

Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 6/10/2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

RNDr. Helena Jiřincová, Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., Mgr. Lenka Knapová, MUDr. Radomíra Limberková

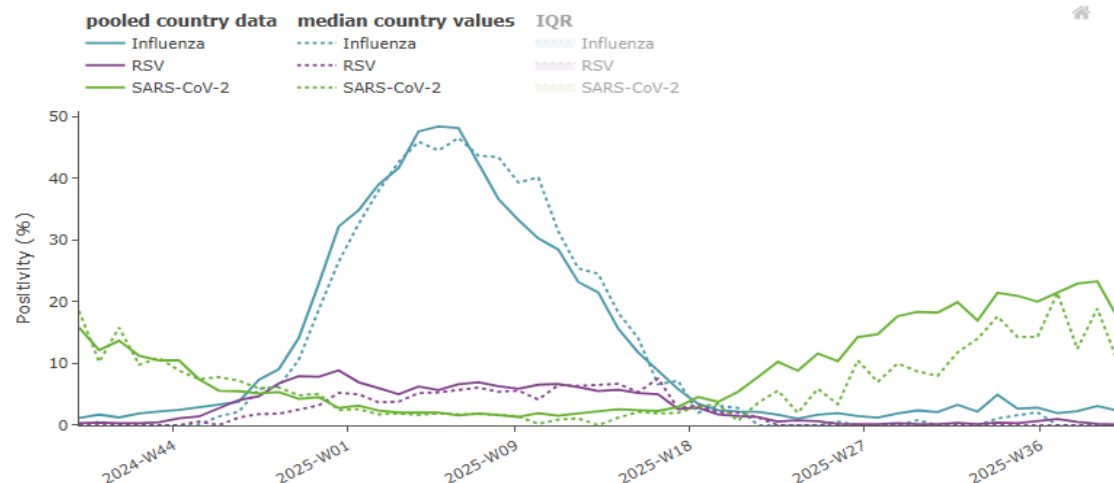
Stejně jako v minulém týdnu v zemích EU/EHP (39. KT), tak i v ČR dominuje cirkulace SARS-CoV-2 bez vlivu na míru hospitalizací. Viry chřipky a RSV cirkulují jen velmi omezeně. Cirkulace SARS-CoV-2 je zvýšena ve všech věkových skupinách, v mnoha zemích je pozorován sestupný trend. Těžké onemocnění se týká osob starších 65 let.

Dominující varianty jsou stejné jako v minulém týdnu (GISAID):

- XFG (76 %); NB.1.8.1 (10 %); and XFC (5 %) (n=97).
- XFG a NB.1.8.1 patří mezi monitorované varianty (VUM) ECDC i WHO. V USA se zvyšuje počet detekcí varianty XFY.

ILI/ARI virological surveillance in primary care – weekly test positivity

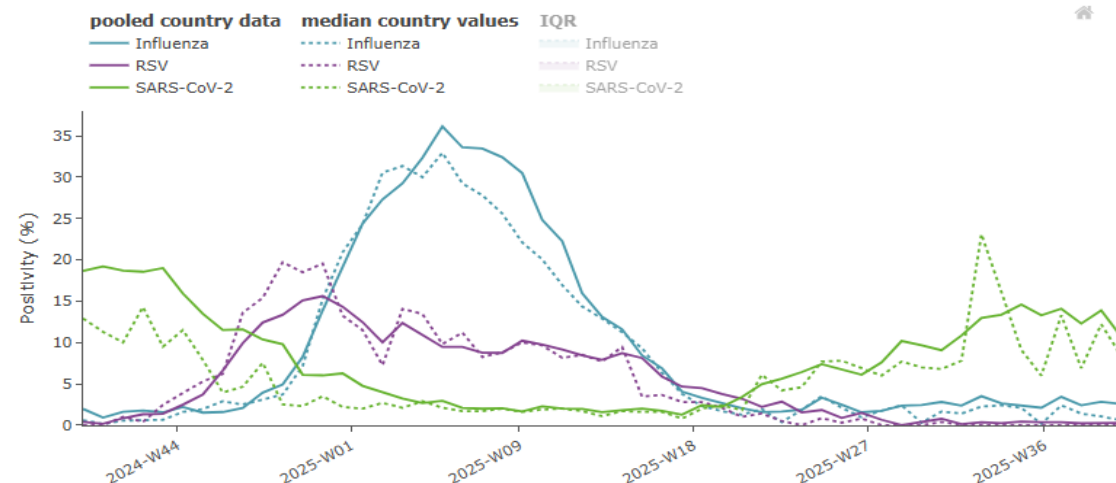
● Figure ○ Table



Genetically characterised influenza virus distribution, week 40, 2024 to week 39, 2025

SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

● Figure ○ Table



SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 37–38, 2025

EU/EEA ARI/ILI SARI přehled ve 39. KT

Key indicators in week 39, 2025

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 39	Week 38	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	12 rates (10 MEM)	13 rates (10 MEM)	Distribution of country MEM categories	7 Baseline 3 Low
	ILI	16 rates (15 MEM)	16 rates (15 MEM)		15 Baseline
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	15	18	Pooled (median; IQR)	2.4% (0; 0–1.2%)
	RSV	13	17		0.1% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	13	16		18% (10; 8–25%)
SARI rates in hospitals	SARI	8	10	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	6	8	Pooled (median; IQR)	2.5% (0.6; 0–3.6%)
	RSV	6	8		0.3% (0; 0–0.4%)
	SARS-CoV-2	6	7		11% (8.4; 7.1–13%)
Intensity (country-defined)	Influenza	19	20	Distribution of country qualitative categories	16 Baseline 3 Low
Geographic spread (country-defined)	Influenza	18	19	Distribution of country qualitative categories	8 No activity 9 Sporadic 1 Local



WHO– SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 6. 10. 2025

Variants of Interest (VOI)

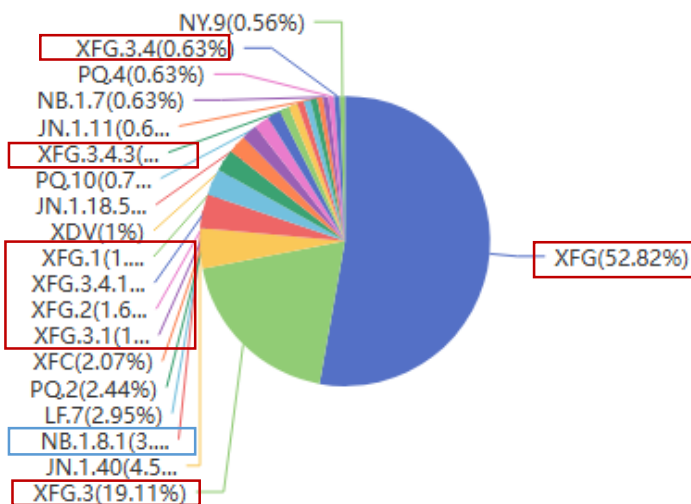
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P	n/a	Baseline (6)	Baseline (6-8)	Baseline	Community

