



Zpráva NRL ke dni 16. 10. 2023

SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě
NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Obsah:

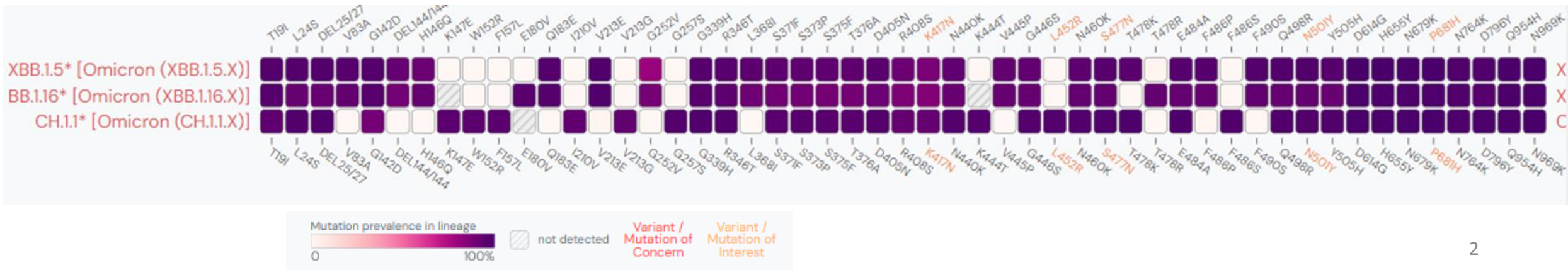
SARS-CoV-2 ČR PCR a molekulární data	Strana 2
SARS-CoV-2 EU/EEA data, aktuální situace	Strana 3 - 7
ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR,	Strana 8
Závěr	Strana 9

Přehled provedených testů za měsíc září/říjen je uveden v tabulce 1 (zdroj ÚZIS), vzhledem k malému počtu vyšetření nelze vyhodnotit diskriminační PCR, vyšetřované mutace neumožňují bližší identifikaci nových variant.

Tabulka 1 : Přehled provedených PCR od 26. 9. do 15. 10. 2023 (ÚZIS)

Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních	Celkový počet diskriminačních PCR
5165	4145	1075	5

SNP ve spike pro vybrané varianty



WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity
Omicron	BA.2.75 (x)	India	(y)	May 2022	Unclear (1)	Similar to Baseline (2-4)	No evidence
Omicron	XBB.1.5 -like (a)	United States	N460K, S486P, F490S	n/a	Baseline (5, 6)	Baseline (v) (5, 7)	Baseline (8)
Omicron	XBB.1.5 -like + F456L (b) (e.g. EG.5 , FL.1.5.1 , XBB.1.16.6 , and FE.1)	n/a	F456L , N460K, S486P, F490S	n/a	Similar to Baseline	Increased (9)	Similar to Baseline

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected
Omicron	XBB.1.16	n/a	E180V, T478R, F486P	n/a
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P	n/a
Omicron	DV.7.1	n/a	K444T, L452R, L455F	n/a
Omicron	XBB.1.5 -like + L455F + F456L (b)	n/a	L455F , F456L , N460K, S486P, F490S	n/a

Kombinace sledovaných mutací (Guelli, GISAID) 456L+478R (FL.1.5.1,XBB.1.16.6,XBB.1.

V centru pozornosti evoluce: **455F/456L**

455F+456L (GK*, DV.7.1)
 52H+456L (EG.5.1, FL.20)
 478R+521S (GJ.1*, XBB.1.16.15)
 478R+K304N (HF.1)
 478R+613H (XBB.1.42.1)
 E554K (FL.10.1)

