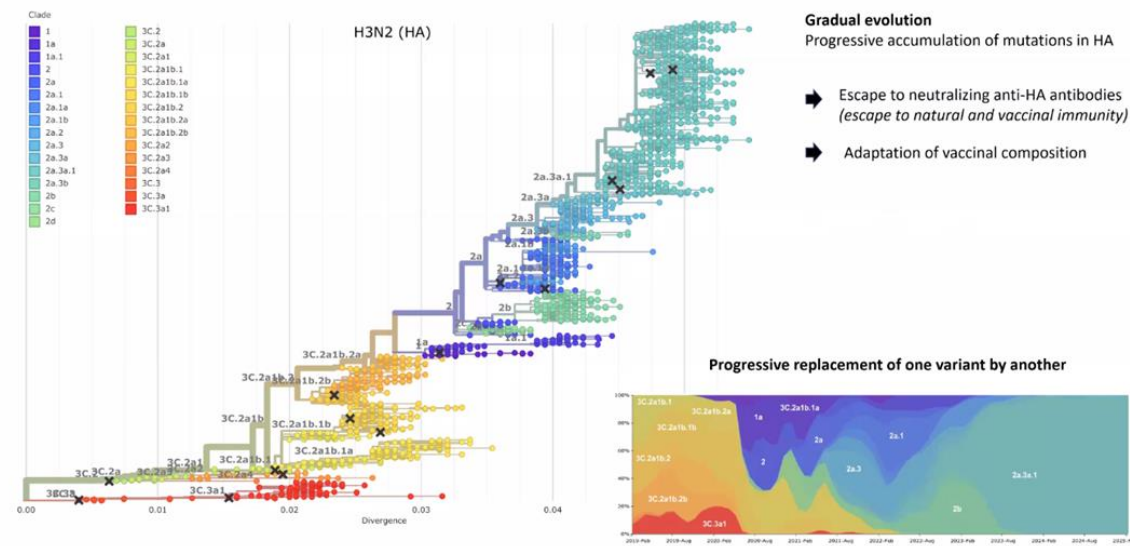


ARI/ILI virologická surveillance 2024/25 Konzultační den SZU

RNDr. Helena Jiřincová

A. Nagy², T. Šůri, A. Jašica¹, D. Husáková¹, M. Trinklová¹, L. Mrázková, L. Knapová, J. Vecerova¹,

Characteristics of viral evolution and consequences for viral spread Influenza viruses



Legislativa

- nedílnou součástí je i molekulární surveillance a surveillance SARI.
- Systém surveillance je stanoven v dokumentu Ministerstva zdravotnictví ČR (MZ) z roku 2006 (dokument č.j. OVZ-37.0-15.8.06/34178),
- vyhláškou č. 334/2023 Sb., kterou se mění vyhláška č. 306/2012 Sb., o podmínkách předcházení vzniku a šíření infekčních onemocnění a o hygienických požadavcích na provoz zdravotnických zařízení a ústavů sociální péče, ve znění vyhlášky č. 244/2017 Sb. a
- vyhláškou č. 389/2023 Sb., o systému epidemiologické bdělosti pro vybraná infekční onemocnění (příloha č. 5 - chřipka a akutní respirační infekční onemocnění a chřipku, příloha č. 60 A/H5N1 a další lidská onemocnění vyvolaná viry zoonotické chřipky).

SARI surveillance

- SARI je hlášeno dle vyhlášky 389/2023 Sb. a dle přílohy 5 této vyhlášky
 - SARI, influenza - léčba v režimu intenzivní péče, zasílá vyšetřující laboratoř primární klinický vzorek, případně izolát nukleové kyseliny či jiný materiál, pokud již není primární vzorek dostupný, do Národní referenční laboratoře pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění.
 - Druh odebraného biologického materiálu se indikuje podle klinického obrazu.
 - Národní referenční laboratoř pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění provede typizaci, subtypizaci, případně sekvenační analýzu zaslaných izolátů
 - Všechny SARI potvrzuje NRL, SARI případy – nesmí být potvrzeny AG testem, či RAG testem
-
- SARI ve světě – influenza, RSV, SARS-CoV-2
 - Na sekvenaci prosíme tyto agens, případně vzorky od hospitalizovaných na ARO/JOP

Surveillance 2024-25

- od 40. KT 2024 do 20. KT 2025:
- 3 (*) výtěry od dětského pacienta v ordinaci PLDD
- 2–3–4 (*) výtěry od dospělých pacientů (z toho alespoň jeden ve věkové skupině 18–49 let a alespoň jeden ve věkové skupině 50+ let) v ordinaci VPL

(*) Počet odběrů zohledňuje velikost krajů v omezené míře, ze všech krajů se zasílá nejméně 5 vzorků/týden, z krajů s více než 1 miliónem obyvatel: Praha, Středočeský, Moravskoslezský, Jihomoravský je třeba zaslat 7 vzorků/týden

- V případě potřeby vyšetření ohniska ARI či ILI
- NRL poskytuje KHS a spolupracujícím PL, PLDD odběrové soupravy

Molekulární, virologická a SARI surveillance

- nutně ke confirmaci do NRL vždy (ideálně původní materiál)
- Neurologická onemocnění – encefalitidu, serózní meningoencefalitidy apod. – pokud je klasický náález negativní
- InflA včetně subtypizace (lze poslat do NRL) + SARS-CoV-2, v případě sérologie zajistit párové sérum

NRL vyšetřuje v týdenním režimu

- chřipka A (včetně subtypů H1N1pdm a H3N2),
 - chřipka B (linie Yamagata a Victoria),
 - adenoviry,
 - respirační syncytiální viry A/B,
 - rhinoviry, enteroviry,
 - bokaviry,
 - sezónní koronaviry (OC43, 229E, HKU1, NL63) + SARS-CoV-2
 - viry parainfluenzy 1–4,
 - parechoviry,
 - metapneumoviry
-
- V pilotním režimu *M. pn*, *Bordetella p. pp.*

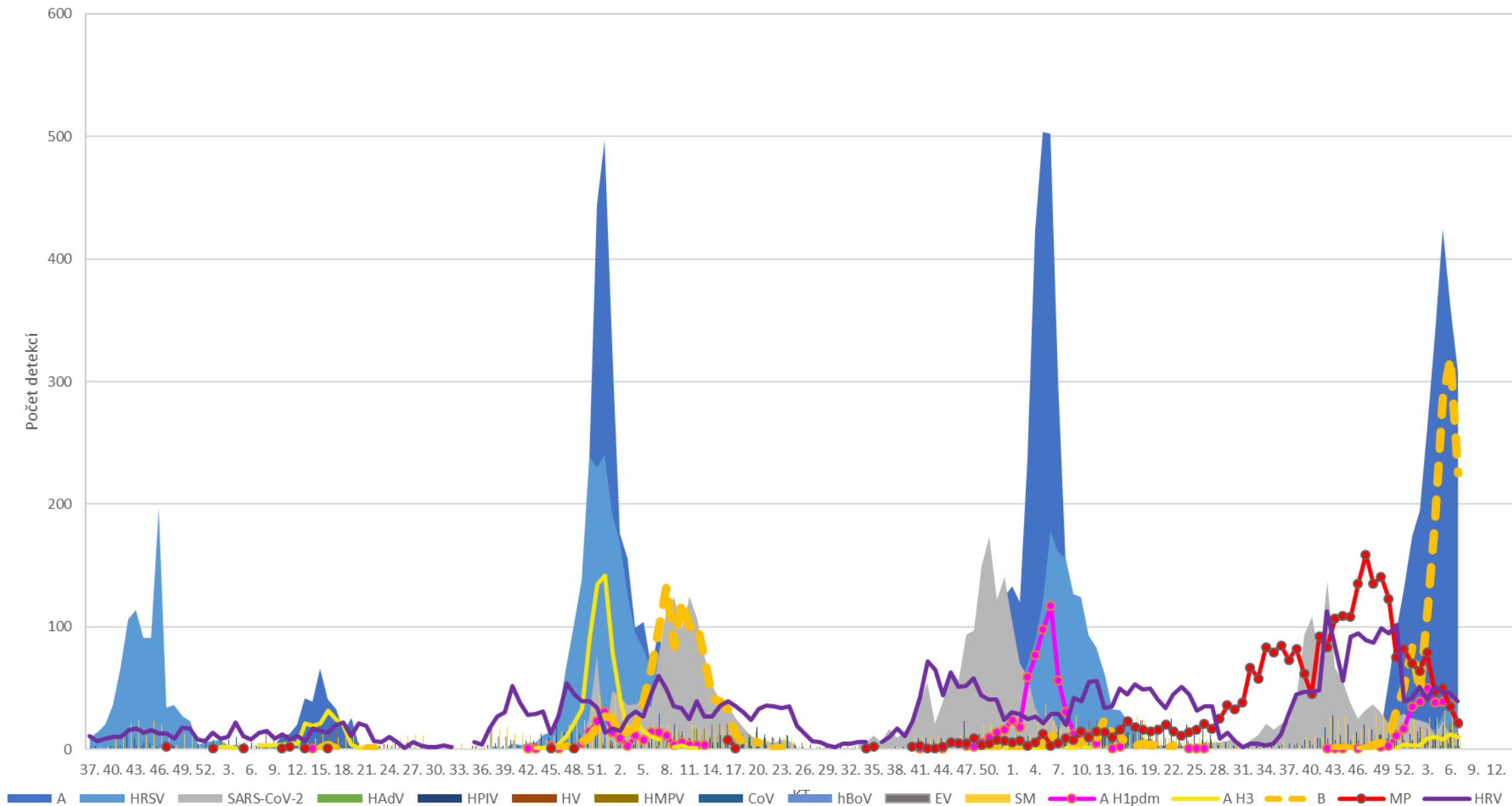
Molekulární surveillance— virů chřipky A a B, RSV a SARS-CoV-2

- NGS
- reprezentativní podíl vzorků,
- vzorky s významným klinickým nebo epidemiologickým podtextem (např. selhání vakcinace/ reinfekce/ těžký průběh u dětí a pacientů do 50 let bez komorbidit/
- detekce v neobvyklém materiálu/
- import z rizikových oblastí/
- neobvyklý kumulativní výskyt případů – tedy šetření ohnisek, např. ve školách, nemocničních odděleních a v zařízeních poskytujících institucionalizovanou péči).
- Detekce v neobvyklém materiálu, např. likvor, zajišťují nemocniční laboratoře.
- Import z rizikových oblastí – zajišťují KHS, pokud mají k dispozici tuto informaci.
- Neobvyklý kumulativní výskyt případů – tedy šetření ohnisek, zajišťuje příslušná KHS, respektive nemocniční epidemiolog – je třeba zaslat 2 až 5 pozitivních vzorků z šetřeného ohniska/klastru.
- V případě chřipky jsou nejdůležitější vzorky z počátku a konce sezóny
- Pro molekulární surveillance zasílají laboratoře se zastoupením v Praze, Ostravě, Brně a Plzni týdně nejméně 10 vzorků sledovaných patogenů k sekvenaci: chřipka, RSV s Ct < 25; SARS-CoV-2 s Ct < 30.
- NRL preferuje zasílání původních klinických materiálů, nikoli izolátů RNA. Jedná se o nějakou podkapitolu nebo samostatnou kapitolu, bylo by vhodné rozčlenit pro lepší orientaci

