.3.1	1	EU.1.1	1		
BQ.1.1	10	FG.3	1		
BQ.1.1.18	1	XBB.1	5		
BQ.1.1.19	1	XBB.1.13	2		
BQ.1.1.2	1	XBB.1.28	1		
BQ.1.1.3	2	XBB.1.5	96		
BQ.1.1.32	3	XBB.1.5.1	7		
BQ.1.1.37	1	XBB.1.5.12	224		
BQ.1.1.4	1	XBB.1.5.13	3		
BQ.1.1.45	1	XBB.1.5.15	1		
BQ.1.1.53	1	XBB.1.5.16	2		
BQ.1.1.55	1	XBB.1.5.17	1		
BQ.1.10	1	XBB.1.5.19	3		
BQ.1.13.1	3	XBB.1.5.21	1		
BQ.1.14	1	XBB.1.5.24	3		
BQ.1.2.1	1	XBB.1.5.31	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.

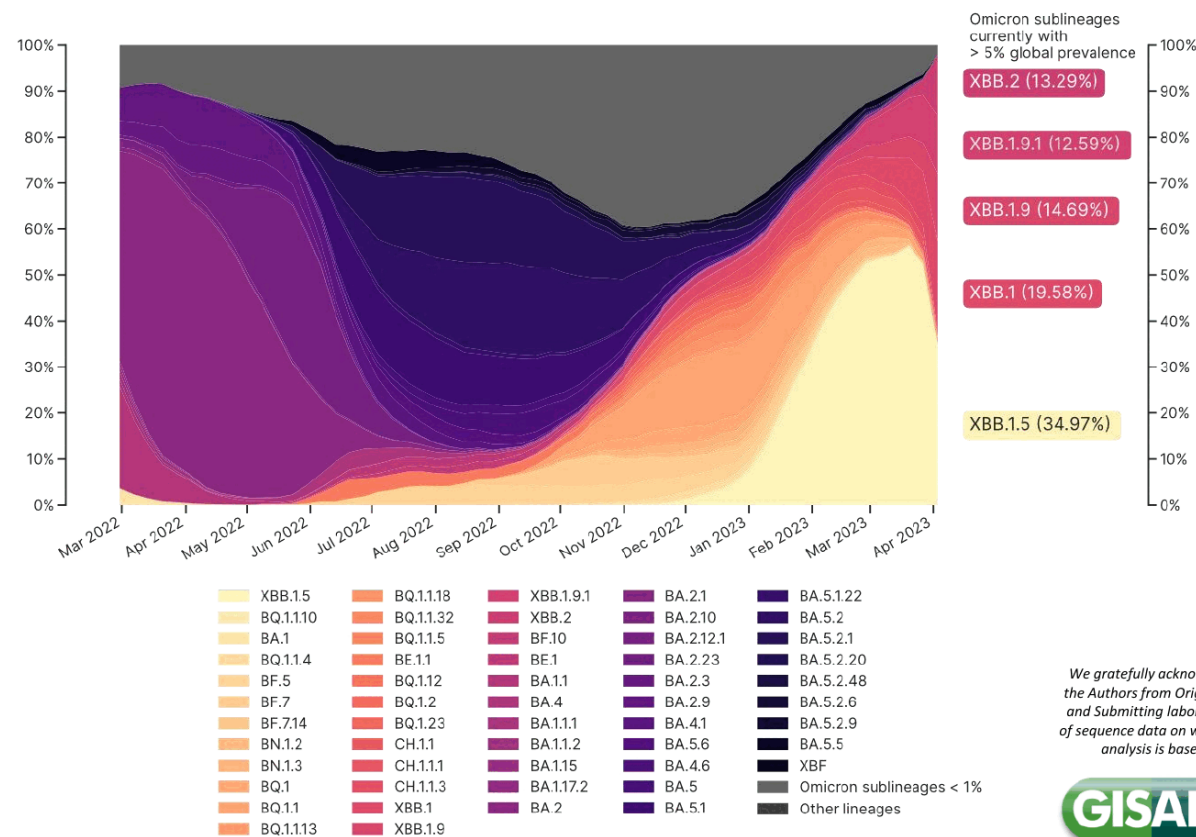
- 31,7 % případů bylo nahlášeno u osob ve věku ≥ 65 let
- 91,2 % smrtelných případů bylo nahlášeno u osob starších 65 let

• 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

Přestože se varianta XBB.1.16 poměrně rychle šíří v některých regionech, neuplatňuje se zatím dominantně v globálních datech. GISAID zatím neaktualizoval výpočet pro XBB.1.16, což může tato data ovlivnit.