SARS-CoV-2: Evropa – počty sekvencí, data k 12. 10. 2023

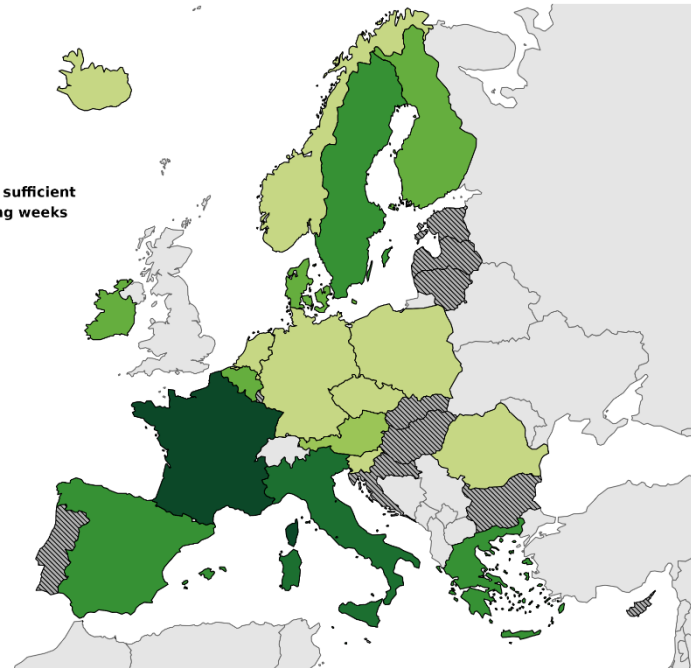


Volume of sequencing or genotyping sufficient to estimate variants circulating during weeks 2023-w38 to 2023-w39 at:

- ≤1% prevalence
- 1% to <2.5% prevalence
- 2.5% to <5% prevalence
- 5% to <10% prevalence
- 10% to <15% prevalence
- ≥15% prevalence
- No data reported
- Not included

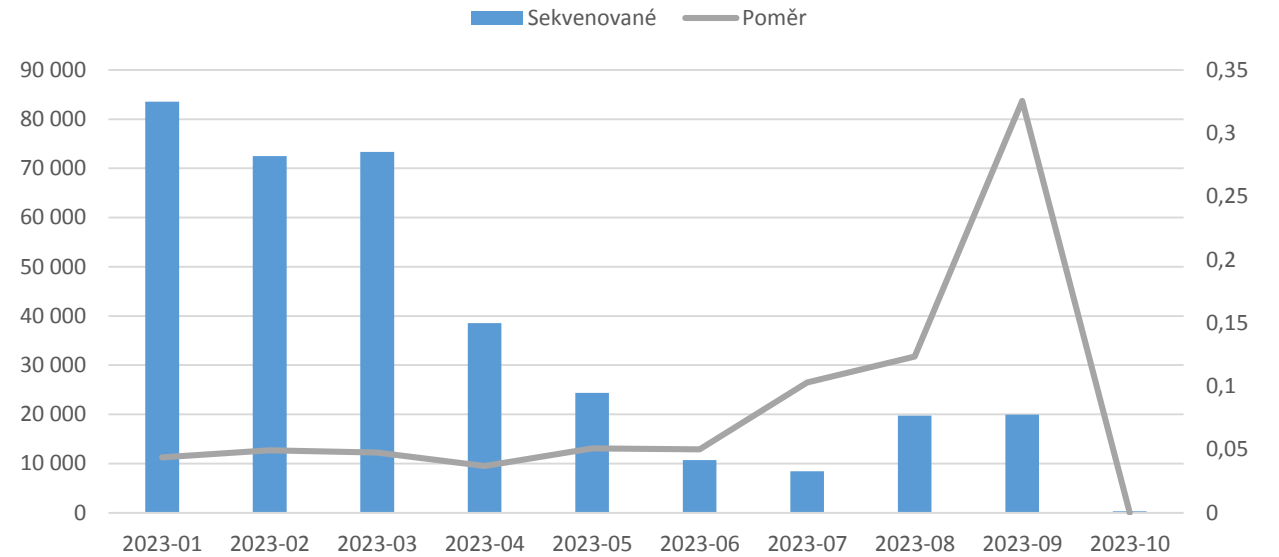
Countries not visible in the main map extent

