



# Pravidelná zpráva o aktuálně cirkulujících respiračních virech, včetně sekvenačních dat - situace v ČR a Evropě k 31. 03. 2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

## Evropa – souhrn 12. KT

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

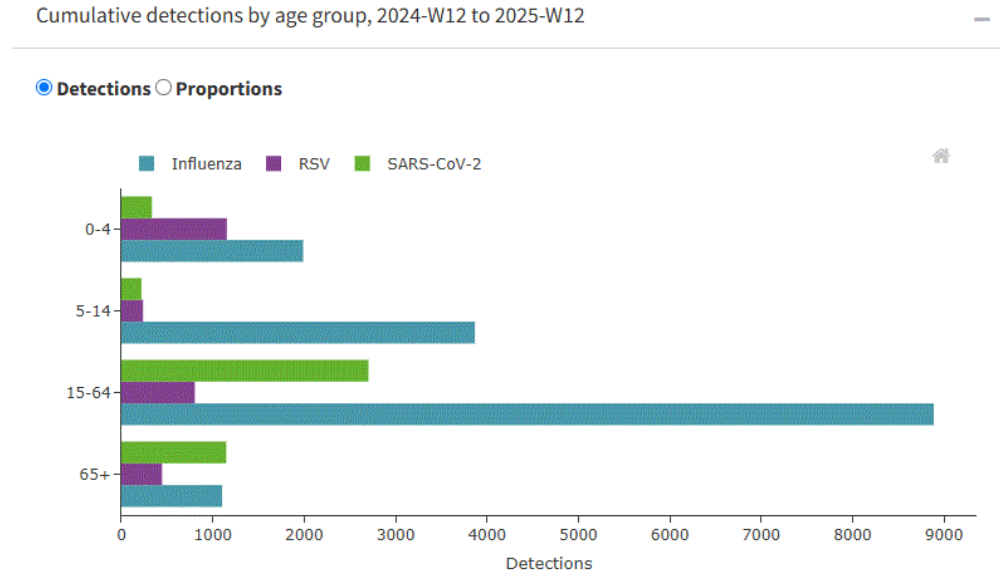
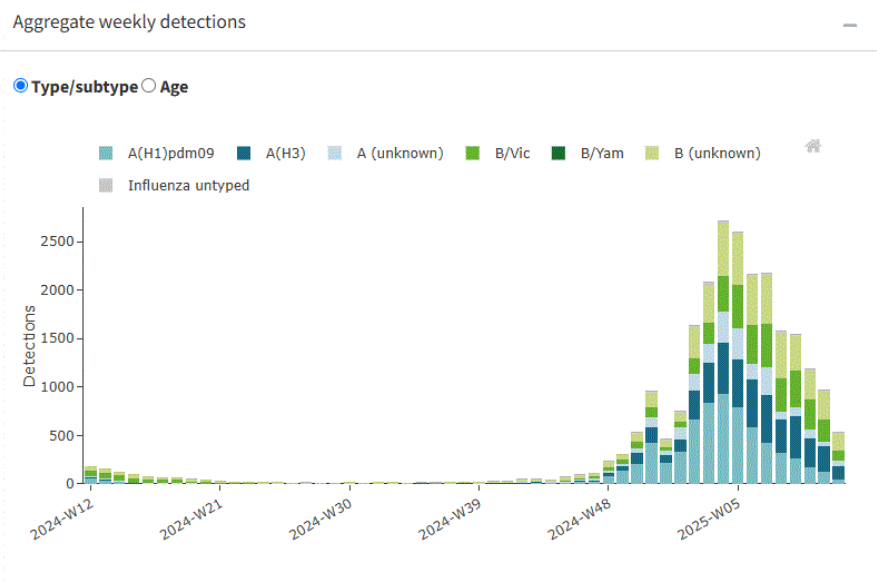
