



Zpráva NRL ke dni 4. 12. 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 - 3
SARS-CoV-2 EU/EEA data, aktuální situace	Strana 4 - 10
ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR	Strana 11
Zoonotická chřipka	Strana 12 - 14
Atypické pneumonie v Evropě	Strana 15
Závěr	Strana 16 - 18

Prosíme o zasílání SARS-CoV-2 (včetně elektronické žádanky) a influenza A/B pozitivních vzorků k sekvenaci. NRL přijímá ke confirmaci/sekvenaci vzorky z nemocničních laboratoří (SARS-CoV-2, chřipka A/B, RSV A/B), prosíme o zasílání vzorků od pacientů hospitalizovaných pro diagnózu chřipku a také o zaslání vzorků pozitivních na chřipku typu A k subtypizaci. Pokud nám pošlete na žádance vaše interní číslo, podáme Vám zprávu o analýzách k danému vzorku.

Přehled provedených testů za aktuální období je uveden v tabulce (zdroj ÚZIS).

Přehled provedených PCR od 14.11. do 03.12. 2023 (ÚZIS)

Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních
7679	6209	2503

Přehled testů dle MZČR (<https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/covid-19>)

Datum	Počet pozitivních detekcí
03.12.2023	154
02.12.2023	137
01.12.2023	1722
30.11.2023	1710
29.11.2023	1721
28.11.2023	2010
27.11.2023	2821
26.11.2023	162
25.11.2023	134
24.11.2023	1308
23.11.2023	1323
22.11.2023	1524
21.11.2023	1675
20.11.2023	2392
19.11.2023	125
Celkem	18 918,00



Evropa:

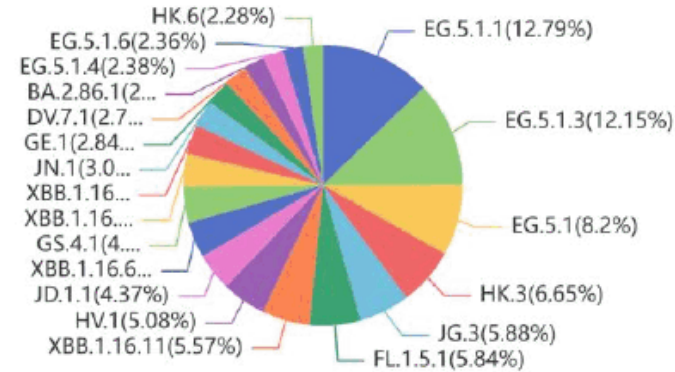
Odhadovaná distribuce (medián a IQR podílů ze 16 zemí) variant zájmu (VOI) byla:

- 51% (43–63%) pro XBB.1.5+F456L,
- 19% (11–30%) pro BA.2.86,
- 10% (6–14%) pro XBB.1.5,
- 1% (0–2%) pro BA.2.75

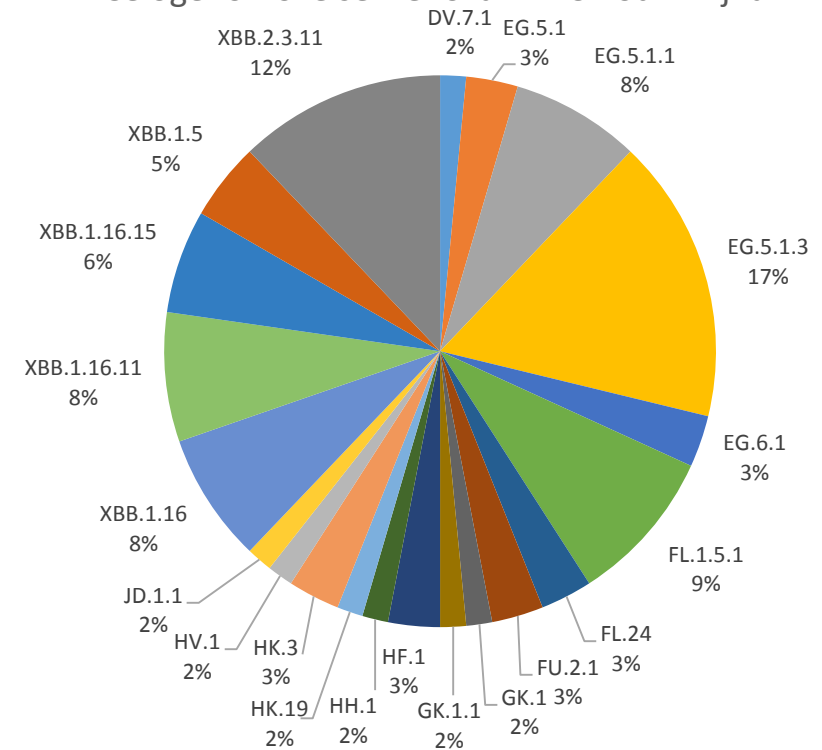
Podíl BA.2.86 včetně příbuzných variant HV.1 a JN.1 vzrůstá, XBB.1.5-like+F456L stagnuje a XBB.1.5 vykazuje trvale klesající trend.

V ČR stále dominují XBB.1.5 like a XBB.1.9.2 like varianty, BA.2.86 like (Pirola) jsme zachytili pouze ve třech případech, a to HV.1 na Jihlavsku, Jičínsku a Hradci Králové. Klinickými příznaky se HV.1 neliší od BA.2.86, ale snadněji se šíří v populaci.

Europe



Celogenomové sekvenování v ČR od 1. října.





