



# Zpráva NRL ke dni 15. 5. 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 a ptačí chřipky

Strana 5 - 7

Závěr a odkazy

Strana 8 - 10

- V období od 8. 5. do 14. 5. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 12 hlášených testů diskriminační PCR ze 2 laboratoří.
- Přehled zachycených mutací dle 12 diskriminační PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 25. 4. do 14. 5. 2023 bylo provedeno celkem 7 840 testů, z toho 466 bylo pozitivních a dle hlášení ÚZIS bylo provedeno pouze pět diskriminačních PCR (viz tab.3).

**Tabulka 1: Přehled zachycených mutací**

Varianta	Počet
XBB	5
Omicron	4
NA	3
<b>Celkový součet</b>	<b>12</b>

**Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace**

Laboratoř	Počet
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	8
Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě	4
<b>Celkový součet</b>	<b>12</b>

**Tabulka 3: Přehled PCR dat ÚZIS**

25. 4. 2023 - 14. 5. 2023			
Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
7840	6930	466	2

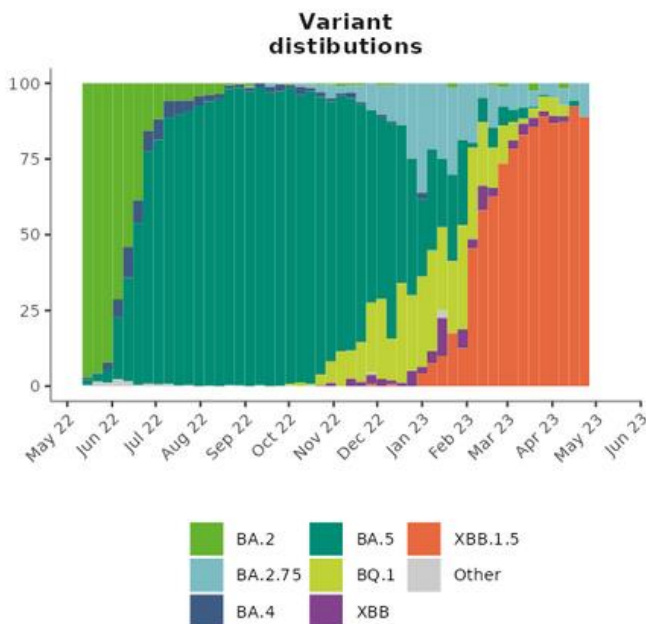
**Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací**

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

- K 14. 5. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 58 230 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 551 vzorků s datem odběru od 14. 3. do 14. 5. 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. Stále evidujeme pouze jediný případ XBB.1.16 z 28.4.2023.

**Tabulka 4 a graf (ECDC): Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období**

Varianta	Počet
XBB.1.5.x	415
XBB.1.9.x	39
XBB.x	22
BQ.x	20
CH.1.x	14
BN	4
CK.x	2
XBF	2
Ostatní	33



ECDC. Figure produced 11 May 2023

## Celkový počet 551

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
BN.1	1	XBB.1.5.1	2
BN.1.1.1	1	XBB.1.5.12	222
BN.1.3.3	1	XBB.1.5.13	2
BN.1.5	1	XBB.1.5.14	1
BQ.1.1	9	XBB.1.5.15	5
BQ.1.1.32	1	XBB.1.5.16	2
BQ.1.1.42	2	XBB.1.5.17	2
BQ.1.1.45	1	XBB.1.5.20	1
BQ.1.1.5	2	XBB.1.5.21	1
BQ.1.13.1	3	XBB.1.5.24	5
BQ.1.18	1	XBB.1.5.28	1
BQ.1.31	1	XBB.1.5.31	5
CH.1.1	7	XBB.1.5.36	3
CH.1.1.1	4	XBB.1.5.37	3
CH.1.1.11	3	XBB.1.5.7	1
CK.1	2	XBB.1.9	1
CM.8.1	4	XBB.1.9.1	27
DV.1	1	XBB.1.9.2	11
DV.1.1	2	XBB.2.3	1
EA.1	1	XBB.2.3.2	1
EG.1	14	XBF	2
EL.1	5	XBK	1
EU.1.1	4		
FD.1	1		
XBB.1	3		
XBB.1.13	9		
XBB.1.16	1		
XBB.1.17.1	3		
XBB.1.22.1	1		
XBB.1.28	3		
XBB.1.5	159		

