



Zpráva NRL ke dni 15. 1. 2024

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 - 6
ARI/ILI –virologická surveillance v EU/EEA a WHO/EURO	Strana 7 - 9
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR	Strana 10
Závěr	Strana 11 - 12

- 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 chřipka a také o zaslání vzorků pozitivních na chřipku typu A k subtypizaci.
- Výsledky uveřejníme anonymně včetně čísla zasílající laboratoře .

Přehled provedených PCR od 26. 12. do 14. 1. 2024 Tabulka 1 (ÚZIS)

Tabulka 1

Celkový počet PCR testů	Celkový počet se žádankou	Celkový počet PCR pozitivních
8 355	6 388	1 915

Zdroj: reporty@uzis.cz

Přehled testů dle MZČR, 8. 1. – 13./14. 1. 2024

Týdenní přehled počtu osob s nově prokázaným onemocněním COVID-19 dle hlášení krajských hygienických stanic a laboratoří (včetně rozdělení na reinfekce), Tabulka 2

Tabulka 2 (8. – 13. 1. 2024)

Nové případy	1. reinfekce	2. reinfekce	celkem
2 179	819	113	0

Přehled počtu provedených PCR a antigenních testů, Tabulka 3

Tabulka 3 (8. – 14. 1. 2024)

Počet provedených PCR testů	Počet provedených antigenních testů
2 762	17 250

Přehled počtu provedených testů podle indikace, Tabulka 4

Tabulka 4 (8. – 14. 1. 2024)

Diagnostická	Epidemiologická	Preventivní
13 789	4 339	1 288

Zdroj: <https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/covid-19>

Evropa:

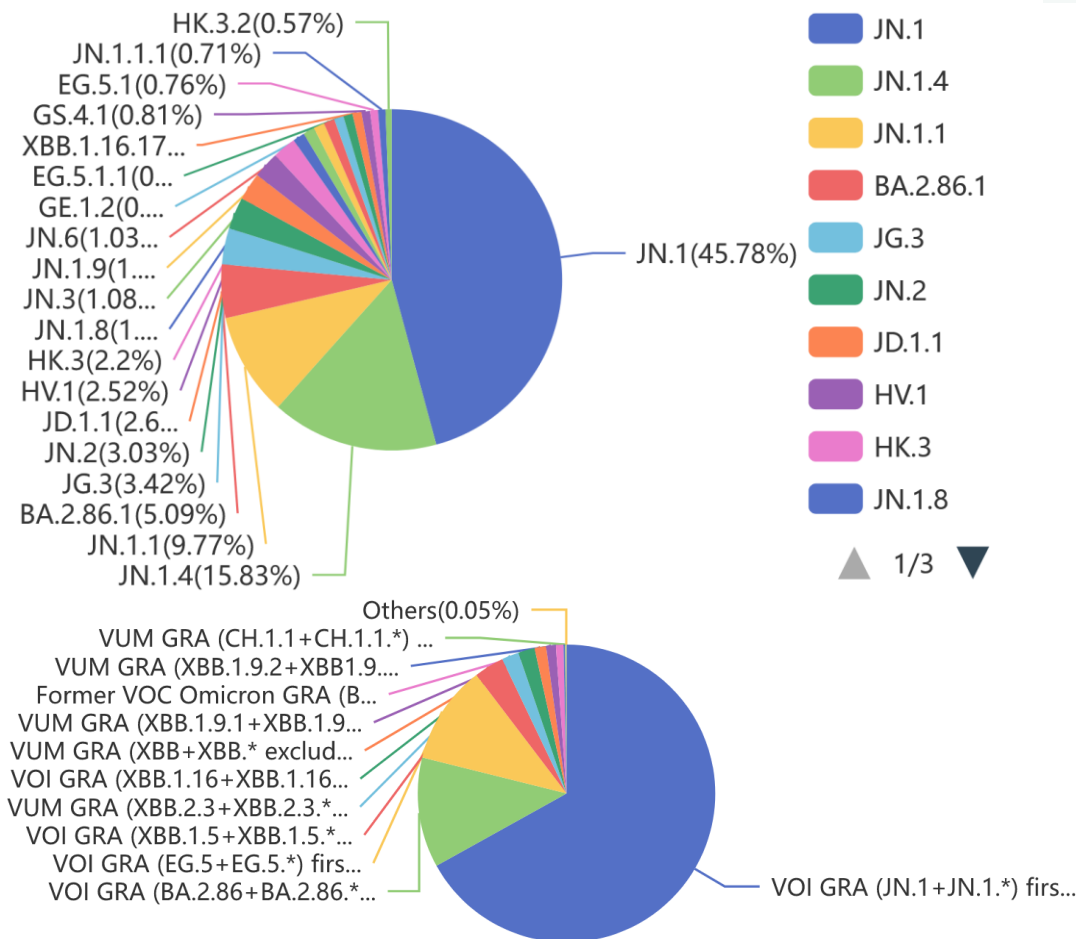
- Odhadovaná distribuce variant zájmu (VOI) k 51.- 52. KT (medián a IQR podílů ze 13 zemí) byla:

82 % (62–85 %) pro BA.2.86,
 18 % (14–21 %) pro XBB.1.5+F456L,
 0,7 % (0,0–4,3 %) pro XBB.1.5-like a
 0 % (0–0 %) pro BA.2.75.

