

INFORMACIJA APIE UŽKREČIAMŲJŲ LIGŲ SUKĖLĖJUS, SUKAUPTA UŽKREČIAMŲJŲ
LIGŲ IR JŲ SUKĖLĖJŲ VALSTYBĖS INFORMACINĖJE SISTEMOJE 2025 M.

TURINYS

ĮVADAS	2
1. INFORMACIJA APIE ŽARNYNO INFEKCIJŲ SUKĖLĖJUS	3
1.1. INFORMACIJA APIE <i>CAMPYLOBACTER SPP</i>	3
1.2. INFORMACIJA APIE <i>SALMONELLA SPP</i>	6
1.3. INFORMACIJA APIE <i>YERSINIA ENTEROCOLITICA</i>	10
1.4. INFORMACIJA APIE <i>LISTERIA MONOCYTOGENES</i>	11
1.5. INFORMACIJA APIE <i>SHIGELLA SPP</i>	11
2. INFORMACIJA APIE VAKCINOMIS VALDOMŲ LIGŲ SUKĖLĖJUS	12
2.1. INFORMACIJA APIE <i>STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE</i>	12
2.2. INFORMACIJA APIE <i>HAEMOPHILUS INFLUENZAE</i>	13
2.3. INFORMACIJA APIE <i>NEISSERIA MENINGITIDIS</i>	14
IŠVADOS	14

IVADAS

Asmens ir visuomenės sveikatos priežiūros įstaigų laboratorijose pacientams buvo atlikti bakteriologiniai, parazitologiniai, molekulinės diagnostikos (PGR) ir serologiniai tyrimai.

Informacija parengta pagal Užkrečiamųjų ligų ir jų sukėlėjų valstybės informacinėje sistemoje (toliau – ULSVIS) sukauptus pranešimus apie užkrečiamųjų ligų sukėlėjus (*Campylobacter spp.*, *Yersinia enterocolitica*, *Salmonella spp.*, *Shigella spp.*, *Listeria monocytogenes*, *Streptococcus pneumoniae*, *Neisseria meningitidis* ir *Haemophilus influenzae*), nustatytus PGR metodu arba išaugintus iš klinikinės medžiagos.

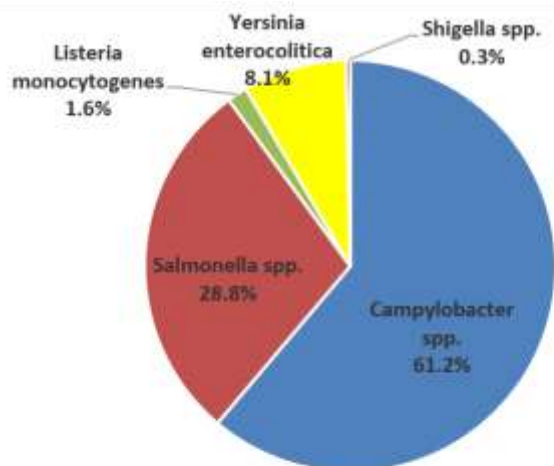
Palyginti su 2024 m., 2025 m. ULSVIS užregistruota 39,6 proc. daugiau pranešimų apie sukėlėjus (atitinkamai 1 656 ir 2 311) (1 lentelė).

1 lentelė. ULSVIS užregistruotų pranešimų apie užkrečiamųjų ligų sukėlėjus skaičius 2024–2025 m.

Eil. Nr.	Užkrečiamųjų ligų sukėlėjai	Pranešimų skaičius		
		2024 m.	2025 m.	Didėjimo (mažėj.) koeficientas proc., kart., atv. lyginant 2023 m. su 2024 m.
1.	<i>Campylobacter spp.</i>	792	1247	57,4
	iš jų:			
1.1	<i>Campylobacter jejuni</i>	652	1053	61,5
1.2	Kitos kampilobakterijos	58	115	98,3
1.3	nenustatyta rūšis	82	79	-3,7
2.	<i>Yersinia enterocolitica</i>	149	166	11,4
3.	<i>Salmonella spp.</i>	480	586	22,1
	iš jų:			
3.1	<i>Salmonella enteritidis</i>	249	412	65,5
3.2	<i>Salmonella typhimurium</i>	109	65	-40,4
3.3	<i>Salmonella infantis</i>	32	28	-12,5
3.4	<i>Salmonella paratyphi A</i>	0	1	1 atv.
3.5	<i>Salmonella paratyphi B</i>	1	1	0
3.6	<i>Salmonella typhi</i>	0	2	2 atv.
3.7	kitos salmonelės	62	49	-21
3.8	nenustatyta rūšis	27	28	3,7
4.	<i>Shigella spp.</i>	19	7	-63,2
	iš jų:			
4.1	<i>Shigella flexneri</i>	8	3	-62,5
4.2	<i>Shigella sonnei</i>	6	1	-83,3
4.3	<i>Shigella boydii</i>	0	0	0
4.4	<i>Shigella dysenteriae</i>	1	0	-1 atv.
4.5	nenustatyta rūšis	4	3	-25
5.	<i>Listeria monocytogenes</i>	26	32	23,1
6.	<i>Streptococcus pneumoniae</i> (iš kraujo, smegenų skysčio)	168	237	41,1
7.	<i>Neisseria meningitidis</i> (iš kraujo, smegenų skysčio)	12	23	91,7
8.	<i>Haemophilus influenzae</i> (iš kraujo, smegenų skysčio)	10	13	30

1. INFORMACIJA APIE ŽARNYNO INFEKCIJŲ SUKĖLĖJUS

Pranešimai apie žarnyno infekcijų sukėlėjus (*Campylobacter* spp., *L. monocytogenes*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp. ir *Y. enterocolitica*) 2025 m. sudarė 88,1 proc. visų pranešimų. Jų užregistruota 39 proc. daugiau nei 2024 m. (atitinkamai 2 038 ir 1 466).



1 pav. Pranešimų apie žarnyno infekcijų sukėlėjus pasiskirstymas 2025 m.

Nuo 2023 m. Nacionalinė visuomenės sveikatos priežiūros laboratorija (toliau – NVSPL) atlieka *Campylobacter* spp. ir *Salmonella* spp. kultūrų genotipavimą, kuris leidžia susieti pavienius susirgimo kampilobakterioze ar salmonelioze atvejus su bakterijų sukeltais protrūkiais ir nustatyti Lietuvoje cirkuliuojančius genų klasterius.