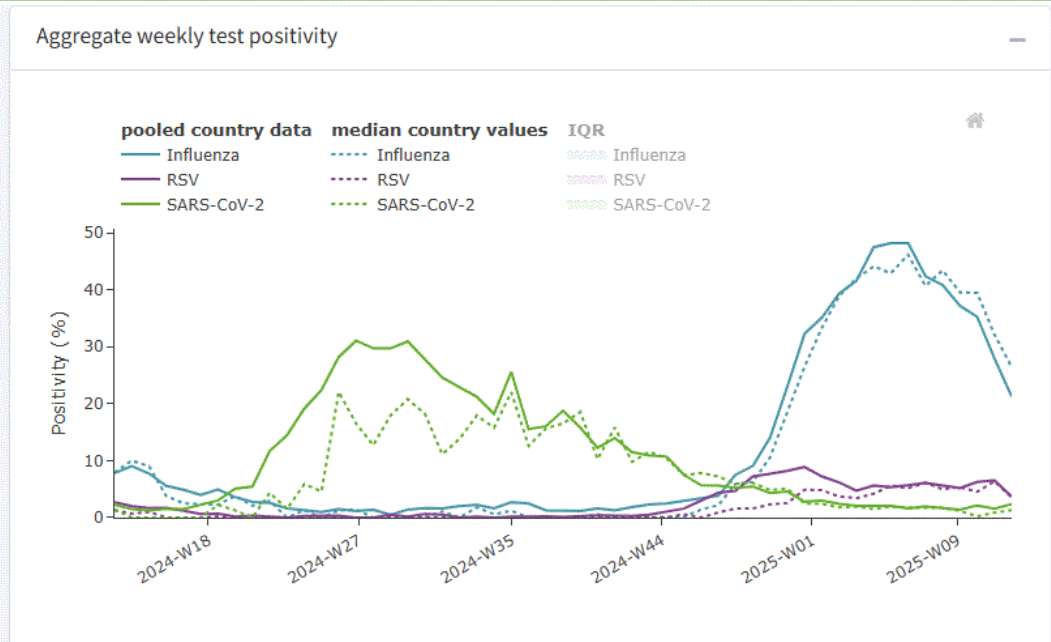
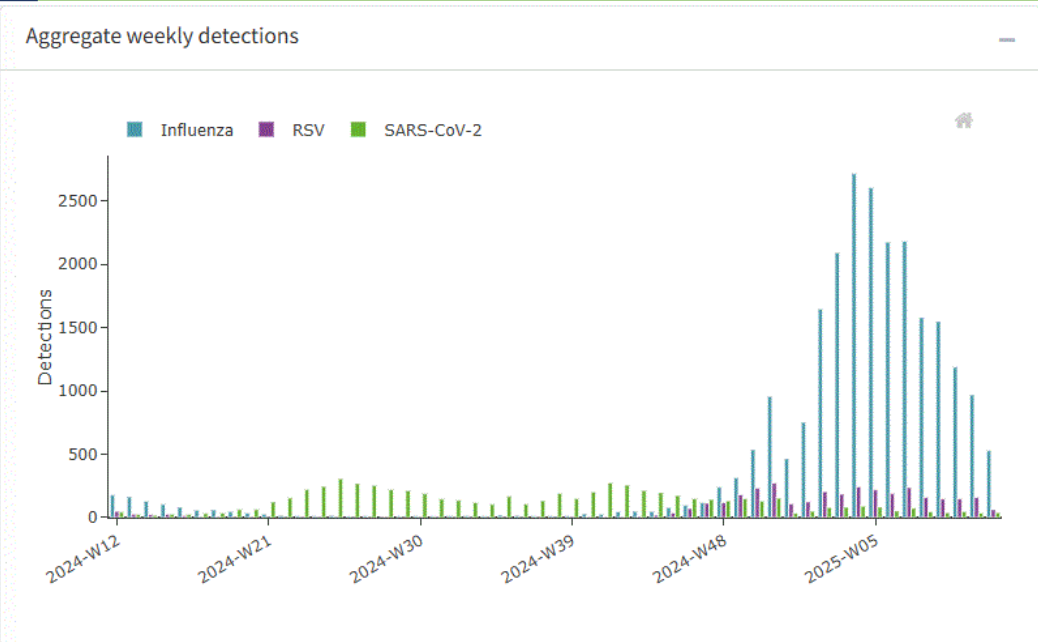
V rámci hlášení SARI bylo v rámci celého evropského regionu ve 12. KT detekováno 293 případů chřipky. Téměř stejným dílem se podílel virus chřipky A (53 %) i B (47 %). Ze 40 subtypových virů chřipky A bylo 65 % A(H3) a 35 % A(H1)pdm09.

