



Pravidelná zpráva o aktuálně cirkulujících respiračních virech, včetně sekvenačních dat - situace v ČR a Evropě k 13. 01. 2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Evropa – souhrn 1. KT

Celková aktivita sledovaných respiračních agens (viry chřipky, RSV, SARS-CoV-2) se v posledních týdnech zvyšuje, ale zůstává na očekávané úrovni srovnatelné se stejným obdobím v předchozích letech. Z 20 zemí, které poskytly údaje za 1. týden, hlásí osm zemí vyšší než výchozí úroveň aktivity ILI (onemocnění podobných chřipce)/ARI (akutních respiračních infekcí).

Aktivita chřipkového viru se od 46. týdne nadále zvyšuje a 11 zemí hlásilo v 1. týdnu pozitivitu testů v primární péči na úrovni 10 % nebo vyšší. Souhrnná míra positivity testů v primární péči v EU/EHP v 1. týdnu činila 29 %. Dvě země hlásily vysokou intenzitu a 13 zemí celoplošné šíření. Celkově v detekcích převažuje chřipka A(H1N1)pdm09.

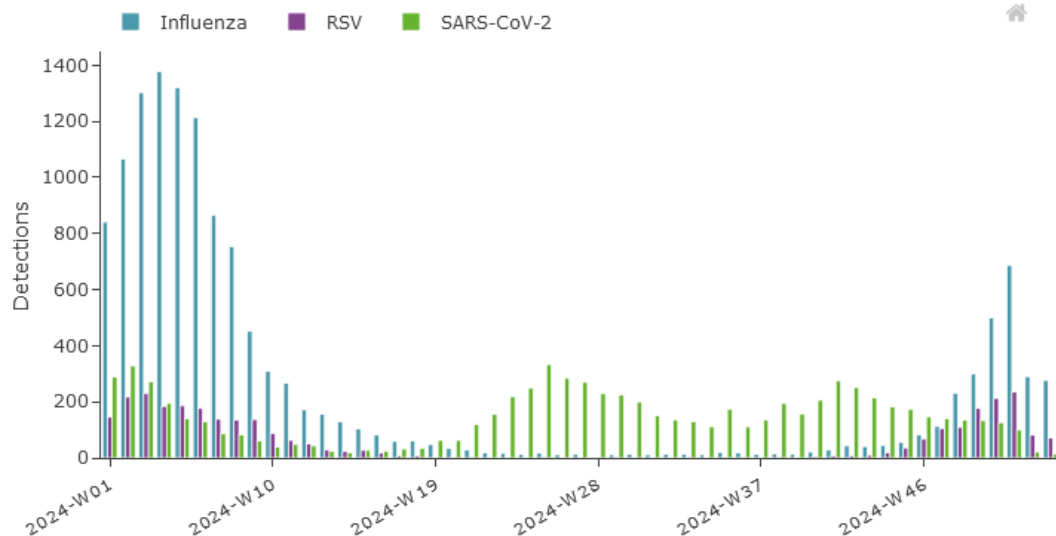
Ze 520 detekovaných virů chřipky v 1. KT byla většina virů chřipky typu A (84 %), u subtypovaných vzorků představovala míra detekce A(H1)pdm09 86 % a A(H3) 14 %.

Aktivita RSV v posledních třech týdnech mírně stoupá, přičemž souhrnná míra positivity testů v primární péči v EU/EHP činila v 1. týdnu 10 %.

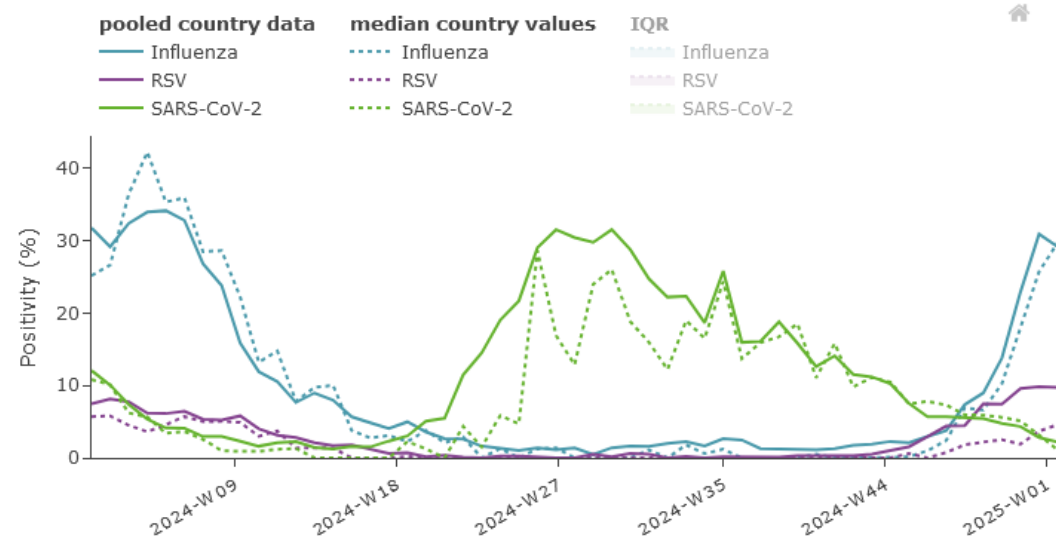
Po červencovém vrcholu se aktivita SARS-CoV-2 nadále snižuje, přičemž míra positivity je nižší než v roce 2024 v tomto ročním období.