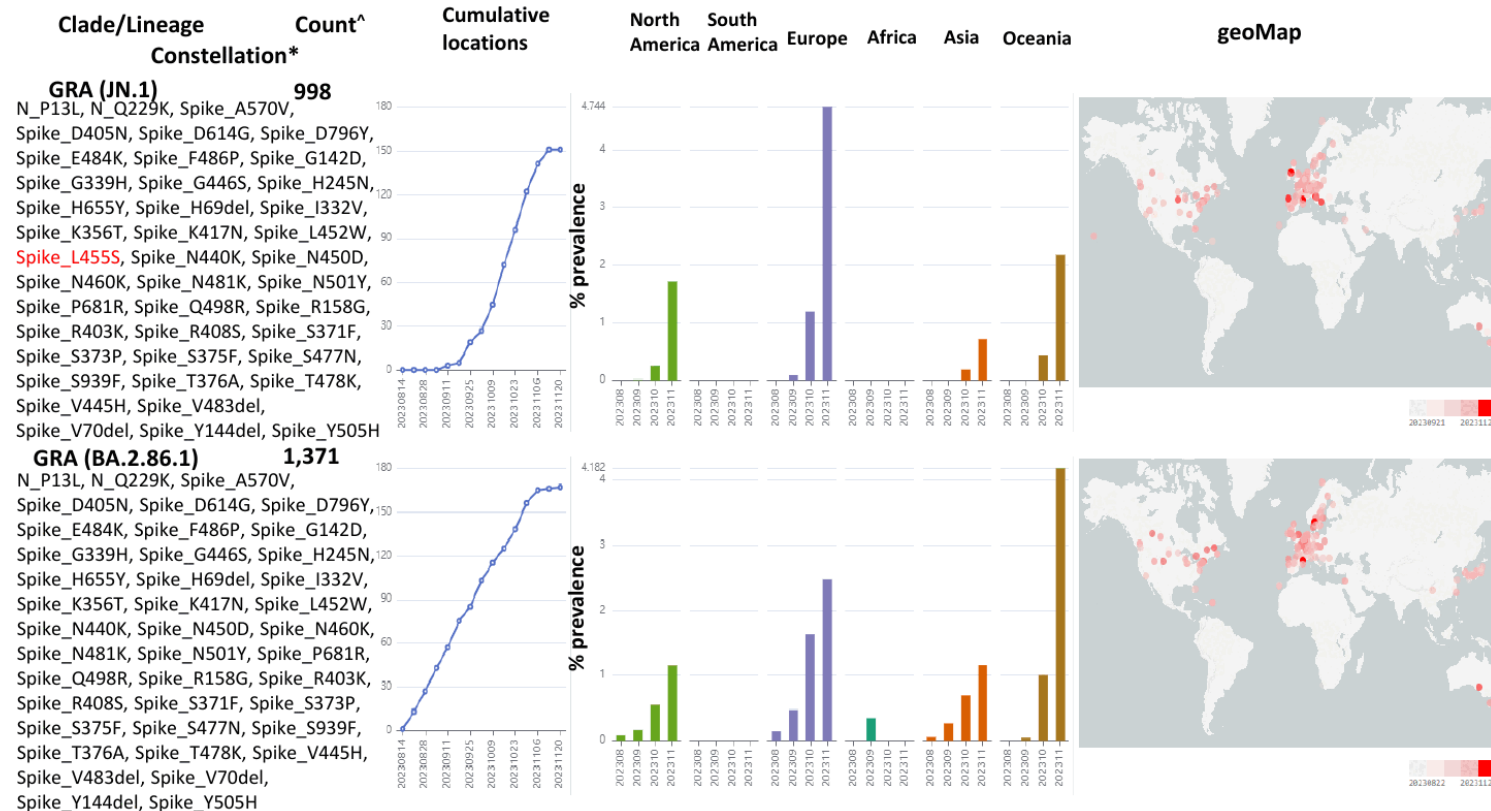
SARS-CoV-2: Nově se rozšiřující varianty a VOI

VOI dle ECDC ze dne 01.12.2023

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	Similar to Baseline (5, 6)	Reduced (v) (5, 7)	Similar to 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	Baseline	Baseline (9)	Baseline
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P	n/a	Unclear (10)	Unclear (10-12)	No evidence

Emerging variant analysis 2023-11-28

Emerging Variants by Spread



*Constellation of aa changes shown in literature to have phenotypic effects such as antibody escape, ACE2 binding, changes in Spike protein expression and stability, as curated by CoVsurver. Constellations in **Emerging Variants by Spread** are ranked by gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges. AA change in the constellation that differs from other common changes seen in the lineage are highlighted in orange.



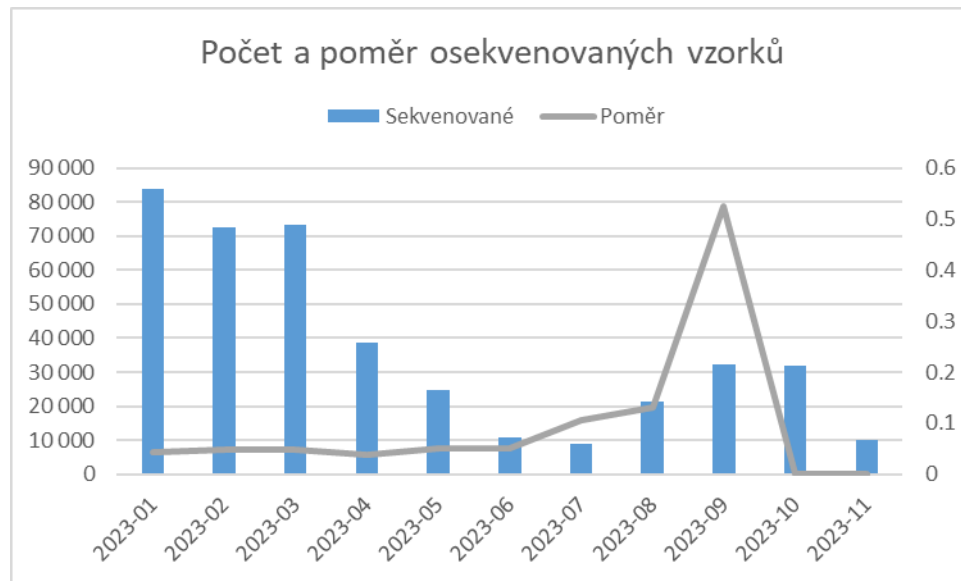
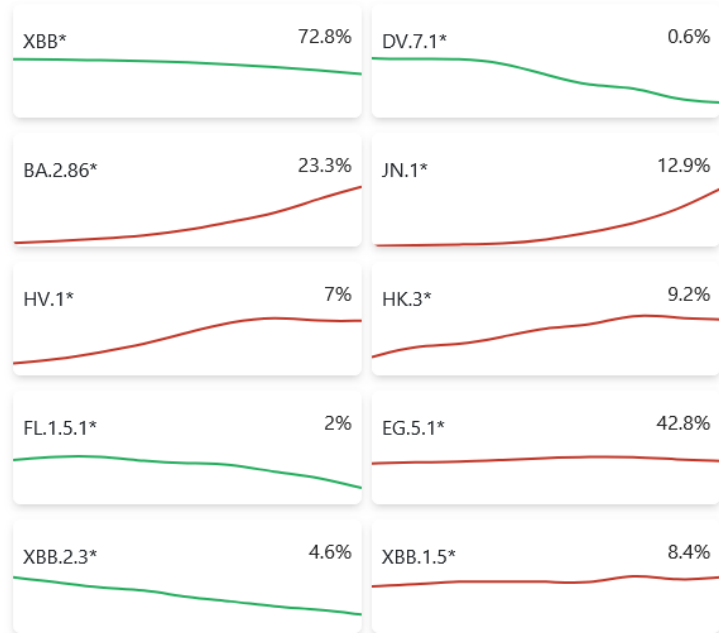
by BII/GIS, A*STAR Singapore

