



Zpráva NRL ke dni 18. 03. 2024

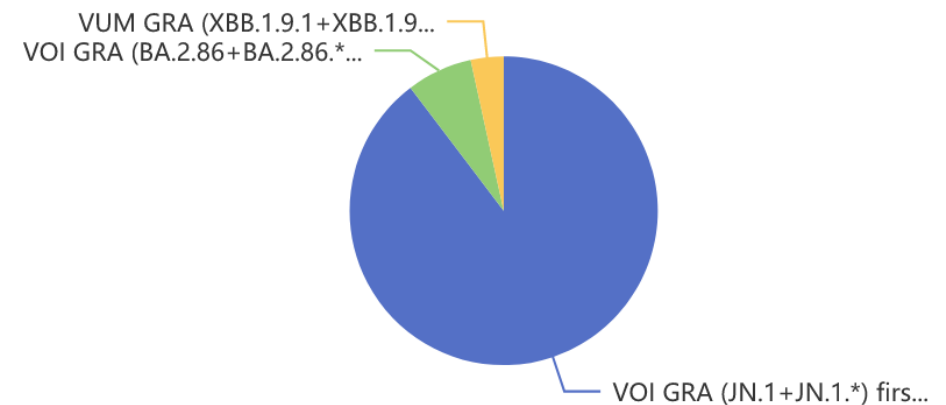
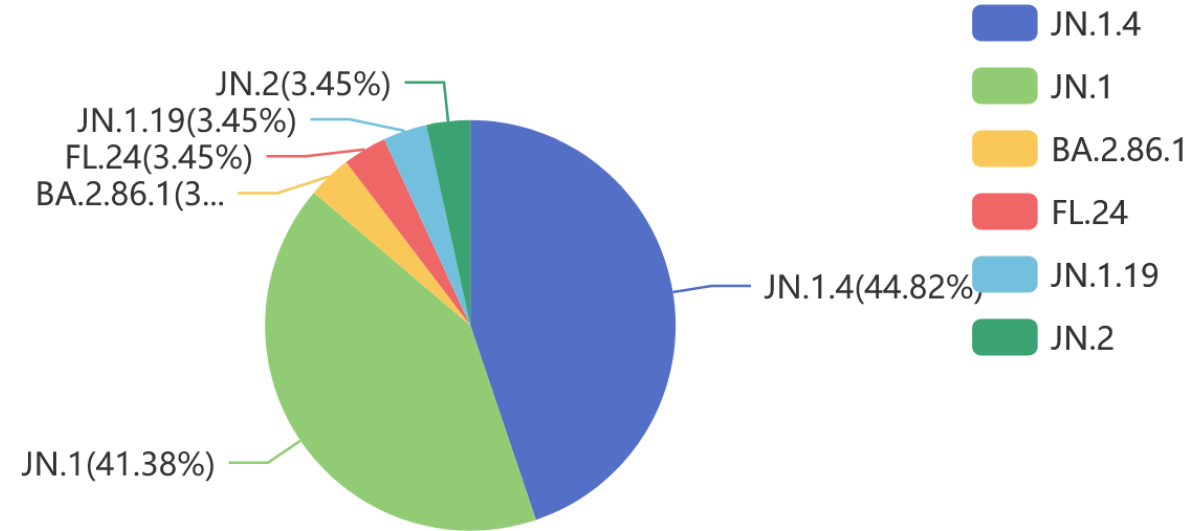
SARS-CoV-2: mikrobiologická situace v ČR, chřipka – situace v ČR a Evropě
NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Obsah:

SARS-CoV-2 ČR a EU/EEA sekvenační data, aktuální situace	Strana 2 - 6
ARI/ILI ECDC Evropa 10. KT	Strana 7
ARI/ILI –virologická surveillance v ČR 11. KT	Strana 8 - 9
Závěr	Strana 10

- V ČR bylo od 18. 1. 2024 osekvenováno 29 vzorků; majoritní varianta je JN.1.4 a JN.1.1
- V rámci skupin kategorizovaných v listopadu jako varianty zájmu stále převažuje detekce variant BA.2.86 like (JN.1*), které zaujímají 89,65% podíl sekvenovaných variant (tmavomodrá výšeč na grafu dole)
- Ve shodě s dalšími zeměmi pozorujeme dominanci BA.2.86 like variant, především JN.1.
- Varianty se od sebe svými klinickými příznaky neliší.