Graf na straně 2 naznačuje disproporci cirkulace jednotlivých respiračních virů v závislosti na věkové kohortě. Největší disproporce se týká SARS-CoV-2 (vysoká incidence u kohorty 15-64 let) a RSV (vysoká incidence u nejmladší kohorty).

Aggregate weekly detections

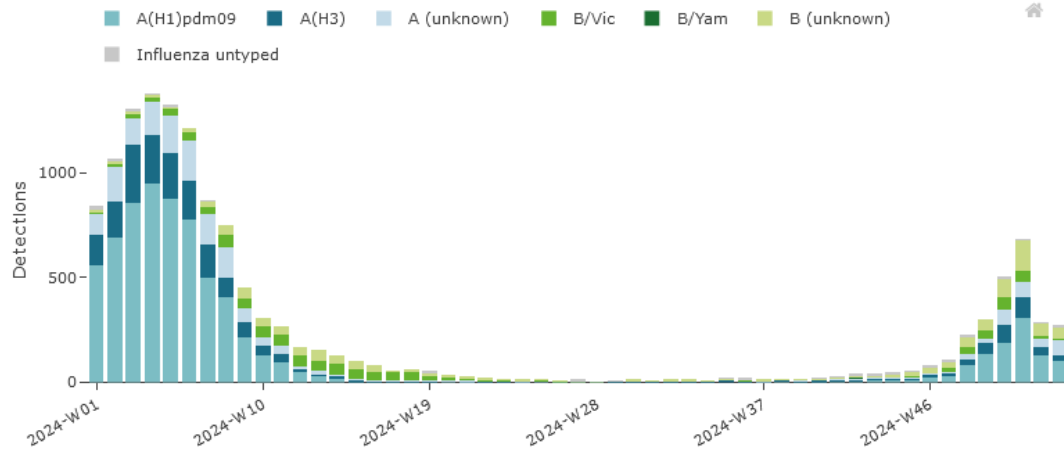


Aggregate weekly test positivity



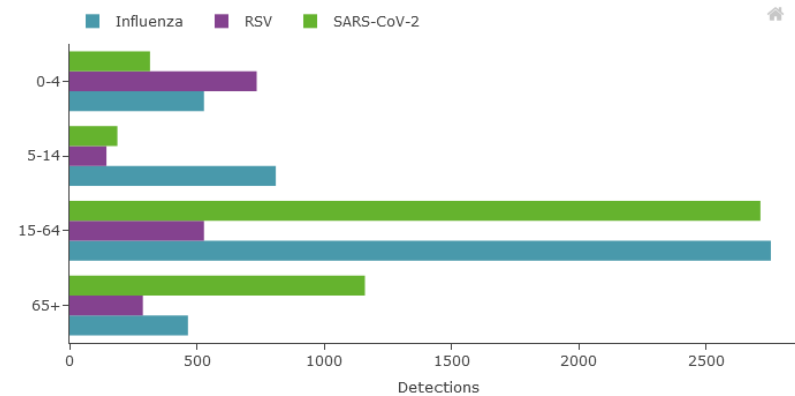
Aggregate weekly detections

Type/subtype Age



Cumulative detections by age group, 2024-W01 to 2025-W01

Detections Proportions

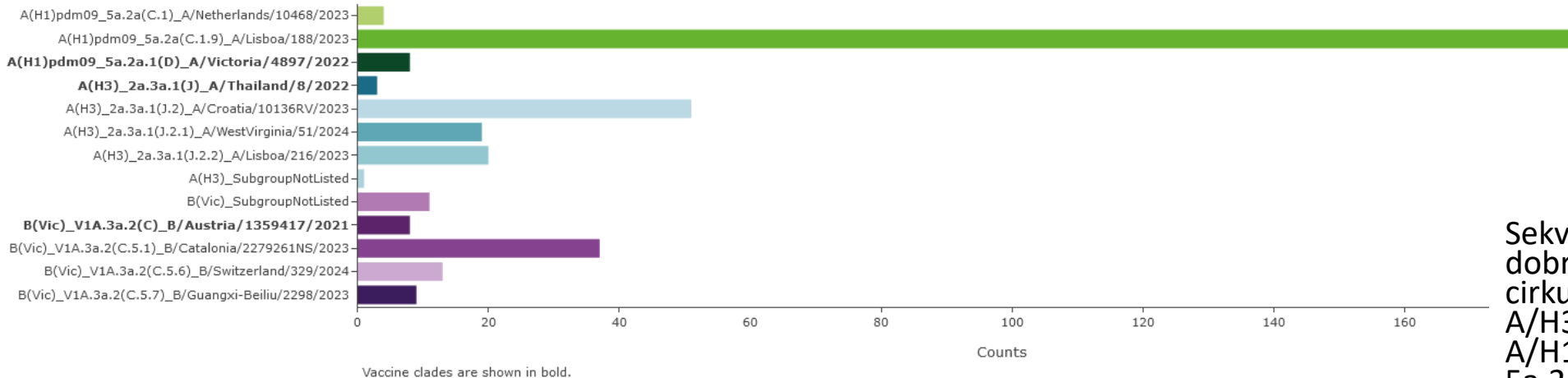


Virologická data naznačují současný nástup epidemické vlny chřipky.

