



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 12/01/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP 1. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je ve většině zemí EU/EHP zvýšený. To naznačuje, že v současné době v Evropské unii/Evropském hospodářském prostoru (EU/EHP) dochází k významné cirkulaci respiračního viru.

Cirkulace viru chřipky ve většině zemí EU/EHP nadále roste, ačkoli v některých zemích se zdá, že vrchol již pominul. Chřipka A(H3N2) zůstává dominantním podtypem na úrovni EU/EHP, ale detekován je také A(H1N1)pdm09. Postiženy jsou všechny věkové skupiny. V mnoha zemích je pozorován nárůst hospitalizací, zejména u dospělých ve věku 65 let a starších.

První odhady účinnosti sezónní vakcíny proti chřipce v EU/EHP pro sezónu 2025–2026 zveřejnilo ECDC dne 19. prosince 2025 a shodují se s odhady zveřejněnými pro viry A(H3N2) Spojeným královstvím a Kanadou.

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) v několika zemích nadále pomalu roste. Data z nemocnic ukazují rostoucí počet hospitalizací souvisejících s RSV v několika zemích, zejména u dětí mladších pěti let. Na úrovni EU/EHP jsou hospitalizace související s RSV na nižších úrovních, než byly v tomto období pozorovány v posledních čtyřech sezónách.

Cirkulace SARS-CoV-2 nadále klesá ve všech věkových skupinách a dopad na hospitalizace je v současné době omezený.

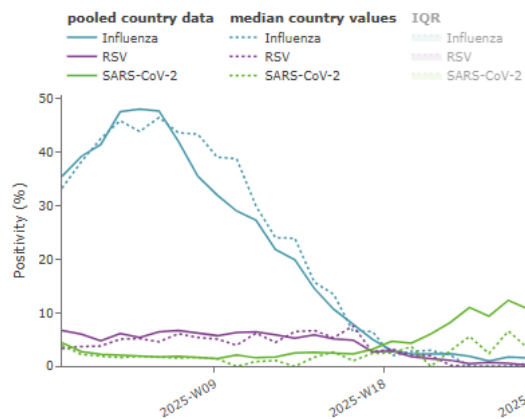


EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 1. KT 2026

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

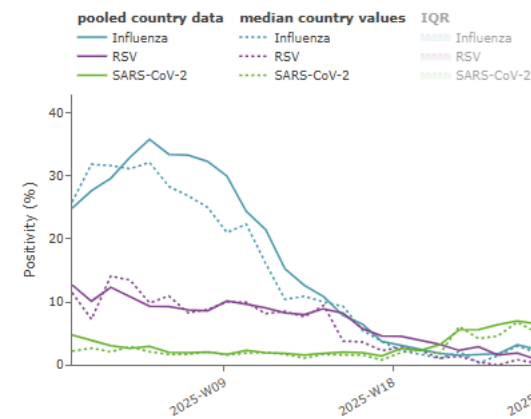
(a) ILI/ARI virological surveillance in primary care – weekly test positivity

Figure Table



(b) SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



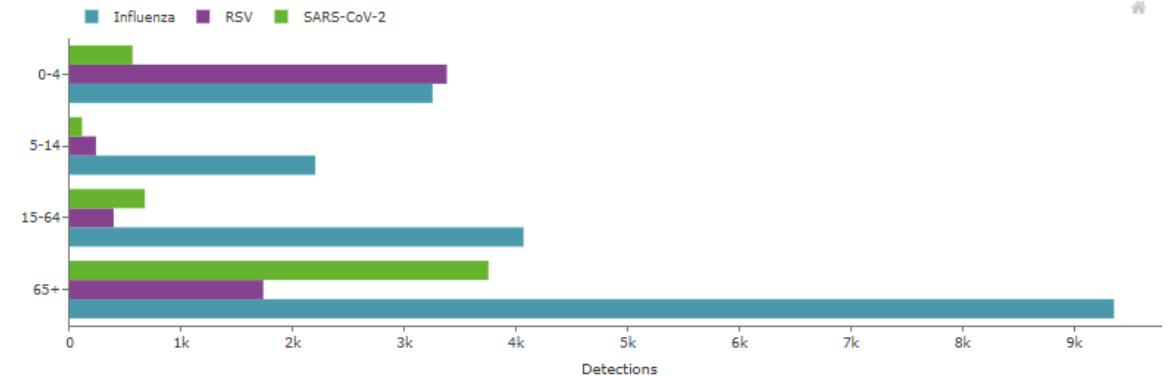
Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	905	55	5a.2a.1(D.3.1)	895	99
			5a.2a(C.1.9.3)	5	0.6
			5a.2a.1(D)	5	0.6
A(H3)	736	45	2a.3a.1(K)	672	91
			2a.3a.1(J.2)	33	4
			2a.3a.1(J.2.4)	16	2
			2a.3a.1(J.2.2)	15	2
B/Vic	5	0.3	V1A.3a.2(C.5.6)	3	60
			V1A.3a.2(C.5)	1	20
			V1A.3a.2(C.5.1)	1	20

(c)

Cumulative detections by age, 2025-W01 to 2026-W01

Detections Proportions

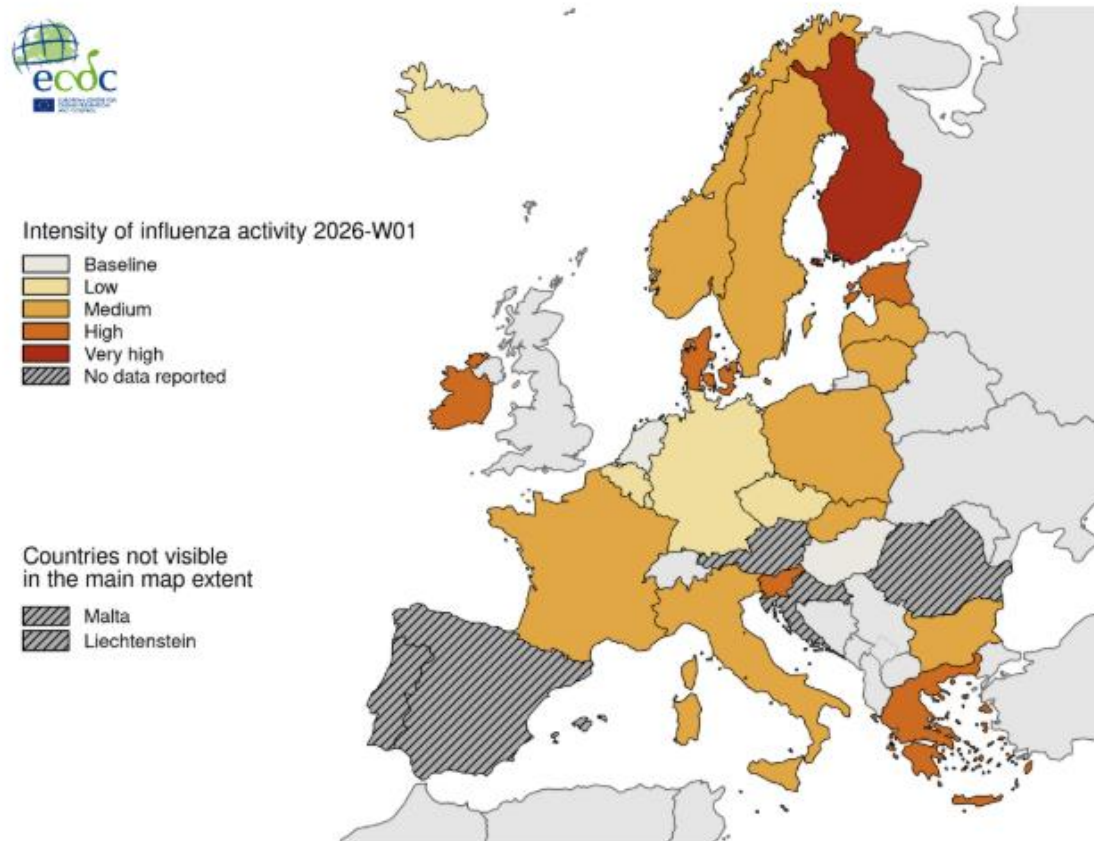


EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 1. KT 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary
		Week 1	Week 52		
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	16 rates (9 MEM)	17 rates (10 MEM)	Distribution of country MEM categories	8 Baseline 1 Low
	ILI	18 rates (18 MEM)	19 rates (19 MEM)		6 Baseline 4 Low 8 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	15	17	Pooled (median; IQR)	39% (37; 30–48%)
	RSV	15	18		8.8% (6; 4.1–11%)
	SARS-CoV-2	15	18		3.3% (7; 0.8–7.4%)
SARI rates in hospitals	SARI	9	12	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	10	Pooled (median; IQR)	35% (41; 28–46%)
	RSV	8	11		8.5% (6.3; 2.9–15%)
	SARS-CoV-2	9	10		3% (1.1; 0–2.2%)
Intensity (country-defined)	Influenza	22	22	Distribution of country qualitative categories	2 Baseline 5 Low 9 Medium 5 High 1 Very high
Geographic spread (country-defined)	Influenza	21	22	Distribution of country qualitative categories	3 Sporadic 1 Regional 17 Widespread

