



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 05/01/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP

ECDC zpráva zatím není aktualizována.

K dispozici jsou pouze sekvenační data z omezeného počtu zemí.

V období od 5/12/2025 do 5/1/2026 bylo osekvenováno 883 vzorků viru chřipky typu A a 2 vzorky chřipky typu B. Sekvence A/H1N1pdm tvořily 2%, zbytek připadl na A/H3N2. V této skupině jasně dominují sekvence náležící do subklády K, tedy podobné referenčnímu kmenu A/Norway/8765/2025

Země	Počet
Anglie	9
Francie	161
Itálie	84
Nizozemí	76
Portugalsko	2
Rakousko	17
Rumunsko	10
Rusko	470
Španělsko	38
Ukrajina	9
Wales	7
Celkový součet	883

Subtype	Clade	short-clade	subclade	Počet	Procento	Ref seq
A / H1N1	6B.1A.5a.2a.1	5a.2a.1	D.3.1	10	0,053	A/Missouri/11/2025
A / H1N1	6B.1A.5a.2a.1	5a.2a.1	D.3.1.1	178	0,947	A/Missouri/11/2025
A / H3N2	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2	2	0,0003	A/District Of Columbia/27/2023
A / H3N2	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2.2	10	0,014	A/Lisboa/216/2023
A / H3N2	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2.3	5	0,007	NA
A / H3N2	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2.4	4	0,0005	A/Singapore/GP20238/2024
A / H3N2	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	K	674	0,97	A/Norway/8765/2025

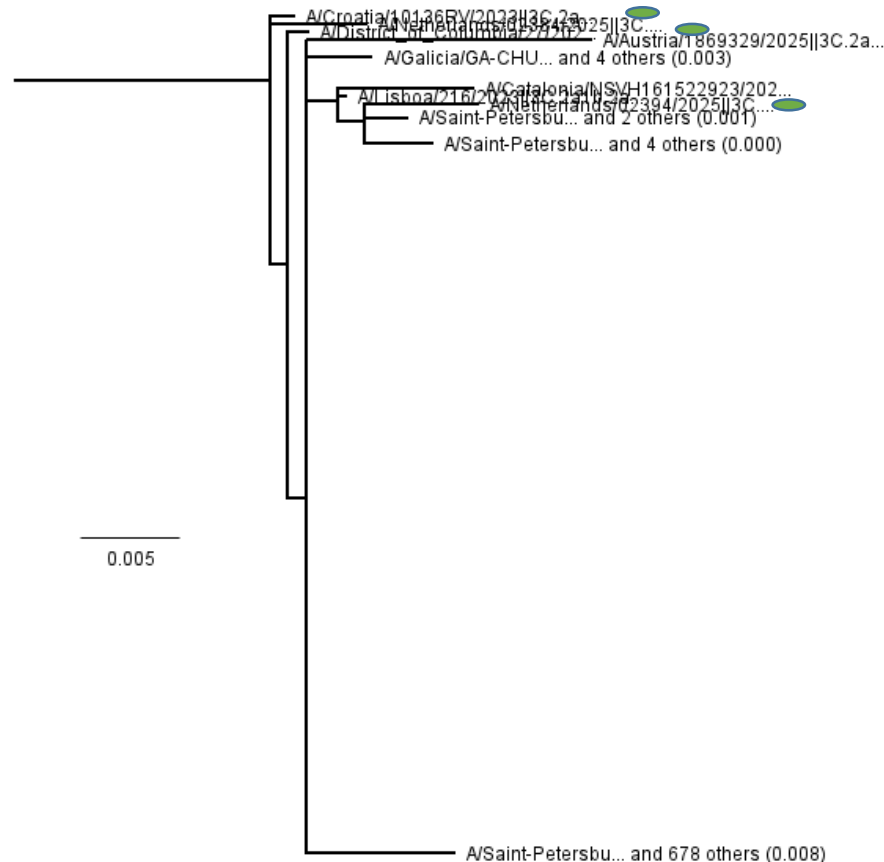
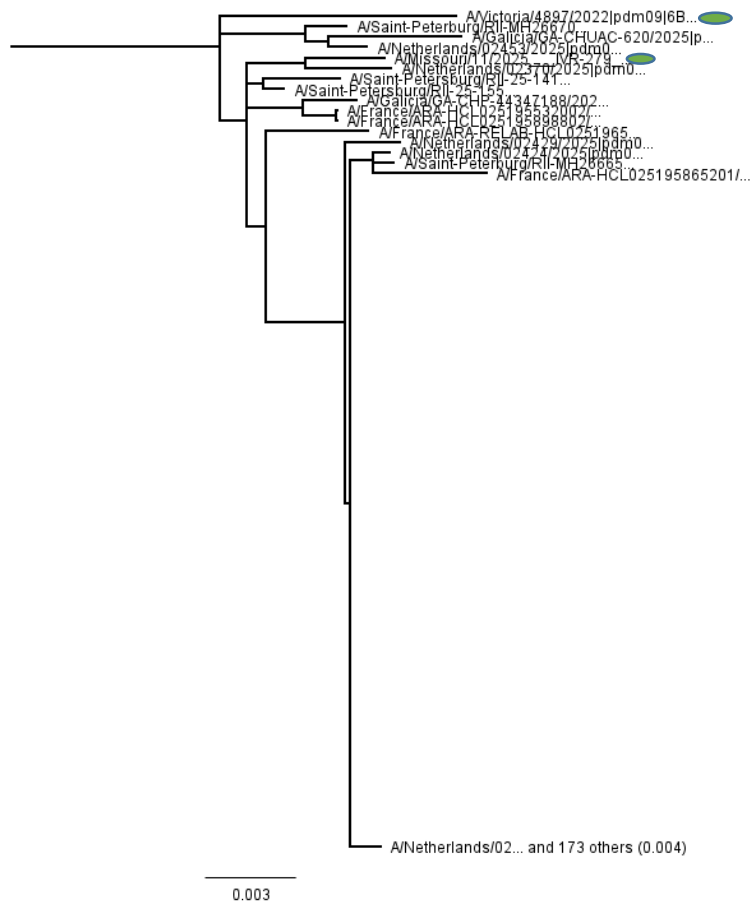
Zdroj: GISAID data

Celogenomová fylogenetická analýza subtypů chřipky A v Evropě

Dendrogram – fylogenetická analýza H1N1 segmentu HA (hemagglutinin)
podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H1N1/Victoria/4897/2022 (188 vzorky + 2 **vakcinální kmeny**)

Data odběru vzorků:
5. 12. 2025 – 5. 1. 2026

Dendrogram – fylogenetická analýza H3N2 segmentu HA (hemagglutinin)
podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H3N2/Croatia/10136RV/2023 (699 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)



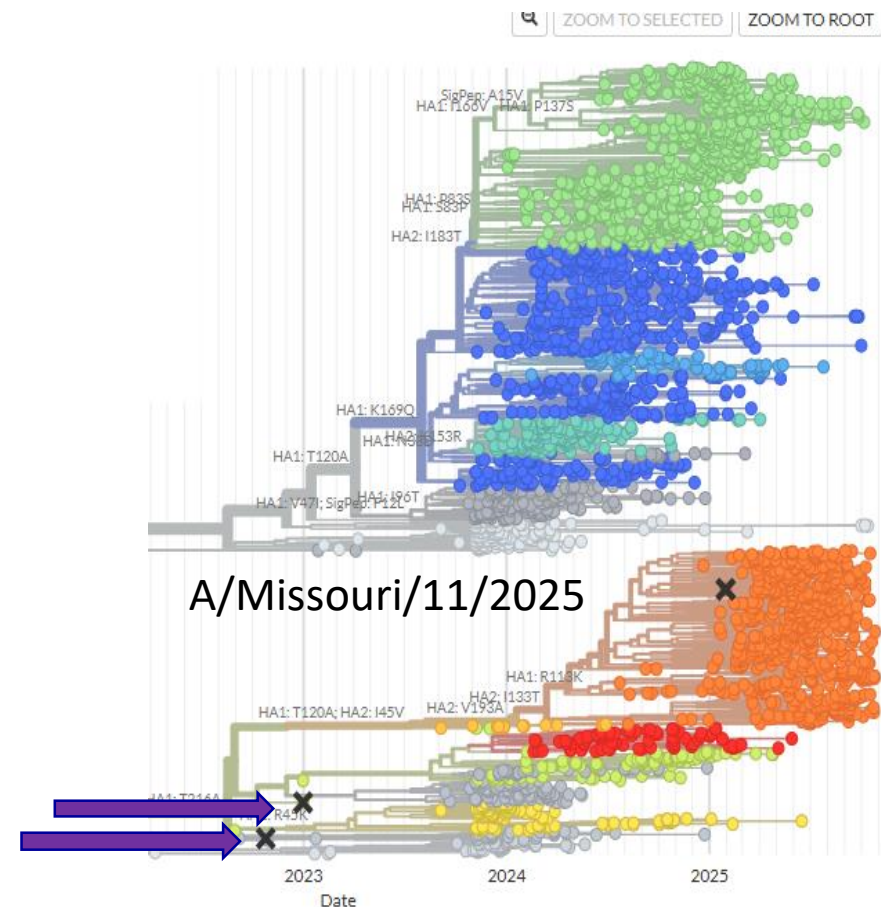
H1N1pdm – antigenní drift aktuálně sekvenovaných virů chřipky

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.