SARS-CoV-2: Evropa – počty WGS k 3. 12. 2023

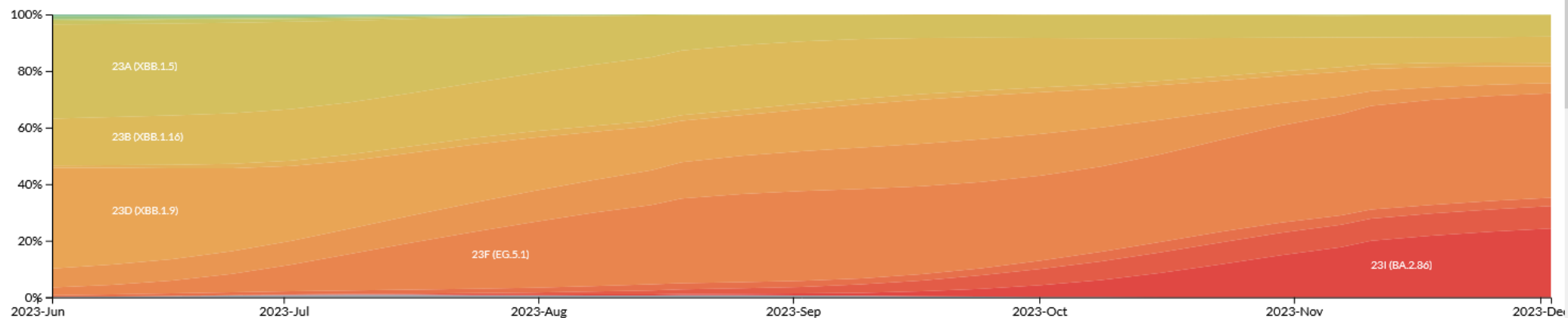
Known variants

Which variant would you like to explore?

Editor's choice ▼



Frequencies (colored by Clade)



SARS-CoV-2: vzestupný trend BA.2.86 like ve Spojeném Království a Francii

Vzestupný trend od Piroly odvozených variant SARS-CoV-2 je detekován v zemích s vyšší mírou počtu sekvenovaných vzorků, na obrázku vpravo znázorněn trend ve Spojeném království a Francii.

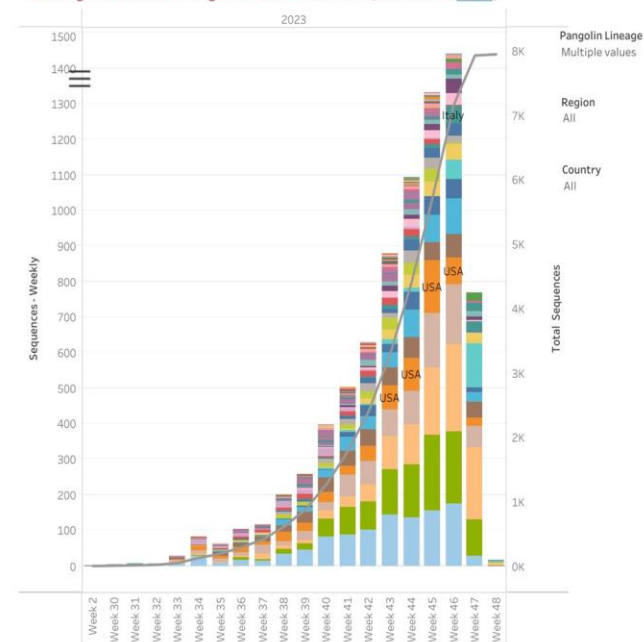
Country	Pangolin LI.	Division	Min. Date	Max. Date	Count
United Kingdom	BA.2.86.1	England	8/16/2023	11/21/2023	325
		Scotland	8/16/2023	11/19/2023	70
		Wales	10/13/2023	11/14/2023	13
		Northern Ireland	9/17/2023	11/2/2023	8
	JN.2	England	8/26/2023	11/21/2023	120
		Scotland	9/4/2023	11/16/2023	52
		Wales	9/19/2023	11/9/2023	6
	JN.1	England	9/18/2023	11/20/2023	138
		Scotland	10/7/2023	11/18/2023	17
		Wales	10/8/2023	10/16/2023	2
	JN.3	England	8/13/2023	11/21/2023	110
		Wales	8/31/2023	11/13/2023	22
		Scotland	9/29/2023	11/15/2023	17
	Northern Ireland		10/2/2023	10/27/2023	5
	BA.2.86.2	England	8/31/2023	11/20/2023	56
		Wales	11/8/2023	11/8/2023	2
	JN.5	England	9/7/2023	11/16/2023	22
		Scotland	9/28/2023	11/9/2023	5
		Wales	9/25/2023	10/5/2023	4
	JN.1.1	England	9/29/2023	11/19/2023	25
		Scotland	10/28/2023	11/14/2023	5
BA.2.86.3	England	9/25/2023	11/21/2023	16	
	Scotland	11/9/2023	11/9/2023	1	
BA.2.86	England	10/6/2023	11/15/2023	12	
	Scotland	10/13/2023	10/24/2023	5	
JN.5.1	England	10/19/2023	11/12/2023	13	
	Scotland	10/10/2023	10/10/2023	1	
JN.9	Wales	10/11/2023	10/13/2023	3	
	Scotland	10/31/2023	10/31/2023	2	
	England	11/20/2023	11/20/2023	1	
JN.4	England	10/23/2023	11/16/2023	5	
	Wales	10/12/2023	10/12/2023	1	
BA.2.86.5	England	10/14/2023	11/4/2023	5	
JQ.1	England	9/13/2023	10/31/2023	4	
JN.2.1	Scotland	11/8/2023	11/10/2023	3	
	England	10/5/2023	10/5/2023	1	
XDD	England	11/15/2023	11/15/2023	1	
JN.8	England	11/14/2023	11/14/2023	1	
JN.3.1	Scotland	10/20/2023	10/20/2023	1	
France	JN.1.1	Ile-de-France	9/10/2023	11/13/2023	166
		Auvergne-Rhone-Alpes	9/29/2023	11/20/2023	74
		Grand Est	10/2/2023	11/13/2023	60
		Hauts-de-France	9/25/2023	11/14/2023	53
		Provence-Alpes-Cote d'Azur	10/9/2023	11/20/2023	40
		Occitanie	9/25/2023	11/20/2023	40
		Centre-Val de Loire	10/9/2023	11/20/2023	32
		Nouvelle-Aquitaine	10/2/2023	11/20/2023	22
		Normandie	9/18/2023	11/14/2023	22
		Bourgogne-Franche-Comte	9/25/2023	11/14/2023	17
		Pays de la Loire	10/16/2023	11/13/2023	15
		Bretagne	10/11/2023	11/21/2023	13
		Corse	11/20/2023	11/20/2023	3

Tracking SARS-CoV-2 BA.2.86* Lineage over time | Min. Date/Max. Date = Earliest/ Latest Sample Collection Dates | Data is dynamic and the recent epiweek is incomplete | ^Includes airport surveillance and targeted sequencing data