Iš klinikinių ėminių išaugintų kampilobakterijų ir salmonelių padermių genetinis ryšys ir sekų tipai nustatyti taikant daugiatislių sekų tipavimo (angl. *Multilocus Sequence Typing*, MLST) ir viso genomo sekvenavimo (angl. *Whole Genome Sequencing*, WGS) metodus. MLST apibūdina genetinę liniją pagal septynis genus ir naudojamas unikaliam sekų tipui (ST) apibrėžti. WGS metodas yra itin jautrus ir padeda identifikuoti ligų protrūkius net ir tais atvejais, kai tarp susirgimų nėra aiškaus epidemiologinio ryšio. WGS pagrįstas cgMLST (angl. *core genome MLST*) analize, kurios metu, naudojant programą „SeqSphere“, vertinama ir lyginama informacija pagal 3 002 genus, siekiant nustatyti kloninį tipą.

Remiantis Europos ligų prevencijos ir kontrolės centro (ECDC) bei Europos maisto saugos tarnybos (EFSA) rekomendacijomis ir bendrąja „Vienos sveikatos“ (angl. *One Health*) strategija, genominė stebėseną, taikant WGS metodą, kitų Europos šalių referentinėse laboratorijose yra aktyviai plečiama. Europos Sąjungos lygmeniu šis metodas privalomai diegiamas maisto kilmės protrūkių tyrimams, apimantiems ne tik salmoneles bei kampilobakterijas, bet ir kitus svarbius patogenus, tokius kaip *Listeria monocytogenes*, Šiga toksiną gaminančios *Escherichia coli* (STEC) bei *Shigella* spp.

Siekiant nustatyti geno sekas ir jų priklausomybę genų klasteriams, 2023 m. buvo atrinkta 50 kampilobakterijų ir 150 salmonelių kultūrų. 2024 m. ištirtos atitinkamai 136 ir 221, o 2025 m. – 108 ir 160 kultūrų.

1.1. INFORMACIJA APIE *CAMPYLOBACTER* SPP.

2025 m. gauti 1 247 pranešimai apie išaugintus *Campylobacter* spp. mikroorganizmus. Žarnyno infekcijų sukėlėjų grupėje pranešimai apie kampilobakterijas sudarė didžiausią dalį – 61,2 proc. (1 pav.).

2 lentelė. *Campylobacter spp.* atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Amžiaus grupės	Pranešimų apie nustatytas <i>Campylobacter spp.</i> bakterijas skaičius					
	vyrai		moterys		iš viso:	
	iš viso:	proc.	iš viso:	proc.	iš viso:	proc.
0–1 m.	158	52,5	143	47,5	301	100
2–5 m.	127	53,4	111	46,6	238	100
6–14 m.	182	61,9	112	38,1	294	100
15–17 m.	57	62	35	38	92	100
18–64 m.	144	60,5	94	39,5	238	100
65+	42	50	42	50	84	100
Iš viso	710	56,9	537	43,1	1247	100

Įvertinus pasiskirstymą amžiaus grupėse, matyti, kad daugiausia kampilobakterijų buvo nustatyta vaikams iki 1 metų amžiaus, tai sudarė 24,1 proc. (301), 6–14 m. amžiaus grupėje – 23,6 proc. (294), 2–5 m. amžiaus grupėje – 19,1 proc. (238) ir 18–64 m. amžiaus grupėje – taip pat 19,1 proc. (238) (2 lentelė).

3 lentelė. *Campylobacter spp.* pasiskirstymas pagal rūšis 2025 m.

<i>Campylobacter spp.</i>	Užregistruotų pranešimų sk.	(proc.)
<i>Campylobacter coli</i>	113	9,1
<i>Campylobacter jejuni</i>	1 053	84,4
<i>Campylobacter lari</i>	2	0,2
Nenustatyta rūšis	79	6,3
Iš viso:	1 247	100

Nustatyta bakterijų rūšis buvo nurodyta 1 168 pranešimuose, o tai sudarė 93,7 proc. visų 2025 m. užregistruotų *Campylobacter spp.* atvejų (3 lentelė). Vyravo *Campylobacter jejuni* – 84,4 proc. (1 053). ULSVIS buvo registruoti du pranešimai apie išaugintą *Campylobacter lari*. Ši rūšis Lietuvoje nustatoma retai.

4 lentelė. *Campylobacter spp.* jautrumas antimikrobiniais vaistams 2025 m.

<i>Campylobacter jejuni</i>							
Antimikrobiniai vaistai	Iš viso pranešimų	Atsparu		JDD*		Jautru	
		n	proc.	n	proc.	n	proc.
Ciprofloksacinas	1020	834	81,8	183	17,9	3	0,3
Eritromicinas	1020	1	0,1	0	0	1019	99,9
Tetraciklinas	984	574	58,3	0	0	410	41,7
Kitos kampilobakterijos							
Antimikrobiniai vaistai	Iš viso pranešimų	Atsparu		JDD*		Jautru	
		n	proc.	n	proc.	n	proc.
Ciprofloksacinas	114	102	89,4	10	8,8	2	1,78
Eritromicinas	114	2	1,8	0	0	112	98,2
Tetraciklinas	111	100	90,1	0	0	11	9,9
Nenustatyta kampilobakterijų rūšis							
Antimikrobiniai vaistai	Iš viso pranešimų	Atsparu		JDD*		Jautru	
		n	proc.	n	proc.	n	proc.
Ciprofloksacinas	1	1	100	0	0	0	0
Eritromicinas	1	0	0	0	0	1	100
Tetraciklinas	1	1	100	0	0	0	0

* JDD – jautru skiriant didesnę dozę.

Pagal ULSVIS duomenis, 2025 m. nustatyta, kad tik 91,7 proc. (1 143) iš klinikinių ėminių išaugintų kampilobakterijų buvo atliktas jautrumo antimikrobiniais vaistams tyrimas. Mikroorganizmai dažniausiai buvo atsparūs ciprofloksacinui ir tetraciklinui (4 lentelė).

Analizuojant 2023–2025 m. NVSPL tirtų *Campylobacter* spp. padermių genų sekas, nustatyti keli besitęsiantys ir nauji klasteriai. Vis dėlto tiesioginio epidemiologinio ryšio tarp susirgimo atvejų laiko ir teritorijos požiūriu nenustatyta (5 lentelė).

2023–2024 m. Lietuvoje nustatyti ir iki 2025 m. besitęsiantys *C. jejuni* klasteriai: ST464 (*c.jejuni*#ST464#2301#1), ST50 (*c.jejuni*#ST50#2311#1), ST9897 (*c.jejuni*#ST9897#2409#1), ST2229 (*c.jejuni*#ST2229#2405#1), ST6532 (*c.jejuni*#ST6532#2405#1).

