



# Pravidelná zpráva o aktuálně cirkulujících respiračních virech, včetně sekvenačních dat - situace v ČR a Evropě k 24. 02. 2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

## Evropa – souhrn 7. KT

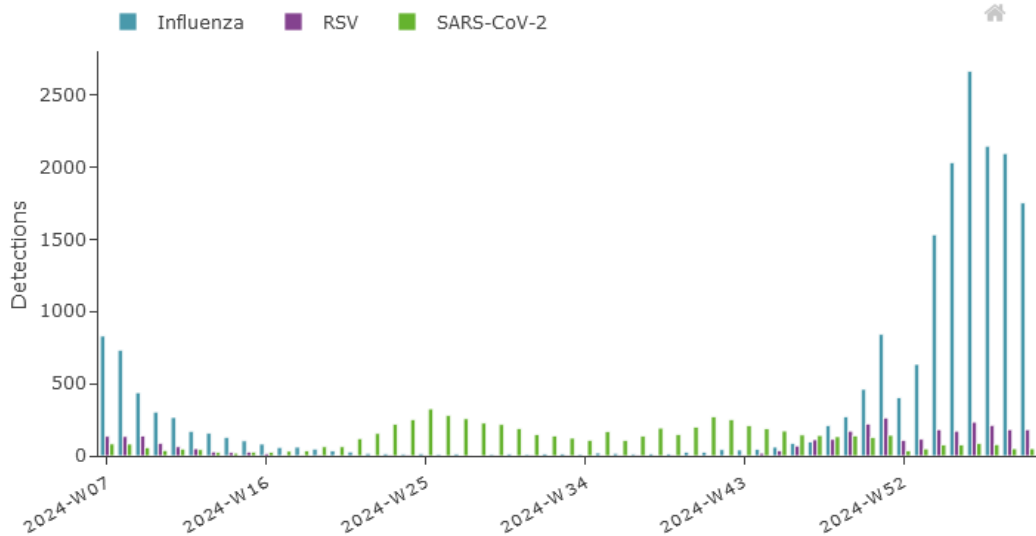
Počet vyšetření v primární a sekundární péči v několika zemích v posledních týdnech v EU/EHP naznačuje přetrvávající epidemickou vlnu ARI/ILI . Je hlášena intenzivní aktivita sezónní chřipky a epidemie respiračního syncytiálního viru (RSV), zatímco aktivita SARS-CoV-2 je na velmi nízké úrovni. V několika zemích přesáhla míra vyšetření úroveň pozorovanou v předchozích zimních obdobích.

Všechny ukazatele svědčí o pokračující rozsáhlé a intenzivní chřipkové aktivitě v EU/EHP, kterou způsobují společně cirkulující viry A(H1)pdm09, A(H3) a B/Vic. Počet hospitalizací v důsledku chřipky je v současné době na podobné úrovni jako na vrcholu předchozí zimní sezóny. Ze 2 102 detekovaných virů chřipky v 7. KT bylo 50 % virů chřipky typu A.

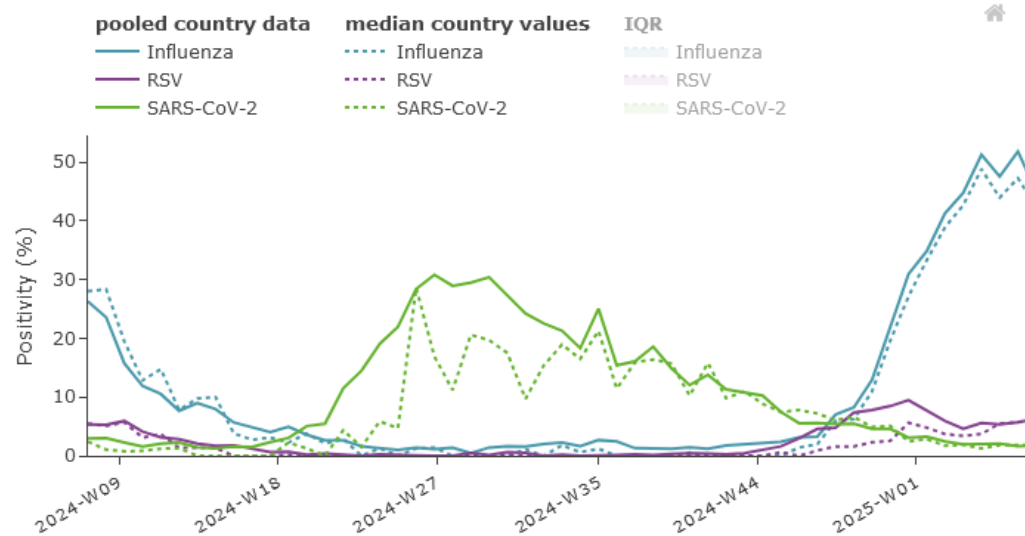
Celková aktivita RSV v EU/EHP má pomalu klesající tendenci. Počet hospitalizací v důsledku RSV zůstává zvýšený zejména u dětí mladších pěti let.

