



Pravidelná zpráva o aktuálně cirkulujících respiračních virech, včetně sekvenčních dat - situace v ČR a Evropě k 24. 03. 2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Evropa – souhrn 11. KT

Podíl detekcí respiračních virů v surveillance primární a sekundární péče v zemích EU/EHP ukazuje, že v posledních týdnech přetrvává značná míra aktivity respiračních virů. Stále je hlášena vysoká aktivita virů chřipky s klesajícím trendem z 24 % na 22 %, pokračuje zvýšená aktivita RSV, aktivita SARS-CoV-2 zůstává ve všech zemích na nízké úrovni.

V rámci hlášení SARI bylo v rámci celého evropského regionu v 11. KT detekováno 472 případů chřipky. Téměř stejným dílem se podílel virus chřipky A (49 %) i B (51 %). Ze subtypových virů chřipky A bylo 57 % A(H3) a 43 % A(H1)pdm09. Z 53 virů chřipky typu B, u kterých bylo možné určit linii, byla u všech zjištěna linie B/Victoria.

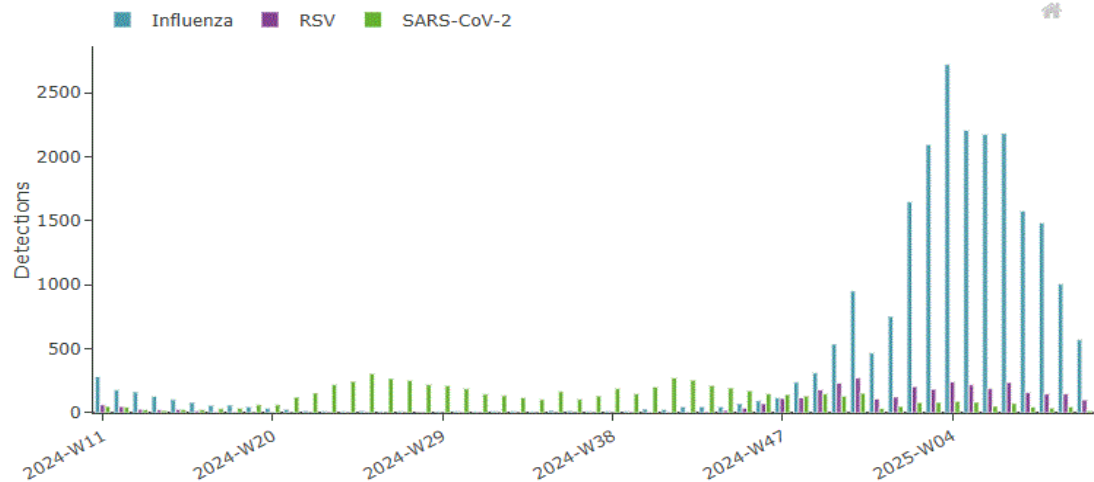
V rámci primární péče bylo v 11. KT zachyceno 924 případů chřipky s mírnou převahou chřipky typu B (56 %) nad chřipkou typu A (44 %).

Shromážděné údaje z EU/EHP naznačují, že vrchol aktivity chřipky již pominul, neboť ve většině zemí byl pozorován pokles. V EU/EHP je nadále pozorována společná cirkulace virů chřipky A(H1)pdm09, A(H3) a B/Vic, přičemž viry chřipky A a B byly v 11. týdnu hlášeny téměř ve stejném poměru.

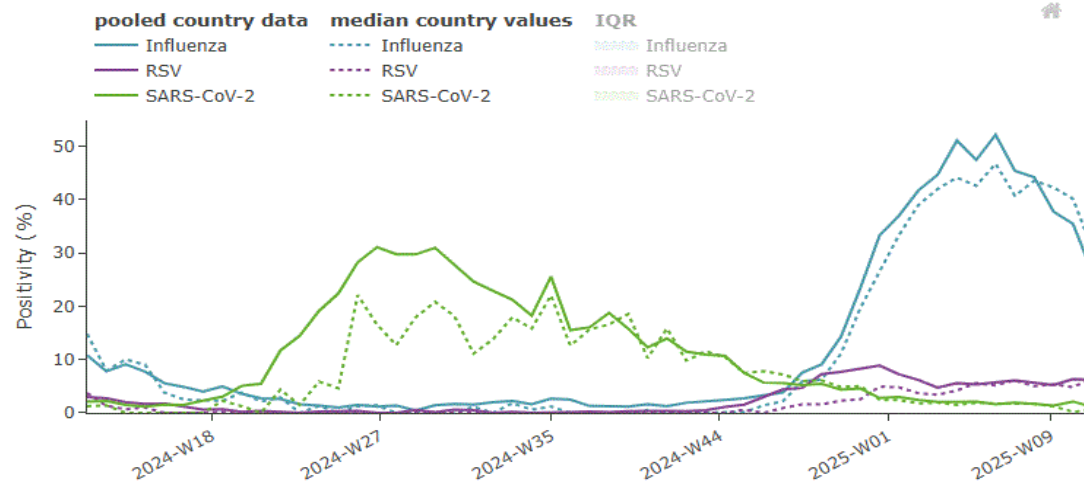
Aktivita RSV v EU/EHP zůstává zvýšená, s malými změnami v posledních týdnech. Nicméně mezi zeměmi existují značné rozdíly v načasování sezóny RSV, přičemž některé země stále pozorují zvýšenou a rostoucí cirkulaci RSV.