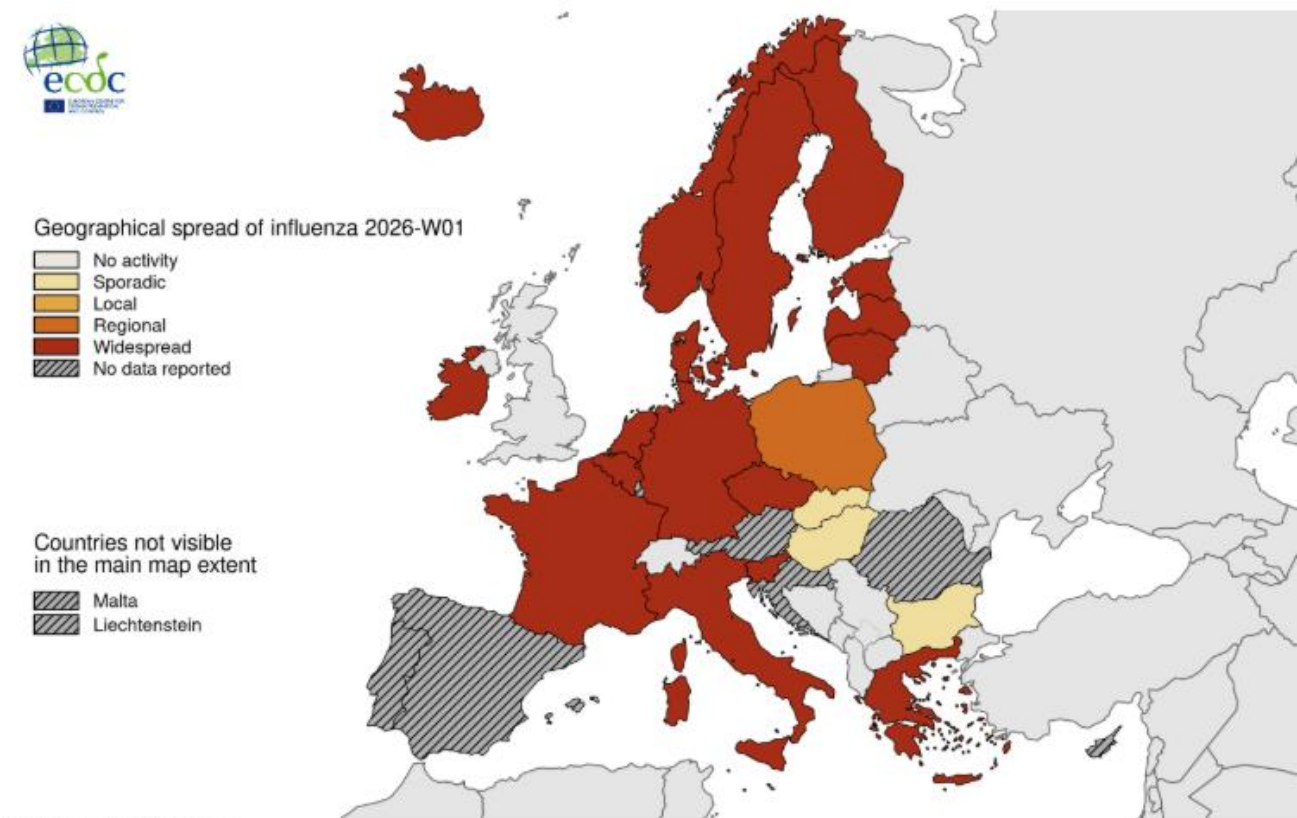
ECDC Intenzita chřipkové aktivity a geografické rozšíření chřipky – 1. KT 2026

Intensity of influenza activity 2026-W01



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 8 January 2026.

Geographical spread of influenza 2026-W01



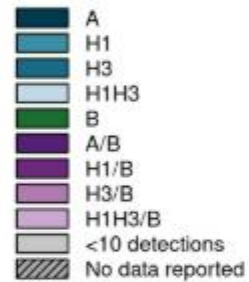
Administration boundaries: © EuroGeographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 8 January 2026.

ECDC dominující subtypy viru chřipky – 1. KT 2026

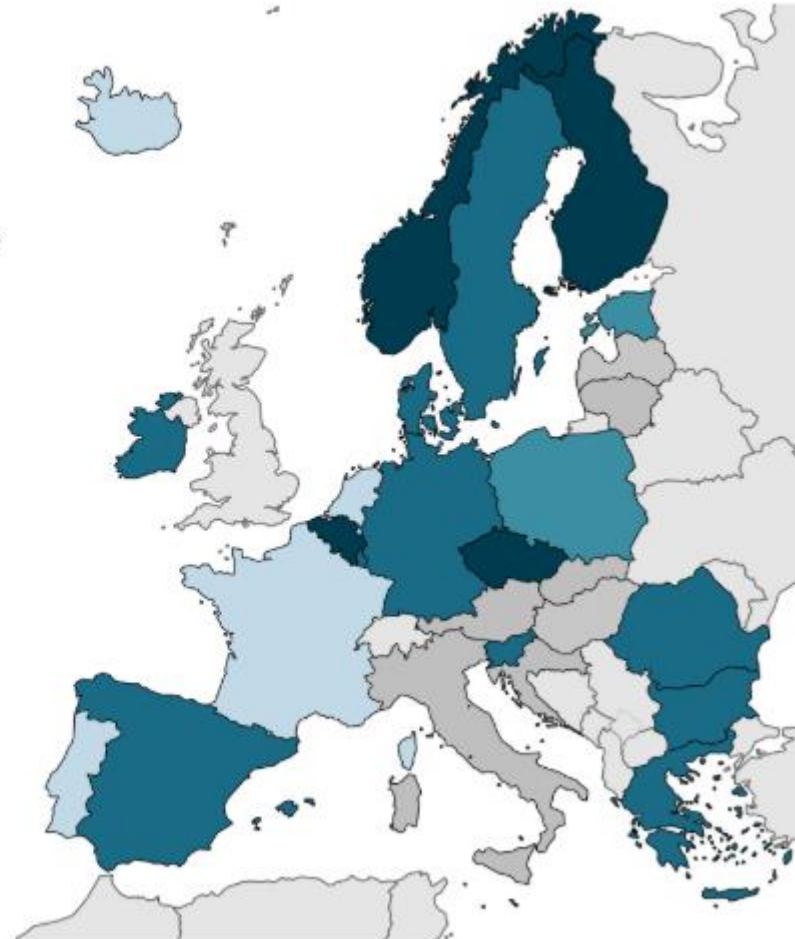
Dominant influenza virus 2026-W01



Dominant influenza virus type,
subtype/lineage, 2026-W01



Countries not visible
in the main map extent



Administration boundaries: © EuroGeographics

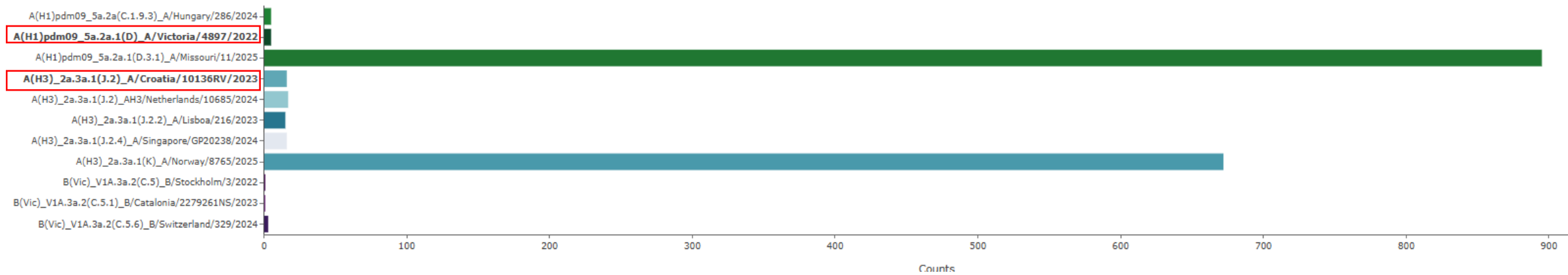
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 6 January 2026.



