



Zpráva NRL ke dni 11. 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	Strana 2
SARS-CoV-2 ČR a Eu/EEA sekvenační data, aktuální situace	Strana 3 - 7
ARI/ILI –virologická surveillance v EU/EEA	Strana 8 - 10
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR	Strana 11
Závěr	Strana 12 -13

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.



SARS-CoV-2: PCR (ČR)

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

Přehled provedených PCR od 21.11. do 10.12. 2023 (ÚZIS)

Celkový počet testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet pozitivních
8436	6871	2964

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

Datum	Počet pozitivních detekcí
27/11/2023	2821
28/11/2023	2010
29/11/2023	1722
30/11/2023	1712
01/12/2023	1724
02/12/2023	141
03/12/2023	163
04/12/2023	3486
05/12/2023	2557
06/12/2023	2350
07/12/2023	2208
08/12/2023	2137
09/12/2023	195
10/12/2023	243
Celkem	23 469

Evropa:

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

51 % (43–59 %) pro XBB.1.5+F456L

26 % (14–42 %) pro BA.2.86

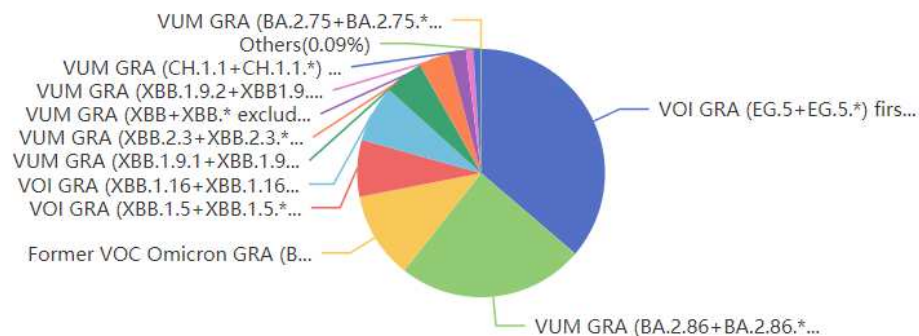
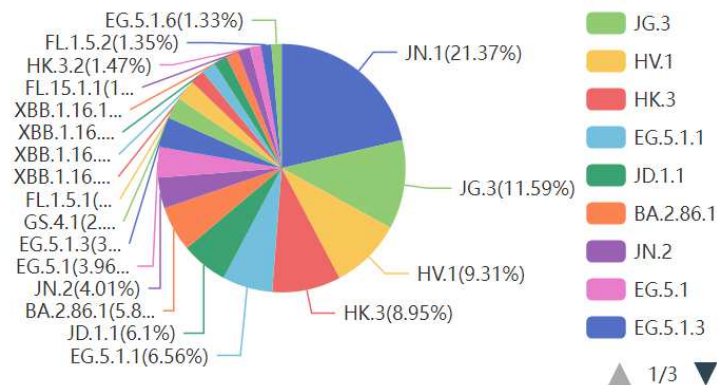
6 % (4–11 %) pro XBB.1.5

0 % (0–1 %) pro BA.2.75

Podíl BA.2.86 like variant roste, především varianta JN.1, přičemž XBB.1.5-like+F456L a XBB.1.5 vykazují klesající trend.