Zastoupení 6 variant v ČR od 18. 1. 2024
Celkem 29 WGS



Zastoupení detekcí sledovaných variant

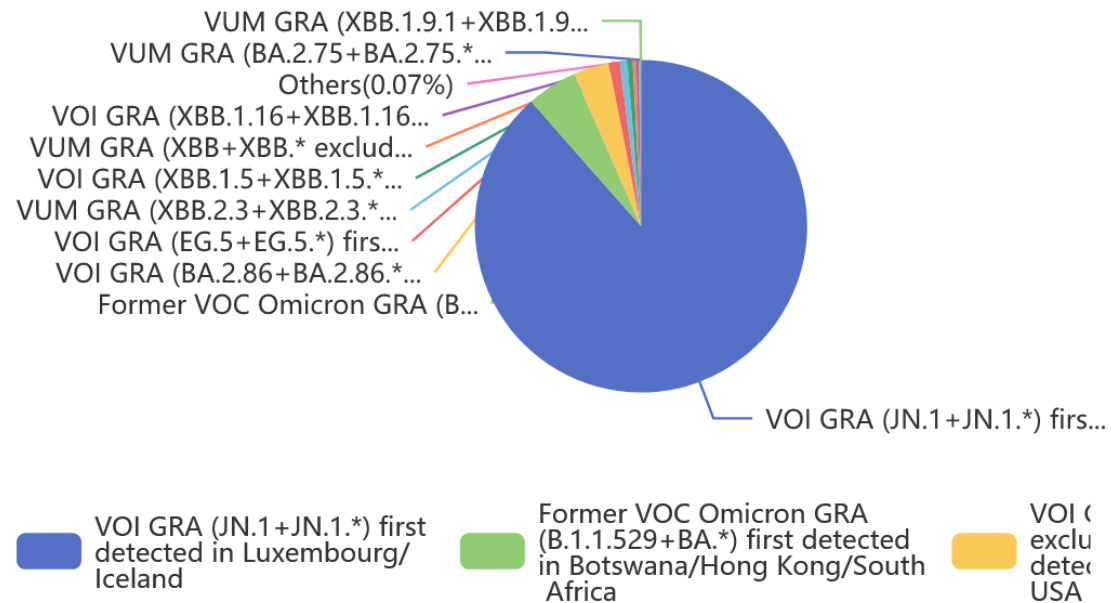
VOC/VOI

- VOI GRA (JN.1+JN.1.x) poprvé detekován v Lucembursku/Islandu
- Former VOC Omicron GRA (B.1.1.529+BA.x) poprvé detekován v Botswaně/Hong Kongu/JAR
- VOI GRA (BA.2.86+BA.2.86.x excluding JN.1, JN.1.x) poprvé detekován v Dánsku/Izraeli/USA
- VOI GRA (EG.5+EG.5.x) poprvé detekován v Indonésii/Francii
- VUM GRA (XBB.2.3+XBB.2.3.x) poprvé detekován v Indii/USA



Podíl

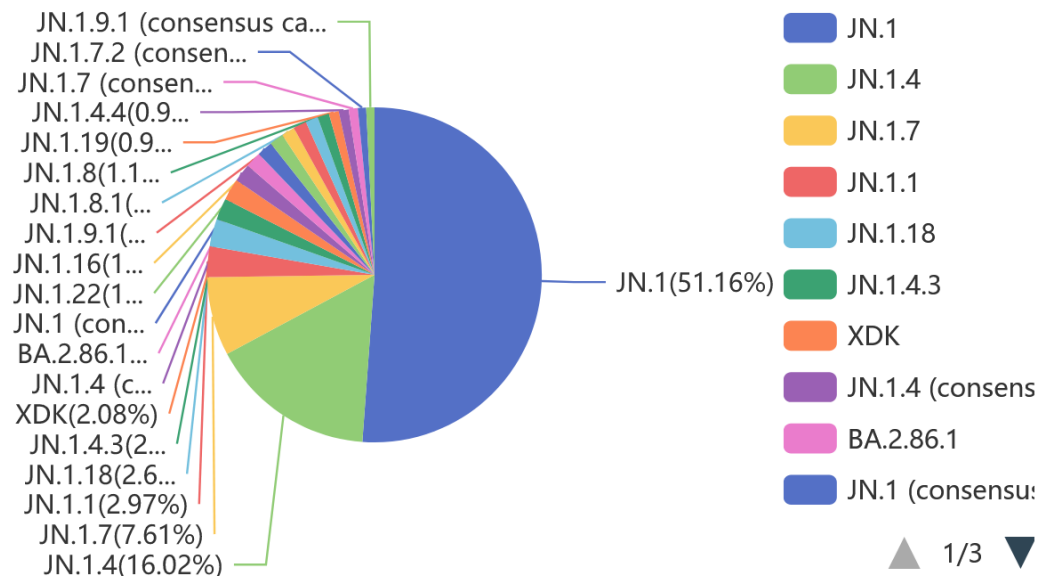
- 88.50%
- 4.92%
- 3.46%
- 1.06%
- 0.73%