5 lentelė. 2025 m. nustatyti *Campylobacter* spp. klasteriai

Bakterijų rūšis	Sekų tipas (MLST)	Klasterio kodas**	Padermių skaičius	Pasiskirstymas savivaldybėse (atvejų skaičius)
<i>C. jejuni</i>	ST464	c.jejuni#ST464#2301#1	59	Klaipėda (17), Kaunas (14), Vilnius (15), Panevėžys (12), Marijampolė (1)
	ST50	c.jejuni#ST50#2311#1	15	Kaunas (7), Vilnius (4), Klaipėda (3), Panevėžys (1)
	ST2229	c.jejuni#ST2229#2405#1	5	Kaunas (3), Panevėžys (2)
	ST6532	c.jejuni#ST6532#2405#1	4	Panevėžys (3), Klaipėda (1)
	ST9897	c.jejuni#ST9897#2409#1	14	Vilnius (7), Kaunas (3), Klaipėda (1), Panevėžys (1), Marijampolė (1), Utena (1)
	ST6175	c.jejuni#ST6175#2506#1	7	Vilnius (2), Tauragė (2), Utena (1), Alytus (1), Marijampolė (1)
	ST21	c.jejuni#ST21#2503#1	2	Kaunas (1), Marijampolė (1)
	ST3335	c.jejuni#ST3335#2507#1	3	Vilnius (2), Kaunas (1)
	ST10846	c.jejuni#ST10846#2507#1	2	Klaipėda (2)
	ST14804	c.jejuni#ST14804#2508#1	3	Vilnius (2), Kaunas (1)
	ST572	c.jejuni#ST572#2509#1	3	Vilnius (2), Kaunas (1)
	ST10846	c.jejuni#ST10846#2511#1	2	Vilnius (2)
<i>C. coli</i>	ST8195	c.coli#ST8195#2403#1	11	Vilnius (4), Kaunas (2), Panevėžys (2), Klaipėda (1), Tauragė (1), Marijampolė (1)
	ST1770	c.coli#ST1770#2509#1	2	Kaunas (1), Utena (1)

** Klasterio kodas – tai pagal susitarimą su NVSPL patvirtintas žymėjimas, kuris naudojamas tik Lietuvoje ir padeda identifikuoti atskirus genetiškai susijusius mikroorganizmus. Kodą sudaro sukėlėjo rūšis, sekų tipas, pirmo sukėlėjo išauginimo metai ir mėnuo, o paskutinis skaičius nurodo klasterio numerį.

5 lentelėje pateikti duomenys atskleidžia tiriamų padermių pasiskirstymo dėsningumus. Didžiausiu paplitimu pasižymi *C. jejuni* sekų tipas ST464 (59), kuriam būdingas ilgalaikis stabilumas ir platus geografinis paplitimas didžiosiose šalies savivaldybėse: Klaipėdoje (17), Vilniuje (15) ir Kaune (14). Vilniaus ir Kauno miestuose registruoti beveik visų identifikuotų sekų tipų atvejai, įskaitant ST50, ST9897, ST3335, ST14804 ir ST572.

2025 m. nustatyti septyni nauji *C. jejuni* klasteriai. Didžiausias iš jų – ST6175 (7), aptiktas Alytaus, Marijampolės, Tauragės, Utenos ir Vilniaus apskrityse. 2025 m. duomenys taip pat rodo didelę sukėlėjo genetinę įvairovę – nustatyti nauji, mažesnės apimties klasteriai (pvz., ST10846, ST14804, ST3335, ST21), kuriuos sudaro po 2–3 padermes.

C. coli grupėje dominuoja vienas pagrindinis 2024 m. klasteris – ST8195 (11), kurio didžiausia koncentracija nustatyta Vilniuje. Tuo tarpu 2025 m. pirmą kartą nustatytas ST1770 klasteris kol kas išlieka nedidelės apimties ir registruotas tik Kauno bei Utenos savivaldybėse.

1.2. INFORMACIJA APIE *SALMONELLA SPP.*

Žarnyno infekcijų sukėlėjų grupėje pranešimai apie salmoneles sudarė 28,8 proc. (1 pav.). 2025 m. užregistruota 22,1 proc. daugiau *Salmonella spp.* mikroorganizmų nei 2024 m. (atitinkamai 586 ir 480).

6 lentelė. *Salmonella spp.* atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Amžiaus grupės	Pranešimų apie išaugintas <i>Salmonella spp.</i> bakterijas skaičius					
	vyrai		moterys		iš viso:	
	iš viso:	proc.	iš viso:	proc.	iš viso:	proc.
0–1 m.	28	48,3	30	51,7	58	100
2–5 m.	56	44,8	69	55,2	125	100
6–14 m.	58	52,7	52	47,3	110	100
15–17 m.	12	60	8	40	20	100
18–64 m.	100	56,5	77	43,5	177	100
65+	31	32,3	65	67,7	96	100
Iš viso	285	48,7	301	51,3	586	100

Įvertinus pranešimų pasiskirstymą pagal amžiaus grupes, nustatyta, kad 2025 m. daugiausia užsikrėtimo *Salmonella spp.* atvejų registruota 18–64 m. amžiaus grupėduomenys rodo, kad 2025 m. daugiausia pranešimų gauta apie 18–64 m. amžiaus grupės asmenims nustatytus *Salmonella spp.* mikroorganizmus – 30,2 proc. (177) ir 2–5 m. amžiaus vaikų grupėje – 21,3 proc. (125) (6 lentelė).

7 lentelė. *Salmonella spp.* grupių ir serotipų pasiskirstymas 2024–2025 m.

<i>Salmonella spp.</i> grupės ir serotipai		2024 m.		<i>Salmonella spp.</i> grupės ir serotipai	2025 m.	
		Pranešimų skaičius	proc.		Pranešimų skaičius	proc.
A	–	–	–	<i>S.paratyphi A</i>	1	0,2
B	<i>S. typhimurium</i>	109	22,7	<i>S. typhimurium</i>	65	11,1
	<i>S.derby</i>	18	3,8	<i>S.derby</i>	7	1,2
	<i>S.chester</i>	1	0,2	<i>S.chester</i>	1	0,2
	<i>S.brandenburg</i>	1	0,2	<i>S.brandenburg</i>	2	0,3
	<i>S.stanleyville</i>	1	0,2	<i>S.stanleyville</i>	3	0,5
	<i>S.agona</i>	6	1,3	<i>S.indiana</i>	1	0,2
	<i>S.saintpaul</i>	3	0,6	<i>S.saintpaul</i>	1	0,2
	<i>S.coeln</i>	4	0,8	<i>S.coeln</i>	5	0,8
	<i>S.paratyphi B</i>	1	0,2	<i>S.paratyphi B</i>	1	0,2
	<i>S.agama</i>	1	0,2	<i>S.stanley</i>	2	0,3
	<i>S.eko</i>	1	0,2	<i>S.reading</i>	2	0,3
	–	–	–	<i>S.haifa</i>	1	0,2
	–	–	–	<i>S.kalamu</i>	1	0,2
	–	–	–	<i>S.tinda</i>	1	0,2
C	<i>S.infantis</i>	32	6,7	<i>S.infantis</i>	28	4,8
	<i>S.montevideo</i>	1	0,2	<i>S.newport</i>	2	0,3
	<i>S.muenchen</i>	2	0,4	<i>S.braenderup</i>	1	0,2
	<i>S.goldcoast</i>	1	0,2	<i>S.goldcoast</i>	2	0,3
	<i>S.bovismorbificans</i>	1	0,2	<i>S.muenchen</i>	1	0,2
	<i>S.thompson</i>	1	0,2	<i>S.bardo</i>	1	0,2