V rámci primární péče bylo v 12. KT zachyceno 784 případů chřipky s mírnou převahou chřipky typu B (57 %) nad chřipkou typu A (43 %). U všech 132 virů chřipky B byla prokázána příslušnost do linie B/Victoria. U chřipky A ze 73 % převažoval subtyp A(H3), ve 27% se jednalo o subtyp A(H1)pdm09.

Shromážděné údaje z evropského regionu naznačují, že ačkoli aktivita virů chřipky zůstává zvýšená, tak ve většině zemí byl pozorován pokles a častější zastoupení virů chřipky B.

Aktivita RSV je v rámci surveillance v primární a sekundární péči v celém evropského regionu hodnocena jako střední. Nejvíce postiženou věkovou kategorií se závažným průběhem onemocnění jsou děti (0 – 4 roky).

Aktivita SARS-CoV-2 na regionální úrovni zůstává nízká s mírnými odchylkami v některých zemích.



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.



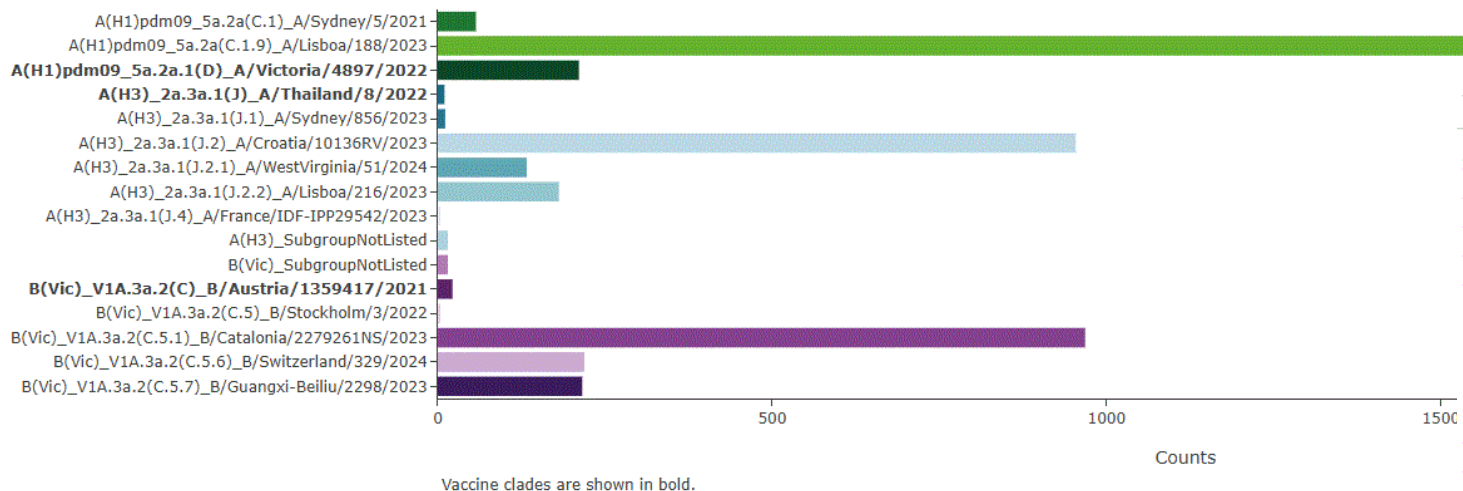
- Podíl pozitivních detekcí v primární péči (u praktických lékařů) a u hospitalizovaných

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 12	Week 11	Description	Value
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	17	21	Pooled (median; IQR)	21% (26; 19–34%)
	RSV	14	19		3.7% (3.5; 2.7–6.8%)
	SARS-CoV-2	15	19		2.3% (1.3; 0–3.2%)
SARI test positivity in hospitals	Influenza	7	10	Pooled (median; IQR)	14% (17; 5.5–17%)
	RSV	7	10		7.4% (9.1; 6.7–13%)
	SARS-CoV-2	7	9		1.3% (0; 0–0.3%)



Cumulative influenza virus detections by genetic clade, 2024-W40 to 2025-W12

Barchart  Table



Genetically characterised influenza virus distribution, week 40, 2024 to week 12, 2025

Subtype	Subtype distribution		Subclade distribution		
	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	2393	47	5a.2a(C.1.9)	2125	89
			5a.2a.1(D)	211	9
			5a.2a(C.1)	57	2
A(H3)	1306	25	2a.3a.1(J.2)	954	74
			2a.3a.1(J.2.2)	181	14
			2a.3a.1(J.2.1)	133	10
			2a.3a.1(J.1.1)	11	0.9
			2a.3a.1(J)	10	0.8
			2a.3a.1(J.4)	2	0.2
			Not assigned	15	–
			Not assigned	15	–
B/Vic	1443	28	V1A.3a.2(C.5.1)	968	68
			V1A.3a.2(C.5.6)	219	15
			V1A.3a.2(C.5.7)	216	15
			V1A.3a.2(C)	22	2
			V1A.3a.2(C.5)	3	0.2
			Not assigned	15	–

- 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.

