



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 8/12/2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP 48. KT

- Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je v přibližně polovině zemí, které podávají hlášení, vyšší než základní hodnota. To naznačuje, že v současné době v Evropské unii/Evropském hospodářském prostoru (EU/EHP) dochází k významné cirkulaci respiračních virů.
- Cirkulace viru chřipky nadále roste a většina zemí nyní hlásí rozsáhlou aktivitu s nízkou až střední intenzitou. Chřipka typu A je dominantní ve všech zemích, přičemž A(H3N2) je v posledních týdnech hnací silou rostoucího trendu. Cirkulace je nejvyšší u dětí ve věku 5–14 let. V některých zemích je pozorován nárůst hospitalizací, který postihuje všechny věkové skupiny, ale především dospělé ve věku 65 let a starší.
- Dne 20. listopadu 2025 zveřejnilo ECDC zprávu o hodnocení hrozeb (Threat Assessment Brief: Assessing the risk of influenza for the EU/EEA in the context of increasing circulation of A(H3N2) subclade K), v níž hodnotí riziko chřipky pro EU/EHP v kontextu rostoucí cirkulace cílové subklady K A(H3N2).
- Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) pomalu roste z nízkých úrovní, ale zůstává pod úrovní, která byla v tomto období pozorována v posledních čtyřech sezónách. Data z nemocnic ukazují v několika zemích rostoucí počet hospitalizací souvisejících s RSV, zejména u dětí mladších pěti let.
- SARS-CoV-2 nadále cirkuluje, ale ve všech věkových skupinách klesá a dopad na hospitalizace je v současné době omezený.
- Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění zůstává ve většině zemí na základní nebo nízké úrovni. Ačkoli chřipková sezóna začala neobvykle brzy, cirkulace je ve většině zemí stále na relativně nízké úrovni, ale detekce rychle roste.



ECDC analýza cirkulace H3N2 podskupiny K (Threat Assessment Brief: Assessing the risk of influenza for the EU/EEA in the context of increasing circulation of A(H3N2) subclade K)

- Nově vzniklá podskupina A(H3N2) K (dříve J.2.4.1) patří k dominantní kladě 2a.3a.1 HA3 a obsahuje substituce K2N, T135K, S144N(+CHO), N158D, I160K, Q173R, K189R, T328A a S378N (podjednotka hemagglutininu 2: S49N) v genu pro hemagglutinin ve srovnání s vakcinálním kmenem A/Croatia/10136RV/2023. Jedná se o podstatně vyšší počet mutací, než jaký byl pozorován v evoluci v předchozích sezónách. Podskupina K představuje 47 % sekvencí viru A(H3N2) vložených do GISAID EpiFlu z 19 zemí EU/EHP mezi 1. květnem a 17. listopadem 2025. Tato podskupina je také rozšířená globálně. Antigenní data zveřejněná na setkání o složení vakcíny na jižní polokouli naznačují, že vakcinální kmeny A(H3N2) pro sezónu 2025-26 na severní polokouli (A/District of , resp. A/Croatia/10136RV/2023-like) se významně liší od virů z podskupin J.2.3, J.2.4 (což je ancesort podskupiny K) a J.2.5 HA. Výsledky studií sérologie u lidí také ukázaly, že po očkování byly hladiny protilátek proti mnoha nedávno cirkulujícím virům A(H3N2) – zejména těm v podskupinách J.2.2, J.2.3, J.2.4 a J.2.5 – mnohem nižší než proti referenčnímu viru ve vakcíně.

Závěr ECDC:

- Na základě aktuálně dostupných informací ECDC hodnotí riziko pro běžnou populaci EU/EHP v důsledku chřipkové sezóny s dominancí subkladu K viru A(H3N2) jako střední. ECDC hodnotí riziko jako vysoké u osob s vyšším rizikem závažného onemocnění (osoby starší 65 let, osoby s chronickými metabolickými, plicními, kardiovaskulárními, neuromuskulárními a jinými chronickými onemocněními, těhotné osoby nebo osoby s oslabenou imunitou a osoby žijící v uzavřených zařízeních, jako jsou zařízení dlouhodobé péče). I když individuální riziko závažného onemocnění zůstává podobné jako v předchozích letech, větší epidemie způsobená nižší imunitou vůči infekci by mohla vést k vyššímu absolutnímu počtu hospitalizací a zvýšenému tlaku na zdravotnickou péči. Toto hodnocení se může změnit, jakmile bude k dispozici více dat.

Doporučení:

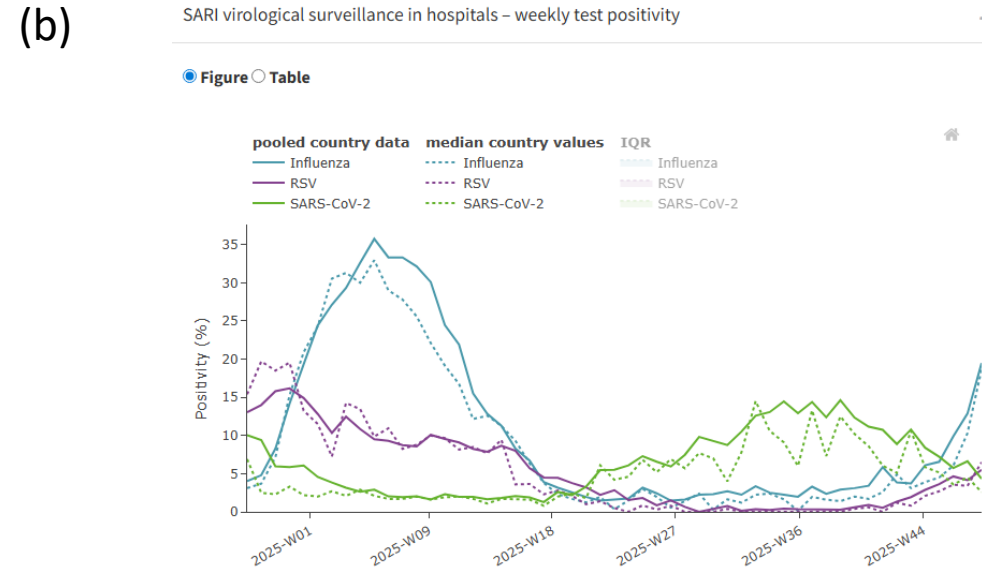
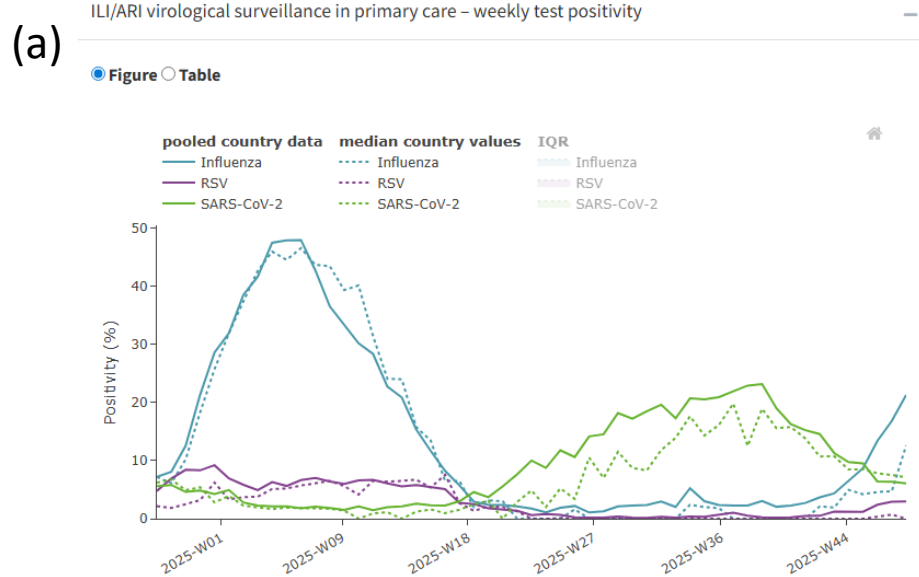
- Osoby způsobilé k očkování, zejména ty s vyšším rizikem závažného onemocnění, by měly být očkovány bez prodlení.
- Včasná léčba postižených osob antivirotiky proti chřipce je nezbytná pro snížení pravděpodobnosti komplikací a progresu onemocnění u populací s vyšším rizikem závažného onemocnění. Antivirotika se stávají ještě důležitějšími v kontextu cirkulujícího kmene chřipky, který může být špatně spárován s vakcínou.
- Testování by mělo předcházet nasazení antivirotik, pokud je to možné, ale silné klinické podezření a místní epidemiologie by měly také vést k rozhodnutí, aby se předešlo zpožděním, která by mohla snížit účinnost. Antivirotická profylaxe by měla být zvážena v uzavřených zařízeních, jako jsou zařízení dlouhodobého péče, bez ohledu na status očkování. Nemocnice a zařízení dlouhodobého péče by měly přezkoumat své plány připravenosti a zlepšit své postupy prevence a kontroly infekcí, aby zmírnily tlak na systém zdravotní péče během chřipkové sezóny. Zaměstnanci a návštěvníci by měli v obdobích zvýšené cirkulace respiračních virů v nemocnicích a zařízeních dlouhodobého péče používat roušky.
- Země by měly lidem poskytovat personalizovanou komunikaci o tom, jak lze snížit přenos a jaký je dopad závažného onemocnění. To by mělo být provedeno prostřednictvím jasných sdělení o očkování, hygieně rukou a respirační etiketě.

