



Zpráva NRL ke dni 05. 6. 2023

SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě – zpráva 21. a 22. KT 2023
a souhrnná zpráva za sezónu 2022/2023

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

Strana 5 - 14

Závěr a odkazy

Strana 15 - 17

- V období od 29. 5. do 04. 6. 2023 (dle data odběru) má NRL k dispozici data ÚZIS ze 3 hlášených testů diskriminační PCR.
- Přehled zachycených mutací dle 3 diskriminační PCR za posledních 8 dní ukazuje tabulka 1, přehled vyšetřovaných mutací uveden v tabulce 4.
- Současně ÚZIS udává, že za období od 16. 5. do 4. 6. 2023 bylo provedeno celkem 3 474 testů, z toho 243 bylo pozitivních a dle hlášení ÚZIS byly provedeny pouze 3 diskriminační PCR (viz tab.3).

Tabulka 1: Přehled zachycených mutací

Varianta	Počet
XBB	1
NA	2
Celkový součet	3

Tabulka 2: Přehled laboratoří vyšetřujících mutace

Laboratoř	Počet
ÚLD OKB Fakultní nemocnice Ostrava	3
Celkový součet	3

Tabulka 3: Přehled PCR dat ÚZIS

16. 5. 2023 - 04. 6. 2023			
Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
3474	2739	243	3

Tabulka 4: Přehled vyšetřovaných mutací

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

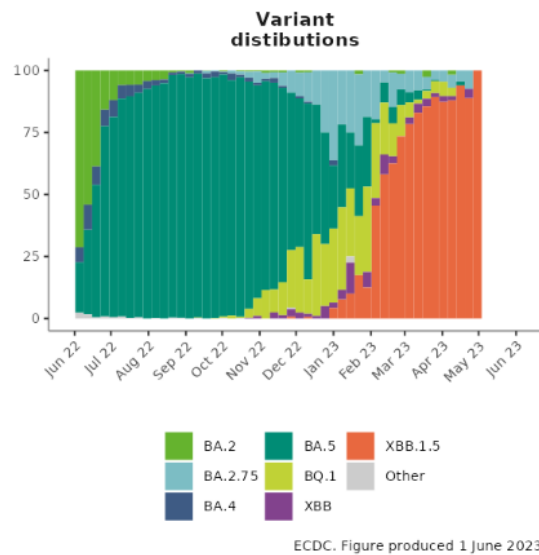
- K 04. 6. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 58 230 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků, zdrojem jsou interní data NRL.
- Za poslední 2 měsíce bylo sekvenováno 139 vzorků s datem odběru od 4. 4. do 4. 6. 2023, přehled sekvenovaných variant udává tabulka 5.
- Dle celogenomové sekvenace v tomto časovém období převažovaly subvarianty omikronu XBB.1.5.12 , ostatní varianty se uplatňují v menší míře (tabulka 6).

Tabulka 5: Přehled sekvenovaných variant v ČR za sledované období

Varianta	Počet
BQ.1.1	2
CK.1	1
CM.8.1	1
DV.1	1
EG.1	4
EG.1.4	1
EG.2	1
EL.1	3
EU.1.1	3
FD.1	1
FL.10	1
FL.12	1
FL.3	1
FL.5	2
FW.1	1
FY.2	1
CH.1.1.1	3
CH.1.1.11	1
XBB.1	4
XBB.1.17.1	2
XBB.1.5	34
XBB.1.5.1	1
XBB.1.5.12	52
XBB.1.5.13	1
XBB.1.5.15	1
XBB.1.5.24	2
XBB.1.5.36	1
XBB.1.5.4	1
XBB.1.5.46	1
XBB.1.5.52	1
XBB.1.9.1	2
XBB.1.9.2	5
XBB.2.3.2	1
XBK	1

Tabulka 6 a graf (ECDC): Souhrnný přehled sledovaných variant za dané období

Varianta	Počet
XBB.1.5.x	61
XBB.1.9.x	7
XBB.x	41
CH.1.x	4
BQ.x	2
CK.x	1
Ostatní	23



Celkový počet 139

Pro výpočet použit algoritmus Pangolin v 4.2.:

<https://pangolin.cog-uk.io/>

- V období od 1. 9. 2022 do 30. 4. 2023 bylo v ČR celogenomově sekvenováno 7 324 SARS-CoV-2 pozitivních vzorků v rámci sentinel i nonsentinel surveillance, v sentinelové surveillance byly sekvenovány všechny pozitivní sekvenovatelné vzorky v celkovém počtu 72.
- Podíváme-li se pouze na výsledky genetické sentinelové surveillance, které jsou přehledně uvedeny v tabulce níže, je jasně patrné, že pro tento syp surveillance je nutný řádově vyšší počet vzorků pro vytvoření reálného přehledu cirkulujících variant SARS-CoV-2.