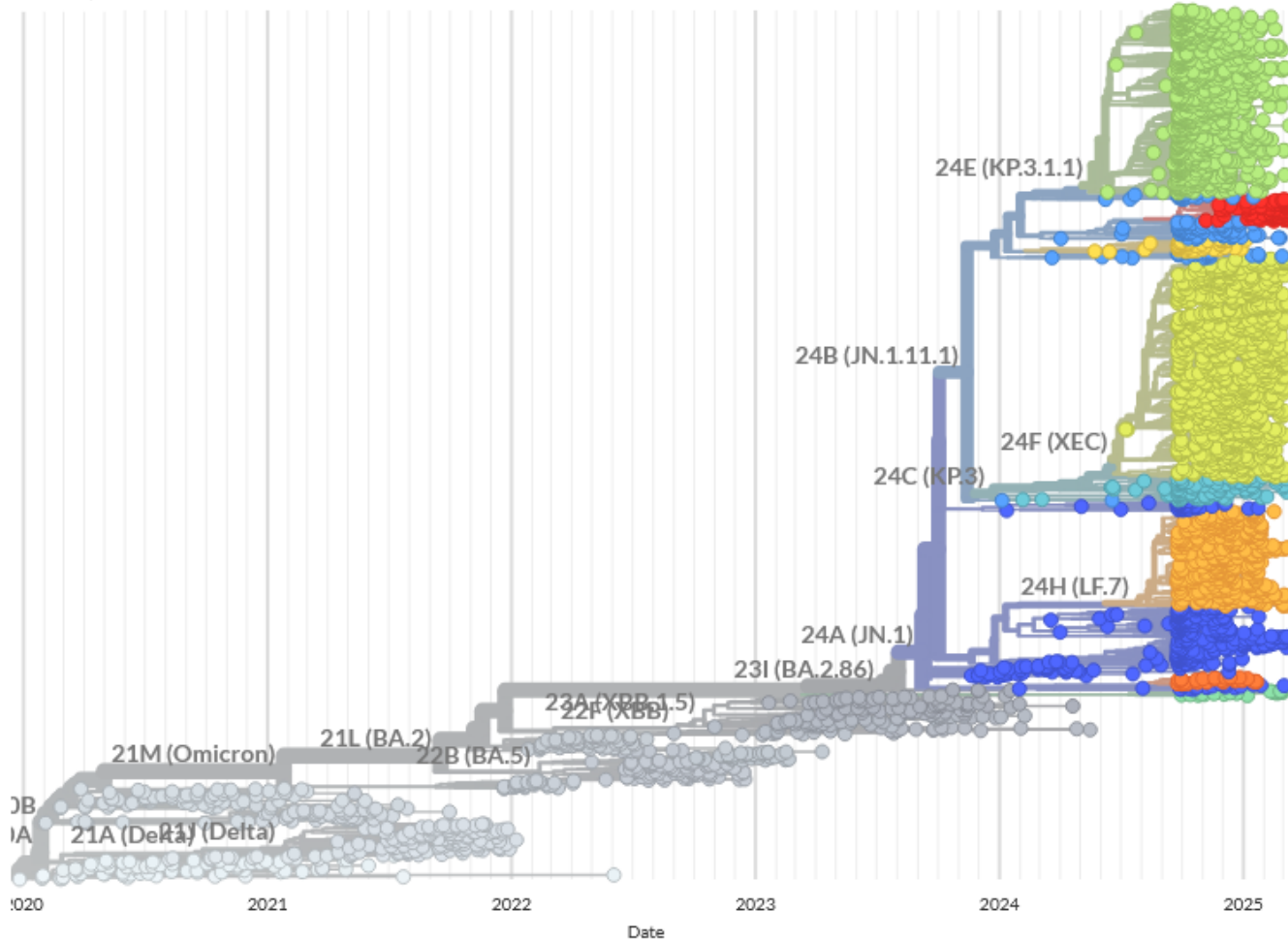
## Genomická epidemiologie SARS-CoV-2 v Evropě