	<i>S.sandow</i>	1	0,2	<i>S.kentucky</i>	1	0,2
	<i>S.corvallis</i>	1	0,2	<i>S.filimore</i>	1	0,2
	<i>S.ohio</i>	1	0,2	<i>S.ohio</i>	2	0,3
	<i>S.kottbus</i>	2	0,4	<i>S.kottbus</i>	1	0,2
	<i>S.mbandaka</i>	1	0,2	<i>S.ferruch</i>	1	0,2
	<i>S.molade</i>	1	0,2	<i>S.mikawasima</i>	3	0,5
	<i>S.jerusalem</i>	1	0,2	<i>S.hartford</i>	2	0,3
	<i>S.kralingen</i>	1	0,2	<i>S.strathcona</i>	2	0,3
D	<i>S.enteritidis</i>	249	51,9	<i>S.enteritidis</i>	412	70,3
	–			<i>S.goettingen</i>	1	0,2
	–	–	–	<i>S.typhi</i>	2	0,3
Kt. gr.	<i>S. nchanga</i>	1	0,2	<i>S.westhampton</i>	1	0,2
	<i>S.poona</i>	2	0,4	–	–	–
	<i>S.worthington</i>	1	0,2	–	–	–
	<i>S.martonos</i>	1	0,2	–	–	–
	<i>S.tucson</i>	1	0,2	–	–	–
	<i>S.bahati</i>	1	0,2	–	–	–
	<i>S.bristol</i>	1	0,2	–	–	–
	<i>S.leeuwarden</i>	1	0,2	–	–	–
	<i>S.luckenwalde</i>	1	0,2	–	–	–
	G gr.	1	0,2	–	–	–
Nenustatyta grupė		27	5,7	Nenustatyta grupė	28	4,8
Iš viso		480	100	Iš viso	586	100

Tarp visų užregistruotų salmonelių vyravo D ir B grupės bakterijos. 2025 m. *Salmonella enteritidis* (D grupė) sudarė 70,3 proc. (412). B grupėje dažniausiai buvo išskiriama *Salmonella typhimurium*, o C grupėje – *Salmonella infantis* (7 lentelė).

Kasmet ULSVIS gaunama pranešimų apie naujus Lietuvoje registruojamus salmonelių serotipus. 2025 m. pirmą kartą užregistruoti šie salmonelių serotipai: B grupės – *Salmonella tinda*; C grupės – *Salmonella hartford* ir *Salmonella strathcona*, D grupės – *Salmonella goettingen*.

8 lentelė. *S. enteritidis* jautrumo antimikrobiniais vaistams pasiskirstymas 2025 m.

Antimikrobiniai vaistai	Pranešimų apie nustatytą <i>S. enteritidis</i> jautrumą antimikrobiniais vaistams skaičius						
	Iš viso:	Atsparu		JDD*		Jautru	
		n	proc.	n	proc.	n	proc.
Ampicilinas	412	6	1,5	0	0	406	98,5
Cefotaksimas	409	0	0	0	0	409	100
Ceftazidimas	409	0	0	0	0	409	100
Chloramfenikolis	410	0	0	0	0	410	100
Ciprofloksacinas	411	97	23,6	0	0	314	76,4
Gentamicinas	410	1	0,2	0	0	409	99,8
Meropenemas	410	0	0	0	0	410	100
Trimetoprimas/ sulfometaksazolis	412	1	0,2	0	0	411	99,8
Trimetoprimas	408	1	0,2	0	0	407	99,8

* JDD – jautru skiriant didesnę dozę.

Europoje dažniausiai išskiriamos *S. enteritidis* padermės nepasižymi atsparumu antibiotikams. 2025 m. Lietuvoje išskirtos *S. enteritidis* padermės daugiausia buvo atsparios ciprofloksacinui, mažiau

– ampicilinui. Visos tirtos salmonelės buvo jautrios cefotaksimui, ceftazidimui, chloramfenikoliui ir meropenemui (8 lentelė).

Pagal ULSVIS duomenis, 2025 m. užregistruoti 65 pranešimai apie *Salmonella typhimurium*, iš jų 45 pranešimai apie monofazinę *S. typhimurium* (1,4,[5],12:i:-).

S. typhimurium padermės buvo atsparios ampicilinui, cefotaksimui, ceftazidimui, chloramfenikoliui, ciprofloksacinui, gentamicinui, trimetoprimui, trimetoprimui / sulfametoksazoliui. Salmonelės buvo jautrios tik meropenemui (9 lentelė).

9 lentelė. *S. typhimurium* jautrumo antimikrobiniais vaistams pasiskirstymas 2025 m.

Antimikrobiniai vaistai	Pranešimų apie nustatytą <i>S. typhimurium</i> jautrumą antimikrobiniais vaistams skaičius						
	Iš viso:	Atsparu		JDD*		Jautru	
		n	proc.	n	proc.	n	proc.
Ampicilinas	65	49	75,4	0	0	16	24,6
Cefotaksimas	65	1	1,5	0	0	64	98,5
Ceftazidimas	64	1	1,6	0	0	63	98,4
Chloramfenikolis	65	8	12,3	0	0	57	87,7
Ciprofloksacinas	65	8	12,3	0	0	57	87,7
Gentamicinas	64	5	7,8	0	0	59	92,2
Meropenemas	65	0	0	0	0	65	100
Trimetoprimas/ sulfametaksazolis	65	3	4,6	0	0	62	95,4
Trimetoprimas	64	3	4,7	0	0	61	95,3

* JDD – jautru skiriant didesnę dozę.

2025 m. sausio mėn. trejų metų berniukui buvo išskirta *Salmonella paratyphi B* padermė, jautri visiems tirtiems antimikrobiniais vaistams. Šis serotipas Lietuvoje registruojamas beveik kasmet. ULSVIS duomenimis, 2023 m. buvo registruoti 2 atvejai, o 2024 m. – 1 atvejis.

2025 m. gruodžio mėn. gautas pranešimas apie 35 metų vyrą, kuriam iš išmatų buvo išauginta *Salmonella paratyphi A* padermė, atspari ciprofloksacinui. Ši salmonelė Lietuvoje nustatoma retai – po vieną atvejį buvo registruota 2008 m., 2011 m., 2018 m. ir 2023 m.