ECDC charakteristika subtypů viru chřipky k 12/1/2026

ČR – charakterizace sekvenovaných virů chřipky

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



Pozn: červeně označeny vakcinační kmeny

Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v ČR v sezóně 2025/26 (celkem 14 WGS)

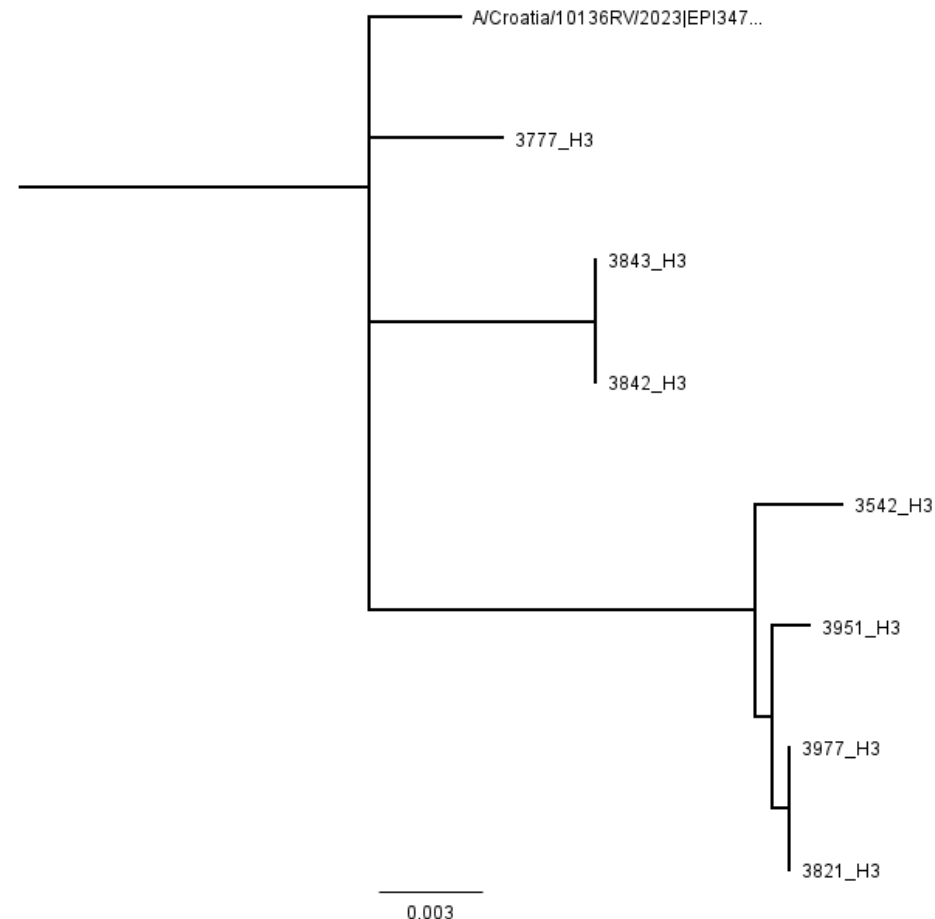
Subtyp	subclade	short-clade	Clade	Počet sekvencí /z počtu	Odpovídá referenční sekvenci
A /H1N1pdm09	D.3.1.1	5a.2a.1	6B.1A.5a.2a.1	4/6	A/Missouri/11/2025
A /H1N1pdm09	D.3.1	5a.2a.1	6B.1A.5a.2a.1	2/6	A/Missouri/11/2025
A /H3N2	K	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	5/8	A/Norway/8765/2025
A /H3N2	J.2.1	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2/8	A/District Of Columbia/27/2023
A /H3N2	J.2.2	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1/8	A/Lisboa/216/2023

Zdroj: ERVISS. Dostupné z: <https://www.erviss.org>

Dendrogram – fylogenetická analýza segmentu HA1 (hemagglutinin) podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H1N1/Victoria/4897/2022 (4 vzorky + 1 vakcinální kmen)

Data odběru vzorků:
1. 9. – 15. 12. 2025

Dendrogram – fylogenetická analýza segmentu HA3 (hemagglutinin) podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H3N2/Croatia/10136RV/2023 (7 vzorků + 1 vakcinální kmen)



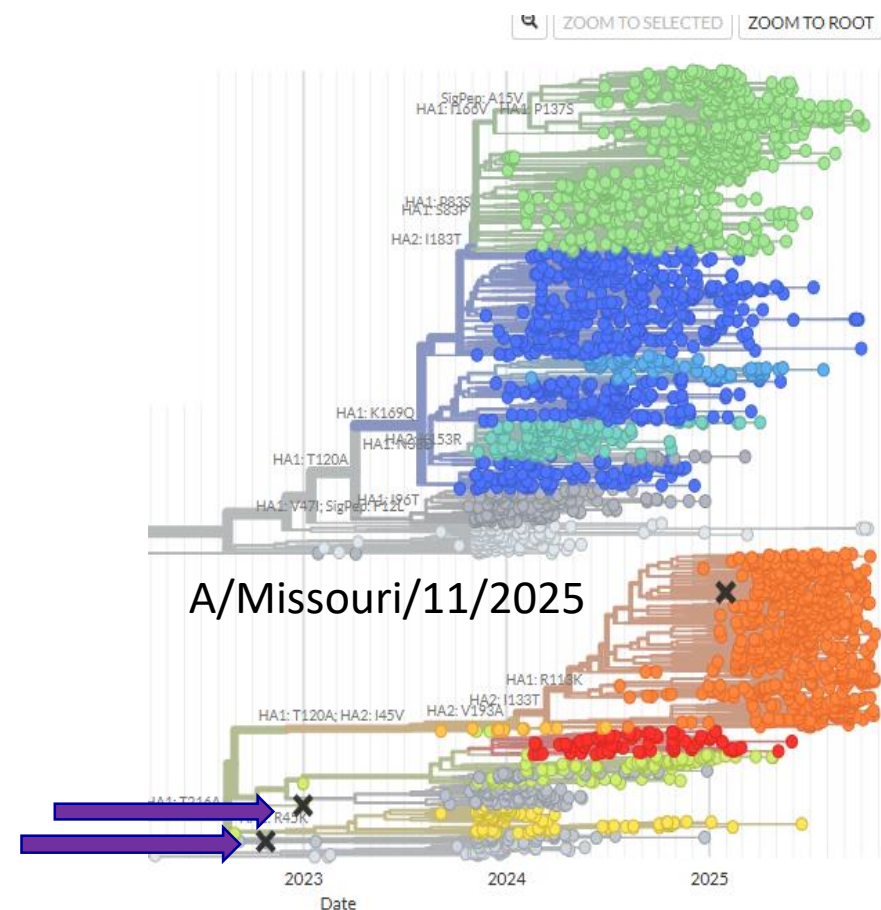
H1N1pdm – antigenní drift aktuálně sekvenovaných virů chřipky

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.

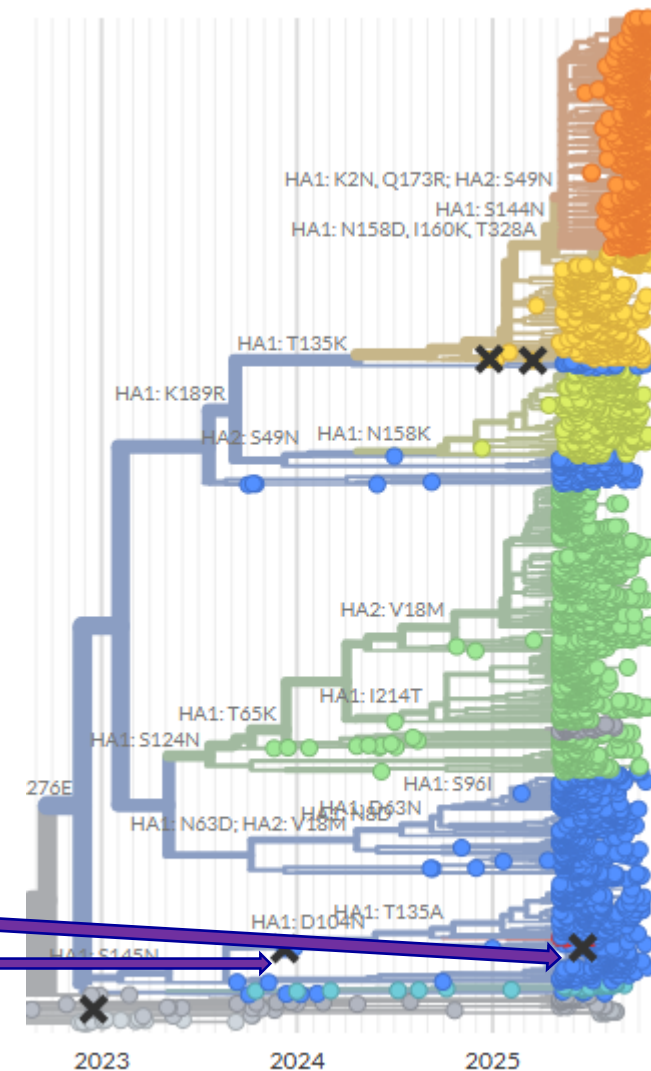
Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Norway like kmenů) od vakcinačního kmene :