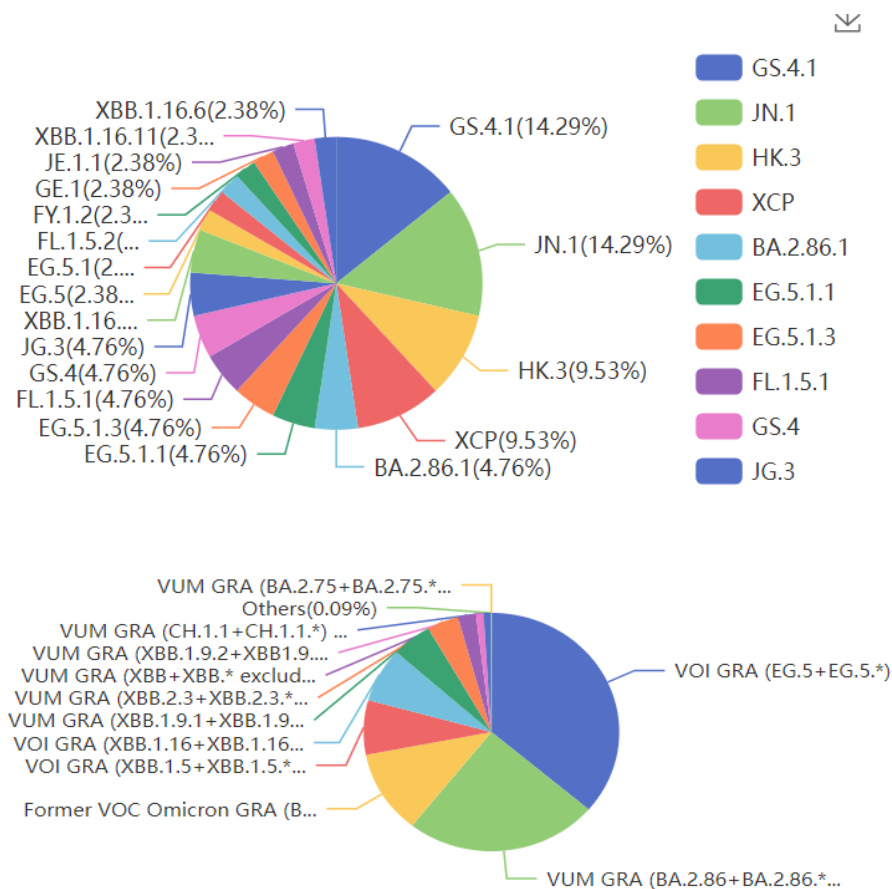
Přesto zatím v Evropě mírně převažují detekce variant odvozených od EG.5.x tedy XBB.1.5-like.

Zastoupení 20 nejčtenějších variant v Evropě od 1. listopadu
Celkem 21 000 WGS



V ČR od 49. převzala dominanci varianta JN.1, která je odvozena od BA.2.86 Pirola a vykazuje nejvyšší míru transmisibility a úniku před VN protilátkami. Další nejčetnější varianta GS.4.1 spadá do skupiny variant odvozených od XBB.2.3. Majoritní podíl stále tvoří varianty odvozené od XBB.1.5 (EG.1), často jsou detekovány varianty XBB.1.9.2-like (např. HK.3). Varianty se od sebe svými klinickými příznaky neliší, varianty JN.1 snadněji překonávají dříve navozenou imunitní bariéru. Ve shodě s dalšími zeměmi pozorujeme nárůst BA.2.86-like variant, především JN.1.

