

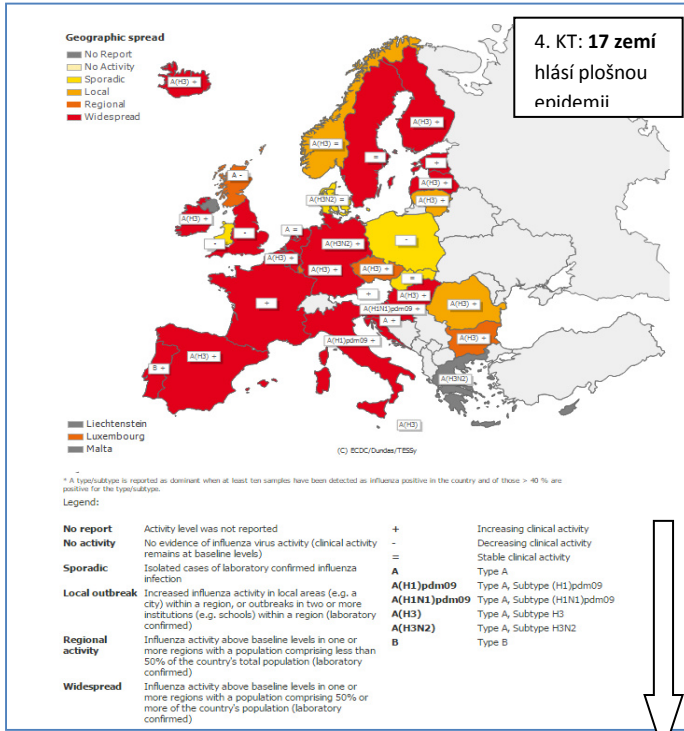
Situace v ČR:

V 6. kalendářním týdnu 2015 došlo v ČR ve srovnání s 5. kalendářním týdnem tohoto roku k nárůstu celkové nemocnosti ARI o 9% a nemocnost dosáhla na 2 020 případů na 100 000 obyvatel. K vzestupu nemocnosti došlo s výjimkou Libereckého kraje ve všech krajích ČR a situaci lze hodnotit jako probíhající plošnou epidemii. Ve skupině chřipce podobných onemocnění (ILI) je zaznamenán v 6. kalendářním týdnu v porovnání s daty za 5. kalendářní týden nejvyšší nárůst v kraji Zlínském (o 100%), v kraji Olomouckém (o 98,5%) a v kraji Plzeňském (o 80,1%). V ostatních krajích byl nárůst ILI v rozmezí od 31,3 % (kraj Moravskoslezský) do 76 % (kraj Jihomoravský). Podle zpráv Národní referenční laboratoře pro chřipku je i nadále jasně dominujícím subtypem virus chřipky A/H3N2, který představuje většinu všech chřipkových izolátů. Typ B stejně jako subtyp A/H1N1 cirkulují víceméně okrajově.

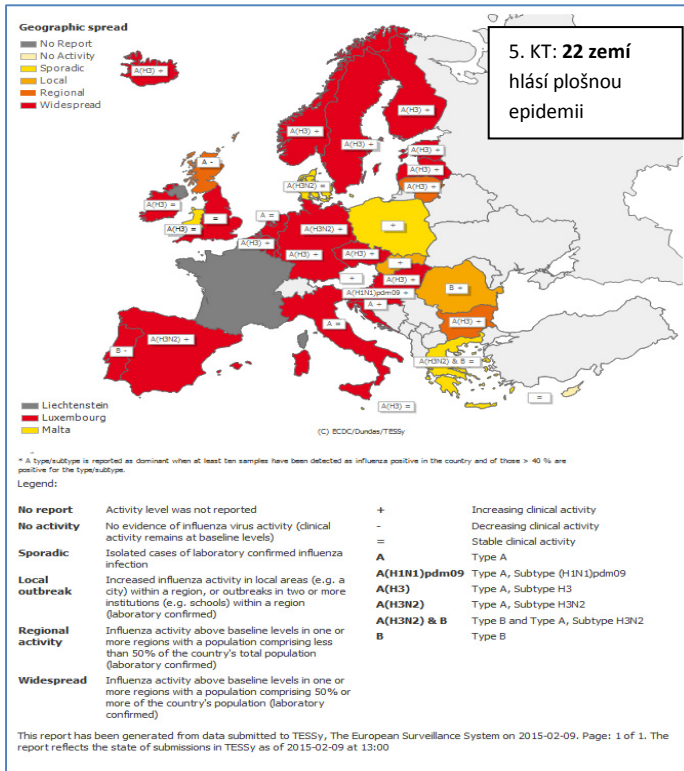
NRL pro chřipku dále zdůrazňuje, že „prasečí chřipka“ je již několik cirkulující subtyp A/H1N1_{pdm}, který v pandemické sezóně 2009/2010 vytěsnil předchozí subtyp A/H1N1. Nejedná se tedy o mimořádnou situaci. Termín „prasečí chřipka“ nemá opodstatnění, není odborně správný a neměl by se používat.

K dnešnímu dni bylo v ČR hlášeno celkem 52 klinicky závažných případů chřipky, které si vyžádaly intenzivní zdravotní péči. Z uvedeného počtu osob jsou hlášena ve 6 případech úmrtí.

Pokračující sekvenční a fylogenetická analýza molekuly H3 naznačila přítomnost další H3 subline s označením 3C.2a a referenčním kmenem A/HK/5738/14 (zdvýrazněno fialově). V současnosti lze konstatovat, že v epidemické sezóně 2013/2014 cirkulují v ČR tři jasně rozlišitelné varianty H3. První patří do již vzpomínané skupiny 3C.2a, druhá patří do větve 3C.3a s ref. sekvencí A/Switzerland/9715293/14 (vakcinační kmen pro jižní hemisféru pro rok 2015, zeleně) a třetí, kterou jsme pracovníě označili jako 3C.3b (modře). Lze předpokládat, že větve 3C.3a je minoritní a v cirkulaci převažují hlavně H3N2 viry patřící do skupiny 3C.2.a a 3C.3b



Vývoj v Evropě mezi 4. a 5. KT



hylogenetic group	Number of viruses	
A(H1N1)pdm09 A/South Africa/3626/2013 ¹	37	České izoláty:
A(H1N1)pdm09 A/Dakar/04/2014	1	
A(H1N1)pdm09 A/St. Petersburg/27/2011	4	
A(H3N2) A/Perth/16/2009	1	
A(H3N2) A/Texas/50/2012 (subgroup 3C.1) ¹	7	
A(H3N2) A/Stockholm/1/2013 (subgroup 3C.2) ²	1	
A(H3N2) A/Hong Kong/5738/2014 (subgroup 3C.2a) ²	259	8
A(H3N2) A/Samara/73/2013 (subgroup 3C.3) ¹	104	10
A(H3N2) A/Switzerland/9715293/2013 (subgroup 3C.3a) ²	45	2
B/Phuket/3073/2013 (Yamagata-lineage clade 3) ²	91	
B/Brisbane/60/2008 (Victoria lineage)	4	

¹ Genetic group containing viruses with antigenic properties similar to the 2014–2015 vaccine virus.

² Genetic group containing viruses with antigenic properties dissimilar to the 2014–2015 vaccine virus.

Převzato z www.flunewseurope.org, upraveno.

MUDr Martina Havlíčková, CSc