Variants	No WGS	Variants	No WGS
BA.2	1	BQ.1.2.1	1
BA.5.1	2	BQ.1.22	1
BA.5.2	3	BQ.1.23	1
BA.5.2.1	4	BQ.1.5	1
BA.5.2.20	1	CK.1	1
BA.5.2.34	2	CV.1	1
BA.5.2.44	1	XBB.1	1
BE.1.1	1	XBB.1.13	1
BF.14	3	XBB.1.28	1
BF.7	4	XBB.1.5	7
BF.7.22	1	XBB.1.5.1	1
BF.7.3	1	XBB.1.5.12	11
BN.1	1	XBB.1.5.37	1
BN.1.2	1	XBB.1.9.1	1
BN.1.3	3	XBB.1.9.2	1
BN.1.3.5	1	XBB.2.3	1
BN.1.5	1	XBK	1
BQ.1	3		
BQ.1.1	5	Total	72

- V non-sentinel surveillace detekujeme respirační viry v malé míře, pozorujeme mírnou převahu detekcí rhinovirů.

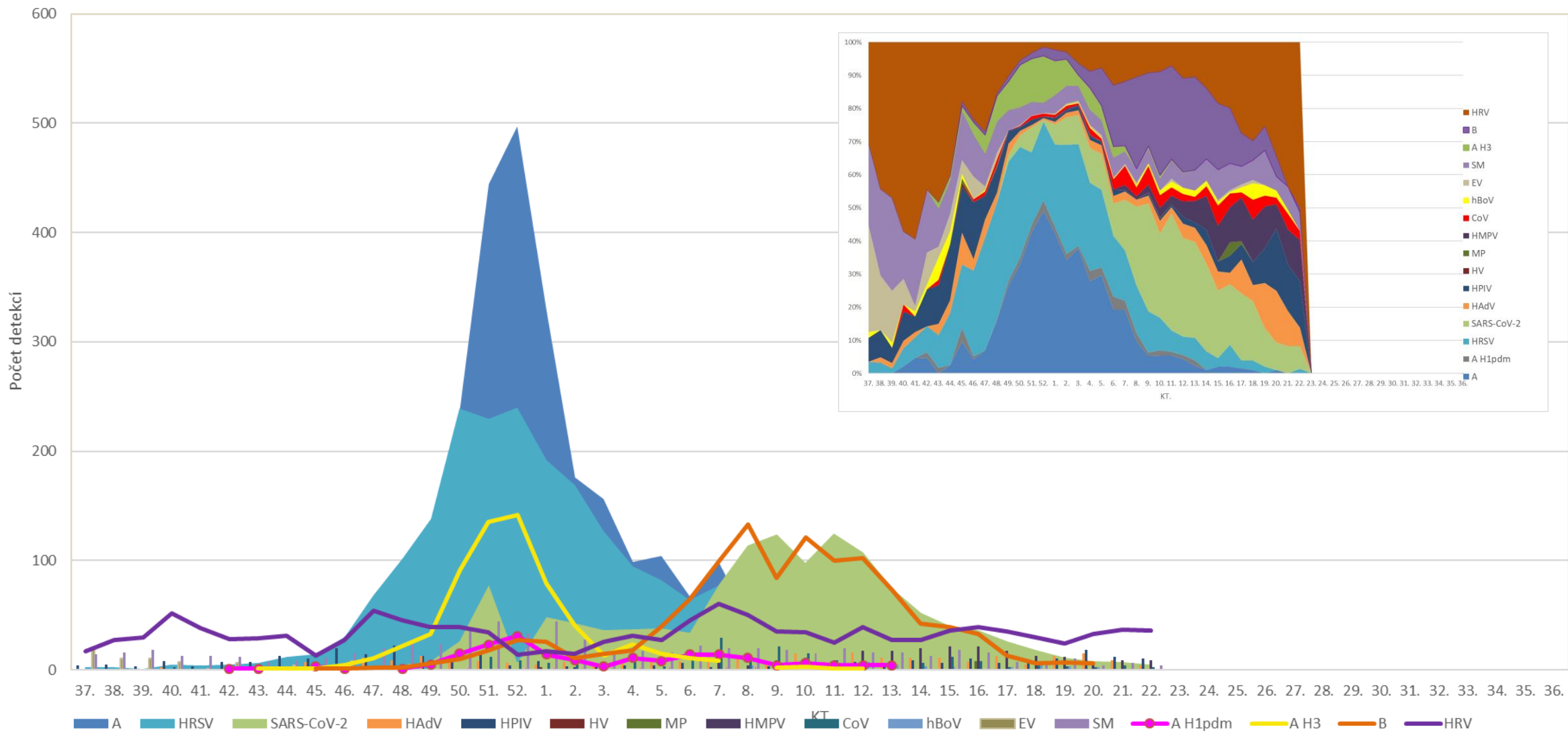
Tabulka 7 - Non-sentinelová surveillace 21. + 22.KT

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	0
Chřipka A H ₁ pdm	0
Chřipka A H ₃	0
Chřipka B	1
RSV	1
Adenovirus	13
Parainfluenza virus	22
Herpetické viry	0
Mycoplasma pneumoniae	0
Lidský metapneumovirus	18
Sezonní koronaviry	6
Lidský rhinovirus	73
Bocavirus	1
Enterovirus	0
SARS-COV-2**	12
Smíšená infekce	10
Negativní	553
Celkový počet vyšetření:	710

