



Zpráva NRL ke dni 3. 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 – 4

Hlášení ARI/ILI v Česku a Evropě

Strana 5 - 8

Závěr a odkazy

Strana 9 - 11

- V období od 26. 3. do 2. 4. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 19 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 14. 3. do 2. 4. 2023 bylo provedeno celkem 14 353 testů, z toho 2 829 bylo pozitivních. Dle hlášení ÚZIS byla provedena pouze jedna diskriminační PCR (viz tab.3).

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
Omicron	8
XBB.x	8
N/A	3
Celkový součet	19

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
SPEA Olomouc, s.r.o.	2
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	9
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	8
Celkový součet	19

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
14353	14332	2829	1

Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací

A570D	E484K	L452R	N501Y	P681R	Y505H

- K 3. 4. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 57 450 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 537 vzorků s datem odběru od 3. 2. 23 do 3. 4. 2023, přehled sekvenovaných variant udává tabulka 5.
- 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 6. 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 6: Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období

Varianta	Počet
XBB	397
BQ.x	64
CH.1.x	20
BN	19
CK.x	18
BF.x	5
XBF	4
BA.5	3
Ostatní	7

Celkový počet 537

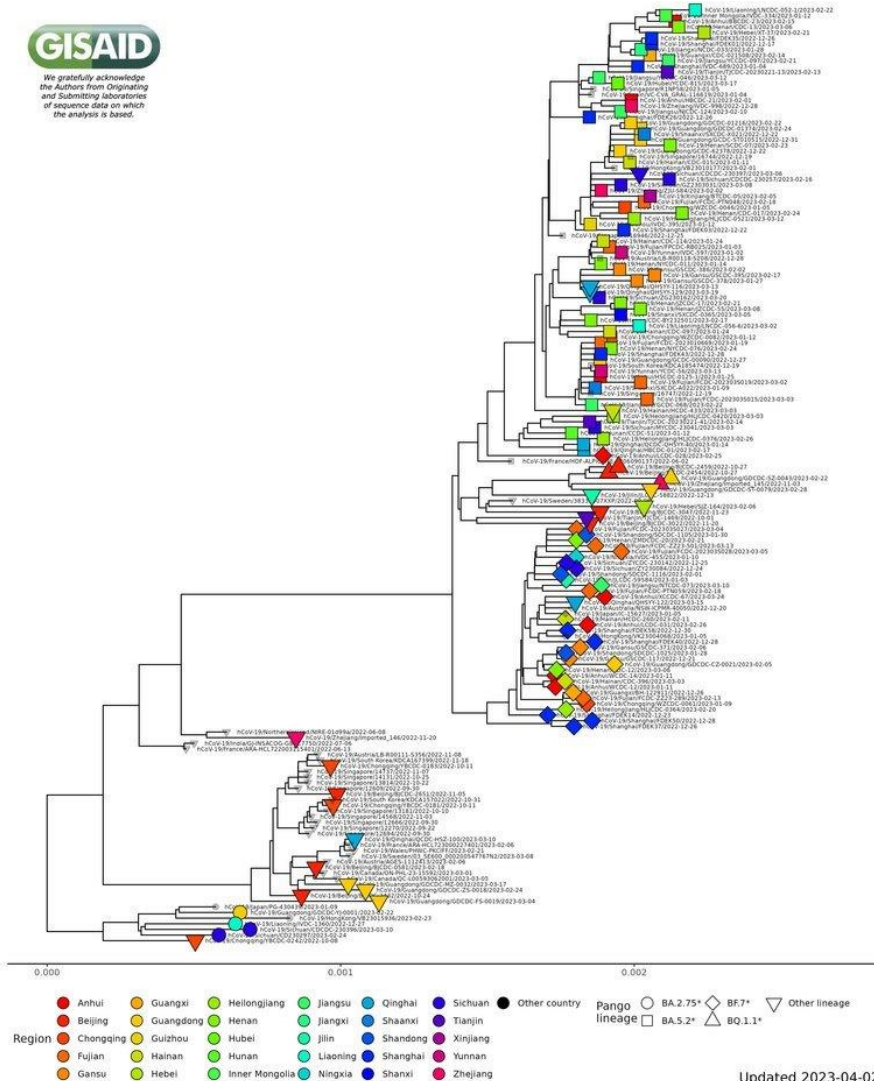
Tabulka 5: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet	Varianta	Počet
BA.5.1.26	2	BQ.1.13.1	3
BA.5.5	1	BQ.1.14	1
BE.9	1	BQ.1.18	1
BF.11.3	1	BQ.1.2.1	1
BF.14	3	BQ.1.22	5
BF.7.19	1	BQ.1.31	2
BN.1	2	BQ.1.5	3
BN.1.1.1	4	BR.2.1	2
BN.1.2	3	BR.3	1
BN.1.2.1	2	CH.1.1	16
BN.1.3	2	CH.1.1.1	2
BN.1.5	4	CH.1.1.2	2
BN.3.1	2	CK.1	17
BQ.1.1	19	CK.2.1	1
BQ.1.1.18	1	CM.8.1	3
BQ.1.1.19	1	XBB.1	4
BQ.1.1.2	1	XBB.1.13	2
BQ.1.1.22	1	XBB.1.5	365
BQ.1.1.3	1	XBB.1.5.1	5
BQ.1.1.31	1	XBB.1.8	1
BQ.1.1.32	6	XBB.1.9	2
BQ.1.1.37	2	XBB.1.9.1	12
BQ.1.1.4	2	XBB.1.9.2	6
BQ.1.1.42	2	XBF	2
BQ.1.1.44	1	XBF.2	1
BQ.1.1.45	1	XBF.3	1
BQ.1.1.46	1		
BQ.1.1.5	4		
BQ.1.1.53	1		
BQ.1.1.55	1		
BQ.1.10	2		