Timecourse of Omicron variant sublineage distribution
2023-04-11



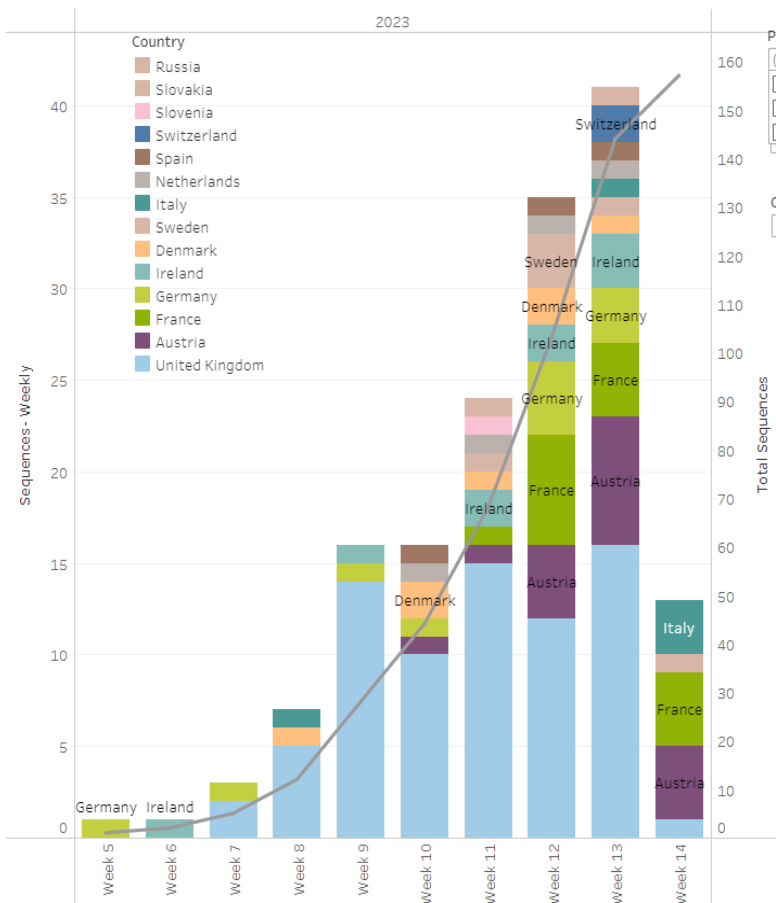
We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



by BII/GIS, A*STAR Singapore

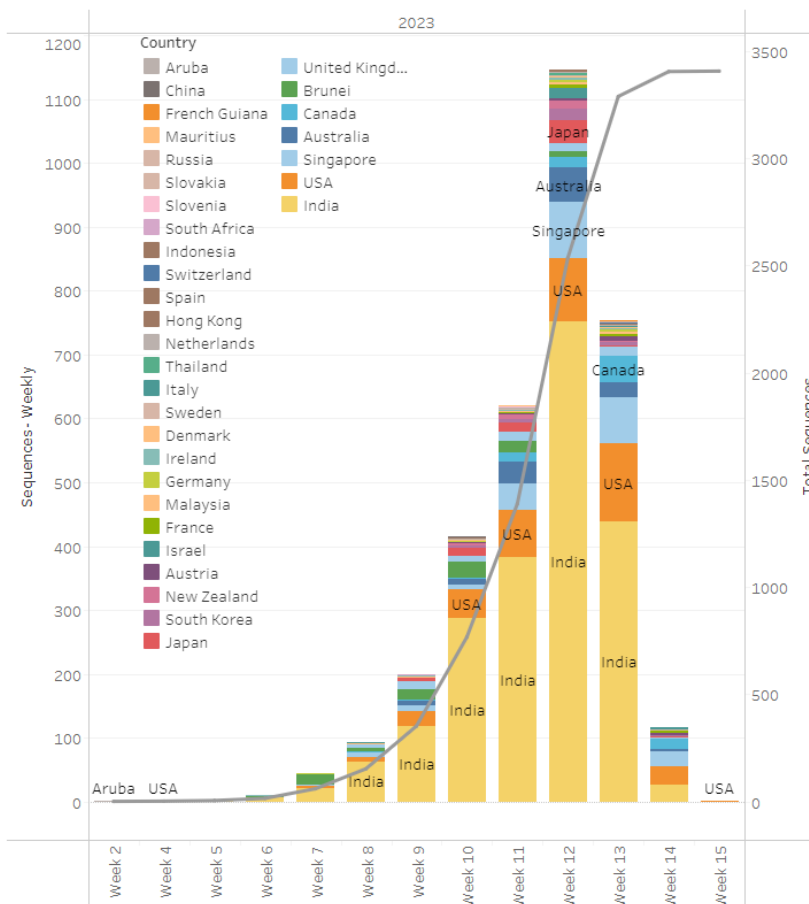
Přehled rozšíření aktuálně monitorované varianty XBB.1.16 (Arcturus)

Tracking SARS-CoV2 Lineage XBB.1.16* over time (Nickname: [Arcturus](#))