Influenza virus: V případě subtypizace převažuje detekce A (H1)pdm09.

Cumulative influenza virus detections by genetic clade, 2024-W40 to 2025-W01

Barchart Table



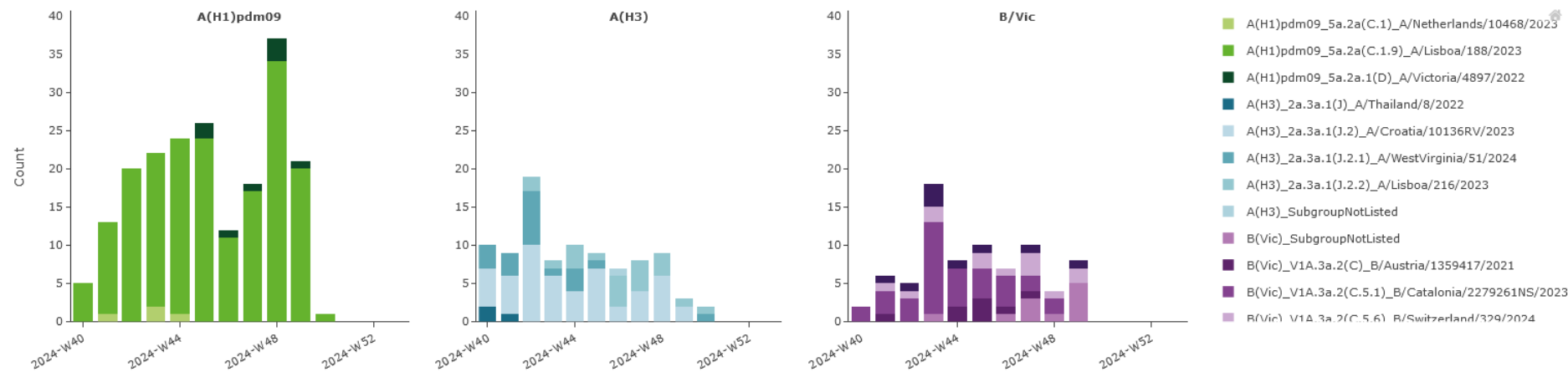
Sekvenační data naznačují poměrně dobrou korelaci vakcinálních a cirkulujících kmenů v případě A/H3N2. Většina kmenů A/H1N1pdm spadá do klády 5a.2a.(C.1.9), která se mírně liší od klády 5a.2a.1(D), kam spadá vakcinální kmen. Všechny sekvence A/H3 spadají do stejné klády 2a.3a.1 jako vakcinální kmen.

V případě B/Viktoria spadá většina do klády V1A.3a.2 (C.5.1).