ČR:

- Dle dat distributora je většina vakcín v ČR, které nejsou doručeny do ordinace PL již pro tuto sezónu nedostupné. Výjimkou je efluelda, kterou lze stále u distributora objednat. Tato vakcína je určena pouze pro osoby nad 60 let věku a osoby mezi 60 a 64 lety musejí vakcínu hradit, minimální výše úhrady je 1036 Kč. Na očkování následně přispívají individuálně ZP.

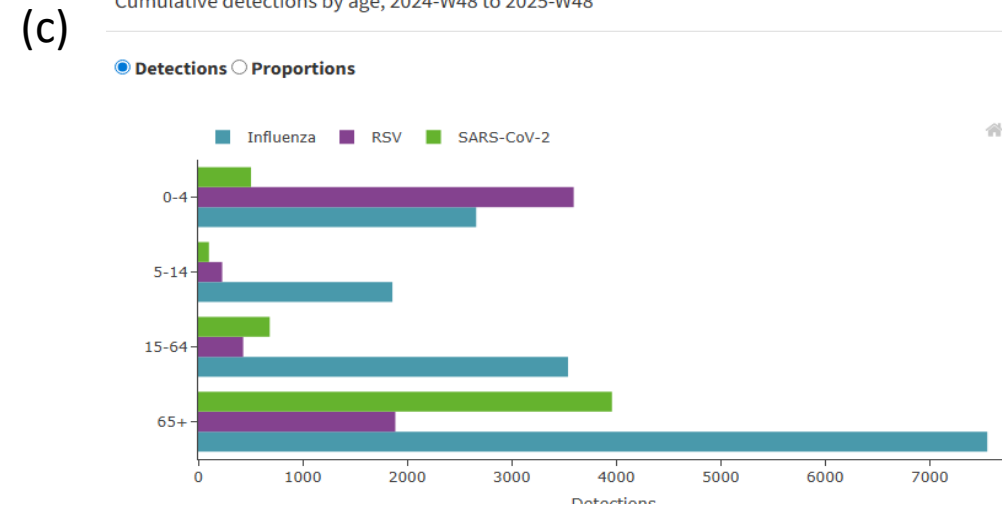
EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 48. KT

Grafy: EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky v primární péči (a), u hospitalizovaných osob (b) a věková distribuce (c).



Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	322	66	5a.2a.1(D.3.1)	315	98
			5a.2a.1(D)	5	2
			5a.2a(C.1.9.3)	2	0.6
A(H3)	163	33	2a.3a.1(K)	143	88
			2a.3a.1(J.2.2)	7	4
			2a.3a.1(J.2.4)	7	4
			2a.3a.1(J.2)	6	4
B/Vic	3	0.6	V1A.3a.2(C.5)	1	33
			V1A.3a.2(C.5.1)	1	33
			V1A.3a.2(C.5.6)	1	33



EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled ve 47. a 48. KT

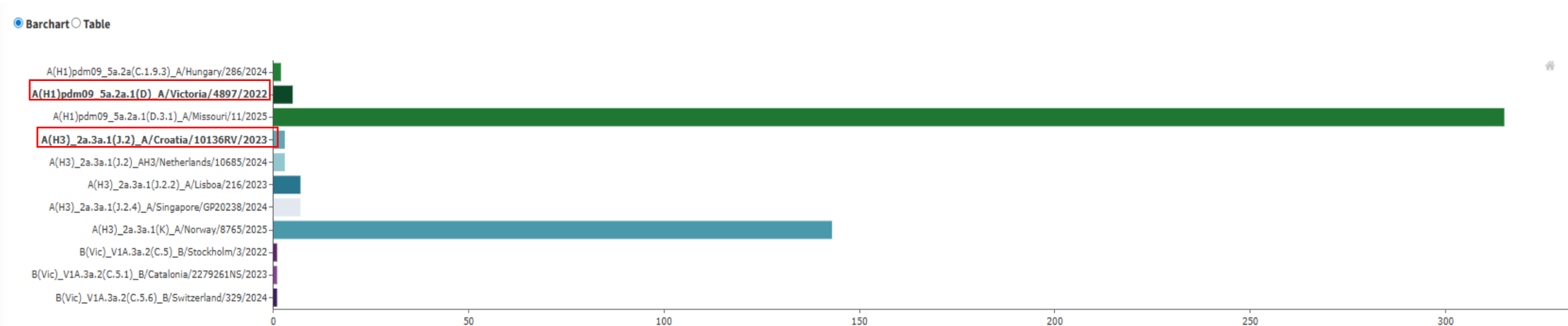
Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 48	Week 47	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	14 rates (9 MEM)	18 rates (12 MEM)	Distribution of country MEM categories	7 Baseline 2 Low
	ILI	19 rates (19 MEM)	21 rates (21 MEM)		9 Baseline 6 Low 4 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	17	22	Pooled (median; IQR)	21% (13; 8.1–24%)
	RSV	17	20		3% (0; 0–2.8%)
	SARS-CoV-2	16	20		6.1% (7.1; 3.1–14%)
SARI rates in hospitals	SARI	9	11	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	9	Pooled (median; IQR)	19% (19; 12–26%)
	RSV	8	9		5.5% (6.5; 2.5–11%)
	SARS-CoV-2	8	8		4.3% (2.6; 1.7–5.1%)
Intensity (country-defined)	Influenza	22	26	Distribution of country qualitative categories	5 Baseline 12 Low 5 Medium
Geographic spread (country-defined)	Influenza	21	25	Distribution of country qualitative categories	1 No activity 5 Sporadic 1 Local 3 Regional 11 Widespread



ECDC charakteristika subtypů viru chřipky k 7/12/2025

ČR – charakterizace sekvenovaných virů chřipky

Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v EU/EEA v sezóně 2025/26



Pozn: čeveně označeny vakcinační kmeny

Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v ČR v sezóně 2025/26

Subtyp	subclade	short-clade	Clade	Počet sekvencí /z počtu	Odpovídá referenční sekvenci
A /H1N1pdm09	D.3.1.1	5a.2a.1	6B.1A.5a.2a.1	3/4	A/Missouri/11/2025
A /H1N1pdm09	D.3.1	5a.2a.1	6B.1A.5a.2a.1	1/4	A/Missouri/11/2025
A /H3N2	K	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1/1	A/Norway/8765/2025