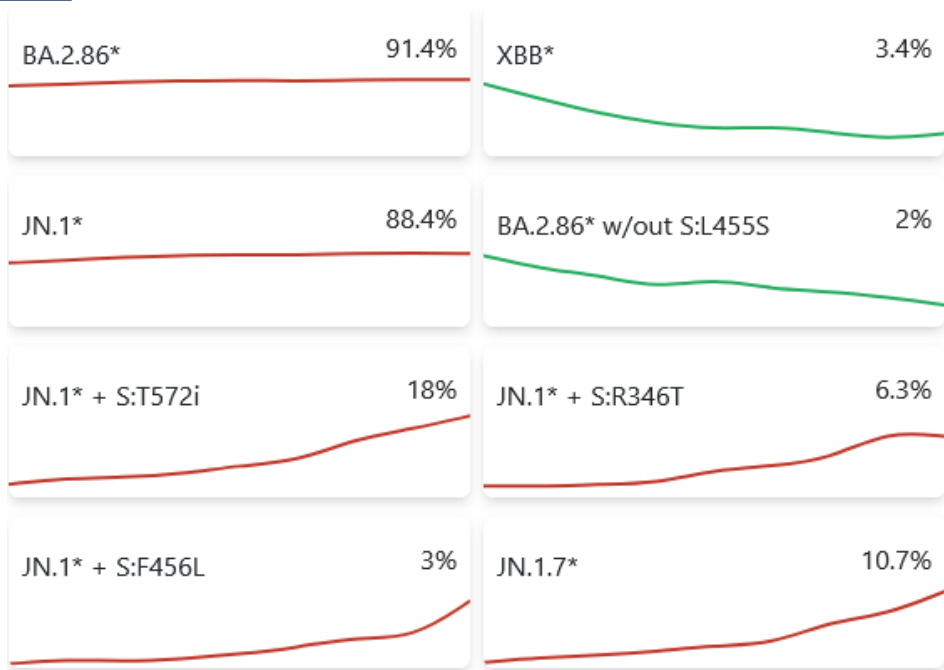
20 nejčtenějších variant v Evropě od 18. 2. 2024 Celkem 1 504 WGS

Dominující varianty

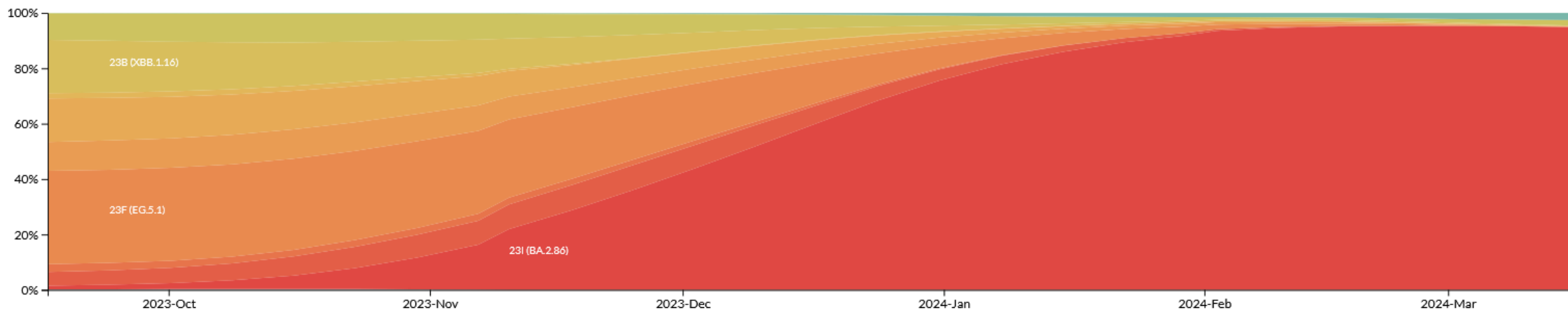
- JN.1 – 51,16 %
- JN.1.4 – 16,02 %



SARS-CoV-2: Evropa – počty WGS k 11. 3. 2024



Frequencies (colored by Clade)