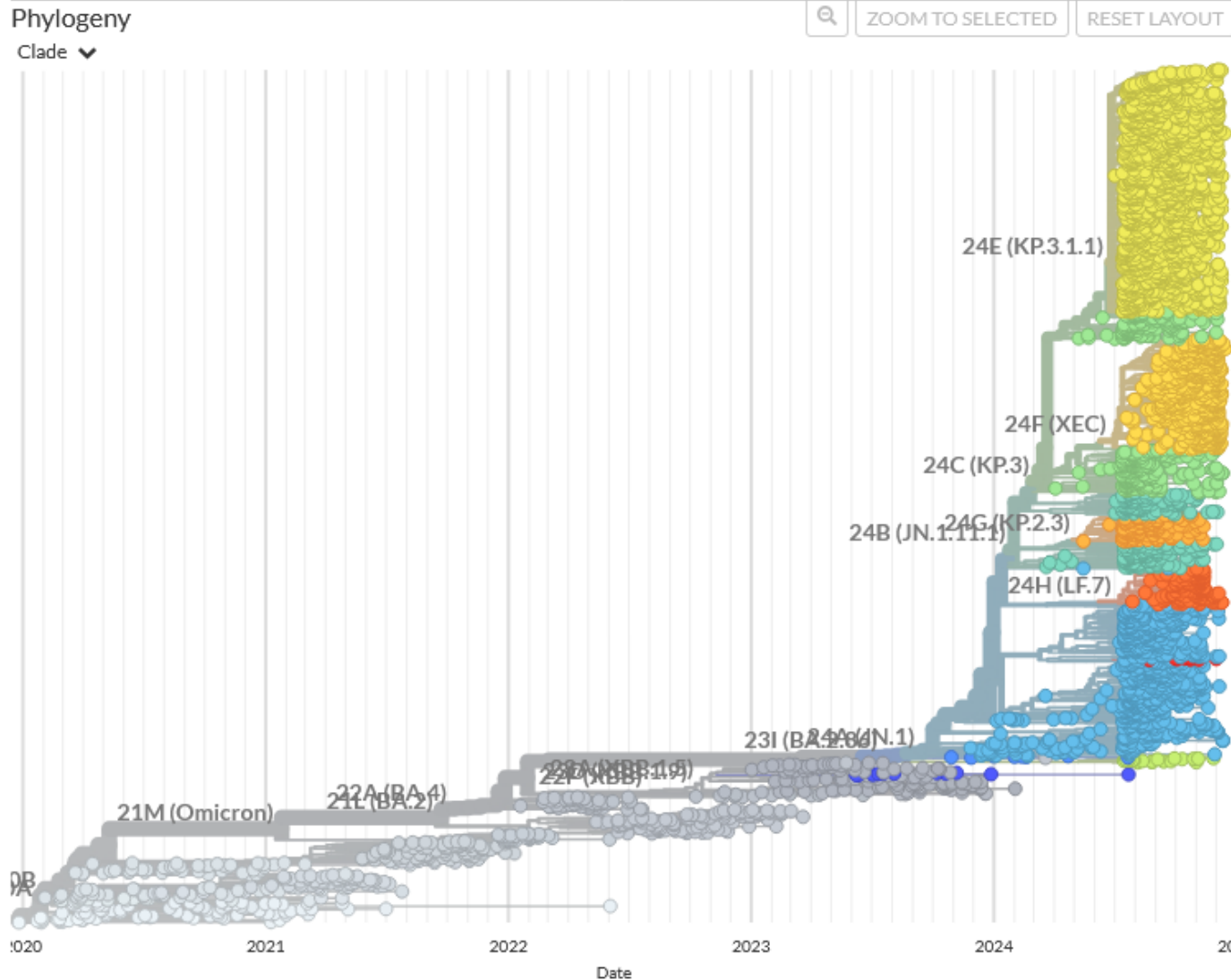
Vakcinální kmeny jsou zvýrazněny.

Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype

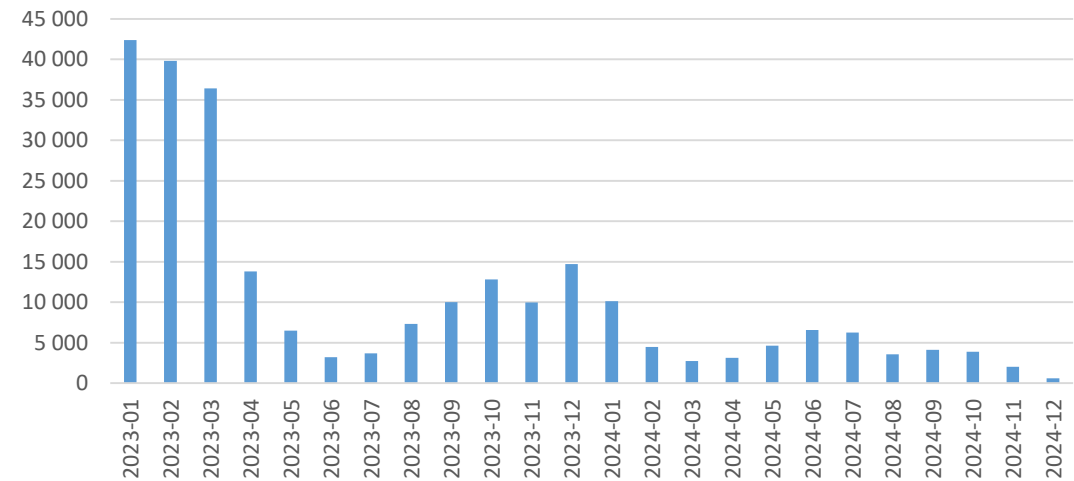
Count Percentage



Genomická epidemiologie SARS-CoV-2 v Evropě



Počet osekvenovaných vzorků za Evropu






Zdroj: <https://open.cov-spectrum.org/explore/Europe/AllSamples/Past6M>
<https://nextstrain.org/ncov/gisaid/europe/6m>