Aktivita SARS-CoV-2 se rovněž pohybuje na minimální úrovni. U dospělých a seniorů se podíl hospitalizací pro onemocnění covid19 se vyrovnává hospitalizacím v důsledku onemocnění chřipkou. Tato data naznačují důležitost vakcinace proti SARS-CoV-2 především u dospělých a starších.

Aggregate weekly detections

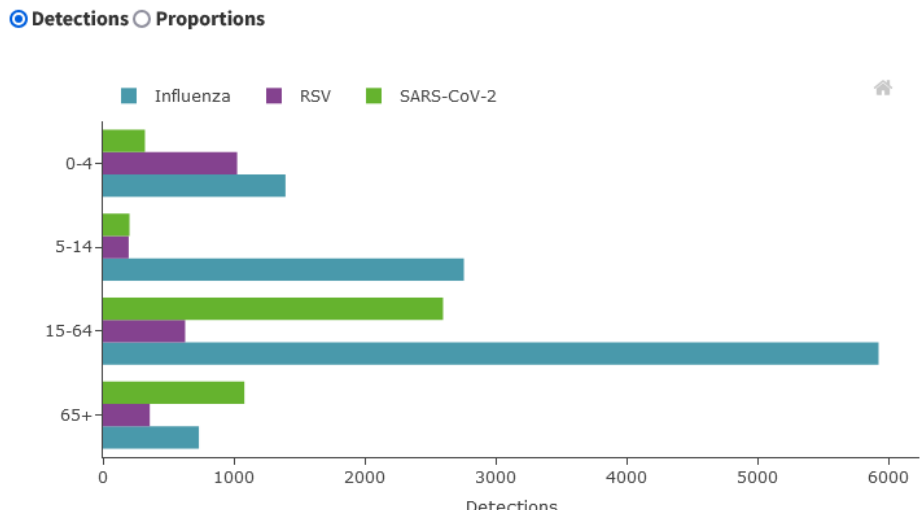
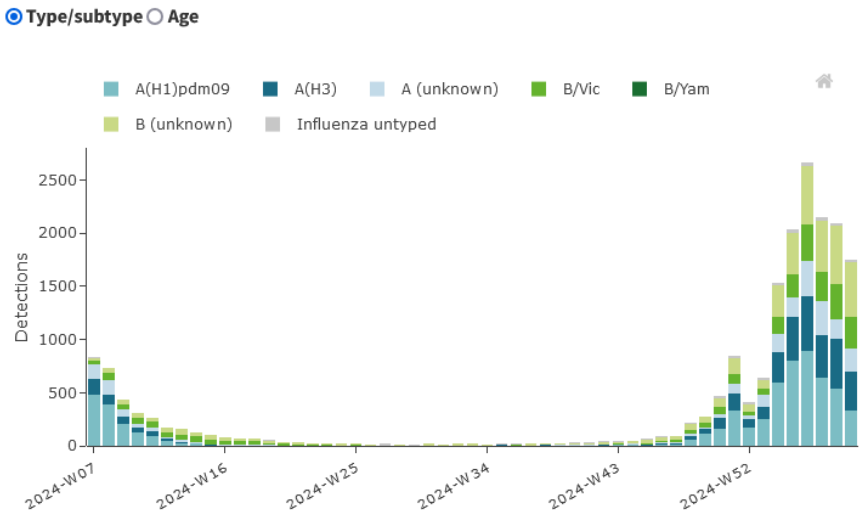