Aktivita SARS-CoV-2 se pohybuje na minimální úrovni cca 1 %.

Aggregate weekly detections

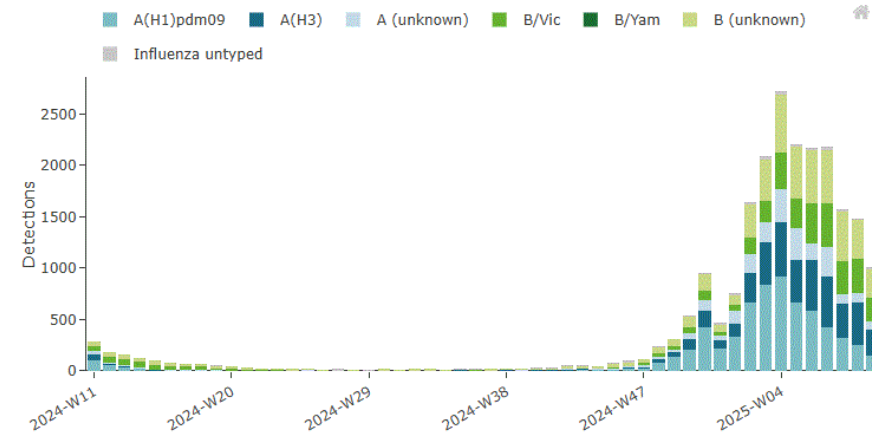


Aggregate weekly test positivity



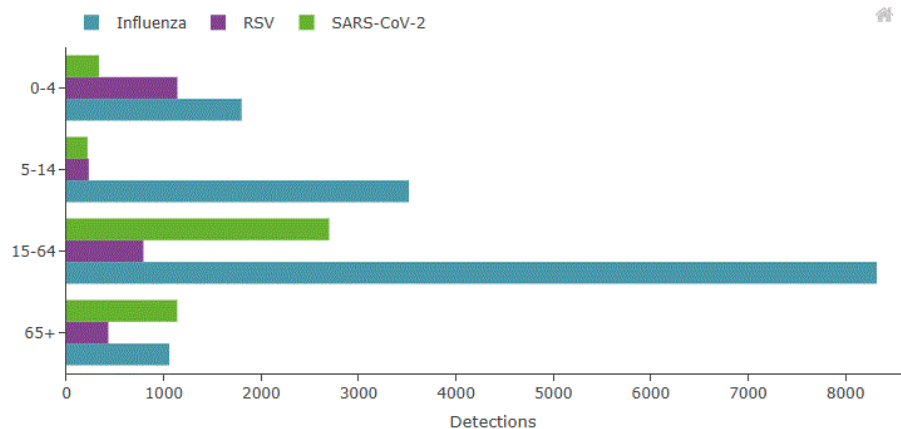
Aggregate weekly detections

Type/subtype Age



Cumulative detections by age group, 2024-W11 to 2025-W11

Detections Proportions



Graf naznačuje disproporcii 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).

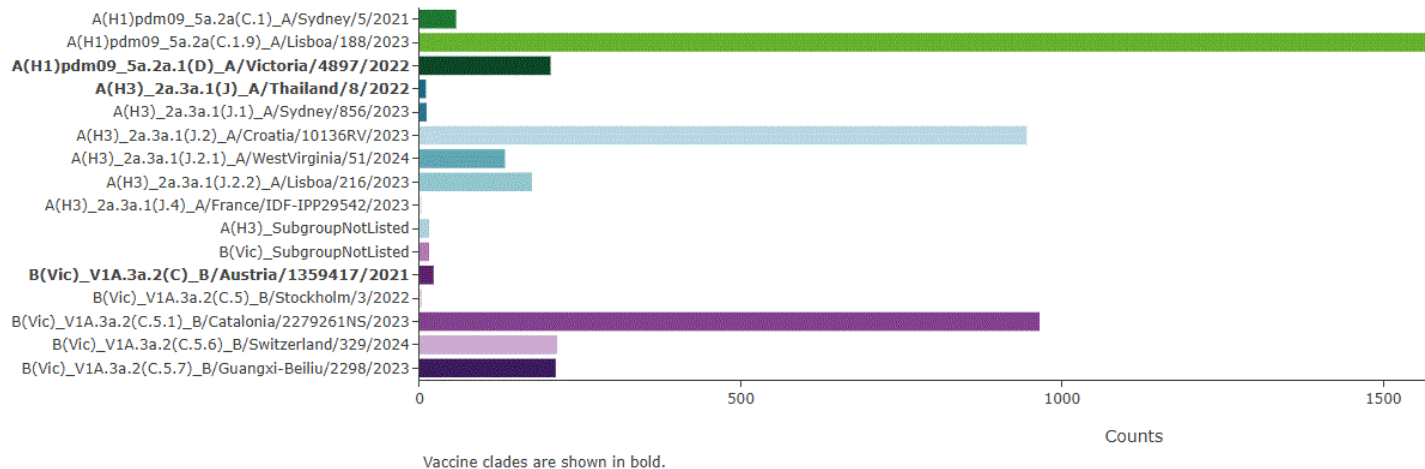
Virologická data naznačují vysokou aktivitu viru chřipky.