### DATA Z MINULÉHO TÝDNE

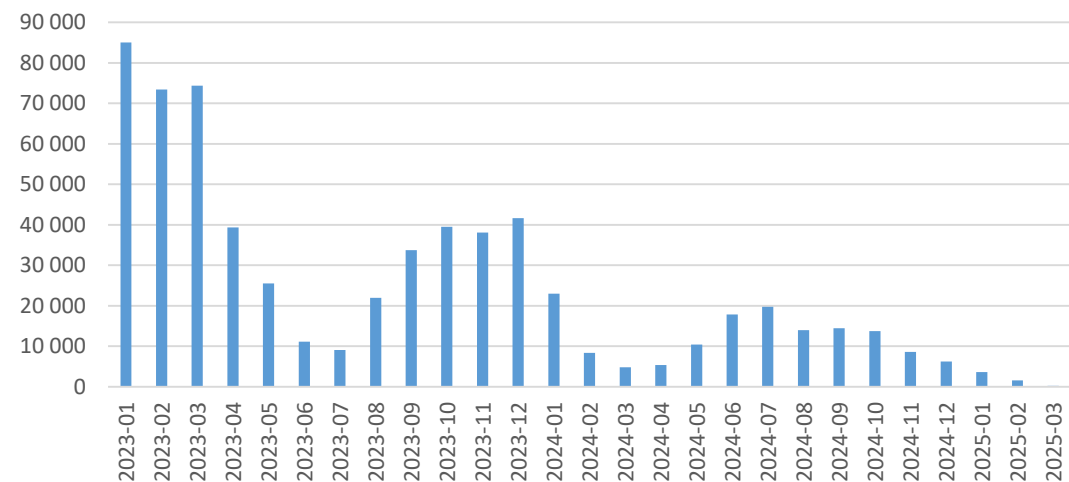
Phylogeny

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.