Tabulka 8 - NRL sentinelová surveillace

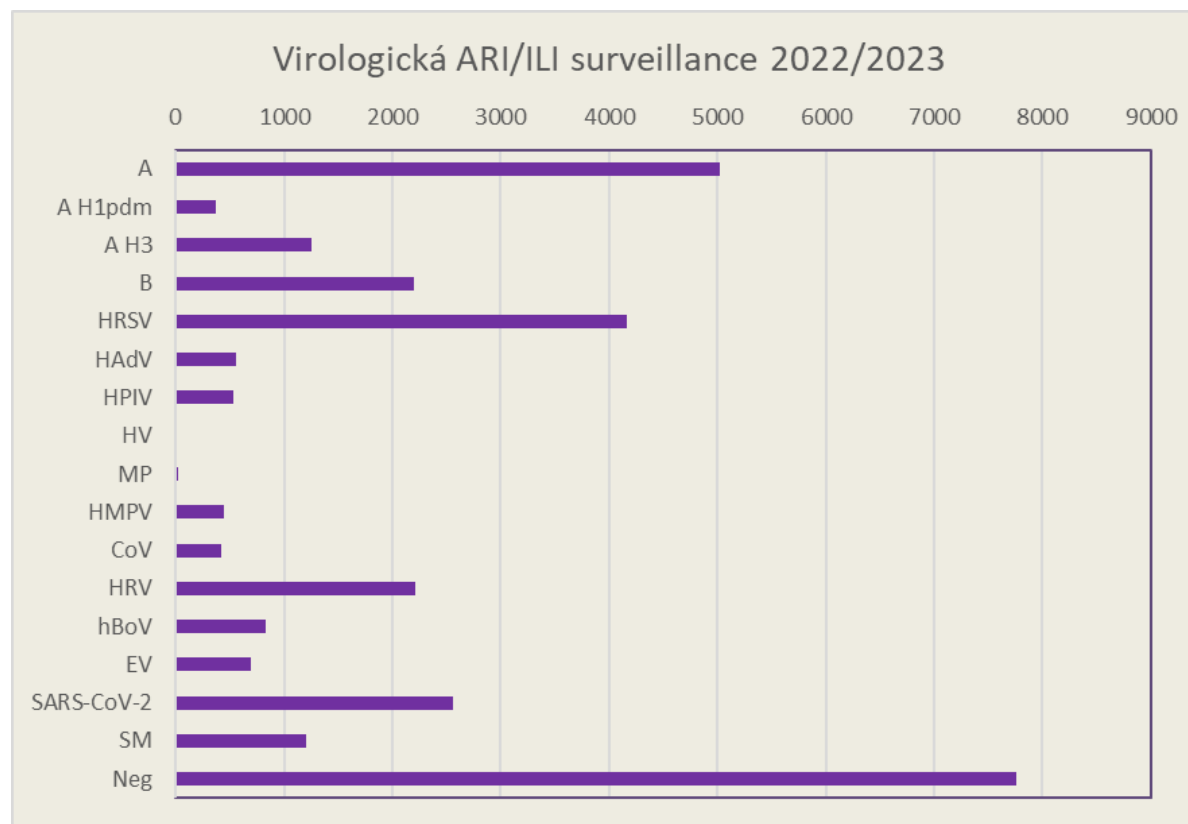
Patogen*	Počet detekcí 21. KT	Počet detekcí 22. KT
Chřipka A	0	0
Chřipka A H ₁ pdm	0	0
Chřipka A H ₃	0	0
Chřipka B	0	0
Lidský rhinovirus	3	2
Parainfluenza virus	2	1
RSV	0	0
Enterovirus	0	0
MPV	0	0
koronaviry	0	0
SARS-COV-2	0	0
Adenovirus	0	1
BOCA-V	0	0
Smíšená infekce	0	0
Negativní	4	3
Celkový počet vyšetření:	9	7