Aggregate weekly test positivity



Aggregate weekly detections

Cumulative detections by age group, 2024-W07 to 2025-W07



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

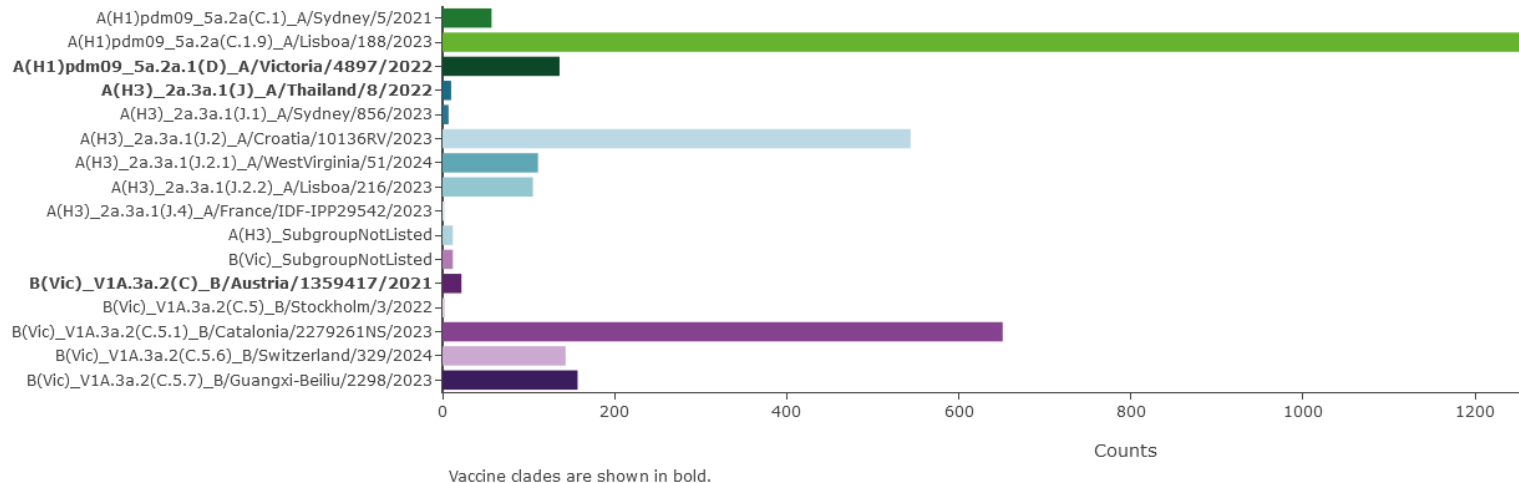
Virologická data naznačují vysokou aktivitu viru chřipky.

- Podíl pozitivních detekcí v primární péči (u praktických lékařů a u hospitalizovaných)

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 7	Week 6	Description	Value
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	19	21	Pooled (median; IQR)	45% (42; 37–56%)
	RSV	17	19		6.3% (6.3; 4.3–9%)
	SARS-CoV-2	16	18		1.8% (1.8; 0.3–2.7%)
SARI test positivity in hospitals	Influenza	9	11	Pooled (median; IQR)	31% (25; 23–29%)
	RSV	8	10		8.5% (8.7; 6.8–13%)
	SARS-CoV-2	8	10		1.5% (0; 0–0.7%)

Cumulative influenza virus detections by genetic clade, 2024-W40 to 2025-W07

Barchart  Table



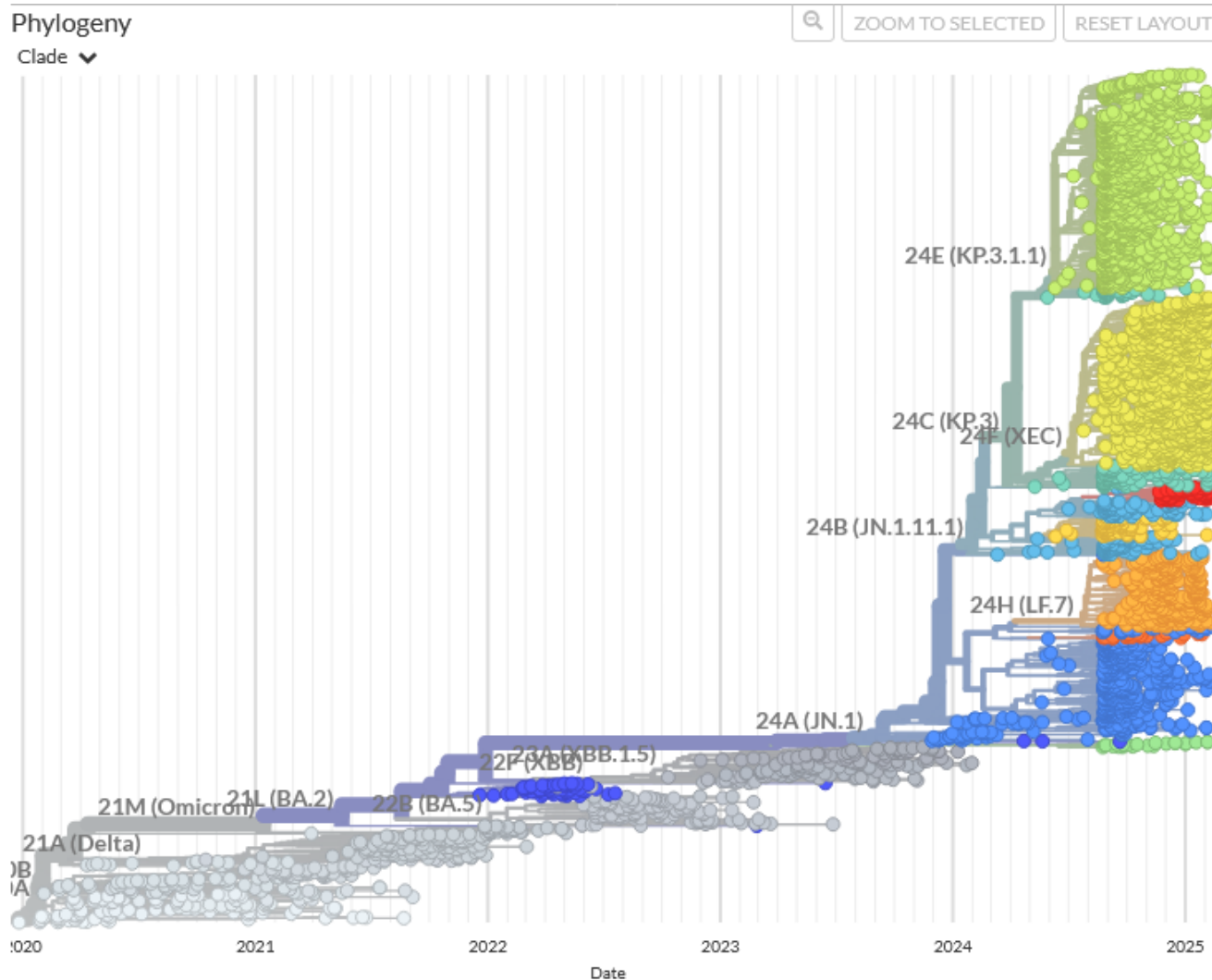
Vaccine clades are shown in bold.