Variants under monitoring

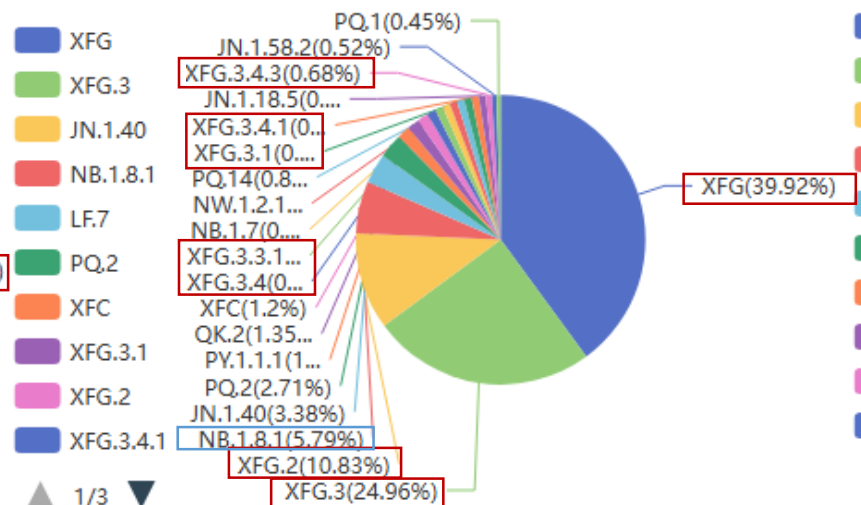
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Community
Omicron	XFG	n/a	S31P, K182R, K444R, N487D, T572I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Community

Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtetnějších variant SARS-CoV-2

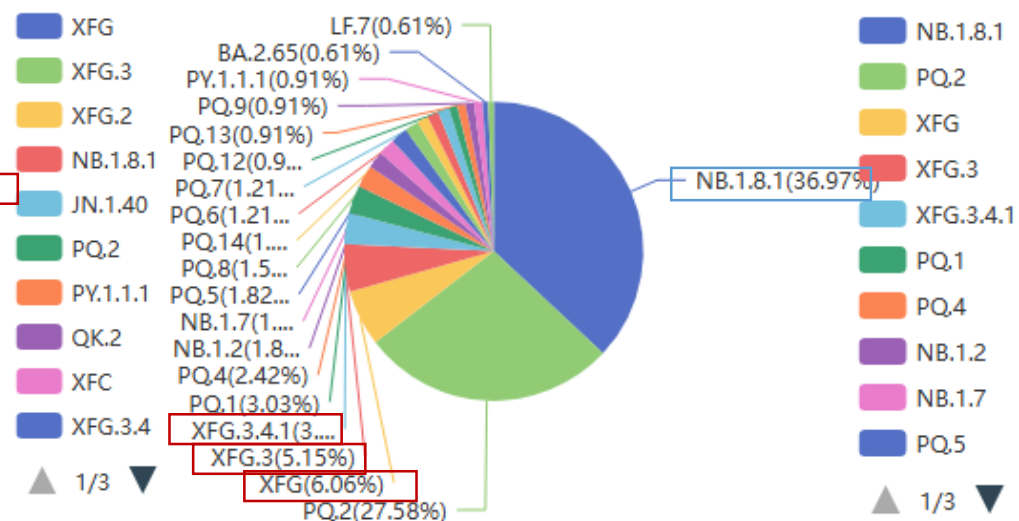
Evropa 6. 9. - 6. 10. 2025



Severní Amerika 6. 9. - 6. 10. 2025



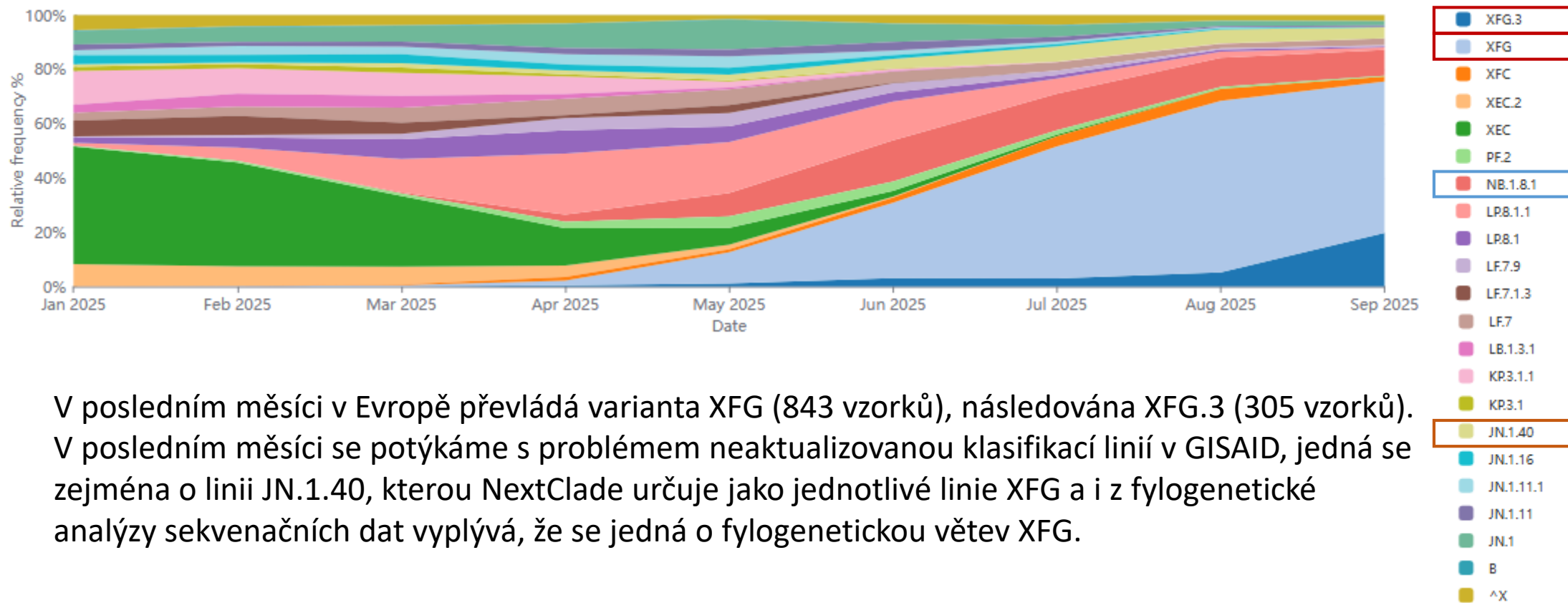
Asie 6. 9. - 6. 10. 2025



Linie	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	1718	1448	349
XFG	843	531	20
XFG.3	305	332	17
NB.1.8.1	60	77	122
JN.1.40	72	45	0
PQ.2	39	36	91

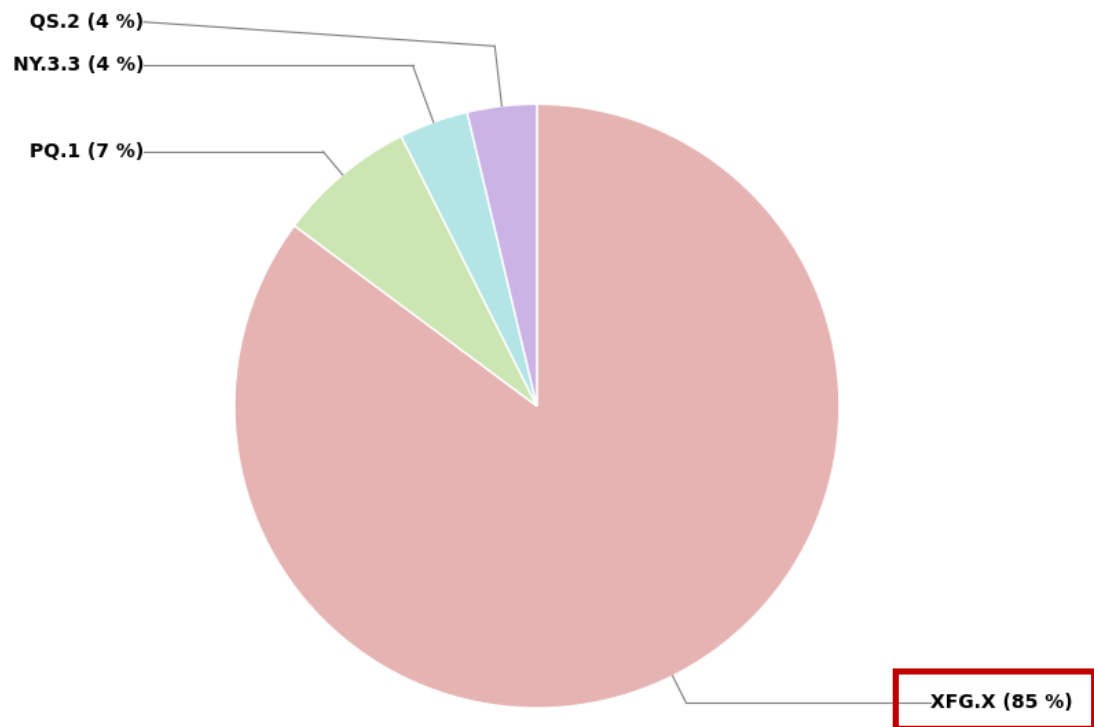
Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v Evropě, leden - říjen 2025

Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR podle relativní frekvence v čase

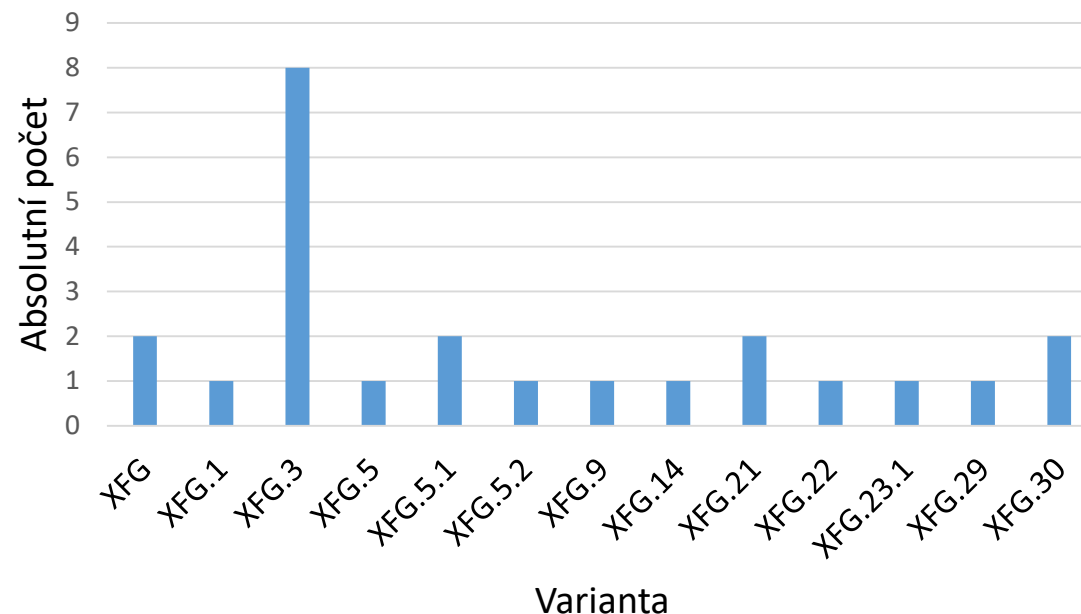


V posledním měsíci v Evropě převládá varianta XFG (843 vzorků), následována XFG.3 (305 vzorků). V posledním měsíci se potýkáme s problémem neaktualizovanou klasifikací linií v GISAID, jedná se zejména o linii JN.1.40, kterou NextClade určuje jako jednotlivé linie XFG a i z fylogenetické analýzy sekvenačních dat vyplývá, že se jedná o fylogenetickou větev XFG.

Graf detekovaných variant SARS-CoV-2 v ČR v období 25. 6.- 23. 9. 2025

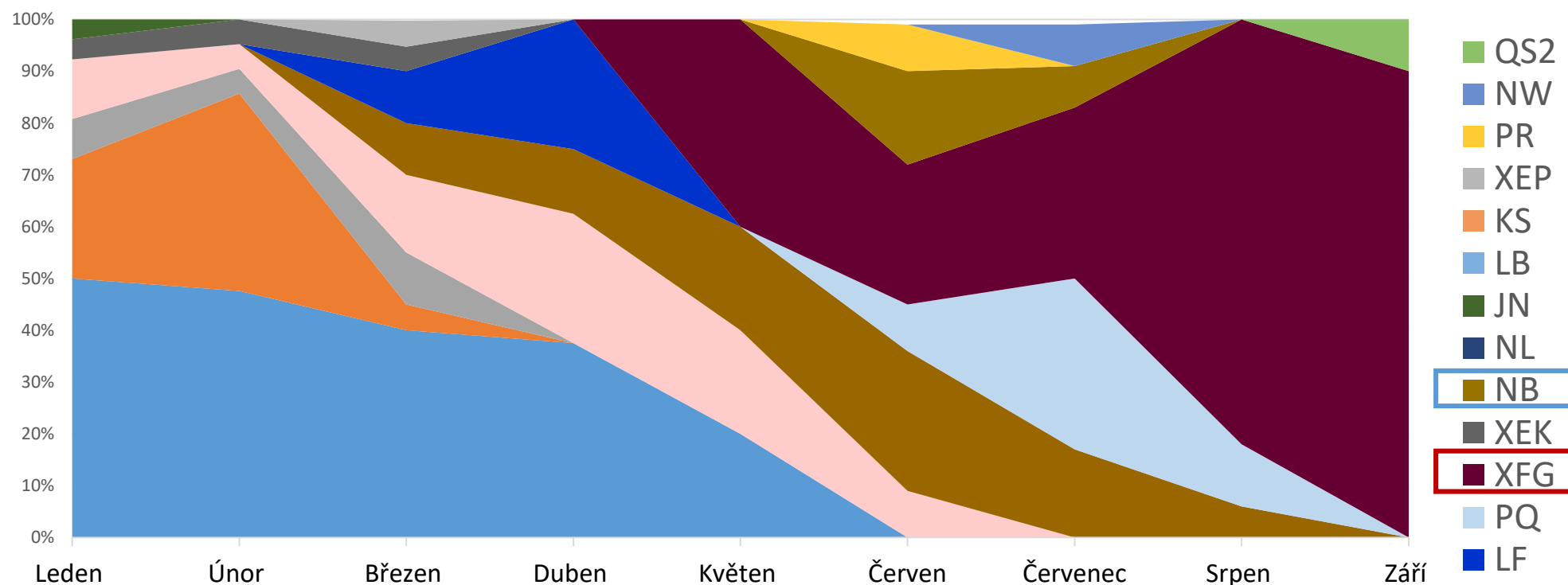


Zastoupení detekovaných linií XFG



Z 30 celogenomově sekvenovaných vzorků z období září - říjen 2025 s datem odběru 25. 6. – 23. 9. 2025, byly v ČR převážně zachyceny varianty XFG.X. Jedná se o rekombinantní varianty s mírnou schopností imunitního úniku (fylogeneticky samostatná větev), ale s nízkým rizikem těžkého průběhu. Očkování kmeny LP.1.8.1 jsou účinná proti symptomatickému i závažnému průběhu (fylogeneticky bližší je vakcinační kmen XBB.1.5). Linie NY.3.3 není klasifikována jako významná nebo monitorovaná varianta podle ECDC ani WHO. Varianta PQ.1 vykazuje fylogenetickou příbuznost s variantou Nimbus (NB.1.8.1) a nespadá pod VOI ani VUM.