Taip pat 2025 m. rugpjūčio ir gruodžio mėn. dvi *Salmonella typhi* padermės buvo išskirtos 35 ir 63 metų vyrams. Viena jų buvo atspari ampicilinui ir ciprofloksacinui, kita – tik ciprofloksacinui.

Analizuojant 2023–2025 m. NVSPL tirtų *Salmonella spp.* padermių genų sekas, nustatyti besitęsiantys ir nauji klasteriai. Tyrimo metu identifikuota 17 skirtingų *S. enteritidis* (ST11) klasterių (10 lentelė). Tai rodo, kad nors serotipas ir sekų tipas išlieka tie patys, šalyje cirkuliuoja daug genetiškai besiskiriančių šios bakterijos atšakų. Duomenys rodo nuolatinį naujų klasterių atsiradimą: nuo 2023 m. registruoti 7 besitęsiantys *S. enteritidis* (ST11) klasteriai, 2024 m. nustatyti 5 nauji klasteriai, o 2025 m. – dar 5 nauji klasteriai.

2023–2025 m. besitėsiantį *S. enteritidis* ST11 klasterį (s.enteritidis#ST11#2305#1) sudarė 95 ligos atvejai, registruoti devyniose šalies savivaldybėse. Didžiausias šio klasterio aktyvumas 2025 m. užfiksuotas Vilniuje (21) ir Klaipėdoje (19).

2025 m. NVSPL ir Nacionalinis maisto ir veterinarijos rizikos vertinimo institutas (toliau – NMVRVI) palygino savo laboratorijose nustatytas *S. enteritidis* ST11 mėginių sekas. NMVRVI ištyrus vištų kiaušinius ir atlikus genetinę analizę, nustatyta, kad iš šio maisto produkto išskirtos kultūros sutapo su klinikinių ėminių izoliatais ir priklausė tam pačiam ilgalaikiam klasteriui – s.enteritidis#ST11#2305#1. Šis klasteris 2025 m. rugpjūčio–rugsėjo mėn. sukėlė šešis protrūkius Klaipėdos ir Vilniaus regionuose.

10 lentelė. 2025 m. nustatyti *S. enteritidis* klasteriai

WGS serotipas	Sekų tipas (MLST)	Klasterio kodas**	Padermių skaičius	Pasiskirstymas savivaldybėse (atvejų skaičius)
<i>S. enteritidis</i>	ST11	s.enteritidis#ST11#2305#1	58	Vilnius (21), Klaipėda (19), Panevėžys (5), Kaunas (4), Šiauliai (4), Alytus (2), Tauragė (1), Utena (1), Marijampolė (1)
		s.enteritidis#ST11#2305#4	1	Telšiai (1)
		s.enteritidis#ST11#2308#1	5	Vilnius (4), Klaipėda (1)
		s.enteritidis#ST11#2308#4	2	Kaunas (1), Šiauliai (1)
		s.enteritidis#ST11#2308#5	1	Vilnius (1)
		s.enteritidis#ST11#2308#6	1	Vilnius (1)
		s.enteritidis#ST11#2309#1	2	Vilnius (1), Kaunas (1)
		s.enteritidis#ST11#2402#1	3	Kaunas (3)
		s.enteritidis#ST11#2406#2	2	Kaunas (2)
		s.enteritidis#ST11#2407#1	1	Vilnius (1)
		s.enteritidis#ST11#2411#1	1	Vilnius (1)
		s.enteritidis#ST11#2411#2	2	Klaipėda (1), Kaunas (1)
		s.enteritidis#ST11#2502#1	2	Kaunas (2)
		s.enteritidis#ST11#2505#1	4	Vilnius (2), Kaunas (1), Klaipėda (1)
		s.enteritidis#ST11#2506#1	1	Vilnius (1)
		s.enteritidis#ST11#2510#1	2	Vilnius (2)
		s.enteritidis#ST11#2511#1	2	Vilnius (2)

** Klasterio kodas – tai pagal susitarimą su NVSPL patvirtintas žymėjimas, kuris naudojamas tik Lietuvoje ir padeda identifikuoti atskirus genetiškai susijusius mikroorganizmus. Kodą sudaro sukėlėjo rūšis, sekų tipas, pirmo sukėlėjo išauginimo metai ir mėnuo, o paskutinis skaičius nurodo klasterio numerį.

Vertinant 2025 m. NVSPL tirtų *S. typhimurium* padermių genų sekas, taip pat nustatyti nuo 2024 m. besitęsiantys ir nauji klasteriai (11 lentelė). Didesnė įvairovė klasterių nustatyta tarp monofazinės *S. typhimurium* padermių.

11 lentelė. 2025 m. nustatyti *S. typhimurium* klasteriai

WGS serotipas	Sekų tipas (MLST)	Klasterio kodas**	Padermių skaičius	Pasiskirstymas savivaldybėse (atvejų skaičius)
<i>S. typhimurium</i>	ST19	s.typhimurium#ST19#2403#1	2	Vilnius (2)
<i>S. typhimurium</i> (monofazinė)	ST34	s.typhimurium_mono#ST34#2301#1	1	Klaipėda (1)
		s.typhimurium_mono#ST34#2304#1	5	Vilnius (2), Tauragė (2), Marijampolė (1)
		s.typhimurium_mono#ST34#2411#1	1	Kaunas (1)
		s.typhimurium_mono#ST34#2501#1	3	Kaunas (3)
		s.typhimurium_mono#ST34#2503#1	1	Kaunas (1)

** Klasterio kodas – tai pagal susitarimą su NVSPL patvirtintas žymėjimas, kuris naudojamas tik Lietuvoje ir padeda identifikuoti atskirus genetiškai susijusius mikroorganizmus. Kodą sudaro sukėlėjo rūšis, sekų tipas, pirmo sukėlėjo išauginimo metai ir mėnuo, o paskutinis skaičius nurodo klasterio numerį.

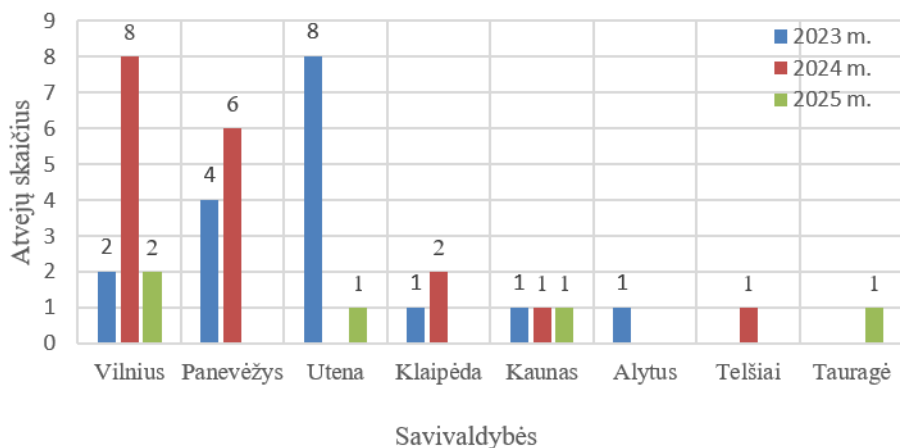
2025 m. buvo tiriamos ir Lietuvoje rečiau registruojamų salmonelių geno sekos, siekiant nustatyti Europoje plintančius genetinius variantus (12 lentelė).