Tab.8: **Závažná onemocnění v souvislosti s variantou SARS-CoV-2**

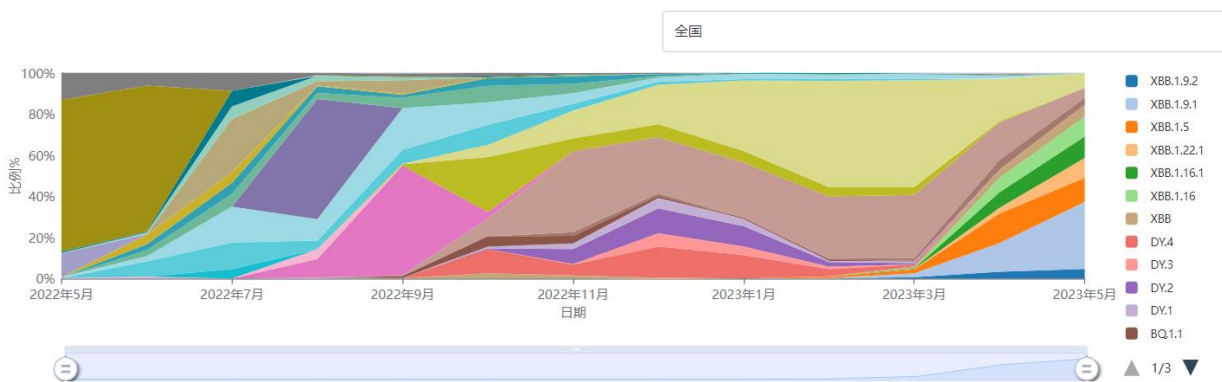
CDC sekvenační centrum USA Washington zveřejnilo počty hospitalizovaných pacientů a úmrtí v souvislosti s některými variantami kategorizovanými jako VOC/VOI.

V souvislosti s evolucí viru nelze podceňovat trvalé zatížení zdravotnického systému, byť se nejedná o významně vysoké počty hospitalizací a byť se jedná především o pacienty starší 65 let věku.

Zdroj dat: GISAID

Čína:

V Číně aktuálně dominuje varianta XBB.1.9.2, situace se nevymyká globálnímu hlášení.



Tab. 8: **Hospitalizations and deaths by variant**

Variant	Percent cases who were hospitalized	Cases who were hospitalized per 100,000	Cases who died from COVID-19	Total cases	Percent of hospitalized cases who died from COVID-19
Delta	4.3%	4,254	1.3%	38,600	17.2%
BA.5	2.1%	2,079	0.4%	17,656	9.3%
BA.2	1.1%	1,147	0.2%	13,779	8.2%
Other Omicron	1.2%	1,158	0.3%	12,345	14.7%
BA.1.1	2.3%	2,338	0.8%	11,249	14.4%
Alpha	3.4%	3,437	0.6%	10,300	12.7%
BA.2.12.1	1.7%	1,722	0.3%	6,795	10.3%
Other	2.6%	2,588	0.8%	5,332	17.4%
Epsilon	2.6%	2,589	0.7%	4,133	16.8%
XBB.1.5	3.1%	3,143	0.5%	3,023	4.2%
BQ.1.1	2.6%	2,589	0.3%	2,974	10.4%
Gamma	6.8%	6,847	1.8%	2,483	17.6%
BQ.1	2%	2,034	0.5%	1,819	10.8%
BA.4	1.9%	1,875	0.3%	1,440	3.7%
Iota	3.2%	3,226	1.3%	930	30%
BA.4.6	2.9%	2,890	0.6%	692	5%
BF.7	3.2%	3,195	0.8%	532	23.5%
XBB	0.6%	588	0%	340	0%
BN.1	1.4%	1,370	0.3%	292	25%
Beta	6.8%	6,786	1.1%	280	15.8%
Mu	2.8%	2,752	1.8%	218	33.3%
BA.2.75	1.1%	1,058	0%	189	0%
BA.5.2.6	2.3%	2,326	0.6%	172	25%
CH.1.1	2.7%	2,727	0%	110	0%