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

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 11	Week 10	Description	Value
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	18	20	Pooled (median; IQR)	26% (31; 21–38%)
	RSV	17	19		6.2% (6.6; 3.3–9.4%)
	SARS-CoV-2	16	19		1.1% (0.6; 0–1.5%)
SARI test positivity in hospitals	Influenza	9	10	Pooled (median; IQR)	20% (17; 13–24%)
	RSV	9	10		7% (7.2; 3.2–17%)
	SARS-CoV-2	8	9		1.5% (1.6; 0.3–3.3%)

Cumulative influenza virus detections by genetic clade, 2024-W40 to 2025-W11

Barchart Table



- Současné složky vakcíny pro severní hemisféru dobře odpovídají cirkulujícím virům klády 5a.2a a 5a.2a.1 A(H1N1)pdm09 a klády V1A.3a.2 B/Victoria. Zdá se, že složky vakcíny dobře odpovídají virům klády A(H3N2) 2a.3a.1 (J), ale méně odpovídají některým novějším virům subklády 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 subklády 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 vůči baloxaviru/marboxilu.

Genetically characterised influenza virus distribution, week 40, 2024 to week 11, 2025

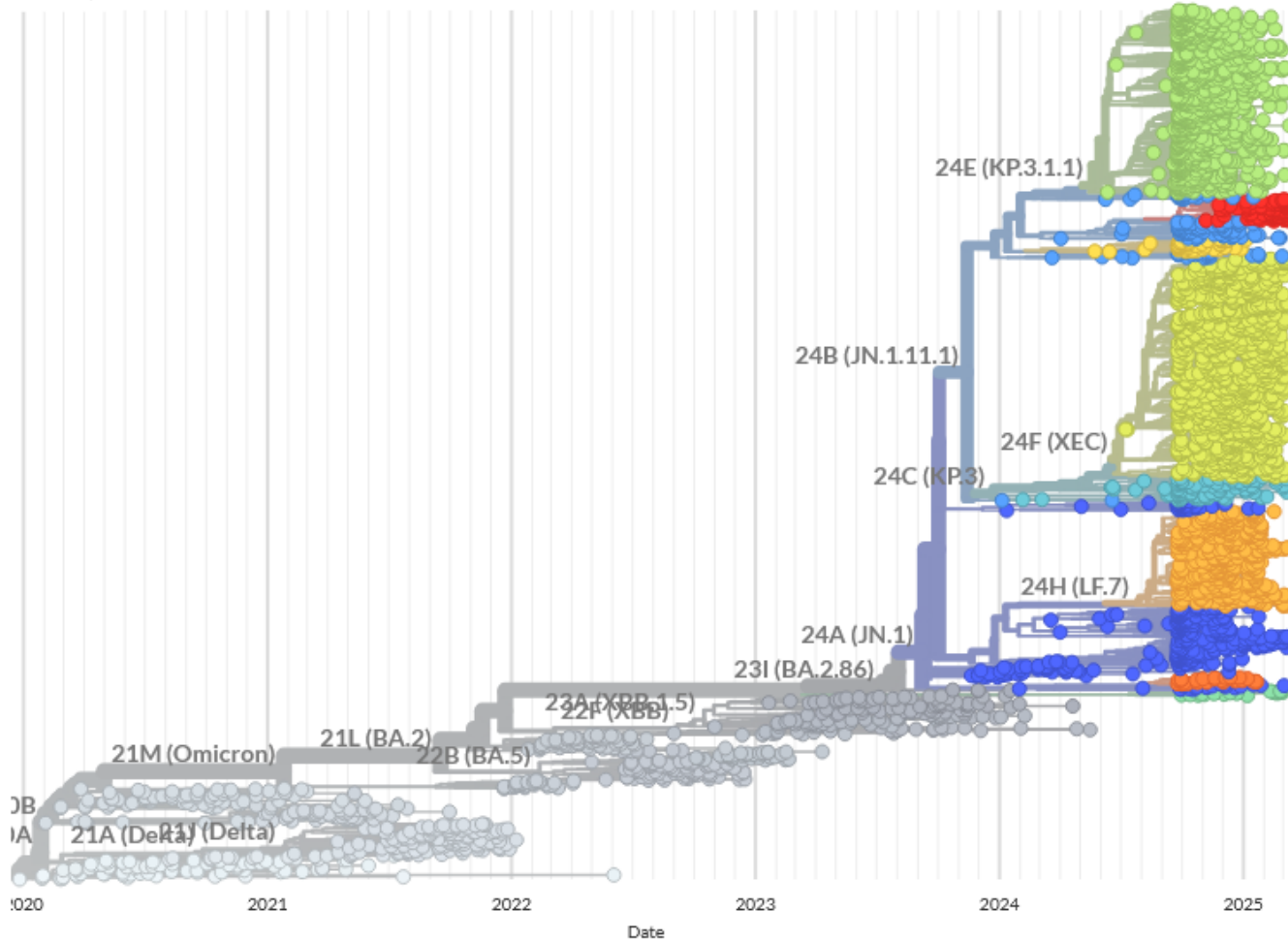
Subtype	Subtype distribution		Subclade distribution		
	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	2374	47	5a.2a(C.1.9)	2113	89
			5a.2a.1(D)	204	9
			5a.2a(C.1)	57	2
A(H3)	1291	25	2a.3a.1(J.2)	945	74
			2a.3a.1(J.2.2)	175	14
			2a.3a.1(J.2.1)	133	10
			2a.3a.1(J.1)	11	0.9
			2a.3a.1(J)	10	0.8
			2a.3a.1(J.4)	2	0.2
			Not assigned	15	–
B/Vic	1430	28	V1A.3a.2(C.5.1)	965	68
			V1A.3a.2(C.5.6)	214	15
			V1A.3a.2(C.5.7)	212	15
			V1A.3a.2(C)	22	2
			V1A.3a.2(C.5)	2	0.1
			Not assigned	15	–