- Podíl BA.2.86 nadále roste, přičemž XBB.1.5 like+F456L a XBB.1.5 vykazují klesající trend.
- V Evropě výrazně převažují detekce variant odvozených od BA.2.86 tedy JN.x

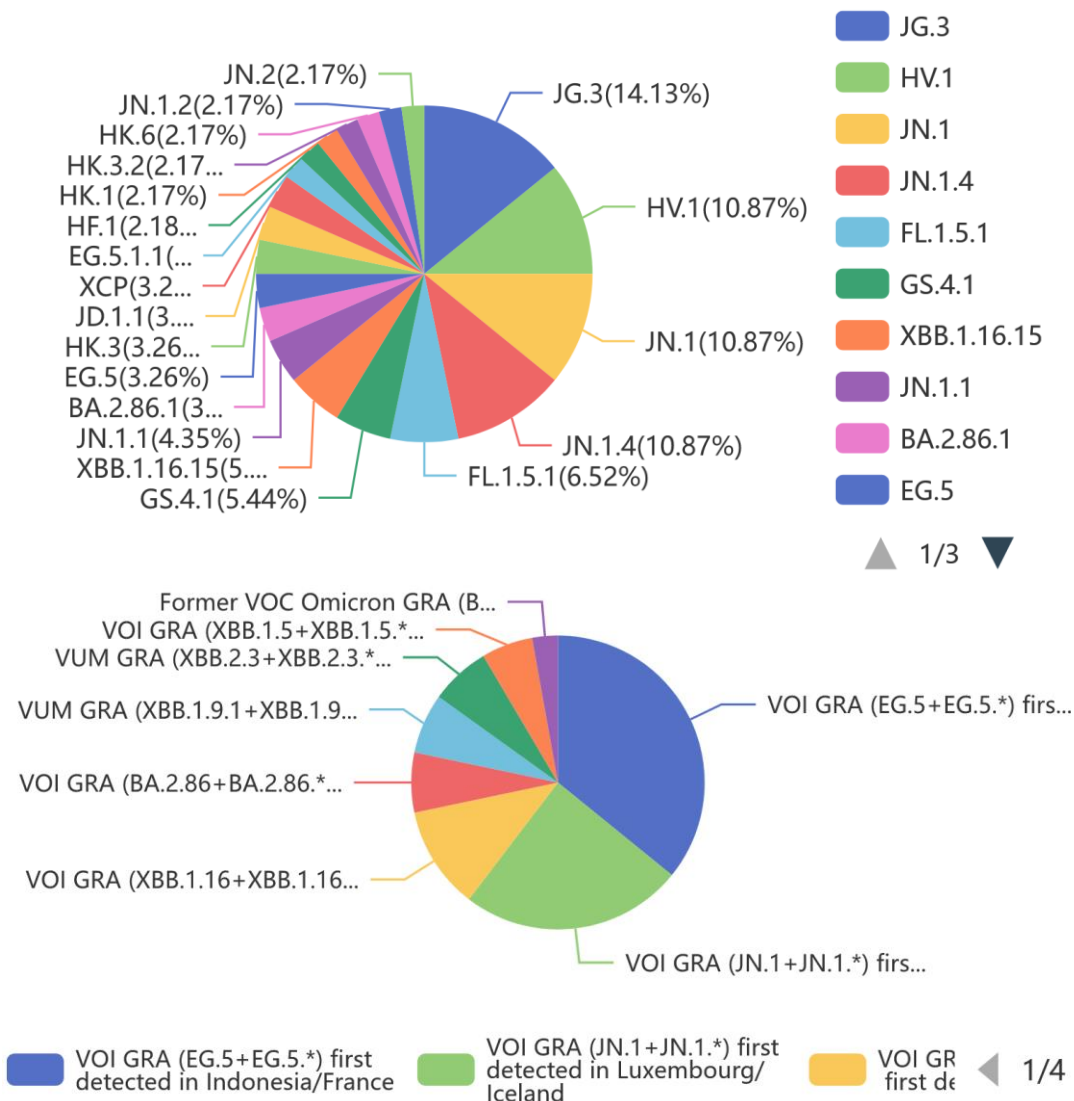
Zastoupení 20 nejčtenějších variant v Evropě od 15. 12. 2023

Celkem 8 700 WGS



- V ČR bylo od 15. 11. 2023 osekvenovaných 106 vzorků; majoritní varianta je JG.3 (FLIP varianta odvozená od XBB.1.9.2.).
- V rámci skupin kategorizovaných jako varianty zájmu v listopadu stále mírně převažovala detekce variant EG.5 like (Erik) odvozených od XBB.1.9.2 (35,85 % - tmavomodrá výseč na grafu dole), následována variantami BA.2.86 like (JN.1*), které zaujmají 24,53% podíl sekvenovaných variant (zelená výseč na grafu dole).
- Ve shodě s dalšími zeměmi pozorujeme nárůst BA.2.86 like variant, především JN.1. Varianty se od sebe svými klinickými příznaky neliší.
- Celkově ve sledovaném období mírně převažují varianty odvozené od XBB.1.5, tedy EG.5.* a varianty odvozené od BA.2.86 – tedy JN.1. V nemalé míře se uplatňují varianty odvozené od XBB.1.16 a XBB.2.3. Největší nárůst vykazují právě varianty JN.1.* (viz slide 6).