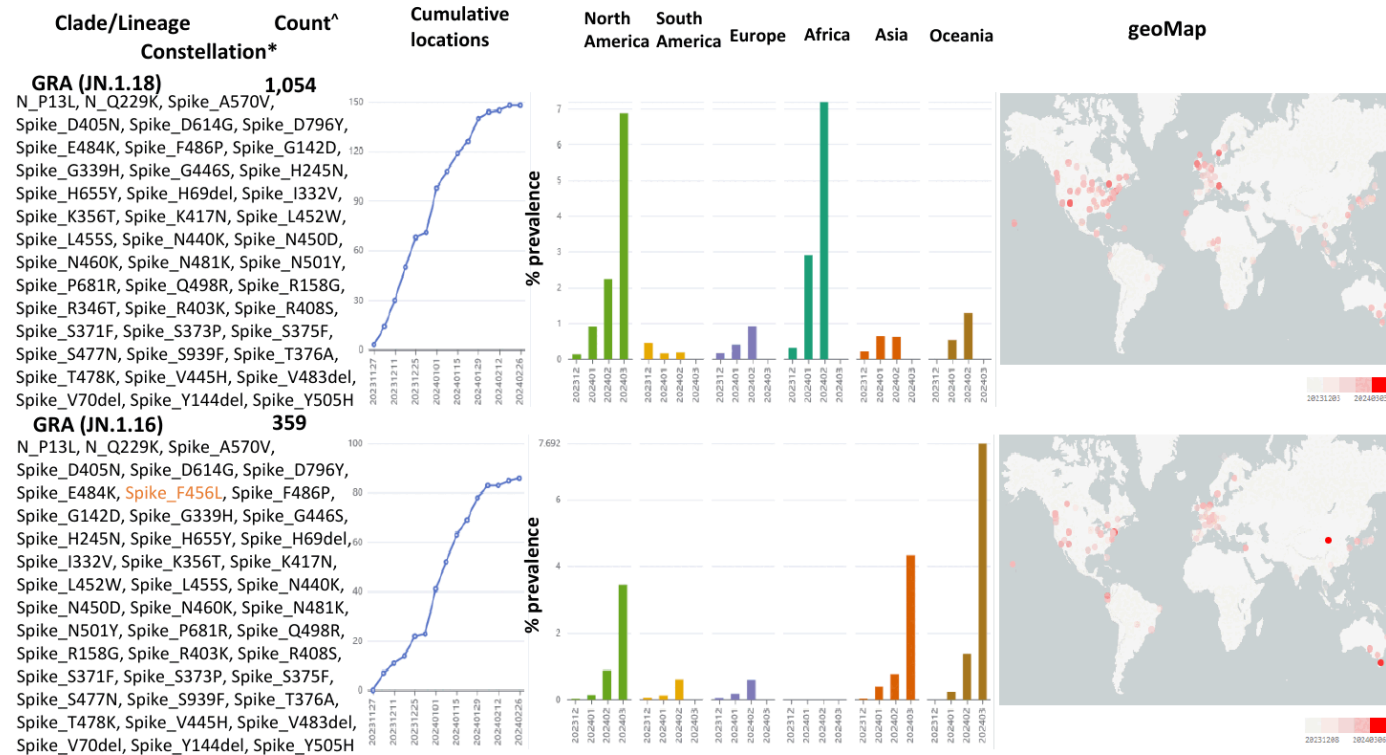
SARS-CoV-2: VOI ECDC k 15.3. a emergentní varianty

Emerging variant analysis 2024-03-12

Variants of Interest (VOI)

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	XBB.1.5-like (a)	United States	N460K, S486P, F490S	n/a	Similar to Baseline (1, 2)	Reduced (v) (1, 3, 5)	Similar to Baseline (4)
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P	n/a	Baseline (6)	Baseline (6-8)	Baseline

Emerging Variants by Spread



Clade/Lineage Constellation*

GRA (JN.1.18) 1,054
 N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R346T, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H

GRA (JN.1.16) 359
 N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F456L, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H