Genomická epidemiologie SARS-CoV-2 v Evropě

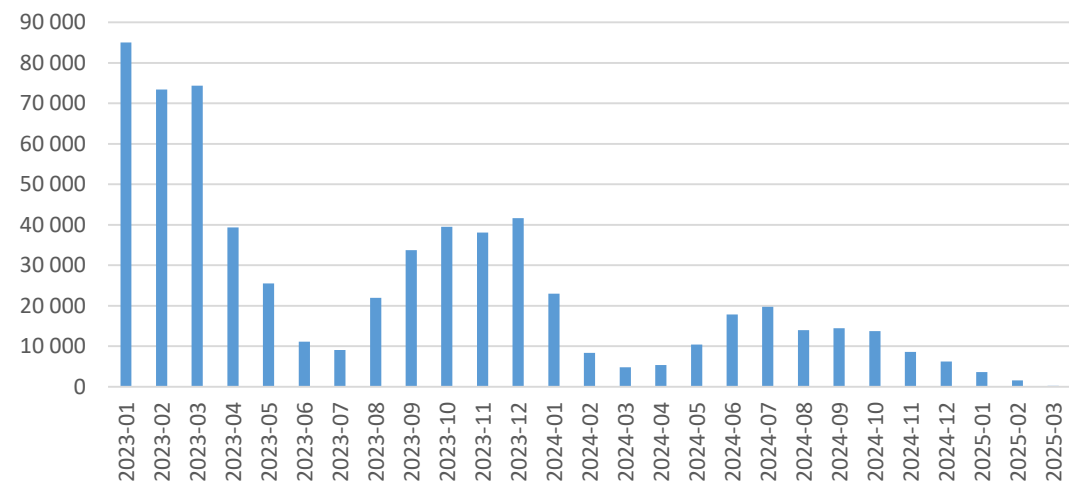
Phylogeny

Clade ▼

🔍 ZOOM TO SELECTED RESET LAYOUT



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. 02. – 19. 03. 2025

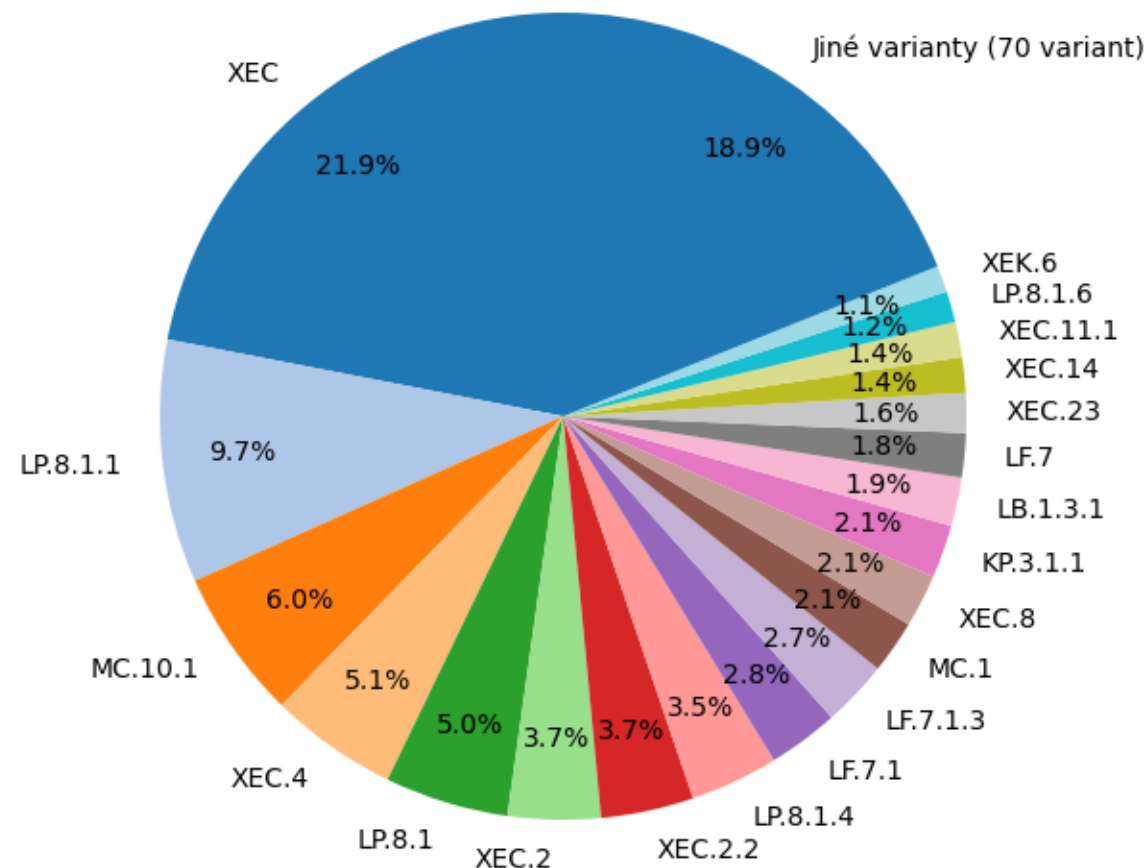
- Celkem 565 WGS
- Detekce varianty **XEC** v Evropě klesla na 21,9 %.
- Varianty mají společného předka JN.1.1, u některých dochází k reverzním záměnám aminokyselin v antigenních hot spots.

Dominující varianty

- XEC – 21,9 % 
- LP.8.1.1 – 9,7 % 
- MC.10.1 – 6,0 % 



Varianty SARS-CoV-2 v Evropě 24.02. - 19.03.2025



- V kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillanci dosáhl ve 12. KT podíl chřipky typu A i B jen 33,9 % všech pozitivních detekcí.
- Nejčastěji jsou aktuálně detekovány RSV (23,3 %), viry chřipky A (21,6 %), viry chřipky B (12,4 %) a rhinoviry (15,9 %).
- U pozitivních detekcí *Mycoplasma pneumoniae* pozorujeme setrvale nízký podíl pozitivních detekcí, cca 2% .
- Pozorujeme vzestupný trend pozitivních detekcí RSV, od minulého týdne stoupl tento podíl na 23,3 % a metapneumoviru (HMPV), kde v posledních 2 týdnech představují tyto viry téměř 12 % pozitivních záchytů.
- Chřipka A: kumulativní data za respirační sezónu 2024-25 ukazují stejně jako jinde v Evropě převažující detekce A/H1pdm (390 vzorků) nad A/H3 (154 vzorků). Současně stoupá počet záchyt- H3N2 v porovnání s H1N1pdm a infl B.
- Záchyt SARS-CoV-2 se drží na sezónním minimu.