Zastoupení 20 nejčtetnějších variant v ČR od 15. 11. 2023
Celkem 106 WGS





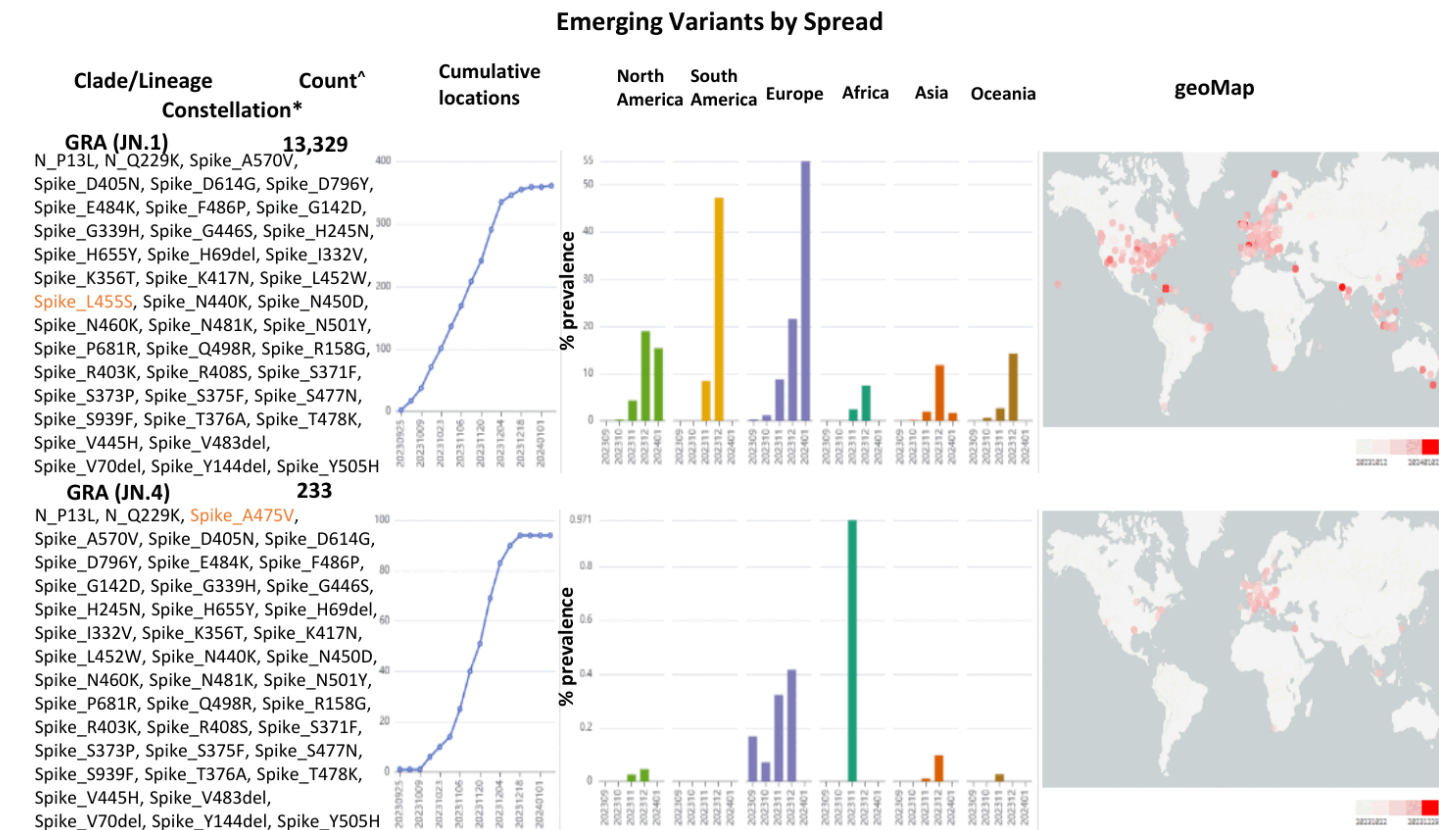
SARS-CoV-2: Nově se rozšiřující varianty a VOI