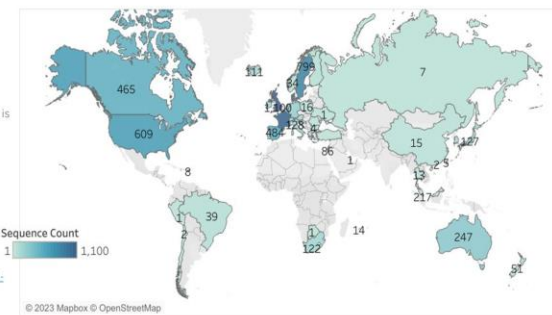
More info on BA.2.86* lineages:

1. First Report: https://twitter.com/shay_fleishon/status/1690684068642357248
2. PANGO Issue: <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/2183>
3. Relative Growth Advantages of top lineages: <https://cov-spectrum.org/collections/247highlightedOnly?country=United+States>
4. <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#data-tracker-home>
5. Nicknames: <https://whn.global/common-names-for-variants/>
6. Global Lineage 30 day Trends: https://public.tableau.com/app/profile/rai_rainarayanan/viz/ConvergentLineages-VariantsSoup-World/G20
7. <https://www.cdc.gov/respiratory-viruses/whats-new/covid-19-variant.html>

Tracking SARS-CoV-2 Lineage BA.2.86* over time (Nickname: [Pirola](#))



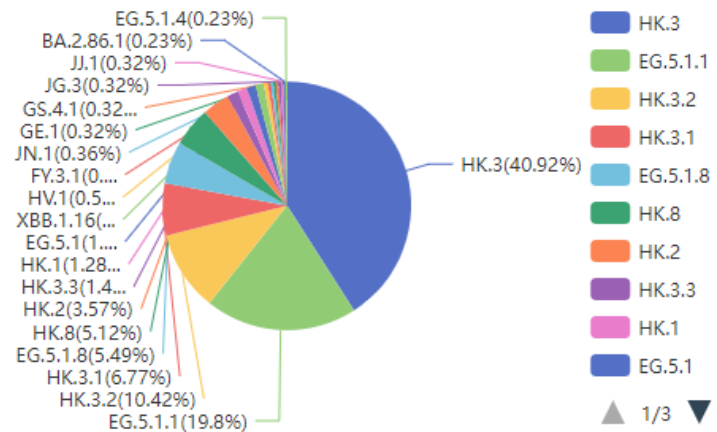
Tracking BA.2.86* Lineages with signature mutations: M:T30A, Spike:V445H Other mutations: Spike: H69del/V70del (SGTF), Y144del, L452W, V483del, E484K | BA.2.86.1: Signature mutation ORF1a:K1973R | JN.1 (BA.2.86.1.1): Spike L455S, ORF1a:R3821K, ORF7b:F19L | JN.2 (BA.2.86.1.2): ORF1a:V621C | JN.3 (BA.2.86.1.3): ORF1a:T2087I | JN.3.1 (BA.2.86.1.3.1): Spike L922F, ORF7a:T28I | JN.4 (BA.2.86.1.4): Spike A475V, w/o C1281S | JN.5 (BA.2.86.1.5): N:T135I | JN.6 (BA.2.86.1.6): Spike V193L | JN.7 (BA.2.86.1.7): Spike G594S | JN.8 (BA.2.86.1.8): Spike T299I | JN.9 (BA.2.86.1.9): Spike M1229I | BA.2.86.2: ORF7a:E22D | BA.2.86.3: C22T, C1960T, T12775C | JQ.1 (BA.2.86.3.1): Spike T95I | Source: GISAID and github.com/olias120676/ukcovid updated 12/2/2023 4:39:34 AM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates



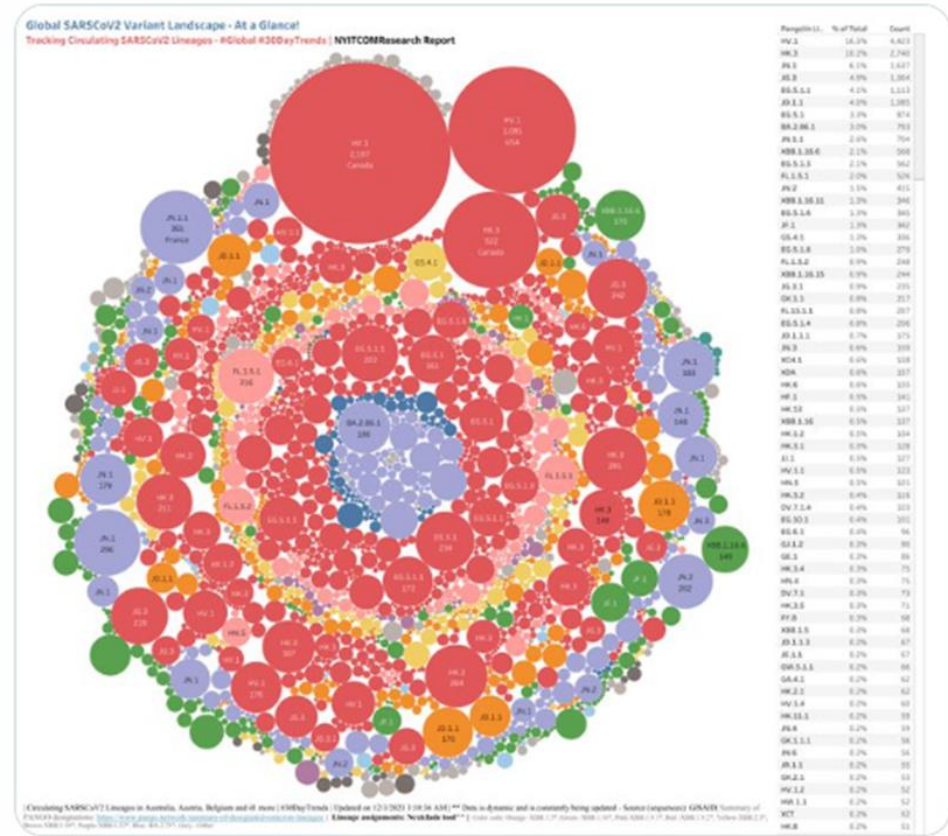
Od října vykazují varianty odvozené od BA.2.86 - Pirola, (JN.x, především JN.1 a HV.1) rostoucí trend, naopak varianty odvozené od EG.5.1.1 – Erik (především HK.3) vykazují v globálních datech postupný pokles, i když v některých zemích tato varianta stále převládá (např. Čína).