- Malta
- Liechtenstein

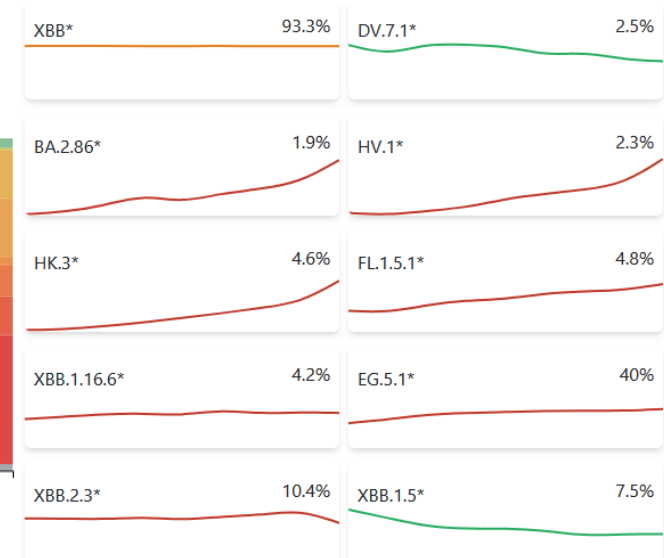
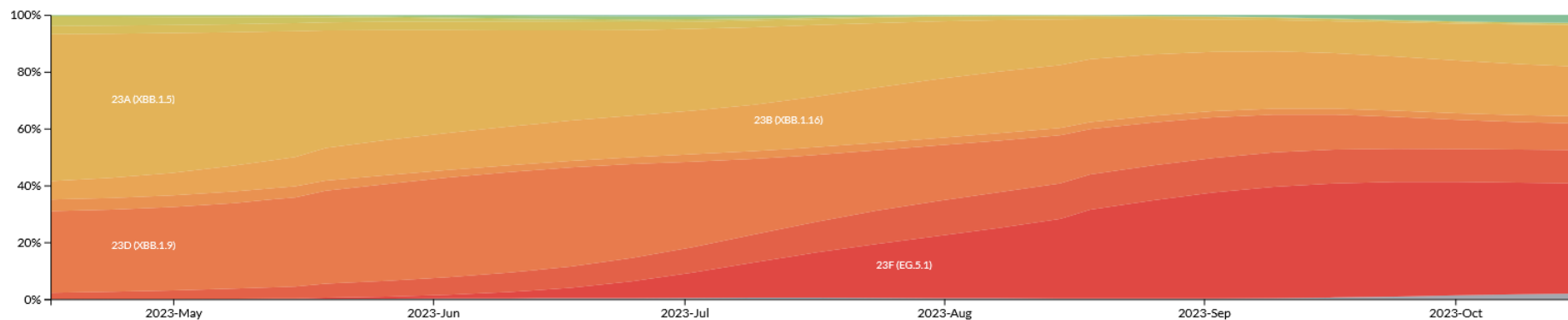


Source: GISAID EpiCoV™ and ECDC TESSy data. Administration boundaries: © Eurographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 12 October 2023