- 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

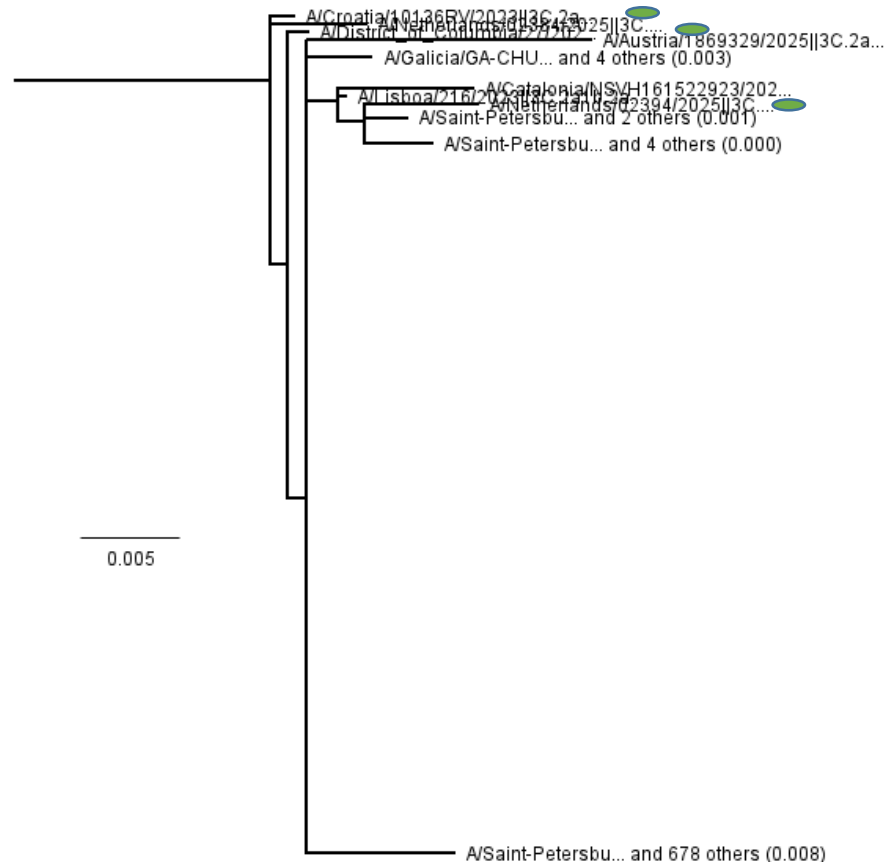
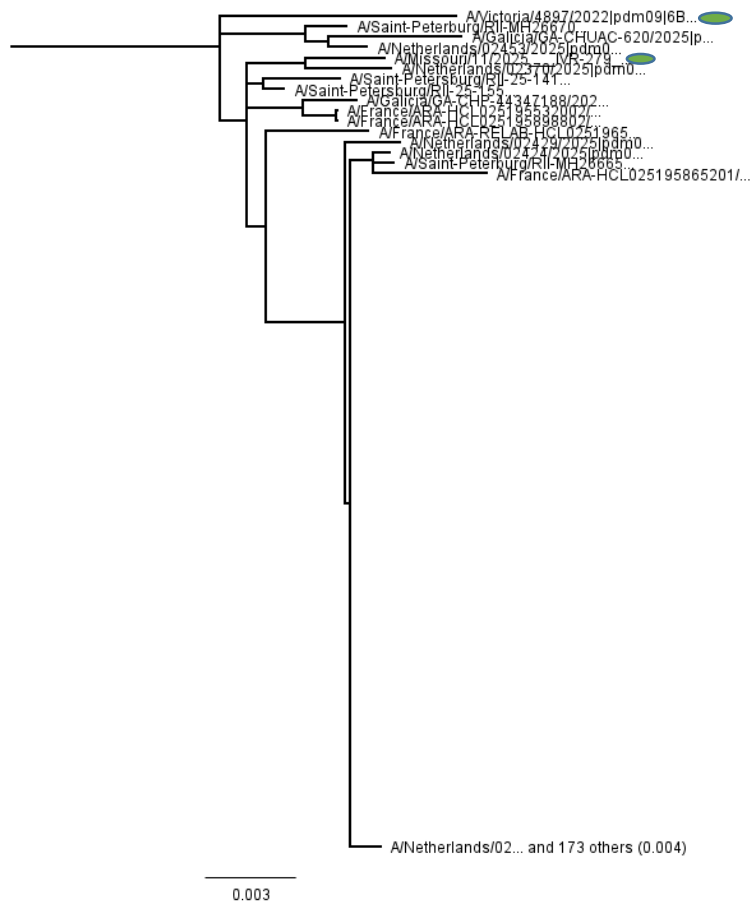


Celogenomová fylogenetická analýza subtypů chřipky A v Evropě

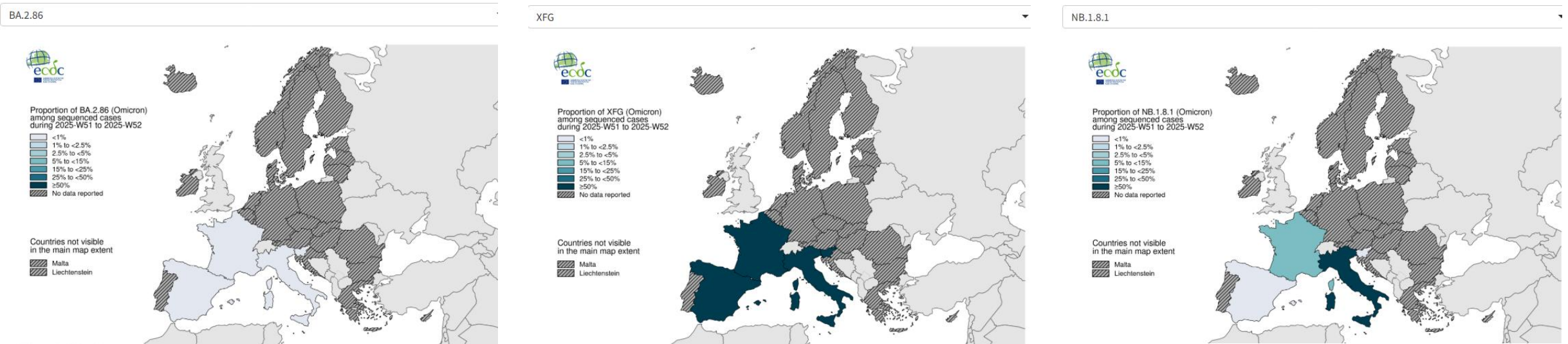
Dendrogram – fylogenetická analýza H1N1 segmentu HA (hemagglutinin)
podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H1N1/Victoria/4897/2022 (188 vzorky + 2 **vakcinální kmeny**)

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**)



Distribuce sledovaných variant v Evropě v 51. a 52. 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

Zdroje: ERVISS. Dostupné na: <https://www.erviss.org>,

European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 31 October 2025 [online]. Stockholm: ECDC, 2025.

Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

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

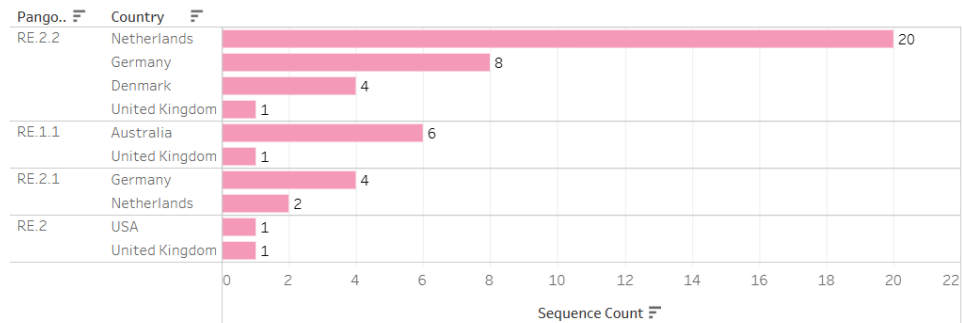
Globálně od října vykazovala BA.3.2.* „Cicada“ růstovou výhodu 4,7 % za den (33 % za týden) oproti XFG.