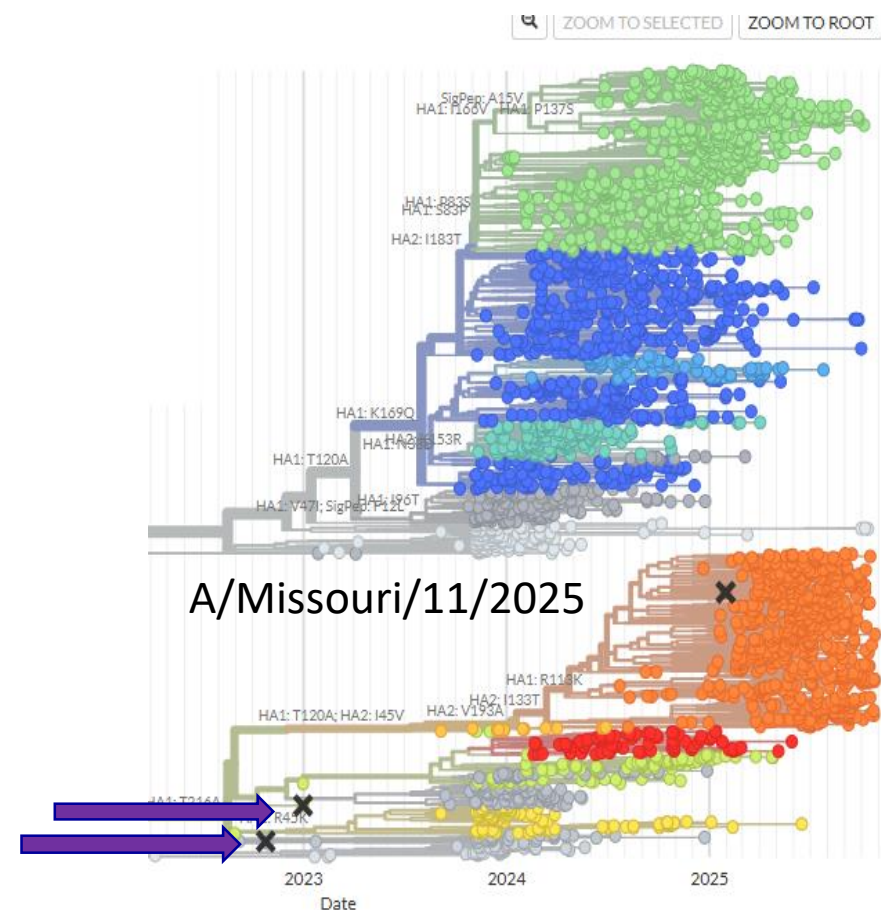
H1N1pdm – antigenní drift aktuálně sekvenovaných virů chřipky

Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Missouri like kmenů) od vakcinačního kmene

- S91N – změna v oblasti HA1, která zasahuje do antigenního místa C
- S181T – mutace v receptor-vazebné oblasti, ovlivňuje vazbu na sialové kyseliny
- K302R – změna v oblasti HA1, spojená s odlišnou antigenní prezentací
- E47K – mutace v HA2, která může ovlivnit stabilitu trimeru hemaglutininu

Odhady účinnosti se pohybují kolem 35 – 50 % proti symptomatické infekci pro kmeny patřící do skupiny Missouri - like, ale ochrana proti těžkému průběhu a hospitalizaci zůstává vyšší a odhad se pohybuje se mezi 60 – 80 %. Tyto odhady jsou pouze předběžné.

Vakcinální kmeny A/H1N1pdm: A/Victoria/4897/2022
A/Wisconsin/67/2022



H3N2 – subclade K - velký antigenní drift aktuálně sekvenovaných virů chřipky

Jižní polokoule zažila časnou a závažnější chřipkovou sezónu, která ještě doznívá. Důvodem je významný antigenní drift H3N2, a tedy nástup subclade A/H3N2 K, na fylogenetickém stromě označena oranžově. Odpovídající referenční kmen je A/Norway/8765/2025.

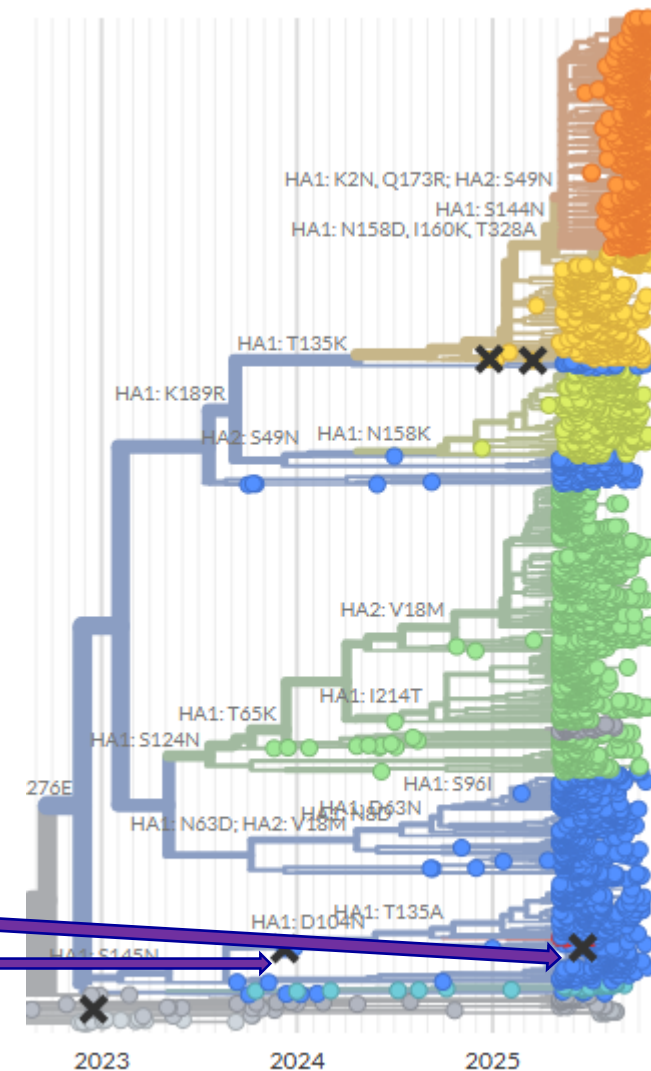
Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Norway like kmenů) od vakcinačního kmene :

- T135K – změna v antigenním místě A, která může ovlivnit vazbu protilátek
- K83R – mutace v oblasti HA1, spojená s odlišnou antigenní prezentací
- N121K – změna v blízkosti receptor-vazebné oblasti
- S144K – mutace v tzv. „antigenním supervariabilním místě“ (oblast hlavičky HA)

Vakcína proti chřipce A(H3N2) v sezóně 2025/26 na severní polokouli bude mít pravděpodobně nižší účinnost než v předchozích letech, protože dominantní varianta H3N2 (subclade K) obsahuje mutace, které se odlišují od vakcinačního kmene. Odhady účinnosti se pohybují kolem 30–40 % proti symptomatické infekci, ale ochrana proti těžkému průběhu a hospitalizaci zůstává vyšší. Tyto odhady jsou pouze předběžné.

Vakcinální kmeny A/H3N2: A/Croatia/10136RV/2023

A/District Of Columbia/27/2023



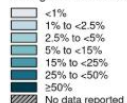
ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu – 46. a 47. KT

Maps of variant proportions, 2025-W46 to 2025-W47

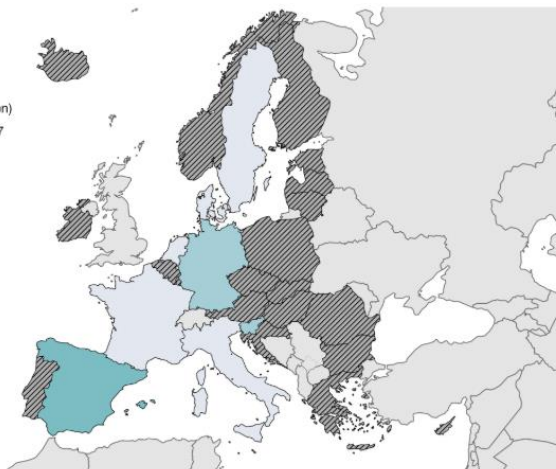
BA.2.86



Proportion of BA.2.86 (Omicron) among sequenced cases during 2025-W46 to 2025-W47



Countries not visible in the main map extent
Malta
Liechtenstein



Administration boundaries: © EuroGeographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 4 December 2025.