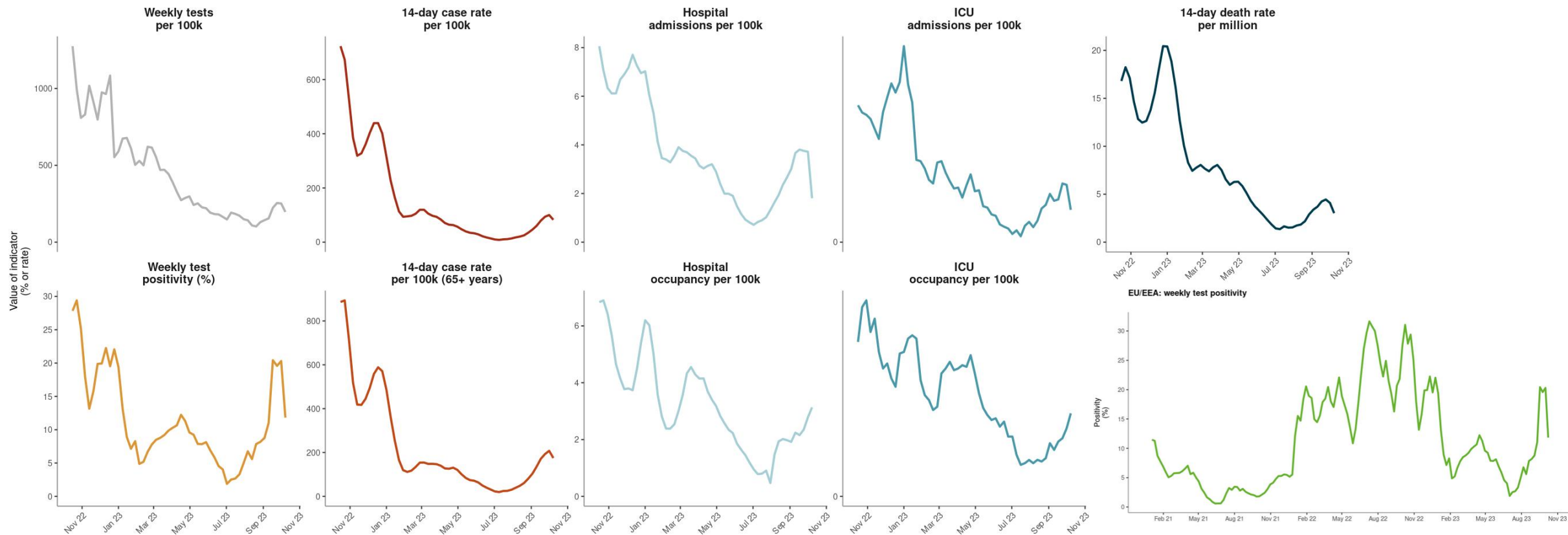
Počet a poměr osekvenovaných vzorků



Frequencies (colored by Clade)