^Count in past 100 days from analysis date

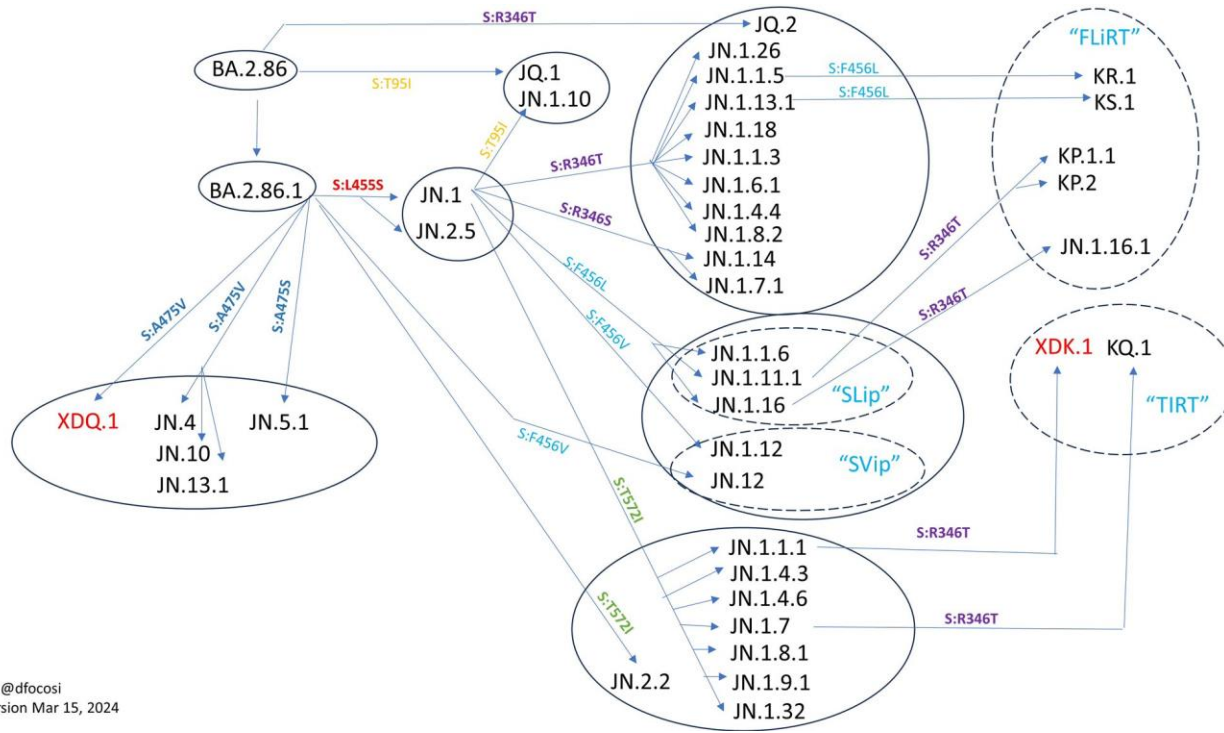
*Constellation of aa changes shown in literature to have phenotypic effects such as antibody escape, ACE2 binding, changes in Spike protein expression and stability, as curated by CoVsurver. Constellations in **Emerging Variants by Spread** are ranked by gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges. 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: Evoluce spike – Nové varianty JN.x a KP s klíčovou SNP R346T



© @dfocosi
Version Mar 15, 2024



Enabled by data from GISAID
 < Return to all collections
 #42 Collection #42 Tracking/Designated Lineages Fastest 100 Plus Recent Designations
 Maintained by Andrew Urquhart (@wolfeagle1989), formerly by Federico Gueli (@siamosolocani), ideator: Nick Froberg (@asinickle)