Graf : ARI/ILI – virologická surveillance v ČR – situace k 21. a 22. KT

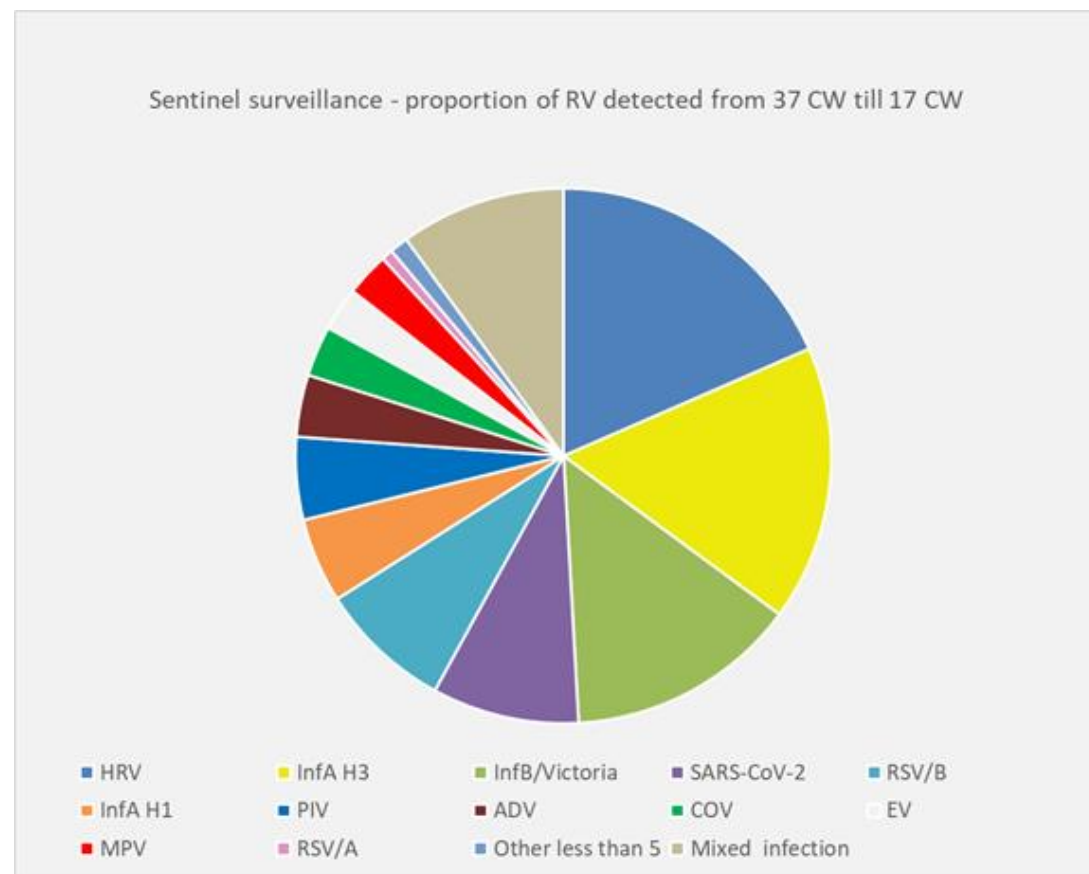


- V sezóně 2022/23 bylo v NRL a laboratořích zapojených do surveillance vyšetřeno celkem 30 285 vzorků, dominantě cirkulujícími viry byla chřipka typu A ,RSV, SARS-CoV-2 a rinoviry. Negativní vzorky představovaly zhruba 26 %, záchyt virového agens v 74 % představuje vysokou výpovědní hodnotu a vysokou kvalitu laboratoří zapojených v surveillance.

Patogen	Počet detekcí
Chřipka A (bez další subtypizace)	5028
Chřipka A H ₁ pdm	368
Chřipka A H ₃	1258
Chřipka B	2199
RSV	4166
Adenovirus	561
Parainfluenza virus	528
Herpetické viry	16
Mycoplasma pneumoniae	21
Lidský metapneumovirus	444
Sezonní koronaviry	420
Lidský rhinovirus	2217
Bocavirus	836
Enterovirus	692
SARS-COV-2**	2566
Smíšená infekce	1203
Negativní	7762
Celkový počet vyšetření:	30285



Detected virus	Amount
Negative	375
HRV	133
InfA H3	120
InfB/Victoria	101
SARS-CoV-2	64
RSV/B	58
InfA H1	37
PIV	36
ADV	27
COV	22
EV	19
MPV	19
RSV/A	5
InfA	4
RSV	2
Parech	1
BOCA	1
ADV+ other RV	9
RSVB + other RV	8
InfB/Victoria + other RV	6
PIV + other RV	6
InfIA/H3 + other RV	5
COV, HRV,	4
SARS-CoV-2, InfB/Victoria	4
RSV/A + Parech	4
InfIA/H1 + other RV	3
SARS-CoV-2, InfA H3	3
InfIA/H3, RSV/B	6
MPV + other RV	3
SARS-CoV-2 + otherRV	7
SARS-CoV-2, RSV/B	4
non-valid	1



V sentinel surveillance představoval největší podíl detekcí virus chřipky A/H3, dále rhinoviry (HRV), virus chřipky B/Victoria, SARS-CoV-2 a RSV B. RSV A představoval pouze minoritní podíl detekcí. Přehled uvádí tabulka a graf výše.



ARI/ILI – virologická sentinel surveillance v ČR v sezóně 2022/2023

Genetická charakterizace virů chřipky typu A/H1N1pdm

NRL bylo celogenomově osekvenováno 47 vzorků A/H1 pdm a 96 vzorků A/H3N2. Přestože všechny sekvence spadaly do evolučně vyšších skupin, antigenní charakterizace nevykazovala zásadní odlišnost a i pro příští sezónu byly vybrány pracovní skupinou WHO stejné vakcinální kmeny. Celkový přehled o účinnosti vakcíny na severní polokouli není znám, data jsou předmětem vyhodnocení.

Celogenomová sekvenace odhalila malý podíl reassortant v rámci 5a.2a sub-clade, charakterizované HA A195V substitucí v kombinaci s NA segmentem typickým pro 5a.1 clade.