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

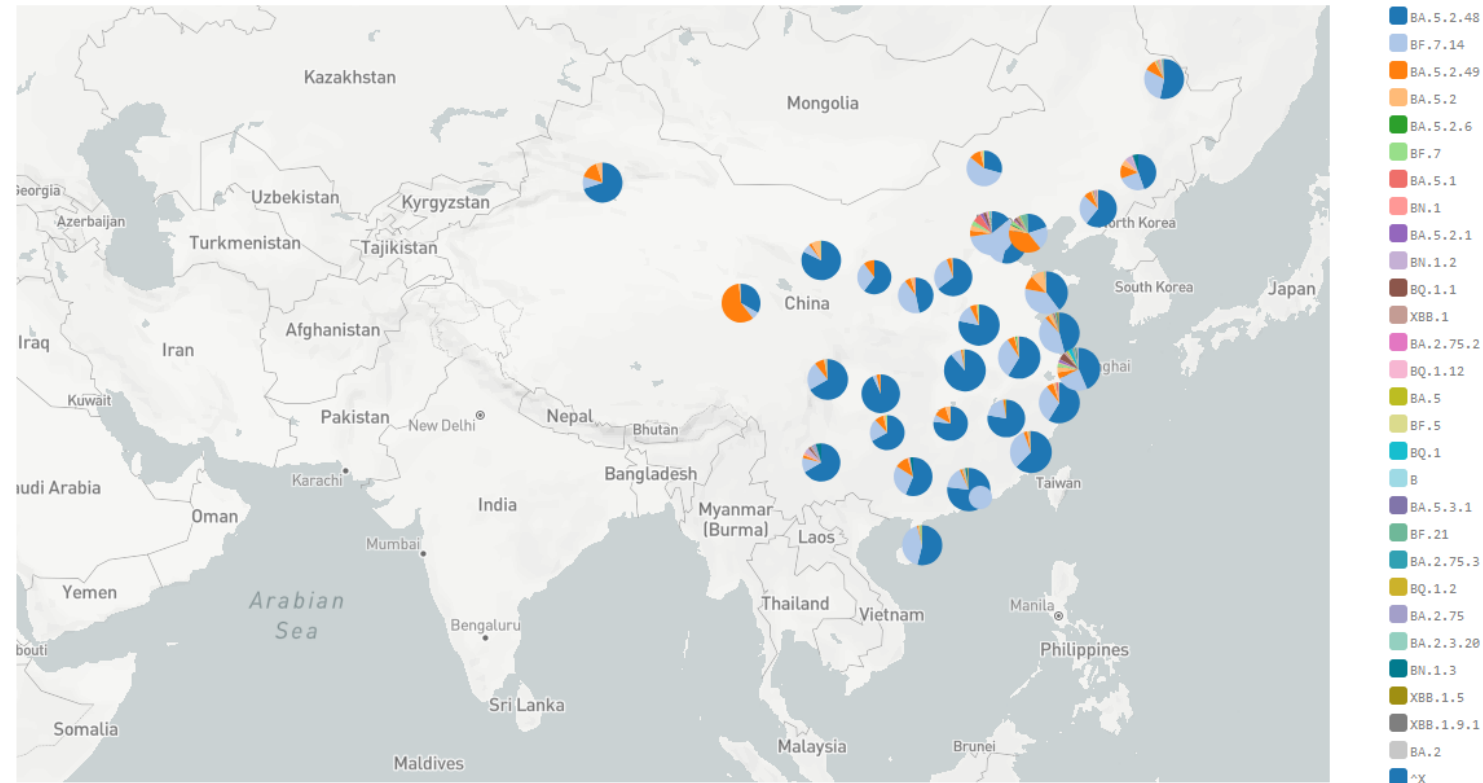


We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



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2023-04-03 10:30。

2019人类冠状病毒谱系分布地图 - 全国 (不含港澳台)



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 surveillancie v 13. KT 42 vzorků.