Variants of Interest (VOI)

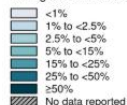
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del,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

Maps of variant proportions, 2025-W46 to 2025-W47

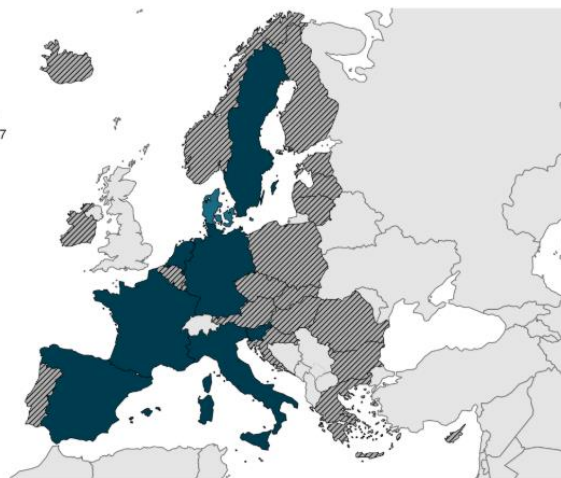
XFG



Proportion of XFG (Omicron) among sequenced cases during 2025-W46 to 2025-W47



Countries not visible in the main map extent
Malta
Liechtenstein

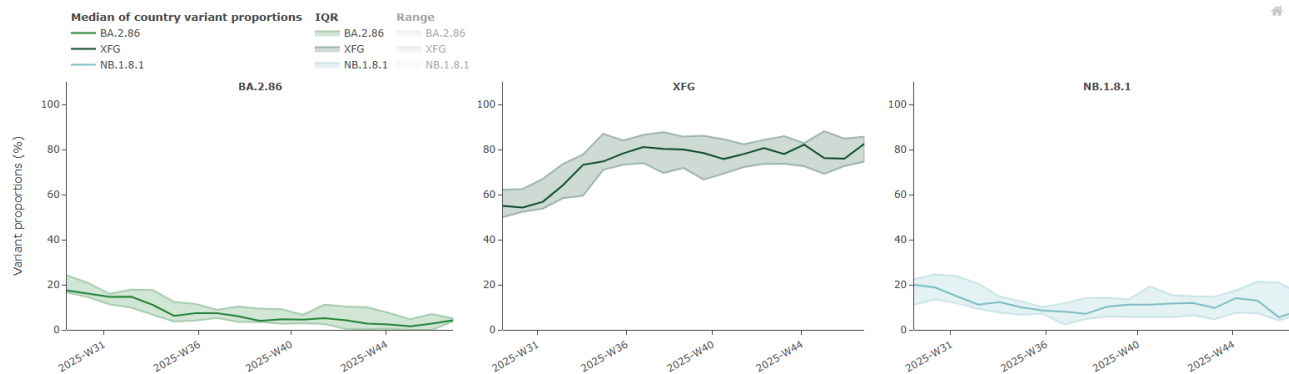


Administration boundaries: © EuroGeographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 4 December 2025.

Variants under monitoring

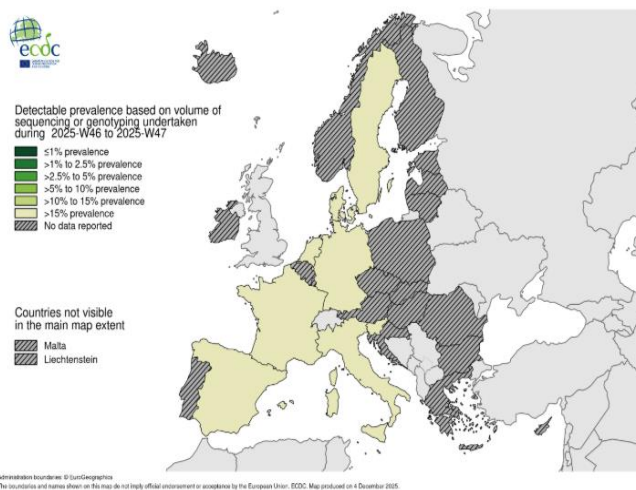
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

Distribuce sledovaných variant

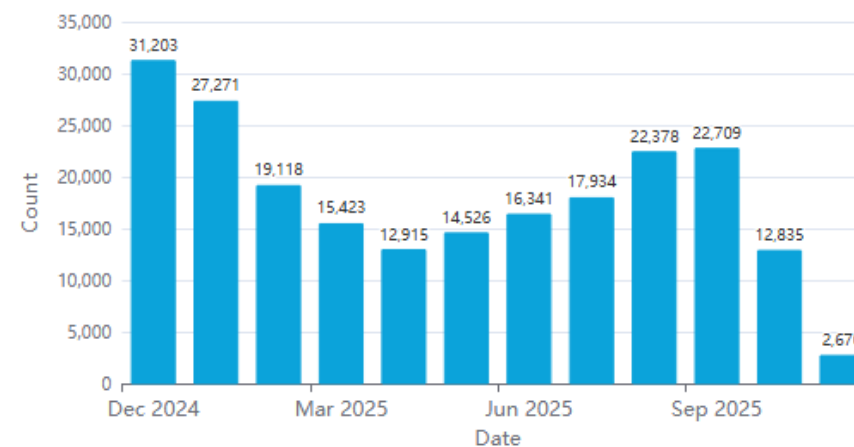


Country ↕	Data source ↕	Sequencing or genotyping volume	
		n ↕	Detection threshold ↕
Denmark	GISAID	3	>30%
France	GISAID	4	>30%
Germany	GISAID	30	>15% to 20%
Italy	GISAID	2	>30%
Netherlands	GISAID	2	>30%
Slovenia	GISAID	23	>20% to 30%
Spain	GISAID	18	>20% to 30%
Sweden	GISAID	1	>30%

Objem sekvenování v 46. a 47. týdnu

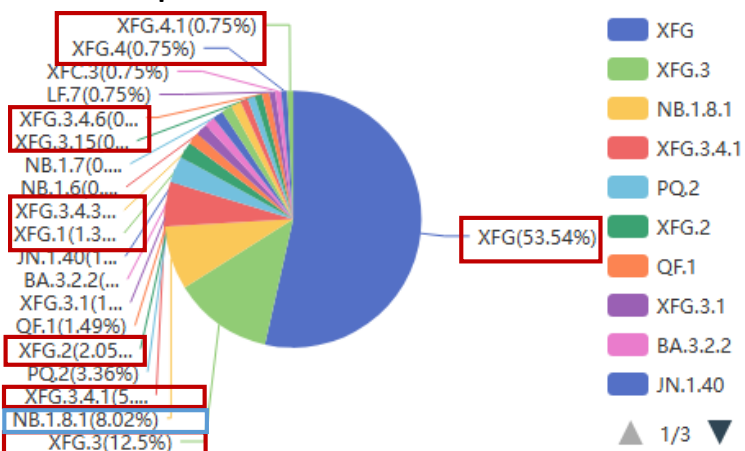


Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

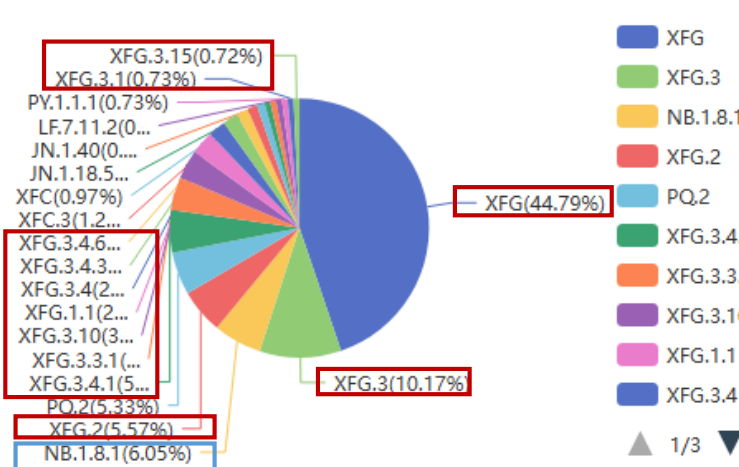


Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtenějších variant SARS-CoV-2