Přehled variant cirkulujících v Číně (1. 10. – 3. 12. 23)



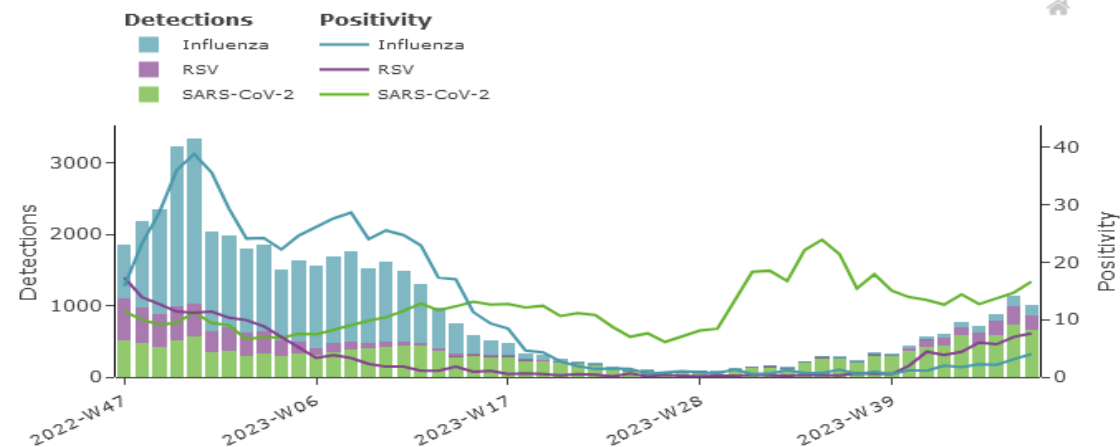
- HV.1 (16.5%)
 - HK.3 (10.2%)
 - JN.1 (6.1%)
 - JG.3 (4.9%)
 - EG.5.1.1 (4.1%)
 - JD.1.1 (4%)...
- [Show more](#)



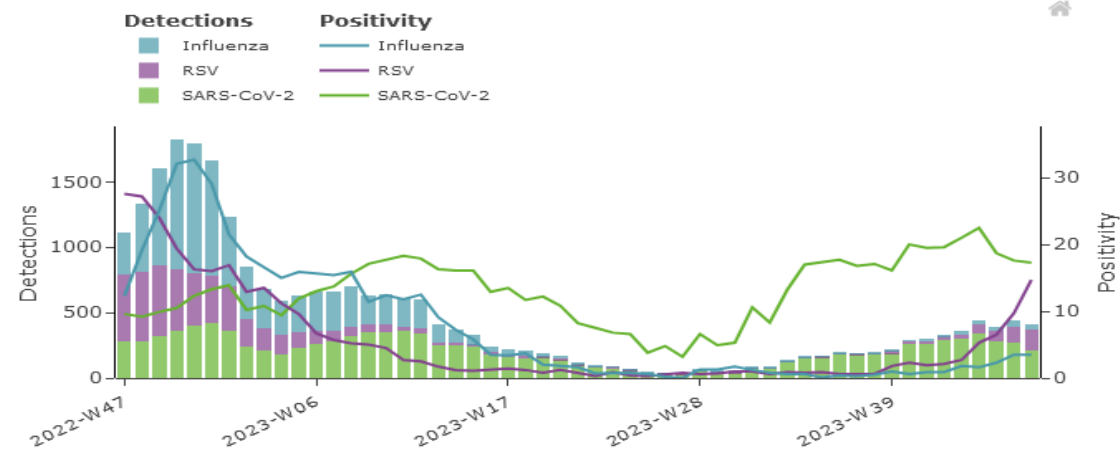
- Do konce 47. týdne se v mnoha zemích EU/EEA zvyšoval výskyt respiračních onemocnění a/nebo akutních respiračních infekcí. Počty případů závažných akutních respiračních infekcí přecházejících do sekundární péče byly srovnatelné se stejným obdobím loňského roku.
- SARS-CoV-2 nadále cirkuluje na vyšších úrovních než sezónní chřipka a respirační syncytiální virus (RSV). Země na jihu EU/EHP hlásí většinou klesající trend v incidenci covid -19, zatímco země na severu hlásí rostoucí trend.
- Indikátory závažnosti, přijetí do nemocnice, jednotka intenzivní péče (JIP) a úmrtnost nadále vykazovaly nárůst ve 45. nebo 46. týdnu, zejména ve věkové skupině 65 let a více.
- Aktivita RSV se nadále zvyšovala, přičemž nejvyšší dopad je u dětí ve věku 0–4 let.
- Aktivita sezónní chřipky zůstala na nízké úrovni, ačkoli existují důkazy o rostoucí intenzitě a geografickém rozšíření v některých zemích; 3 země překročily hranici 10 % positivity (Uzbekistán 61 %, Litva 18 % a Španělsko 12 %).
- Do 47. týdne bylo osekvenováno 6 vzorků A/H1N1, všechny patřily do clade 5a.2a (A/Sydney/5/2021 like) a všechny viry A/H3N2 (n=4) patřily do clade 2a, tedy A /Darwin/9/2021, like, H3N2 zcela odpovídá vakcinálnímu kmenu, H1N1pdm se geneticky mírně liší, ale antigenně odpovídá vakcinálnímu kmenu pro sezónu 2023/24.

- Procento všech pozitivních detekcí viru chřipky v sentinel surveillanci zůstalo pod 10% prahem epidemie, došlo k vzestupu na 4 % ve srovnání se 3 % v předchozím týdnu.
- Detekce viru chřipky hlášené ze sentinelové primární péče za minulý týden (n=157) byly hlavně viry chřipky typu A (95 %), 85 vzorků bylo subtypováno - podíl A(H3) byl 51 % a podíl A(H1)pdm09 činil 49 %.
- Úroveň positivity SARS-CoV-2 byla 17 % ve srovnání s 15 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 28 zemí a oblastí byla 16 % (rozsah: 0 %–69 %). Rostoucí trend v pozitivitě SARS-CoV-2 byl tento týden pozorován ve 13 reportujících zemích.
- Detekce RSV stoupla na 8 % ve srovnání se 7 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity zemí pro 21 zemí a oblastí byla 8% (rozsah: 0 %-100 %). Rostoucí trend v pozitivitě RSV byl od minulého týdne pozorován v osmi zemích.