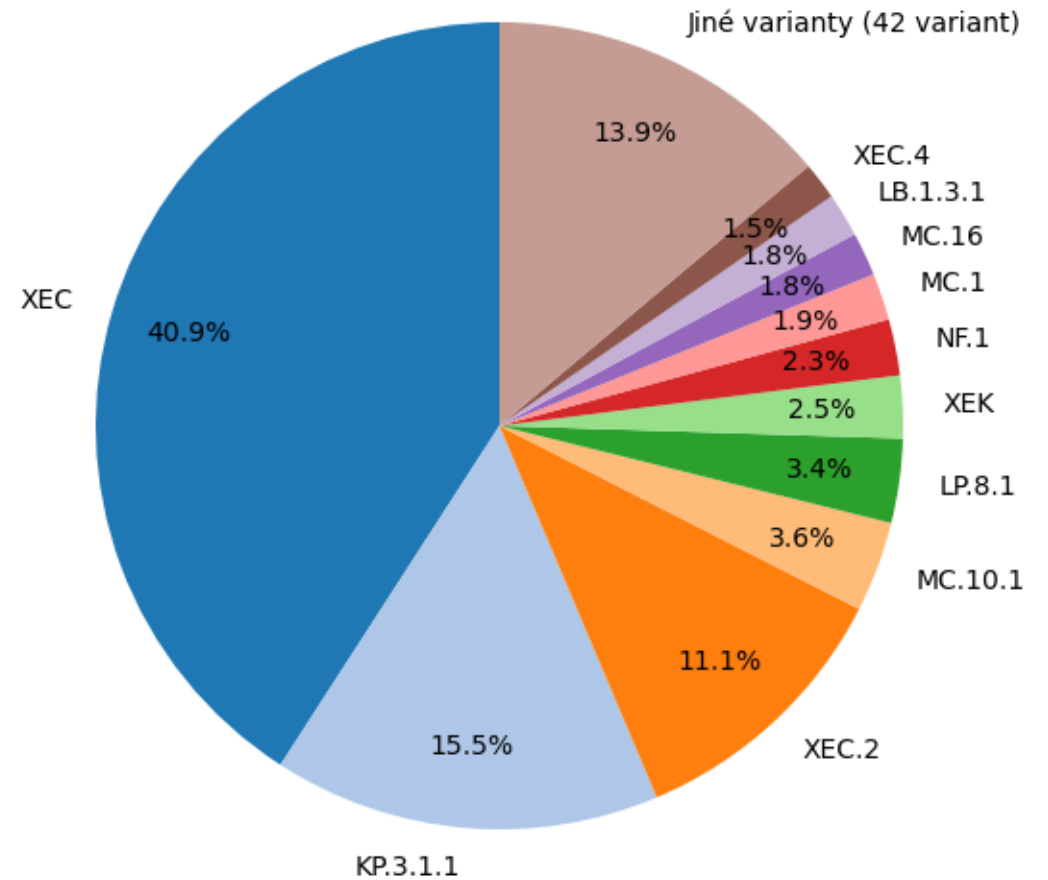
Nejčtenější varianty v Evropě od 13. 12. - 06. 01. 2025

- Celkem 800 WGS
- Detekce varianty **XEC** v Evropě opětovně stoupla a zatím dominuje (40,9 %).

Dominující varianty

- XEC – 40,9 % 
- KP.3.1.1 – 15,5 % 
- XEC.2 – 11,1 % 

Varianty SARS-CoV-2 v Evropě 13.12.2024 - 06.01.2025



- V kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillance jsou aktuálně nejčastěji detekovány viry chřipky A (51 % pozitivních detekcí), viry chřipky B (10 % pozitivních detekcí), *Mycoplasma pneumoniae* 16 % pozitivních detekcí. Pokles pozorovaný s nástupem chřipky se v posledních dvou týdnech pozastavil, pohybuj se nyní pod 15 %. Podíl detekcí RSV je zatím minoritní (1,7 %), stejně jako podíl jinde ve světě sledovaného metapneumoviru (HMPV 0,4 %).
- Podíl chřipky typu A i B překročil 60 % pozitivních detekcí. Viry chřipky typu A byly detekovány v 50,6 % všech pozitivních záchytů a viry chřipky B v necelých 10 %. Stejně jako v Evropě, detekce H1pdm (88 vzorků kumulativně) převažují nad H3 (12 vzorků kumulativně)
- Záchyt SARS-CoV-2 nadále klesá (2,9 %).
- Rhinoviry jsou stabilně detekovány u necelých 5 % vyšetření.