RE.2.2 je 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)

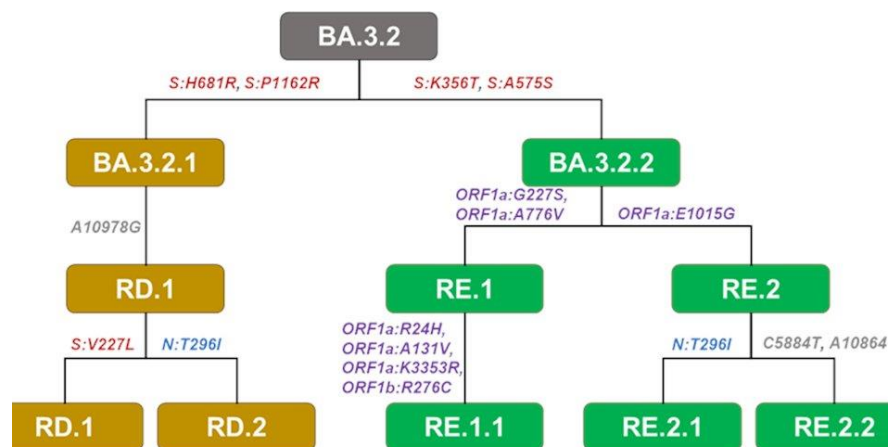


Sequence count - by Country



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

SARS-CoV-2, BA.3.2.x - Cikáda

Evoluci BA.3.2 si lze představit jako osamělého trosečníka na izolovaném ostrově, který se po letech vrací do civilizace. Během své izolace se naučil zcela nové dovednosti pro přežití, které mu nyní umožňují obstát v moderním světě, i když se jeho původní příbuzní již dávno vytratili.

BA.3.2 je vysoce divergentní linie viru SARS-CoV-2, která je přímo odvozena od původní varianty Omicron BA.3. Tato linie byla poprvé identifikována v listopadu 2024 v jižní Africe, což představuje první výskyt varianty odvozené od BA.3 po více než dvou letech od jejího zmizení z oběhu.

Fylogenetické analýzy svědčí o prodlouženém období skrytého nebo izolovaného vývoje. Tento proces, charakterizovaný náhlým nahromaděním velkého množství mutací, se nazývá saltace a je typický pro vývoj viru během chronických infekcí.

- Po svém re-emergentním výskytu v Jihoafrické republice se BA.3.2 rozšířila do světa. Byla detekována v Austrálii (kde dosáhla nejvyšší prevalence), Německu, USA, Nizozemsku, Dánsku a dalších zemích.
- Genetické změny: Oproti původní BA.3 obsahuje 39 aminokyselinových substitucí ve spike proteinu, dvě velké delece v N-terminální doméně (NTD) a novou čtyř-reziduovou inzerci (ins214:ASDT).

Významným rysem je **úplná absence genů ORF7a, ORF7b a ORF8**, což je změna, která se v průběhu pandemie objevila u několika různých linií, ale její přesný vliv na virulenci zůstává předmětem zkoumání.

Změny ve spike proteinu, jako jsou reverzní mutace R493Q a H505Y, pravděpodobně zvyšují vazebnou afinitu k receptoru ACE2 a podporují únik před neutralizačními protilátkami. Rozsáhlé úpravy v doménách SD1 a SD2 mohou navíc ovlivňovat stabilitu proteinu a jeho schopnost fúze s hostitelskou buňkou. I když BA.3.2 prozatím nedosáhla tak explozivního nárůstu jako dřívější varianty (např. JN.1), její schopnost přetrvávat a šířit se po boku dominantních linií naznačuje, že si uchovává potenciál stát se epidemiologickou hrozbou, zejména pokud získá další adaptivní mutace.

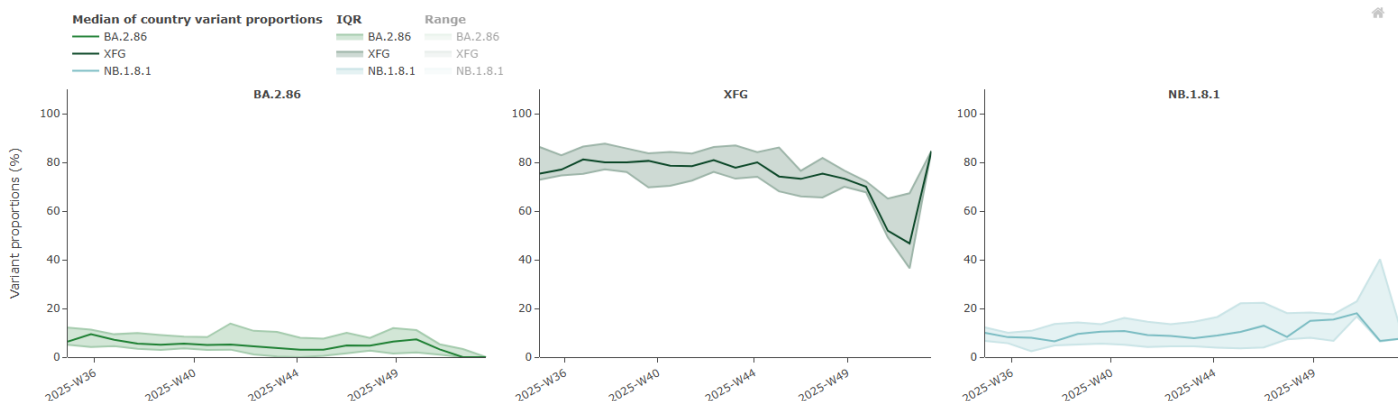
N-terminální doména (NTD) a signální peptid (9 substitucí)

Tato oblast prošla rozsáhlou přestavbou, která zahrnuje i eliminaci disulfidové vazby C15–C136.

Receptor-binding doména obsahuje 15 substitucí a vykazuje silné známky selekčního tlaku, přičemž tři mutace (S446D, L452W a A484K) vznikly dvěma nukleotidovými změnami, a mutace R493Q je reverzí k původní sekvenci z Wu-chanu, zvyšuje afinitu k ACE2.

Domény SD1 a SD2 obsahují 9 substitucí a pravděpodobně ovlivňují stabilitu spike proteinu a jeho schopnost fúze s buňkou, přičemž K529N přidává glykosylační místo. Linker a doména S2 obsahuje 6 substitucí. Mutace v doméně S2 jsou často konvergentní a mohou být adaptivní pro přežití viru.

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

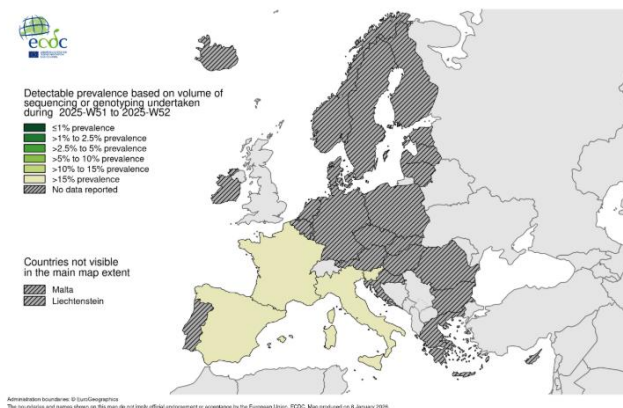


Souhrnný objem sekvenování

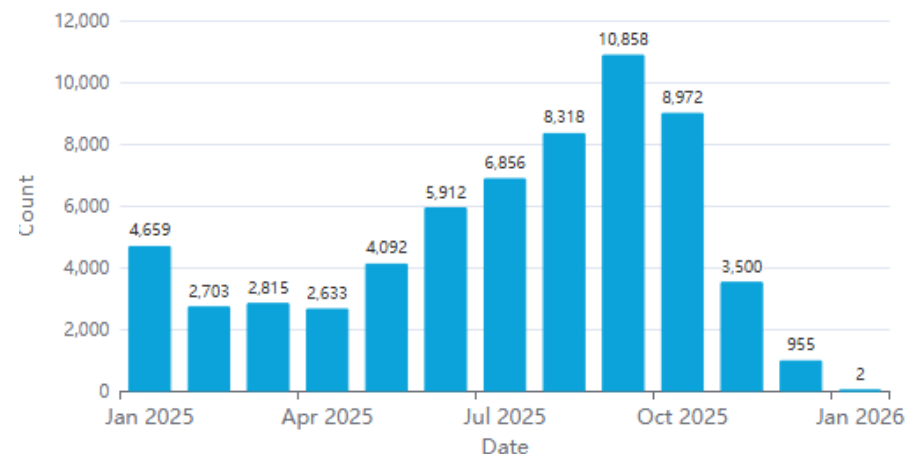
Country ↕	Data source ↕	Sequencing or genotyping volume	
		n ↕	Detection threshold ↕
France	GISAID	13	>30%
Italy	GISAID	2	>30%
Slovenia	GISAID	3	>30%
Spain	GISAID	4	>30%