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

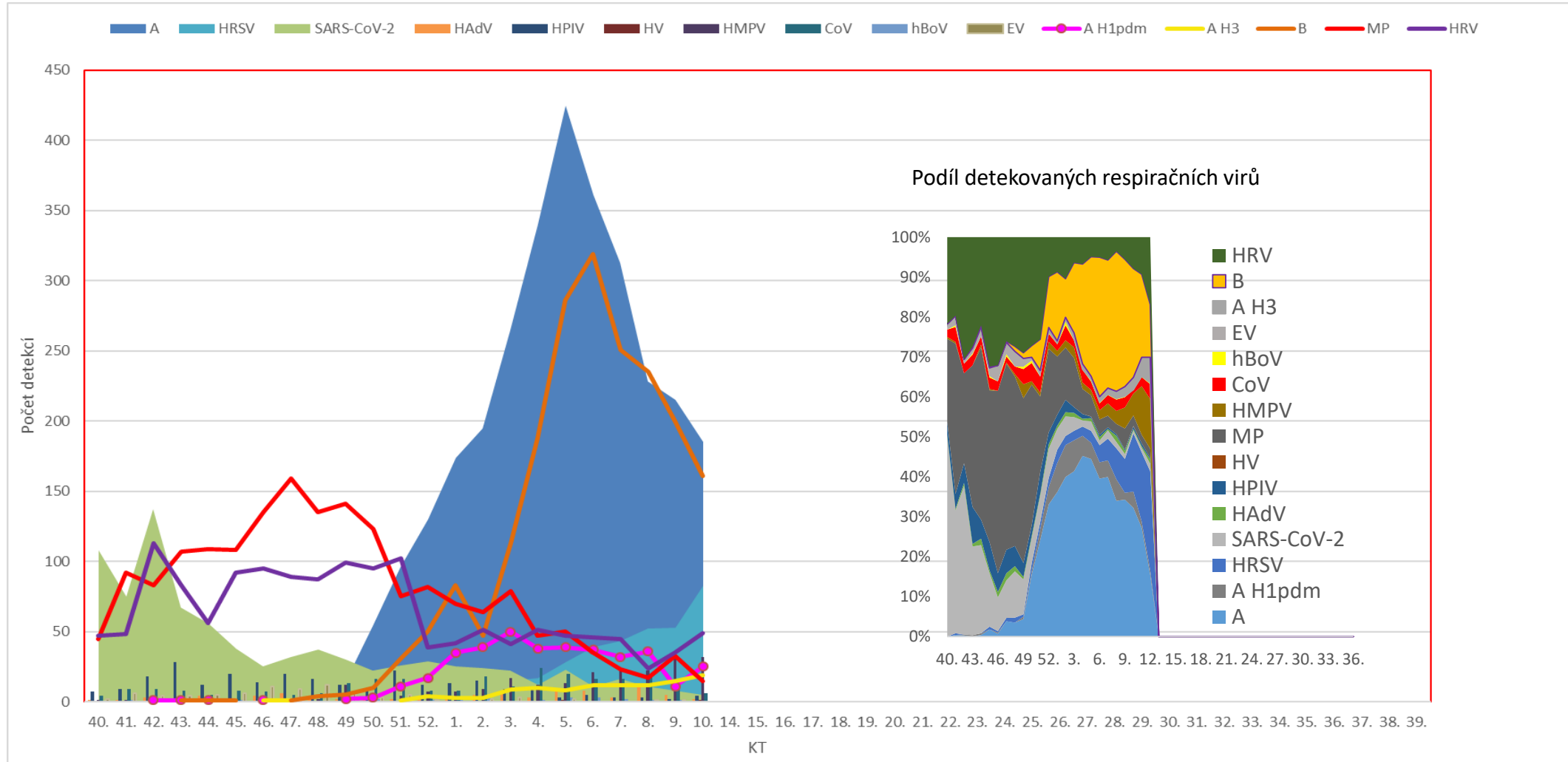
Virologická surveillace – data za tři KT

Kalendářní týden (KT)		10.	Podíl	11.	Podíl	12.	Podíl
Detekce viru	A	199	30,7%	143	26,0%	41	14,5%
	A H ₁ pdm	25	3,9%	8	1,5%	3	1,1%
	A H ₃	19	2,9%	25	4,5%	17	6,0%
	B	168	25,9%	109	19,8%	35	12,4%
	HRSV	90	13,9%	91	16,5%	66	23,3%
	HAdV	2	0,3%	2	0,4%	3	1,1%
	HPIV	4	0,6%	4	0,7%	1	0,4%
	HV	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%
	MP	16	2,5%	11	2,0%	6	2,1%
	HMPV	34	5,2%	64	11,6%	33	11,7%
	CoV	6	0,9%	12	2,2%	10	3,5%
	HRV	49	7,6%	49	8,9%	45	15,9%
	hBoV	0	0,0%	1	0,2%	1	0,4%
	EV	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
	SARS-CoV-2	5	0,8%	6	1,1%	5	1,8%
	SM	31	4,8%	26	4,7%	17	6,0%
	pozitivní	649	29,8%	551	25,9%	283	22,5%
	negativní	1530		1576		972	
Celkový počet vyšetření:		2179		2127		1255	

Virologická surveillace –detekce chřipky za tři KT

Kalendářní týden (KT)		10.	Podíl	11.	Podíl	12.	Podíl
	A bez další subtypizace	243	37,4%	176	31,9%	61	21,6%
	B	168	25,9%	109	19,8%	35	12,4%
	Celkem	411	63,3%	285	51,7%	96	33,9%