Clade 5a.2: HA substitute : N156K, L161I, V250A.

Vakcinální kmeny A/Victoria/2570/2019 (KE) /A/Wisconsin/588/2019 (buněčné kultury)

Clade 5a.2a: HA substitute : K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K, K308R

Vakcinální kmeny (jižní polokoule) : A/Sydney/5/2021 - obsahuje navíc substitute D94N and T216A

(Dominance v Austrálii, Asii, Africe, na Středním východě a v některých evropských zemích, zejména na jihu a východě regionu, ale také ve Skandinávii, Nizozemsku a Francii).

Clade 5a.2a.1: HA substitute : P137S, K142R, D260E

(Dominance v severnějších a západnějších evropských zemích a také v Severní a Střední Americe).

Viry A/H3N2 vykazují větší evoluční dynamiky, většina českých sekvencí spadá do klády 2a.1.b a 2a.3a.1

(viz strana 11).

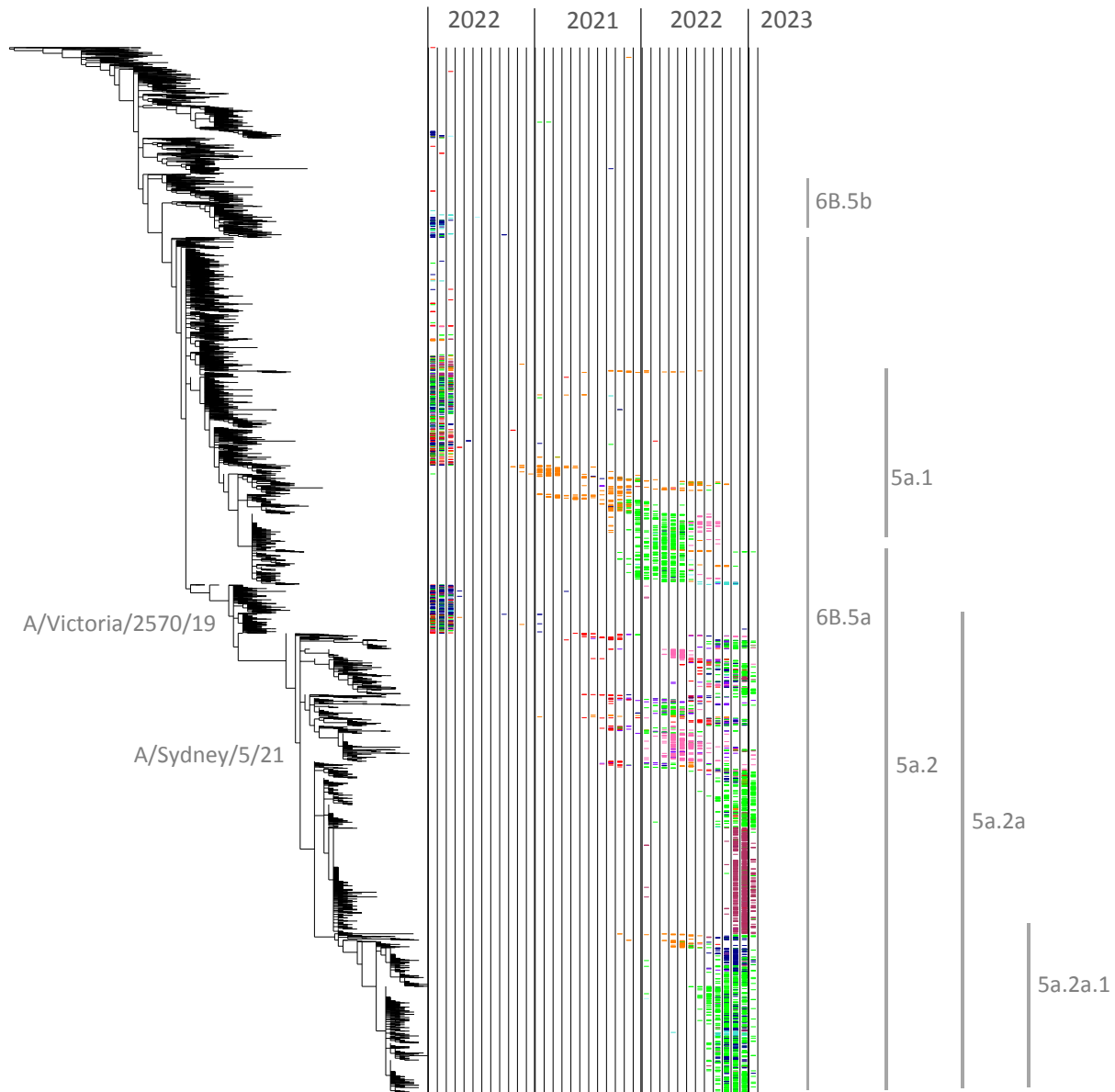
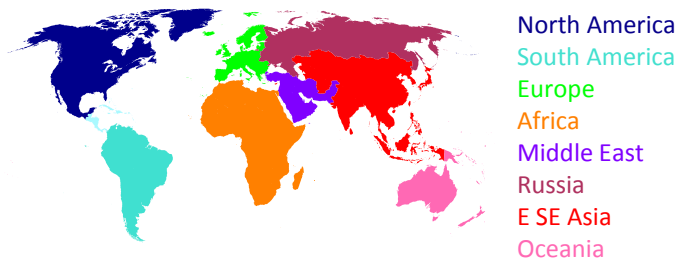
Clades of Infl A H1pdm	No WGS
6B.1A.5a.2a	43
6B.1A.5a.2a.1	4
Total amount of WGS	47