Zastoupení 20 nejčetnějších variant v ČR od 1. listopadu
Celkem 42 WGS





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

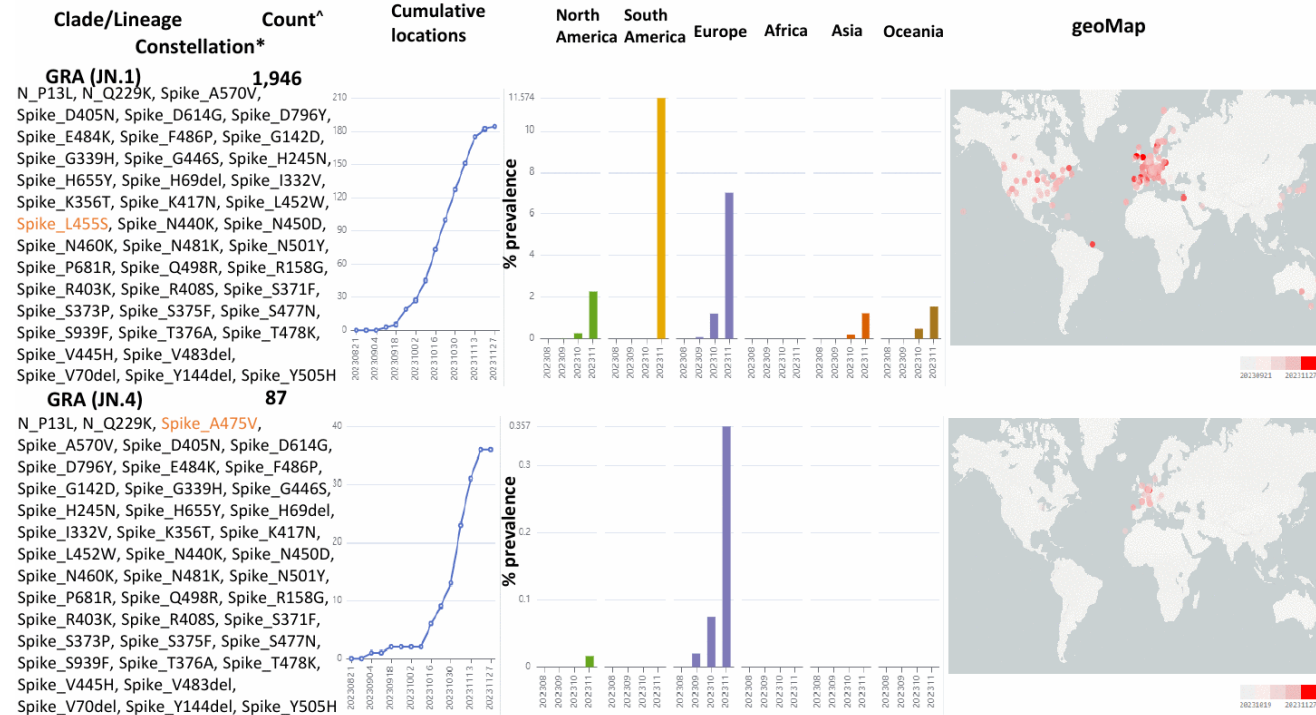
VOI dle ECDC ze dne 01.12.2023

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

Emergentní varianty

Emerging variant analysis 2023-12-05

Emerging Variants by Spread



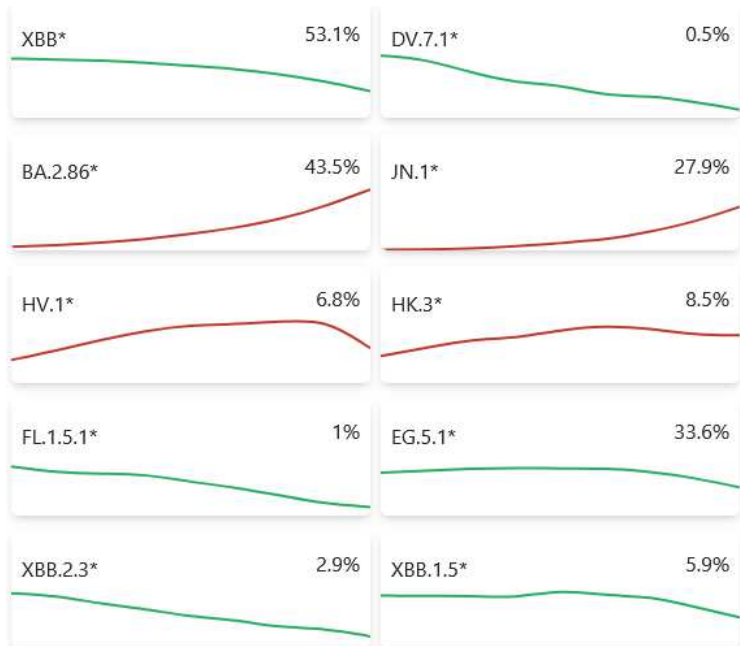
^Count in past 100 days from analysis date

*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 $\text{gainInNumNewLocationsInPast30days} \times \text{sumOfWeightedaaChanges}$. AA change in the constellation that differs from other common changes seen in the lineage are highlighted in orange.