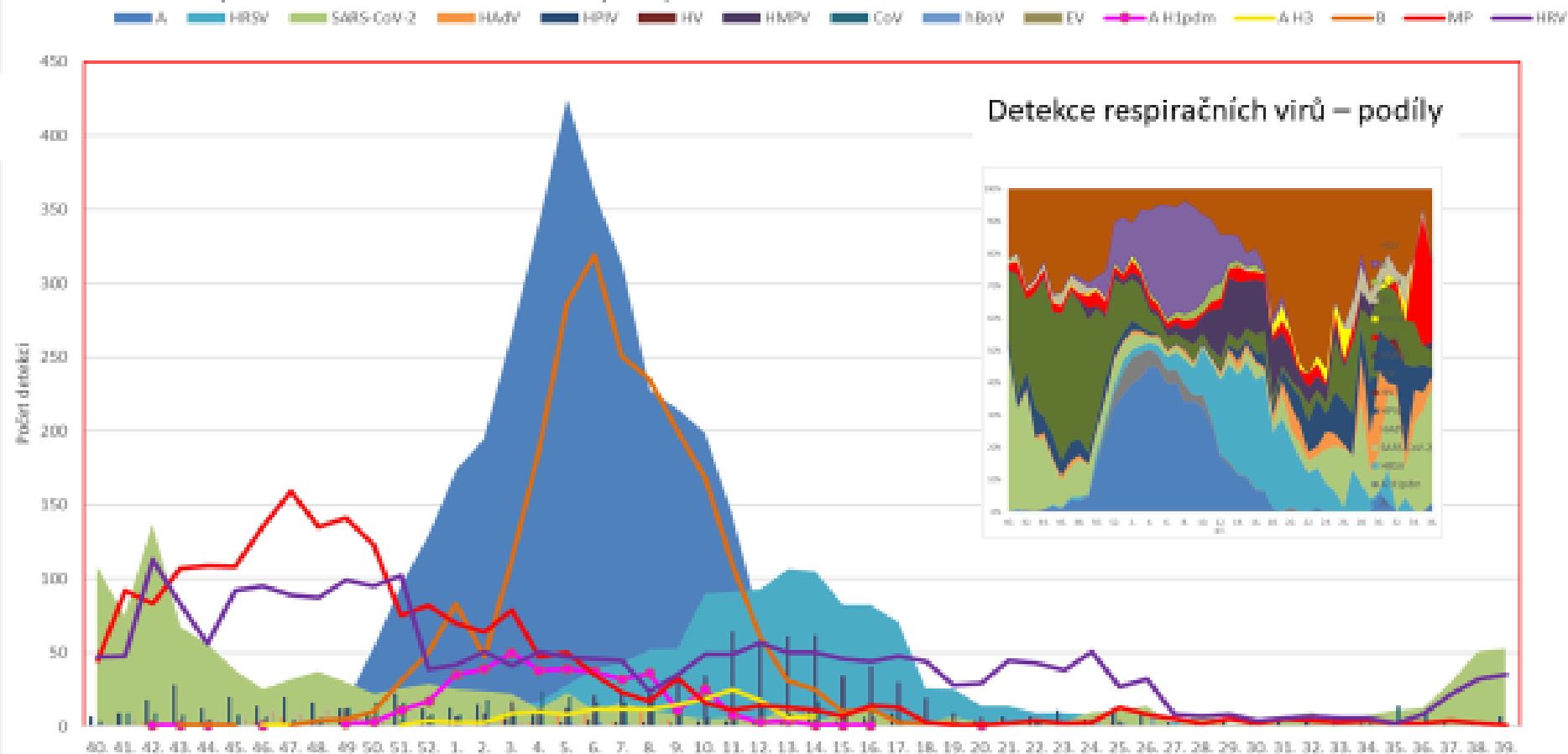
Podmínky pro uchovávání a transport

- Vzorky nesmějí být uchovávány při teplotě +4 až 8 °C déle než 2 dny. Pokud nemá zasílající zařízení k dispozici možnost uchování a transportu při nejméně -20 °C, je třeba zajištění rychlého transportu.
- RSV pozitivní k sekvenaci a izolaci na buněčných liniích ihned po vyšetření uložit do -20 °C a při stejné teplotě transportovat
- NRL zapůjčí obaly a chladící vložky pro zasílání

Sentinel a nonsentinel surveillance v sezónách 2021 - 2025



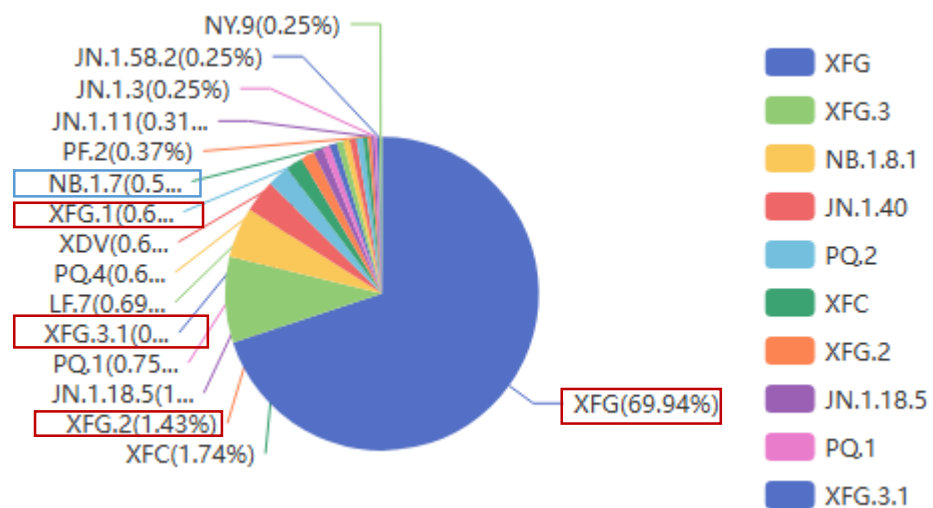
Detekce respiračních virů – kumulativní počty



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

Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtenějších variant SARS-CoV-2

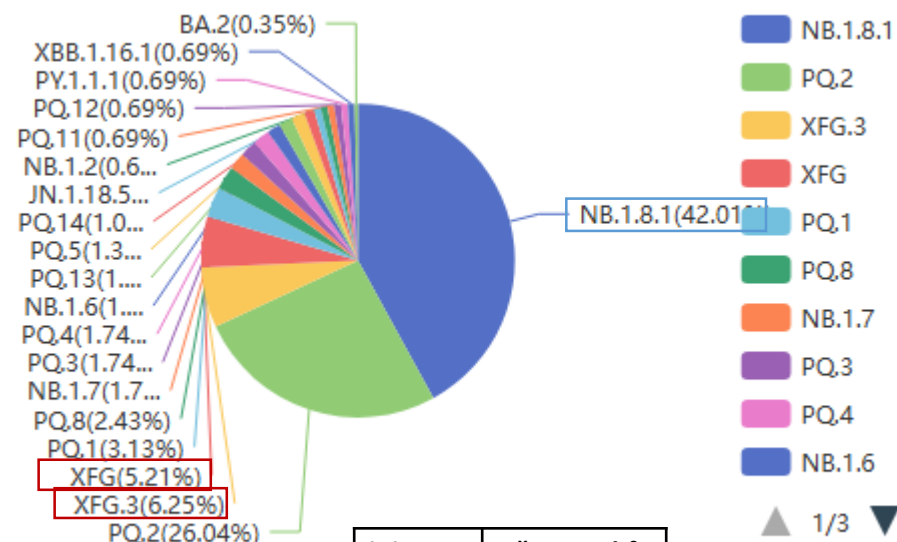
Evropa 29. 8. - 29. 9. 2025



Linie	Počet vzorků
XFG	1124
XFG.3	142
NB.1.8.1	84
JN.1.40	54
PQ.2	37
XFC	28
XFG.2	23
JN.1.18.5	16



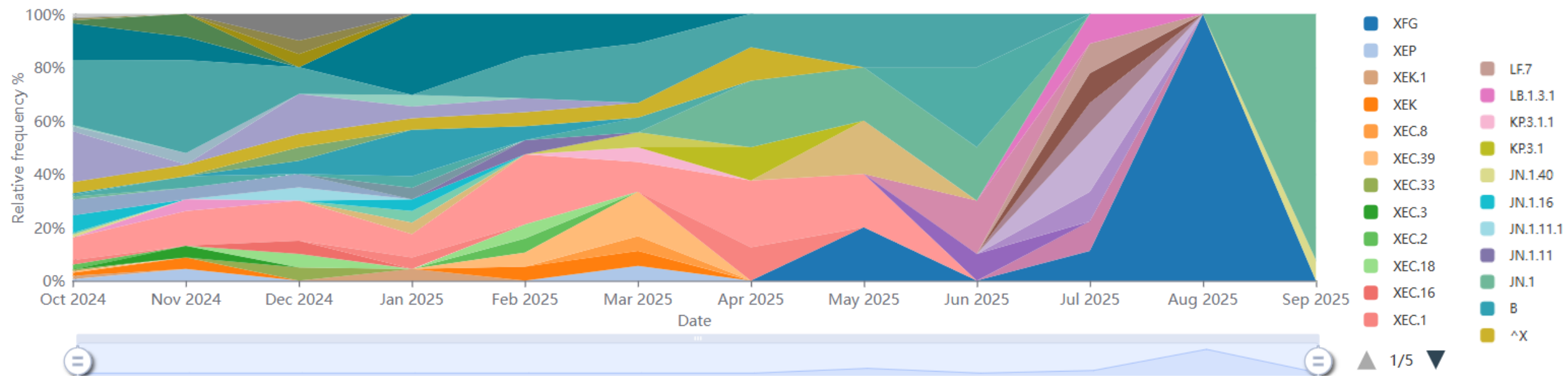
Asie 29. 8. - 29. 9. 2025



Linie	Počet vzorků
NB.1.8.1	121
PQ.2	75
XFG.3	18
XFG	15
PQ.1	9
PQ.8	7
NB.1.7	5
PQ.3	5

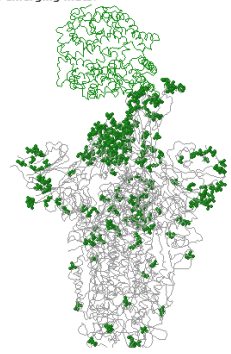


Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR podle relativní frekvence od 10/24-1025



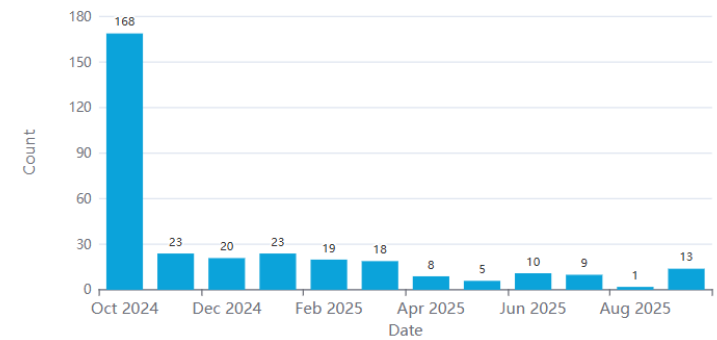
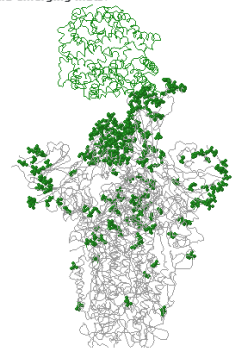
LP.8.1 defining muts: ins16MPLF T191 R21T L24del P25del P26del A27S S31del S50L H69del V70del V127F G142D Y144del F157S R158G F186L R190S N211del L212I V213G L216F H245N A264D I332V G339H R346T K356T S371F S373P S375F T376A R403K D405N R408S K417N N440K V445R G446S N450D L452W L455S F456L N460K S477N T478K N481K V483del E484K F486P Q493E Q498R N501Y Y505H E554K A570V D614G P621S H655Y N679K P681R N764K D796Y S939F Q954H N969K K1086R V1104L P1143L