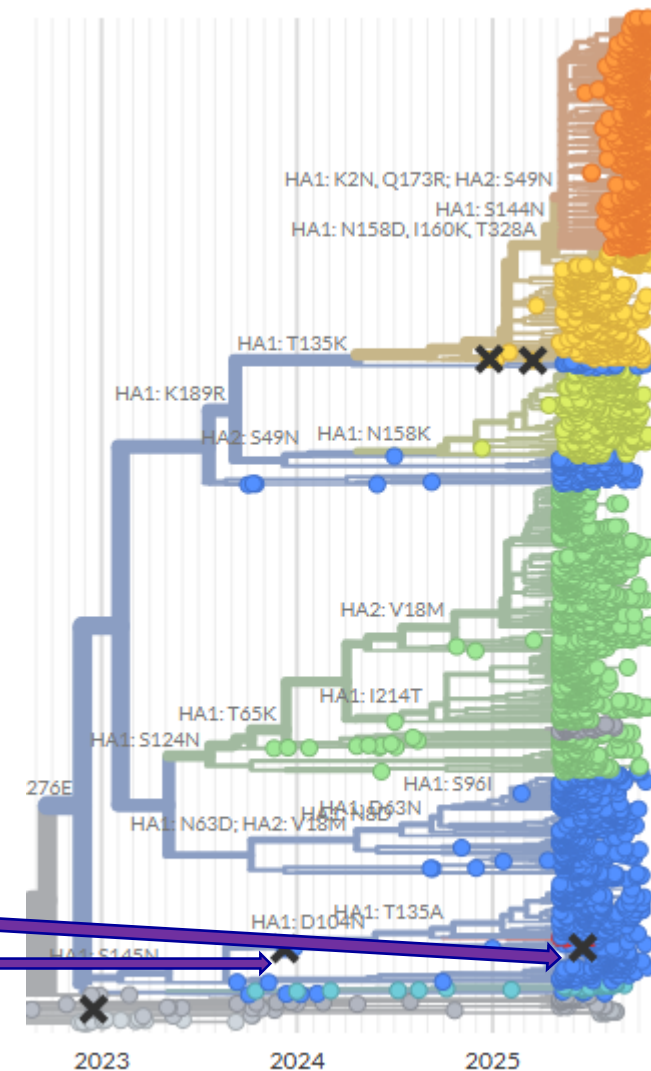
Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Norway like kmenů) od vakcinačního kmene :

- 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)

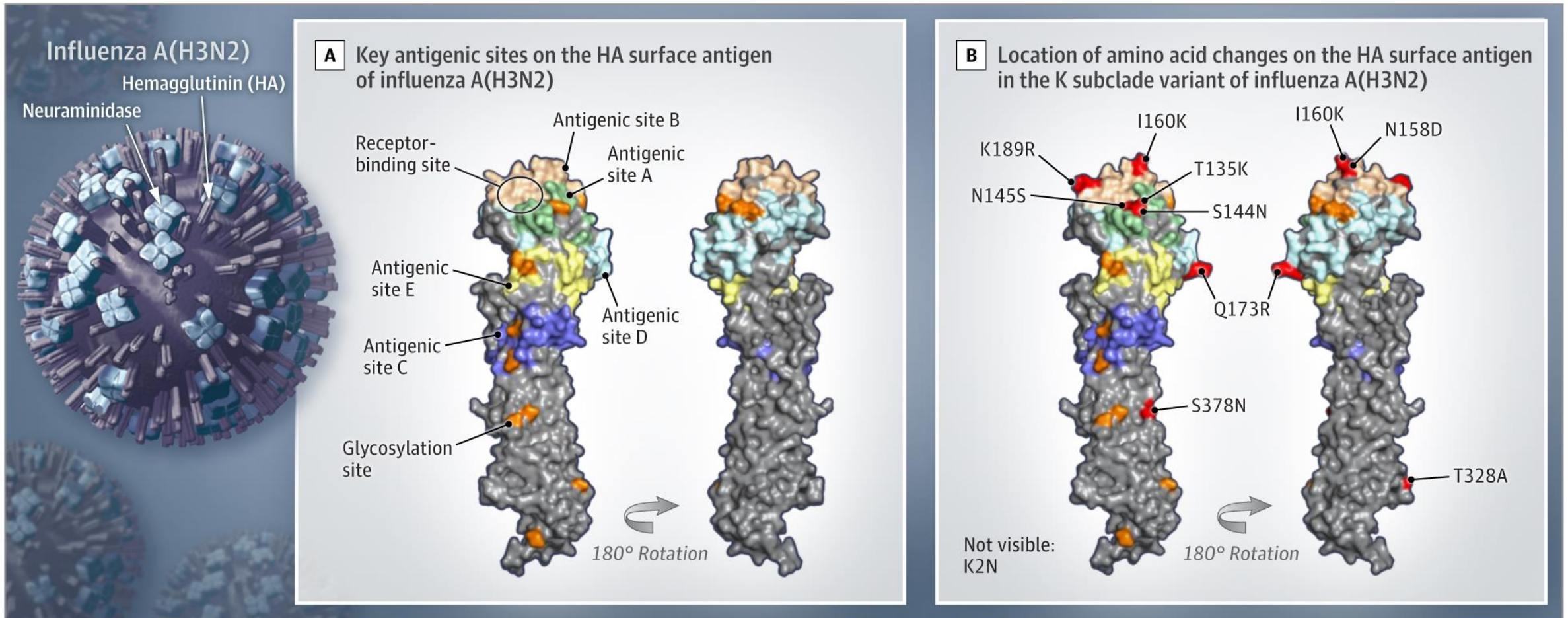
Vakcína proti chřipce A(H3N2) v sezóně 2025/26 na severní polokouli bude mít pravděpodobně nižší účinnost než v předchozích letech, protože dominantní varianta H3N2 (subclade K) obsahuje mutace, které se odlišují od vakcinačního kmene. Odhady účinnosti se pohybují kolem 30–40 % proti symptomatické infekci, 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

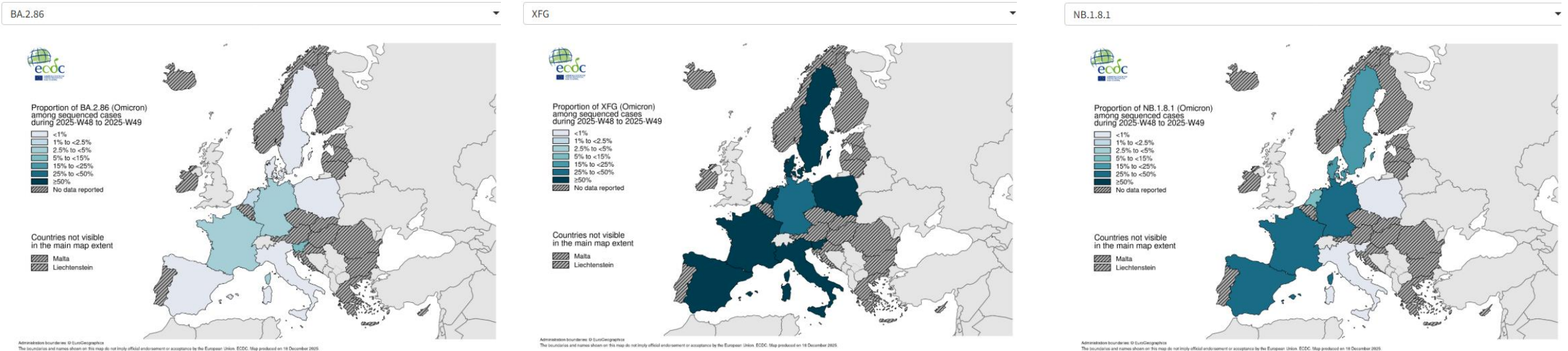


H3N2 – subclade K - strukturální změny v HA ovlivňující escape charakter



Zambon M, Hayden FG. Influenza A(H3N2) Subclade K Virus: Threat and Response. JAMA. Published online December 18, 2025. doi:10.1001/jama.2025.25903

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 48. a 49. týdnu (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



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

GISAID: SARS-CoV-2 charakteristika nově se šířících variant BA.3.2 a BA.3.2 like

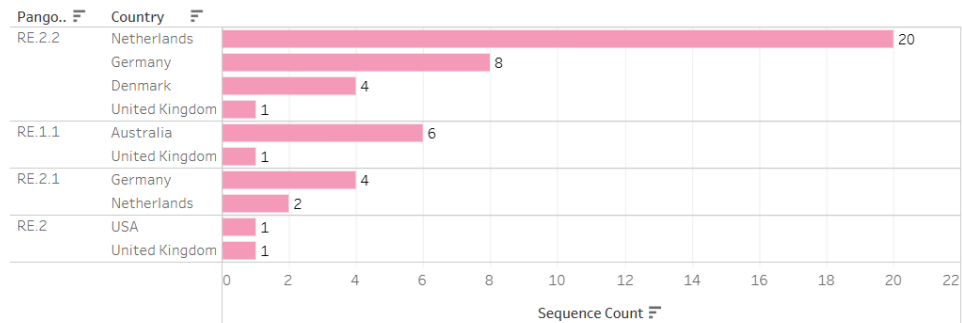
Globálně od října vykazovala BA.3.2.* „Cicada“ růstovou výhodu 4,7 % za den (33 % za týden) oproti XFG. RE.2.2 je

RE.2.2 je nejúspěšnější podlinií BA.3.2.* s růstem 3,3 %. Vykazuje ještě rychlejší růstový náskok o 6,6 % za den (46 % za týden) oproti XFG.* "Stratus".

Z Austrálie se začíná šířit, RE.2.2 (potomek RE.1.1 - rekombinanta BA.3.2.2. a JN.1, M, ORF6 a část orf7a pochází z JN.1.1)

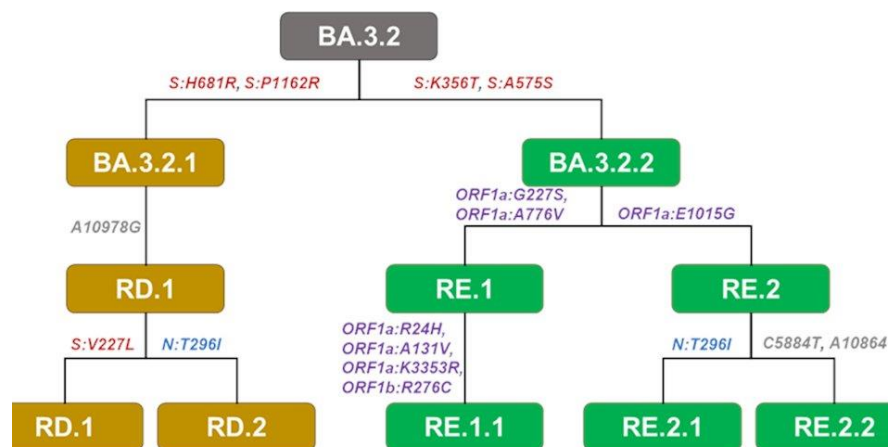


Sequence count - by Country



Link to dashboards: public.tableau.com/app/profile/raj.rajanarayanan | #NYITCOMResearch Report | Sequence data provided on this Viz are subject to GISAID's Terms and Conditions: <https://www.gisaid.org/registration/terms-of-use/> | Summary of PANGO designations: <https://www.pango.network/summary-of-designated-omicron-lineages/> | ^^ Nextclade tool: Aksamentov, I., Roemer, C., Hodcroft, E. B., & Neher, R. A., (2021). Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. Journal of Open Source Software, 6 (7), 3773.