12 lentelė. 2025 m. nustatyti *Salmonella* spp. klasteriai

WGS serotipas	Sekų tipas (MLST)	Klasterio kodas**	Padermių skaičius	Pasiskirstymas savivaldybėse (atvejų skaičius)
<i>S. derby</i>	ST40	s.derby#ST40#2407#1	1	Vilnius (1)
	ST682	s.derby#ST682#2307#1	2	Kaunas (1), Vilnius (1)
<i>S. coeln</i>	ST1095	s.coeln#ST1095#2410#1	1	Vilnius (1)
<i>S. goettingen</i>	ST20	s.goettingen#ST20#2510#1	1	Vilnius (1)
<i>S. infantis</i>	ST32	s.infantis#ST32#2301#1	5	Kaunas (1), Vilnius (2), Utena (1), Tauragė (1)
		s.infantis#ST32#2507#1	3	Panevėžys (1), Šiauliai (1), Vilnius (1)
<i>S. mikawasima</i>	ST1815	s.mikawasima#ST1815#2502#1	2	Vilnius (2)

** Klasterio kodas – tai pagal susitarimą su NVSPL patvirtintas žymėjimas, kuris naudojamas tik Lietuvoje ir padeda identifikuoti atskirus genetiškai susijusius mikroorganizmus. Kodą sudaro sukėlėjo rūšis, sekų tipas, pirmo sukėlėjo išauginimo metai ir mėnuo, o paskutinis skaičius nurodo klasterio numerį.

Lietuvoje nuo 2023 m. registruojamas tas pats *S. infantis* klasteris – s.infantis#ST32#2301#1 (39). Didžiausias bendras *S. infantis* sukeltų ligos atvejų skaičius registruotas Vilniaus ir Panevėžio savivaldybėse. Vilniuje matomas nuoseklus šios padermės cirkuliavimas. Nors 2023 m. Utenos savivaldybėje buvo registruotas vietinis protrūkis, tiesioginio epidemiologinio ryšio tarp susirgimo atvejų laiko ir teritoriniu požiūriu nenustatyta. Alytaus (2023 m.), Telšių (2024 m.) ir Tauragės (2025 m.) savivaldybėse registruoti tik pavieniai, laike izoliuoti susirgimo atvejai (2 pav.).



2 pav. *S. infantis* ST32 klasterio (s.infantis#ST32#2301#1) atvejų pasiskirstymas pagal savivaldybes 2023-2025 m.

Absoliuti dauguma *S. infantis* sukeltų susirgimų (30 iš 39 atvejų, arba 77 proc.) registruota šiltuoju metų laiku – nuo birželio iki rugsėjo mėnesio.

1.3. INFORMACIJA APIE *YERSINIA ENTEROCOLITICA*

Pagal ULSVIS duomenis, *Yersinia enterocolitica* sukėlėjai žarnyno infekcijų sukėlėjų grupėje sudarė 8,1 proc. visų pranešimų. 2025 m. apie nustatytas jersinijas užregistruota 11,4 proc. daugiau pranešimų nei 2024 m. (atitinkamai 166 ir 149). Tarp visų tipuotų *Y. enterocolitica* padermių vyravo O3 serologinio tipo sukėlėjai (13 lentelė).

Y. enterocolitica 1A biotipo padermės laikomos nepatogeniškoms; tačiau kai kurie šio biotipo izoliatai siejami su virškinamojo trakto ligomis, kurių simptomai nesiskiria nuo patogeninių biotipų sukeltų ligų simptomų.

13 lentelė. *Y. enterocolitica* serotipų ir biotipų pasiskirstymas 2025 m.

Iš viso gautų pranešimų apie išaugintas <i>Y. enterocolitica</i>	Pranešimų apie tipuotą <i>Y. enterocolitica</i> skaičius	Iš jų nustatyti serotipai ir biotipai			
		O3	O3, 4	O9	1A
166	141	24	87	1	29

Remiantis 2025 m. gautais pranešimais, dėl *Y. enterocolitica* buvo tirti 166 asmenys. Dažniausiai jersinijos buvo nustatytos 18–64 m. amžiaus grupės suaugusiesiems – 30,7 proc. (51), vaikams iki 1 metų amžiaus – 24,1 proc. (40) ir 2–5 m. amžiaus vaikams – 17,5 proc. (29) (14 lentelė).

14 lentelė. *Y. enterocolitica* atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Pranešimų apie išaugintas <i>Y. enterocolitica</i> skaičius	Amžiaus grupės											
	0–1 m.		2–5 m.		6–14 m.		15–17 m.		18–64 m.		65+	
	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris
166	22	18	13	16	17	10	7	1	22	29	4	7

1.4. INFORMACIJA APIE *LISTERIA MONOCYTOGENES*

2025 m. ULSVIS užregistruoti 32 pranešimai apie *Listeria monocytogenes*. Serotipai buvo nustatyti 37,5 proc. listerijų izoliatų (15 lentelė).

15 lentelė. *L. monocytogenes* serotipų pasiskirstymas 2025 m.

Iš viso gautų pranešimų apie išaugintas <i>L. monocytogenes</i>	Pranešimų apie tipuotą <i>L. monocytogenes</i> skaičius	Iš jų nustatyti serotipai			
		1/2a	1/2b	1/2c	4b
32	12	10	3	1	8

Žarnyno infekcijų sukėlėjų grupėje listerijos sudarė 1,6 proc. visų užregistruotų pranešimų. Didžioji dalis pranešimų (96,9 proc.) buvo apie listerijas, nustatytas suaugusiems asmenims. Iš jų 28,1 proc. (9) listerijų išauginta 18–64 m. amžiaus grupės asmenims ir 68,8 proc. (22) – 65 m. ir vyresniems asmenims. Vienas pranešimas gautas apie kūdikiui nustatytą *L. monocytogenes*. Listerijos buvo išskirtos iš šių klinikinių ėminių: kraujo (24), smegenų skysčio (6), sąnario skysčio (1) ir trachėjos skysčio (1).

Palyginti su 2024 m., 2025 m. pranešimų apie listerijas užregistruota 23,1 proc. daugiau (atitinkamai 32 ir 26).