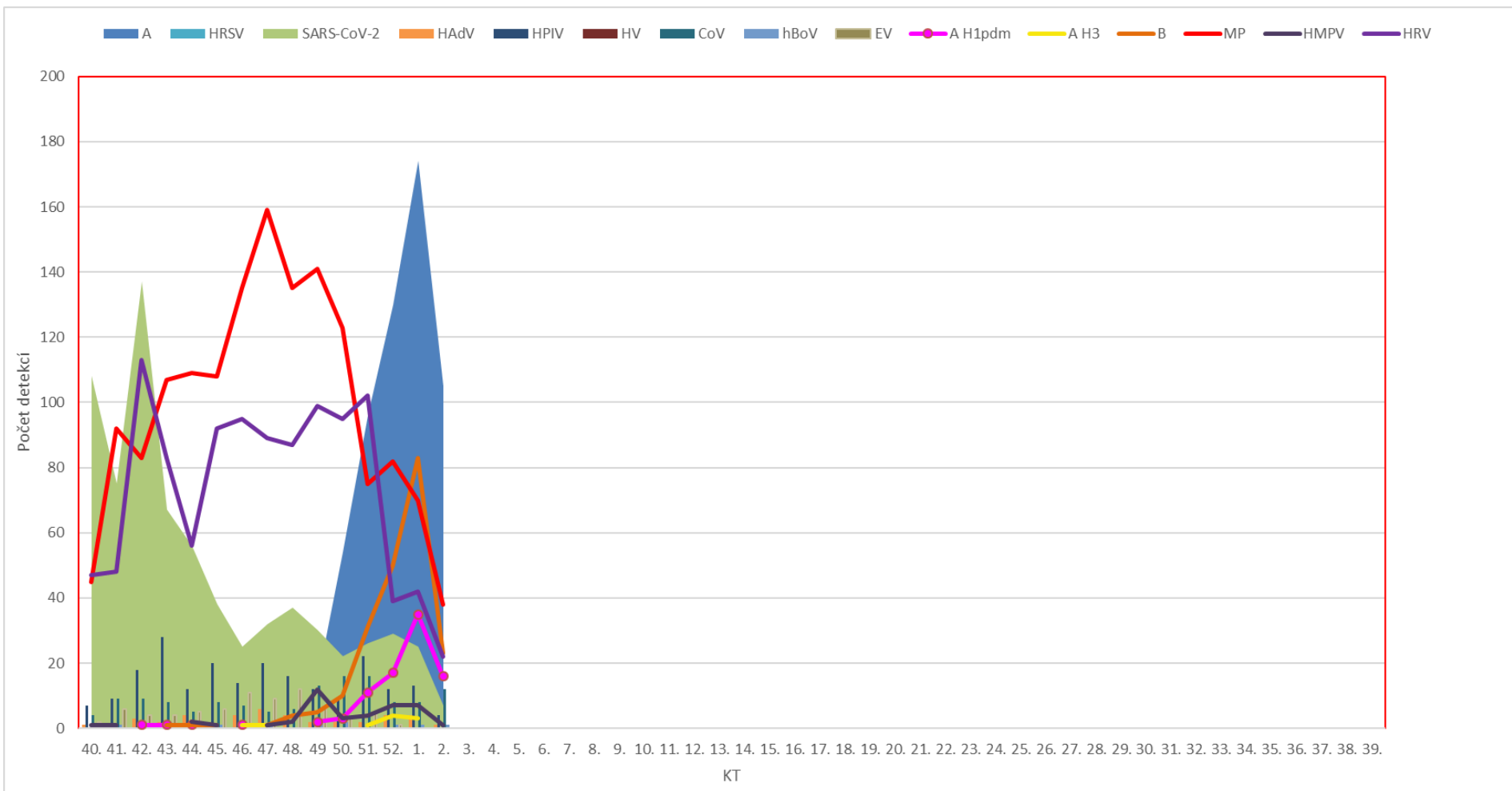
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za tři KT

Agens/KT	52.	Podíl	1.	Podíl	2.	Podíl
A	130	32,3%	174	34,4%	105	43,9%
A H ₁ pdm	17	4,2%	35	6,9%	16	6,7%
A H ₃	4	1,0%	3	0,6%		0,0%
B	50	12,4%	83	16,4%	23	9,6%
HRSV	9	2,2%	16	3,2%	4	1,7%
HAdV	4	1,0%	4	0,8%	1	0,4%
HPIV	12	3,0%	13	2,6%	4	1,7%
HV		0,0%		0,0%		0,0%
MP	82	20,4%	70	13,8%	38	15,9%
HMPV	7	1,7%	7	1,4%	1	0,4%
CoV	8	2,0%	8	1,6%	12	5,0%
HRV	39	9,7%	42	8,3%	22	9,2%
hBoV	1	0,2%	1	0,2%	1	0,4%
EV	1	0,2%		0,0%		0,0%
SARS-CoV-2	29	7,2%	25	4,9%	7	2,9%
SM	9	2,2%	25	4,9%	5	2,1%
pozitivní	402		506		239	