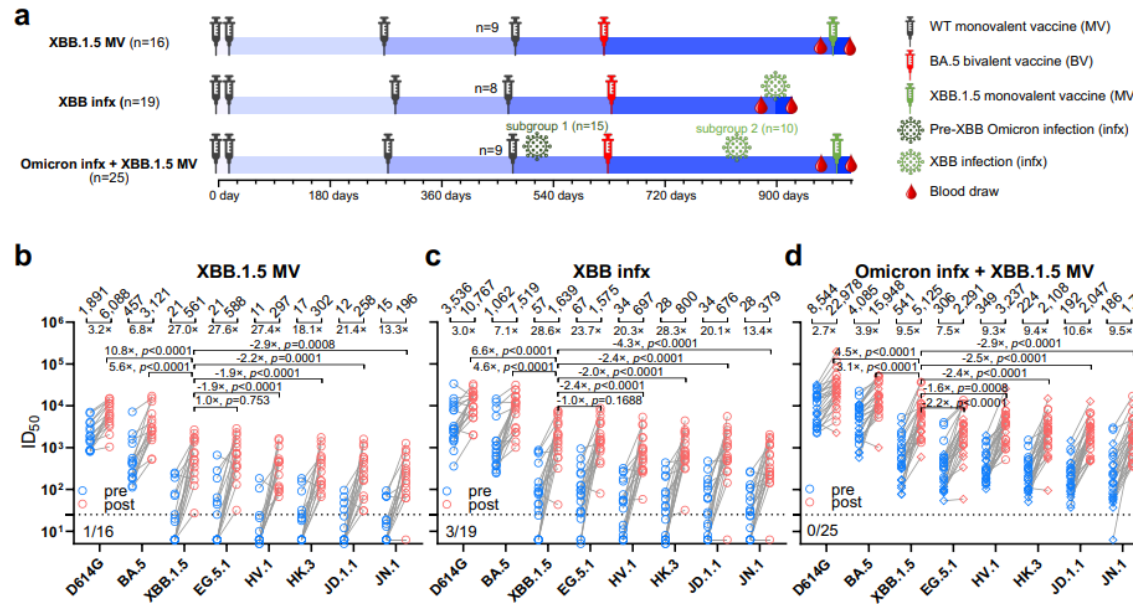
Primary care sentinel testing



Secondary care sentinel testing



bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2023.11.26.568730>; this version posted November 27, 2023. The copyright holder for this preprint (which was not certified by peer review) is the author/funder, who has granted bioRxiv a license to display the preprint in perpetuity. It is available under aCC-BY-NC-ND 4.0 International license.



Z výše uvedených experimentů vyplývá, že aktuálně podávaná vakcína poskytuje relativně srovnatelnou ochranu s předchozím onemocněním.

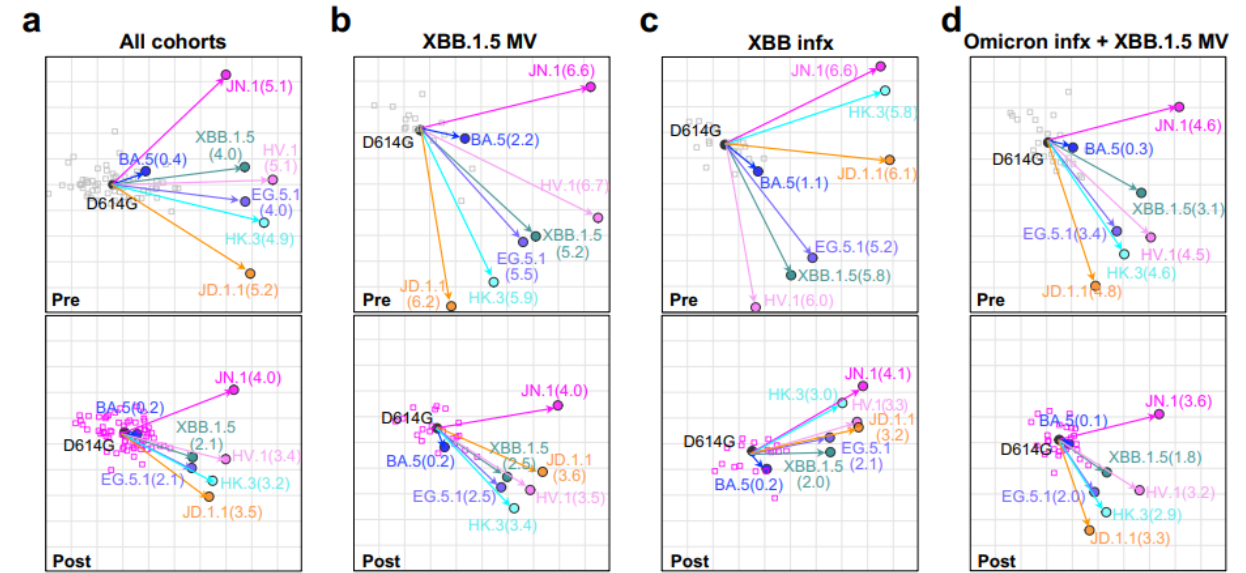
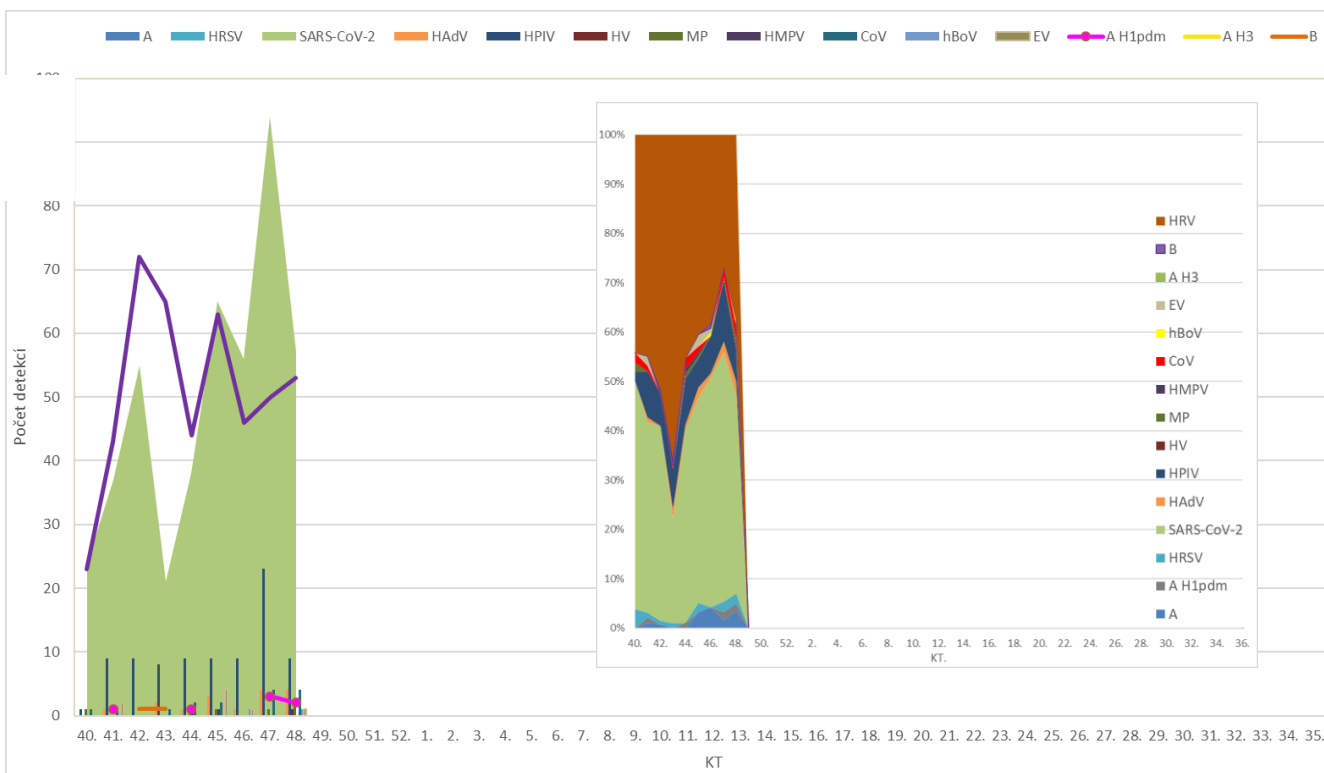


Figure 3. Antigenic cartography of serum virus-neutralizing data.