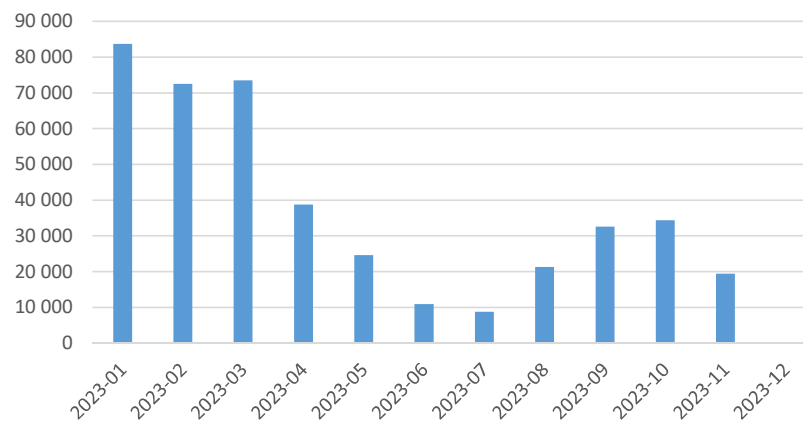




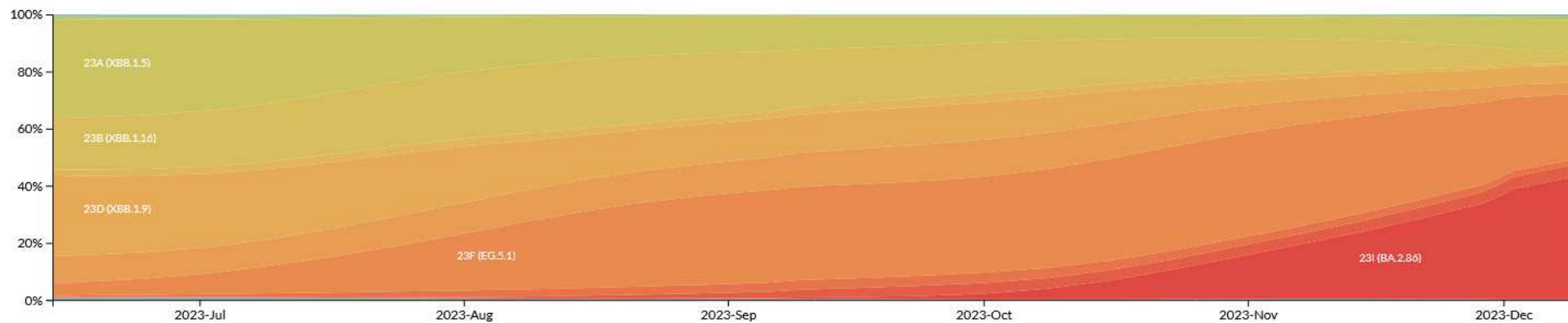
SARS-CoV-2: Evropa – počty WGS k 10. 12. 2023