LP.8.1 emerging muts: 2025-03-05

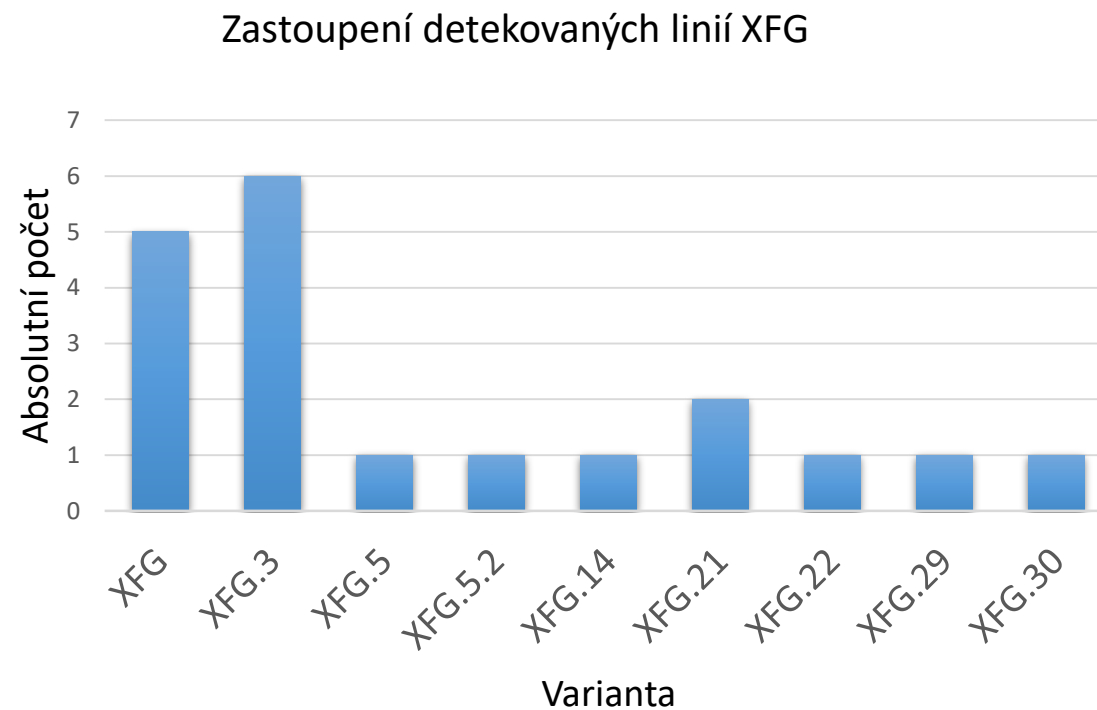
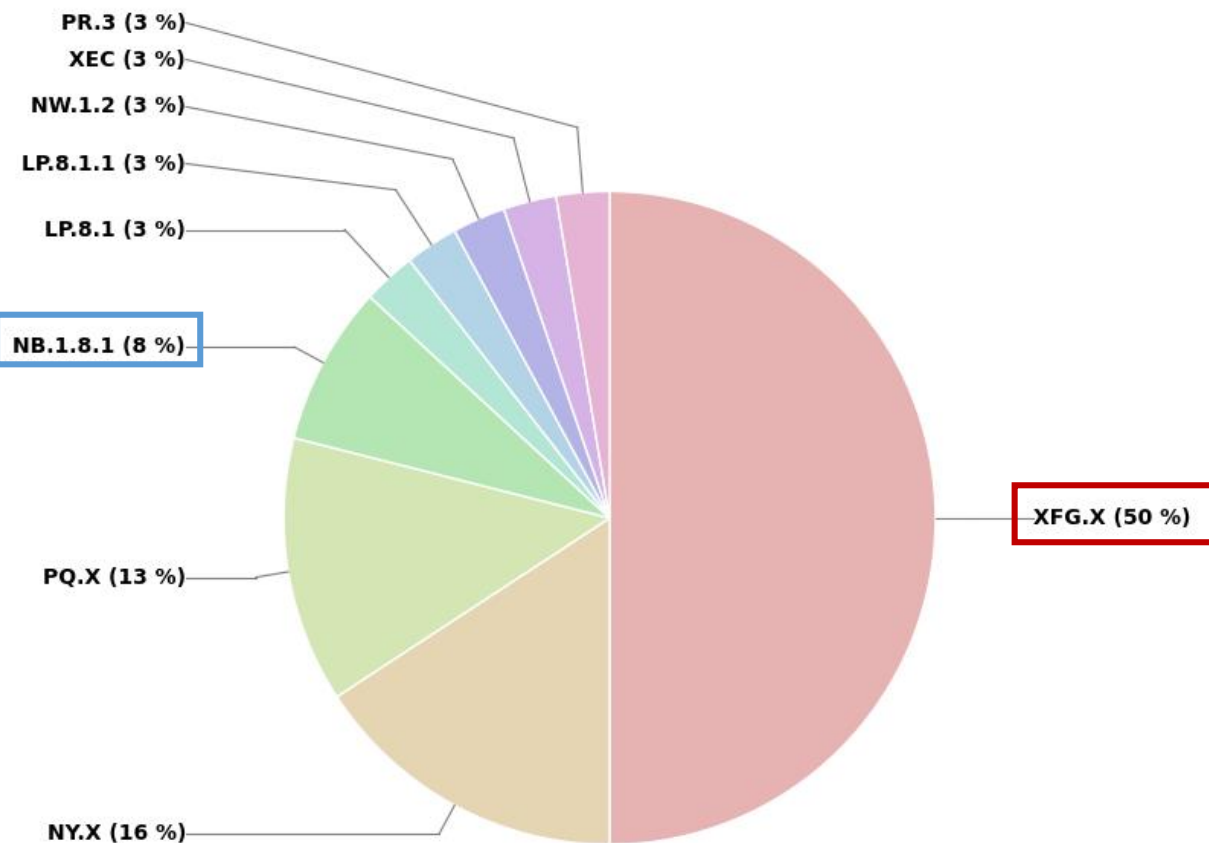


LF.7.2.1 defining muts: ins16MPLF T191 R21T T22N L24del P25del P26del A27S S31P S50L H69del V70del V127F G142D Y144del F157S R158G K182R R190S N211del L212I V213G L216F H245N A264D I332V G339H R346T K356T S371F S373P S375F T376A R403K D405N R408S K417N N440K K444R V445H G446S N450D L452W L455S F456L N460K A475V S477N T478K N481K V483del E484K F486P Q498R N501Y Y505H E554K A570V D614G P621S H655Y N679K P681R N764K D796Y S939F Q954H N969K P1143L

LF.7.2.1 emerging muts: 2025-03-05



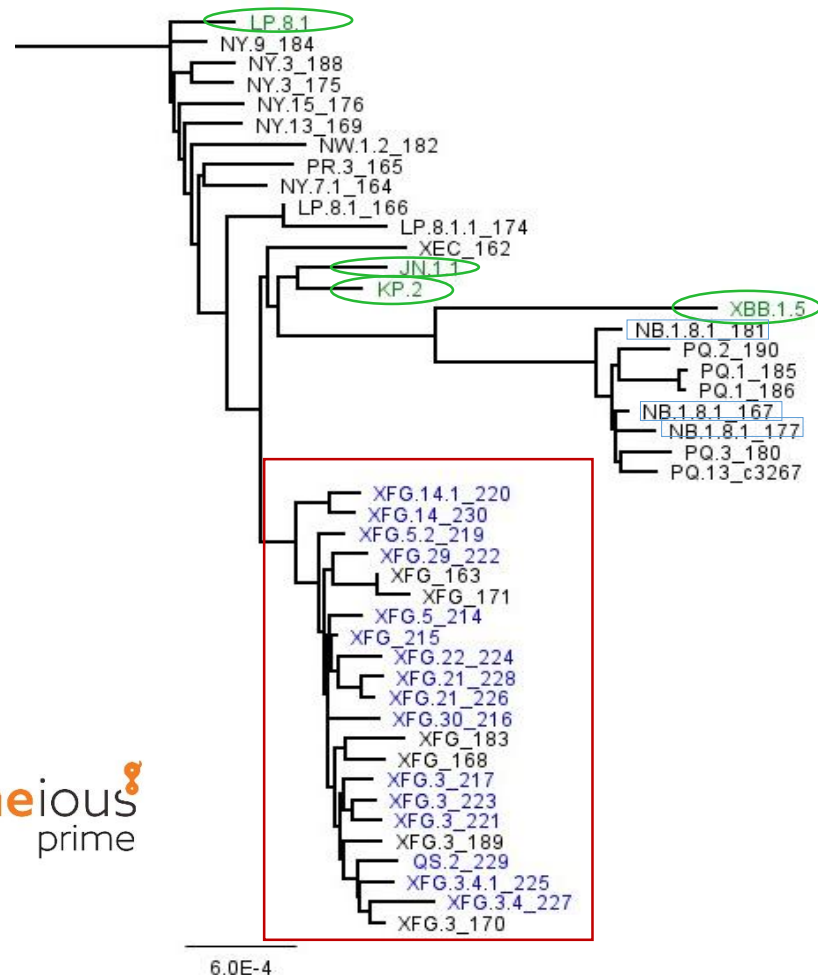
Graf detekovaných variant SARS-CoV-2 v ČR v období 9. 5.- 23. 9. 2025



Z 41 celogenomově sekvenovaných vzorků z období květen – září 2025 s datem odběru 9. 5. - 23. 9. 2025, byla v ČR varianta Nimbus (NB.1.8.1) potvrzena u 3 vzorků s datem odběru červen-červenec 2025. Varianty PQ.X a PR vykazují fylogenetickou příbuznost s variantou Nimbus (NB.1.8.1). Od srpna byly převážně zachyceny varianty XFG.