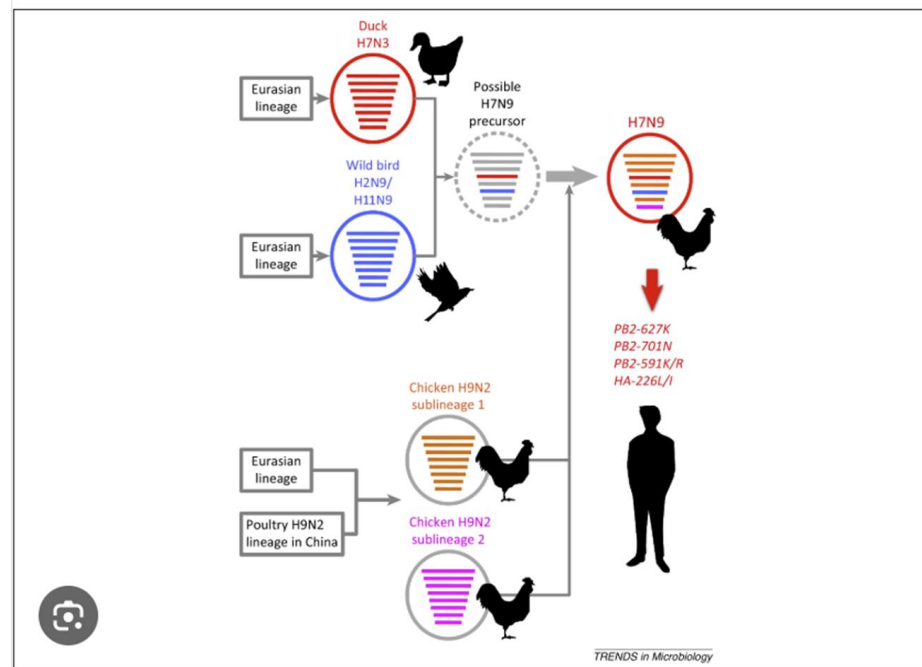
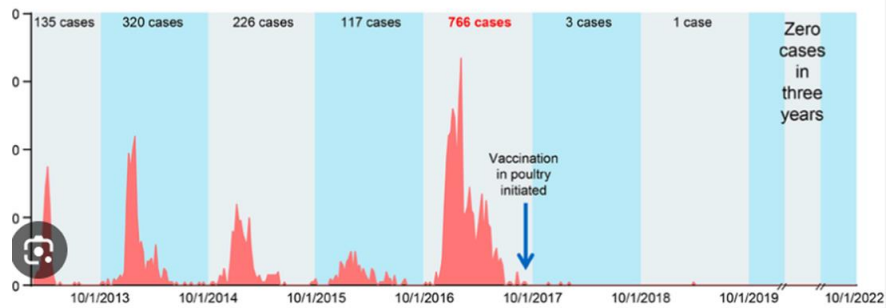
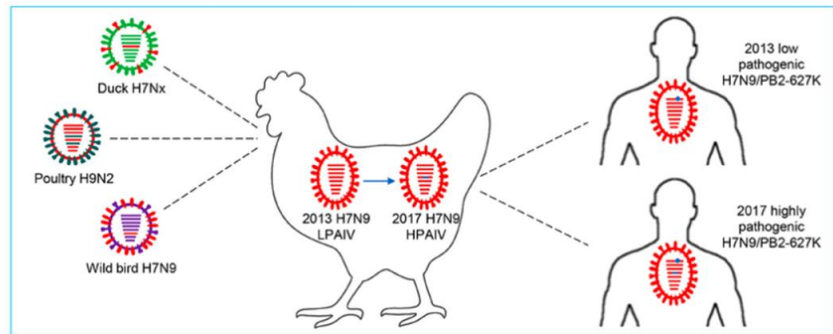
Detekce respiračních virů – kumulativní počty



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

- H5N1 2.3.4.4b – D.1.3
 - V USA nyní cirkulují genotypy D.1.1 a D.1.3, který nahradil genotyp cirkulující v roce 2024 (B.3.13). Genotyp D1.1. vznikl reassortmentem genotypu A3 (předchůdce B3.13) s jiným nízce patogenním kmenem ptačí chřipky. Genotypy D.1.1 a D.1.3 nesou adaptivní mutaci D701N v genu pro hemagglutinin, která usnadňuje přenos na savce a člověka.
 - V Ohio byl potvrzen případ infekce člověka tímto genotypem, k nákaze došlo v únoru a byl prokázán přenos z drůbeže. Současně byla potvrzena infekce virem H5N1 u dítěte ze San Franciska, kde zdroj nákazy nebyl zjištěn. Jedná se tak o 7. případ v USA ze 71 oficiálně potvrzených případů v USA, kdy zdroj nákazy není znám.
- H5N1 2.3.4.4b Spojené Království
 - v regionu Yorkshire byla potvrzena infekce u ovce, virus byl opakovaně detekován v mléce. Jedná se o první záchyt u skotu v Evropě. (<https://www.gov.uk/government/news/influenza-of-avian-origin-confirmed-in-a-sheep-in-yorkshire>)
- Kambodža potvrdila 2 nové případy infekce, jedná se o 6letou dívku a 6 měsíčního chlapce, oba pocházeli z domácnosti chovající drůbež, která jeví známky HPAI. Obě děti zemřely, poté co byly přijaty k hospitalizaci s dechovou tísní 22. března 2025. Kambodža letos oznámila celkem 3 případy infekce H5N1, všechny končící úmrtím.

Zdroj: Promedmail, CIDRAP, CDC



Zdroje: Watanabe, Tokiko et al.