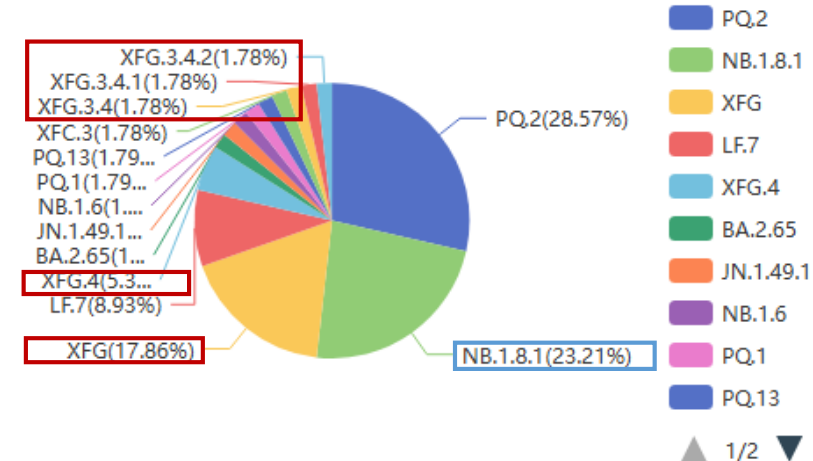
Evropa 8. 11. - 8. 12. 2025



Severní Amerika 8. 11. - 8. 12. 2025



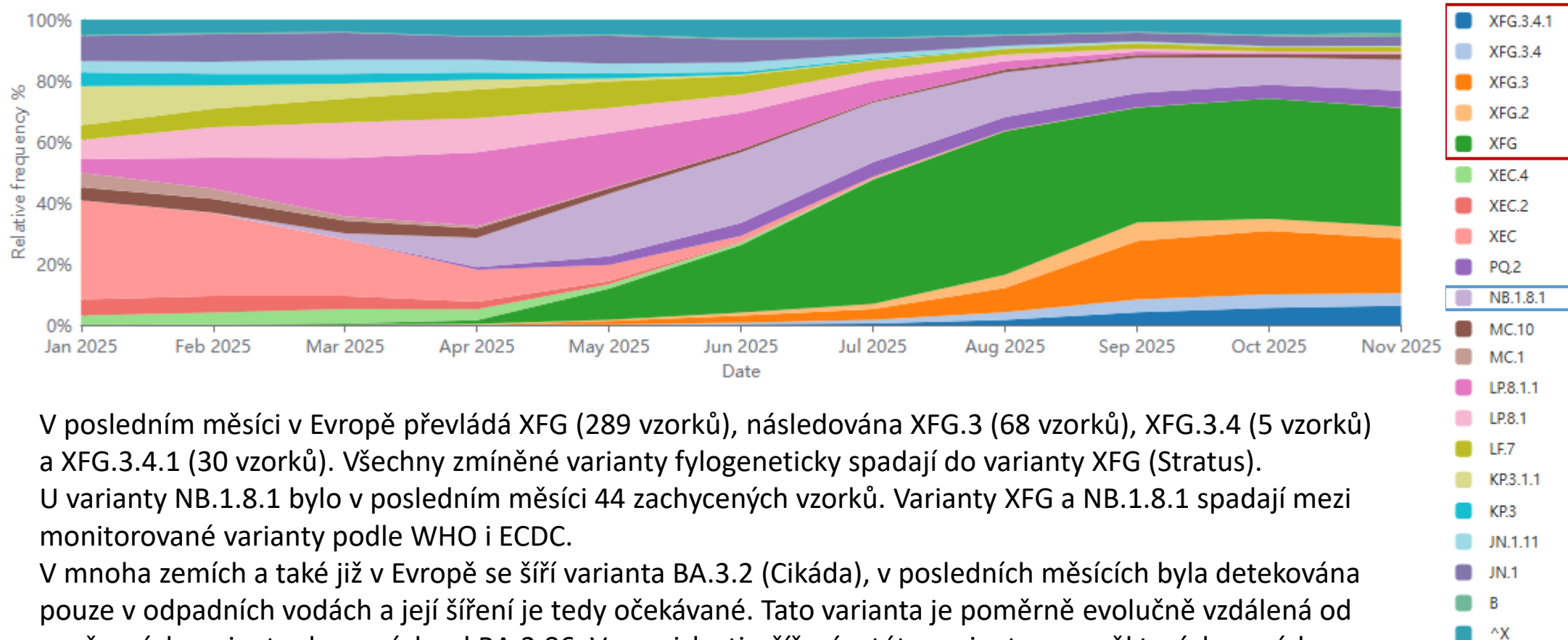
Asie 1. 11. - 1. 12. 2025



Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	625	461	56
XFG	289	185	10
XFG.3	68	42	0
XFG.3.4	5	9	1
XFG.3.4.1.	30	22	1
NB.1.8.1	44	25	13
JN.1.40	8	3	0
PQ.2	18	22	16

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

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



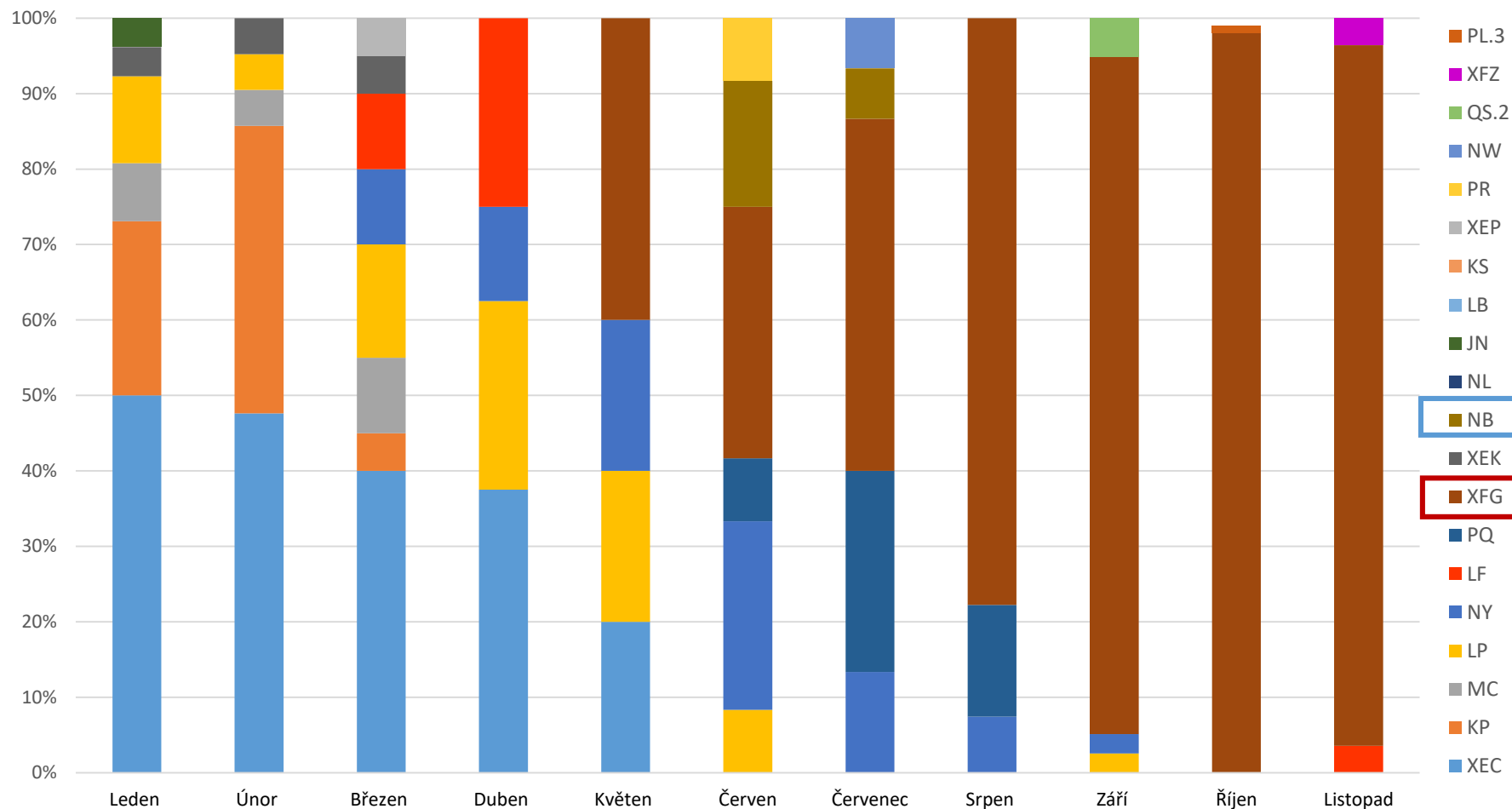
V posledním měsíci v Evropě převládá XFG (289 vzorků), následována XFG.3 (68 vzorků), XFG.3.4 (5 vzorků) a XFG.3.4.1 (30 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