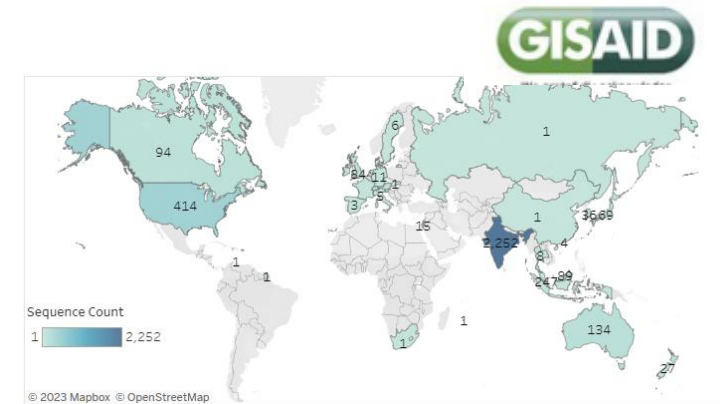


Tracking XBB.1.16* Lineages with signature mutations: Spike: E180V, K478R, S486P ORF9b: I5T; XBB.1.16.1: Spike: T547I | Source: GISAID updated 4/16/2023 4:44:22 AM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates | Note: Week 1 peak = Sequences with date errors (ie., only year available)

Tracking SARS-CoV2 Lineage XBB.1.16* over time (Nickname: [Arcturus](#))



Tracking XBB.1.16* Lineages with signature mutations: Spike: E180V, K478R, S486P ORF9b: I5T; XBB.1.16.1: Spike: T547I | Source: GISAID updated 4/16/2023 4:44:22 AM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates | Note: Week 1 peak = Sequences with date errors (ie., only year available)



Nově monitorovaná varianta XBB.1.16, označena jako Arcturus (viz zprávy ze dne 3.4. a 11.4. 2023), se nadále šíří, kromě domovské Indie především v USA, Singapuru a v evropských zemích hlásí nejvyšší počet Velká Británie, Francie, Rakousko a Německo, v ČR zatím nebyla potvrzena. Varianta je charakterizována následujícími mutacemi: spike: E180V, K478R, S486P ORF9b: I5T; nově vyštěpená subvarianta XBB.1.16.1 nese navíc ve spike substituci T547I.

S touto variantou není spojován těžší průběh onemocnění, byť Indie hlásí zvýšený počet úmrtí, za mimořádný klinický projev lze považovat svědivý zánět spojivek. To může v dětských kolektivech usnadnit přenos infekce. Stejně jako všechny předchozí varianty je rezistentní vůči všem dostupným léčebným monoklonálním protilátkám vyjma preparátu Sotrovimab, kde první výsledky naznačují pouze sníženou účinnost (předběžná informace Division of Systems Virology, Institute of Medical Science, University of Tokyo, Japan).