Antigenic maps for all cohorts (a), the XBB.1.5 monovalent vaccine (XBB.1.5 MV) cohort (b), the XBB infection (XBB infx) cohort (c), and the infection + XBB.1.5 monovalent vaccine (Omicron infx + XBB.1.5 MV) cohort (d). The top row shows antigenic maps generated with pre-XBB sera, and the bottom row shows maps generated with post-XBB sera. The length of each square in the antigenic maps corresponds to one antigenic unit and represents an approximately 2-fold change in ID₅₀ titer. Virus positions are shown in closed circles, while serum positions are shown by gray squares (pre-XBB sera) or pink squares (post-XBB sera). Antigenic distance from D614G is shown for each virus in parenthesis.

ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 48. KT



Kalendářní týden (KT)		40.	41.	42.	43.	44.	45.	46.	47.	48.
Detekce viru	A		1	1			5	5	3	5
	A H ₁ pdm		1			1			3	2
	A H ₃									
	B			1	1			1		
	HRSV	2	1	1	1		3		4	3
	HAdV		1		2	1	3	1	4	4
	HPIV	1	9	9	8	9	9	9	23	9
	HV									1
	MP	1				1	1		1	2
	HMPV					1	1			
	CoV	1	1		1	2	2		4	4
	HRV	23	43	72	65	44	63	46	50	53
	hBoV							1		1
	EV		2				4	1		1
	SARS-CoV-2	24	37	55	21	38	65	56	94	57
	SM	12	11	9	11	8	7	11	12	14
	negativní	282	364	440	341	442	545	458	518	367
Celkový počet vyšetření:		346	471	588	451	547	708	589	716	523

• V sentinel surveillance bylo ve 48. KT vyšetřeno 45 vzorků z 54 doručených do NRL, k nejčastěji detekovaným patogenům SARS-CoV-2 (20 %), rhinoviry (29 %), v jednom případě byl prokázán virus chřipky A/H1pdm 2009 a v jednom případě virus chřipky typu B.

• V non-sentinel surveillance patří k nejčastěji detekovaným patogenům SARS-CoV-2 (36 %), rhinoviry (34 %) a viry parainfluenzy (6 %), ojediněle je detekován virus chřipky A/H1pdm 2009

Legenda:

A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Infekce člověka chřipkou A(H1N2)v – Spojené království – 2023

- Ve Spojeném království byl hlášen jeden případ infekce virem prasečí chřipky A(H1N2) varianty (clade 1b.1.1). Chřipka A(H1N2) nebyla hlášena jinde ve světě, ale je podobná virům zjištěným u prasat ve Spojeném království.
 - Dosud nebyl zjištěn žádný přenos z člověka na člověka, ale probíhají další vyšetřování.
 - Ojedinelé případy se mohou objevit po expozici prasatům kvůli vysoké prevalenci virů prasečí chřipky v populaci prasat.
- K zajištění důkladného vyšetření všech případů a rychlého rizika se používají specifické protokoly.

Chřipka A(H5N1) – infekce člověka

- Kambodžské ministerstvo zdravotnictví oznámilo dva nové případy nákazy ptačí chřipkou A(H5N1) u lidí, včetně jednoho úmrtí. Obě osoby pocházejí ze stejné vesnice v provincii Kampot a obě měly v anamnéze kontakt s uhynulou drůbeží.
 - Onemocnění bylo vyvoláno virem patřícím do clade 2.3.2.1c, která je v regionu endemická .
 - Dosud nebyl hlášen žádný přenos z člověka na člověka spojený s touto událostí.
 - Hodnocení rizik ECDC zůstává nezměněno. Viry clade 2.3.2.1c se v Evropě nevyskytují.
 - Celkem bylo od roku 2004 ve 23 zemích celosvětově bylo zaznamenáno 882 lidských případů ptačí chřipky A(H5N1), včetně 461 úmrtí (CFR: 52,2 %).
 - Riziko přenosu zoonotické chřipky v zemích EU/EEA je považováno za nízké.
- Riziko pro profesionálně exponované skupiny, bylo vyhodnoceno jako nízké až střední.

Současná epidemie u volně žijících ptáků již překonala epidemii z předchozího roku, pokud jde o celkový počet záchytů viru HPAI.

Ohniska ve 21 zemích Evropy

- Drůbež – 25 (většina ve Spojeném království)
- volně žijící ptáci – laboratorně vyšetřeno 482 ptáků, nejvíce postiženi mořští ptáci rozmnožující se v koloniích
- většina těchto ohnisek se seskupila podél pobřeží

SAVCI

- 26 farem - chov kožešinových zvířat ve Finsku (norek americký, liška obecná, liška polární a psík mývalovitý) –
 - Jako zdroj infekce byli vypátráni raci (2.3.4.4.b clade).

Onemocnění člověka

- Spojené království - dvě detekce viru A(H5N1) clade 2.3.4.4b
- Kambodža – 2 případy, jeden fatální (původce endemický virus patřící do clade 2.3.2.1c)
- Čína - tři případy A(H5N6) a dva případy infekce A(H9N2)
- **Riziko v Evropě zůstává pro běžnou populaci v EU/EEA nízké.**
- **Riziko infekce nízké až střední pro osoby z povolání nebo jinak vystavené infikovaným ptákům nebo savcům (divokým nebo domestikovaným); v závislosti na úrovni expozice.**

- **Testování a subtypizace viru chřipky přiměřené epidemiologické situaci a kapacitám referenčních laboratoří a bez přetěžování zdravotní péče a laboratorních kapacit**
- Hospitalizovaní pro respirační infekci – nutno zjistit epidemiologickou anamnézu, tedy expozici nemocným nebo uhynulým ptákům, divokým nebo jiným zvířatům dva týdny před nástupem příznaků.
- Vzorky od hospitalizovaných pacientů s těžkým průběhem SARI pozitivních na virus chřipky typu A je nutné subtypizovat, zejména pokud se předpokládá, že jsou součástí nozokomiálního ohniska.
- Nesubtypovatelné vzorky testovat na viry ptačí chřipky.
- Doporučeno testování hospitalizovaných pacientů s nevysvětlenou virovou encefalitidou/meningoencefalitidou na virus sezónní chřipky. Vzorky pozitivní na virus typu A nutno subtypizovat.
- Klastry respiračních infekcí vyžadujících hospitalizaci by měly být vyšetřeny a testovány na viry ptačí a jiné chřipky, pokud rutinní test neprokáže jiný respirační patogen.
- Sledování odpadních vod by mohlo být považováno za doplňkový monitorovací systém lokálně v postižených oblastech, avšak zatím existují velmi omezené zkušenosti a důkazy o sledování odpadních vod, které se používají k identifikaci nízké úrovně cirkulace infekcí virem zoonotické chřipky v populaci.
- V NRL pro chřipku a nechřipková virová respirační onemocnění a v NRL pro enteroviry SZÚ toto testování probíhá v 16 odběrových místech shodných s polio surveillance, testování zahájeno v dubnu 2023 (tedy po odeznění chřipkové epidemie), doposud detekovány různé respirační patogeny, nikoli viry chřipky – pro nízkou aktivitu .