Virologická surveillance – přehled detekcí chřipky za tři KT

	52. KT	Podíl	1. KT	Podíl	2. KT	Podíl
Infl A	151	37,6%	212	41,9%	121	50,6%
Infl B	50	12,4%	83	16,4%	23	9,6%

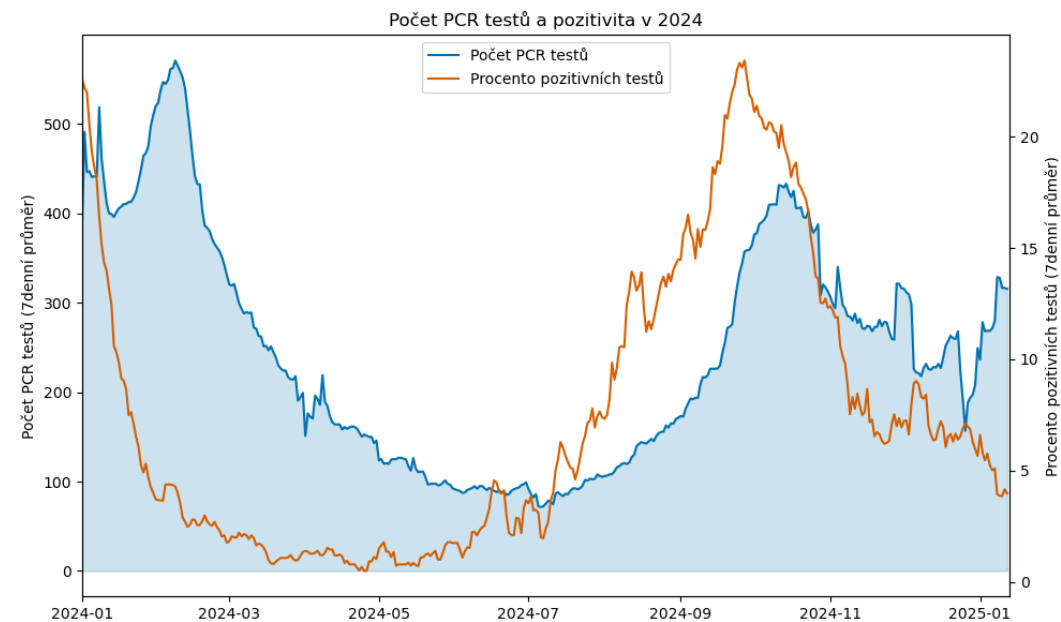
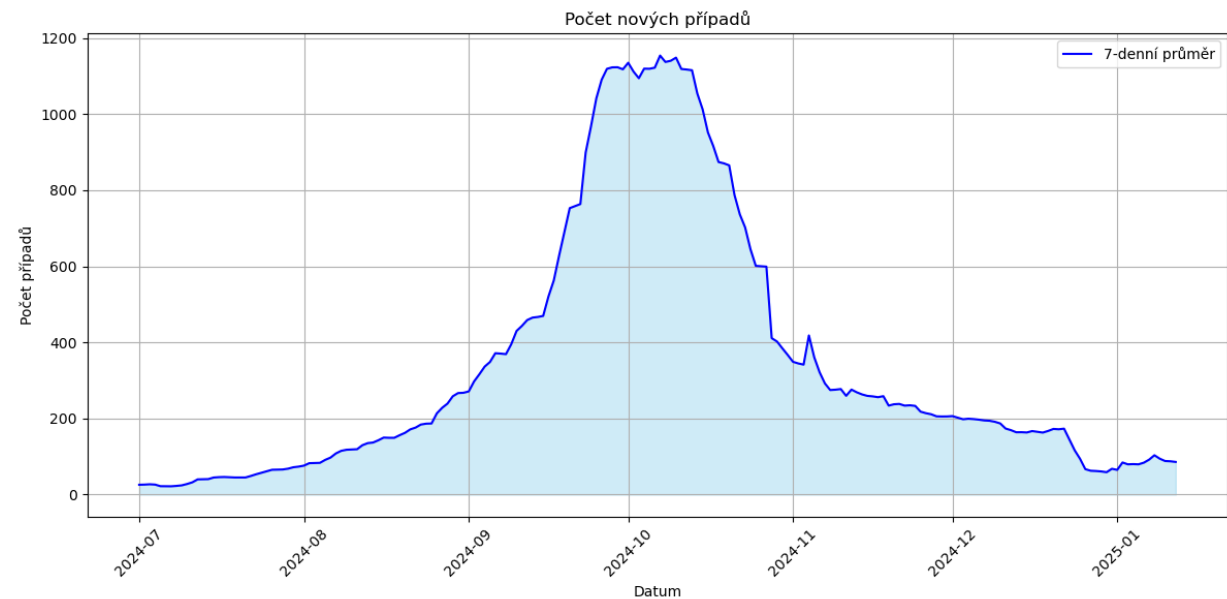


Kumulativní počty detekovaných respiračních patogenů

	Kumulativně od 36.KT
A	608
A H₁pdm	88
A H₃	12
B	210
HRSV	56
HAdV	42
HPIV	216
HV	0
MP	1502
HMPV	42
CoV	134
HRV	1109
hBoV	12
EV	75
SARS-CoV-2	714

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

- Od poloviny října počet případů onemocnění klesl na mezisezónní úroveň.
 - Podle očekávání počet případů chřipky A postupně narůstá.
-
- Procento pozitivních PCR testů na SARS-CoV-2 nadále klesá pod 5 %, při vyšším počtu provedených PCR testů.
 - SARS-CoV-2 nelze zahrnout mezi klasické sezónní patogeny, je třeba počítat s jeho celoroční cirkulací s epidemickými maximy danými šířením nové varianty s escape charakterem.
 - V současnosti celosvětově dominují varianty odvozené od JN.1.11.1.



Nejvíce případů Mpox je hlášeno z Afriky - celkově přes 40 000 případů, více než 9 000 potvrzených a více než 40 potvrzených případů úmrtí, kromě DRC se jedná o tyto země: Burundi (přes 3 000 potvrzených případů a jedno úmrtí), Uganda (celkem 1 552 případů hlášeno, včetně 12 úmrtí), Rwanda hlásila 69 případů, Keňa 31 případů, Zambie čtyři případy a Zimbabwe dva případy (Globální zpráva WHO o Mpox (údaje k 5. lednu 2025)).