Tabulka 7 - Non-sentinelová surveillancie

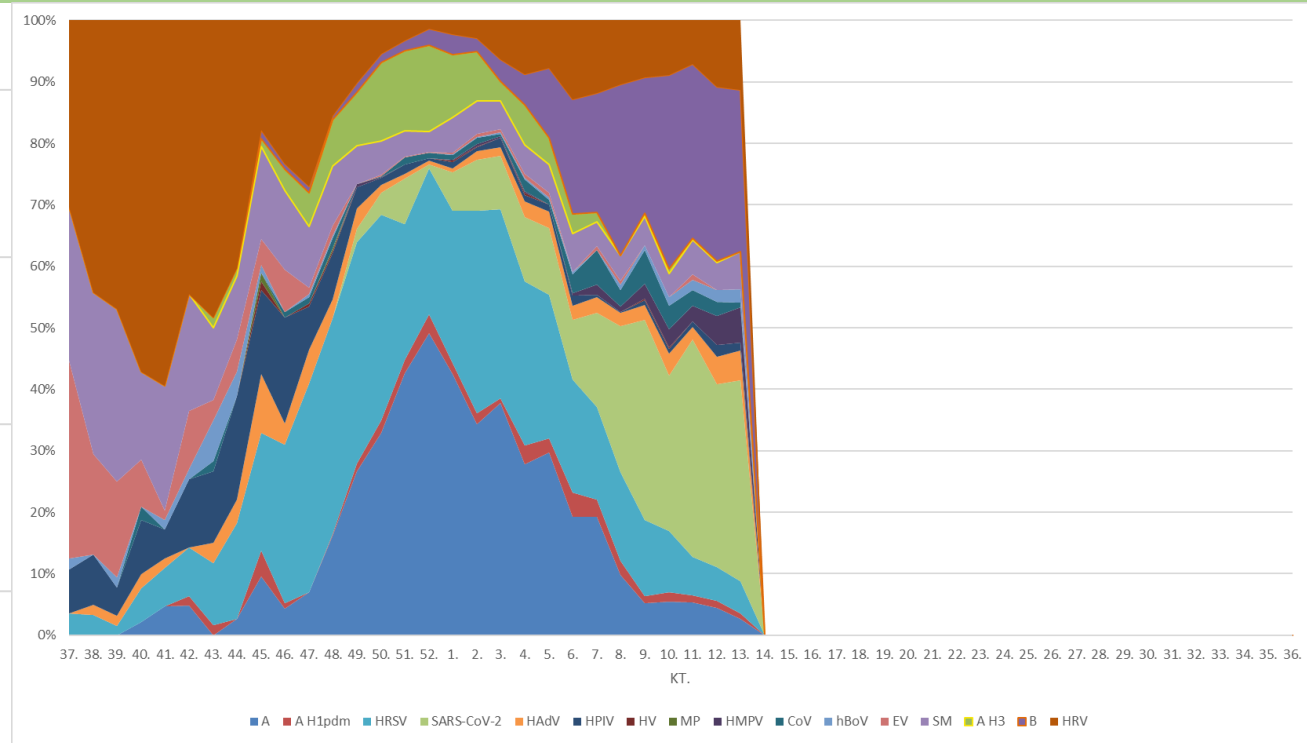
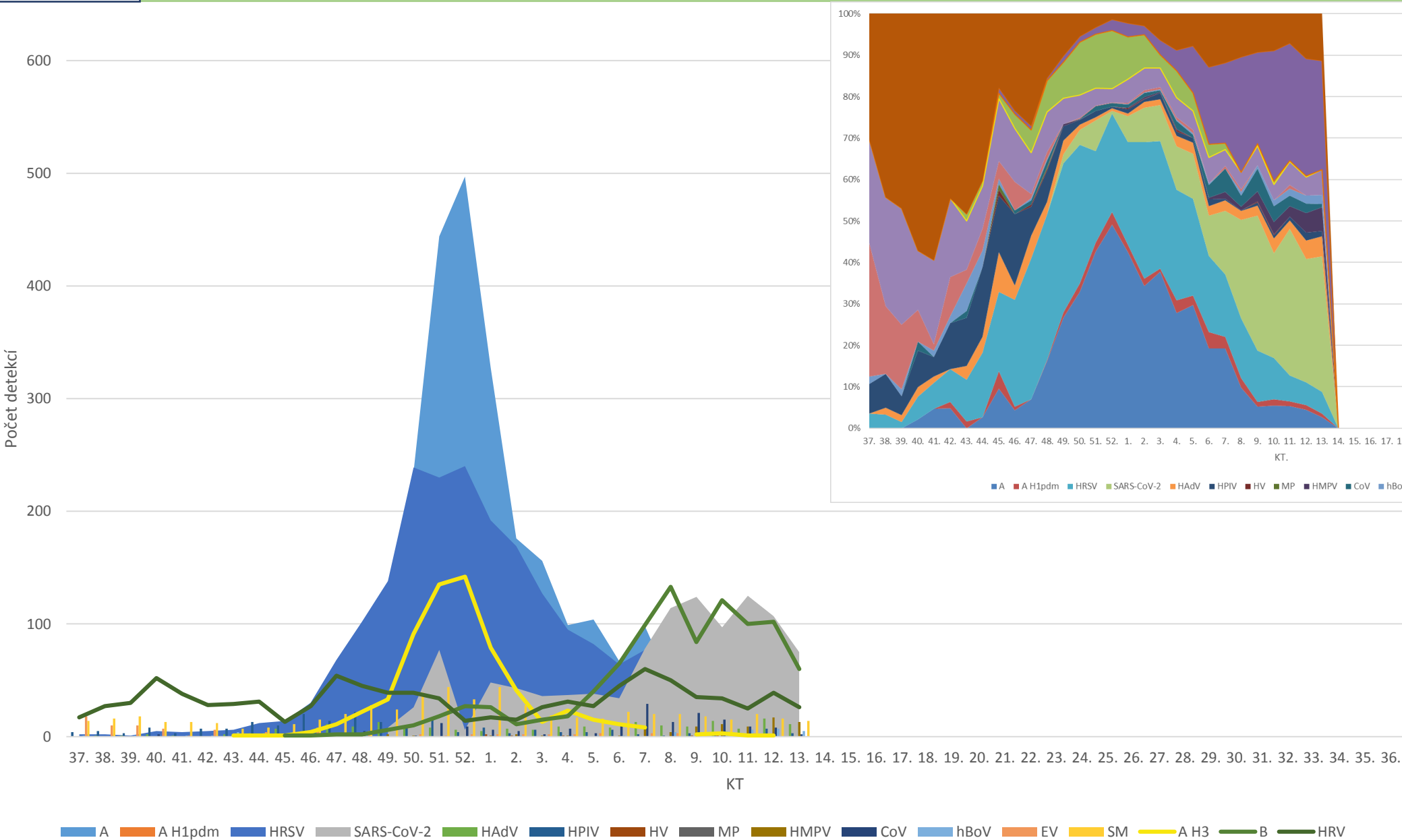
Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	6
Chřipka A H ₁ pdm	2
Chřipka A H ₃	
Chřipka B	60
RSV	12
Adenovirus	11
Parainfluenza virus	3
Herpetické viry	
Mycoplasma pneumoniae	
Lidský metapneumovirus	13
Sezonní koronavirus	2
Lidský rhinovirus	26
Bocavirus	5
Enterovirus	
SARS-COV-2**	75
Smíšená infekce	14
Negativní	597
Celkový počet vyšetření:	826