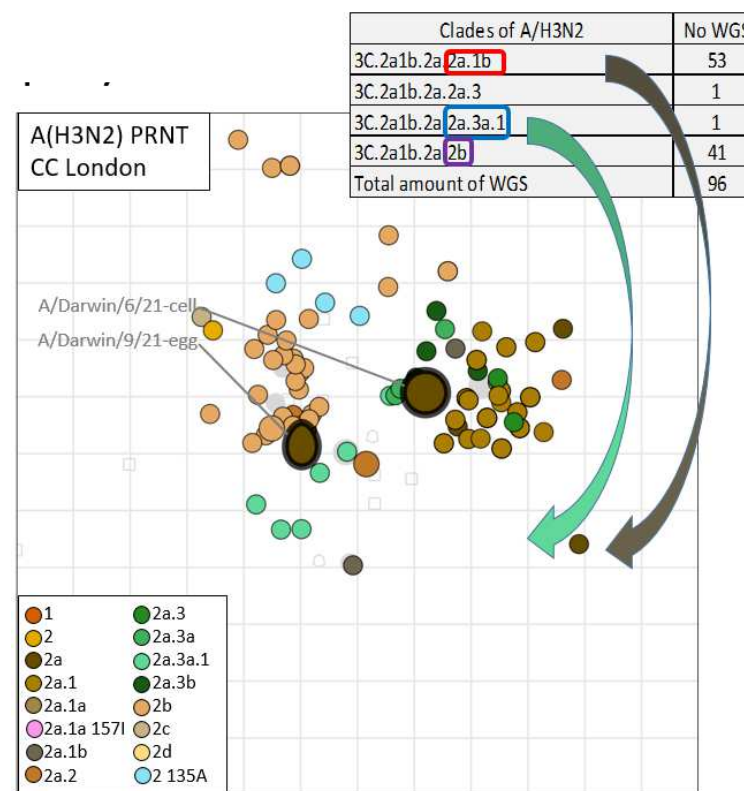
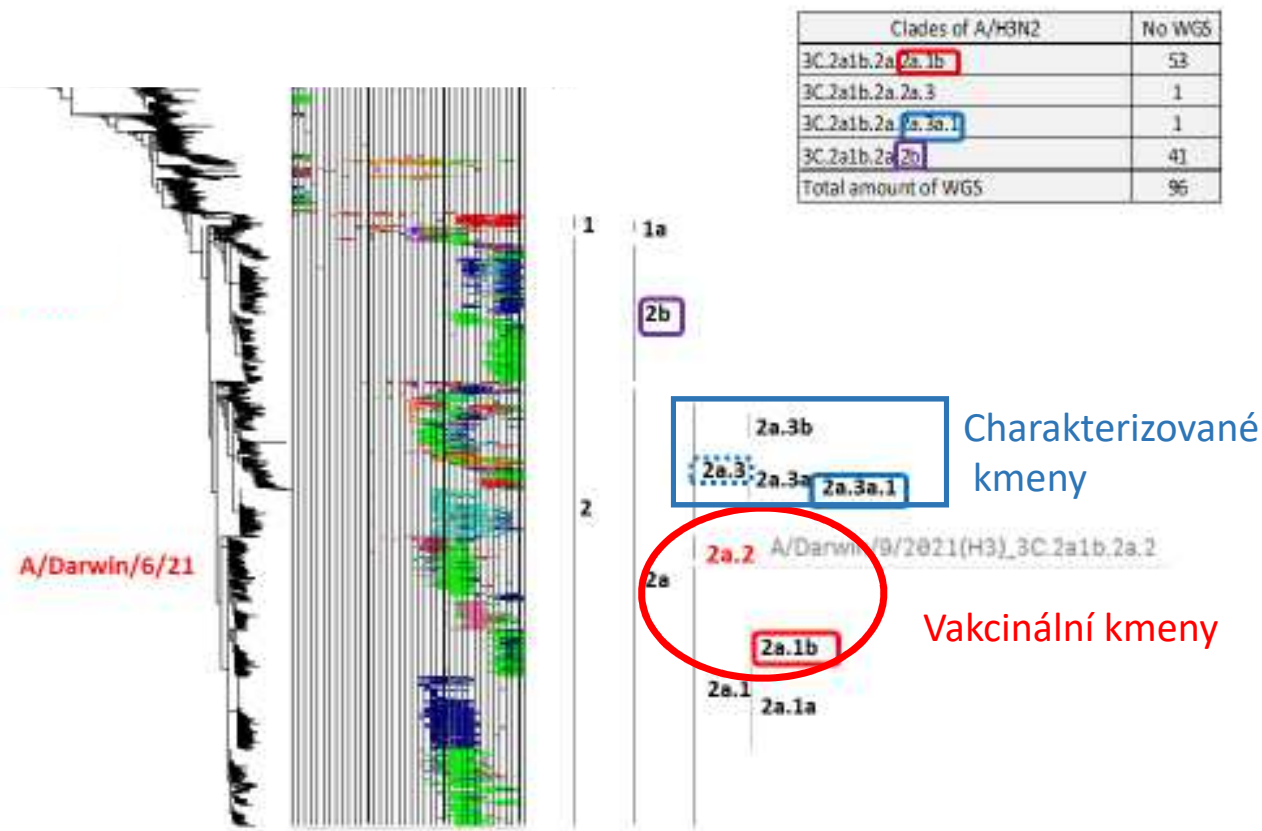
Počet osekvenovaných vzorků za Evropu



Frequencies (colored by Clade)