VOI dle ECDC ze dne 05. 01. 2024

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

Emergency varianty k 09. 01. 2024

Emerging variant analysis 2024-01-09



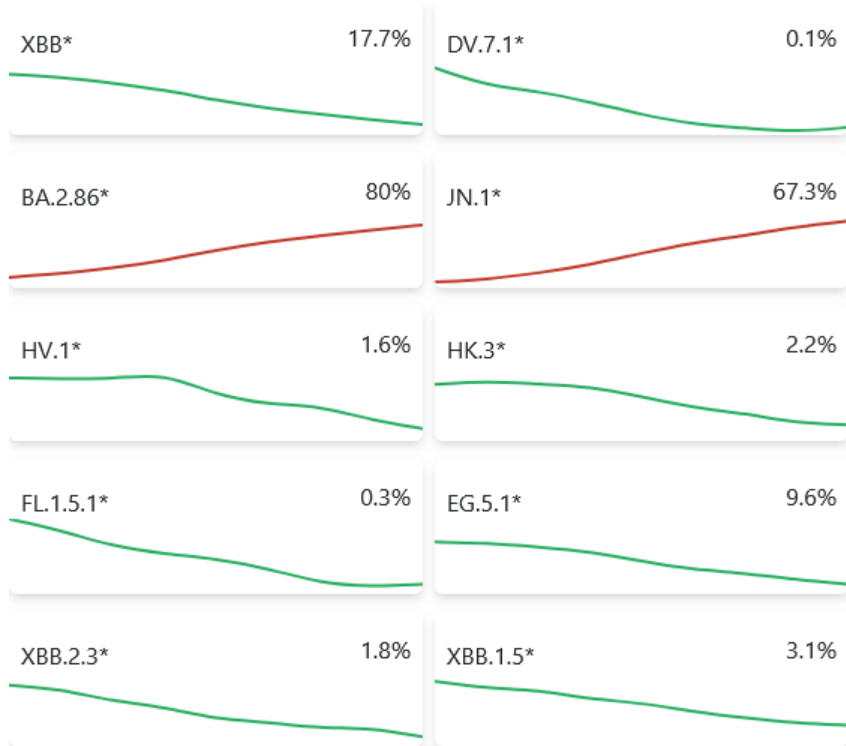
*Constellation of aa changes shown in literature to have phenotypic effects such as antibody escape, ACE2 binding, changes in Spike protein expression and stability, as curated by CoVsurver. Constellations in **Emerging Variants by Spread** are ranked by gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges.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



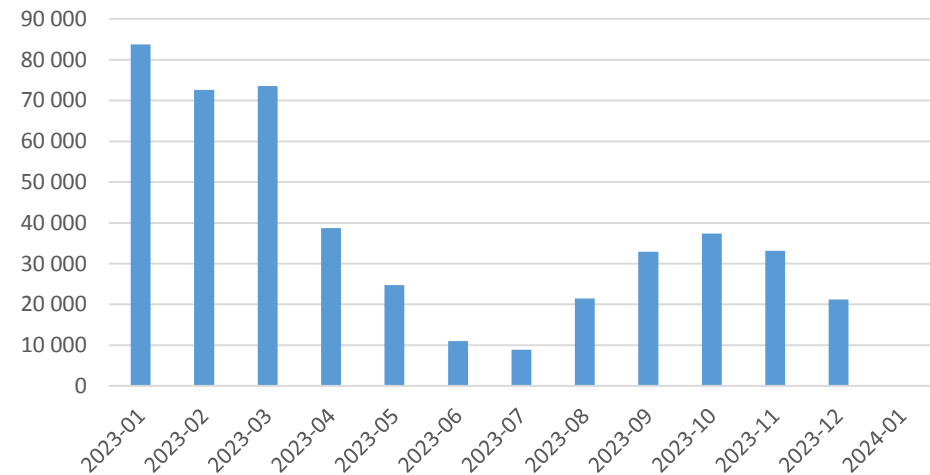
by BIU/GIS, A*STAR Singapore

SARS-CoV-2: Evropa – počty WGS k 14. 1. 2024

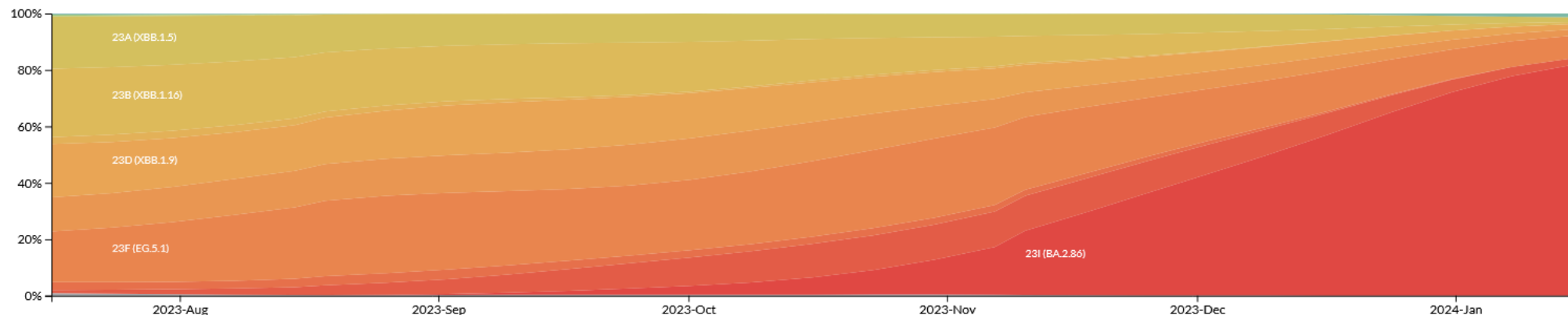
<https://cov-spectrum.org/explore/Europe/AllSamples/Past6M>



Počet osekvenovaných vzorků za Evropu



Frequencies (colored by Clade)