Globální sekvenační data – Čína 17.4.2023

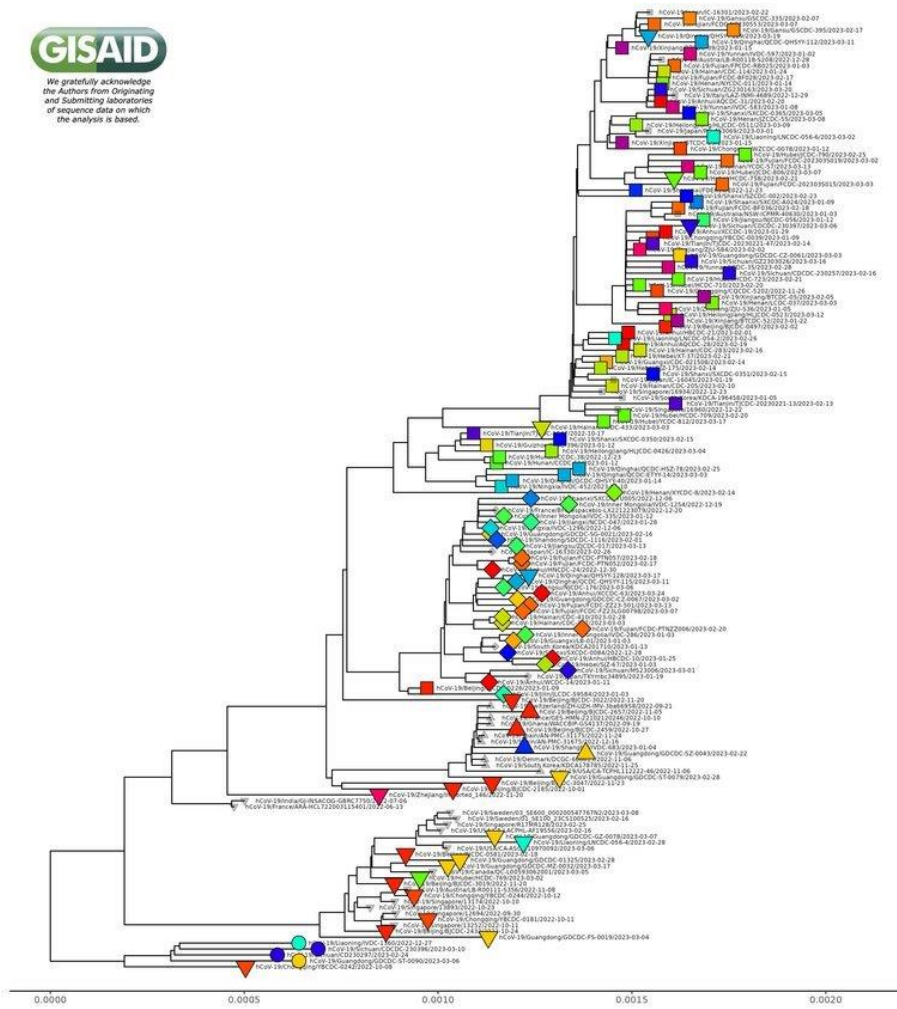
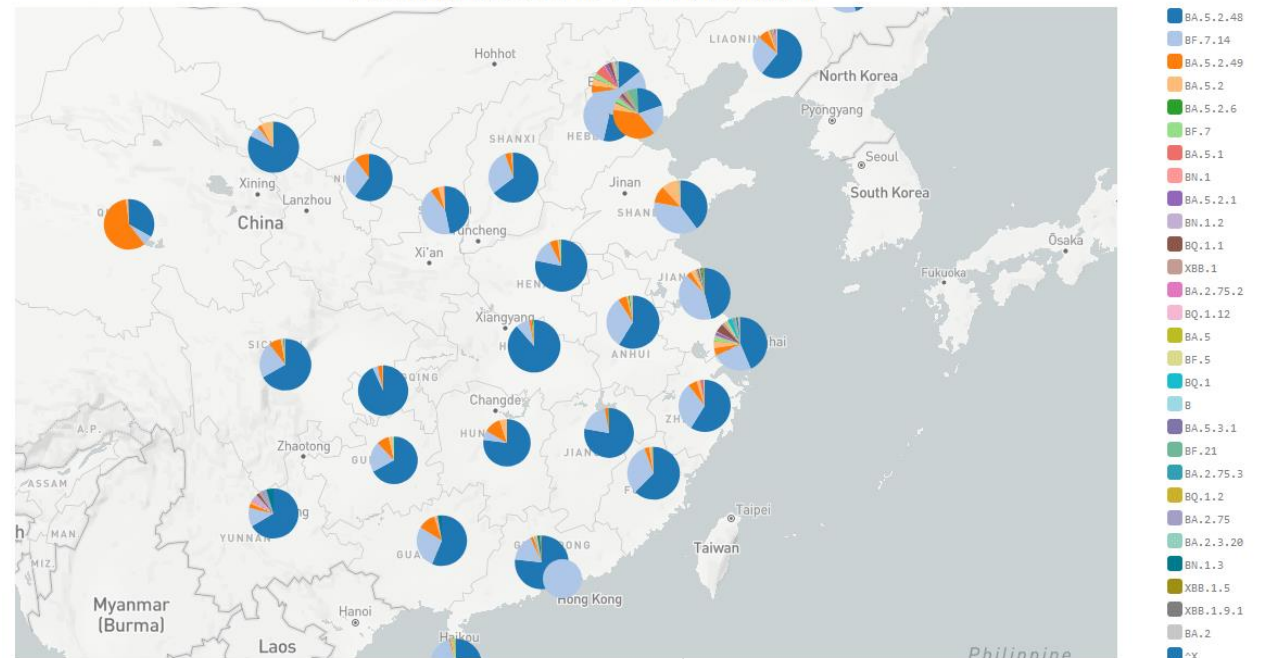
Sekvenační data z Číny potvrzují šíření linií BA.5.2.x a BF.7.x, nové globálně se šířící varianty BQ.1.1, XBB.1.5 a XBB.1.16 se do země zatím nedostaly.



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

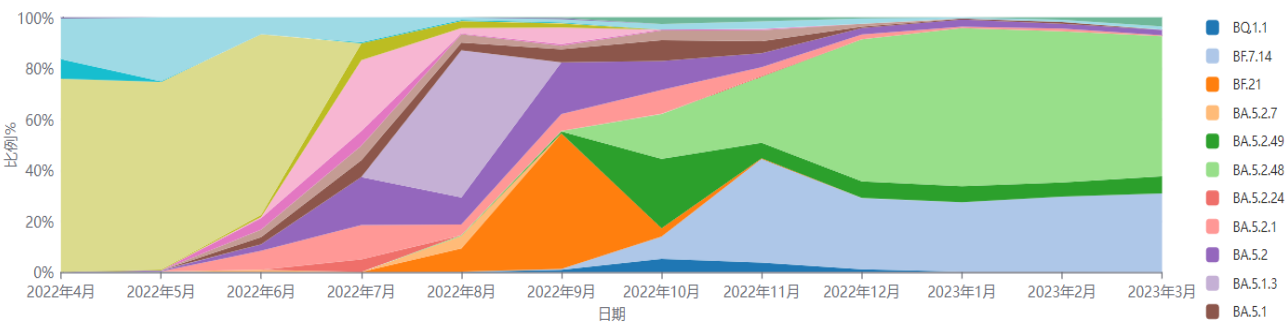
基于从2022年10月1日采集的数据。百分比小于0.1%的谱系已被合并到其父系并计入父系。图表的数据更新于2023-04-17 08:30。