Rozdíly mezi variantami BA.3.2.1 a BA.3.2.2.

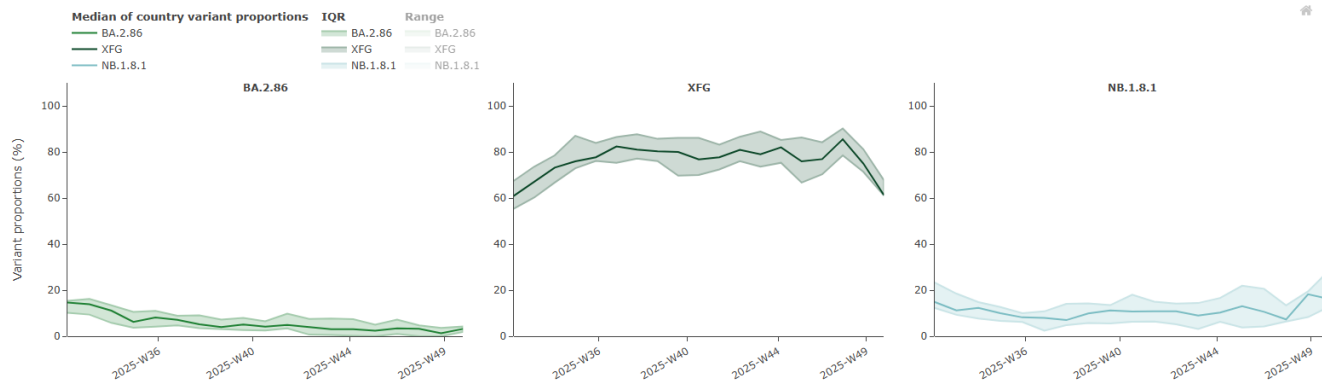


BA.3.2 vykazuje rozsáhlé delece, především je deletován celý ORF a 11 aminokyselin v N terminální oblasti spike

S:N137-, S:D138-, S:P139-, S:F140-, **NTD Deletion**
 S:L141-, S:G142-, S:V143-, S:Y145-, **136 to 147**
 S:H146-, S:K147-, S:N164K, S:S172F,

Zdroj: GISAID, interní data

Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)

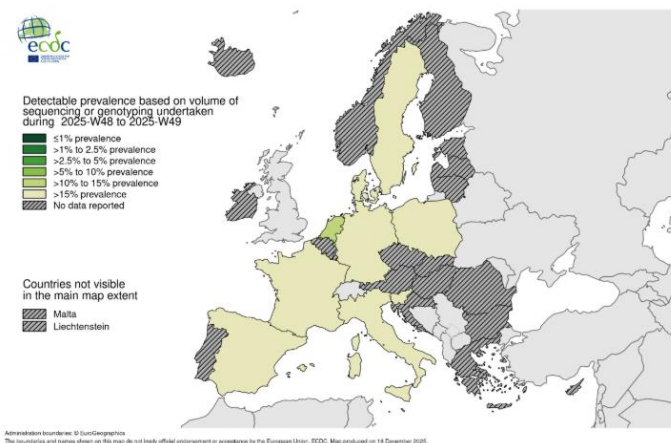


Souhrnný objem sekvenování

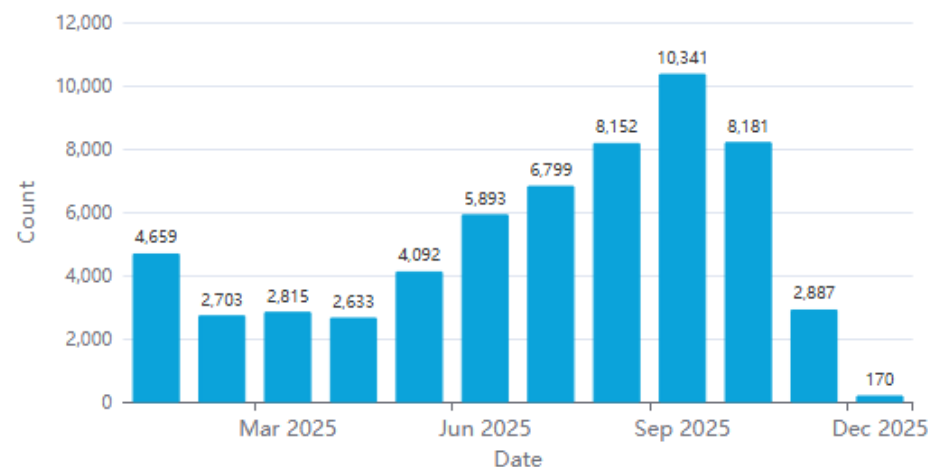
Country ↕	Data source ↕	Sequencing or genotyping volume	
		n ↕	Detection threshold ↕
Denmark	GISAID	31	>15% to 20%
France	GISAID	31	>15% to 20%
Germany	GISAID	24	>20% to 30%
Italy	GISAID	7	>30%
Netherlands	GISAID	54	>10% to 15%
Poland	GISAID	5	>30%
Slovenia	GISAID	15	>30%
Spain	GISAID	9	>30%
Sweden	GISAID	5	>30%

Objem sekvenování v 48. a 49. týdnu

Map of volume of sequencing or genotyping, 2025-W48 to 2025-W49



Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

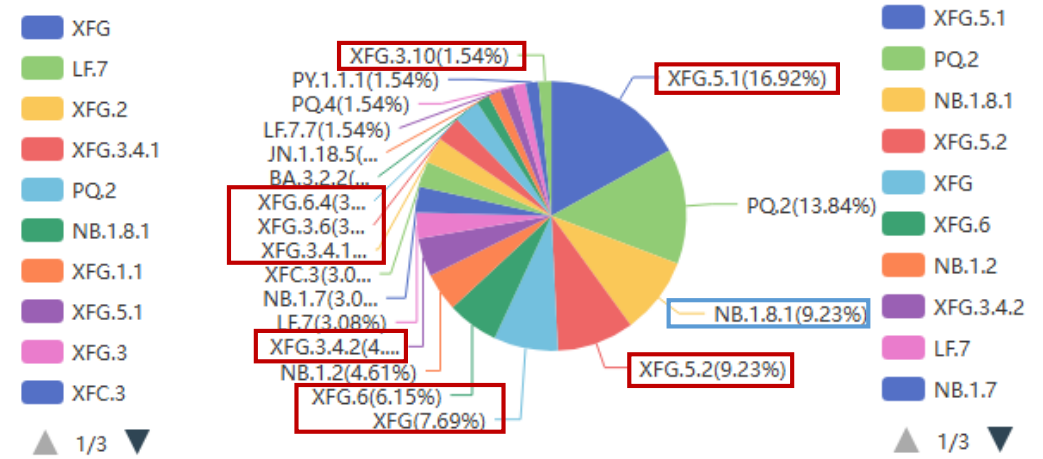
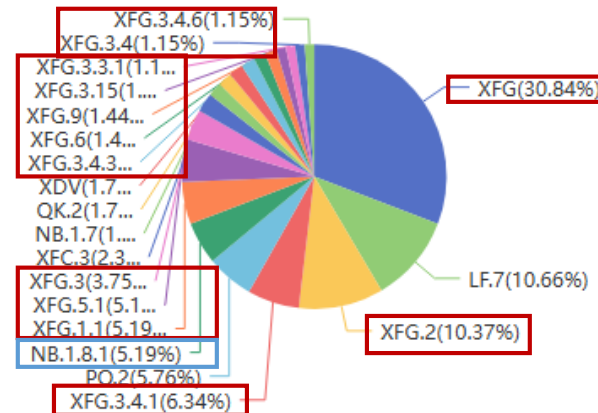
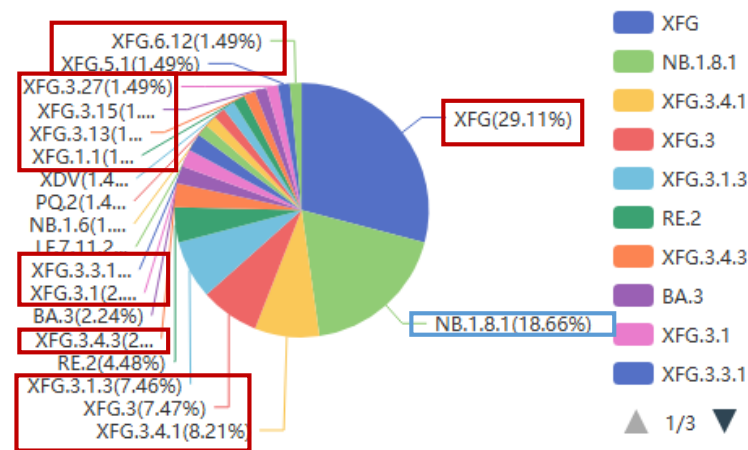


Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtenějších variant SARS-CoV-2