U varianty NB.1.8.1 bylo v posledním měsíci 44 zachycených vzorků. Varianty XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.

V mnoha zemích a také již v Evropě se šíří varianta BA.3.2 (Cikáda), v posledních měsících byla detekována pouze v odpadních vodách a její šíření je tedy očekávané. Tato varianta je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86. V souvislosti s šířením této varianty se v některých zemích objevuje zvýšený počet případů, což by mohlo indikovat nástup již 3. epidemické vlny v tomto roce a 2. podzimní vlny. Varianta dostala jméno Cikáda podle velmi pomalého růstu od vzniku do objevení se.

Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v ČR v období leden - říjen 2025

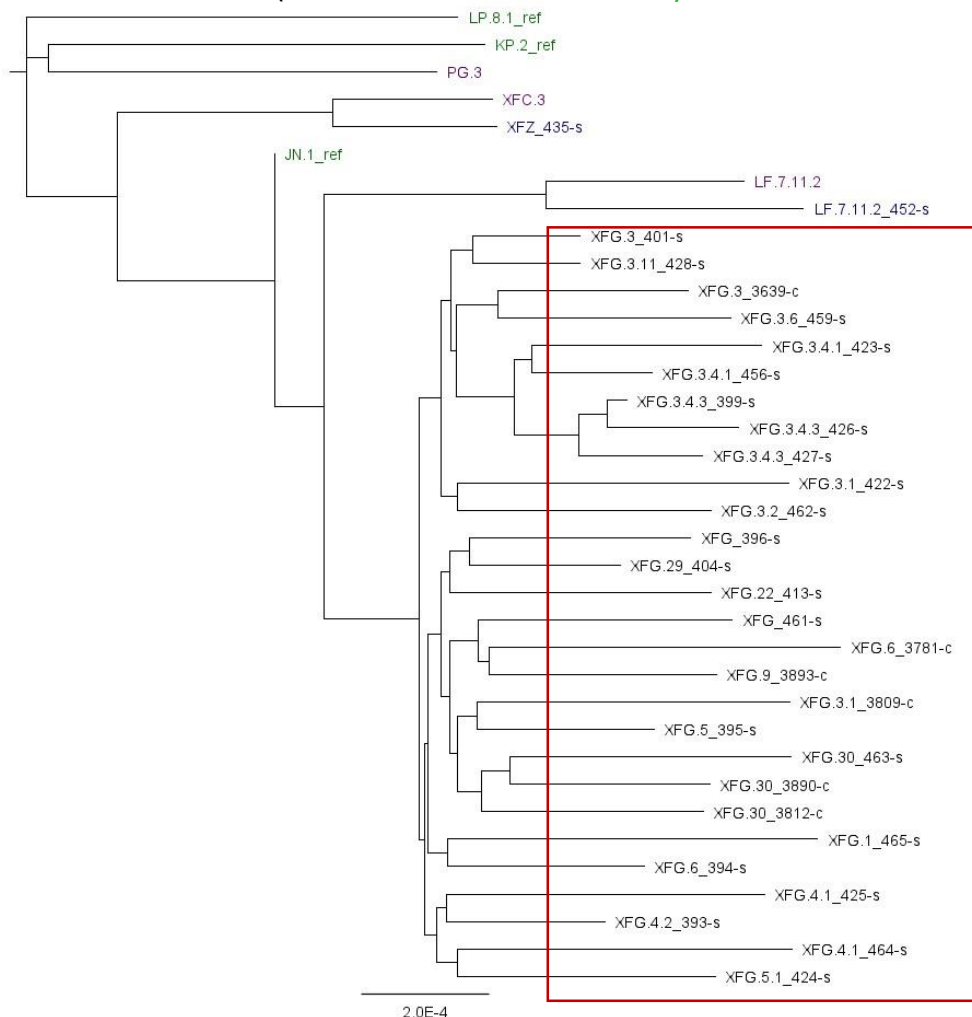
Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR podle relativní frekvence v čase



Na území ČR byly v období října pouze varianty XFG - Stratus. Tyto varianty jsou sledované podle WHO i ECDC. V současné době se zpracovávají sekvenace s datem odběru listopad).

Celogenomová fylogenetická analýza variant SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu LP.8.1 (30 vzorků + 3 **vakcinální kmeny** + 3 **referenční sekvence** z GISAID)



Data odběru vzorků:

20.10. 2025 - vzorek 3639_c

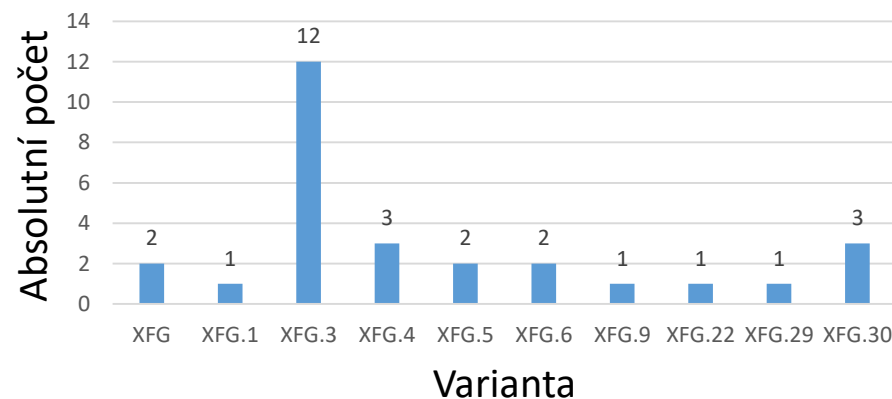
27.10. 2025 - vzorek 394_s

2.11. – 22.11. 2025 - ostatní vzorky

Byly provedeny sekvenace vzorků s datem oděru listopad.