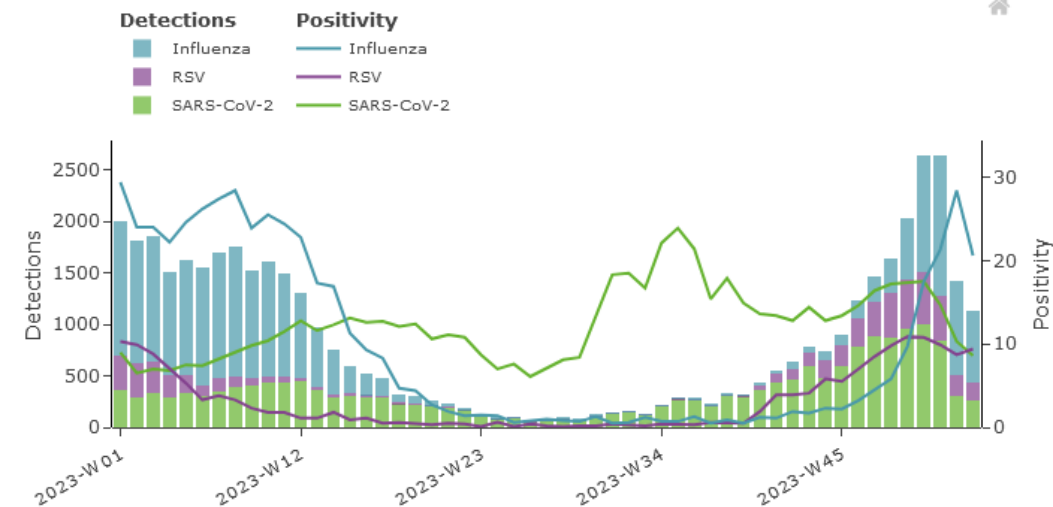
<https://nextstrain.org/nCoV-gisaid/europe/6m>

- Do konce 52. týdne míra respiračních onemocnění (chřipce podobná onemocnění (ILI) a/nebo akutní respirační infekce (ARI) nadále roste ve většině zemí EU/EEA. Počty případů závažných akutních respiračních infekcí (SARI), byly na úrovni srovnatelné se stejným obdobím loňského roku.
- Míra onemocnění v rámci primární sentinel péče (ILI a/nebo ARI) se zvýšila a od 1. týdne 2024 ve většině zemí EU/EHP. Sezónní chřipka cirkuluje na vyšších úrovních než SARS-CoV-2 a respirační syncytiální virus (RSV), jejichž aktivita u obou klesá.
- Medián positivity testu na úrovni EU/EHP byl nejvyšší u chřipky, a to 26 % (souhrnné údaje o zemi: 28 %; IQR hodnot země: 18–33 %). Počet testů byl však během 1. týdne nízký, což není neobvyklé pro období prázdnin, kdy testování a vykazování na národní úrovni historicky klesá.
- Medián positivity testu na SARS-CoV-2 byl 11 % (souhrnné údaje o zemi: 10 %; IQR hodnot země: 9–13 %). Po kontinuálním nárůstu celkové mediánu positivity SARS-CoV-2 od 44. do 49. týdne byly od 50. týdne pozorovány poklesy.
- Detekce RSV v sentinelové primární péči hlásilo 11 zemí a medián positivity testu se zvýšil na 6 %, zatímco souhrnná hodnota se v 1. týdnu dále snížila (souhrnná: 8 %; IQR: 2–8 %).
- Z 593 detekcí sezónní chřipky sentinelové primární péče bylo 529 (89 %) označeno jako virus chřipky typu A, 12 bylo označeno jako virus chřipky typu B (2 %) a zbývajících 52 (9 %) virů chřipky zůstalo netypováno. Z detekcí chřipky typu A bylo 414 (78 %) dále podtypováno buď jako A(H1N1)pdm09 (n=334, 81 %) nebo A(H3N2) (n=80, 19 %). Čtyři z detekcí chřipky typu B byly dále linie definované jako linie B/Victoria.

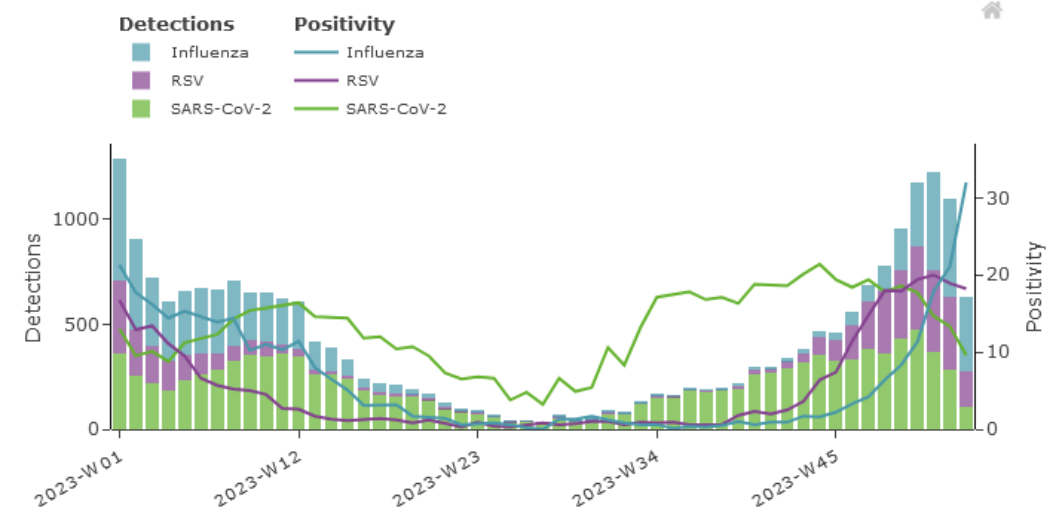
Virologická sentinel surveillance (WHO/EURO):