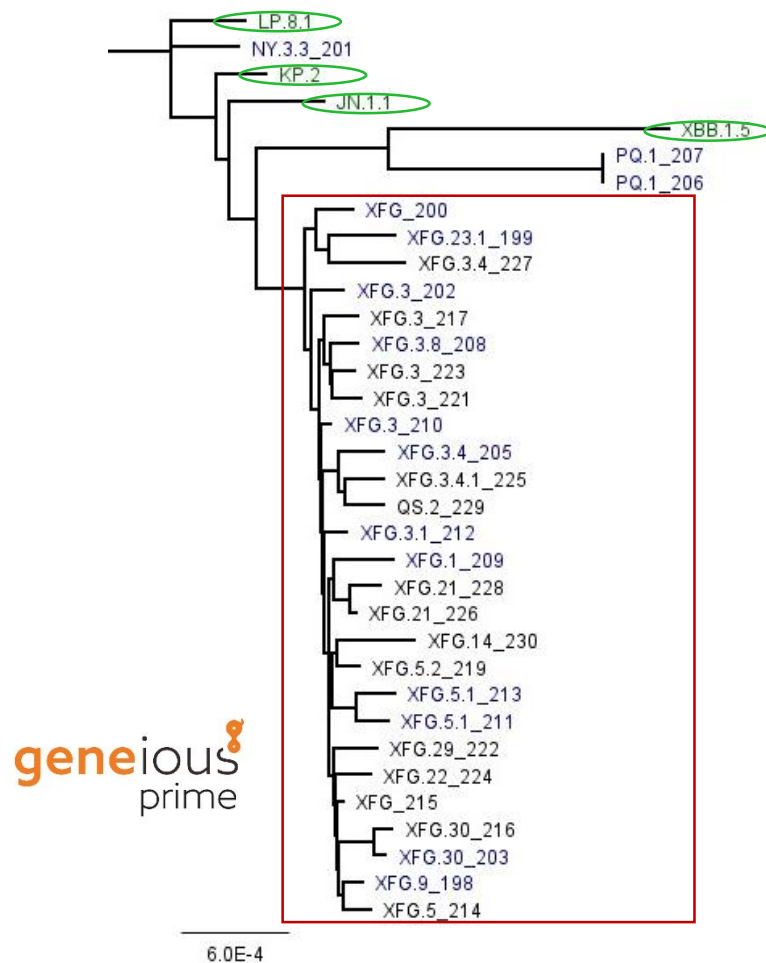
Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR podle relativní frekvence v čase



Od konce srpna cirkulují na území ČR varianty XFG - Stratus (kam spadá fylogeneticky i QS.2).

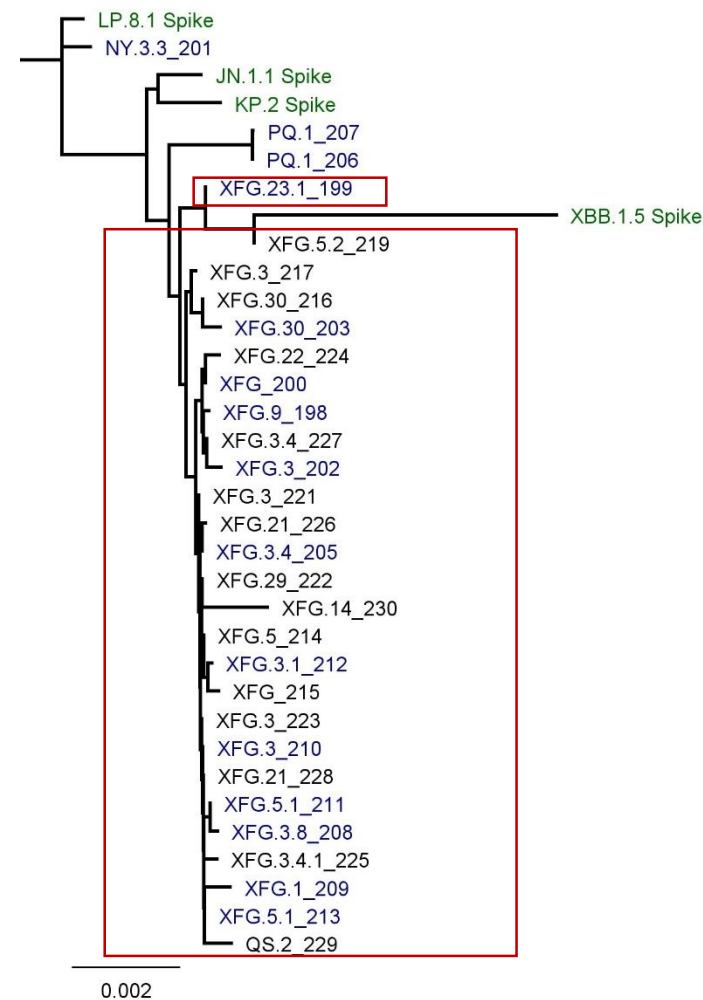
Fylogenetická analýza SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza
zakotvená k vakcinálnímu kmenu LP.8.1 (30 vzorků + 4 **vakcinální kmeny**)



Datum odběru vzorku:
10. 9 – 23. 9. 2025
25. 6. – 8. 9. 2025

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu
zakotvená k LP.8.1 (30 vzorků + 4 **vakcinální kmeny**)



Spike protein má přímý vliv na transmisibilitu a vazbu virus-neutralizačních protilátek. Je patrné, že v S proteinu se detekované linie XFG mezi sebou liší jen velmi málo, přesto se liší od vakcinálních kmenů. Evolučně nejpodobnější je vakcinální kmen z roku 2024 linie XBB.1.5 (Kraken).

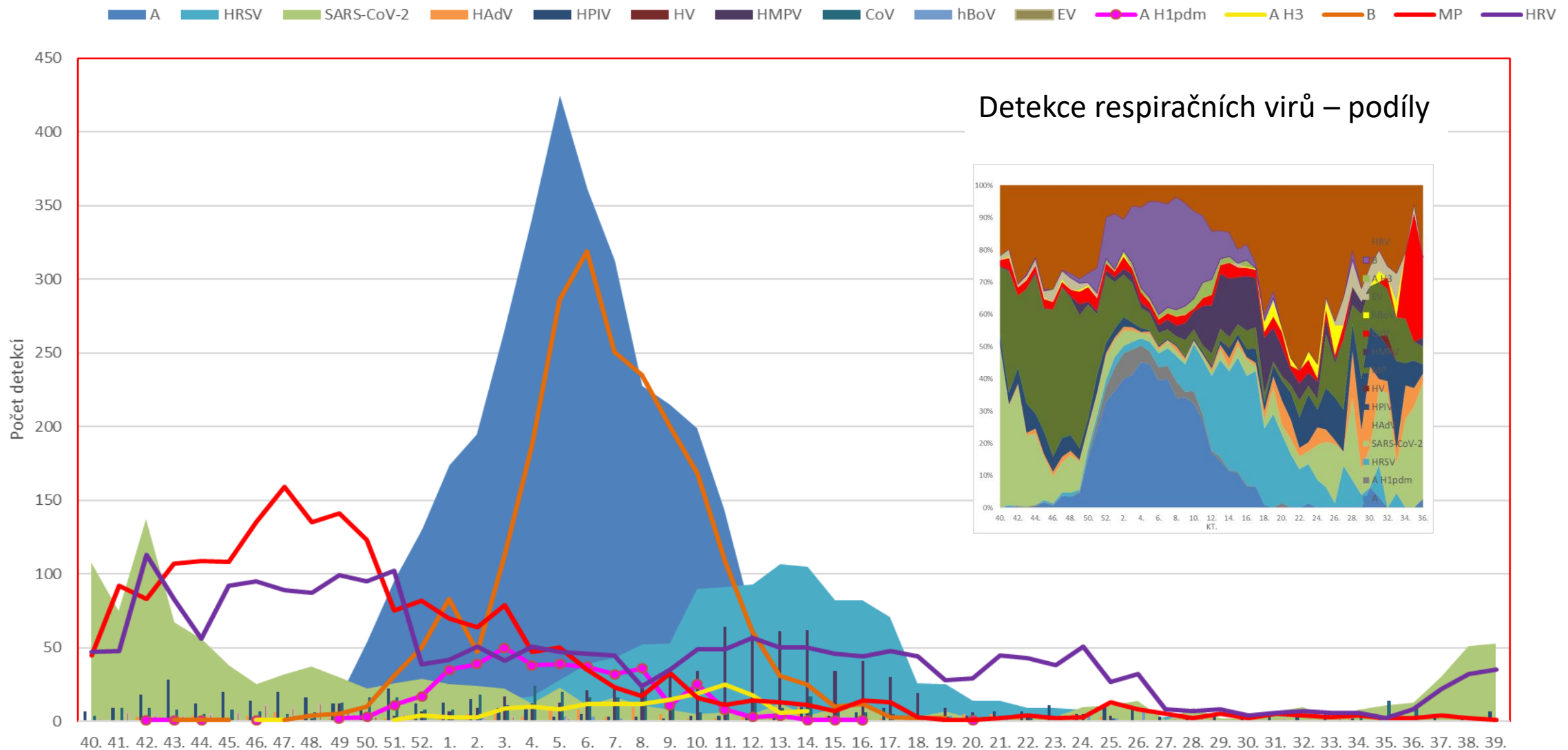
Virologická surveillance – data za čtyři poslední KT