- Do konce 48. 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 hlásily kombinaci rostoucích a klesajících trendů aktivity SARS-CoV-2, hospitalizací COVID-19, přijetí na JIP a úmrtí, přičemž závažné následky měly převážně osoby ve věku 65 let a více.
- Medián positivity testů v sentinel surveillance v primární péči na úrovni EU/EEA zůstal nejvyšší pro SARS-CoV-2, a to 19 % (souhrnné údaje: 24 %; IQR hodnot zemí: 14–24 %). Medián positivity testu na sezónní chřipku byl 3 % (sdružený: 4 %; IQR: 2–6 %) a 3 % na RSV (sdružený: 11 %; IQR: 0–16 %). Zvyšující se trend byl pozorován u positivity RSV testů od 43. týdne, pozitivita detekcí viru chřipky vykazuje pomalu rostoucí trend od 45. týdne.
- Během týdnů 40 – 48 roku 2023 bylo geneticky charakterizováno 83 virů A(H1)pdm09, 34 A(H3) a šest virů B/Victoria ze sentinelových a nesentinelových zdrojů. Z virů A/H1pdm09 bylo 38 hlášeno jako clade 5a.2a a 45 bylo charakterizované jako clade 5a.2a.1. Vakcinální kmen A/Victoria/4897/2022 spadá do clade 5a.2a.1. Z virů A/H3 byl jeden hlášen jako clade 2a.3a a 33 charakterizovaných A/H3 spadalo do clade 2a.3a.1. Vakcinální kmen A/Darwin/6/21 spadá do clade 2a.1b.
- Všechny viry B/Victoria byly hlášeny jako clade V1A.3a.2, což odpovídá vakcinálnímu kmenu.



Charakterizované kmeny

Vakcinální kmeny

Přestože sekvenačně spadají charakterizované kmeny A/H3 do jiné clade než vakcinální kmeny, antigenní podobnost pravděpodobně bude poskytovat dostatečnou ochranu.



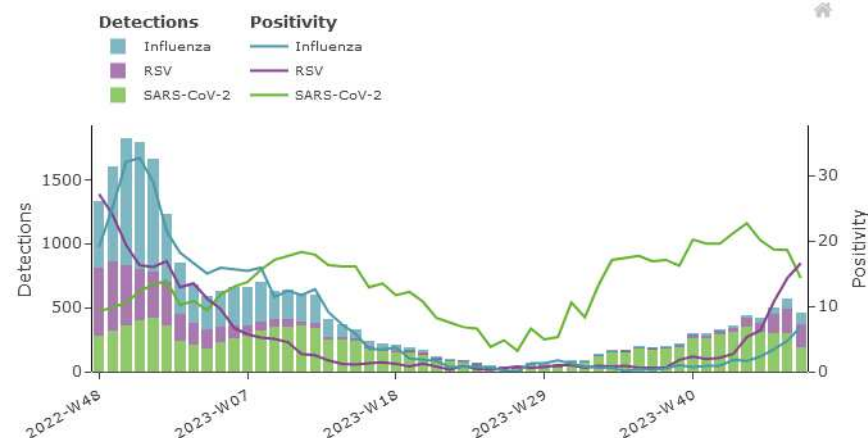
Virologická surveillance ARI/ILI/ SARS-CoV-2: WHO Evropa k 48.KT

- Chřipka zůstala pod 10% prahem epidemie na stejné 4% úrovni jako v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 23 zemí a oblastí byla 4 % (rozsah: 0 %–47 %), 7 zemí uvedlo alespoň 10% četnost detekce. Zvyšující se trend positivity chřipky byl pozorován v 7 zemích.
- Detekce SARS-CoV-2 činila 15 % ve srovnání se 17 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 24 zemí a oblastí byla 13 % (rozmezí: 0 %–97 %), z toho rostoucí trend v pozitivitě SARS-CoV-2 byl tento týden pozorován v 9 zemích.
- RSV zastoupení činilo 11 % ve srovnání s 8 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity země pro 17 zemí a oblastí byla 5 % (rozsah: 0 %–31 %). Rostoucí trend byl pozorován u pozitivitě RSV od minulého týdne v 5 zemích : Irsko (31 %), Lucembursko (31 %), Nizozemsko (23 %), Dánsko (14 %) a Ukrajina (5 %).