Objem sekvenování v 51. a 52. týdnu

Map of volume of sequencing or genotyping, 2025-W51 to 2025-W52

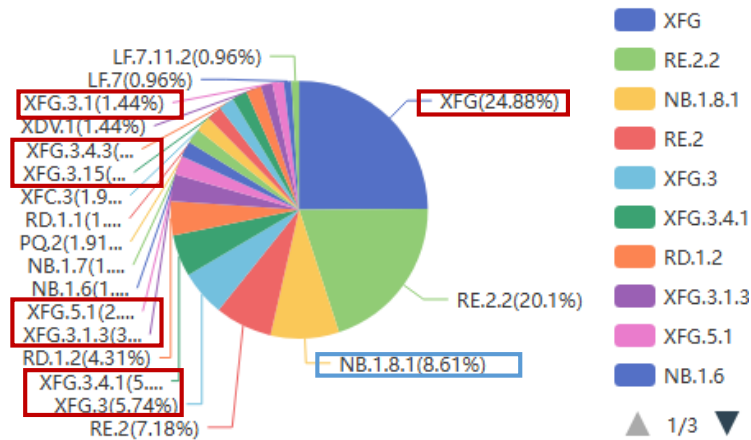


Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

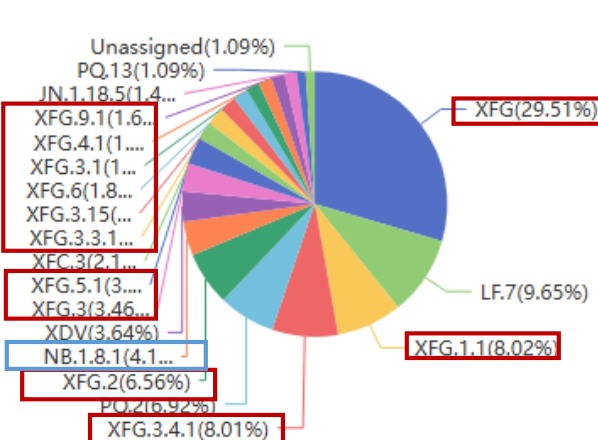


Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtetnějších variant SARS-CoV-2

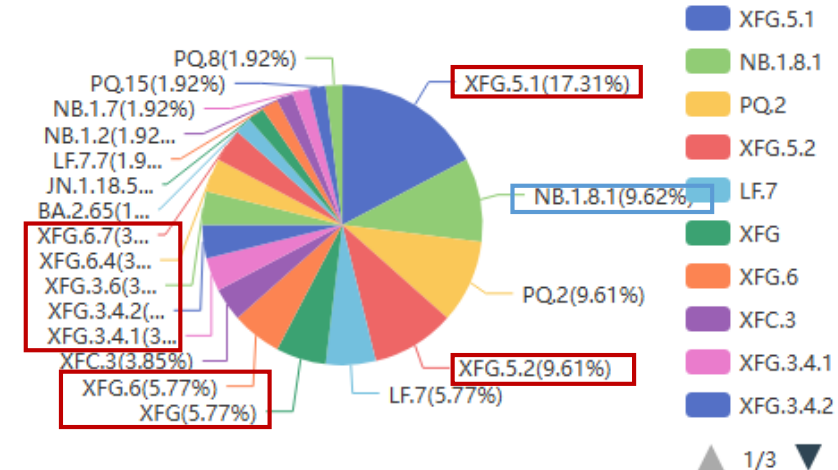
Evropa 12. 12. 2025 - 12. 1. 2026



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



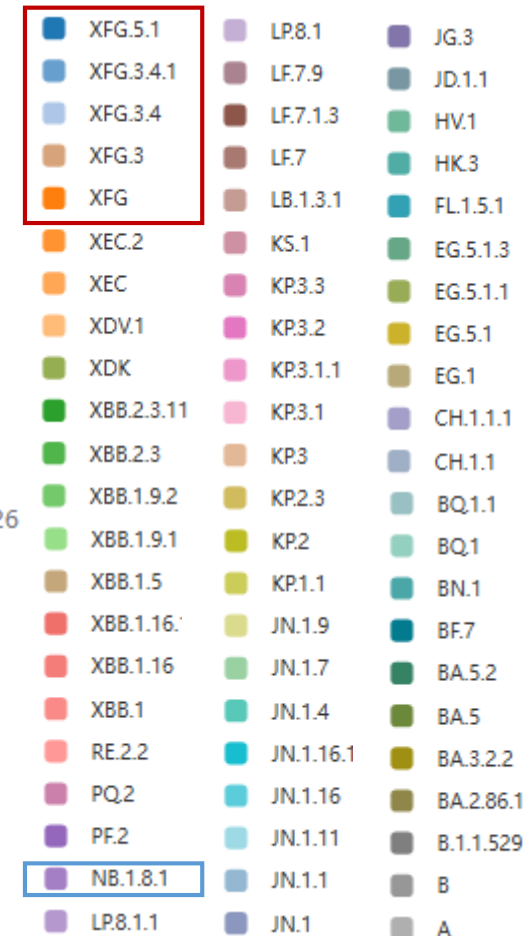
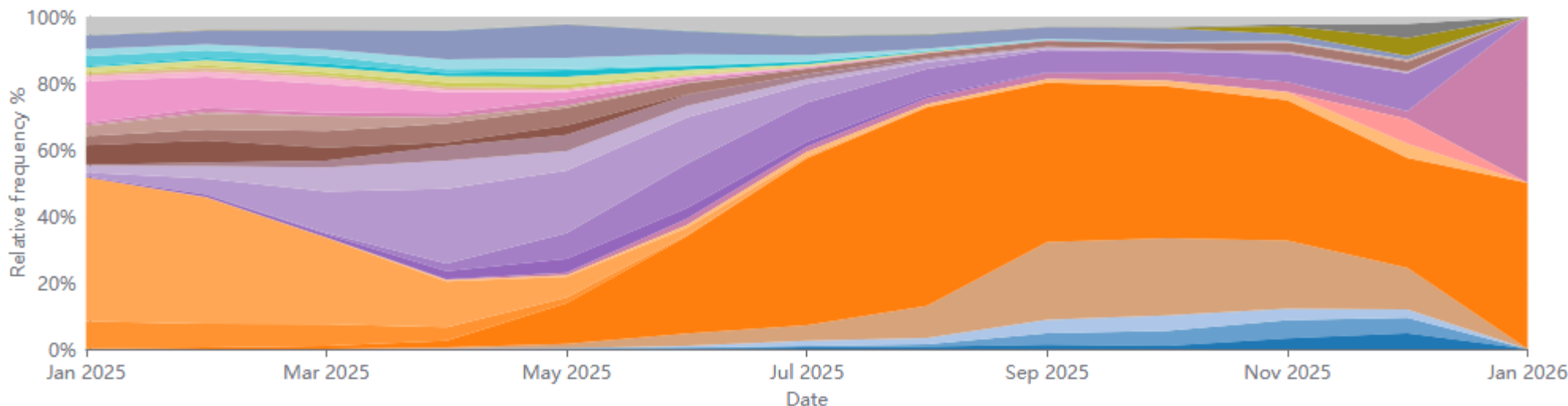
Asie 12. 12. 2025 - 12. 1. 2026



Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	253	674	56
XFG	52	162	3
XFG.3	12	19	0
XFG.3.4.1	11	44	2
NB.1.8.1	18	23	5
RE.2	15	0	0
RE.2.2	42	1	0
PQ.2	4	38	5

Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v Evropě, leden 2025 - leden 2026