Trends in Microbiology, Volume 22, Issue 11, 623 - 631

DOI:10.1080/22221751.2022.2155072

- USA poprvé v historii oznámilo detekci HPAI (vysoce patogenní virus chřipky) H7N9 v chovech drůbeže. S vysokou mírou pravděpodobnosti se jedná o přenos LPAI (nízce patogenní virus chřipky) přirozeně cirkulující u volně žijících ptáků do chovů drůbeže, kde dojde k vytvoření vysoce patogenní varianty. Geneze H7N2 reassortanty je znázorněna na obrázku vpravo.
- Virus H7N2 cirkulující v Číně je dlouhodobě sledován pro jeho pandemický potenciál (viz obr vlevo).

- 2025-2026 Northern Hemisphere Influenza Season**

28 February 2025

The WHO recommends that **trivalent vaccines** for use in the 2025-2026 northern hemisphere influenza season contain the following:

Egg-based Vaccines

A/Victoria/4897/2022	(H1N1)pdm09-like	EPI_ISL_16714268
A/Croatia/10136RV/2023	(H3N2)-like	EPI_ISL_19296516
B/Austria/1359417/2021	(B/Victoria lineage)-like	EPI_ISL_1519459

Cell culture-, recombinant protein- or nucleic acid-based vaccines

A/Wisconsin/67/2022	(H1N1)pdm09-like	EPI_ISL_15928563
A/District Of Columbia/27/2023	(H3N2)-like	EPI_ISL_18937823
B/Austria/1359417/2021	(B/Victoria lineage)-like	EPI_ISL_983345

The recommendation for the B/Yamagata lineage component of quadrivalent influenza vaccines remains unchanged from previous recommendations:

Egg-based Vaccines

B/PHUKET/3073/2013	(B/Yamagata lineage)-like	EPI_ISL_168822
--------------------	---------------------------	----------------

Cell- or recombinant-based Vaccines

B/PHUKET/3073/2013	(B/Yamagata lineage)-like	EPI_ISL_161843
--------------------	---------------------------	----------------

Mpox Ib - první případ v Brazílii

- Uganda ohlásila ohnisko 12 dětí s potvrzeným onemocněním mpox, jedná se o suspektní ohnisko klády Ib.
- Pákistán detekoval první případ mpox v Karáčí, výsledek určení genotypu zatím není k dispozici.
- Zdroj: Promedmail

ARI/ILI WHO, EU/EHP v 11. KT:

- V Evropě stále pozorujeme probíhající epidemii chřipky s klesajícím trendem (současně cirkulují A/H1pdm, A/H3N2 a B/Victoria) a epidemii RSV.
- Data ECDC a WHO potvrzují, že přestože v řadě evropských zemí začíná chřipková epidemie pomalu slábnout, výskyt chřipky v evropských zemích je nadále významný.
- SARS-CoV-2: incidence je nadále nízká. Dominující variantou je stále XEC, globálně pozorujeme vyšší míru šíření varianty M.1, v obou případech se jedná o varianty odvozené od KP.3.1.1.

ARI/ILI v ČR v 12. KT 2025 (předběžná virologická data) vycházející z kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillance

- Podíl detekcí chřipky typu A i B ve 12. KT nadále klesá a představuje 33,9 % pozitivních detekcí.
 - Nejčastěji jsou aktuálně detekovány RSV (23,3 %), viry chřipky A (21,6 %), viry chřipky B (12,4 %) a rhinoviry (15,9 %).
 - U pozitivních detekcí *Mycoplasma pneumoniae* pozorujeme setrvale nízký trend cca 2 % pozitivních detekcí.
 - Pozorujeme vzestupný trend pozitivních detekcí RSV a metapneumoviru (HMPV), kde v posledních 2 týdnech představují tyto viry téměř 12 % pozitivních záchytů.
 - Záchyt SARS-CoV-2 je minimální (1,8 %).
 - Závěr: Chřipková epidemie je na ústupu, i když stále přetrvávají vysoké počty detekcí viru, nastupuje epidemická vlna RSV. Byly zveřejněny vakcinální kmeny pro příští chřipkovou sezónu.
-
- H5N1: v USA D.1.1 a D.1.3 - oba genotypy jsou charakteristické trvalou přítomností D701N v genu pro hemagglutinin, která usnadňuje přenos na savce a člověka. V USA byly potvrzeny 2 nové případy infekce, jedná se o dítě, které onemocnělo v únoru, u tohoto případu není znám zdroj infekce ani přesné taxonomické zařazení viru (sérologický průkaz). Druhým případem je pracovník podílející se na likvidaci drůbeže v ohnisku H5N1, u tohoto případu byl potvrzen genotyp D.1.3.
 - Velká Británie hlásí první detekci viru H5N1 u ovce, jedná se o první průkaz viru u skotu mimo USA.
 - V Kambodži v důsledku onemocnění H5N1 letos zemřeli 3 lidé ze 3 prokázaných pozitivit.
 - Mpox Ib: pravděpodobné ohnisko u 12 dětí z jedné školy hlásí Uganda, suspektní import hlásí Pákistán.