1.5. INFORMACIJA APIE *SHIGELLA SPP.*

Remiantis ULSVIS duomenimis, nuo 2004 m. pranešimų apie išaugintus *Shigella spp.* mikroorganizmus registruojama mažai. Pastaraisiais metais šigelės sudaro labai nedidelę žarnyno infekcijų sukėlėjų grupės dalį. 2025 m. *Shigella spp.* teko 0,3 proc. visų atvejų (*Shigella flexneri* – 3 atvejai, *Shigella sonnei* – 1 atvejis ir nenustatytos rūšies – 3 atvejai). Nustatyti *Sh. flexneri* bakterijų serotipai: 3a (1), 3b (1) ir X (1).

2. INFORMACIJA APIE VAKCINOMIS VALDOMŲ LIGŲ SUKĖLĖJUS

Imunoprofilaktinį darbą organizuojantiems ir koordinuojantiems gydytojams epidemiologams ir visuomenės sveikatos specialistams labai svarbu turėti tikslūs duomenis apie vakcinomis valdomų infekcijų sukėlėjų serogrupes, serotipus ir genotipinę įvairovę. Ši informacija leidžia ne tik stebėti epidemiologines tendencijas realiuoju laiku, bet ir sistemiškai vertinti vykdomų nacionalinių imunizacijos programų efektyvumą. Nuolatinė cirkuliuojančių padermių stebėsena padeda laiku nustatyti sukėlėjų genetinius pokyčius, evoliucijos tendencijas ir vakcininių padermių pakeitimą naujais variantais. Tai sudaro pagrindą priimti strategiškai pagrįstus sprendimus dėl skiepavimo kalendoriaus atnaujinimo ir tikslinių prevencijos priemonių taikymo rizikos grupėse.

2025 m. ULSVIS užregistruoti šie vakcinomis valdomų infekcijų sukėlėjai, nustatyti klinikiniuose ėminiuose (smegenų skystyje ir / ar kraujyje): *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae* ir *Neisseria meningitidis*.

2.1. INFORMACIJA APIE *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE*

2025 m. ULSVIS užregistruoti 237 pranešimai apie *S. pneumoniae* sukėlėjus, iš kurių 193 izoliatai buvo tipuoti, tai sudarė 81,4 proc. Vyravo įvairūs serotipai, tačiau dažniausiai nustatyti 3, 19A, 4, 6C, 8 ir 22F serotipų sukėlėjai (16 lentelė). 2025 m. ULSVIS pirmą kartą užregistruotas *S. pneumoniae* 24F serotipo atvejis.

16 lentelė. *S. pneumoniae* serotipų pasiskirstymas 2025 m.

Pranešimų apie tipuotą <i>S. pneumoniae</i> skaičius	Iš jų nustatyti serotipai														
	3	4	6A	6B	6C	7F	8	9N	9V	10A	11A	14	15A	15B	15C
193	56	18	2	2	13	1	10	8	1	1	4	6	5	1	1
	17A	17F	18C	19A	22F	23A	23B	23F	24F	31	33F	35B	35F	38	N***
	1	1	1	31	10	2	3	2	1	1	1	3	1	3	3

*** N – kultūra nesitipuoja

Įvertinus pasiskirstymą amžiaus grupėse, matyti, kad daugiausia pranešimų gauta apie *S. pneumoniae* sukėlėjus, nustatytus 18–64 m. amžiaus grupės asmenims – 56,1 proc. (133) ir 65 m. bei vyresniems asmenims – 40,1 proc. (95) (17 lentelė).

17 lentelė. *S. pneumoniae* atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Pranešimų apie <i>S. pneumoniae</i> skaičius	Amžiaus grupės												
	0–1 m.		2–5 m.		6–14 m.		15–17 m.		18–64 m.			65+	
	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	Lytis nežinoma	moteris	vyras
237	0	1	3	3	1	0	0	1	62	32	1	65	68

S. pneumoniae nustatyti iš šių klinikinių ėminių: kraujo – 94,1 proc. (223) ir smegenų skysčio – 5,9 proc. (14).

2025 m. užregistruota 41,1 proc. daugiau užsikrėtimo streptokokais atvejų nei 2024 m. (atitinkamai 237 ir 168).



3 pav. *S. pneumoniae* serotipų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Tyrimo duomenys rodo, kad didžiausias invazinių pneumokokinių infekcijų dažnis nustatytas vyresnio amžiaus asmenims (3 pav.). 3 serotipas (56) ir 19A serotipas (31) buvo dažniausi visoje imtyje, o dauguma šių atvejų registruoti būtent 65 metų ir vyresnių asmenų grupėje (atitinkamai 29 ir 17 atvejų). Tai gali rodyti didesnę šių serotipų reikšmę vyresnio amžiaus asmenų sergamumui invazinėmis pneumokokinėmis infekcijomis. 65 metų ir vyresnių asmenų grupė pasižymėjo didžiausia serotipų įvairove ir gausa. Kai kurie serotipai, pavyzdžiui, 6B, 9V, 15B, 15C, 17F, 23A, 23F, 31 ir 33F, nustatyti tik šioje amžiaus grupėje. Tarp 18–64 m. amžiaus grupės asmenų taip pat dažniausiai nustatyti 3, 19A ir 4 serotipai. Tik šioje grupėje aptikti reti 7F, 10A, 17A, 18C ir 35F serotipai. Kadangi dominuojantys serotipai (3, 4, 19A, 8 ir 22F) yra įtraukti į šiuolaikines konjuguotąsias pneumokokines vakcinas, šių serotipų paplitimas suaugusiųjų, ypač vyresnių nei 65 metų, grupėse pagrindžia tikslios imunizacijos svarbą siekiant sumažinti invazinių pneumokokinių infekcijų našta.

0–17 m. amžiaus grupėje užregistruoti tik pavieniai pneumokokų atvejai. Vaikams nustatyti tik 3 (2), 8 (2) ir 24F (1) serotipai bei vienas nesitipuojantis izoliatas. 24F serotipas unikalus tuo, kad visoje tiriamojoje imtyje buvo aptiktas tik vaikų grupėje. Mažas vaikų (0–17 m.) ėminių skaičius bendroje imtyje gali būti siejamas su sėkmingai vykdoma vaikų profilaktinių skiepimų programa.

2.2. INFORMACIJA APIE *HAEMOPHILUS INFLUENZAE*

2025 m. ULSVIS užregistruota 13 pranešimų apie *Haemophilus influenzae* bakterijas, nustatytas kraujo ir/ar smegenų skysčio ėminiuose. Šių mikroorganizmų ULSVIS registruojama nedaug.