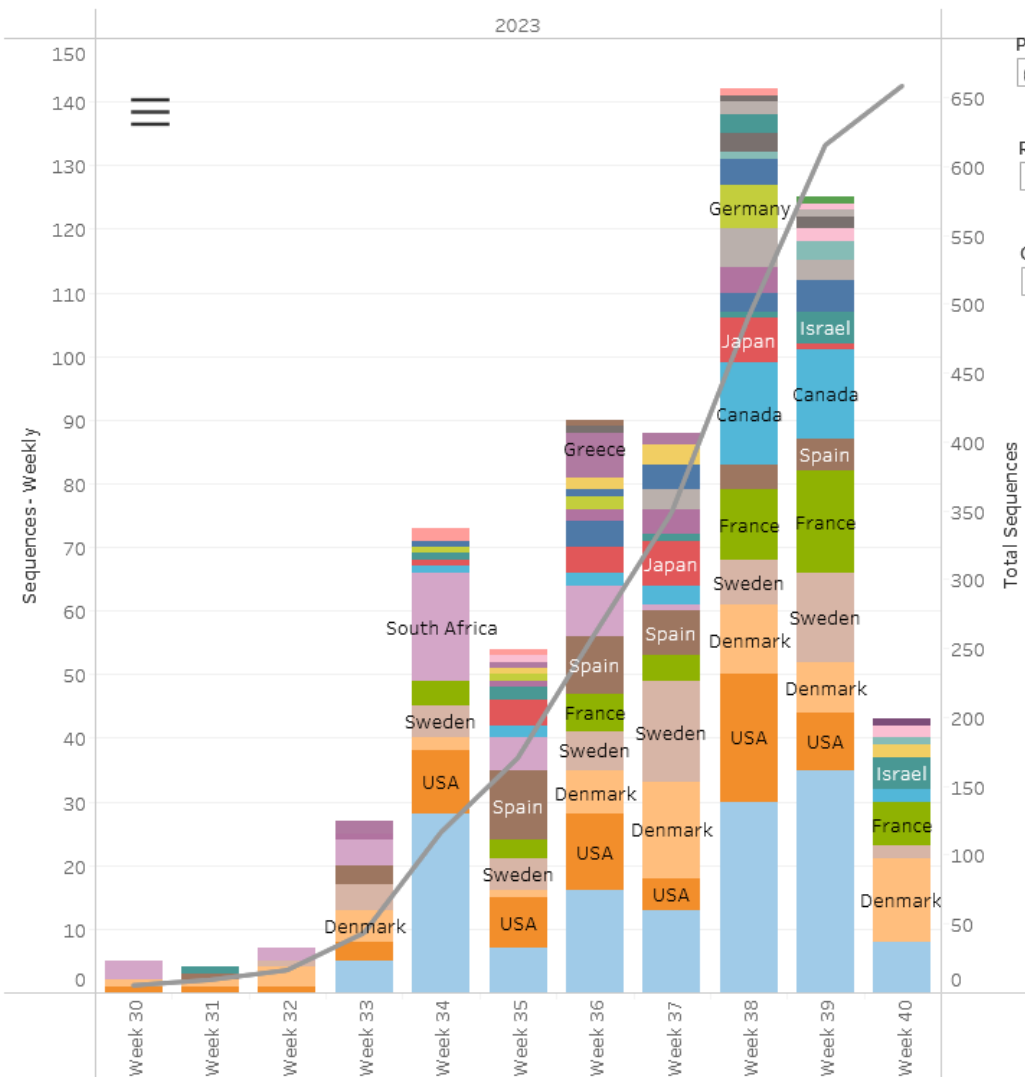


EU/EEA: epidemiological indicators



ECDC, Figure produced 12 October 2023
 Pooled data from Member States (n = 3 for week 40): Hospital occupancy;
 Pooled data from Member States (n = 5 for week 40): ICU occupancy;
 Pooled data from Member States (n = 7 for week 40): ICU admissions;
 Pooled data from Member States (n = 8 for week 40): Hospital admissions;
 TESSy COVID-19 (n = 15 for week 40): 14-day death rate;
 TESSy COVID-19 (n = 18 for week 40): 14-day case rate;
 TESSy COVID-19 (n = 19 for week 40): Tests, Test positivity (%);
 TESSy COVID-19 (n = 21 for week 40): 14-day case notification rate

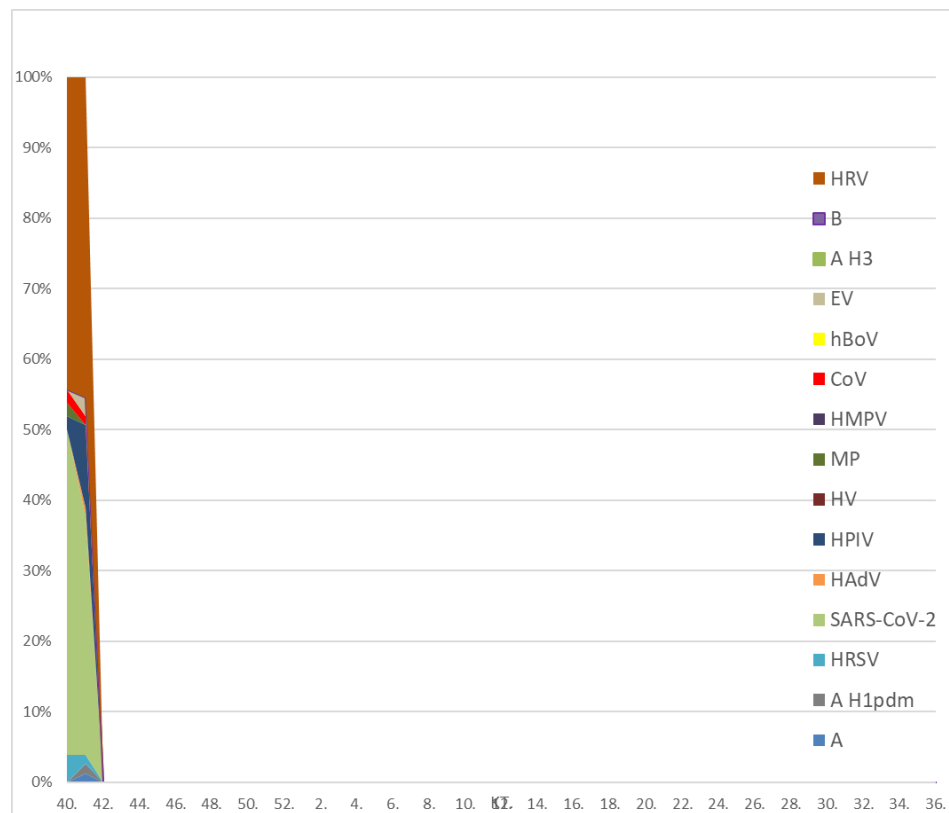
Tracking SARSCoV2 Lineage BA.2.86* over time (Nickname: Pirola)



Počty detekce variant BA.2.86* mírně rostou. Varianta má >35 mutací oproti běžně cirkulující variantě XBB.1.5. Přehled aktuálně detekovaných variant znázorňují obrázky výše.