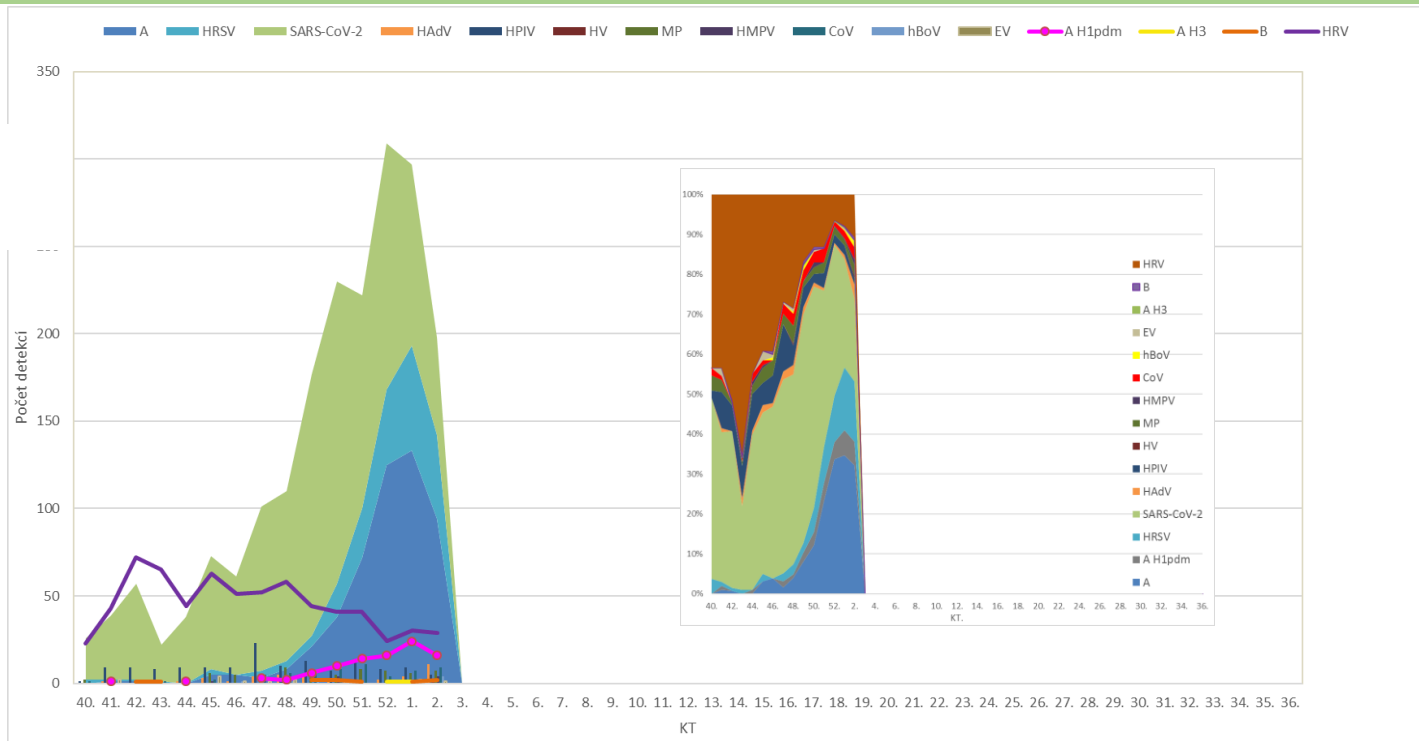
- Chřipka zůstala nad 10% prahem epidemie na 21% ve srovnání s 28% v předchozím týdnu. Střední míra positivity země pro 41 zemí a oblastí byla 38 % (rozsah: 1 %–65 %) a 38 zemí a oblastí uvedlo alespoň 10 % positivity. Tento týden byl v 7 sledovaných zemích a oblastech pozorován rostoucí trend v pozitivitě chřipky.
- SARS-CoV-2 byl 9 % ve srovnání s 10 % v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 33 zemí a oblastí byla 6 % (rozsah: 0 %–25 %). Rostoucí trend v pozitivitě SARS-CoV-2 byl tento týden pozorován v 6 reportujících zemích a oblastech: Portugalsko (25 %), Řecko (15 %), Švédsko (12 %), Španělsko (11 %), Irsko (9 %) a Estonsko (5 %).
- RSV byl detekován u 9 % vyšetřovaných vzorků, což je stejný podíl jako v předchozím týdnu. Střední míra positivity pro 28 zemí a oblastí byla 8 % (rozsah: 0 %–100 %). Tento týden byl v 7 sledovaných zemích a oblastech pozorován rostoucí trend v pozitivitě RSV.