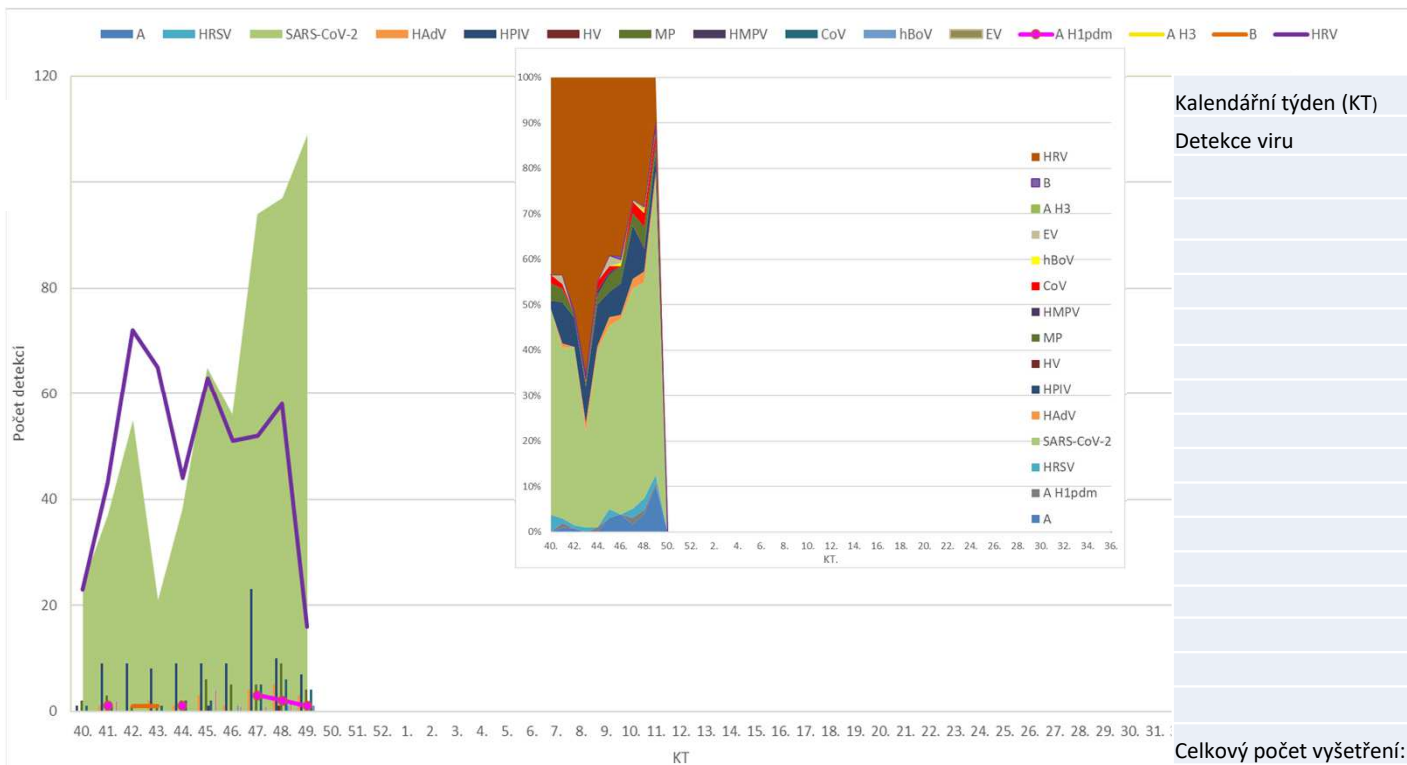
Primary care sentinel testing



Secondary care sentinel testing



ARI/ILI – sentinel/nonsentinel virologická surveillace v ČR, 49. KT



Kalendářní týden (KT)		40.	41.	42.	43.	44.	45.	46.	47.	48.	49.
Detekce viru	A		1	1			5	5	3	8	17
	A H ₁ pdm		1			1			3	2	1
	A H ₃										1
	B			1	1			1			2
	HRSV	2	1	1	1		3		4	5	3
	HAdV		1		2	1	3	1	4	5	3
	HPIV	1	9	9	8	9	9	9	23	10	7
	HV									1	
	MP	2	3	1	1	2	6	5	5	9	4
	HMPV					1	1				
	CoV	1	1		1	2	2		5	6	4
	HRV	23	43	72	65	44	63	51	52	58	16
	hBoV							1		1	1
	EV		2				4	1	1	2	
	SARS-CoV-2	24	37	55	21	38	65	56	94	97	109
	SM	12	11	9	11	8	7	11	12	14	6
	negativní	386	394	471	423	472	583	479	557	595	519
	Celkový počet vyšetření:	451	504	620	534	578	751	620	763	813	693

- V sentinel surveillace bylo ve 48. a 49. KT vyšetřeno 80 vzorků ze 107 doručených do NRL, k nejčastěji detekovaným patogenům patřil SARS-CoV-2 (22 - 28 %), rhinoviry (19 %). Ve 4 případech byl prokázán virus chřipky A, ve dvou případech A/H1pdm 2009 a v jednom případě virus chřipky typu B. Dalšími detekovanými patogeny byly viry parainfluenzy a poprvé byl prokázán v jednom případě i RSV.
- V non-sentinel surveillace patří k nejčastěji detekovaným patogenům SARS-CoV-2 (74 %), virus chřipky typu A (12 %), rhinoviry (11 %), ojediněle byl detekován RSV.
- 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

ČR

- V sentinel surveillance i non sentinel surveillance patří k nejčastěji detekovaným patogenům SARS-CoV-2, kdy míra positivity rapidně stoupla na 74 %, detekce rhinovirů naopak zaznamenala prudký sestupný trend (11 %), ale ve 12 % již byl detekován virus chřipky A. V rámci subtypizace v ČR převažuje detekce A/H1pdm09, pouze v jednom případě byl prokázán virus chřipky A/H3, v jednom případě jsme zaznamenali detekci viru chřipky typu B.