Tabulka 8 - NRL sentinelová surveillancie

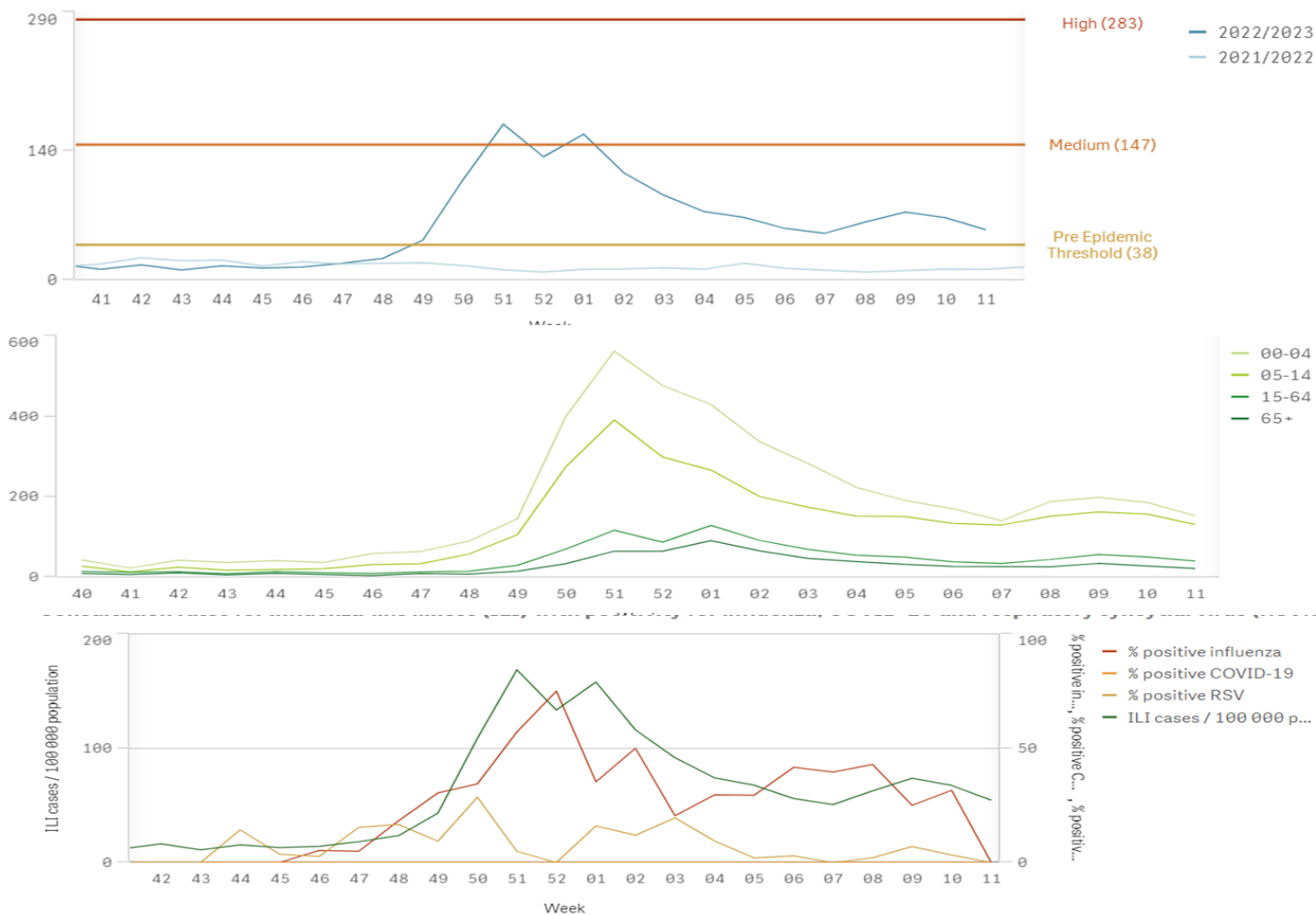
Patogen*	Počet detekcí 12. KT	Počet detekcí 13. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	1	2
Chřipka A H ₃	0	0
Chřipka B	10	9
Lidský rhinovirus	5	5
Parainfluenza virus	1	0
RSV	0	0
Enterovirus	1	0
MPV	3	2
koronavirus	2	0
SARS-COV-2	2	4
Adenovirus	4	2
BOCA-V	1	0
Smíšená infekce	3	3
Negativní	21	15
Celkový počet vyšetření:	45	42