- V non-sentinel surveillace již detekujeme viry chřipky B a RSV pouze sporadicky, pozorujeme mírnou převahu detekcí rhinovirů, metapneumoviru a adenovirů.
- Do NRL bylo zasláno v rámci sentinel surveillace v 19. KT pouze 20 vzorků, výsledky zohledňuje tabulka 7:

**Tabulka 6 - Non-sentinelová surveillace**

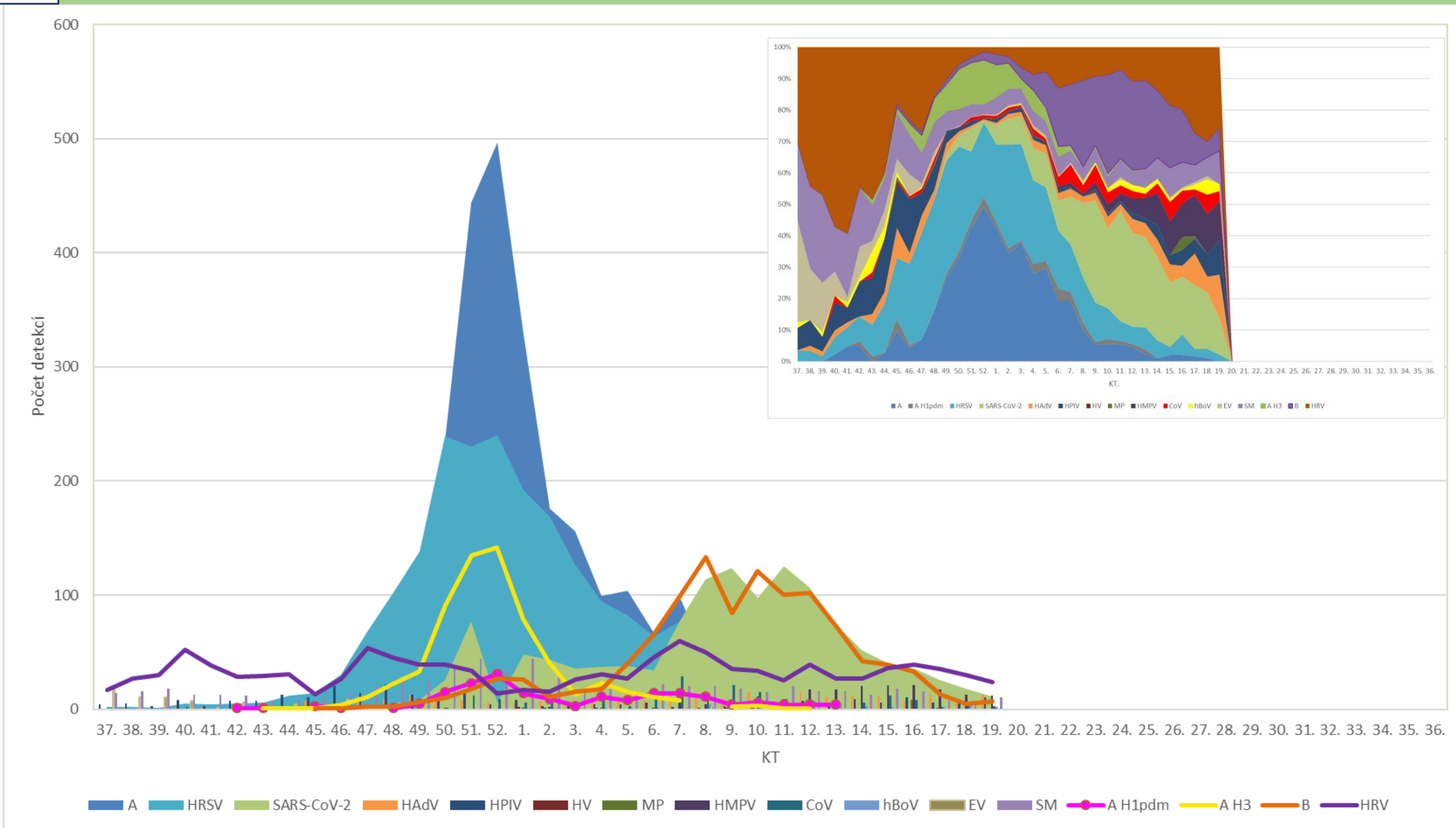
Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	0
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	0
Chřipka A H <sub>3</sub>	0
Chřipka B	7
RSV	2
Adenovirus	13
Parainfluenza virus	10
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	12
Sezonní koronaviry	3
Lidský rhinovirus	24
Bocavirus	2
Enterovirus	0
SARS-COV-2**	11
Smíšená infekce	10
Negativní	302
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>396</b>