Tracking BA.2.86* Lineages with signature mutations: M:T30A, Spike:V445H Other mutations: Spike: H69del/V70del (SGTF), Y144del, L452W, V483del, E484K | BA.2.86.1 : Signature mutation ORF1a:K1973R | JN.1 (BA.2.86.1.1) Signature mutation: Spike L455S, ORF1a:R3821K, ORF7b:F19L | Source: GISAID and github.com/olias120676/ukcovid updated 10/14/2023 11:10:29 PM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates |

- Míra respiračních onemocnění v komunitě zůstala zvýšená, částečně způsobená přenosem SARS-CoV-2. I nadále byl hlášen nárůst počtu případů, zejména u starších věkových skupin. To se v některých zemích EU/EHP promítlo do relativně malého nárůstu počtu hospitalizací nebo úmrtí na JIP a úmrtí.
- Míra konzultací pacientů přicházejících k sentinelovému praktickému lékaři s respiračním onemocněním zůstává na podobné úrovni jako ve stejném období loňského roku. V posledních dvou týdnech osm zemí oznámilo nejméně 10 týdenních sentinelových testů s průměrnou týdenní pozitivitou SARS-CoV-2 mezi 4,4 % a 33,6 %.
- Dopad na závažná onemocnění zůstal poměrně omezený. Z 12 zemí s údaji o přijetí/obsazení do nemocnic nebo na JIP do 40. týdne dvě hlásily rostoucí trend v alespoň jednom z těchto ukazatelů ve srovnání s předchozím týdnem. Přestože hladiny zůstávají relativně nízké, u osob ve věku 65 let a více byl hlášen nárůst úmrtnosti po dobu až pěti týdnů
- Odhadovaná distribuce sledovaných variant (VOC nebo VOI) byla:
 - XBB.1.5+F456L 29.9% (2.0–92.9%)
 - XBB.1.5 2.6% (0.3–7.4%)
 - BA.2.75 1.9% (0.5–7.3%)



Kalendářní týden (KT)		40.	41.
Detekce viru	InflA		1
	InflA H ₁ pdm		1
	InflA H ₃		
	InflB		
	HRSV	2	1
	HAdV		1
	HPIV	1	9
	HV		
	MP	1	
	HMPV		
	CoV	1	1
	HRV	23	35
	hBoV		
	EV		2
	SARS-CoV-2	24	26
	Smíšené infekce	12	11
	Negativní	282	336
Celkový počet vyšetření:		346	424

Virologická non sentinelová surveillace: Počet vyšetření se v porovnání s předchozími týdny zvýšil. Majoritně jsou detekovány rhinoviry a SARS-CoV-2.

Poznámka: rozdíl v počtu vyšetřených vzorků v 40. KT z hlášení k 9. 10. a k 16. 10. 2023 je dán dodatečným dohlášením výsledků z laboratoří.

Virologie chřipka, SARS-CoV-2 a respirační viry

- Počet vzorků zaslaných do NRL se v souvislosti s vyhlášením surveillance zvýšil, děkujeme všem zasílajícím KHS za zajištění odběrů od spolupracujících PL a PLDD a organizaci svozu do NRL.
- K nejčastěji detekovaným patogenům patří rhinoviry a SARS-CoV-2. Nemocnost odpovídá předchozím rokům (2021 a 2022).
- NRL přijímá ke confirmaci/sekvenaci vzorky z nemocničních laboratoří (SARS-CoV-2, chřipka A/B).
- Aktuálně se ve světě šíří nová monitorovaná varianta (VUM) BA.2.86, která je významně antigenně odlišná od variant SARS-CoV-2. Přestože není detekována často, stále pozorujeme mírný nárůst počtu detekcí.
- V Evropě dominují varianty SARS-CoV-2 spadající pod omikron: EG.5.1.x, XBB.2.3, XBB.1.5.
- **Dne 1. 11. 2023 pořádá Oddělení respiračních, střevních a exantematických virových nákaz ve spolupráci s Oddělením epidemiologie infekčních nemocí ve velké posluchárně SZÚ Jednodenní konferenci - konzultační den, přihlásit se můžete na webu SZÚ:**
 - <https://szu.cz/udalost/jednodenni-odborna-konference-zamerena-na-virologickou-epidemiologickou-i-klinickou-problematiku-akutnich-respiracnich-a-exantematickych-infekci-strevnich-nakaz-a-infekci-zpusobenych-herpetickymi-vi/>