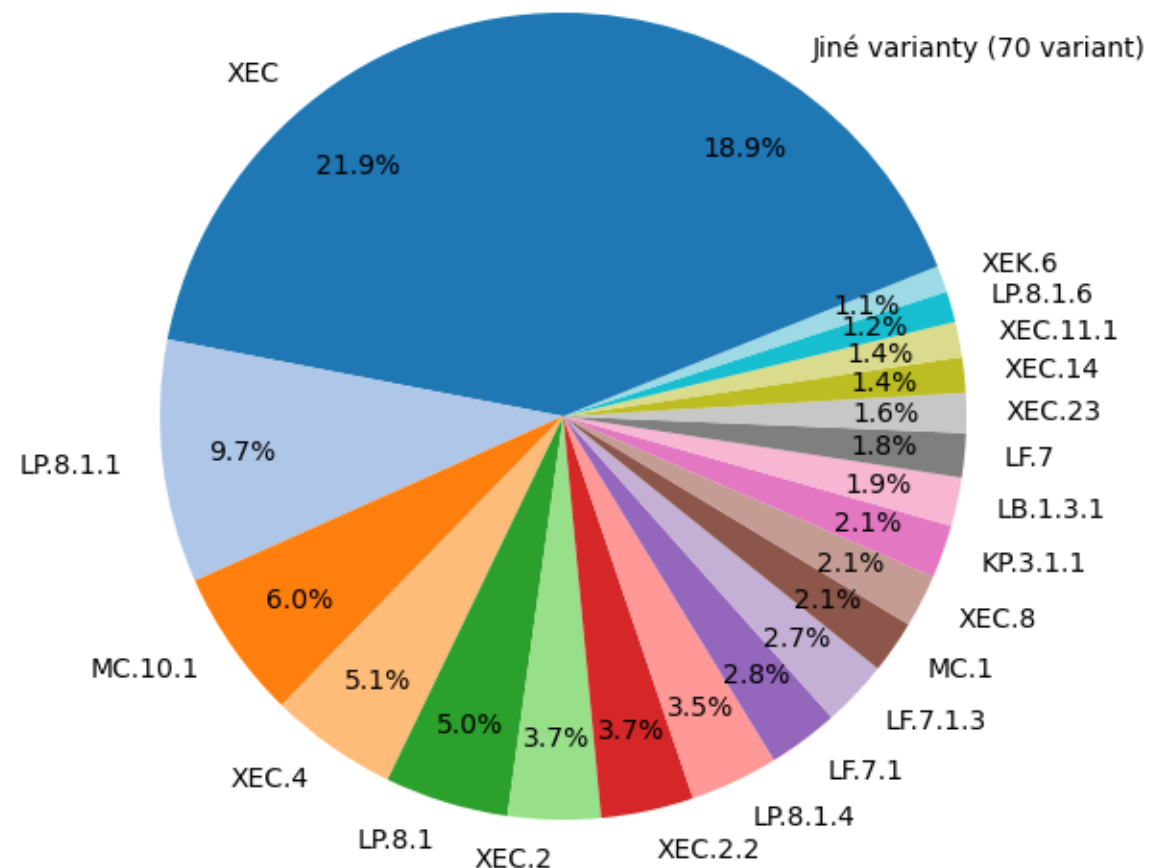
### Dominující varianty

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



## DATA Z MINULÉHO TÝDNE

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



- V kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillanci dosáhl ve 13. KT podíl chřipky typu A i B jen 24,3 % všech pozitivních detekcí.
- Nejčastěji jsou aktuálně detekovány RSV (30,8 %), viry chřipky A (16,4 %), metapneumovirus (13,4 %) a rinoviry (12,8 %).
- U pozitivních detekcí *Mycoplasma pneumoniae* pozorujeme setrvale nízký podíl pozitivních detekcí.
- V porovnání s minulým kalendářním týdnem pozorujeme vzestupný trend pozitivních detekcí RSV, setrvalý trend záchytu metapneumovirů a rinovirů.
- Chřipka: kumulativní data za respirační sezónu 2024-25 ukazují převažující detekce viru chřipky A (3 289 vzorků bez určení subtypu), subtyp A/H1pdm (394 vzorků) a subtyp A/H3 (158 vzorků). U 2 177 vzorků byl pozitivní záchyt chřipky typu B.
- Záchyt SARS-CoV-2 představuje na 3 % všech pozitivních detekcí.

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

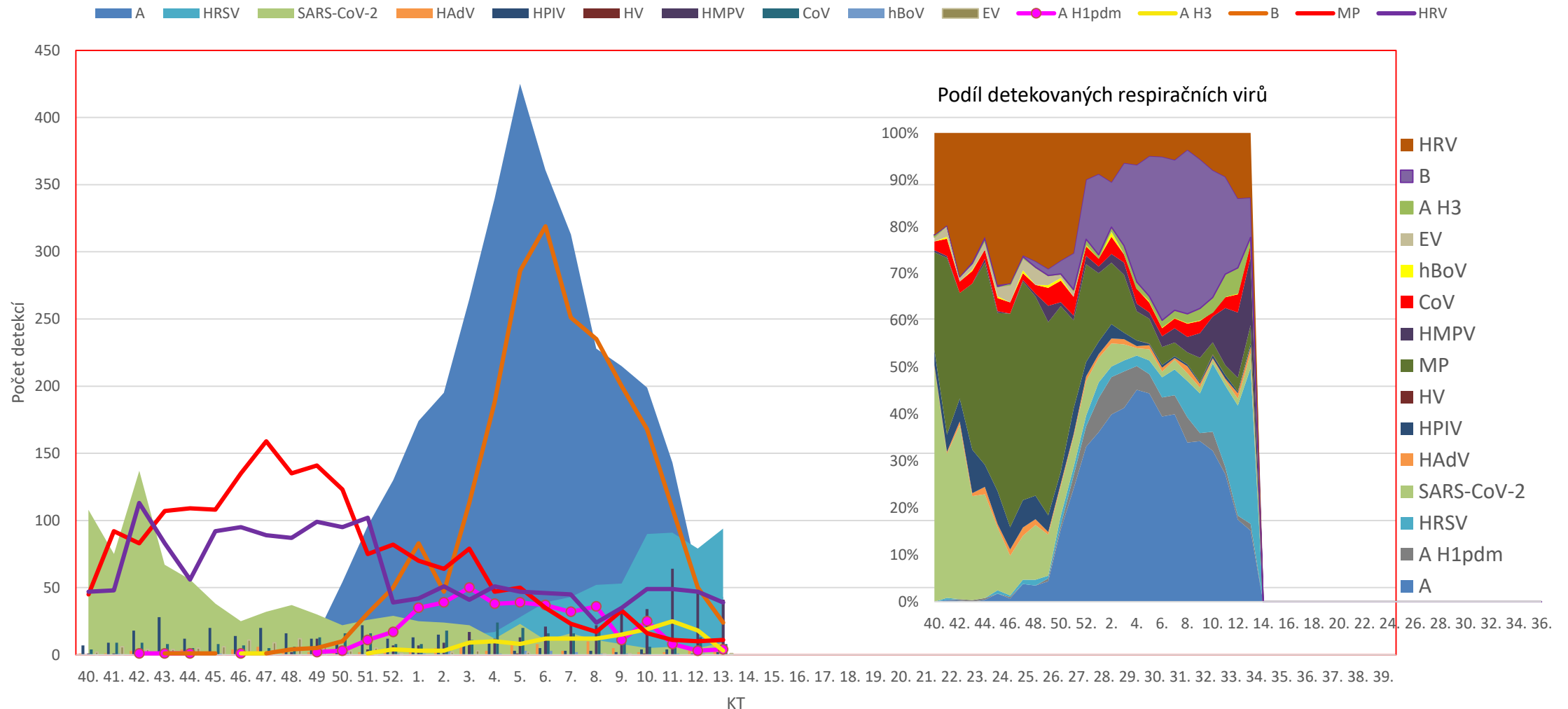
## Virologická surveillace – data za tři KT