**Tabulka 7 - NRL sentinelová surveillace**

Patogen*	Počet detekcí 18. KT	Počet detekcí 19. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H <sub>1</sub> pdm	0	0
Chřipka A H <sub>3</sub>	0	0
Chřipka B	0	1
Lidský rhinovirus	1	3
Parainfluenza virus	1	0
RSV	1	0
Enterovirus	1	0
MPV	0	0
koronaviry	1	0
SARS-COV-2	0	2
Adenovirus	0	1
BOCA-V	0	0
Smíšená infekce	1 (MPV + CoV)	1 (HRV + PIV)
Negativní	9	12
<b>Celkový počet vyšetření:</b>	<b>14</b>	<b>20</b>

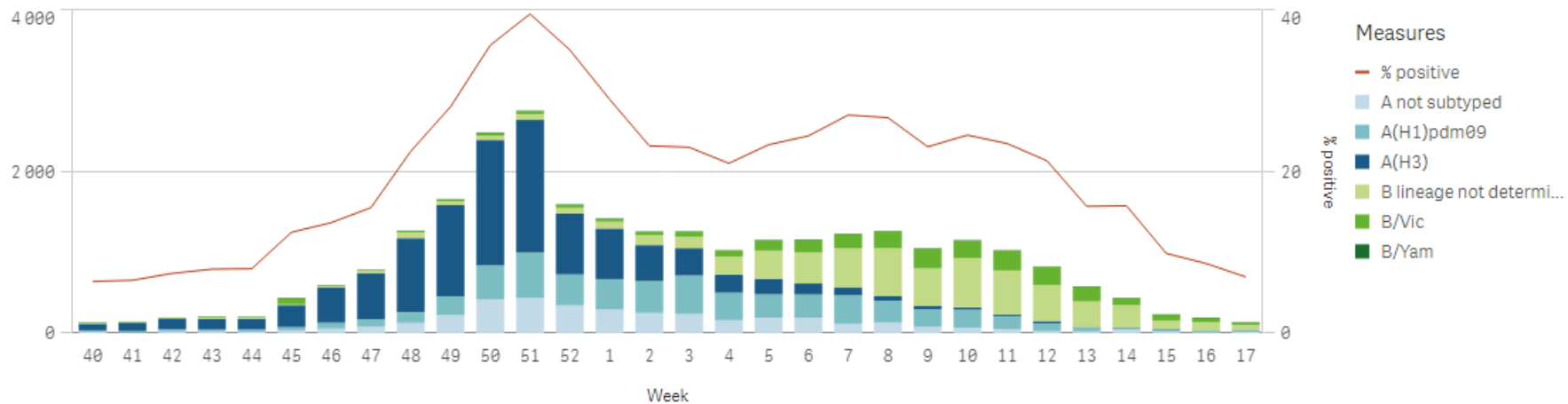
- \* V tabulce 7 jsou uvedeny pozitivní respirační viry, nikoli celý vyšetřovaný panel.
- Do vyšetření SARS-CoV-2 \*\* jsou zahrnuta pouze data z respiračního panelu, nikoli cílená detekce SARS-CoV-2

# Graf : ARI/ILI – virologická surveillace v ČR – situace k 19. KT



- Situace v Evropě je klidná, k dnešnímu dni nemáme možnost získat aktuální data pro nefunkčnost serverů.

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



© World Health Organization 2022.  
 © European Centre for Disease Prevention and Control 2022.  
 Reproduction is authorised, provided the source is acknowledged.