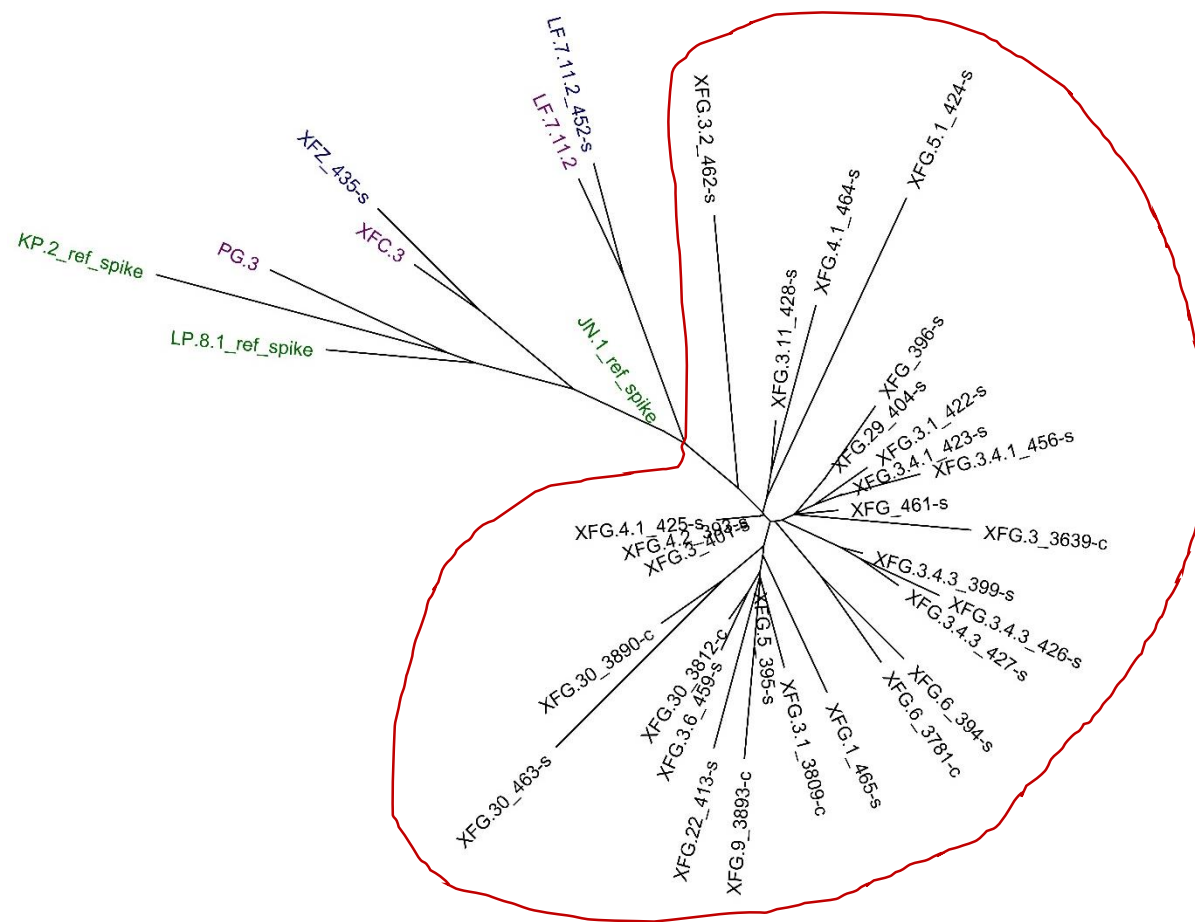
Zachyceny byly převážně varianty XFG, které patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byla detekována varianta LF.7.11.2 a nová rekombinantní varianta XFZ. Dendrogramy zobrazují fylogenetickou podobnost zachycených variant. Vysoký počet mutací mezi jednotlivými liniemi XFG spadá zejména do oblasti strukturálních proteinů. Z linií XFG se nejlépe šíří varianty XFG.3 a její subvarianty (XFG.3.4.1 a XFG.3.4.3), což je v souladu s Evropskými daty (v databázi GISAID).

Zastoupení detekovaných variant XFG



Fylogenetická analýza Spike proteinu u variant SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93% podobnosti nezakotvená (29 vzorků + 3 **vakcinální kmeny** + 3 **referenční sekvence z GISAID**)



Data odběru vzorků:

20.10. 2025 - vzorek 3639_c

27.10. 2025 - vzorek 394_s

2.11. – 22.11. 2025 - ostatní vzorky

V sekvenacích vzorků s datem odběru listopad byly zachyceny převážně varianty XFG.x, které patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Z nezakotveného dendrogramu pro Spike protein je patrné, že varianta XFG tvoří samostatný cluster, který je vzdálený od vakcinálních kmenů, a proto má tato varianta mírné riziko imunitního úniku.

Mimo tyto varianty byla detekována varianta LF.7.11.2 a nová rekombinantní varianta XFZ. Obě tyto varianty ve jsou Spike proteinu fylogeneticky blízké vakcinálním kmenům (mají menší počet mutací než varianty XFG).

- Ve 49. KT byly v rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance nejčastěji detekovány viry chřipky A (49,2 %), detekce viru chřipky typu B činila jen 0,6 %.
- **Od minulého týdne evidujeme tedy téměř 30% nárůst detekcí viru chřipky A.** Virologická data naznačují, že jsme vstoupili do epidemie chřipky.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 22,9 %.
- Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá (16,2 %).
- Podíl pozitivních detekcí RSV naopak jeví mírně rostoucí tendenci, RSV byl detekován ve 3,4 % pozitivních vzorků. Rovněž v sentinelové surveillance evidujeme první záchyt RSV.
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 188 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 31 vzorků. V 8 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 23 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3 a lze se domnívat, že letošní epidemie chřipky bude charakterizována dominancí A/H3N2.

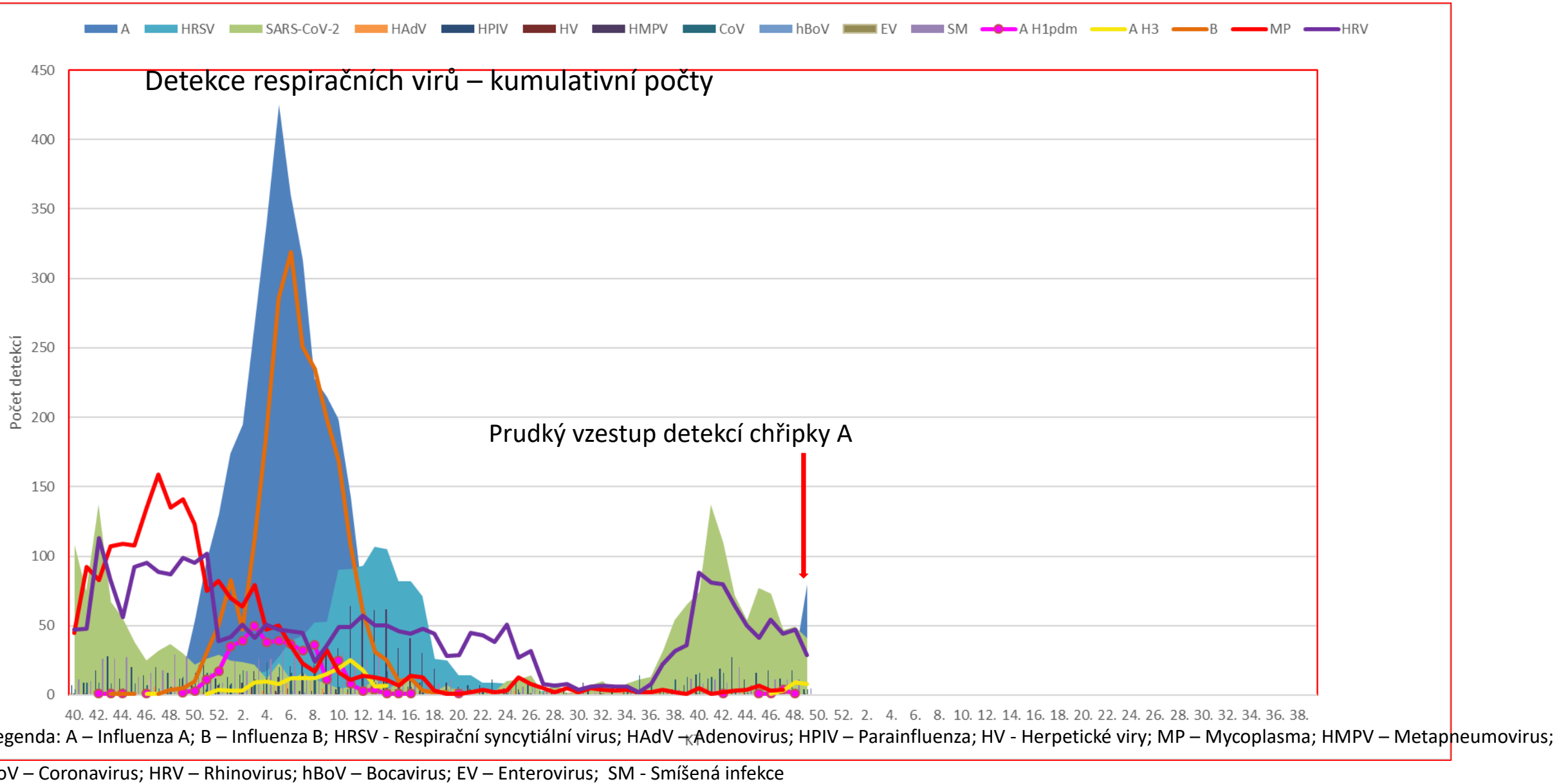
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		47.	Podíl	48.	Podíl	49.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	14	9,2%	26	15,4%	80	44,7%	157
	A H ₁ pdm	4	2,6%	1	0,6%		0,0%	8
	A H ₃	3	2,0%	9	5,3%	8	4,5%	23
	B		0,0%		0,0%	1	0,6%	2
	HRSV	1	0,7%	3	1,8%	6	3,4%	25
	HAdV	6	3,9%	3	1,8%		0,0%	44
	HPIV	12	7,9%	18	10,7%	4	2,2%	168
	HV	3	2,0%		0,0%	1	0,6%	10
	MP	4	2,6%		0,0%		0,0%	38
	HMPV		0,0%		0,0%		0,0%	2
	CoV	1	0,7%		0,0%	4	2,2%	100
	HRV	44	28,9%	47	27,8%	29	16,2%	676
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%	7
	EV	2	1,3%	2	1,2%		0,0%	21
	SARS-CoV-2	47	30,9%	49	29,0%	41	22,9%	898
	SM	11	7,2%	11	6,5%	5	2,8%	118
	pozitivní	152	15,9%	169	14,1%	179	18,4%	2297
	negativní	806		1031		796		11411
Celkový počet vyšetření:		958		1200		975		13708