- Počet provedených vyšetření v rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance během září stoupá, což odpovídá stoupající morbiditě.
- Nejčastěji byly detekovány SARS-CoV-2 (25 %), rhinoviry (37 %), sezónní koronaviry (14 %) a viry parainfluenzy (6 %).
- SARS –CoV-2 podíl pozitivit výrazně poklesl, podíl dalších 3 majoritně cirkulujících respiračních virů naopak vykazuje vzestupný trend.
- V jednom případě byl detekován virus chřipky A a v jednom případě virus chřipky B.

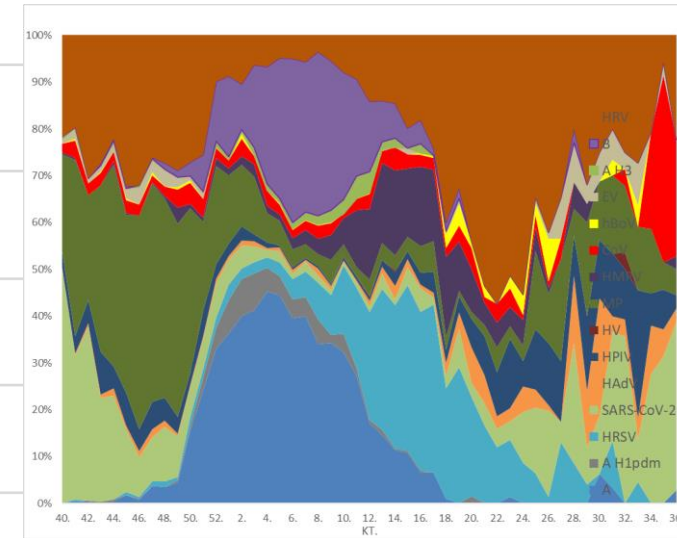
Kalendářní týden (KT)		37.	Podíl	38.	Podíl	39.	39.	40.	Podíl
Detekce viru	A	0	0,0%	1	0,9%	1	0,8%	1	0,9%
	A H ₁ pdm	0	0,0%	0	0,0%		0,0%		0,0%
	A H ₃	0	0,0%	1	0,9%		0,0%		0,0%
	B	0	0,0%	0	0,0%	1	0,8%		0,0%
	HRSV	1	1,4%	0	0,0%		0,0%		0,0%
	HAdV	2	2,8%	2	1,8%	1	0,8%	5	4,5%
	HPIV	4	5,6%	4	3,7%	7	5,6%	7	6,3%
	HV	0	0,0%	0	0,0%		0,0%	1	0,9%
	MP	4	5,6%	2	1,8%	1	0,8%	4	3,6%
	HMPV	0	0,0%	0	0,0%		0,0%		0,0%
	CoV	5	7,0%	11	10,1%	13	10,3%	16	14,3%
	HRV	22	31,0%	32	29,4%	35	27,8%	41	36,6%
	hBoV	0	0,0%	1	0,9%		0,0%	1	0,9%
	EV	0	0,0%	0	0,0%	2	1,6%	1	0,9%
	SARS-CoV-2	30	42,3%	51	46,8%	53	42,1%	28	25,0%
	SM	3	4,2%	4	3,7%	12	9,5%	7	6,3%
	pozitivní	71	16,3%	109	15,0%	126	15,6%	112	17,5%
	negativní	365		617		683	681	527	
Celkový počet vyšetření:		436		726		809		639	

Kalendářní týden (KT)		37.	Podíl	38.	Podíl	39.	Podíl	40.	Podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	1	2,8%	0	0,0%	2	1,8%	1	0,8%	5
	B	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%	0	0,8%	1
	Celkem	1	2,8%	0	0,0%	3	1,8%	1	1,6%	6

Detekce respiračních virů – kumulativní počty

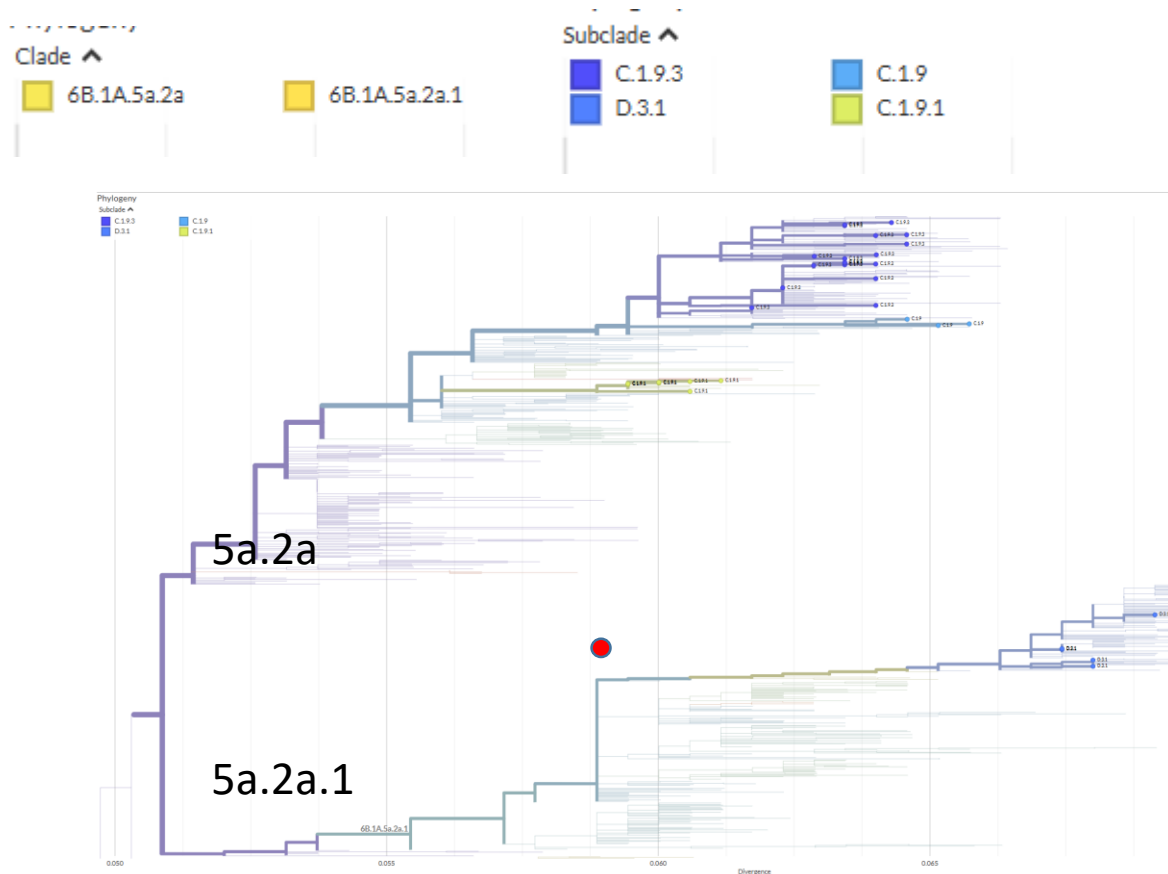


Detekce respiračních virů – podíly



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

Molekulární surveillance A/H1N1pdm 2009 (EU/40 WGS)



● Vakcinální kmen

A/Victoria/4897/2022_Egg*

A/Wisconsin/67/2022_Cell*

Phylogenetic comparison of Influenza A(H1N1)pdm09-lineage HA genes.