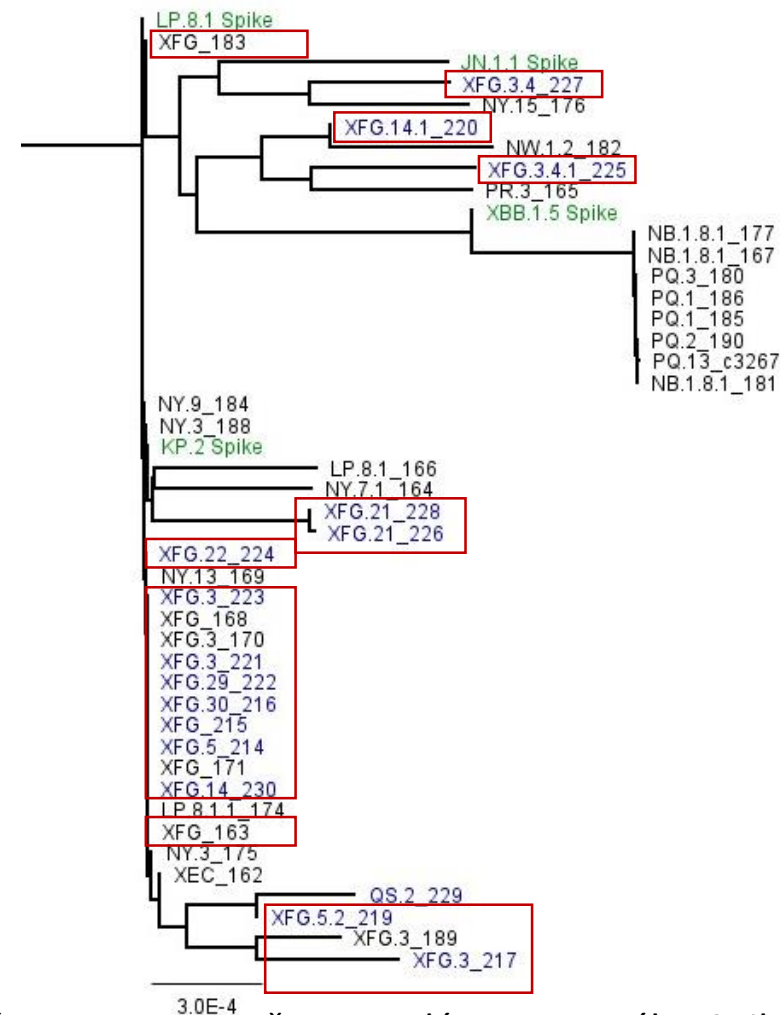
Fylogenetická analýza SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza
(41 vzorků + 4 **vakcinální kmeny**)



Datum odběru vzorku:
10. 9 – 23. 9. 2025
9. 5. – 2. 8. 2025

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu
(41 vzorků + 4 **vakcinální kmeny**)



V celogenomové analýze je patrná příbuznost jednotlivých linií XFG, které tvoří samostatnou větev. Analýza samotného Spike proteinu je důležitá, neboť Spike protein má přímý vliv na transmisibilitu a vazbu virus-neutralizačních protilátek.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 39. KT

- Počet provedených vyšetření v rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance během září stoupá, což odpovídá stoupající morbiditě.
- Nejčastěji byly detekovány SARS-CoV-2 (42,1 %), rhinoviry (27,8 %), sezónní koronaviry (10,3 %) a viry parainfluenzy (5,6 %).
- V jednom případě byl detekován virus chřipky A a v jednom případě virus chřipky B.

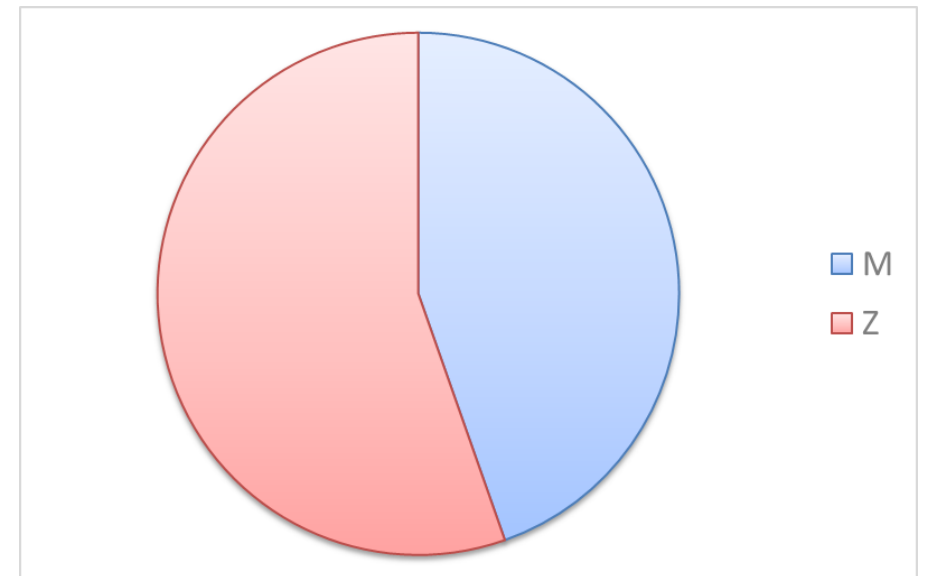
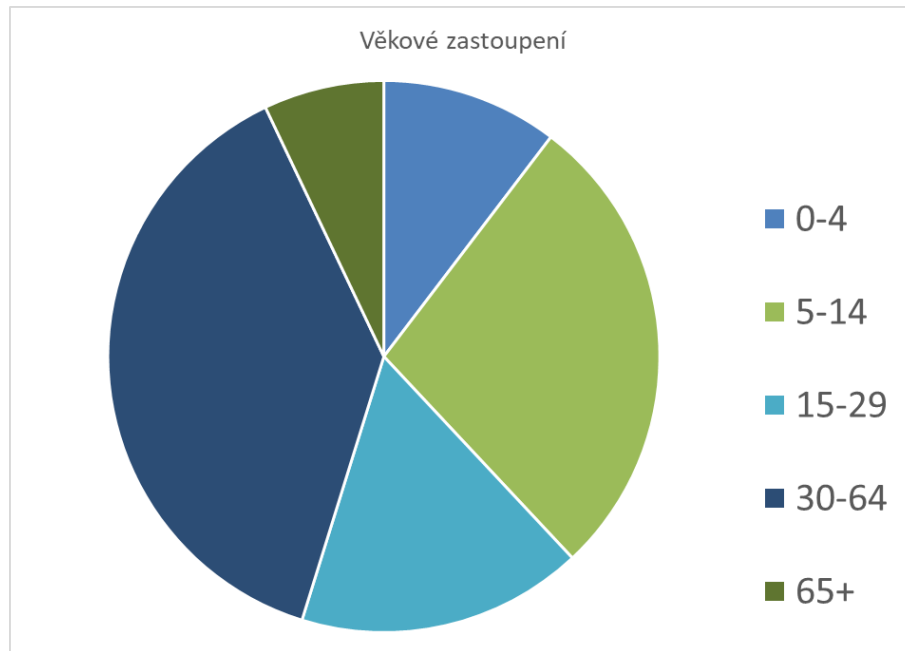
Virologická surveillance – data za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		36.	Podíl	37.	Podíl	38.	Podíl	39.	39.	Kumulativně od 36.KT 2024
Detekce viru	A	1	2,8%	0	0,0%	1	0,9%	1	0,8%	3408
	A H ₁ pdm	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%		0,0%	398
	A H ₃	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%		0,0%	174
	B	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,8%	2251
	HRSV	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%		0,0%	1154
	HAdV	1	2,8%	2	2,8%	2	1,8%	1	0,8%	177
	HPIV	1	2,8%	4	5,6%	4	3,7%	7	5,6%	412
	HV	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%		0,0%	5
	MP	2	5,6%	4	5,6%	2	1,8%	1	0,8%	1989
	HMPV	1	2,8%	0	0,0%	0	0,0%		0,0%	638
	CoV	9	25,0%	5	7,0%	11	10,1%	13	10,3%	416
	HRV	8	22,2%	22	31,0%	32	29,4%	35	27,8%	2308
	hBoV	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%		0,0%	59
	EV	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	1,6%	107
	SARS-CoV-2	13	36,1%	30	42,3%	51	46,8%	53	42,1%	1146
	SM	0	0,0%	3	4,2%	4	3,7%	12	9,5%	739
	pozitivní	36	10,0%	71	16,3%	109	15,0%	126	15,6%	
	negativní	324		365		617		683	683	
Celkový počet vyšetření:		360		436		726		809		61797

Kalendářní týden (KT)		36.	Podíl	37.	Podíl	38.	Podíl	39.	Podíl	Kumulativně od 36.KT 2025
	A bez subtypizace	1	2,8%	0	0,0%	2	1,8%	2	1,8%	5
	B	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%	1
	Celkem	1	2,8%	0	0,0%	2	1,8%	3	1,8%	6

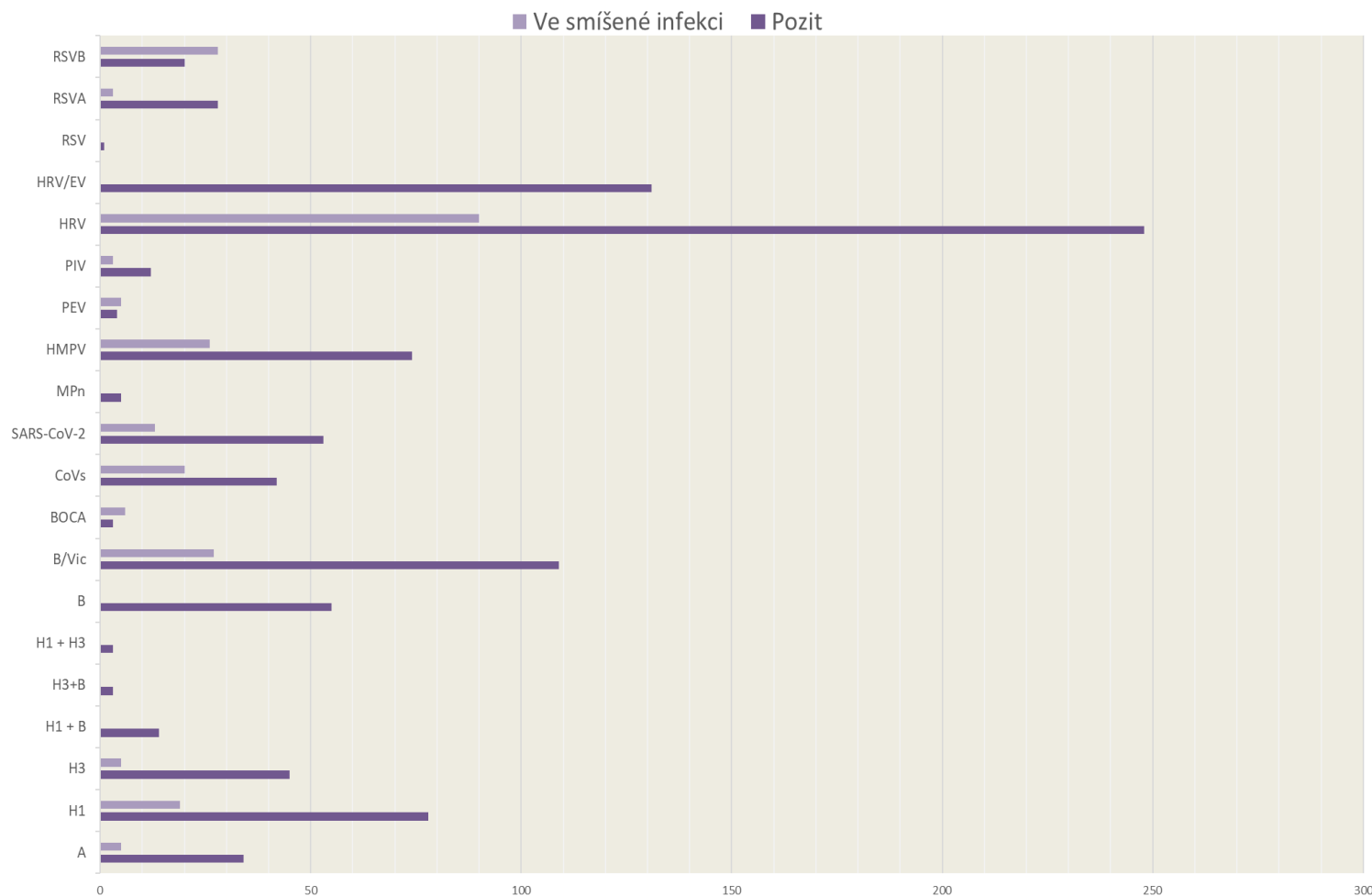
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Demografická data