Kalendářní týden (KT)		11.	Podíl	12.	Podíl	13.	Podíl
Detekce viru	A	143	26,0%	59	16,3%	43	14,1%
	A H <sub>1</sub> pdm	8	1,5%	3	0,8%	4	1,3%
	A H <sub>3</sub>	25	4,5%	18	5,0%	3	1,0%
	B	109	19,8%	50	13,8%	24	7,9%
	<b>HRSV</b>	91	16,5%	79	21,8%	<b>94</b>	<b>30,8%</b>
	HAdV	2	0,4%	4	1,1%	4	1,3%
	HPIV	4	0,7%	1	0,3%	2	0,7%
	HV	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
	MP	11	2,0%	10	2,8%	11	3,6%
	<b>HMPV</b>	64	11,6%	47	13,0%	41	<b>13,4%</b>
	CoV	12	2,2%	13	3,6%	8	2,6%
	<b>HRV</b>	49	8,9%	47	13,0%	39	<b>12,8%</b>
	hBoV	1	0,2%	1	0,3%	0	0,0%
	EV	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
	SARS-CoV-2	6	1,1%	5	1,4%	9	3,0%
	SM	26	4,7%	25	6,9%	22	7,2%
	pozitivní	551	25,9%	362	23,8%	305	19,4%
	negativní	1576		1162		1268	
Celkový počet vyšetření:		2127		1524		1573	

## Virologická surveillace – detekce chřipky za tři KT

Kalendářní týden (KT)		11.	Podíl	12.	Podíl	13.	Podíl
	A bez další subtypizace	176	31,9%	80	22,1%	50	16,4%
	B	109	19,8%	50	13,8%	24	7,9%
	Celkem	285	51,7%	130	35,9%	74	24,3%