Evropa 5. 12. 2025 - 5. 1. 2026

Severní Amerika 5. 12. 2025 - 5. 1. 2026

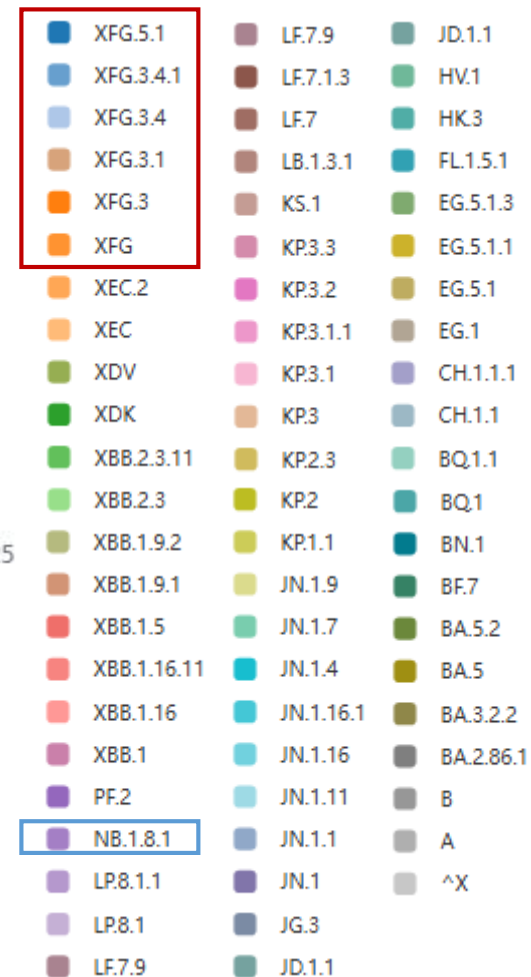
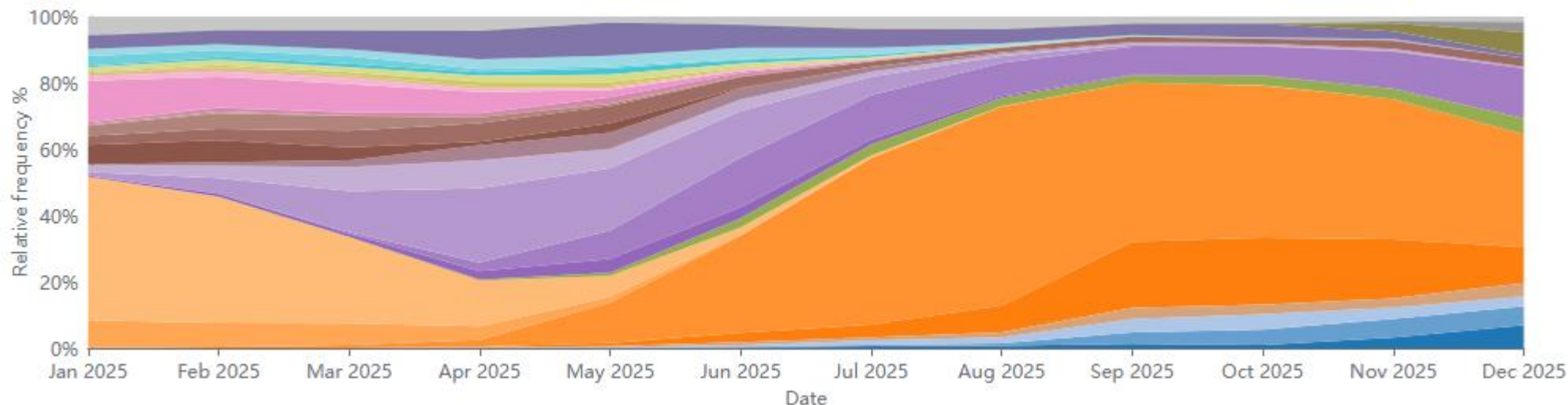
Asie 5. 12. 2025 - 5. 1. 2026



Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	166	434	68
XFG	39	107	5
XFG.3	10	13	0
XFG.3.4.1	11	22	2
XFG.5.1	2	18	11
NB.1.8.1	25	18	6
BA.3.2.2	1	0	1
PQ.2	2	20	9

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

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



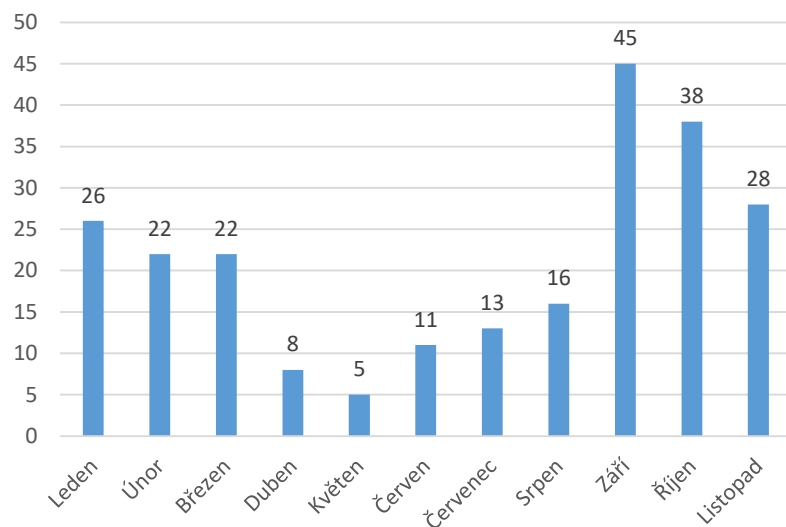
V posledním měsíci v Evropě, bylo provedeno 6 krát méně sekvenací v důsledku vánočních svátků. V Evropském regionu převládá XFG (39 vzorků), následována XFG.3 (10 vzorků), XFG.3.4.1 (11 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

U varianty NB.1.8.1 bylo v posledním měsíci 25 zachycených vzorků. Varianty XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.

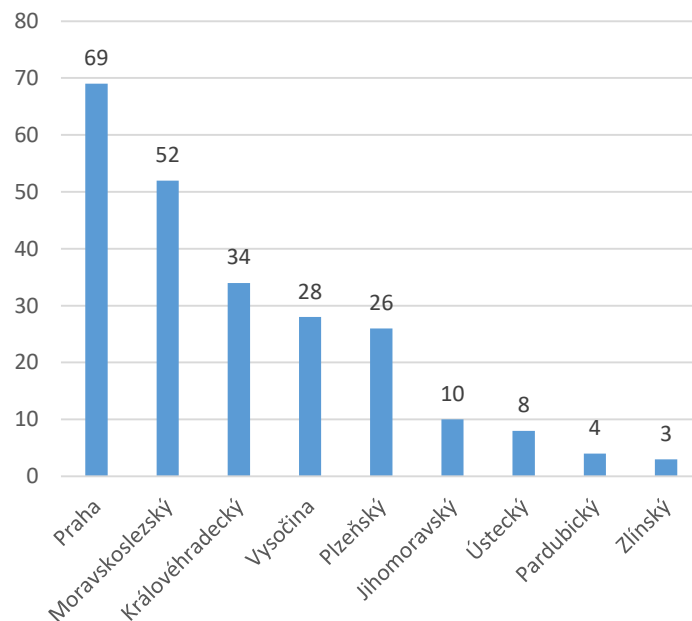
V Evropě očekávaná varianta BA.3.2.2 (Cikáda), byla zachycena a zveřejněna 1 sekvenace v databázi GISAID, vzhledem k celkovému objemu sekvenací v posledním měsíci nelze zatím predikovat další vývoj. Tato varianta je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86.

Sekvenační přehled SARS-CoV-2 v ČR v období leden - listopad 2025

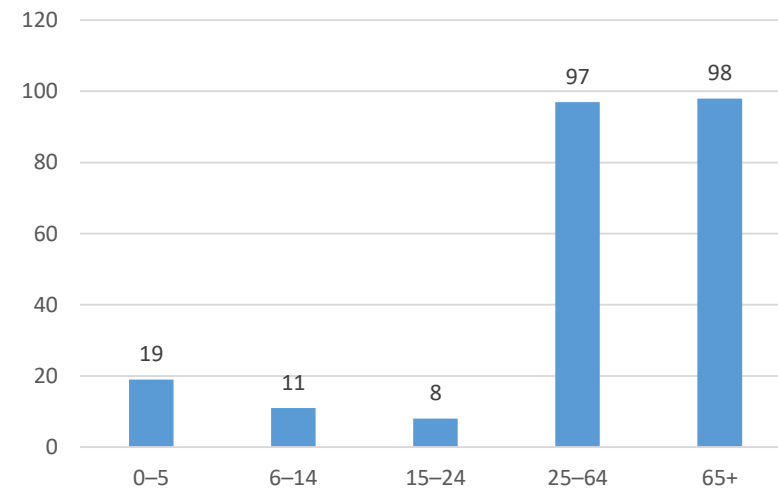
Počty sekvenovaných vzorků SARS-CoV-2 s datem odběru leden- listopad 2025