- Současné složky vakcíny pro severní hemisféru dobře odpovídají cirkulujícím virům klady 5a.2a a 5a.2a.1 A(H1N1)pdm09 a klady V1A.3a.2 B/Victoria. Zdá se, že složky vakcíny dobře odpovídají virům klady A(H3N2) 2a.3a.1 (J), ale méně dobře odpovídají některým novějším virům subklady A(H3N2) 2a.3a.1 (J2), které se vyznačují substitucemi S145N, N158K nebo K189R HA (samostatně nebo v kombinaci). Většina virů A(H3N2) identifikovaných po celém světě a v Evropě od února 2024 patří do subklady 2a.3a.1 (J2).
- Většina v současnosti cirkulujících chřipkových kmenů je citlivá na běžně používaná antivirotika proti chřipce, přičemž jen velmi málo zjištěných virů zobrazených v systému ERVISS vykázalo v této sezóně sníženou citlivost vůči inhibitorům neuraminidázy nebo baloxavir/marboxilu.

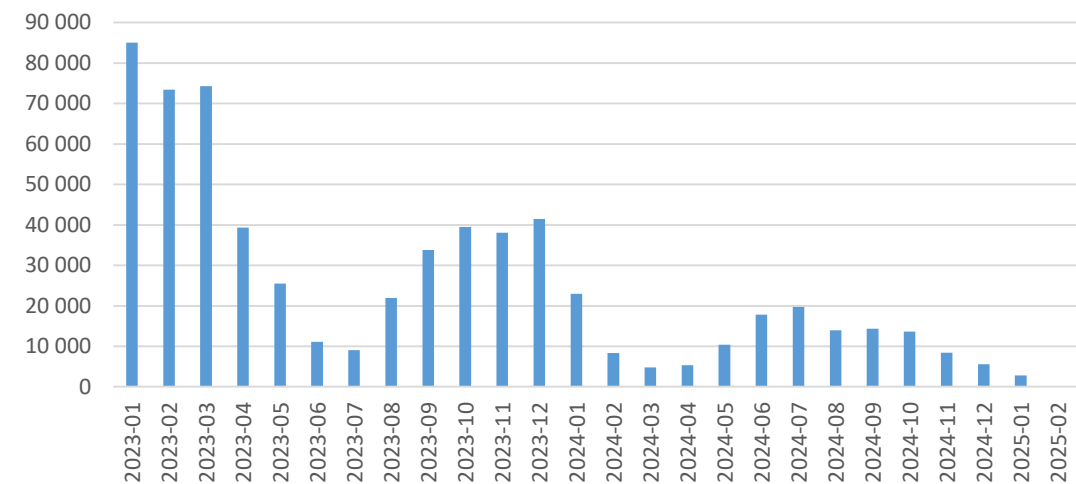
Genetically characterised influenza virus distribution, week 40, 2024 to week 7, 2025

Subtype	Subtype distribution		Subclade distribution		
	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	1700	49	5a.2a(C.1.9)	1507	89
			5a.2a.1(D)	136	8
			5a.2a(C.1)	57	3
A(H3)	791	23	2a.3a.1(J.2)	544	70
			2a.3a.1(J.2.1)	111	14
			2a.3a.1(J.2.2)	105	13
			2a.3a.1(J)	10	1
			2a.3a.1(J.1)	7	0.9
			2a.3a.1(J.4)	2	0.3
			Not assigned	12	–
B/Vic	987	28	V1A.3a.2(C.5.1)	651	67
			V1A.3a.2(C.5.7)	157	16
			V1A.3a.2(C.5.6)	143	15
			V1A.3a.2(C)	22	2
			V1A.3a.2(C.5)	2	0.2
			Not assigned	12	–