Reference strain (black)

Vaccine strain (red)

* WHO recommended vaccine virus from the 2023-2024 northern hemisphere to the 2025 southern hemisphere influenza seasons

** WHO recommended vaccine virus for the 2023 southern hemisphere influenza season

*** WHO recommended vaccine virus from the 2021 southern hemisphere to the 2022-2023 northern hemisphere influenza seasons

Collection dates:

September

October

November

December

January

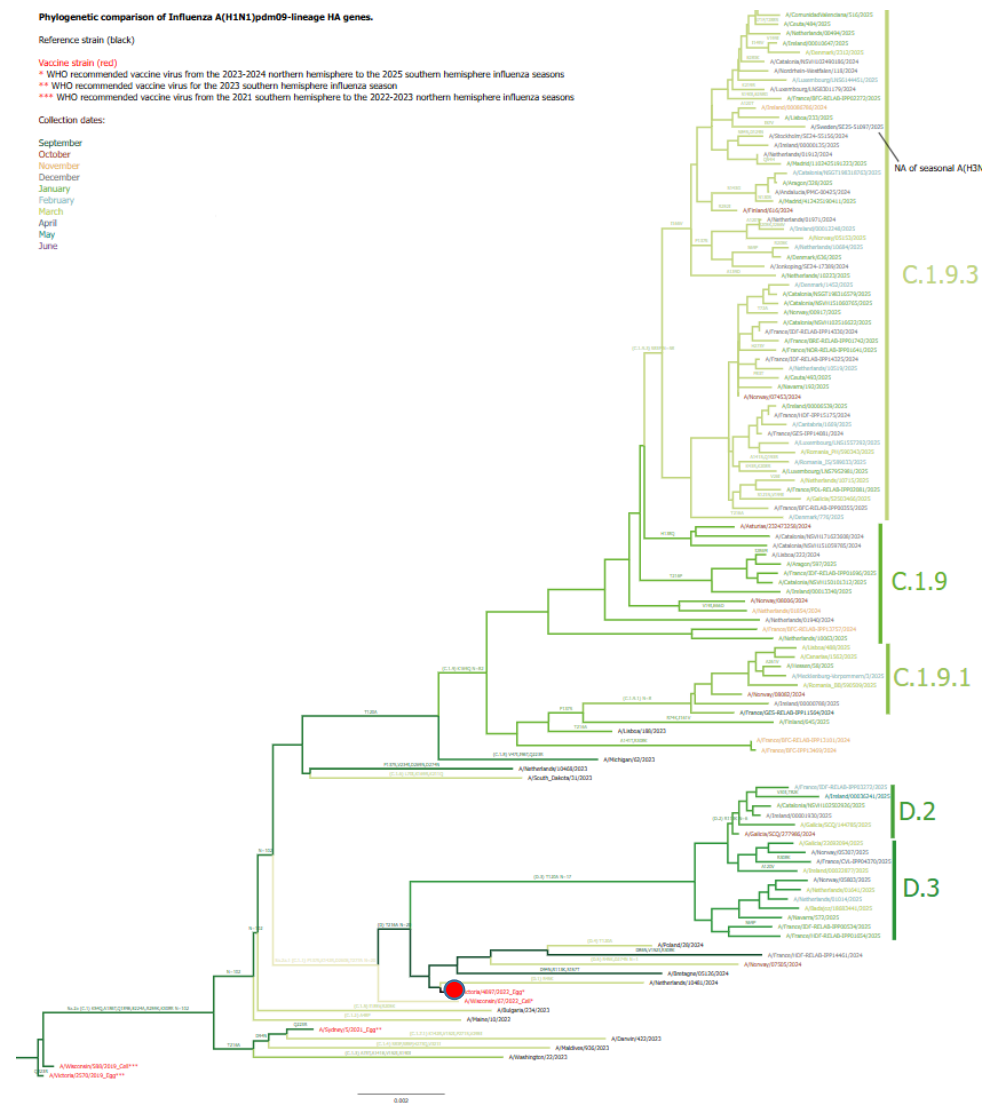
February

March

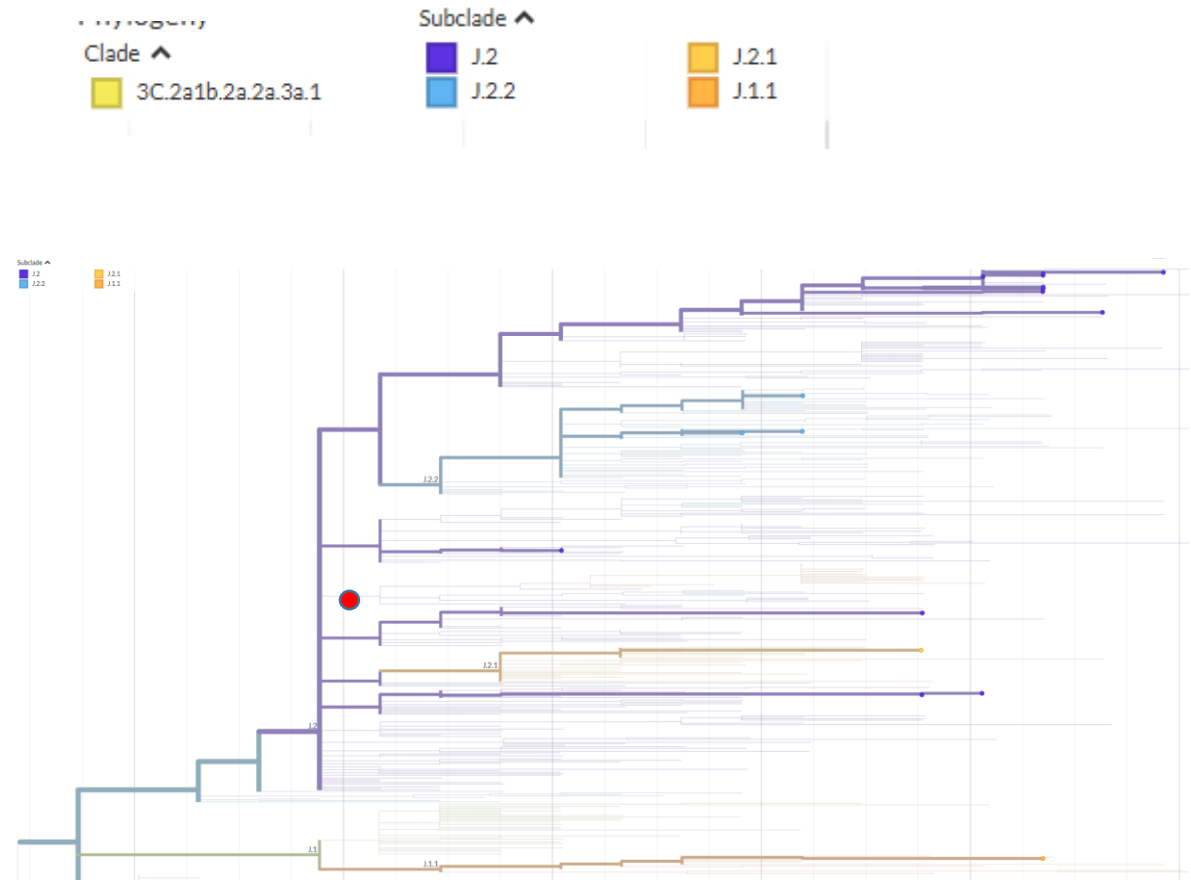
April

May

June



Molekulární surveillance A/H3N2 (EU/ČR 9 WGS)