Clades of A/H3N2	No WGS
3C.2a1b.2a.2a.1b	53
3C.2a1b.2a.2a.3	1
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1
3C.2a1b.2a.2b	41
Total amount of WGS	96

Vakcinální kmeny pro sezóny 2022/2023 a 2023/2024 na severní polokouli

A/Victoria/2570/2019	(H1N1)pdm09-like	6B.1A.5a.2	EPI_ISL_417210
A/Wisconsin/588/2019			
A/Darwin/9/2021	(H3N2)-like	3C.2a1b.2a.2a	EPI_ISL_2233240
A/Darwin/6/2021			
B/Austria/1359417/2021	(B/Victoria lineage)-like	V1A.3a.2	EPI_ISL_1519459
B/PHUKET/3073/2013	(B/Yamagata lineage)-like		EPI_ISL_168822

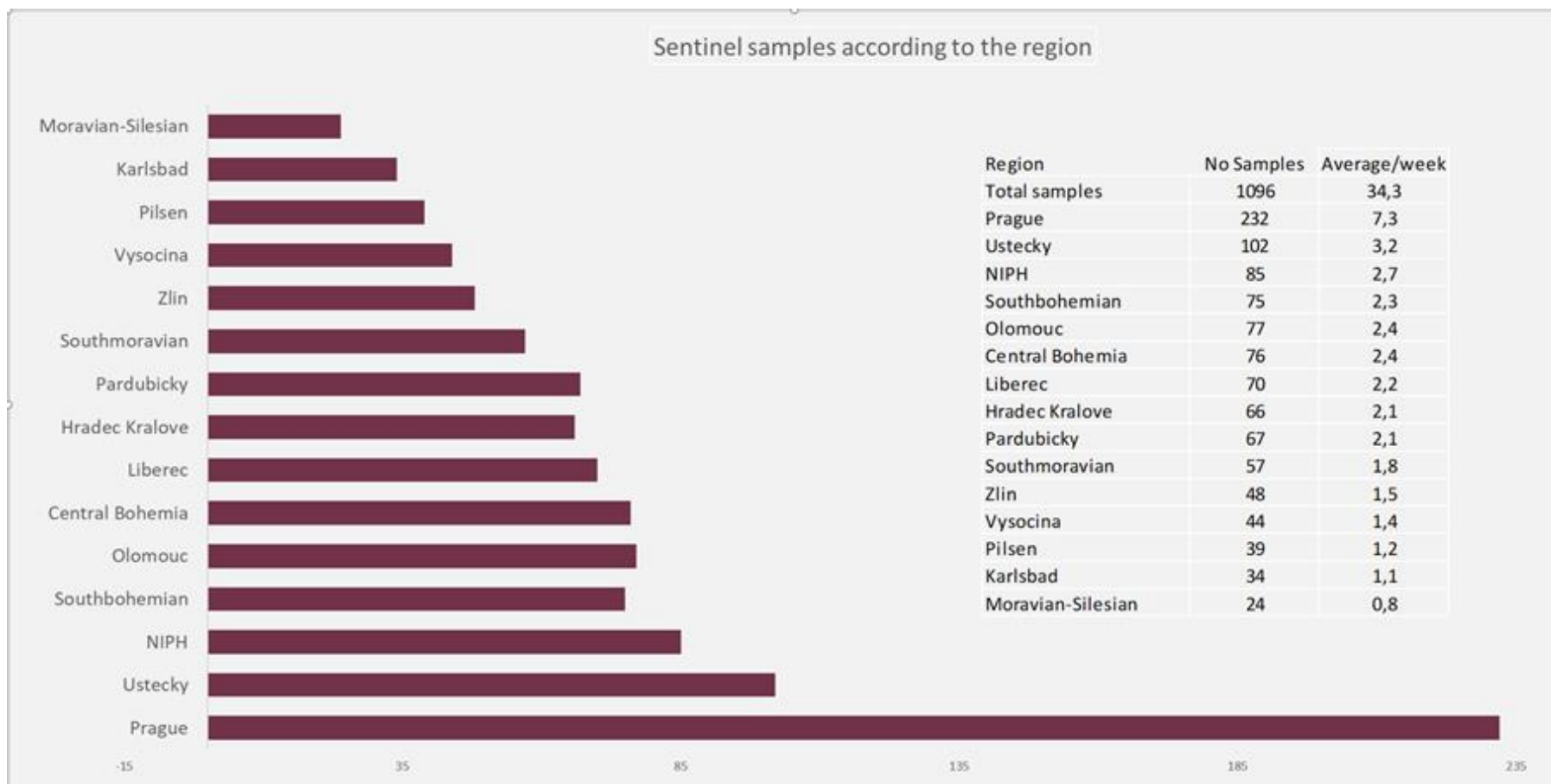
A(H1N1)pdm09 phylogenetic tree