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		45.	Podíl	46.	Podíl	47.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	21	13,8%	36	21,3%	88	49,2%	188
	B	0	0,0%	0	0,0%	1	0,6%	2
	Celkem	21	0,138	36	0,213	89	49,7%	190





Komentář : antigenní změna virů chřipky A: A/H1N1pdm subclade D.3.1 (Missouri like), A/H3N2 subclade (podskupiny) K – Norway like

Jedná se o poměrně významně antigenně odlišnou podskupinu viru chřipky A, subtypu H3N2. Nejedná se o nový virus, ale virus, který globálně cirkuluje od 1968, tzv. Hongkongské chřipkové pandemie. U všech virů chřipky je běžné, že se mění. Mění se především povrchové antigeny, tedy bílkoviny, v tomto případě hemagglutinin, který slouží ke vstupu do buněk respiračního traktu a současně je i cílem virus neutralizačních protilátek.

Evoluce viru, tedy i objevení se podskupiny K subtypu A/H3N2, je přirozeným jevem doprovázející adaptaci viru a jeho snahu uniknout před imunitní obranou člověka. K takovýmto významnějším změnám dochází, příkladem může být i velká epidemie chřipky z roku 1948 (H1N1), nebo 1996 (H3N2).

Obecně asi 1/3 všech globálně detekovaných H3N2 patří do této evoluční skupiny. V Evropě patří do této podskupiny téměř všechny sekvenované viry chřipky A/H3N2, také v ČR jsme potvrdili výskyt této subclade. V ČR bylo celogenomovou sekvenací charakterizováno celkem 5 vzorků, 1 vzorek A/H3N2 spadl do skupiny K (Norway like).

Rovněž u subtypu A/H1N1pdm došlo k antigennímu driftu a drtivá většina sekvenovaných virů v Evropě spadá do subclade D.3.1 (Missouri like).

Také v ČR všechny sekvenované chřipky A/H1N1pdm spadaly do skupiny kmenů Missouri like (3x D.3.1.1. a 1x D.3.1).

Tento antigenní vliv negativně ovlivňuje účinnost letošní chřipkové vakcíny. Přesto je vhodné očkování, a to nejen ve věkové skupině osob starších 65 let.

V této souvislosti je třeba připomenout, že vakcína proti chřipce chrání především před těžkým onemocněním vedoucím k hospitalizaci a případně úmrtím.

Chřipka je závažným onemocněním a nelze ji zaměňovat s nachlazením.



Závěr souhrn - virologická surveillance ARI/ILI (EU/EHP 48. KT, ČR 49. KT)

EU/EHP 48. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je v přibližně polovině zemí, které podávají hlášení, vyšší než základní hodnota. Cirkulace viru chřipky nadále roste a většina zemí nyní hlásí rozsáhlou aktivitu s nízkou až střední intenzitou. Chřipka typu A je dominantní ve všech zemích, přičemž A(H3N2) je v posledních týdnech hnací silou rostoucího trendu. Cirkulace je nejvyšší u dětí ve věku 5–14 let. V některých zemích je pozorován nárůst hospitalizací, který postihuje všechny věkové skupiny, ale především dospělé ve věku 65 let a starší. Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) pomalu roste z nízkých úrovní, ale zůstává pod úrovní, která byla v tomto období pozorována v posledních čtyřech sezónách. Data z nemocnic ukazují v několika zemích rostoucí počet hospitalizací souvisejících s RSV, zejména u dětí mladších pěti let. SARS-CoV-2 nadále cirkuluje, ale ve všech věkových skupinách klesá a dopad na hospitalizace je v současné době omezený.

ČR 49. KT

Ve 49. KT byly v rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance nejčastěji detekovány viry chřipky (49,2 % tvořily detekce typu A a 0,6 % detekce viru chřipky typu B). Od minulého týdne evidujeme téměř 30% nárůst detekcí viru chřipky A. Od 36. KT bylo zachyceno celkem 188 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 31 vzorků, v 8 případech byl subtyp určen jako A/H1pdm, ve 23 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3 a lze se domnívat, že letošní epidemie chřipky bude charakterizována dominancí A/H3N2. Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 22,9 %. Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá (16,2 %). Podíl pozitivních detekcí RSV naopak jeví mírně rostoucí tendenci, RSV byl detekován ve 3,4 % pozitivních vzorků, rovněž v sentinelové surveillance evidujeme první záchyt RSV. Epidemiologická data nemocnosti nenasvědčují, že bychom se nacházeli na počátku epidemie chřipky, ale virologické hodnocení jasně ukazuje na vstup do epidemie. Dominantním cirkulujícím subtypem je A/H3N2, a můžeme se odmnívat, že ve shodě s EU/EHP se bude jednat o subclade K subtypu A/H3N2. V ČR je nyní potvrzena jen jediná sekvence H3N2 (K), ale jedná se o jediný sekvenovaný vzorek A/H3N2 z jediné sekvenované A/H3. Do listopadu dominovaly detekce H1N1pdm, od prosince se dominance překlátila na H3N2. Vzhledem k velkému antigennímu driftu H3N2 lze očekávat, že účinnost vakcíny bude nižší. H1N1pdm - i v tomto případě pozorujeme majoritní šíření driftované subclade D.3.1, jak v EU/EEA tak v ČR, i v tomto případě je negativně ovlivněna účinnost vakcíny.

Epidemiologický souhrn ČR:

Ve 49. týdně roku 2025 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1242 na 100 000 obyvatel, což představuje vzestup o 15,2 % v porovnání s předchozím týdnem. Celková nemocnost je sice zatím na úrovni hodnot obvyklých pro toto roční období, ale je zaznamenán značný vzestup nemocnosti u dětí ve věku 6 až 14 let (+ 29 %). V kategorii chřipkových onemocnění (ILI) se v ČR nemocnost výrazně zvyšuje, a to zejména u dětí a dospělých do 24 let, což bývá typické před začátkem chřipkové epidemie. Situace v ČR odpovídá situaci v EU/EEA. Mezi jednotlivými kraji nejsou v nemocnosti významné rozdíly.

Upozornění: v souvislosti s vánočními svátky a koncem roku bude poslední letošní zpráva uveřejněna 22. 12. 2025, další zpráva bude k dispozici 5. 1. 2026