Zastoupení krajů



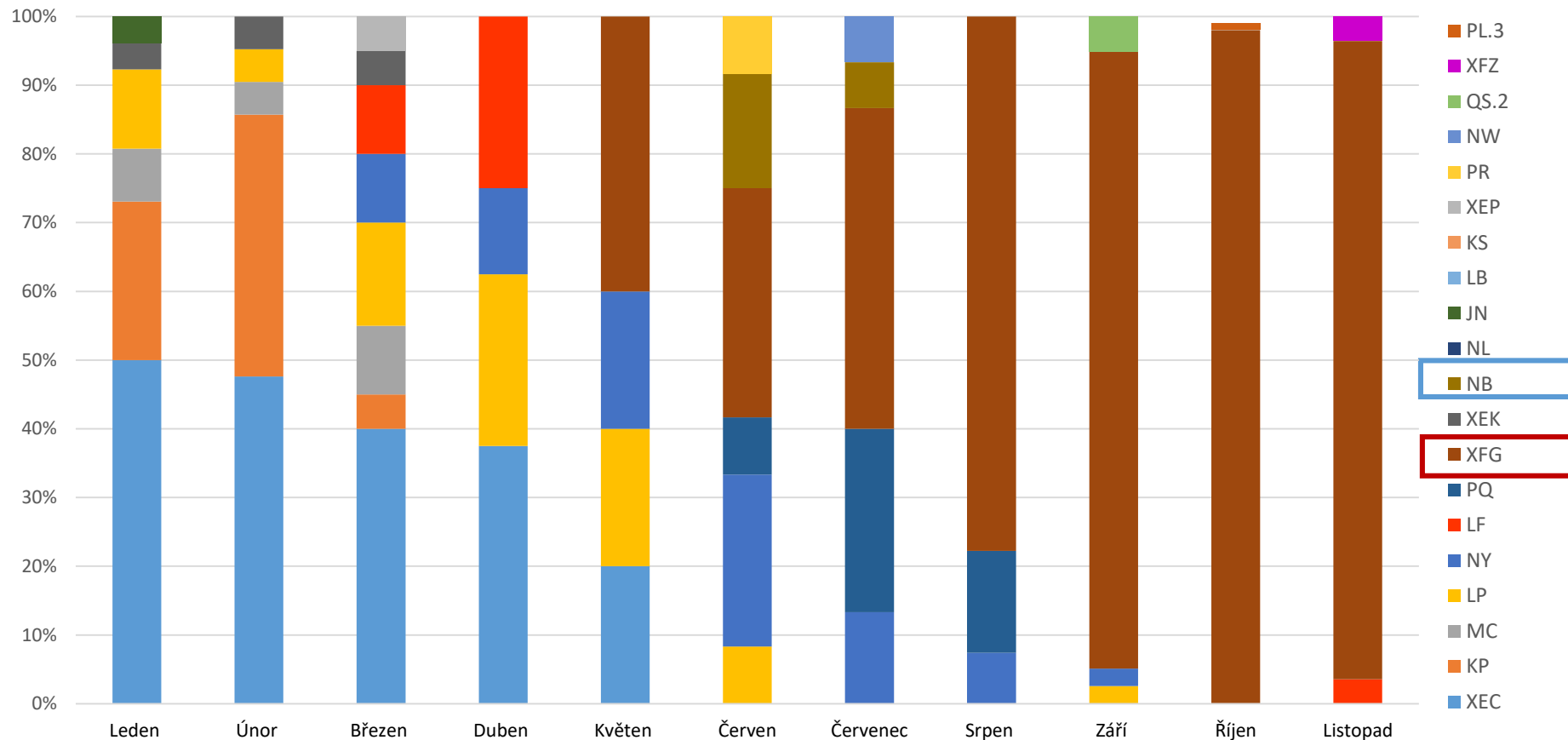
Zastoupení věkových skupin



V ČR bylo v průběhu letošního roku (2025) osekvenováno 234 vzorků SARS-CoV-2. Vzorky s datem odběru prosinec 2025 **budou zveřejněny ve zprávě k 19. 1. 2026**, vzhledem k posílání vzorků do NRL od jednotlivých pracovišť zpětně. V grafech naleznete celkový počet sekvenací za jednotlivé měsíce, zastoupení jednotlivých krajů a zastoupení věkových skupin pacientů.

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

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



Na území ČR byly v období listopadu detekovány převážně varianty XFG - Stratus. Tyto varianty jsou sledované podle WHO i ECDC. Vyjma těchto variant byla v listopadu zachycena varianta LF.7.11 a rekombinantní varianta XFZ.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 52. KT

- V 52. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 80% hranici. Viry chřipky A představují 82,2 % podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl prokázán v jednom případě.
- **Od minulého týdne evidujeme i v době svátků 13% nárůst detekcí viru chřipky A.**
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 mírně stoupá ve shodě s globálními daty, v ČR dosáhl 7,9% podílu pozitivních detekcí. Zatím nelze pro nedostatek sekvenčních dat říci, zda se jedná o vzestup v důsledku šíření nové varianty BA.3.2.x (Cikáda).
- Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 4,3 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV je velmi nízký (0,5 %), mírný vzestup zaznamenáváme u detekcí adenovirů (2,8 %).
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 1511 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 110 vzorků. Ve 14 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 96 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3 a lze se domnívat, že letošní epidemie chřipky bude charakterizována dominancí A/H3N2, což odpovídá šíření subklády K.

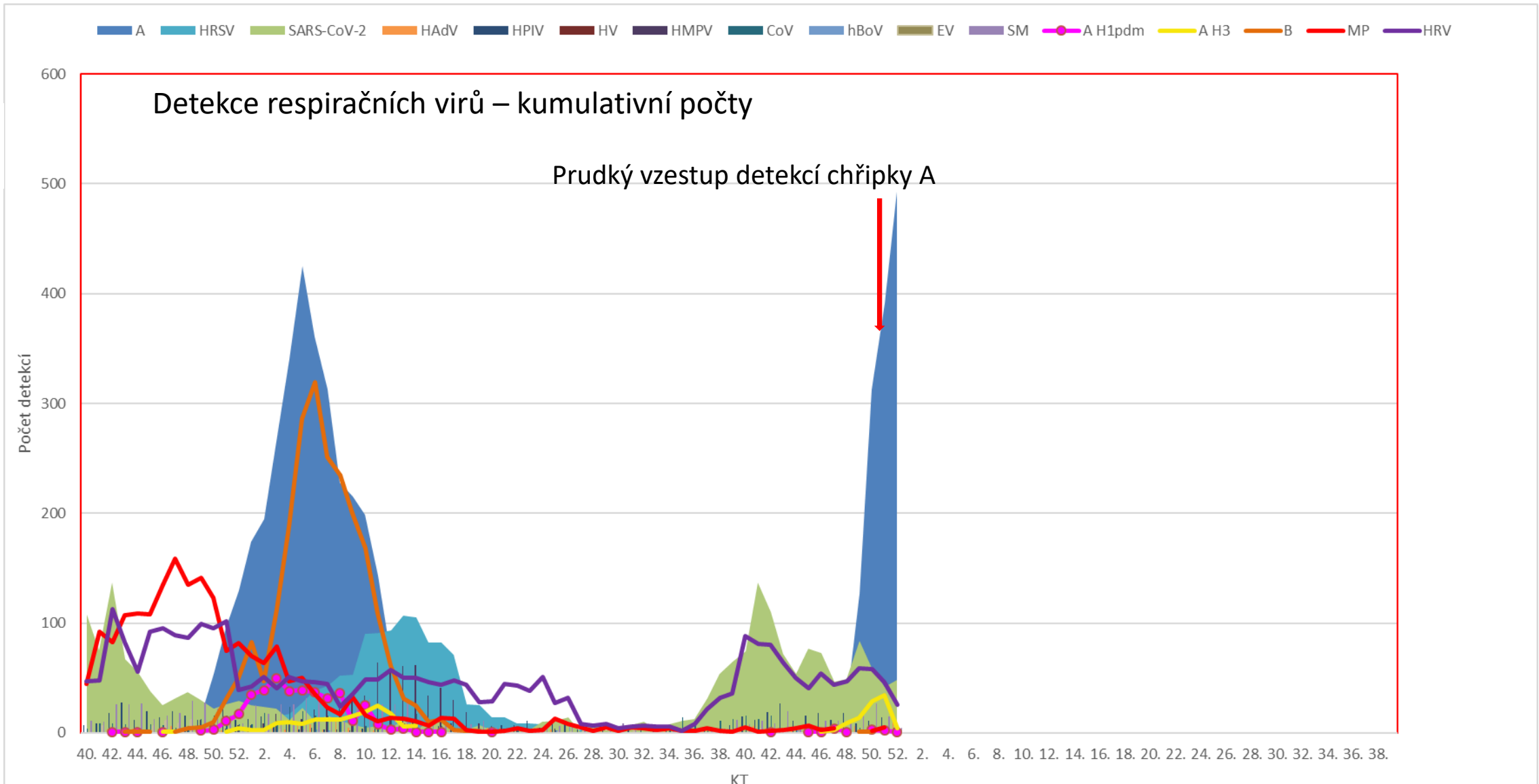
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		49	Podíl	50.	Podíl	51.	Podíl	52.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	127	37,9%	313	59,1%	391	68,0%	493	81,4%	1401
	A H ₁ pdm		0,0%	3	0,6%	2	0,3%	1	0,2%	14
	A H ₃	14	4,2%	29	5,5%	34	5,9%	4	0,7%	96
	B	1	0,3%	1	0,2%		0,0%	1	0,2%	4
	HRSV	8	2,4%	9	1,7%	15	2,6%	3	0,5%	54
	HAdV	6	1,8%	4	0,8%	5	0,9%	17	2,8%	76
	HPIV	9	2,7%	11	2,1%	14	2,4%	5	0,8%	203
	HV	1	0,3%	2	0,4%	2	0,3%		0,0%	14
	MP		0,0%	2	0,4%	5	0,9%		0,0%	45
	HMPV	1	0,3%	1	0,2%		0,0%		0,0%	4
	CoV	5	1,5%	7	1,3%	4	0,7%	1	0,2%	113
	HRV	59	17,6%	58	10,9%	46	8,0%	26	4,3%	836
	hBoV	2	0,6%	1	0,2%		0,0%		0,0%	10
	EV		0,0%	3	0,6%		0,0%	2	0,3%	26
	SARS-CoV-2	84	25,1%	59	11,1%	42	7,3%	48	7,9%	1090
	SM	18	5,4%	27	5,1%	15	2,6%	5	0,8%	178
	pozitivní	335	23,2%	530	28,0%	575	30,9%	606	32,5%	4164
	negativní	1108		1361		1286		1261		15631
Celkový počet vyšetření:		1443		1891		1861		1867		19795

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		49	Podíl	50.	Podíl	51.	Podíl	52.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	141	42,1%	345	65,1%	427	74,3%	498	82,2%	1511
	B	1	0,3%	1	0,2%	0	0,0%	1	0,2%	2
	Celkem	142	0,424	346	0,653	427	0,7426	499	82,3%	1513



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

H5Nx – kumulativní počet prokázaných humánních infekcí od roku 2003

Cumulative number of confirmed human cases[†] for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2025

Country	2003-2009*		2010-2014*		2015-2019*		2020-2024*		2025		Total	
	cases	deaths	cases	deaths	cases	deaths	cases	deaths	cases	deaths	cases	deaths
Australia	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Azerbaijan	8	5	0	0	0	0	0	0	0	0	8	5
Bangladesh	1	0	6	1	1	0	0	0	3	0	11	1
Cambodia	9	7	47	30	0	0	16	6	18	9	90	52
Canada	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	2	1
Chile	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
China	38	25	9	5	6	1	3	1	1	0	57	32
Djibouti	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ecuador	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Egypt	90	27	120	50	149	43	0	0	0	0	359	120
India	0	0	0	0	0	0	1	1	2	2	3	3
Indonesia	162	134	35	31	3	3	0	0	0	0	200	168
Iraq	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2
Lao People's Democratic Republic	2	2	0	0	0	0	1	0	0	0	3	2
Mexico	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
Myanmar	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Nepal	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1
Nigeria	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Pakistan	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1
Spain	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	0
Thailand	25	17	0	0	0	0	0	0	0	0	25	17
Turkey	12	4	0	0	0	0	0	0	0	0	12	4
United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland	0	0	0	0	0	0	5	0	1	0	6	0
United States of America**	0	0	0	0	0	0	68	1	3	0	71	1
Viet Nam	112	57	15	7	0	0	2	1	1	0	130	65
Total	468	282	233	125	160	48	102	10	30	12	993	477

*2003-2009, 2010-2014, 2015-2019 and 2020-2024 total figures. Breakdowns by year available on subsequent tables.