2019人类冠状病毒谱系分布地图 - 全国 (不含港澳台)



Legend for the phylogenetic tree:

- Region: Anhui, Beijing, Chongqing, Fujian, Gansu, Guangxi, Guangdong, Guizhou, Hainan, Hebei, Heilongjiang, Henan, Hubei, Hunan, Inner Mongolia, Jiangsu, Jiangxi, Jilin, Liaoning, Ningxia, Qinghai, Shaanxi, Shanghai, Shanxi, Sichuan, Tianjin, Xinjiang, Yunnan, Zhejiang, Other country
- Pango lineage: BA.2.75*, BF.7*, BQ.1.1*, BA.5.2*



V non-sentinelové surveillanci nelze hovořit o dominanci, do NRL bylo zasláno v rámci sentinelové surveillance v 15. KT pouze 30 vzorků. V non sentinelové surveillanci převažuje detekce viru chřipky typu B, rhinovirů a SARS-CoV-2. Počet vyšetření i počet pozitivních detekcí klesá.

Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillace

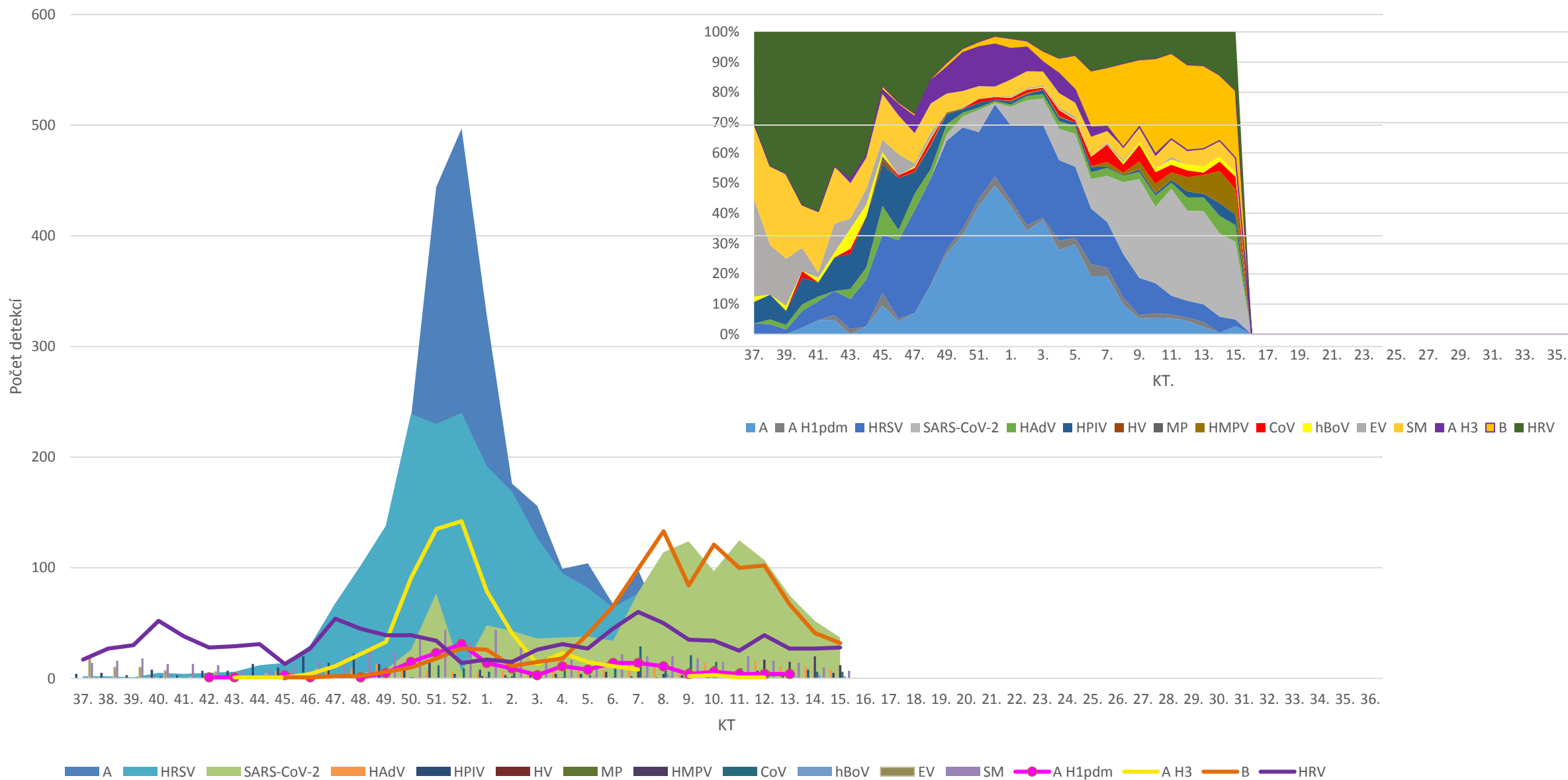
Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	4
Chřipka A H ₁ pdm	0
Chřipka A H ₃	0
Chřipka B	32
RSV	3
Adenovirus	8
Parainfluenza virus	5
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	12
Sezonní koronaviry	6
Lidský rhinovirus	28
Bocavirus	2
Enterovirus	0
SARS-COV-2**	37
Smíšená infekce	7
Negativní	503
Celkový počet vyšetření:	647

Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillace

Patogen*	Počet detekcí 14. KT	Počet detekcí 15. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	0	0
Chřipka A H ₃	0	0
Chřipka B	4	1
Lidský rhinovirus	4	1
Parainfluenza virus	2	0
RSV	0	0
Enterovirus	0	0
MPV	2	0
koronaviry	2	1
SARS-COV-2	3	2
Adenovirus	2	0
BOCA-V	0	0
Smíšená infekce	2	0
Negativní	9	22
Celkový počet vyšetření:	30	30

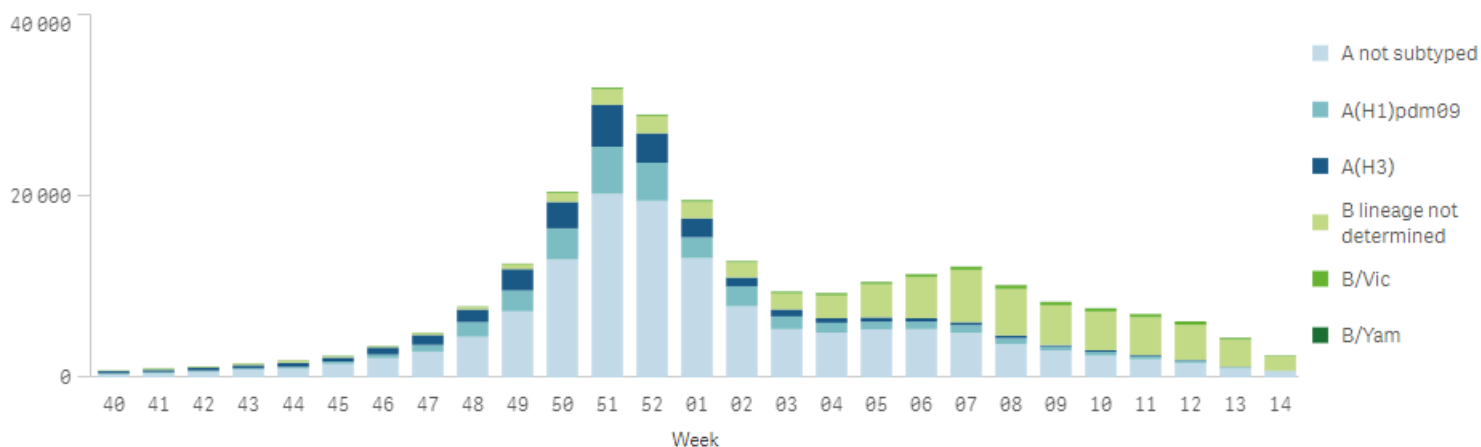
- * V tabulce 7 jsou uvedeny pozitivní respirační viry, nikoli celý vyšetřovaný panel.
- Do vyšetření SARS-CoV-2 ** jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2