Mimo Afriku, byly hlášeny případy spojené s cestováním

EU/EHP:

- Švédsko (jeden případ v srpnu 2024);
- Německo (jeden případ v říjnu a pět v prosinci 2024);
- Belgie (dva případy v prosinci 2024);
- Francie (jeden případ v lednu 2025).

Ostatní země:

Thajsko (jeden případ v srpnu 2024),
Indie (jeden případ v září 2024),
Spojené království (pět případů v říjnu a listopadu 2024),
Spojené státy (USA) (jeden případ v listopadu 2024),
Kanada (jeden případ v listopadu 2024),
Pákistán (jeden případ v prosinci 2024),
Omán (jeden případ v prosinci 2024)
Čína (pět případů v lednu 2025).

Indie, Pákistán a Omán : případy jsou spojeny s cestováním do Spjených arabských emirátů
Sekundární přenos byl potvrzen v Německu, Belgii, Spojeném království a Číně.

- Celkový počet postižených stád krav stoupl na 924 v 16 státech, za poslední měsíc se virus nově rozšířil na 66 stád ve dvou státech (Kalifornie a Michigan).
- Počet potvrzených případů se nemění, v jednom případě došlo k úmrtí (pacient z Lousiany, u kterého byla prokázána infekce genotypem D.1.1).
- 3 nákazy byly potvrzeny na základě surveillance SARI.
- CDC eviduje i pravděpodobné případy nákazy dle zdroje nákazy:
- Zdroj drůbež:
 - Washington (3)
 - Arizona (2)
- Dojné krávy:
 - Kalifornie (1)
- Neznámý zdroj:
 - Delaware (1)
- Celkový počet onemocnění v 2024 v Severní Americe je 67 případů, včetně Kanady. CDC nadále považuje riziko pro osoby mimo chovy drůbeže a krav za nízké.

State	Exposure Associated with Commercial Agriculture and Related Operations			Exposure Source Unknown [†]	State Total
	Dairy Herds (Cattle)	Poultry Farms and Culling Operations	Other Animal Exposure [†]		
California	36	0	0	1	37
Colorado	1	9	0	0	10
Iowa	0	1	0	0	1
Louisiana	0	0	1	0	1
Michigan	2	0	0	0	2
Missouri	0	0	0	1	1
Oregon	0	1	0	0	1
Texas	1	0	0	0	1
Washington	0	11	0	0	11
Wisconsin	0	1	0	0	1
Source Total	40	23	1	2	66

Epidemiologický souhrn:

Hlášená celková nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) v ČR ve 2. týdnu roku 2025 je na úrovni 1416 nemocných na 100 000 obyvatel. Počty nemocných dospělých osob s ARI přesáhly úroveň evidovanou v posledním předvánočním týdnu a jsou srovnatelné s počty hlášenými v době chřipkové epidemie. Vzhledem k tomu, že školní docházka začala teprve v minulém týdnu, počet nemocných dětí zatím předvánoční úrovně ještě nedosáhl, i mezi dětmi se však nemocnost ARI výrazně zvyšuje.

ARI/ILI WHO, EU/EHP ve 52. KT:

- V Evropě pozorujeme nástup epidemie chřipky, dominujícím subtypem je A/H1pdm.
- RSV: V některých zemích je zaznamenán vyšší počet hospitalizací v souvislosti s infekcí RSV.
- SARS-CoV-2 incidence nadále klesá, v zemích EU/EHP pozorujeme nadále pokles detekcí varianty KP.3. a vzestup variant XEC, obě varianty jsou odvozeny od JN.1.11.1.

ARI/ILI v ČR v 1. KT 2025 (předběžná virologická data) vycházející z kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillance

- V souladu s hlášením za Evropu i ve virologické surveillance pozorujeme nárůst detekcí virů chřipky A (50,6 % pozitivních detekcí) s většinovým zachytem A/H1pdm 2009, počet pozitivních detekcí viru chřipky typu B v porovnání s minulým týdnem poklesl na 9,6 % (neúplná data) Virologická data ukazují na probíhající epidemii chřipky.
- Podíl detekcí *Mycoplasma pneumoniae* se pohybuje kolem 15 %, podíl detekcí rhinovirů kolem 10 % . Ani u RSV(1,7 %) ani u HMPV (0,4 %) nezaznamenáváme vzestupný trend.
- **Při kontaktu zejména s vysoce rizikovými osobami např. ve zdravotnických a sociálních zařízeních se návštěvám doporučuje použití respirátoru, aby se zabránilo zavlečení nákaz do těchto zařízení.**
- A/H5N1 USA – situace nevykazuje významné změny, pozornost budí genotyp D.1.1, který může u člověka způsobovat závažná onemocnění.
- **Mpox clade Ib** – virus je zatím lokalizován v zemích subsaharské Afriky sousedících s DRC, případy importu v souvislosti s cestováním jsou sledovány a nedochází k dalšímu šíření v zemích mimo subsaharskou Afriku.