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



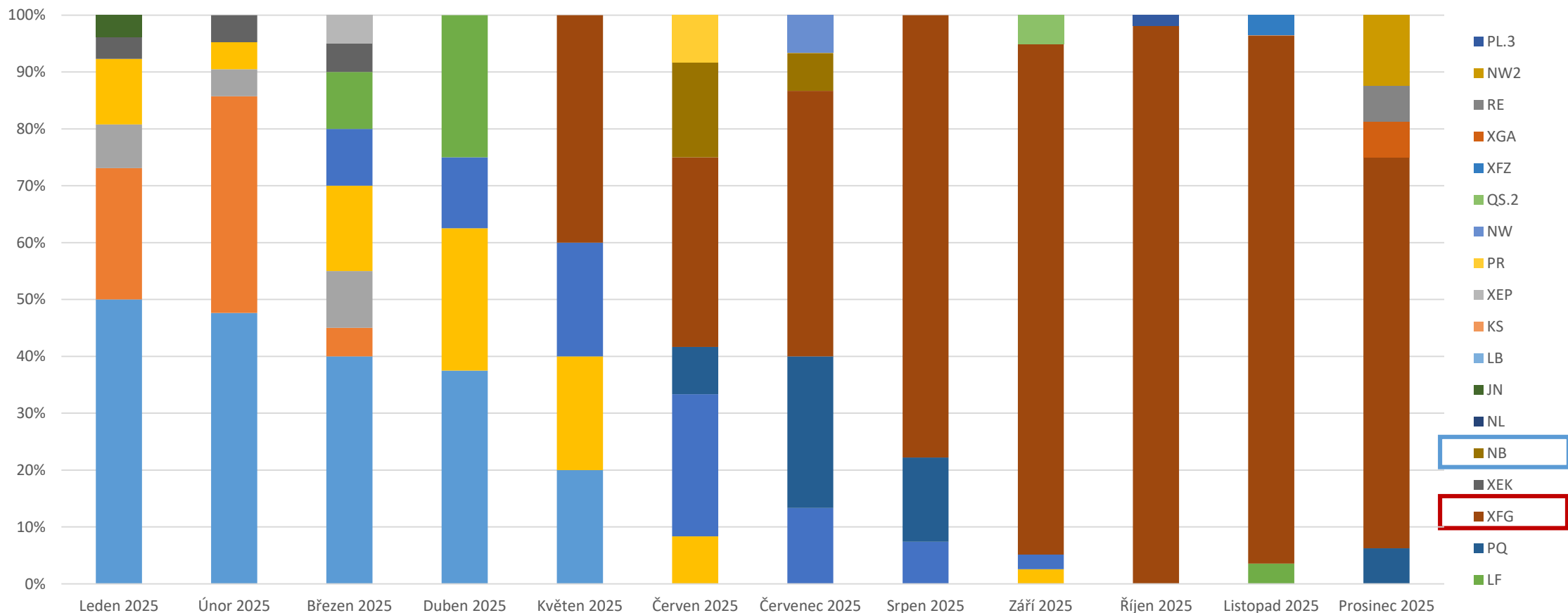
V posledním měsíci v Evropě, bylo provedeno 5 krát méně sekvenací v důsledku vánočních svátků. V Evropském regionu převládá XFG (52 vzorků) a její subvarianty XFG.3 (12 vzorků), XFG.3.4.1 (11 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

U varianty NB.1.8.1 (Nimbus) bylo v posledním měsíci 18 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) se začala šířit v podobě subvariant RE.2 a RE.2.2 (BA.3.2.2.2 a BA.3.2.2.2.2). V zemích EU/EHP bylo v posledním měsíci zachyceno celkem 57 sekvencí Cikády, konkrétně RE.2 (15 vzorků) a RE.2.2 (42 vzorků). Varianta RE.2.2 byla zachycena i ČR. Tato varianta je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86.

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

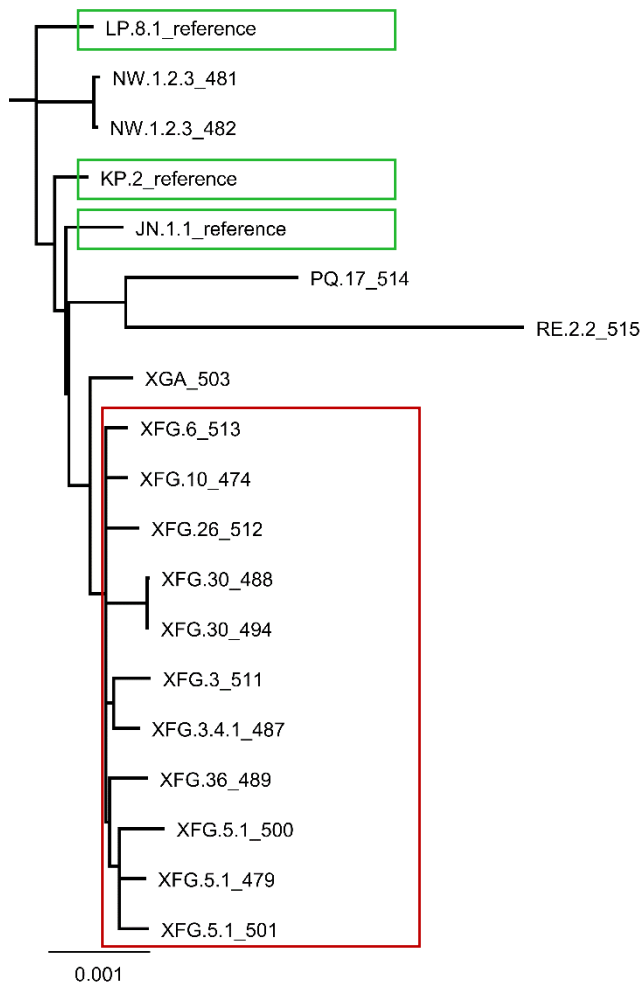
Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR podle relativní frekvence v čase



Na území ČR byly v období prosince detekovány varianty XFG (11 vzorků) - Stratus. Tato varianta patří mezi sledované varianty podle WHO i ECDC. Vyjma těchto variant byla v listopadu zachycena varianta NW (2 vzorky) PQ (1 vzorek) a RE (1 vzorek). Varianta RE je odvozena od varianty BA.3.2.2 (Cikáda) a její příchod byl očekávaný (podle detekcí v odpadních vodách od konce října v Evropě, tato data jsou k dispozici v databázi GISAID).

Celogenomová fylogenetická analýza variant SARS-CoV-2 v ČR

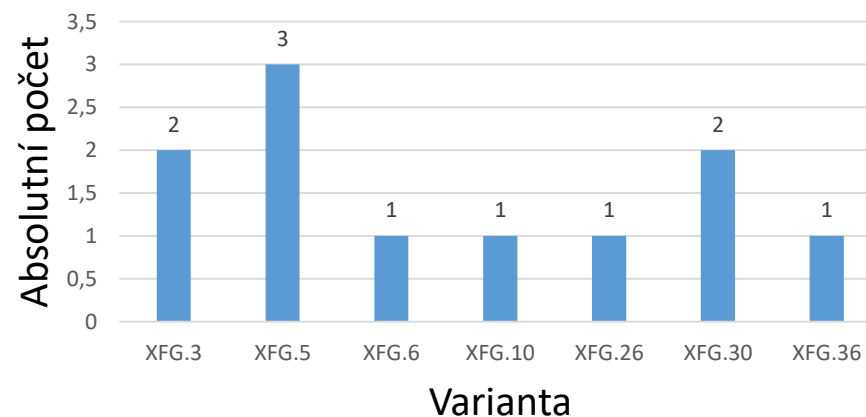
Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu LP.8.1 (16 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)



Data odběru vzorků:
1.12. – 15.12. 2025

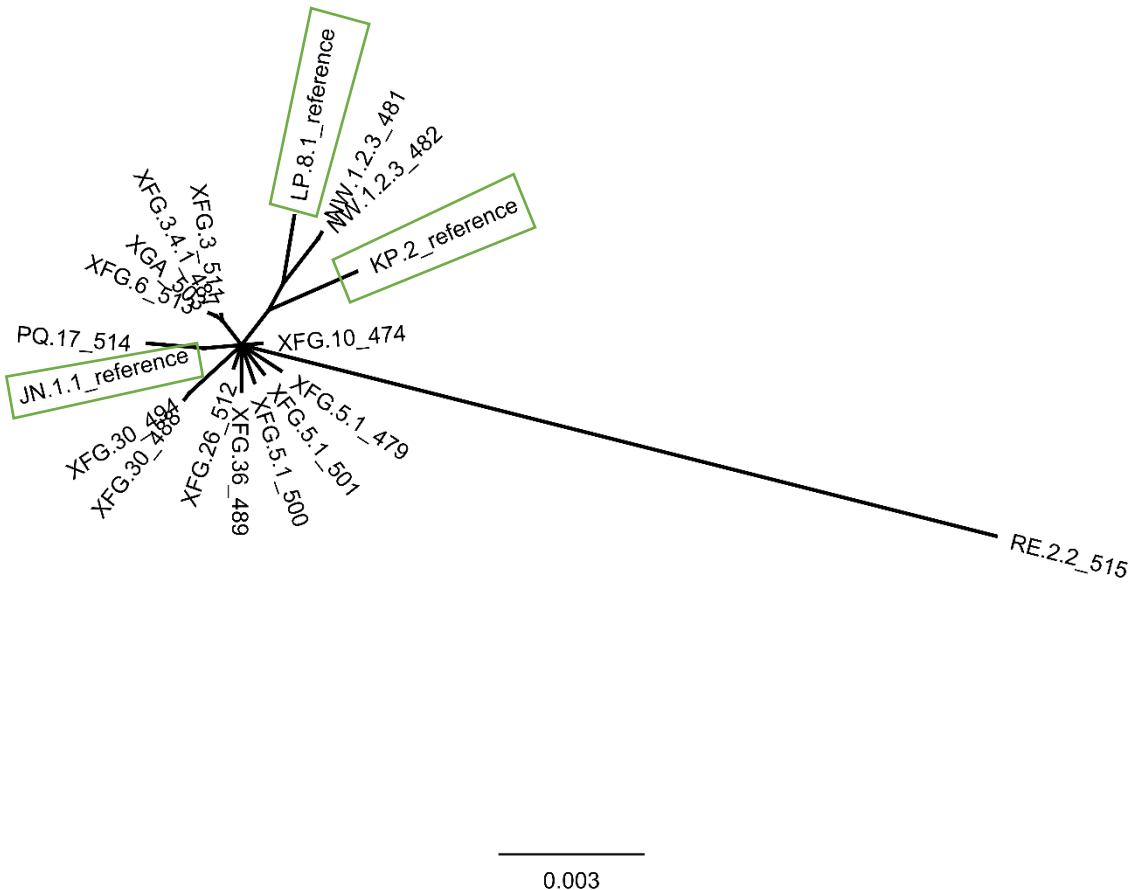
Byly provedeny sekvenace vzorků s datem odběru prosinec. Zachyceny byly převážně varianty XFG (11 vzorků), které patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: NW.1.2.3 (2 vzorky), PQ.17 (1 vzorek), rekombinantní varianta XGA (1 vzorek) a varianta RE.2.2 (1 vzorek). Varianta RE.2.2 je odvozena od varianty BA.3.2.2 (Cikáda) a její šíření bylo očekávané. Tato varianta je velice evolučně vzdálena od současných variant, které jsou odvozeny od varianty BA.2.86. Kompletní data za prosinec 2025 budou k dispozici ve zprávě k 19. 1. 2026.