Graf 1: ARI/ILI – virologická surveillace v ČR – situace k 15. KT



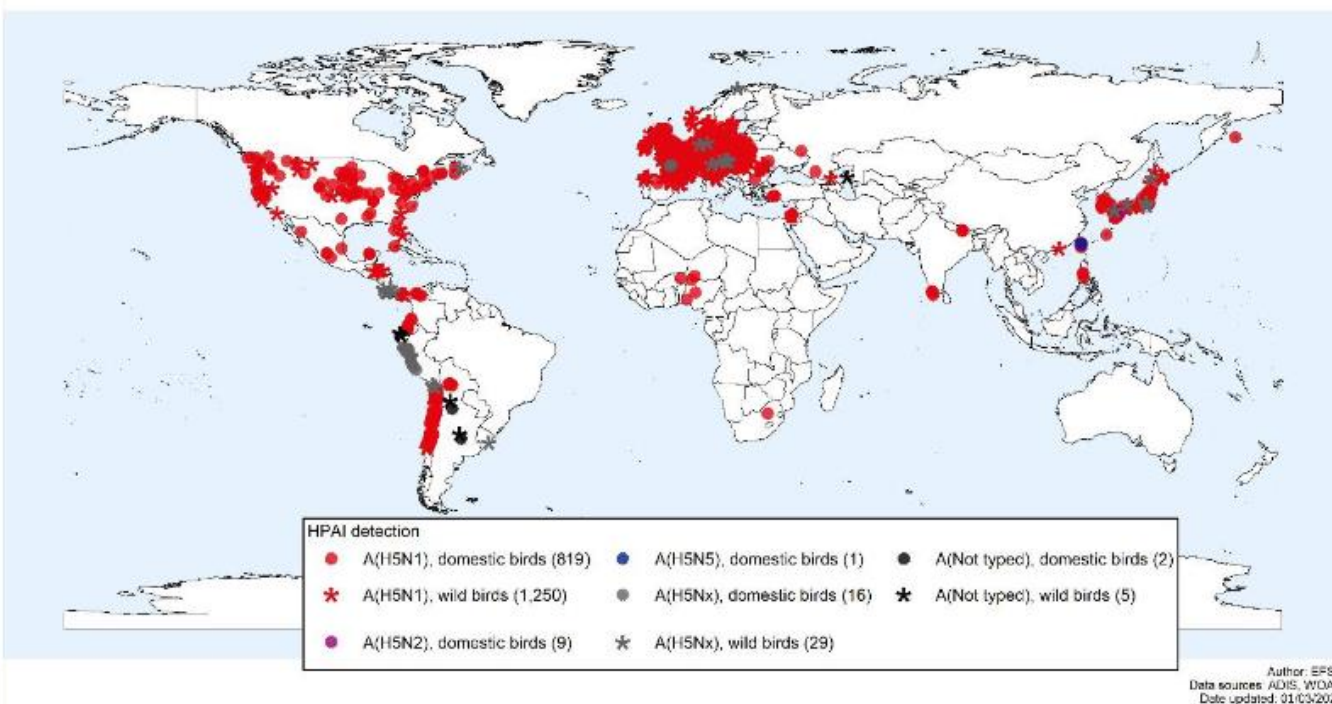
- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, se snížil na 15 % ze 16 % v předchozím týdnu a zůstává nad epidemickým prahem (10 %).
 - 11 z 42 zemí hlásí střední intenzitu a 16 z 41 zemí hlásí celoplošné šíření (pouze Estonsko a Slovensko uvádí aktivitu nad 40 %), což naznačuje přetrvávající cirkulaci sezónních virů chřipky v celém regionu.
 - V sentinelové i nesentinelové surveillanci převažuje chřipka typu B.
 - V rámci SARI surveillanci hlásí 4 země míru positivity viru chřipky nad 10 %.
 - Za 14. KT bylo v rámci sentinelové surveillanci testováno 2 118 vzorků, z nichž 328 (15 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (17 % chřipka typu A; 83 % chřipka typu B).
 - V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A (celkem 14) převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (93 %).
 - Všech 53 subtypizovaných izolátů chřipky B spadá 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



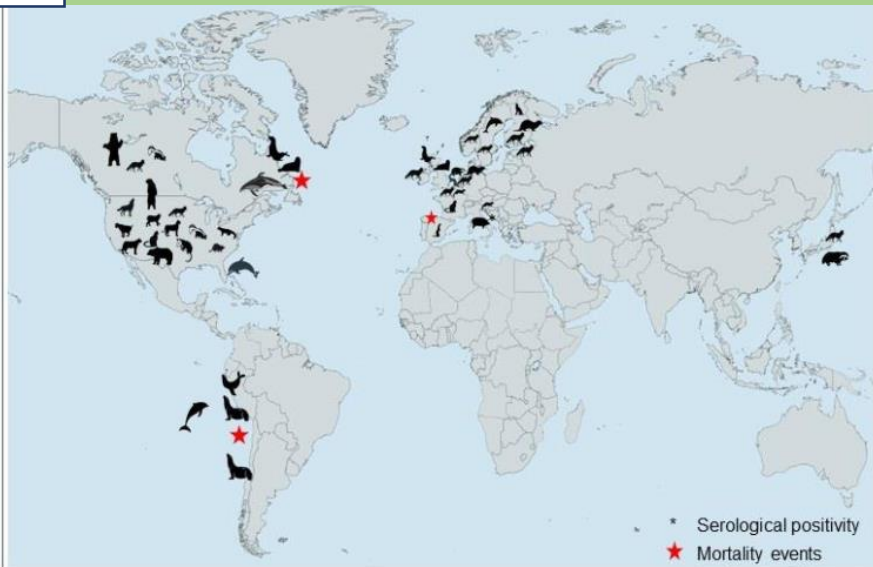
V souvislosti s globálním šířením a s rozšiřujícím se spektrem savců, u kterých byla pozorována nákaza, dochází i ke změnám v genomu viru, které naznačují větší schopnost adaptace právě na savce, včetně člověka. Nejčastěji jsou nakaženy malé masožravé šelmy, v této souvislosti může dojít i k nákaze psů a koček.