- Dle hlášení z vyšetřujících laboratoří v ČR nedochází ke zvýšenému počtu detekcí *Mycoplasma pneumoniae*, ve 49. KT byla prokázána u necelých 3 % vzorků.
- SARS-CoV-2: V ČR jsme zaznamenali jasný nárůst detekcí JN.1, což je varianta spadající do BA.2.86-like skupiny (Pirola). Další nejčetnější varianta GS.4.1 spadá do skupiny odvozené od XBB.2.3, ale v celkovém součtu stále mírně převažují detekce variant odvozených od XBB.1.5 (především EG.5-like – Erik). 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 antigenně odpovídá cirkulujícím kmenům. Mírnou genetickou odchylku představují charakterizované kmeny A/H3.
- 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.

Detekce *Mycoplasma pneumoniae* v surveillance

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

V non sentinel surveillance je nahlášeno ze spolupracujících laboratoří malé množství pozitivních vzorků, 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. V aktuálním týdnu činil podíl detekcí méně než 3 %.

- Nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) v ČR ve 49. kalendářním týdnu dosáhla úrovně 1542 nemocných na 100 000 osob, což představuje vzestup o 5,8 % oproti minulému týdnu.
- Nemocnost ARI nad 1500/100 000 je hlášena ze šesti krajů, konkrétně z Jihomoravského, Karlovarského, Olomouckého, Vysočiny, Královéhradeckého a Zlínského.
- Nemocnost je nadále mírně zvýšená než je v daném období obvyklé, ale nejedná se o epidemický výskyt. Vyvolavatelem akutních respiračních onemocnění je v současnosti celá řada respiračních virů s převažujícím podílem viru SARS-CoV-2 (74 % podíl detekcí ve virologické surveillanci). Přestože je evidován nárůst nemocnosti i v kategorii chřipce podobných infekcí (ILI), chřipka jako taková se na nemocnosti pravděpodobně podílí v menší míře, přestože podíl detekcí v surveillanci již dosáhl 12 %.

RNDr. Helena Jiřincová, MSc. Timotej Šúri a MUDr. Jan Kynčl, PhD.