Name	Query	Number sequences	Submitted in past 10 days	Relative growth advantage	CI (low) ↓	CI (high)	Description
★ KP2 (JN.1.11.1.2; BA.2.86.1.1.11.1.2)	(nextcladePangoLineage:JN.1.11.1 & S:R346T & S:K1086R) nextcladePangoLineage:KP2*	21	15	182.66%	101.23%	264.10%	S:R346T
★ KP.1.1 (JN.1.11.1.1.1; BA.2.86.1.1.11.1.1.1)	JN.1.11.1* (Nextclade) + S:K1086R, S:R346T	12	8	256.88%	96.22%	417.54%	S:R346T
★ Multilineage BA.2.86* including BA.2.86-derived recombinants with S:R346T and S:F456L	(nextcladePangoLineage:BA.2.86* nextcladePangoLineage:XDD* nextcladePangoLineage:XDK* nextcladePangoLineage:XDP* nextcladePangoLineage:XDPQ* nextcladePangoLineage:XDR* nextcladePangoLineage:XDS* nextcladePangoLineage:XDT*) & S:R346T & S:F456L	103	50	88.20%	71.76%	104.64%	
★ Multilineage BA.2.86* with S:R346T and S:F456L	BA.2.86* (Nextclade) + S:R346T, S:F456L	102	50	88.05%	71.57%	104.55%	S:R346T S:F456L
★ KP.1 (JN.1.11.1.1; BA.2.86.1.1.11.1.1)	JN.1.11* (Nextclade) + S:F456L, S:K1086R	57	18	92.75%	69.45%	116.05%	S:K1086R
★ KQ.1 (JN.1.4.3.1; BA.2.86.1.1.4.3.1)	JN.1.4.3* (Nextclade) + S:R346T	73	17	77.41%	60.41%	94.41%	S:R346T
★ JN.1.11.1 (BA.2.86.1.1.11.1)	JN.1.11.1* (Nextclade)	196	64	68.21%	59.09%	77.32%	S:F456L
★ JN.1 (BA.2.86.1.1)	JN.1* (Nextclade)	123,855	9,281	52.90%	52.50%	53.30%	S:L455S ORF1a:R3821K NSP6:R252K ORF7b:F19L
★ JN.1.13.1 (BA.2.86.1.1.13.1)	JN.1.13* (Nextclade) + S:R346T, S:F59S	240	52	55.91%	49.16%	62.66%	S:R346T S:F59S
★ JN.1.7.1 (BA.2.86.1.1.7.1)	JN.1.7* (Nextclade) + S:R346K	24	5	79.53%	49.05%	110.01%	S:R346K

Země výskytu KP.x	Celkem WGS
Austrálie	7
Kanada	32
Dánsko	2
Francie	1
Německo	1
Hong Kong	1
Čína	3
Indie	4
Itálie	1
Japonsko	4
Nový Zéland	2
Singapur	21
Jižní Korea	1
Španělsko	1
Švédsko	1
Spojené Království	4
USA	105
Celkový součet	191

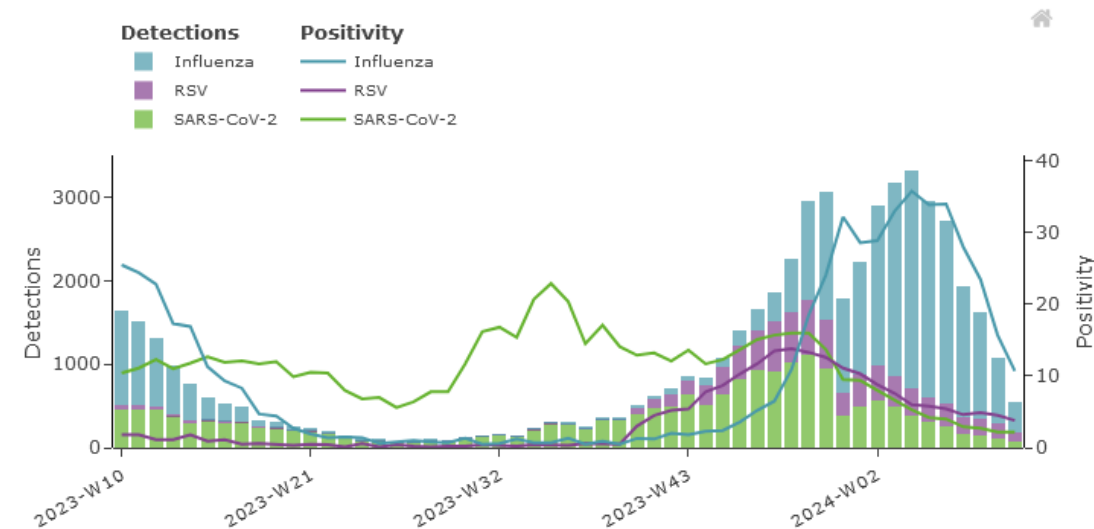
KP.1.1 [JN.1.11.1.1.1] odhadovaná „růstová výhodnost - growth advantage“ vůči JN.1 je necelých 183 %, u KP.2 je tato veličina ještě větší – 257 % (57 + 39 WGS v GISAID). KP.2 [JN.1.11.1.2] obsahuje 45 mutací, které ji odlišují od XBB.1.5, a 11 mutací oproti JN.1 – 95 WGS v GISAID..