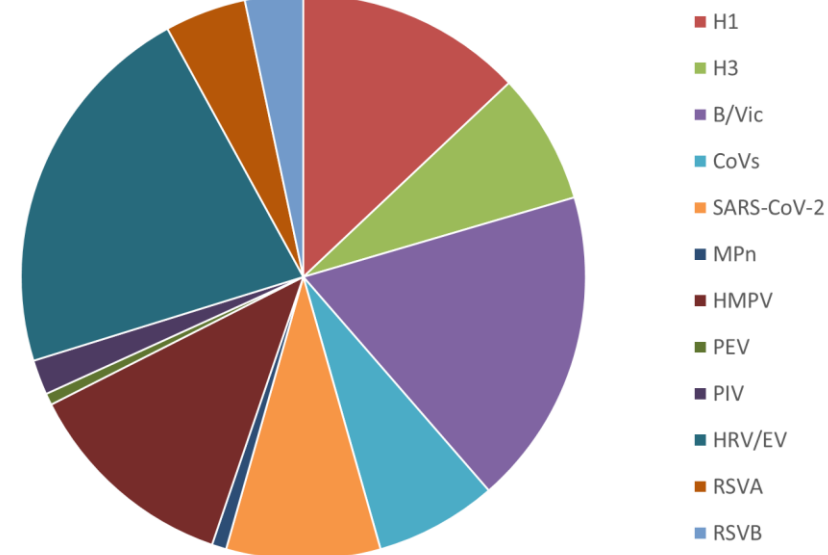


Virologická sentinel surveillance 2024/25

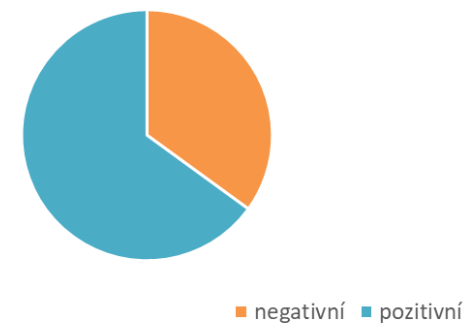
Detekované respirační viry



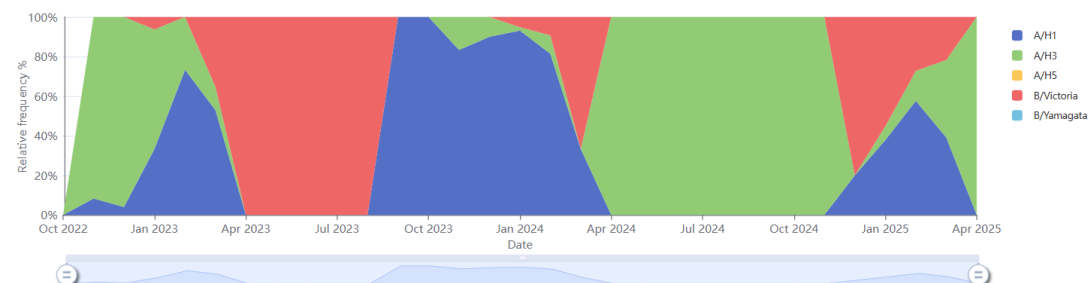
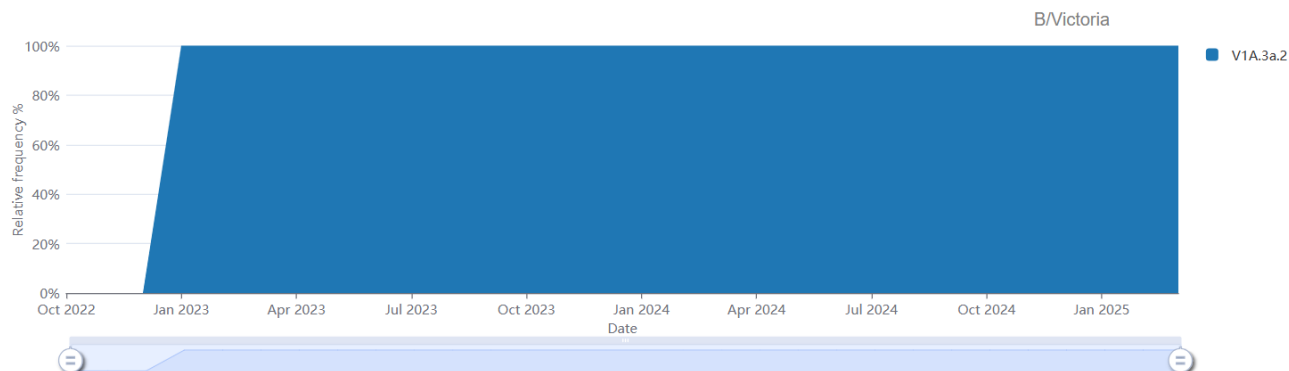
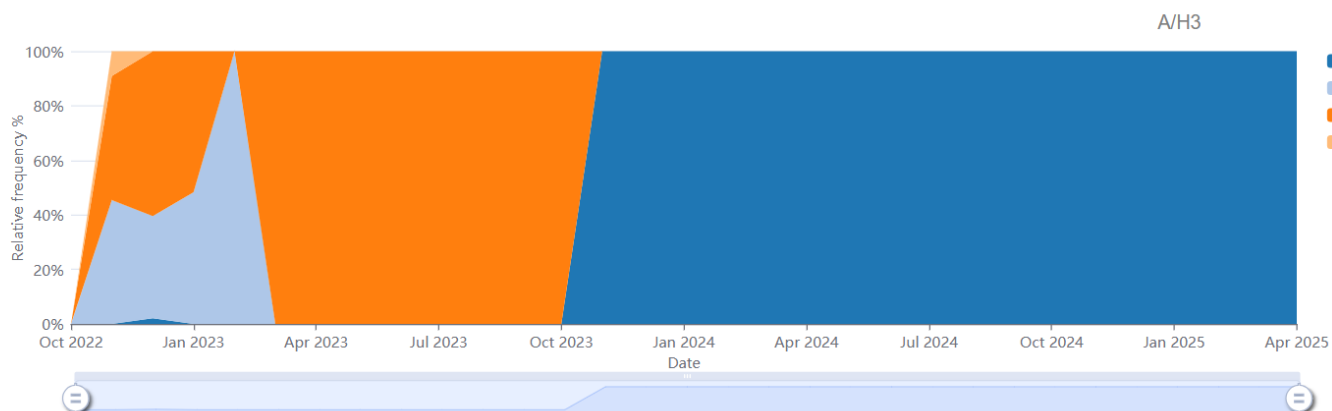
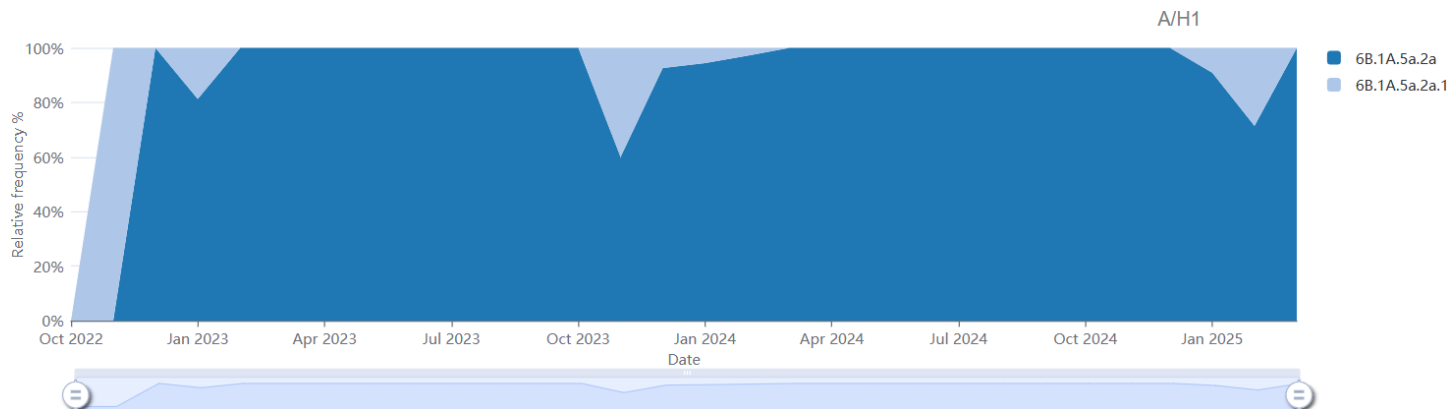
Respirační viry 2024/25



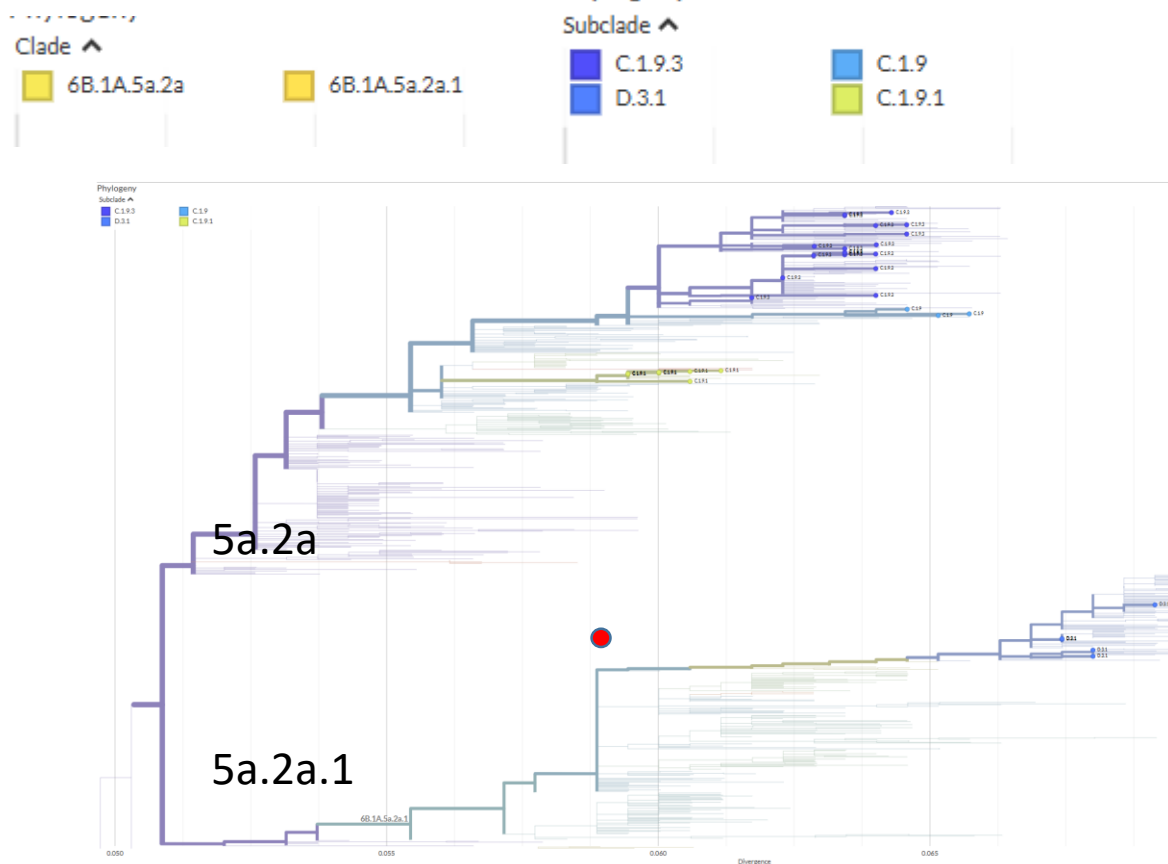
Podíl pozitivních detekcí



Clade Progression



Fylogenetické zařazení A/H1N1pdm 2009 (40 WGS)



● Vakcinální kmen

A/Victoria/4897/2022_Egg*

A/Wisconsin/67/2022_Cell*

Phylogenetic comparison of Influenza A(H1N1)pdm09-lineage HA genes.