V minulém týdnu proběhla v médiích zpráva o fatálním případě infekce H3N8 v Číně. Jedná se o ojedinělý případ, který není v současnosti spojen s globálním rizikem. Subtyp H3N8 jiného genotypu je znám u koní, kteří jsou pravidelně vakcinováni. WHO naopak upozorňuje na možný vznik pandemického viru právě v souvislosti s H5N1. Viz: <https://twitter.com/disclosetv/status/1623627525590073345>



EFFECT: enhance polymerase activity and replication in mammals or mammalian cells		
PB2	I292V	1
	K389R	All/almost all viruses
	V598T/I	All/almost all viruses
	627K	2
NS1	I106M (I101M)	All/almost all viruses
	C138F	All/almost all viruses
EFFECT: in vitro increase binding to human-type receptors alpha2,6-SA		
HA	S137A	All/almost all viruses
	S158N	All/almost all viruses
	T160A	All/almost all viruses
	S128P	All/almost all viruses
	R496K	All/almost all viruses
	T192I	1
	S159N	3
	Q196R	1
	V214I	12
	S128P-R496K	All/almost all viruses
EFFECT: increase virulence		
NS1	P42S	All/almost all viruses
	V149A	All/almost all viruses
	L103F, I106M	All/almost all viruses
	K55E, K66E, C138F	All/almost all viruses
	227ESEV230 (PDZ domain)	All/almost all viruses
EFFECT: resistance toward antiviral drugs		
M2	27I	4
	31N/G	1
PA	A36V	3
EFFECT: decrease antiviral response in ferrets		
NS1	N205S (with NS2: T47A)	All/almost all viruses

doi:10.2903/j.efsa.2023.7917



WHO/ECDC

(převzato z EFSA/ECDC doi:10.2903/j.efsa.2023.7917)

Lidské infekce viry ptačí chřipky podléhají hlášení podle právních předpisů EU do 24 hodin prostřednictvím systému včasného varování a reakce (EWRS) podle rozhodnutí EU 2371/2022. Hlášení je také vyžadováno prostřednictvím oznamovacího systému Mezinárodních zdravotnických předpisů (IHR) (WHO, 2017).

Současně byly aktualizovány pokyny k prevenci infekcí včetně nastavení kontrolních opatření ve zdravotnictví s ohledem na respirační viry a zahrnují také vysoce nebezpečné patogeny (ECDC, 2021a). U exponovaných osob a zejména u možných případů infekce ptačí chřipkou by mělo být zvaženo použití antivirové pre- a postexpozice podle národních směrnic.

Byly vybrány kandidátní vakcinální kmeny (CVV) pro vývoj vakcíny a tyto kmeny jsou na seznamu WHO (WHO, 2021b).

Nový H5 vakcinální kmen odpovídá antigenně aktuálně se šířící kladě H5 2.3.4.4b. Tento kmen byl navržen během setkání o složení vakcín pro severní polokouli v únoru 2023 (WHO, 2023).

Podrobněji ve zprávě ECDC/EFSA za první čtvrtletí 2023:

doi:10.2903/j.efsa.2023.7917

Z let 2016 a 2017 pouze 3 záznamy, ostatní 2020 -2023.



Virolgie 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 poukazují na uzavřenost této země, zatím se v této zemi šíří varianty BA.5.2x a BF.7x, BQ.1x, XBB, XBF a další aktuálně sledované či monitorované varianty jsou detekovány pouze ve velkých aglomeracích.
- Dle celogenomové sekvenace je dominantní subvarianta XBB.1.5.x, která v současnosti spolu s XBB.1.9.1 jasně dominuje globálně. Nově se objevuje subvarianta XBB.1.16, která předčí obě předchozí v potenciálu snadného šíření. Svědivý zánět spojivek, který je typickým klinickým projevem XBB.1.16 nemusí vést k jejímu odhalení.
- NRL přes nejasné financování doporučuje zasílat pozitivní vzorky na sekvenaci.

Virolgie chřipka a respirační viry

- Pozorujeme významný pokles vyšetření i pozitivních detekcí v non sentinel surveillance dominuj viry chřipky B, rinoviry a SARS-CoV-2.
- Virus ptačí chřipky H5N1 klády 2.3.4.4.b se dále globálně šíří, nově byla hlášena ohniska z Gambie. Pandemický potenciál tohoto viru nelze přehlížet a na pandemickou připravenost poukazuje WHO.

Zpracovala: RNDr. Helena Jiřincová a Timotej Šúri, MSc.

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