KP.2 se cirkuluje nejen v USA ale mnoha zemích světa. Pravděpodobně se stane dominantní variantou během několika měsíců. Tato varianta zřejmě uniká před XBB.1.5 vakcínou indukovanými protilátkami.

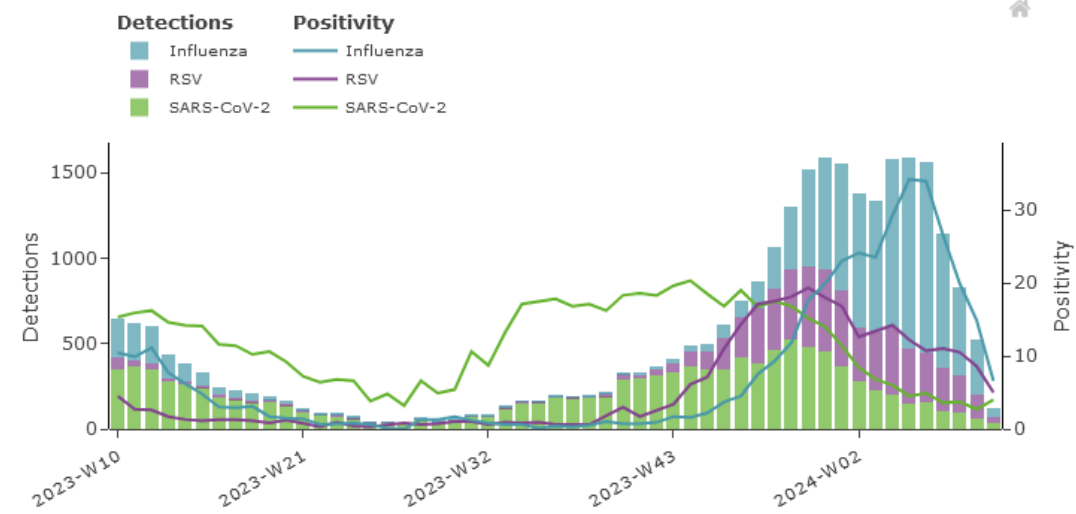


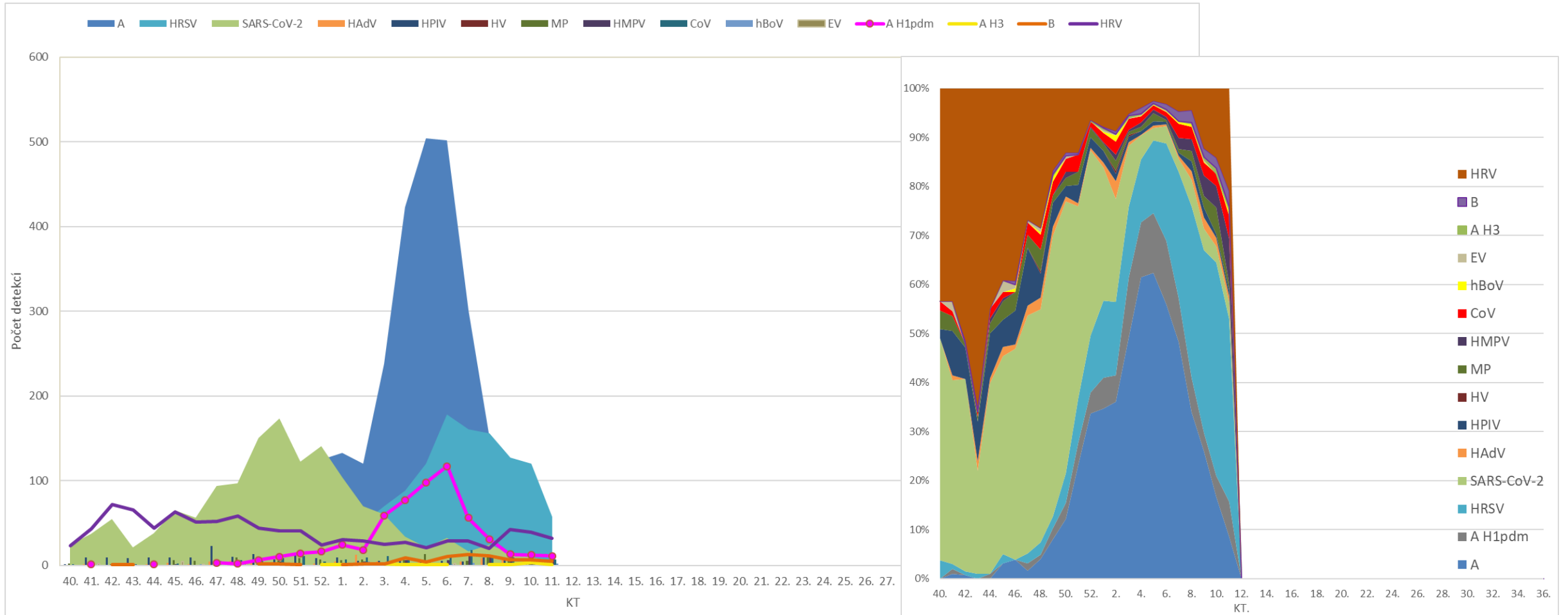
- V rámci ARI/ILI virologické sentinel surveillance jednoznačně dominovaly detekce chřipky, a to 13 % (8–22 %).
- Z 17 hlásících zemí, jedenáct hlásí epidemickou vlnu viru chřipky. Čtrnáct zemí hlásí celoplošné šíření.
- V 70 % byl detekován virus chřipky typu A (70 % A/H1pdm09 a 30 % A/H3), pouze v 30 % pozitivních vzorků byl prokázán virus chřipky typu B, přičemž ve všech blíže charakterizovaných vzorcích byla potvrzena linie B/Victoria.
- Střední pozitivita SARS-CoV-2 v sentinel surveillance byla 1 % (souhrnně: 2 %; IQR: 0–3 %). Incidence od 49. týdne 2023 nadále klesá, a to ve všech zemích EU/EHP.
- Podíl RSV v sentinel surveillance byl 3 %, což představuje mírné snížení oproti minulému týdnu. Některé země nadále hlásí zvýšenou pozitivitu nejen v sentinel, ale i v non sentinel virologické surveillance.