Reference strain (black)

Vaccine strain (red)

* WHO recommended vaccine virus from the 2023-2024 northern hemisphere to the 2025 southern hemisphere influenza seasons

** WHO recommended vaccine virus for the 2023 southern hemisphere influenza season

*** WHO recommended vaccine virus from the 2021 southern hemisphere to the 2022-2023 northern hemisphere influenza seasons

Collection dates:

September

October

November

December

January

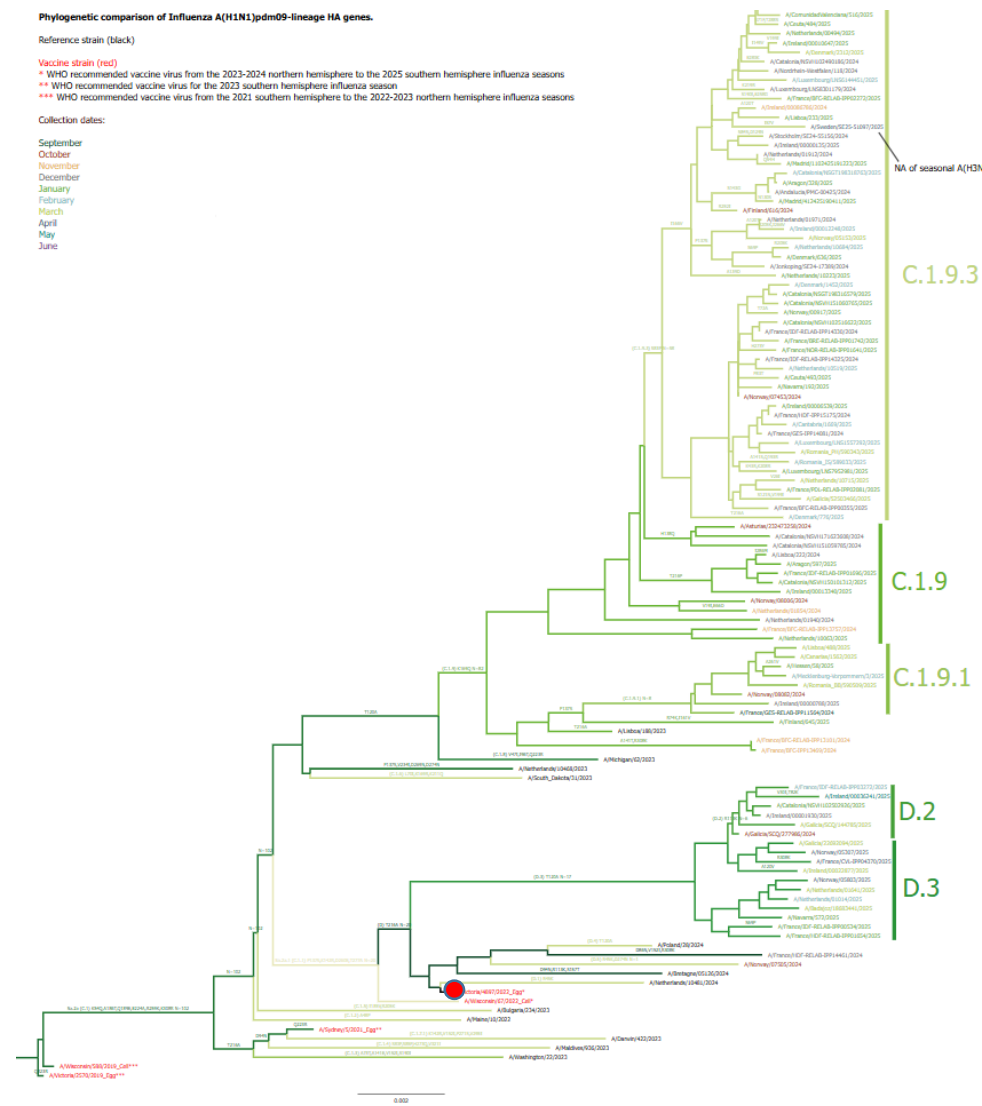
February

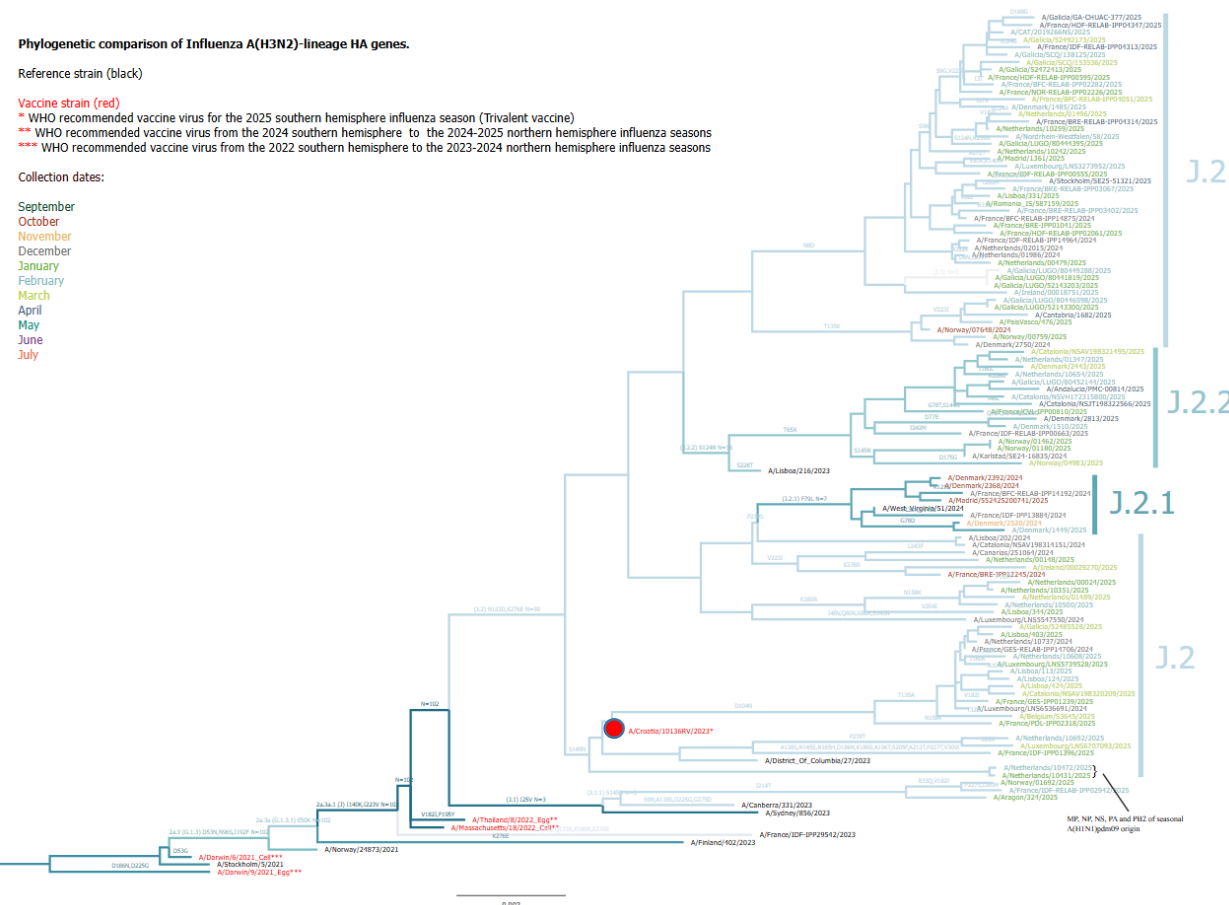
March

April

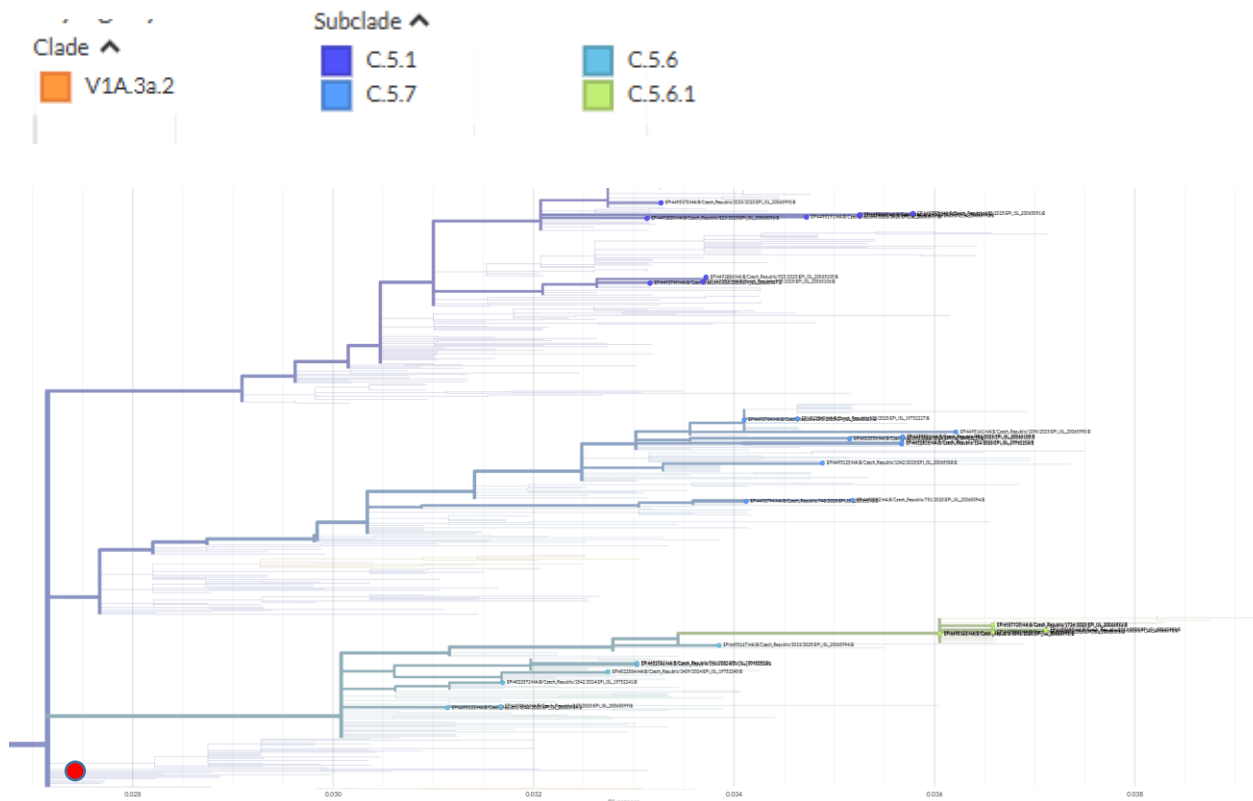
May

June





Fylogenetické zařazení B/Victoria (9 WGS)



Phylogenetic comparison of Influenza B/Victoria-lineage HA genes.