## Virologie SARS-CoV-2

- ECDC a WHO stále doporučují sekvenovat reprezentativní podíl pozitivních případů c19. NRL v této souvislosti prosí **o zaslání pozitivních vzorků k sekvenaci**. V posledních týdnech se v této zemi šíří varianty zájmu XBB.1.5.x a XBB.1.16.
- Dle celogenomové sekvenace je v ČR dominantní subvarianta XBB.1.5.x, která v současnosti spolu s XBB.1.9.1 stále dominuje globálně. Nově se objevivší subvarianta XBB.1.16 se nadále diverzifikuje, dle mutačního spektra pravděpodobně uniká před T buněčnou odpovědí a byla nyní oficiálně kategorizována ECDC jako VOI – varianta zájmu. Kromě klasických příznaků ARI/ILI charakterizuje variantu XBB.1.16 zánět spojivek.
- NRL doporučuje zachovat status elektronické žádanky pro evidenci případů a pro zjednodušený tok dat mezi laboratořemi a lékařem zadávajícím požadavek na vyšetření.

## Virologie chřipka a respirační viry

- Dle virologické surveillance lze konstatovat, že ARI/ILI sezóna je u konce, klesá jak počet vyšetřených vzorků (tedy i pacientů s ARI/ILI obtížemi), tak procento pozitivních detekcí. Viry chřipky, stejně jako RSV, jsou detekovány pouze sporadicky, mírně převažují detekce rinovirů, stále se uplatňují metapneumoviry, sezónní koronaviry, adenoviry a viry parainfluenzy. U chřipky typu B lze konstatovat, že epidemická křivka je plochá a stále lze pozorovat i případy závažného onemocnění. NRL nadále přijímá pozitivní vzorky z ambulancí praktických lékařů k vyšetření, přestože oficiálně vyhlášená sezóna tímto týdnem končí. NRL přijímá ke konfirmaci/sekevnaci i další vzorky y nemocničních laboratořích.

**Ptačí chřipka H5N1:** Globální šíření viru pokračuje, přestože v ČR nepřišla ohniska ani u volně žijících ptáků ani u drůbeže. V souvislosti s reassortmentem ptačí chřipky typické pro racky H13N1 s cirkulujícím kmenem H5N1 (došlo k záměně pouze segmentu H5) dochází v Evropě k hromadným úhynům racků. Virus H5N1 se v ptačí říši velmi snadno kombinuje s viry nízcepatogenní ptačí chřipky a nelze tedy vyloučit rozšíření i na jiný druh. Proto doporučujeme hlásit nálezy uhynulých ptáků na Státní veterinární správu, případně na městskou policii s požadavkem na vyšetření a současně zabránit domácím mazlíčkům, např. psům v bližším kontaktu s uhynulou zvěří (ptáci, drobné šelmy, např. lišky apod).

**Mpox:** Chicago zaznamenalo zvýšení počtu případů Mpox. V této souvislosti vyvstává otázka letní epidemické vlny, která v důsledku promoření a proočkování cílové populace může být mírnější. V této souvislosti doporučuje NRL suspektní případy ověřit specifickou PCR.





## Informace k dokumentu:

# Metodický pokyn k sentinelové surveillance respiračních virů pro epidemickou sezónu 2022-2023 v ČR

Dle metodického pokynu MZDR29069/2022-1/OVZ končí virologická sentinelová surveillance 20. KT 2023. NRL nyní čerpá finanční podporu WHO pro vyšetřování vzorků, a proto souhlasně s doporučeními WHO a ECDC o provádění celoroční virologické surveillance. Také prosíme o pokračování v zasílání vzorků do NRL k vyšetření.

Současně prosíme o zachování hlášení pro non sentinelovou surveillance ze spolupracujících laboratoří, a to alespoň 1x měsíčně vždy v posledním týdnu měsíce.

V souvislosti s ukončením sezóny a poklesem počtu vyšetření bude NRL nadále vydávat pravidelnou zprávu pouze 1x měsíčně na počátku každého měsíce.

V případě změny epidemiologické situace budeme vydávat mimořádnou zprávu, případně se navrátíme k pravidelnému týdennímu hlášení.

*Zpracovali: 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