## Genomická epidemiologie SARS-CoV-2 v Evropě



Počet osekvenovaných vzorků za Evropu



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

## Nejčtenější varianty v Evropě od 24. 01. - 17. 02. 2025

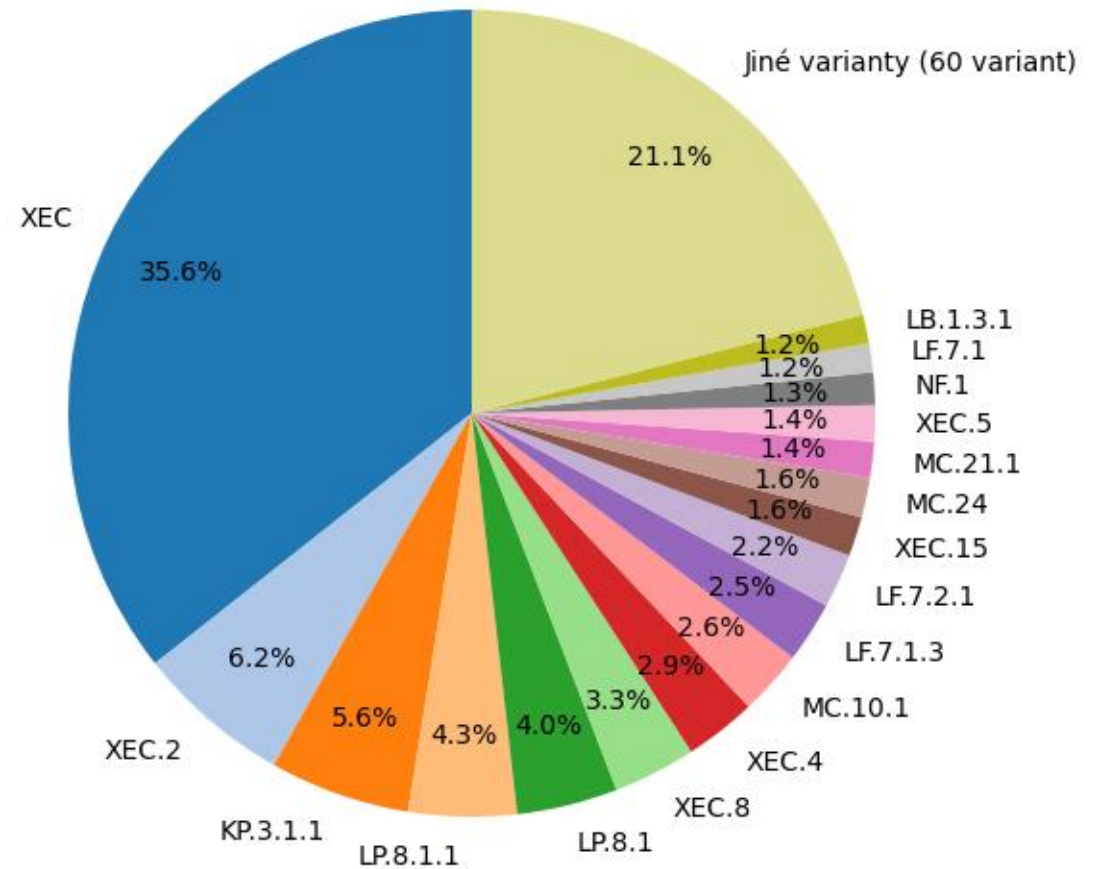
- Celkem 693 WGS
- Detekce varianty **XEC** v Evropě zůstává stabilní, kolem 35 %.
- Varianty mají společného předka JN.1.1, u některých dochází k reverzním záměnám aminokyselin v antigenních hot spots

### Dominující varianty

- XEC – 35,6 % ↑
- XEC.2 – 6,2 % →
- KP.3.1.1 – 5,6 % ↑



Varianty SARS-CoV-2 v Evropě 24.01. - 17.02.2025



- V kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillance dosáhl podíl chřipky typu A i B 79,7 % pozitivních detekcí, zaznamenáváme tedy první pokles v relativní pozitivitě. Nejčastěji jsou aktuálně detekovány viry chřipky A (45,0 % pozitivních detekcí), viry chřipky B (34,7 % pozitivních detekcí), *Mycoplasma pneumoniae* 3,0 % pozitivních detekcí.
- Podíl detekcí RSV stoupl z 5,4 % v minulém týdnu na 7,1 %, podíl jinde ve světě sledovaného metapneumoviru je stále na nízké úrovni (HMPV 1,7 %).
- Chřipka A: stejně jako v Evropě detekce H1pdm (339 vzorků kumulativně) převažují nad H3 (71 vzorků kumulativně).
- Všechny charakterizované viry typu B patří do linie B/Victoria
- Záchyt SARS-CoV-2 je nadále v souladu s EU/EHP velmi nízký (0,4 %).
- Rhinoviry jsou detekovány u 1,1 % vzorků. Mírný vzestup pozorujeme u sezónních koronavirů (OC43, 229E, NL63, HKU1) – 2,4 %.