Reference strain (black)

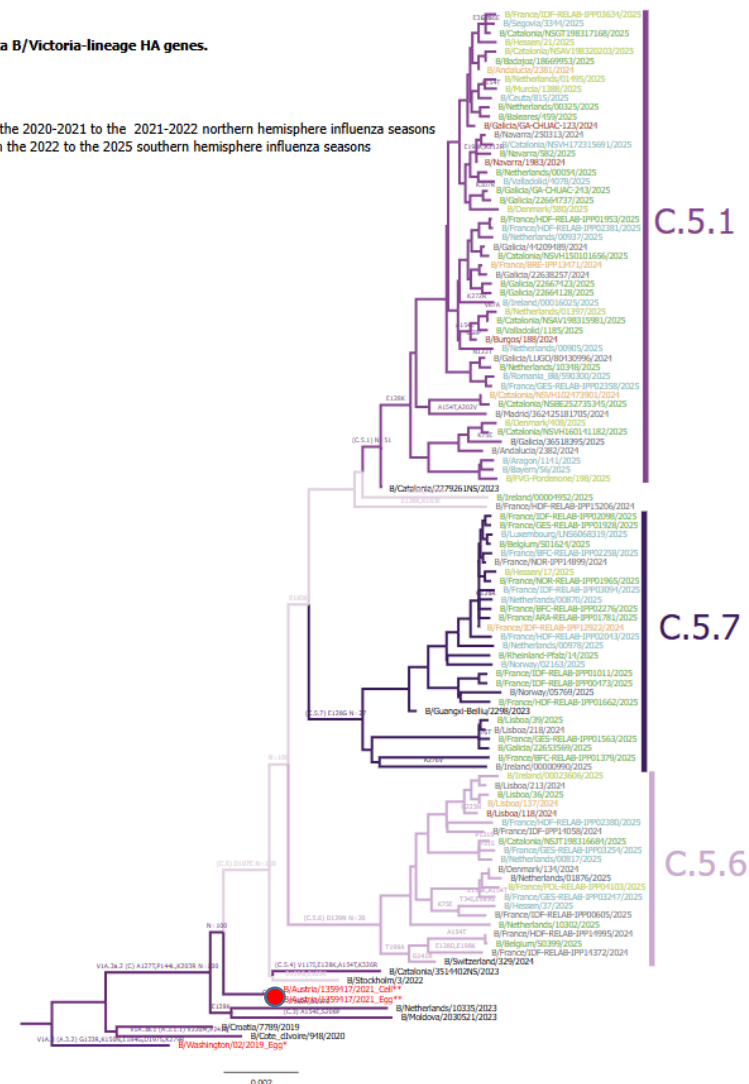
Vaccine strain (red)

* WHO recommended vaccine virus from the 2020-2021 to the 2021-2022 northern hemisphere influenza seasons

** WHO recommended vaccine virus from the 2022 to the 2025 southern hemisphere influenza seasons

Collection dates:

September
October
November
December
January
February
March
April
May
June



● Vakcinální kmen

B/Austria/1359417/2021_Cell**

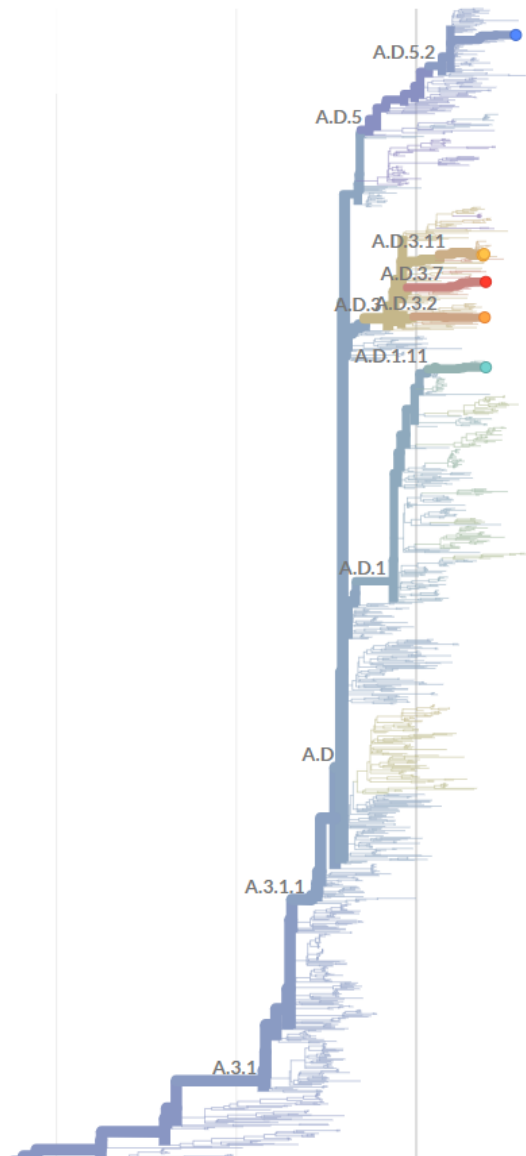


RSV A – 2024/25

Phylogeny

Clade ^

- A.3
- A.D.1.11
- A.D.3.11
- A.D.3.2
- A.D.3.7
- A.D.5.2

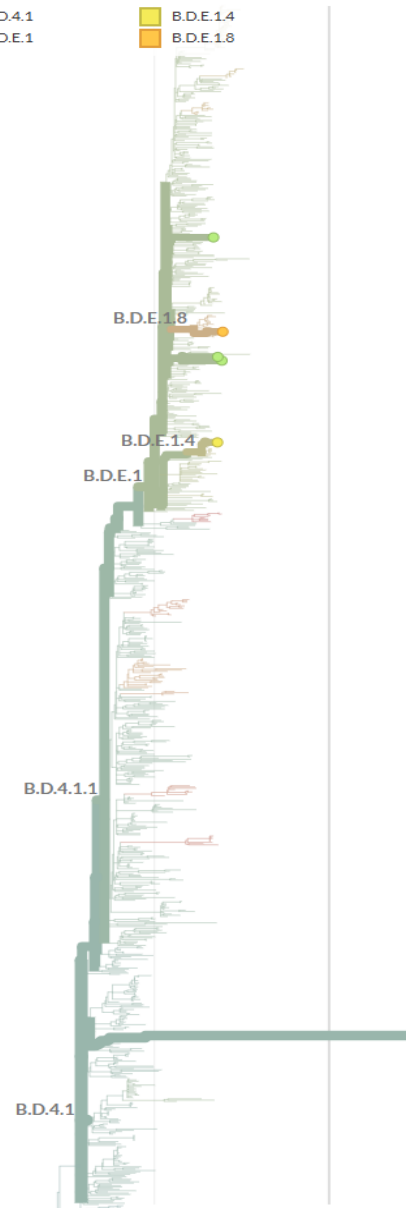


RSV B – 2024/25 (12 WGS)