- * V tabulce 8 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 13. KT



Graf 2: ARI/ILI –surveillance v ČR (hlášení dle nemocnosti) – situace k 12. KT



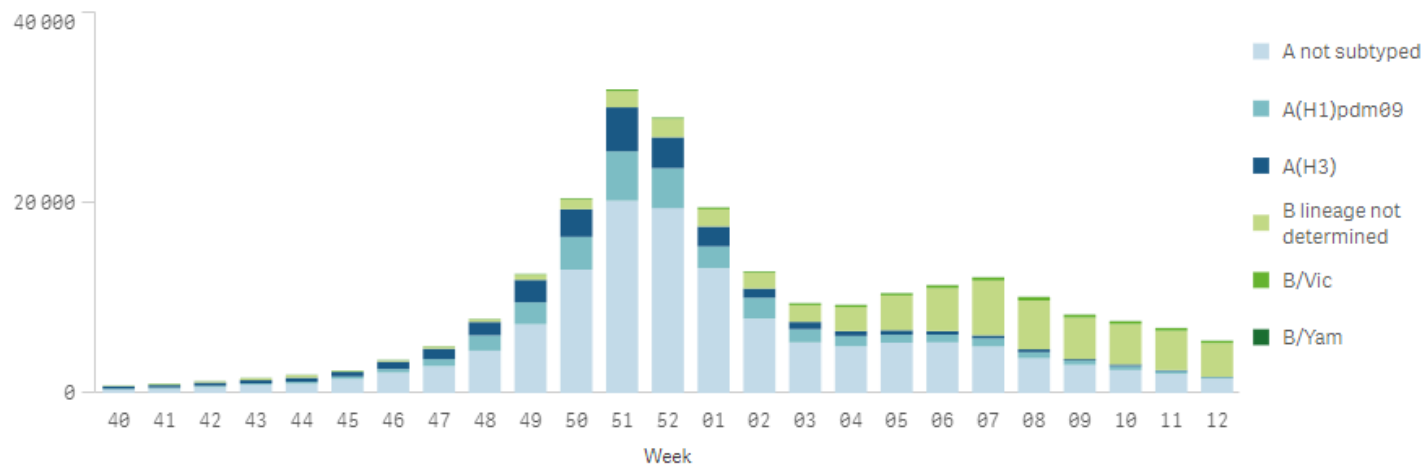
Data ARI/ILI podle nemocnosti hlášená do ECDC jednoznačně ukazují šíření virů chřipky a RSV v dětské populaci, což může přímo souviset s faktem, že se v důsledku omezené cirkulace respiračních virů (včetně chřipky a RSV) relativně zvětšil vnímavý podíl populace.

Chřipka – situace v Evropě (WHO evropský region) k 12. KT

- Procento všech vzorků sentinelové primární péče od pacientů s příznaky ILI nebo ARI, kteří byli pozitivně testováni na virus chřipky, kleslo na 22 % z 24 % v předchozím týdnu a zůstává nad epidemickým prahem (10 %).
 - 15 z 37 zemí hlásí střední intenzitu a 20 z 36 zemí hlásí celoplošné šíření (pouze Maďarsko 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 12. KT bylo v rámci sentinelové surveillanci testováno 3 048 vzorků, z nichž 664 (22 %) vzorků bylo pozitivních na chřipku (18 % chřipka typu A; 82 % chřipka typu B).
 - V subtypizovaných vzorcích viru chřipky A (celkem 95) převažuje virus chřipky A(H1)pdm09 (80 %).
 - Všech 153 subtypizovaných izolátů chřipky B spadá do linie B/Victoria.
- zdroj: FluNews Europe, ECDC-WHO/Europe weekly influenza update

Graf 3:

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 dominuje globálně.
- 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, rinovirů a SARS-CoV-2. Pozorujeme pokles detekcí RSV, dominující infekční agens nelze jednoznačně určit s ohledem na malý počet vyšetřených vzorků.

Zpracoval: Timotej Šuri, MSc.

Situace ve výskytu akutních respiračních infekcí a chřipky ve 13. kalendářním týdnu 2023 (3.4.2023)

Ve 13. kalendářním týdnu došlo k poklesu výskytu akutních respiračních infekcí (ARI) a chřipkových onemocnění (ILI) ve většině věkových skupin a většině krajů.

U ARI došlo k poklesu celkové nemocnosti o 6 % a celková nemocnost je na úrovni 1209 na 100 000 obyvatel. Pokles nemocnosti se týká všech věkových skupin. I v krajích s dosud nejvyšší nemocností (Jihomoravský a Pardubický kraj) počty nemocných klesají a v žádném z uvedených regionů již nemocnost nepřevyšuje 1 600/100 000.

V kategorii tzv. chřipkových onemocnění (ILI) došlo oproti předchozímu týdnu k poklesu celkové nemocnosti o 9,2 %. K poklesu relativní nemocnosti došlo téměř ve všech věkových skupinách kromě osob v kategorii 25 - 64 let.

V ČR se i nadále vyskytují lokální až regionální epidemická ohniska respiračních onemocnění. 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