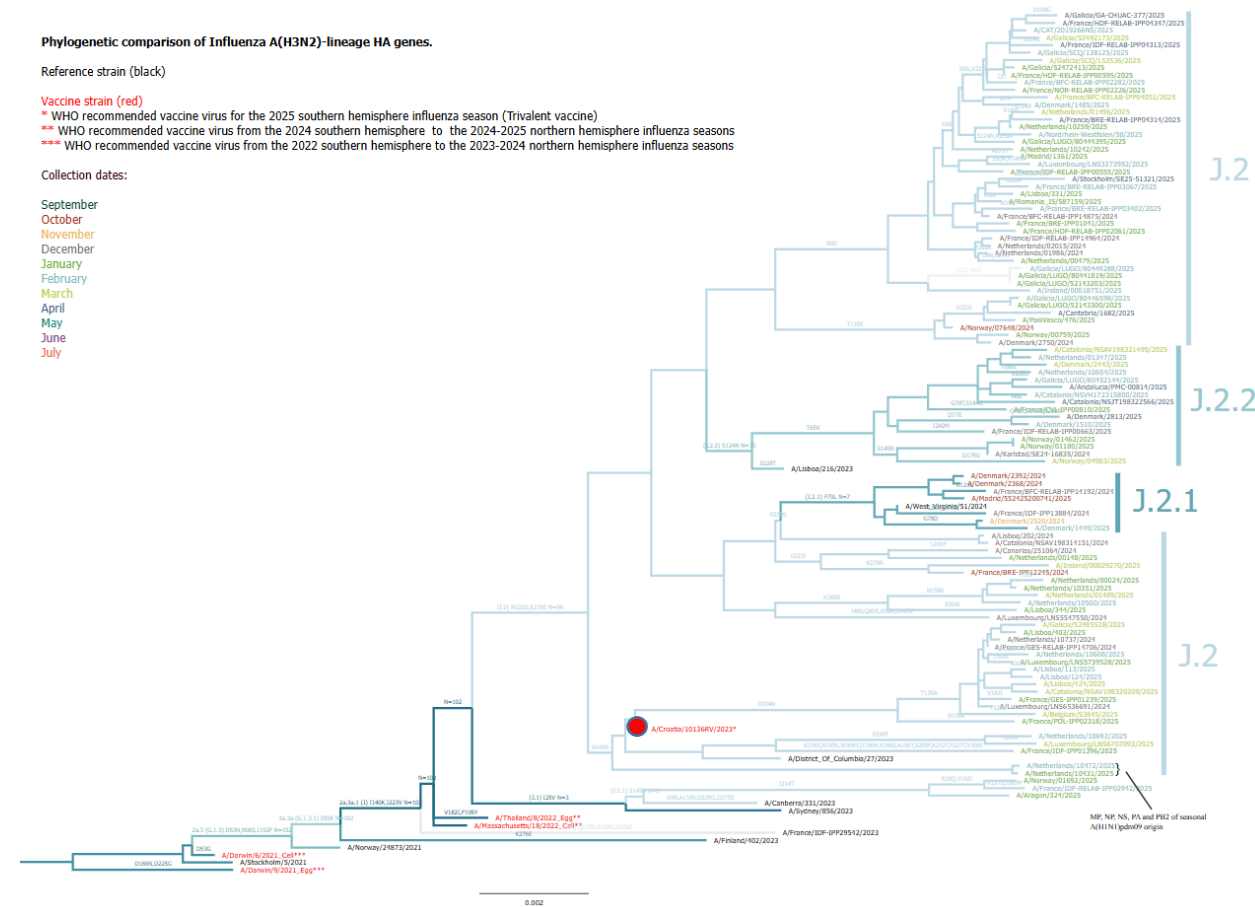
Phylogenetic comparison of Influenza A(H3N2)-lineage HA genes.

Reference strain (black)

- Vaccine strain (red)
- * WHO recommended vaccine virus for the 2025 southern hemisphere influenza season (Trivalent vaccine)
- ** WHO recommended vaccine virus from the 2024 southern hemisphere to the 2024-2025 northern hemisphere influenza seasons
- *** WHO recommended vaccine virus from the 2022 southern hemisphere to the 2023-2024 northern hemisphere influenza seasons

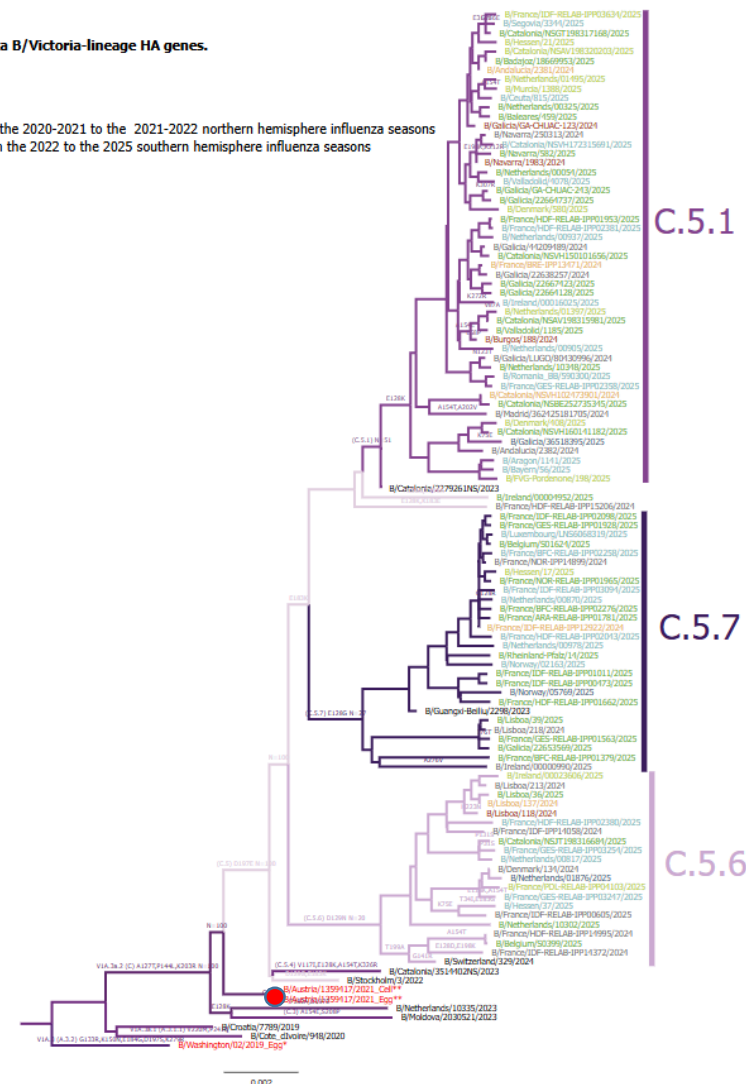
Collection dates:

- September
- October
- November
- December
- January
- February
- March
- April
- May
- June
- July