Primary care sentinel testing



Secondary care sentinel testing





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

Sentinelová i nonsentinelová virologická surveillace v 11. KT

(neúplná data):

- Převažovala detekce RSV (36 %) a rinovirů (20 %).
- Chřipka typu A, A/H1N1 a A/H3N2 byla zachycena u 16 % všech pozitivních záchytů.
- Detekce SARS-CoV-2 má minoritní zastoupení - pouhá 3 %.
- Stejně jako v minulém týdnu bylo 77 % vyšetřovaných vzorků negativních.

Kalendářní týden (KT)		10.	10. KT úplná data	11.	11. KT neúplná data
Detekce viru	A	46	20 %	13	15 %
	A H ₁ pdm	12		11	
	A H ₃	3		1	
	B	6	2 %	5	3 %
	HRSV	120	42 %	57	36 %
	HAdV	5		2	
	HPIV	2		2	
	HV	0		0	
	MP	15		2	
	HMPV	12		14	
	CoV	7		7	
	HRV	39	13,5 %	32	20 %
	hBoV	0		2	
	EV	0		0	
	SARS-CoV-2	9	3 %	5	3 %
	SM	12		4	
negativní	953	77 %	533	77 %	
Celkový počet vyšetření:		1241		690	
Celkový počet pozitivních		288		157	

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

- V rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance ARI/ILI byla v 11. KT prokázána převaha detekce RSV (36 %) a rinovirů (20 %). Chřipka typu A, A/H1N1 a A/H3N2 byla zachycena v 16 % všech pozitivních vzorků.
- Nemocnost akutních respiračních infekcí včetně chřipky (ARI) v ČR v 11. kalendářním týdnu roku 2024 dosáhla hodnoty 1227 nemocných na 100 000 osob, což představuje pokles o 2,4 % oproti minulému týdnu. Aktuálně nejvyšší nemocnost je v Jihomoravském kraji. V kategorii chřipce podobných onemocnění (ILI) je evidován pokles počtu nemocných o 38,6 %, i v této kategorii se nemocnost pomalu normalizuje.
- **Nemocnosti ARI je v ČR v současnosti na hodnotách obvyklých pro dané roční období, vyskytují se již jen lokální epidemická ohniska respiračních onemocnění.**
- V rámci aktivního hlášení závažných případů respiračních infekcí (tzv. SARI) bylo v aktuální chřipkové sezoně do 15. 3. 2024 hlášeno celkem 400 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 94 osob infekci podlehl.
- **Závěr: Epidemii chřipky lze považovat za ukončenou, stejně jako epidemickou vlnu RSV, přestože se v ČR se aktuálně vyskytují lokální epidemická ohniska respiračních onemocnění.**