** For the United States of America, in 2024, cases reported as A(H5) are included here.

[†]This count includes reported detections in asymptomatic individuals. In some cases, the confirmation of infection versus transient contamination of the nasopharynx/oropharynx with virus particles after exposure to infected birds or contaminated environment remains inconclusive. Total number of cases includes number of deaths. Counts are according to reporting country which may differ from country where exposure may have occurred.

WHO reports only laboratory-confirmed cases. All dates refer to onset of illness.

Source: WHO/GIP, data in HQ as of 19 December 2025.

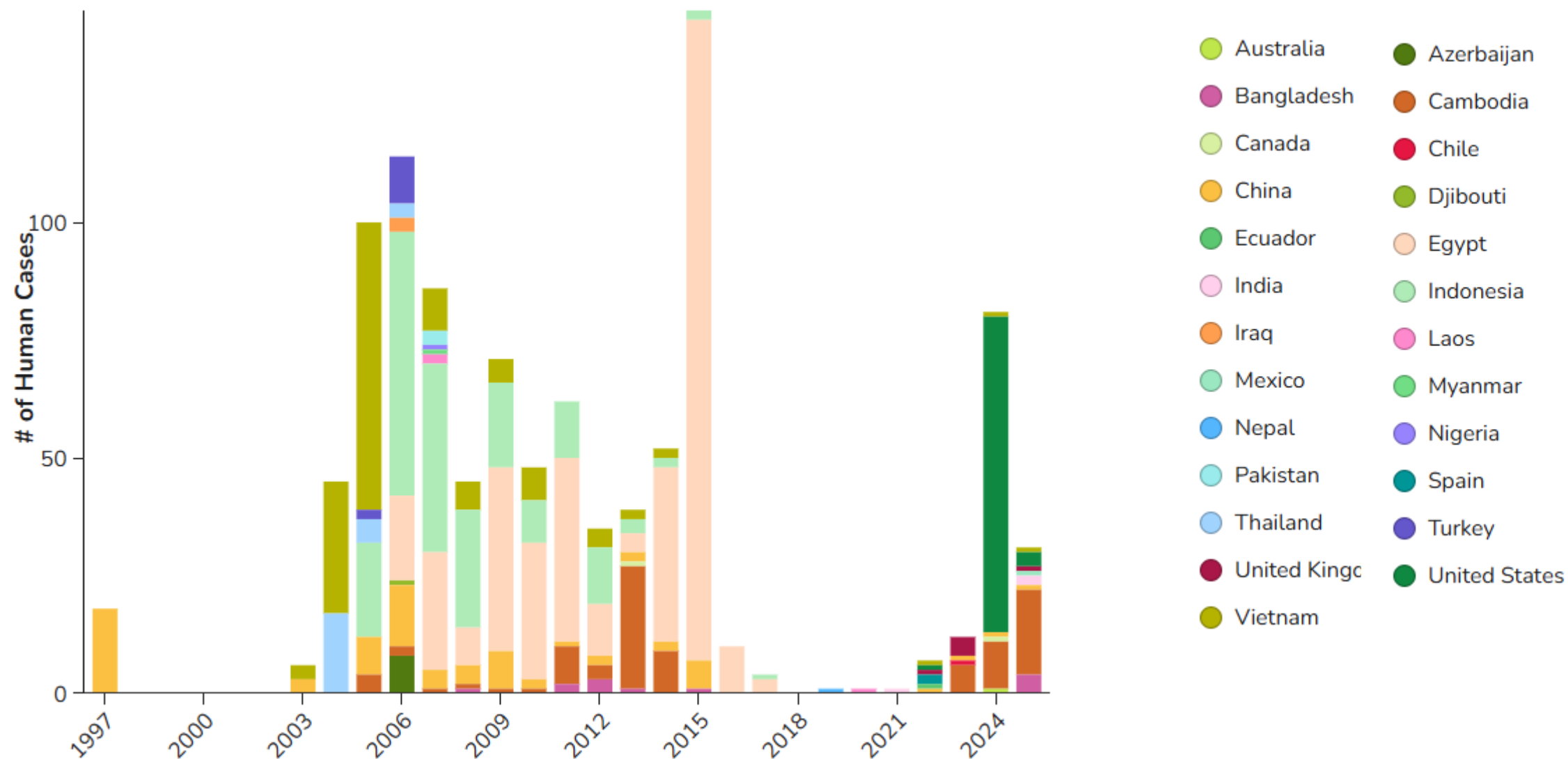


H5N1: Od roku 203 nulo laboratorně potvrzeno 993 případů onemocnění člověka ptačí chřipkou A/H5N1, s průměrnou mortalitou 48 %. Mortalita /CFR) se pohybovala od 4,9 % do 75 %, pokles byl dán nízkou mortalitou v USA v souvislosti s šířením klády HA 2.3.4.4b, a genotypu B.1.13.
H5N6: Od roku 2014 bylo laboratorně potvrzeno 93 případů nákazy virem A(H5N6) zejména v Číně. Poslední byl hlášen v červnu 2024. Mortalita (CFR) je k dnešnímu dni 44 %.

Year	Cases	Deaths	Case fatality rate
2003	4	4	100%
2004	46	32	69.6%
2005	98	43	43.9%
2006	115	79	68.7%
2007	88	59	67.0%
2008	44	33	75.0%
2009	73	32	43.8%
2010	48	24	50.0%
2011	62	34	54.8%
2012	32	20	62.5%
2013	39	25	64.1%
2014	52	22	42.3%
2015	145	42	29.0%
2016	10	3	30.0%
2017	4	2	50.0%
2018	0	0	0%
2019	1	1	100%
2020	1	0	0%
2021	2	1	50.0%
2022	6	1	16.7%
2023	12	4	33.3%
2024*	81	4	4.9%
2025	30	12	40.0%
Overall	993	477	48.0%

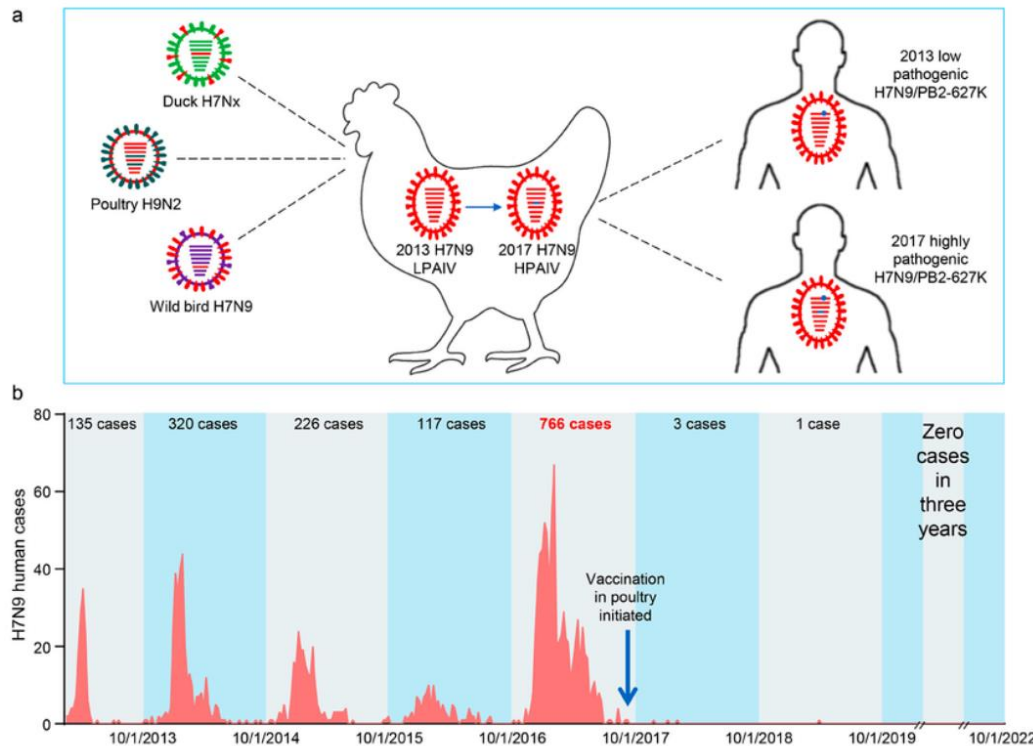
H5N8: Existuje jen velmi málo případů nákazy virem H5N8 u lidí, v roce 2021 bylo v Rusku hlášeno pouze sedm potvrzených případů s i mírnými příznaky. úmrtí nebylo hlášeno.

H5Nx – kumulativní počet prokázaných humánních infekcí od roku 1997



Kumulativní počet humánních infekcí HPAI subtypu A/H7

Subtype	Location	Timeframe	Cumulative Human Cases	Deaths	Case Fatality Rate (CFR)
A(H7N7)	Netherlands	2003	89 confirmed cases	1	~1% (one case of severe pneumonia)
A(H7N9)	China (primarily)	Since 2013	~1,568 confirmed cases (as of March 2019)	~615	~39%



Epizootie A/H7N7 v Nizozemsku v roce 2003 mělo za následek 89 případů humánních infekcí, většinou s mírnými příznaky, jako je zánět spojivek. Pouze jeden pacient s zemřel na těžký zápal plic. V domácím prostředí byl pozorován omezený přenos z člověka na člověka.

Virus H7N9 se v Číně původně objevil jako nízkopatogenní ptačí chřipka (LPAI) u drůbeže, ale u lidí způsoboval závažné a často smrtelné infekce. Virus se později u drůbeže během páté vlny (2016-2017) vyvinul do vysocepatogenní formy HPAI. V březnu 2019 bylo hlášeno přibližně 1 568 případů u lidí s vysokou úmrtností kolem 39 %.

Obr: a) Schéma vzniku a vývoje virů H7N9 v Číně. LPAIV, nízko patogenní virus ptačí chřipky; HPAIV, vysoce patogenní virus ptačí chřipky.

Obr: b) Lidské infekce viry H7N9 v Číně.

Zdroj: Shi J, Zeng X, Cui P, Yan C, Chen H. Alarming situation of emerging H5 and H7 avian influenza and effective control strategies. Emerg Microbes Infect. 2023 Dec;12(1):2155072. doi: 10.1080/22221751.2022.2155072. PMID: 36458831; PMCID: PMC9754034.

A(H3N8) - hlášena v Číně od roku 2022 u malého počtu lidí s mírným až kritickým průběhem onemocnění.

A(H5N2) - hlášena u jedné osoby, která byla v roce 2024 v Mexiku hospitalizována a zemřela.