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

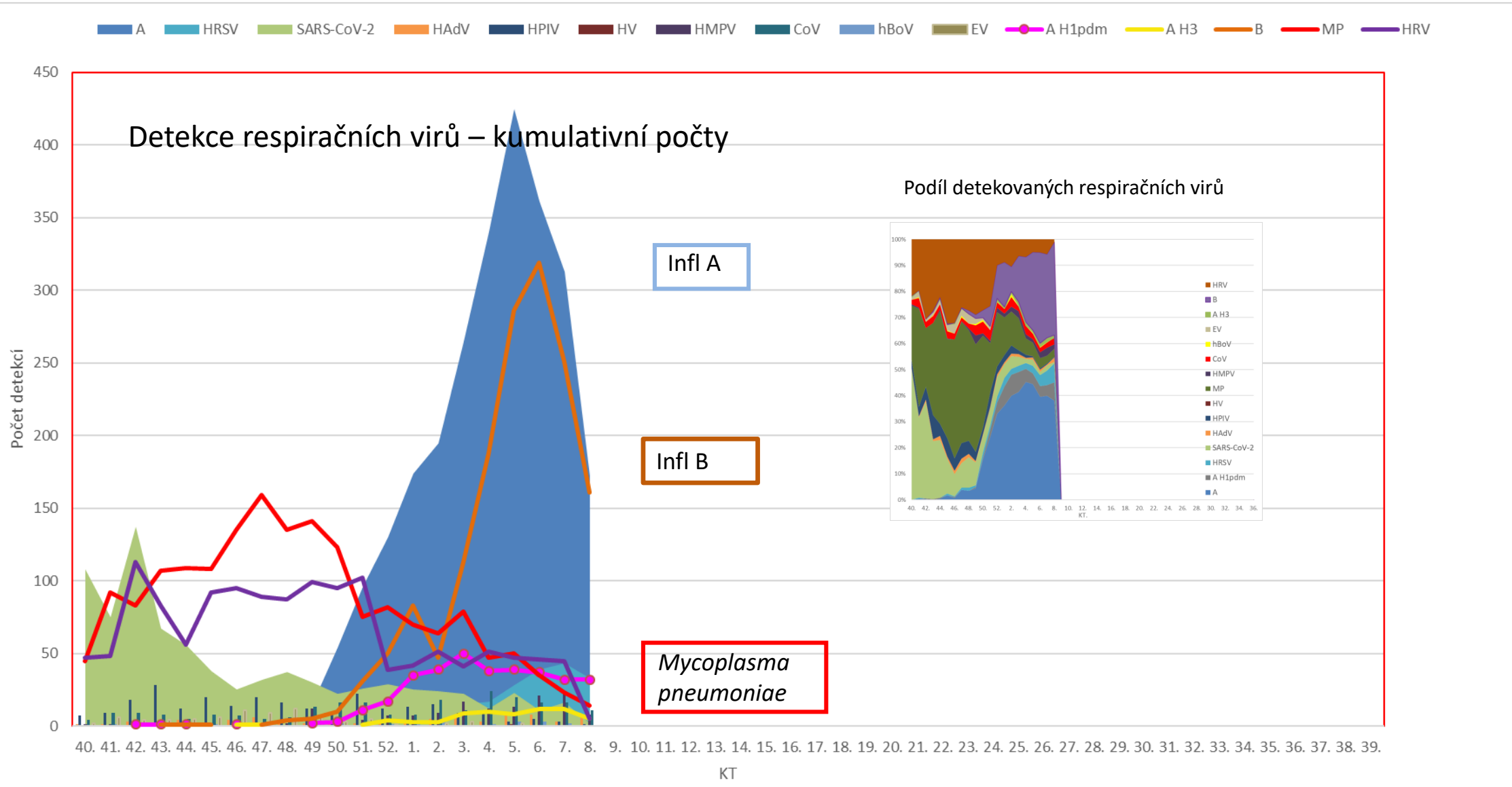
## Virologická surveillance – data za tři KT