ARI/ILI virologická sentinel surveillance v ČR

Přehled vzorků zaslaných do NRL z krajů

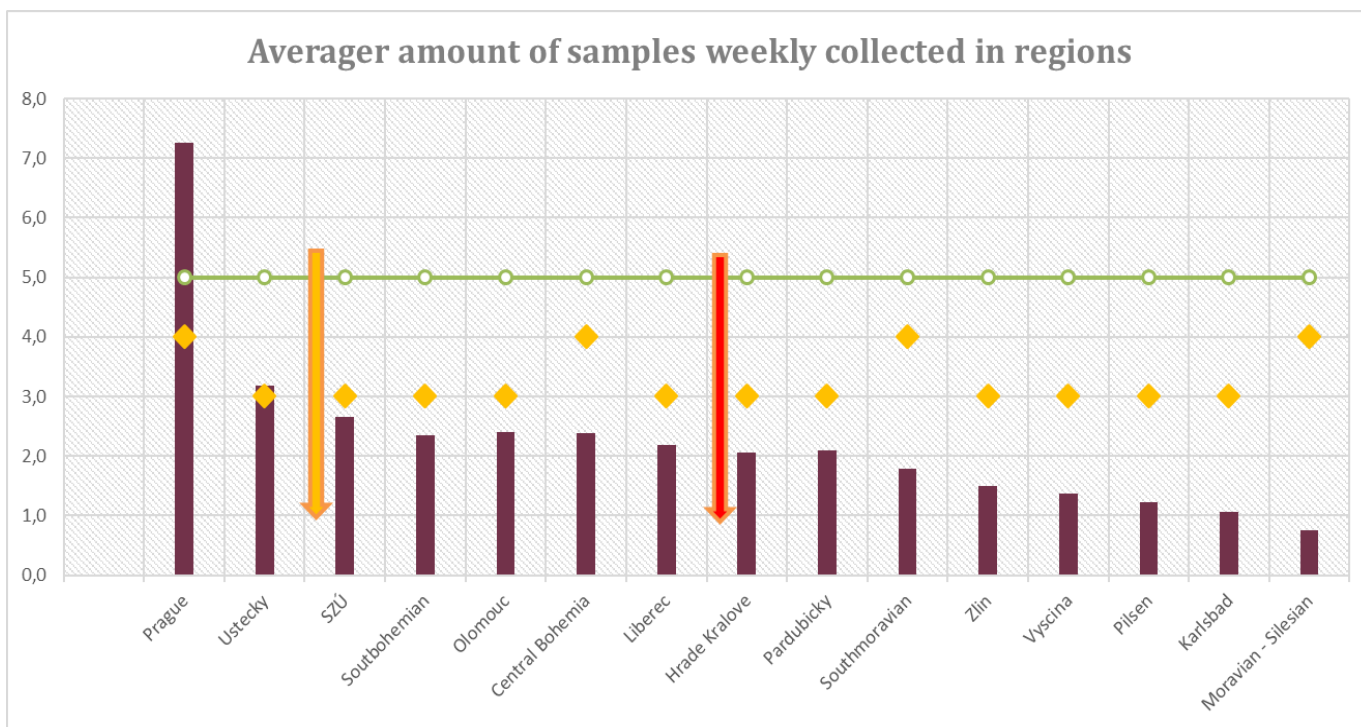
V sezóně 2022/23 bylo v NRL do konce dubna vyšetřeno 1 097 vzorků. Největší podíl vzorků byl vyšetřen v Praze, do surveillance jsou zapojeny 2 pražské ambulance (1x PL, 1x PLDD) a vyšetřování zaměstnanci SZÚ. Nejmenší počet vzorků byl zaslán z Moravskoslezského kraje, který patří mezi nejlidnatější v ČR (1 192 834 obyvatel) a Karlovarského kraje, který je nejméně osídlený kraj v ČR (293 311 obyvatel). NRL pro jednoduchost nerelativizuje požadavek na počet zasílaných vzorků za týden.