## Detekce respiračních virů – kumulativní počty

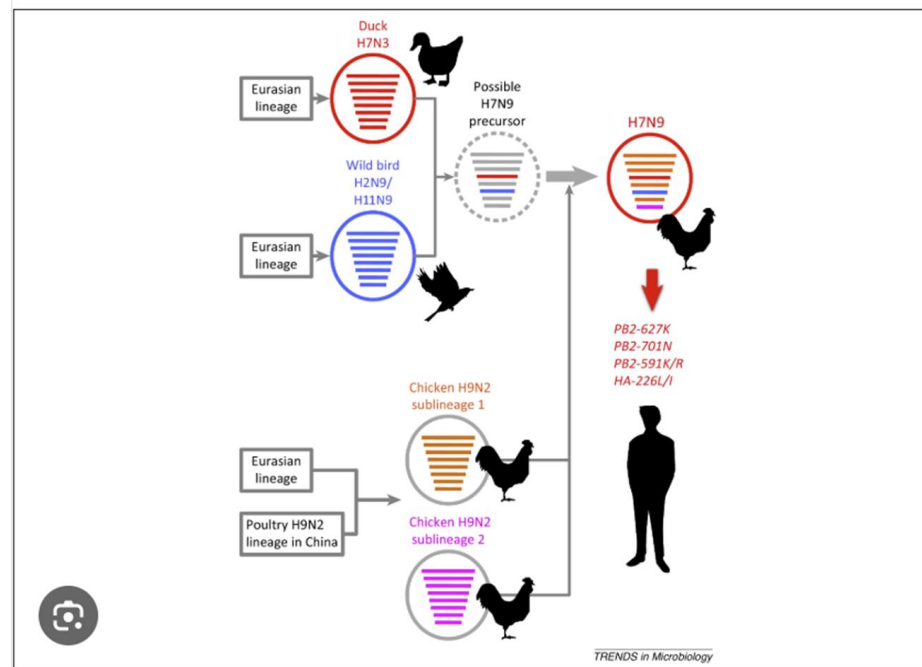
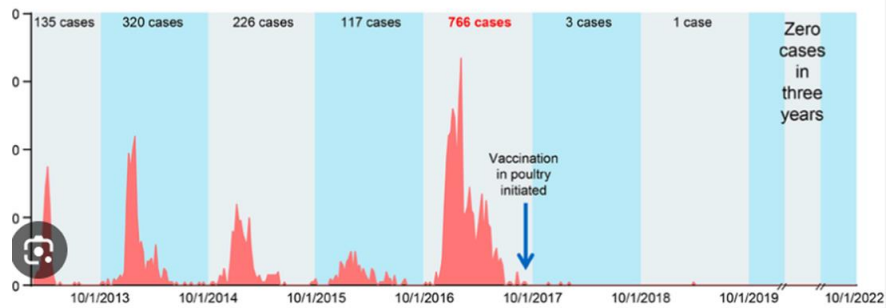
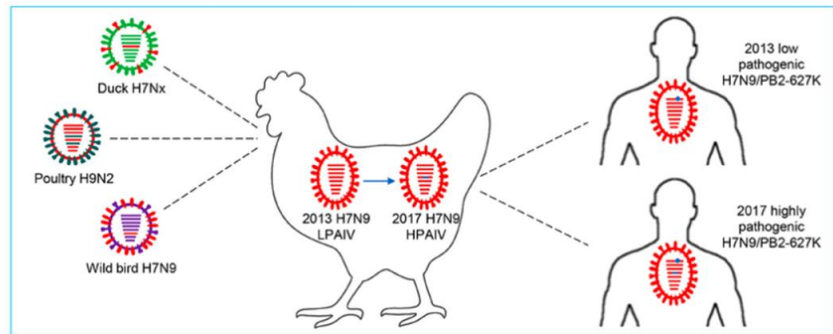


Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce



- 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 nížce 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 ve 12. KT:

- Podíl detekcí respiračních virů v surveillanci primární a sekundární péče v zemích EU/EHP ukazuje, že aktivita respiračních virů v posledních týdnech přetrvává.
- Stále je hlášena aktivita virů chřipky s klesajícím trendem, aktivita RSV je hodnocena jako střední, aktivita SARS-CoV-2 zůstává ve všech zemích na nízké úrovni.

## ARI/ILI v ČR v 13. KT 2025 (předběžná virologická data) vycházející z kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillance

- V kumulované sentinelové i nonsentinelové surveillanci dosáhl ve 13. KT podíl chřipky typu A i B jen 24,3 % všech pozitivních detekcí.
- Nejčastěji jsou aktuálně detekovány RSV (30,8 %), viry chřipky A (16,4 %), metapneumoviry (13,4 %) a rhinoviry (12,8 %).
- U pozitivních detekcí *Mycoplasma pneumoniae* pozorujeme setrvalě nízký podíl pozitivních detekcí.
- V porovnání s minulým kalendářním týdnem pozorujeme vzestupný trend pozitivních detekcí RSV, setrvalý trend zachytu metapneumovirů a rhinovirů.
- Chřipka: kumulativní data za respirační sezónu 2024-25 ukazují převažující detekce viru chřipky A (3 289 vzorků bez určení subtypu), subtyp A/H1pdm (394 vzorků) a subtyp A/H3 (158 vzorků). U 2 177 vzorků byl pozitivní záchyt chřipky typu B.
- Záchyt SARS-CoV-2 představuje na 3 % všech pozitivních detekcí.
- H5N1: v USA D.1.1 a D.1.3 - oba genotypy jsou charakteristické trvalou přítomností D701N v genu pro hemaglutinin, 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 lb: pravděpodobné ohnisko u 12 dětí z jedné školy hlásí Uganda, suspektní import hlásí Pákistán.