Primary care sentinel testing



Secondary care sentinel testing

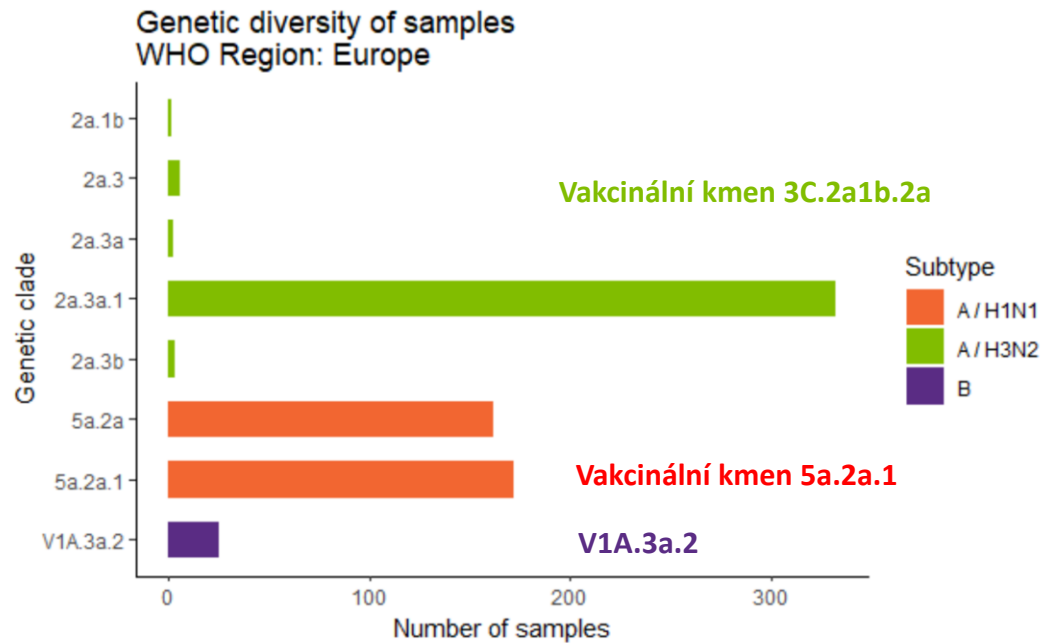




Kalendářní týden (KT)		49.	50.	51.	52.	1.	2.
Detekce viru	A	21	38	72	125	133	94
	A H ₁ pdm	6	10	14	16	24	16
	A H ₃	1	0	0	1	1	0
	B	2	2	1	0	1	2
	HRSV	6	19	28	43	60	48
	HAdV	5	3	2	2	4	11
	HPIV	13	7	12	8	9	5
	HV	0	0	0	0	0	2
	MP	4	5	8	7	6	7
	HMPV	0	4	0	1	1	4
	CoV	7	8	11	4	7	9
	HRV	44	41	41	24	30	29
	hBoV	3	0	0	0	1	4
	EV	0	2	0	0	2	1
	SARS-CoV-2	150	178	122	141	104	56
	SM	21	21	16	5	10	10
	negativní	599	817	791	797	943	807
Celkový počet vyšetření:		882	1150	1133	1174	1336	1105

• V sentinelové i nonsentinelové virologické surveillace je 2. KT jednoznačně dominujícím patogenem virus chřipky typu A (pravděpodobně především A/H1pdm, subtypován v 16 případech), virus chřipky typu A byl určen ve 37 % pozitivních detekcí což je mírný vzestup oproti minulému týdnu (34 %). Detekce SARS-CoV-2 má naopak klesající tendenci, ze 26 % v 1. KT na 20 % ve 2. KT. Třetím majoritně cirkulujícím patogenem je RSV, jeho záchyt vykazuje vzestupnou tendenci, a to z 15 % v 1. KT na 20 % ve 2. KT. V rámci sentinelové surveillace bylo vyšetřeno 58 vzorků, z nichž 18 bylo pozitivní na alespoň jeden z vyšetřovaného spektra respiračních patogenů, i v této surveillace je majoritním patogenem virus chřipky typu A (A/H1N1 pdm), který byl detekován u 50 % vzorků, SARS-CoV-2 byl detekován ve 22 %, a i v této surveillace má jeho detekce sestupnou tendenci. RSV se v sentinelových vzorcích uplatňuje minoritně. Přímá detekce *Mycoplasma pneumoniae* se pohybuje po celou sezónu zhruba na stejné úrovni a nevykazuje vzestupný trend. Vzestupný trend má naopak serologický průkaz protilátek proti *M. pn.*

• 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



A/H1N1 – oba vakcinální kmeny (určené pro přípravu vakcíny na kuřecí embryích i na buněčných liniích) A/Victoria/4897/2022 neutralizují viry patřící do obou majoritně cirkulujících genetických klád 5a.2a and 5a.2a.1, referenční kmeny jsou uvedeny v tabulce:

Virus	Genetic group	Virus passage	Ferret ID
IVR-215 (A/Victoria/2570/2019)	6B.1A.5a.2	E4/D7/E3	F37/21
A/Sydney/5/2021	6B.1A.5a.2a	MDCK3/MDCK3	F46/22
A/Sydney/5/2021	6B.1A.5a.2a	E3/E3	F04/22
A/Victoria/4897/2022	6B.1A.5a.2a.1	SIAT2/MDCK2	F05/23
IVR-238 (A/Victoria/4897/2022)	6B.1A.5a.2a.1	E3/D6/E1 10-6	F07/23
A/Wisconsin/67/2022	6B.1A.5a.2a.1	MDCK2	F17/23

A/H3N2 – v případě H3 cirkulujících kmenů je situace složitější a cirkulující klády jsou virus neutralizovány s vyšší variabilitou, což může ovlivnit účinnost vakcíny pro tyto kmeny. Studované referenční kmeny jsou uvedeny v tabulce:

Virus	Genetic group	Virus passage	Ferret ID
A/Thuringen/10/2022	2b	P1/SIAT2	F36/22
A/Stockholm/5/2021	2a	SIAT0/SIAT3	F35/21
A/Darwin/9/2021	2a	E3/E4	F39/21
A/Norway/24873/2021	2a.3	SIAT2	F10/22
A/Norway/24873/2021	2a.3	E3 (Am2A1)	F11/22
A/Poland/97/2022	2a.2	S2	F39/22
A/Slovenia/8720/2022	2a.1	SIAT1/MDCK1/SIAT2	F24/22
A/Lille/50053/2022	2a.1	MDCK1/SIAT3	F02/23
A/Catalonia/NSVH161512067/2022	2a.1b	SIAT1/SIAT3	F41/22
A/Albania/289813/2022	2a.3a.1	MDCK1	F21/23
A/Albania/289813/2022	2a.3a.1	E3(Am1A12)	F19/23
A/Brandenburg/15/2022	2a.3a.1	E5(Am1A12)	F18/23
A/Switzerland/28719/2022	2b	SIAT1	F29/23
A/Massachusetts/18/2022	2a.3a.1	SIAT3/SIAT1	F36/23
A/California/122/2022	2a.3a.1	E1/E1	F33/23
A/Thailand/08/2022	2a.3a.1	E3/E1	F34/23
IVR-237(A/Thailand/08/2022)	2a.3a.1	E3/D7/E1	F35/23

B/Victoria - vakcinální kmen patří do stejné klády jako charakterizované cirkulující kmeny, které nesou ve většině případů další substituci D197E. Z malého počtu izolovaných kmenů bylo zjištěno, že všechny jsou účinně neutralizovány antiséry proti vakcinálnímu kmenu.

Virus	Genetic group	Virus passage	Ferret ID
B/Brisbane/60/2008	V1A	E4/E4	sheep pool
B/Stockholm/3/2022	V1A.3a.2	SIAT1/MDCK3	F28/22
B/Austria/1359417/2021	V1A.3a.2	SIAT1/MDCK4	NIB F01/21
B/Austria/1359417/2021 G141	V1A.3a.2	E3/E5	F15/21
B/Austria/1359417/2021 G141R	V1A.3a.2	E3/E5	F44/21

- Kompletní data 2. KT ukazují, že majoritním cirkulujícím virovým patogenem je jak v sentinel tak non-sentinel surveillance virus chřipky typu A, a to především A/H1N1 pdm, přičemž detekce viru chřipky A má vzestupný charakter, naopak druhý nejčastěji detekovaný patogen SARS-CoV-2 vykazuje mírně sestupnou tendenci a třetím nejčastěji detekovaný patogen RSV vykazuje v porovnání s přechozím týdnem vzestupnou trajektorii. ČR data vykazují shodu s daty evropskými, také v EU/EHS stoupá počty detekcí viru chřipky typu A, a klesají záchyty SARS-CoV-2.
- Vakcína proti chřipce má dobrou účinnost pro subtyp A/H1N1pdm i pro variantu B/Victoria.
- Dle hlášení z vyšetřujících laboratoří v ČR nedochází ke zvýšenému počtu přímých záchtů *Mycoplasma pneumoniae*, ale došlo ke zvýšení počtu serologického průkazu protilátek proti *Mycoplasma pneumoniae*.
- SARS-CoV-2: Celkově ve sledovaném období mírně převažují varianty odvozené od XBB.1.5, tedy EG.5.* a varianty odvozené od BA.2.86 – tedy JN.1. V nemalé míře se uplatňují varianty odvozené od XBB.1.16 a XBB.2.3. Největší nárůst vykazují právě varianty JN.1.* (ancestor BA.2.86).
- Ve shodě s dalšími zeměmi pozorujeme nárůst BA.2.86 like variant, především JN.1. Varianty se od sebe svými klinickými příznaky neliší.

Nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) v ČR ve 2. kalendářním týdnu roku 2024 dosáhla úrovně 1302 nemocných na 100 000 osob, což je vzestup o 6 % oproti minulému týdnu. Vzestup nemocnosti se týká všech věkových skupin populace. Aktuálně nejvyšší nemocnosti dosahují kraje Jihomoravský, Karlovarský a Vysočina. Nemocnost ARI zatím nedosáhla předvánoční úrovně.

V kategorii chřipce podobných onemocnění (ILI) je také evidován mírný nárůst, a to o 2 %. Nemocnost zatím nedosáhla úrovně hlášené v předvánočních týdnech, počty nemocných jsou nadále na zvýšené úrovni, s ohledem na virologické výsledky lze hovořit o lokálních ohniscích respiračních onemocnění.

Původcem akutních respiračních onemocnění je v současnosti směsice respiračních virů. Mezi pozitivními vzorky vyšetřenými v Národní referenční laboratoři je nejvíce záchytů chřipky, následuje původce covidu. Vyšší počty jsou také rhinovirů a mírně se zvyšuje záchyt RS viru. Naproti tomu mykoplazmové infekce, které nedávno vyvolaly obavy v Číně, se u nás nadále vyskytují jen ojediněle.

Autoři zprávy: RNDr. Helena Jiřincová, MSc. Timotej Šúri, Alena Janypková a MUDr. Jan Kynčl, PhD.