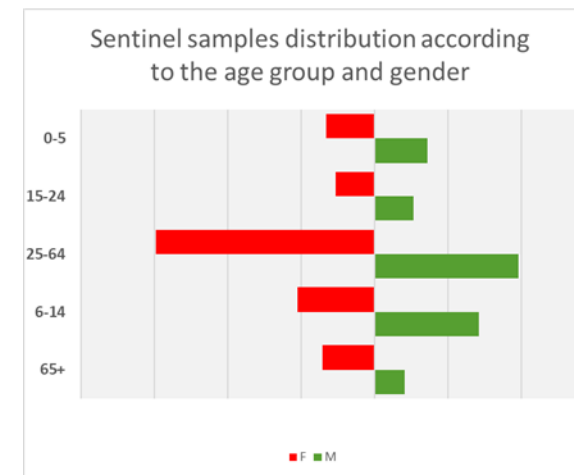
ARI/ILI virologická sentinel surveillance v ČR

Přehled vzorků zaslaných do NRL z krajů

- Následující graf uvádí počty vyšetřených vzorků v porovnání s počtem, který doporučuje NRL (zelená linie) a s počtem, který uvedlo MZ v dokumentu MZDR29069/2022-1/OVZ Metodický pokyn k sentinelové surveillance respiračních virů pro epidemickou sezónu 2022-2023 v ČR a které představují žluté body.
- Žlutá šipka představuje kraje, které splnily požadavek NRL (5 vzorků/týden/kraj). A pravá šipka představuje přijatelný počet při relativizaci počtu vzorků na podíl obyvatelstva v kraji.
- Rozdělení vzorků dle pohlaví a věku: Největší podíl vzorků byl vyšetřen ve věkové skupině 25 – 64 let a pouze tato skupina vykazovala genderovou nevyváženost.



Age group	No samples	F	M
0-5	138	66	72
6-14	246	53	53
15-24	106	298	196
25-64	494	105	142
65+	112	71	41



- V rámci Evropy nastala chřipková sezóna brzy, práh sezónní epidemické aktivity 10% positivity u sentinelových vzorků byl poprvé překročen ve 45. KT 2022.
- Po vrcholu, v 51. KT 2022 s 39% pozitivitou chřipková aktivita v celém regionu klesala až do 4. KT 2023, kdy dosáhla 21% positivity, než znovu stoupla, aby kolísala kolem 25% positivity, než klesla pod 10% positivity v 16. KT 2023.
- Celkově v této sezóně viry chřipky A(H3) dominovaly ve vzorcích sentinelové primární péče, nicméně vyšší cirkulace virů A(H1)pdm09 a typu B byla pozorována od 50. KT 2022 do 2. KT 2023. V non-sentinelových vzorcích byla detekována vyšší cirkulace A(H1)pdm09 (55 %) než virů A(H3) (45 %).
- Vysoké počty RSV kolovaly po celém evropském regionu od 40. KT 2022, přičemž celková pozitivita u pacientů v primární péči s akutním respiračním onemocněním klesla po vrcholu 18% positivity v 47. KT 2022 na <1 % v 20. KT 2023

Virologie SARS-CoV-2

- ECDC a WHO stále doporučují sekvenovat reprezentativní podíl pozitivních případů covid-19. NRL v této souvislosti prosí **o zaslání pozitivních vzorků k sekvenaci**. Z porovnání dat ze sentinel surveillance jasně vyplývá nutnost sekvenace většího množství vzorků, než NRL získá v rámci surveillance (viz strana 3 a 4).
- Aktuálně Dle celogenomové sekvenace je v ČR dominantní subvarianta XBB.1.5.12.

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.
- Aktuálně cirkulují adenoviry, viry parainfluenzy, rhinoviru a metapneumoviry.
- Do NRL byla zaslána v rámci sentinelové surveillance necelá polovina očekávaných vzorků.
- NRL nadále přijímá pozitivní vzorky z ambulancí praktických lékařů k vyšetření, přestože oficiálně vyhlášená sezóna tímto týdnem končí.
- NRL přijímá ke konfirmaci/sekvenaci i další vzorky z nemocničních laboratoří.

Ptačí chřipka A/H5N1

- V ČR aktuálně cirkuluje genotyp BB linie 2.3.4.4.b, Tento genotyp je výsledkem reassortmentu nízké patogenního viru chřipky A/H13Nx typické pro racky. V důsledku tohoto jevu dochází k hromadným úhynům racků. Během jednoho měsíce (cca od poloviny dubna do poloviny května) se virus rozšířil po celé ČR. Kromě racků dochází k úhynům dravců, doposud bylo detekováno 4 nezávislé úhyny sokola stěhovavého v několika krajích, včetně hnízdních párů. Bližší informace poskytuje Státní veterinární správa (www.svs.cz). V této souvislosti je třeba nedotýkat se uhynulých ptáků a neumožnit psům a kočkám bližší kontakt s kadávery. V případě, že v okolí úhynu ptáků je pozorována uhynulá liška, kuna apod., je třeba tento nález hlásit. Stejně tak je nutné hlásit případné neurologické postižení těchto savců. Hlásit je třeba na dispečink SVS, případně městskou policii. Nálezy je třeba zaslat na virologické vyšetření do SVU Praha, Jihlava, Olomouc.

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

- Dle metodického pokynu MZDR 29069/2022-1/OVZ ve 20. KT 2023 skončila virologická sentinelová surveillanca. V souladu s doporučeními WHO a ECDC o provádění celoroční virologické surveillance prosíme o pokračování v zasílání vzorků osob s respiračními příznaky do NRL.
- Současně prosíme o zachování hlášení pro non sentinelovou surveillanci 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, Timotej Šúri, MSc., Alena Janypková

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