Nárůst respiračních infekcí způsobených *Mycoplasma pneumoniae* v zemích EU/EEA v sezóně 2023/2024

- Šest zemí EU/EEA hlásilo nedávný nárůst detekce *Mycoplasma pneumoniae* na vnitrostátní úrovni nebo v konkrétních nemocničních laboratořích.
- Epidemie infekcí *M. pneumoniae* se objevují periodicky, typicky každý jeden až tři roky. Nemoc je přenášena blízkým kontaktem s infikovaným jedincem.
- Nedávný nárůst pozorovaných detekcí může odrážet typickou periodickou recidivu *M. pneumoniae* v komunitách a je potenciálně zhoršen tříletým obdobím velmi omezeného přenosu a detekce *M. pneumoniae* v zemích EU/EHP.
- Ačkoli případy infekce *M. pneumoniae* nepodléhají hlášení ve většině zemí EU/EHP, přesto zůstává důležité nadále sledovat výskyt atypických a/nebo těžkých forem onemocnění, popř. průkaz rezistence na antibiotika.

- Případy zápalů plic s pozitivní detekcí *Mycoplasma pneumoniae* vykazují pozitivní korelaci s oblastmi s rostoucím trendem BA.2.86 like SARS-CoV.2. Zda předchozí infekce těmito variantami ovlivňují epidemickou vlnu *Mycoplasma pneumoniae* Je předmětem podrobnějšího výzkumu.

ČR

- V sentinel surveillance i non sentinel surveillance patří k nejčastěji detekovaným patogenům SARS-CoV-2 (20, respektive 36 %), rinoviry (29, respektive 34 %). Zaznamenáváme sporadické detekce viru chřipky A/H1pdm 2009 a v jednom případě jsme detekovali virus chřipky typu B, pouze sporadicky je detekován RSV. Všechny kmeny viru chřipky A byly subtypovány jako H1pdm 2009.
- Dle hlášení z vyšetřujících laboratoří v ČR nedochází ke zvýšenému počtu detekcí *Mycoplasma pneumoniae*.
- SARS-CoV-2: V ČR doposud detekujeme pouze 3 případy HV.1 ze 148 vzorků WGS od 1.9. 2023. V NRL sekvenujeme metodou WGS všechny SARS-CoV-2 pozitivní vzorky, které detekujeme v rámci surveillance a které nám jsou zaslány z laboratoří. Stejně tak sekvenujeme všechny vzorky s pozitivní detekcí viru chřipky A i B a to opět celogenomovou sekvenací (WGS).

Vakcinace

- Vakcína proti chřipce aktuálně odpovídá cirkulujícím kmenům.
- XBB.1.5 booster vakcína dle dostupných literárních údajů poskytuje protekci nejen proti variantám odvozeným od XBB.1.5 (např Erik), ale stejně tak i proti aktuálně cirkulujícím variantám podobným BA.2.86. Aktuálně podávaná vakcína poskytuje relativně srovnatelnou ochranu s předchozím onemocněním.

Odpadní vody:

V odpadních vodách nedetekujeme zvýšené množství SARS-CoV-2, ale nález mutace BA.2.86 ve vzorcích odebraných v druhé polovině listopadu ze severní z Ostravy a Brna naznačuje postupné šíření BA.2.86 varianty.

Detekce *Mycoplasma pneumoniae* v surveillance

Tento bakteriální parazitující patogen není součástí virologické surveillance, obvykle vyšetřujeme pouze u negativních vzorků na celý respirační panel po ukončení sezóny.

V non sentinel surveillance je nahlášeno ze spolupracujících laboratoří malé množství pozitivních vzorku, toto hlášení je pouze dobrovolné a může se stát, že vzorky, které jsou postupně dotestovány zatím nejsou dohlášeny. Tuto situaci nyní koordinujeme tak, abychom měli podchyceny veškeré detekce ve skupině spolupracujících laboratoří od 40 KT.

Nemocnost akutních respiračních infekcí v ČR ve 48. kalendářním týdnu dosáhla úrovně 1457 nemocných na 100 000 osob, což představuje vzestup o 8,9 % oproti minulému týdnu.

Nemocnost nad 1500/100 000 je hlášena z pěti krajů, konkrétně z Jihomoravského, Vysočiny, Královéhradeckého, Karlovarského a Zlínského.

Nemocnost je mírně zvýšená než je v daném období obvyklé, ale nejedná se o epidemický výskyt. Vyvolavateli akutních respiračních onemocnění je v současnosti celá řada respiračních virů s významným podílem viru SARS-CoV-2. Chřipka se je zatím hlášena jen ojediněle.

Nadále lze doporučit očkování proti chřipce i proti covid-19, zejména pro seniory a osoby s chronickým onemocněním.

MUDr. Jan Kynčl, PhD.

EU/EEA

- Detekce SARS-CoV-2 pozitivních případů má mírně rostoucí trend v severních zemích, detekce viru chřipky postupně narůstá, ale zatím se nepřesahuje 10% záchyt vyjma 3 zemí (Uzbekistán 61 %, Litva 18 % a Španělsko 12 %). Detekce RSV se pohybuje kolem 5% hranice. Chřipka je zatím detekována v malém procentu, ale subtypované vzorky vykazují rovnoměrnou distribuci A/H1pdm 2009 a H3.

Atypické pneumonie

- Zatím nebyl potvrzen v žádné se zemí hlásící zvýšený výskyt (USA, Spojené Království, Nizozemí, Irsko, Čína, Vietnam) nový patogen jako etiologické agens. Aktuálně dochází k nárůstu počtu pneumonií v důsledku infekce *Mycoplasma pneumoniae* v zemích, kde je vyšší incidence Pirola like variant SARS-CoV-2 (BA.2.86, JN.1, HV.1). *Mycoplasma pneumoniae* je oportunní patogen, který v běžné populaci nevyvolává závažné onemocnění. Nicméně, ve víceletých intervalech může vyvolat epidemii. Antibiotika vzhledem k životnímu cyklu fungují pouze bakteriostaticky, nikoli baktericidně. Proto je nutné relativně dlouhodobé užívání. Důležitý je monitoring citlivosti.

Ptačí/prasečí chřipka

- Zatím není překlasifikováno riziko pro člověka, nicméně je doporučen aktivní přístup k surveillanci