Kalendářní týden (KT)		6.	Podíl	7.	Podíl	8.	Podíl
Detekce viru	A	361	38,1%	313	39,2%	172	37,1%
	A H <sub>1</sub> pdm	37	3,9%	32	4,0%	32	6,9%
	A H <sub>3</sub>	12	1,3%	12	1,5%	5	1,1%
	B	319	33,7%	251	31,5%	161	34,7%
	HRSV	39	4,1%	43	5,4%	33	7,1%
	HAdV	8	0,8%	3	0,4%	8	1,7%
	HPIV	5	0,5%	3	0,4%	1	0,2%
	HV	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
	MP	35	3,7%	23	2,9%	14	3,0%
	HMPV	21	2,2%	24	3,0%	8	1,7%
	CoV	16	1,7%	16	2,0%	11	2,4%
	HRV	46	4,9%	45	5,6%	5	1,1%
	hBoV	3	0,3%	2	0,3%	0	0,0%
	EV	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
	SARS-CoV-2	11	1,2%	16	2,0%	2	0,4%
	SM	34	3,6%	15	1,9%	12	2,6%
	pozitivní	947	38,4%	798	31,5%	464	29,7%
	negativní	1521		1737		1098	

## Virologická surveillance – detekce chřipky za tři KT

	6.	Podíl	7.	Podíl	8.	Podíl
A bez další subtypizace	410	43,3%	357	44,7%	209	45,0%
B	319	33,7%	251	31,5%	161	34,7%
Celkem	729	77,0%	608	76,2%	370	79,7%





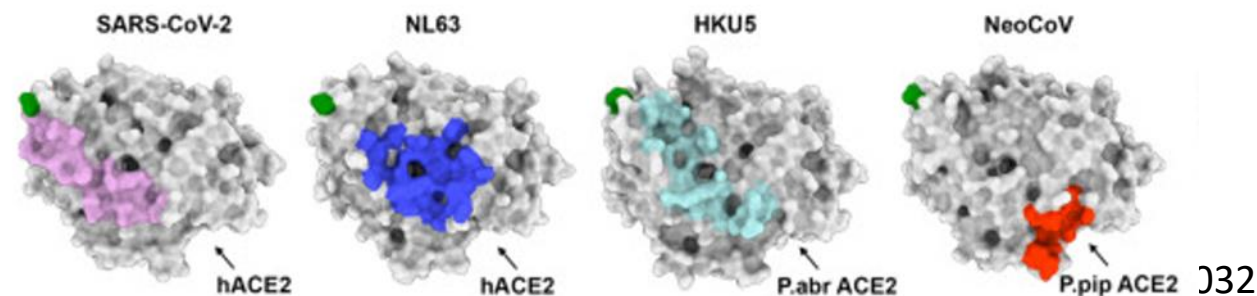
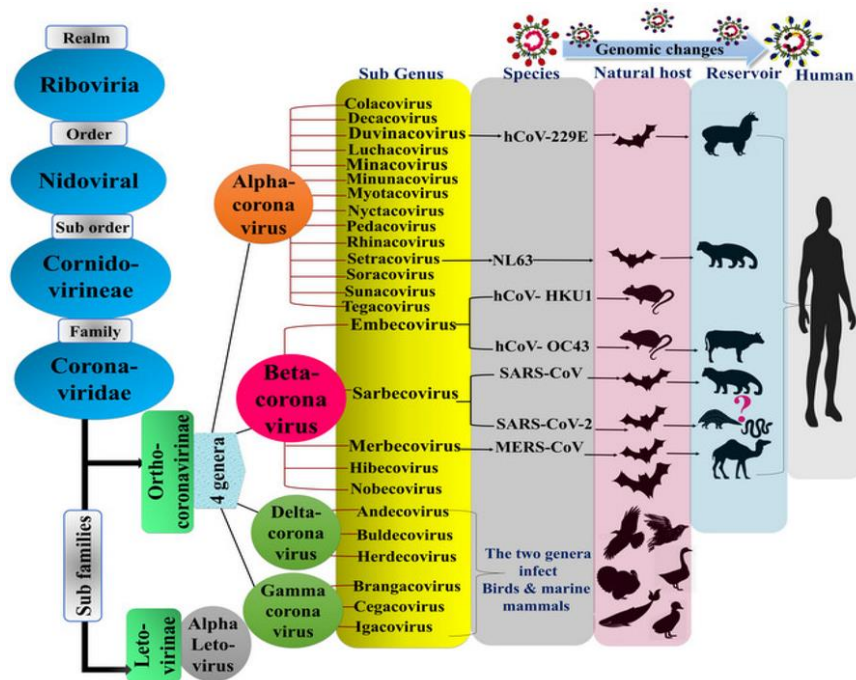
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce



# HKU5-CoV - Byl objeven nový koronavirus?

- HKU5-CoV byl poprvé zjištěn u netopýrů *Pipistrellus abramus* v roce 2006 (1) tento druh netopýra se vyskytuje ve východní a jižní Asii
- Virus se jmenuje HKU5-CoV, a patří do skupiny merbecovirů, tedy do skupiny, kam patří i MERS-CoV, viry z této taxonomické skupiny využívají ke vstupu do buněk 2 receptory: DPP4 a ACE2
- Pozornost vzbudil fakt, že se tento virus může vázat nejen na netopýří ACE2, ale i na lidský receptor ACE2 (2)
- MERS-CoV využívá ke vstupu do buňky DPP4, dipeptidyl peptidáza-4 se vyskytuje na povrchu většiny buněk a je známá rovněž jako receptor na T buňkách CD26, jedná se o exogenní serinovou proteázu

Na základě současných důkazů představuje HKU5-CoV-2 nízké riziko rozsáhlého přenosu na člověka, přičemž nebyly hlášeny žádné lidské infekce nebo ohniska. Jeho schopnost využívat lidský ACE2 je pozoruhodná, ale jeho nižší vazebná účinnost a účinnost ve srovnání se SARS-CoV-2 naznačuje omezený pandemický potenciál. Pokračující sledování a výzkum jsou nezbytné pro sledování jakýchkoli změn v jeho chování nebo dynamice přenosu.



1. Patrick C.Y. et al, Molecular diversity of coronaviruses in bats, *Virology*, Vol 351, (2006), Pages 180-187, <https://doi.org/10.1016/j.virol.2006.02.041>.
- 2 Park YJ, et al.: Molecular basis of convergent evolution of ACE2 receptor utilization among HKU5 coronaviruses.. *Cell*. 2025 Feb 7:S0092-8674(24)01475-2. doi: 10.1016/j.cell.2024.12.032

## Epidemiologický souhrn:

Hlášená celková nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) v ČR v 8. týdnu roku 2025 se oproti minulému týdnu snížila o 7 % a je na úrovni 1988 nemocných na 100 000 obyvatel. Počty nemocných s respirační nákazou včetně chřipky klesají ve všech sledovaných věkových skupinách a ve většině krajů. Nejvyšší nemocnost ARI je aktuálně v kraji Vysočina.

V kategorii chřipkových onemocnění (ILI), která je k hodnocení výskytu chřipky citlivější, byť výrazně podhodnocuje skutečnou nemocnost chřipkou, se v aktuálním týdnu celková nemocnost snížila o 18,3 % oproti minulému týdnu. Počty nemocných se snižují ve všech věkových skupinách i ve všech krajích, chřipková epidemie v ČR tedy začíná ztrácet na síle.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 21. 2. 2025 hlášeno celkem 322 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 88 osob následkům infekce podlehl.

## ARI/ILI WHO, EU/EHP v 7. KT:

- V Evropě pozorujeme probíhající epidemii chřipky, dominujícím subtypem je A/H1pdm, ale cirkulují i viry A/H3N2 a B/Victoria.
- Podle dat ECDC a WHO zůstává výskyt chřipky v evropských zemích vysoký. Chřipka je také nejčastější příčinou hospitalizace v porovnání s covid-19 či RSV infekcí. HMPV není v zemích EU/EHP pozorován ve zvýšené míře, která by neodpovídala sezónnímu charakteru.
- SARS-CoV-2: incidence nadále klesá. Dominuje varianta XEC.

## ARI/ILI v ČR v 8. KT 2025 (předběžná virologická data) vycházející z kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillance

- V souladu s hlášením za Evropu i ve virologické surveillance pozorujeme vysoký podíl detekcí virů chřipky A (45 % pozitivních detekcí) s většinovým záchytem A/H1pdm 2009, podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu B činí 34,7 % (neúplná data). Poprvé v tomto roce pozorujeme pokles pozitivních detekcí virů chřipky, přestože je stále vysoký – 79,7 %. **Virologická data naznačují, že bychom mohli být za vrcholem epidemie chřipky, ale zvýšení podíl detekcí RSV (7,1 %) naznačuje počátek epidemické vlny RSV.**
- Podíl detekcí *Mycoplasma pneumoniae* klesl na 3 %, podíl detekcí rhinovirů klesl na 1,7 %, podíl detekcí HMPV (1,7 %) je nadále nízký. Záchyt SARS-CoV-2 se pohybuje blízko minima (0,4 %), stále dominuje varianta XEC. Zaznamenáváme vyšší podíl detekce sezónních koronavirů (2,4 %).
- **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.**
- **HKU5-CoV: mediální zprávy o objevení nového koronaviru neodpovídají skutečnosti. Virus byl objeven v roce 2006, pozornost vzbudil fakt, že se může s nízkou afinitou vázat na lidský ACE-2, v současnosti nepředstavuje pandemické riziko.**