18 lentelė. *H. influenzae* atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Pranešimų apie <i>H. influenzae</i> skaičius	Amžiaus grupės											
	0–1 m.		2–5 m.		6–14 m.		15–17 m.		18–64 m.		65+	
	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris
13	2	0	0	0	0	0	0	0	4	1	5	1

Įvertinus pasiskirstymą amžiaus grupėse, matyti, kad daugiausia pranešimų gauta apie *H. influenzae* sukėlėjus, nustatytus vyresniems nei 18 metų asmenims (18 lentelė).

H. influenzae buvo išauginta arba nustatyta šiuose klinikiniuose ėminiuose: kraujyje (pasėlio metodu) – 10 atvejų, o nukleino rūgščių amplifikacijos metodu smegenų skystyje nustatyti 3 atvejai. Iš visų užregistruotų *H. influenzae* atvejų, nustatytų kraujo ėminiuose, identifikuoti du serotipai – f ir e, o penkiais atvejais aptikta ompP2 geno DNR.

2.3. INFORMACIJA APIE *NEISSERIA MENINGITIDIS*

2025 m. užregistruoti 23 asmenys, kuriems *Neisseria meningitidis* sukėlėjai nustatyti smegenų skysčio ir / ar kraujo ėminiuose. Atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes pateiktas 19 lentelėje. 60,9 proc. (14) *N. meningitidis* nustatyta kraujo ėminiuose, 17,4 proc. (4) – smegenų skysčio ėminiuose, o 21,7 proc. (5) meningokokas nustatytas tiek kraujo, tiek smegenų skysčio ėminiuose.

Iš visų 2025 m. gautų pranešimų apie *N. meningitidis* 13 atvejų buvo nustatyta B serogrupė, po vieną atvejį – A ir C serogrupės. Likę 34,8 proc. *N. meningitidis* sukėlėjų buvo netipuoti. A ir C serogrupės Lietuvoje nustatomos retai.

Meningokoko A serogrupė anksčiau buvo registruota tik 2017 m. ir 2019 m. (po vieną atvejį). C serogrupė 2005–2019 m. laikotarpiu (išskyrus 2010 m.) buvo registruojama po du ar tris atvejus kasmet, o paskutinį kartą vienas šios serogrupės atvejis užregistruotas 2023 m.

19 lentelė. *N. meningitidis* atvejų pasiskirstymas pagal amžiaus grupes 2025 m.

Pranešimų apie išaugintas <i>N. meningitidis</i> skaičius	Amžiaus grupės											
	0–1 m.		2–5 m.		6–14 m.		15–17 m.		18–64 m.		65+	
	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris	vyras	moteris
23	1	0	2	0	2	4	0	0	8	3	0	3

IŠVADOS

1. 2025 m., kaip ir ankstesniais metais, žarnyno infekcijų sukėlėjai (*Campylobacter spp.*, *L. monocytogenes*, *Salmonella spp.*, *Shigella spp.*, *Y. enterocolitica*) sudarė didžiausią visų užregistruotų pranešimų apie išaugintus užkrečiamųjų ligų sukėlėjus dalį. Palyginti su 2024 m., pranešimų apie žarnyno infekcijų sukėlėjus užregistruota 39 proc. daugiau.

2. 2025 m. *Campylobacter spp.* buvo dažniausiai nustatomi žarnyno infekcijų sukėlėjai, sudarę 61,2 proc. visų pranešimų, o tarp jų dominavo *C. jejuni*. Daugiausia *Campylobacter spp.* nustatyta vaikams iki 1 metų ir 6–14 metų amžiaus grupėse. Genominė stebėseną atskleidė tiek besitęsiančius, tiek naujus *Campylobacter* klasterius, o didelis atsparumas ciprofloksacinui ir tetraciklinui pabrėžia nuolatinės molekulinės ir antimikrobinio atsparumo stebėsenos svarbą.

3. 2025 m. *Salmonella spp.* sudarė 28,8 proc. visų žarnyno infekcijų sukėlėjų, o jų skaičius, palyginti su 2024 m., padidėjo 22,1 proc. Tarp visų salmonelių dominavo *S. enteritidis*, sudariusi 70,3 proc. visų atvejų. Genominė stebėseną atskleidė didelę *Salmonella spp.* genetinę įvairovę – nustatyti tiek besitęsiantys, tiek nauji *S. enteritidis* ir *S. typhimurium* klasteriai. Ilgalaikis *S. enteritidis* ST11 klasteris buvo susijęs su keliais protrūkiais, o jo genetinis ryšys nustatytas tarp klinikinių ir maisto mėginių. Nors dauguma *S. enteritidis* padermių išliko jautrios svarbiems antimikrobiniais vaistams, nustatytas atsparumas ciprofloksacinui ir kai kuriems kitiems antibiotikams rodo būtinybę tęsti antimikrobinio atsparumo ir genominių klasterių stebėseną.

4. 2025 m. *Y. enterocolitica* sudarė 8,1 proc. visų užregistruotų žarnyno infekcijų sukėlėjų, o pranešimų apie nustatytas jersinijas skaičius, palyginti su 2024 m., padidėjo 11,4 proc. Tarp tipuotų

Y. enterocolitica padermių dominavo O3 serologinio tipo sukėlėjai, išlikę dažniausiai nustatomu šios rūšies variantu.

5. 2025 m. *L. monocytogenes* sudarė nedidelę dalį visų žarnyno infekcijų sukėlėjų. Daugiausia atvejų nustatyta 65 metų ir vyresniems asmenims, todėl ši amžiaus grupė išlieka svarbiausia listeriozės epidemiologinėje priežiūroje.

6. 2025 m. ULSVIS užregistruoti 237 *Streptococcus pneumoniae* atvejai – 41,1 proc. daugiau nei 2024 m. Daugiausia atvejų nustatyta 18–64 m. ir 65 m. bei vyresnių asmenų grupėse. Tarp tipuotų *S. pneumoniae* izoliatų dažniausiai nustatyti 3, 19A, 4, 6C, 8 ir 22F serotipai. Vyraujantys *S. pneumoniae* serotipai yra įtraukti į šiuolaikines konjuguotąsias pneumokokines vakcinas, todėl serotipų stebėseną išlieka svarbi vertinant vakcinacijos programų veiksmingumą ir planuojant prevencines priemones rizikos grupėse.

7. 2025 m. *Haemophilus influenzae* atvejai buvo reti ir dažniausiai nustatyti suaugusiems, todėl šio sukėlėjo epidemiologinė stebėseną išlieka svarbi vertinant serotipų kaitą ir ligos paplitimą.

8. 2025 m. tarp tipuotų *Neisseria meningitidis* sukėlėjų dominavo B serogrupė, o A ir C serogrupių atvejai išliko reti. Nustatyti pavieniai retų serogrupių atvejai pabrėžia nuolatinės meningokokų serogrupių stebėsenos svarbą vertinant epidemiologinę situaciją ir imunoprofilaktikos poreikį.