A(H6N1) - hlášena v roce 2013 u jedné osoby na Tchaj-wanu, jednalo se o středně těžké onemocnění dolních cest dýchacích.

A(H7N2) - od roku 2002 hlášena ve Spojeném království a USA u malého počtu osob se zánětem spojivek, mírnými příznaky onemocnění horních cest dýchacích nebo onemocněním dolních cest dýchacích. V USA byly v roce 2016 identifikovány dva případy, které byly důsledkem přenosu viru A(H7N2) cirkulujícího mezi kočkami na člověka.

A(H7N3) - hlášena ve Spojeném království a Kanadě; od roku 2004 hlášena u malého počtu lidí se zánětem spojivek nebo mírnými příznaky onemocnění horních cest dýchacích.

LPAI A(H7N4) - hlášena v Číně v roce 2017; hlášena u jedné osoby se zápallem plic.

A(H7N7) - hlášena ve Spojeném království v roce 1996; hlášena u jedné osoby se zánětem spojivek.

A(H9N2) - hlášeny od roku 1998; sporadicky hlášeny u více než 100 lidí v Číně a v Hongkongu, Bangladéši, Kambodži, Egyptě, Indii, Ománu, Pákistánu, Senegalu a Vietnamu. Většina případů byla u dětí a vedla k mírným příznakům onemocnění horních cest dýchacích, ale byla hlášena i onemocnění dolních cest dýchacích včetně těžkého zápalu plic a respiračního selhání, včetně malého počtu úmrtí.

A(H10N3) - hlášena v Číně v letech 2021 a 2022 u 2 osob s těžkým zápallem plic a respiračním selháním.

A(H10N5) - hlášena v Číně u jedné osoby s těžkým zápallem plic, která zemřela koncem roku 2023. Pacient měl také koinfekci sezónním virem chřipky A(H3N2).

A(H10N7) - hlášena u malého počtu osob se zánětem spojivek nebo mírnými příznaky onemocnění horních cest dýchacích v Egyptě v roce 2004 a v Austrálii v roce 2010.

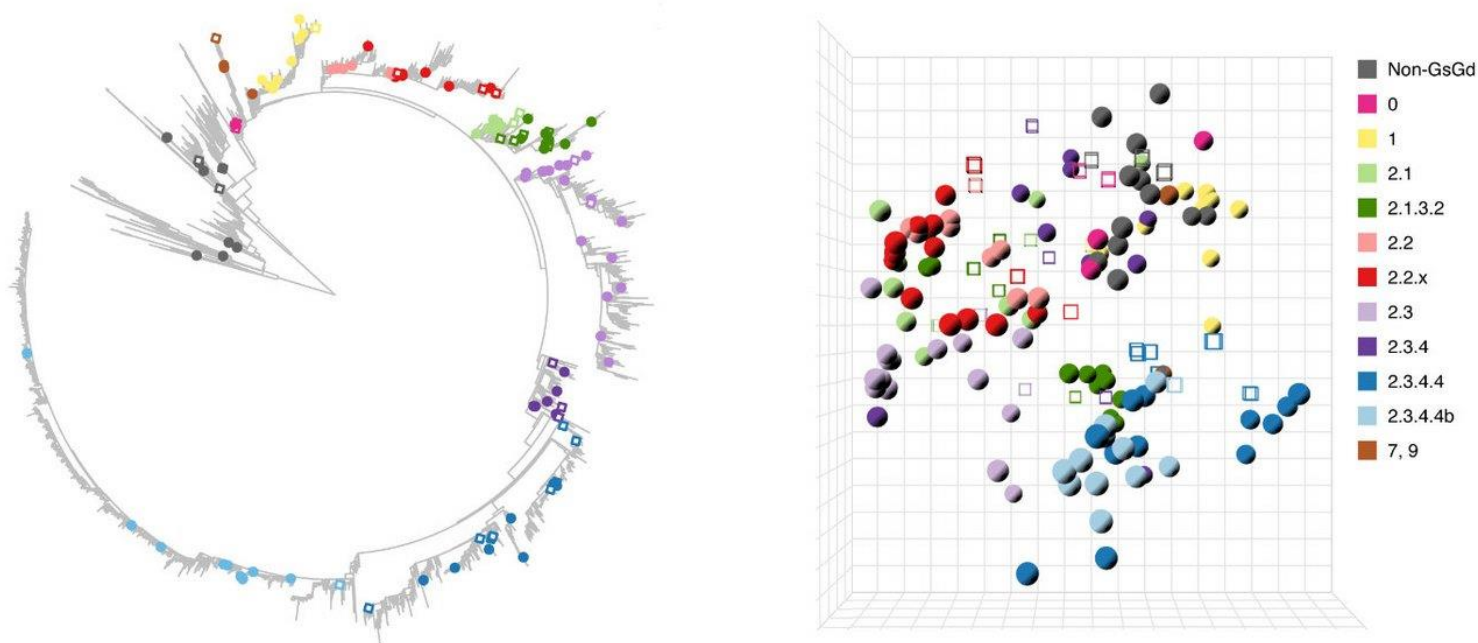
A(H10N8) byla v Číně od roku 2013 hlášena u malého počtu osob s těžkým zápallem plic s respiračním selháním, včetně několika úmrtí.

*LPAI - nízcepatogenní

Vzhledem k rychlému genetickému a antigennímu vývoji vysoce patogenních virů ptačí chřipky byla provedena komplexní analýza antigenního vývoje virů chřipky A(H5) za použití antigenní kartografie, nástroje, který umožňuje vizualizaci a kvantifikaci antigenních změn v čase.

S využitím antigenní mapy jako vodítka lze navrhnout syntetické HA konstrukty umístěné centrálně v antigenním prostoru, což vedlo k vytvoření kandidátních vakcín, které na modelech laboratorních zvířat vyvolaly širší a robustnější protilátkové reakce. Tato strategie nabízí slibný krok k vývoji široce ochranných nebo univerzálních vakcín proti chřipce A(H5).

Antigenní mapa vytvořená v rámci této spolupráce slouží jako cenný zdroj pro sledování nově vznikajících antigenních variant A(H5) a pro hodnocení šíře pokrytí vakcínou.



V prosinci 2025 vydaly Evropský úřad pro bezpečnost potravin (EFSA) a Evropské středisko pro prevenci a kontrolu nemocí (ECDC) společnou zprávu, která varuje před „bezprecedentním“ nárůstem výskytu vysoce patogenní ptačí chřipky (HPAI) subtypu A(H5) v Evropě.

Epidemiologický přehled září – listopad 2025

V 29 evropských zemích bylo hlášeno celkem 2 896 epizootických ohnisek HPAI A(H5).

Divocí ptáci: Zaznamenáno 2 454 případů, což je nejvyšší úroveň pro toto období od roku 2016. Hromadné úhyny byly hlášeny zejména u jeřábů popelavých a vodního ptactva (kachny, husy, labutě).

Drůbež: Bylo hlášeno 442 ohnisek, přičemž nejvíce zasaženým druhem byly krůty.

Savci: V Evropě byl v důsledku nárůstu případů u ptactva zaznamenán mírný nárůst detekcí u lišek a koček domácích.

Hodnocení rizika pro veřejné zdraví

Riziko nákazy zůstává pro běžnou populaci v EU/EHP nízké.

Profesní riziko: Riziko je hodnoceno jako nízké až střední pro osoby v přímém kontaktu s infikovanými zvířaty (pracovníci v drůbežářství, veterináři).

Lidské případy: Mezi zářím a listopadem 2025 bylo celosvětově (Kambodža, Čína, Mexiko, USA) hlášeno 19 případů nákazy lidí různými kmeny ptačí chřipky. Nebyl prokázán žádný přenos z člověka na člověka.

Doporučená opatření

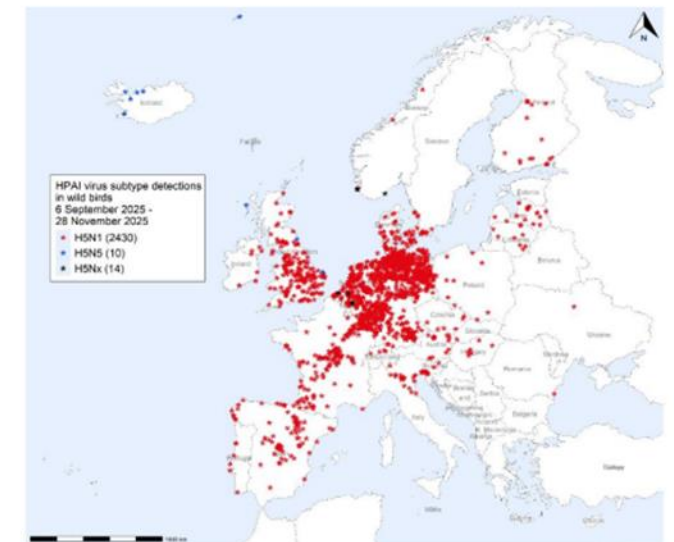
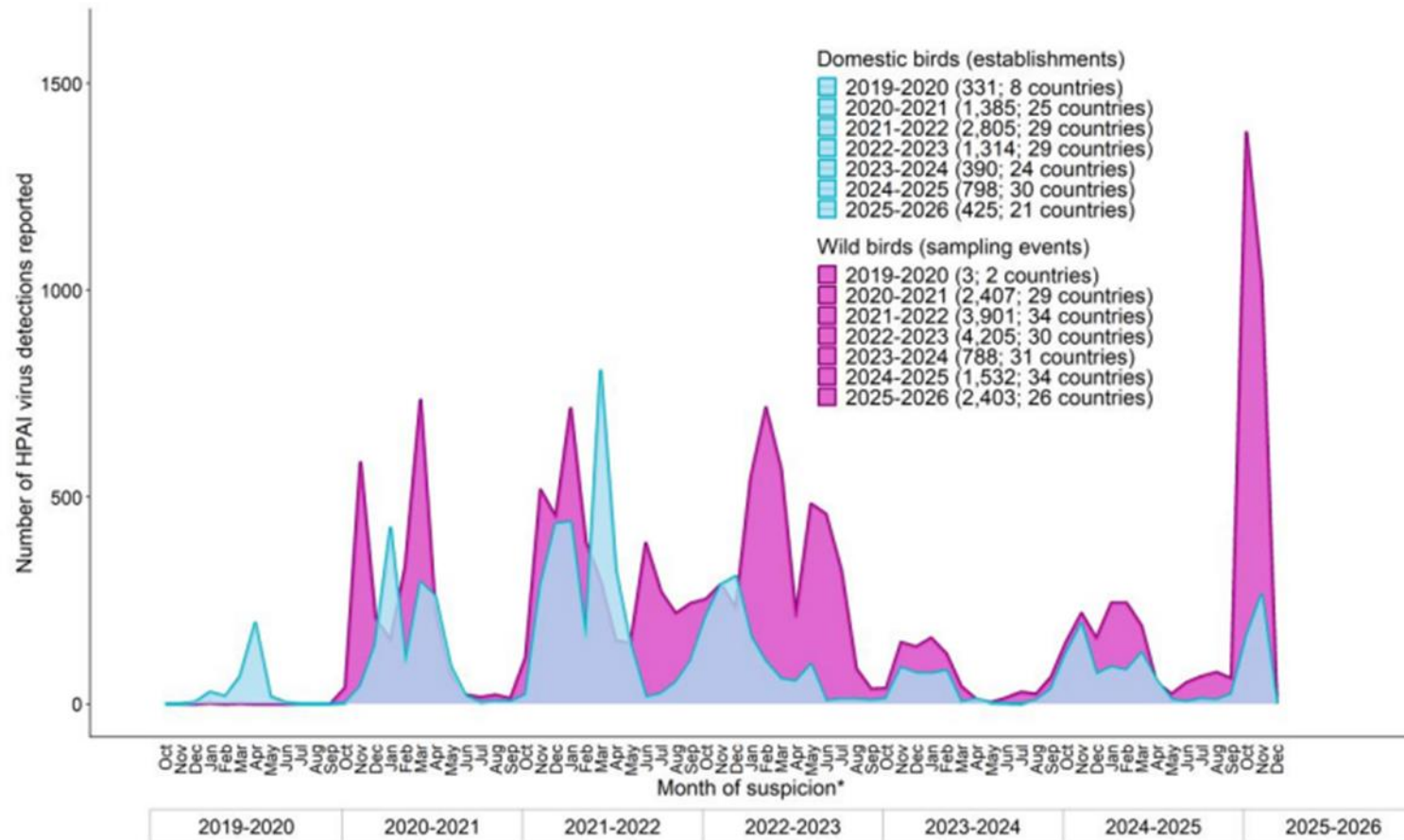
EFSA a ECDC zdůrazňují nutnost:

Zvýšeného dohledu: Monitoring divokých ptáků a nemocných savců pro včasné odhalení nových variant viru.

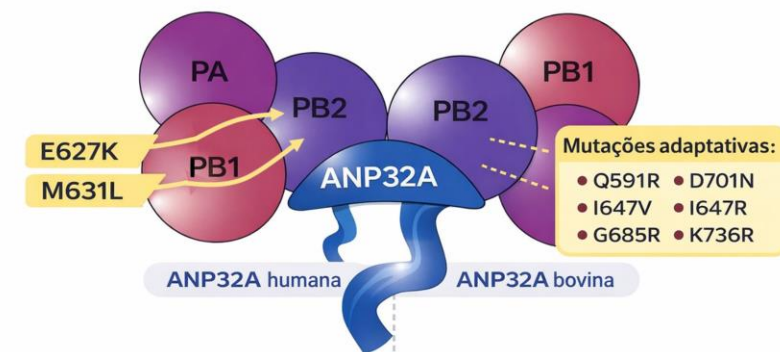
Biologické bezpečnosti: Přísné dodržování hygienických pravidel v chovech, aby se zabránilo přenosu z divoké populace na drůbež.

Osobní ochrany: Používání ochranných pomůcek (OOP) při manipulaci s ptactvem nebo kontaminovaným materiálem.

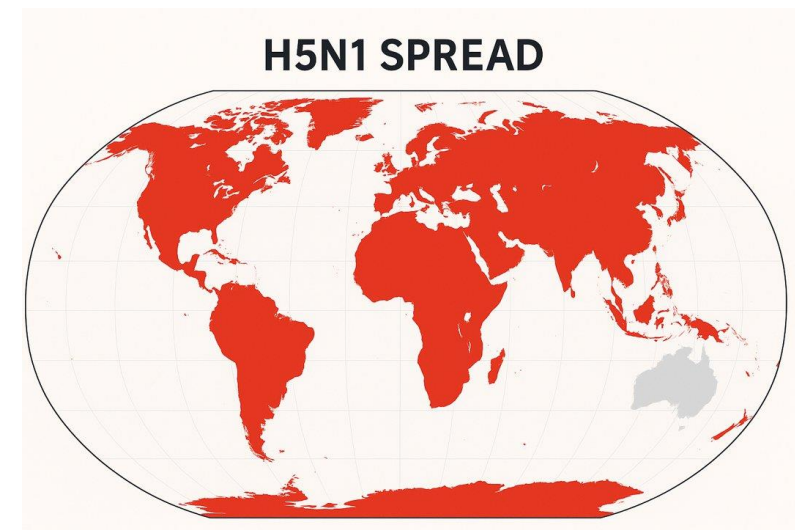
A/H5N1 aktuální situace (ECDC/EFSA 11-12-2025)



Nové studie ukazují, že H5N1 se nejen šíří geograficky, ale také postupuje funkčně, objevuje nové hostitele, hromadí adaptivní mutace a odhaluje slabiny v systémech sledování. Globální expanze dosáhla i na Antarktidu. Jediným nedotčeným kontinentem zůstává Austrálie se svou velmi specifickou a již tak ohroženou faunou.



Zdroje: Zhang et al., 2025. Nat Commun. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-67753-x>
 Elliott et al., 2025. Vet Rec. <https://doi.org/10.1002/vetr.70173>
 Husain, 2025. Pathogens. <https://doi.org/10.3390/pathogens15010006>
 El-Bidawy et al., 2025. Microorganisms. <https://doi.org/10.3390/microorganisms14010012>
 Low et al., 2025. Sci Rep. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-32771-8>





Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 52. KT, 1. KT 2026 a EU/EHP 51. KT

Virologická surveillance 52. KT:

V 52. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 80% hranici. Viry chřipky A představují 82,2 % podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl prokázán v jednom případě. Od minulého týdne evidujeme i v době svátků 13% nárůst detekcí viru chřipky A. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3 a lze se domnívat, že letošní epidemie chřipky bude charakterizována dominancí A/H3N2, což odpovídá šíření subklády K. Podíl detekcí SARS-CoV-2 mírně stoupá ve shodě s globálními daty, v ČR dosáhl 7,9% podílu pozitivních detekcí. Zatím nelze pro nedostatek sekvenačních dat, zda se jedná o vzestup v důsledku šíření nové varianty BA.3.2.x (Cikáda). Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 4,3 %. Podíl pozitivních detekcí RSV je velmi nízký (0,5 %), mírný vzestup zaznamenáváme u detekcí adenovirů (2,8 %).

Přestože jsou data získána za období zahrnující vánoční svátky a prázdniny, počet laboratorních vyšetření i pozitivních detekcí viru chřipky je vyšší než v předchozím období. Můžeme očekávat, že přes rostoucí tendenci záhytů chřipky jsme stále ještě před vrcholem epidemie chřipky.

EU/EHP 51. KT

Aktuální zpráva za 51. KT není vydána. Ze sekvenačních dat z období 5/12/25 až 5/1/26 vyplývá jednoznačná dominance subtypu A/H3N2, a to subklády K nad dalšími cirkulujícími variantami viru chřipky. Stále však pozorujeme souběh A/H1N1pdm, chřipka typu B cirkuluje velmi omezeně.

ECDC doporučení týkající se chřipky A/H1N1pdm a A/H3N2

Zdravotnická zařízení a zařízení dlouhodobé péče by měla posílit své plány připravenosti a opatření v oblasti prevence a kontroly infekcí a také povzbuzovat personál a návštěvníky k používání roušek v obdobích zvýšené cirkulace respiračních virů.

Poskytovatelé zdravotní péče by měli zvážit okamžité podávání antivirotek pacientům s vyšším rizikem závažného onemocnění, aby se snížily komplikace.

Poskytovatelé zdravotní péče by měli zvážit použití antivirové profylaxe během ohnisek nákazy v uzavřených prostředích, např. v zařízeních dlouhodobé péče.

Ptačí chřipky:

Dominantně globálně cirkulující je A/H5N1 (klády 2.3.4.4b, genotypy se liší dle regionu a lokálního reassortmentu s nízkou patogenitou viry. Od roku 2020 pozorujeme významné rozšíření, aktuálně virus cirkuluje na všech kontinentech vyjma Austrálie. Pozorujeme postupnou adaptaci na více druhů savců, V současné době znamená především ohrožení produkce drůbeže a odvozených výrobků a mléka, ohrožení některých druhů ptáků a savců a tedy i genetické diverzity. Ačkoli průměrná mortalita za více než 20 let dosahuje téměř 50 %, aktuální riziko pro člověka je nízké, pro pracovníky manipulujícími s nakaženými ptáky a savci je riziko vyšší. K dispozici je vakcína založená na A/H5N8, a ve výzkumu je vakcína zahrnující více subklád H5 hemagglutininu.

ECDC doporučuje posílení surveillance, jak ve veterinární tak humánní sféře.

Kromě A/H5N1 se sporadicky vyskytují nákazy i dalšími jak vysoce tak nízkou patogenitou subtypy ptačí chřipky typu A.

Epidemická situace 1. KT 2026:

V 1. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 940 na 100 000 obyvatel, což sice představuje vzestup o 14,2 % v porovnání s předchozím týdnem, ale nemocnost je výrazně nižší než byla v předvánočním období vzhledem k tomu, že počty nemocných byly v obou týdnech významně ovlivněny vánočními a novoročními svátky. Aktuálně nejvyšší nemocnost ARI je hlášena z Moravskoslezského kraje. S ohledem na vysokou frekvenci záhytu virů chřipky ve vyšetřených vzorcích u osob s respiračním onemocněním lze aktuální situaci hodnotit jako pokračující chřipkovou epidemii. Očkování proti chřipce lze sice i nadále doporučit, ale je nutné upozornit na to, že ochrana nastupuje až za 10 - 14 dnů od podání vakcíny.

Lze předpokládat, že epidemický výskyt chřipky bude přetrvávat i v dalším období a počty nemocných se budou opět zvyšovat.