● Vakcinální kmen

5A
■ A/Croatia/10136RV/2023*



Molekulární surveillance virů chřipky

- EU
- Genetická diverzifikace virů chřipky pokračuje. Do analýzy bylo zahrnuto 354 455 sekvencí viru chřipky.
- Země EU/EHP zůstávají hlavními přispěvateli do Globálního systému pro sledování a reakci na chřipku (GISRS).
- 66 % vzorků chřipky pocházelo z nesentinelových systémů, což ukazuje na jejich klíčovou roli vedle sentinelového sledování.
- Přibližně 50 % virů A(H3N2) v EU/EHP se antigenně lišilo od vakcinačního kmene z let 2024–2025.
- WHO doporučila pro sezónu 2025–2026 novou složku vakcíny proti A(H3N2).
- Důležitá – celoroční surveillance

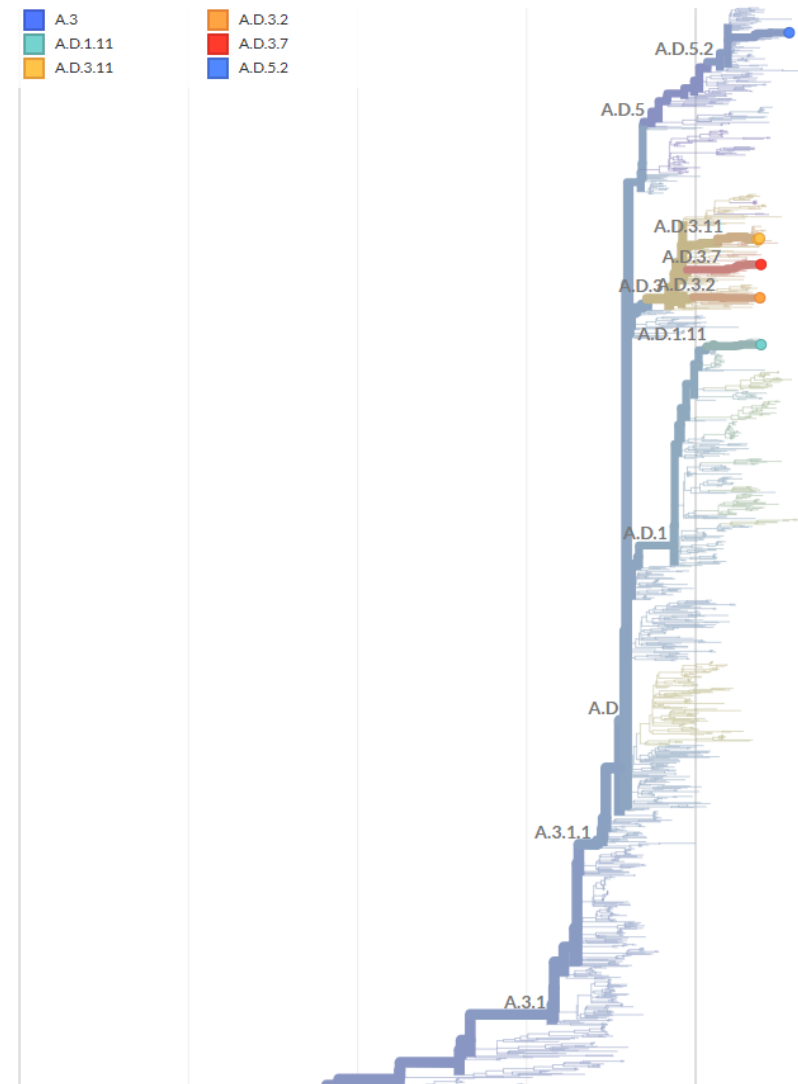
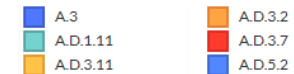
Molekulární surveillance RSV 21 WGS

RSV A – 2024/25

RSV B – 2024/25 (12 WGS)

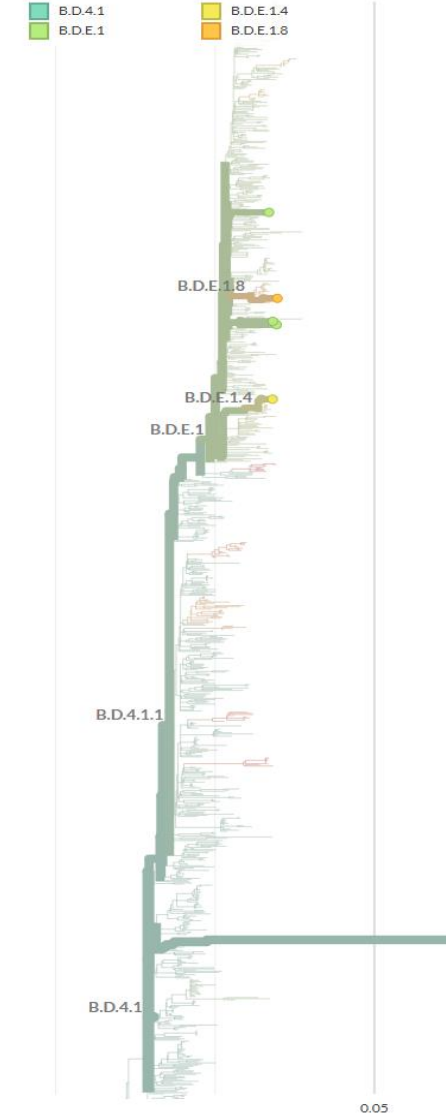
Phylogeny

Clade ^



Phylogeny

Clade ^



Závěr souhrn - virologická surveillance ARI/ILI (EU/EHP 39. KT, ČR 40. KT)

- Aktuální epidemická situace je klidná a odpovídá počátku sezóny jak v EU tak v ČR. Téměř na celém území zaznamenáváme sestupný trend v podílu záchyťů SARS-CoV-2, přičemž rhinoviry, sezónní koronaviry a viry parainfluenzy cirkulují v mírně zvýšené míře, počet hospitalizací je zatím nízký. Ve většině zemí EU/EHP, stejně tak i v ČR, má epidemie SARS-CoV-2 sestupný trend..
- V ČR dominantně cirkulují viry SARS-CoV-2 (25 %), od konce srpna převážně varianta XFG (Stratus), spolu s dalšími respiračními viry typickými pro toto období: rhinoviry (cca 37 %), sezónní koronaviry (14 %) a viry parainfluenzy (cca 6 %). Počátek epidemické vlny covid-19 koreluje se zahájením školní docházky. Klinické příznaky covid-19 se většinou neliší od akutních respiračních infekcí vyvolaných jinými respiračními viry, ve všech případech mohou být doprovázeny GIT projevy (např. průjem).
- Stále evidujeme sporadické záchyty viru chřipky. Tyto sporadické detekce jsou pro toto období neobvyklé a mohly by naznačovat časnější nástup epidemické vlny chřipky v letošní sezóně.
- Dne 19. září 2025 byl vydán METODICKÝ POKYN k sentinelové, molekulární a SARI surveillance respiračních virů v sezoně 2025-2026 v České republice pro období od 40. kalendářního týdne roku 2025 do 39. kalendářního týdne roku 2026. V mimorespirační sezóně je možné zasílat vzorky v nižších počtech odpovídající nemocnosti a návštěvám PL/PLDD. NRL děkuje všem KHS i lékařům za spolupráci.
- **Prosíme o zasílání vzorků pozitivních na chřipku, SARS-CoV-2 případně RSV na sekvenaci a izolaci viru (ideálně zamražené).**
- **Praktické lékaře spolupracující na surveillance prosíme o zaslání SARS-CoV-2 pozitivních odběrů, pokud provádíte antigenní testy, prosím, paralelně nám odeberte druhý vzorek (např. z druhé nosní dírky a krku do virologického média, který distribuují KHS). Dále bychom chtěli poprosit o vyplnění příznaků nemoci na žádance pro budoucí fenotypové analýzy.**
- V tomto týdnu **8. 10. 2025 proběhne Konzultační den** Odd. respiračních, střevních a exantematických virových nákaz a Odd. epidemiologie infekčních nemocí, viz <https://szu.gov.cz/udalost/konzultacni-den-orsevn-a-oein/>