Phylogeny

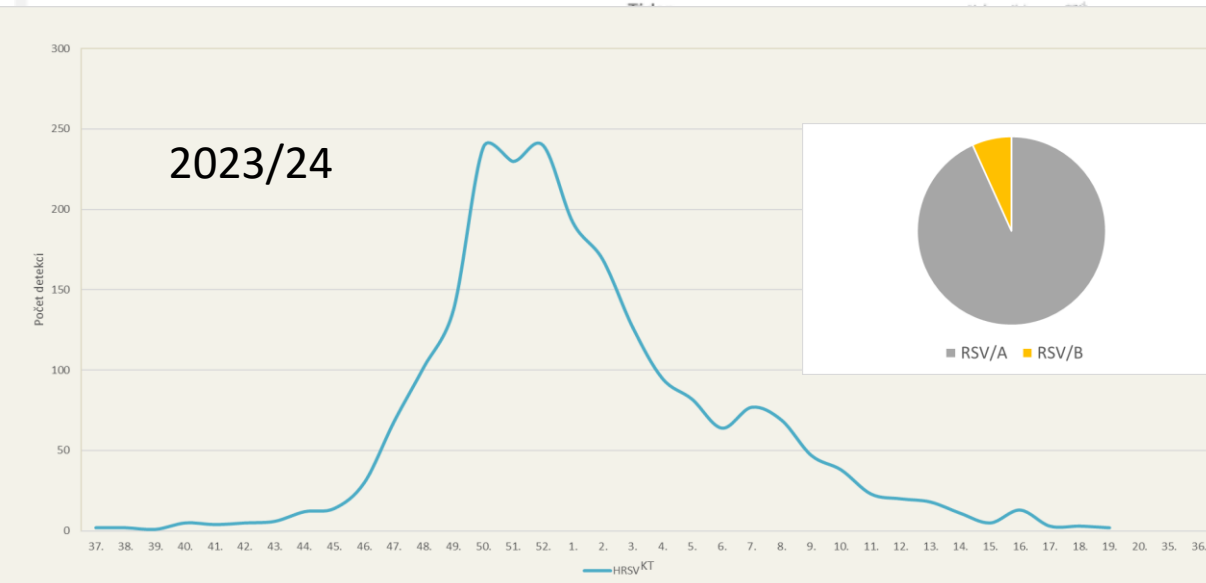
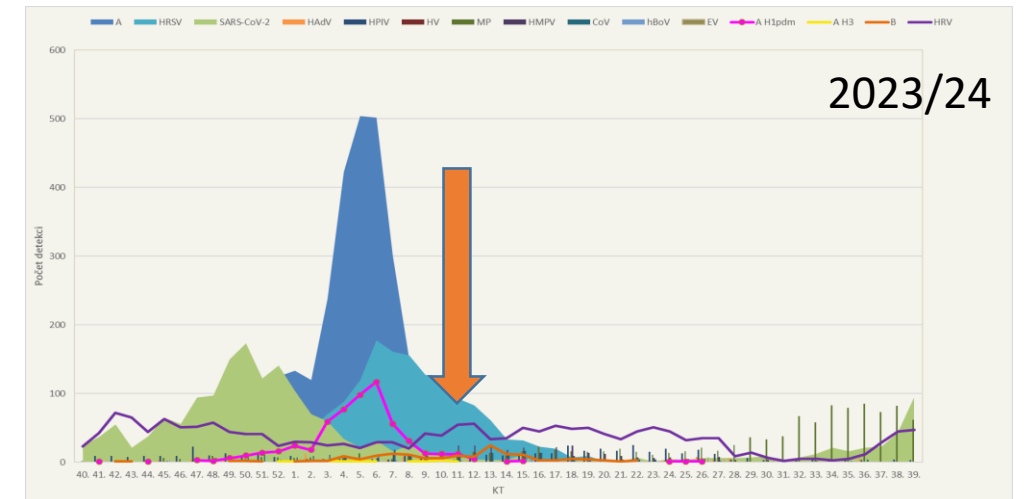
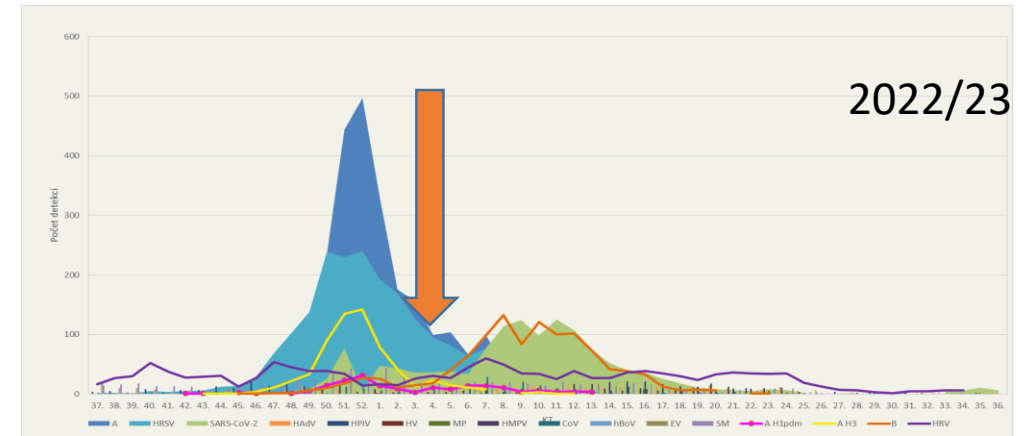
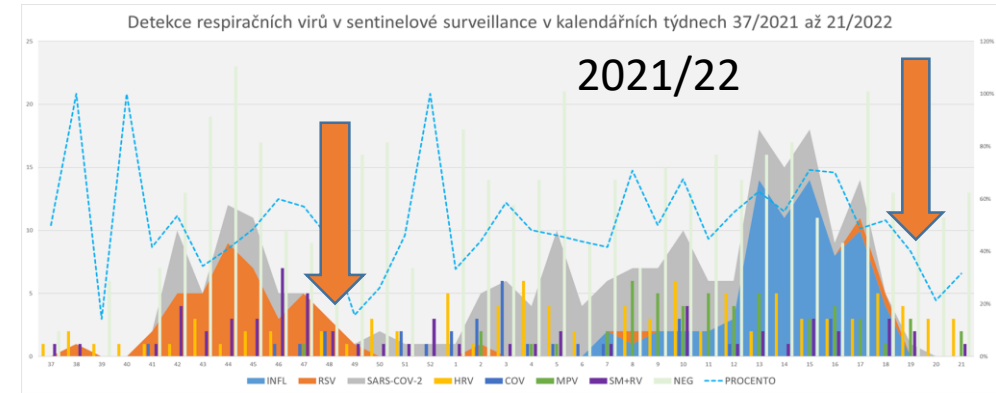
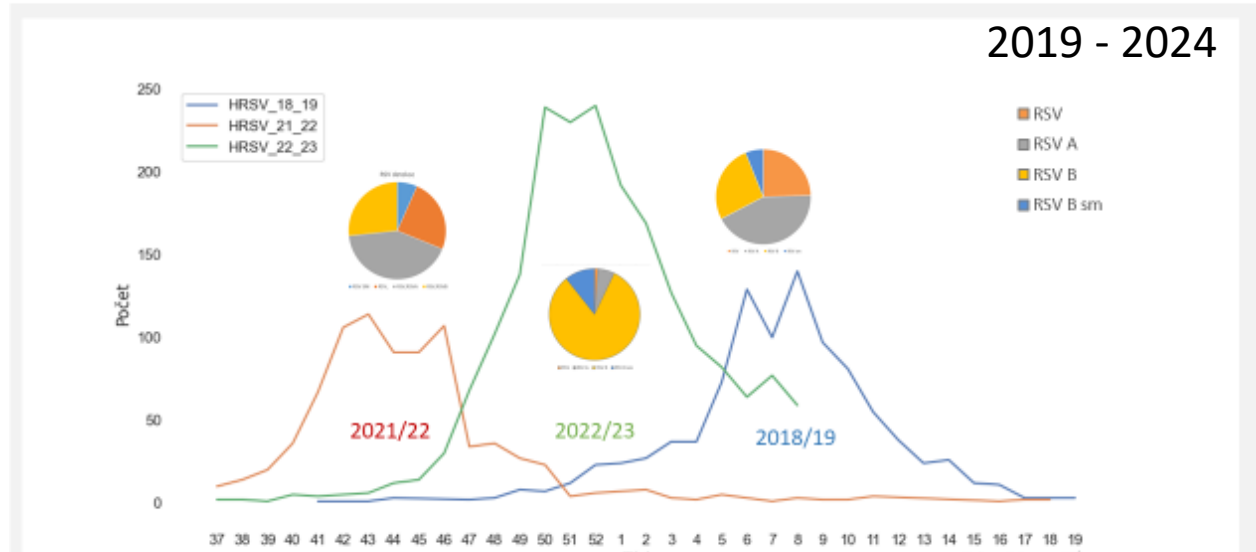
Clade ^

- B.D.4.1
- B.D.E.1
- B.D.E.1.4
- B.D.E.1.8

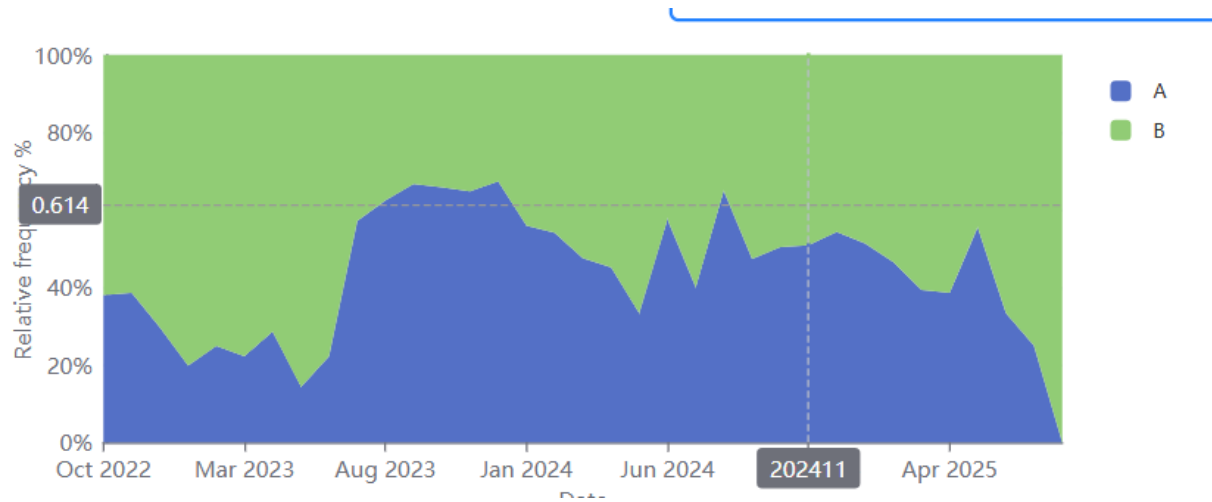


RSV surveillance

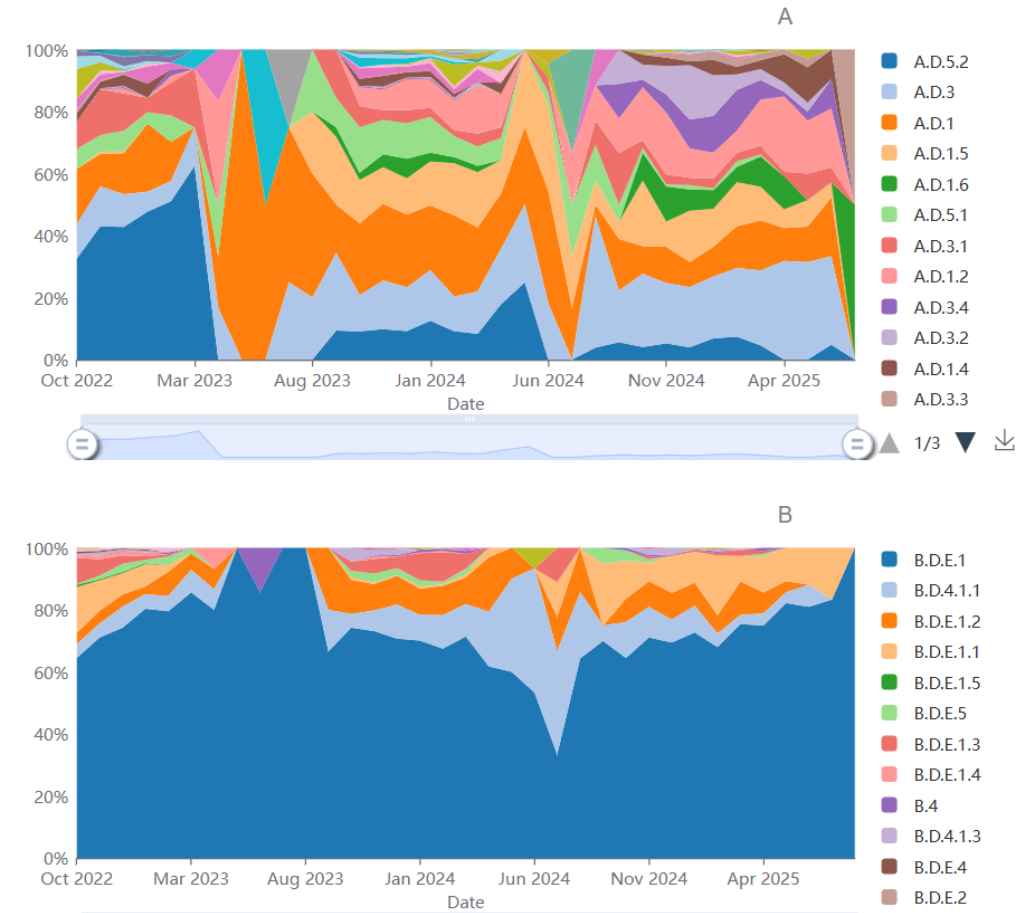
RSV surveillance (sentinel/non sentinel) in three seasons in the Czechia



RSV surveillance EU 2022 - 2025



Lineage Progression



Závěr:

- EU
 - Genetická diverzifikace virů chřipky pokračuje. Do analýzy bylo zahrnuto 354 455 sekvencí viru chřipky.
 - Země EU/EHP zůstávají hlavními přispěvateli do Globálního systému pro sledování a reakci na chřipku (GISRS).
 - 66 % vzorků chřipky pocházelo z nesesentinelových systémů, což ukazuje na jejich klíčovou roli vedle sentinelového sledování.
 - Přibližně 50 % virů A(H3N2) v EU/EHP se antigenně lišilo od vakcinačního kmene z let 2024–2025.
 - WHO doporučila pro sezónu 2025–2026 novou složku vakcíny proti A(H3N2).
 - Důležitá – celoroční surveillance
-
- ČR
 - SARI – influenza, RSV, SARS, v rámci SARI alespoň sekvenace
 - RSV - Ihned zamrazit na -18 a více st. C a zamražené poslat do NRL (izolace)
 - SARS-CoV.2: současný vakcinační kmen není adekvátní, evolučně bližší k XFG jsou loňské kmeny
 - NB.1.8 se neuplatnil – děti nechodí do školy
-
- Děkuji za komentáře, připomínky
 - Veliké poděkování směřuje ke všem kolegům, spolupracujícím KHS a jejich územním pracovištím, praktickým lékařům, spolupracujícím laboratořím.
 - Prosíme do NRL zasílat i vzorky pozitivní v antigenním testu