Zastoupení detekovaných variant XFG



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

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93% podobnosti nezakotvená (16 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)



Data odběru vzorků:

1.12. – 15.12. 2025

V sekvenacích vzorků s datem odběru prosinec byly zachyceny převážně varianty XFG.x, které patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: NW.1.2.3 (2 vzorky), PQ.17 (1 vzorek), rekombinantní varianta XGA (1 vzorek) a varianta RE.2.2 (1 vzorek).

Z nezakotveného dendrogramu pro Spike protein je patrné, že varianta RE.2.2 (Cikáda) je ve spike proteinu velice vzdálena od vzdálený od vakcinálních kmenů i od současně kolujících variant (Stratus), a proto má tato varianta riziko imunitního úniku.

Kompletní data za prosinec 2025 budou k dispozici ve zprávě k 19. 1. 2026.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 2. 2026 KT

- V 2. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 70% hranici. Viry chřipky A představují 77,3% podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl prokázán v jednom případě.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 mírně stoupá ve shodě s globálními daty, v ČR dosáhl 8,7% 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).
- Podíl pozitivních detekcí RSV (5,6 %) má ve shodě s evropskými daty vzestupnou tendenci.
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 2,8 %.
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 2232 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 131 vzorků. V 15 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 116 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3, letošní epidemie chřipky je nadále charakterizována dominancí A/H3N2 subklády K.

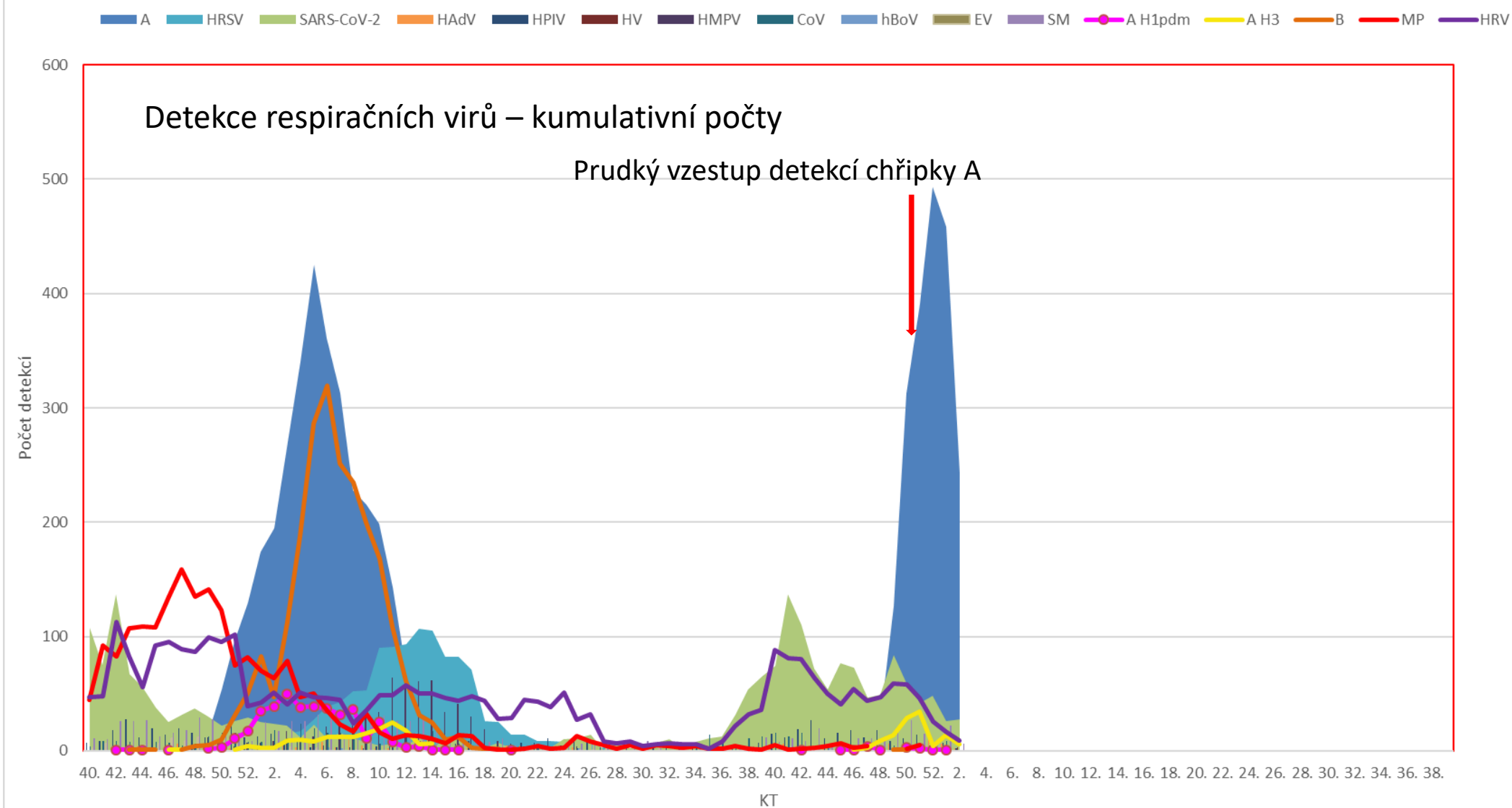
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		51.	Podíl	52.	Podíl	1.	Podíl	2.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	391	68,0%	493	81,4%	458	78,6%	242	75,4%	2101
	A H ₁ pdm	2	0,3%	1	0,2%	1	0,2%		0,0%	15
	A H ₃	34	5,9%	4	0,7%	14	2,4%	6	1,9%	116
	B		0,0%	1	0,2%		0,0%	1	0,3%	5
	HRSV	15	2,6%	3	0,5%	22	3,8%	18	5,6%	94
	HAdV	5	0,9%	17	2,8%	6	1,0%	2	0,6%	84
	HPIV	14	2,4%	5	0,8%	7	1,2%	2	0,6%	212
	HV	2	0,3%		0,0%	1	0,2%	3	0,9%	18
	MP	5	0,9%		0,0%		0,0%	2	0,6%	47
	HMPV		0,0%		0,0%		0,0%	1	0,3%	5
	CoV	4	0,7%	1	0,2%	9	1,5%	1	0,3%	123
	HRV	46	8,0%	26	4,3%	17	2,9%	9	2,8%	862
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	10
	EV		0,0%	2	0,3%		0,0%		0,0%	26
	SARS-CoV-2	42	7,3%	48	7,9%	26	4,5%	28	8,7%	1144
	SM	15	2,6%	5	0,8%	22	3,8%	6	1,9%	206
	pozitivní	575	30,9%	606	32,5%	583	29,7%	321	19,6%	5068
	negativní	1286		1261		1381		1313		18325
Celkový počet vyšetření:		1861		1867		1964		1634		23393

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		51.	Podíl	52.	Podíl	1.	Podíl	2.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	427	74,3%	498	82,2%	473	81,1%	248	77,3%	2232
	B	0	0,0%	1	0,2%	0	0,0%	1	0,3%	2
	Celkem	427	0,743	499	0,823	473	0,8113	249	77,6%	2234



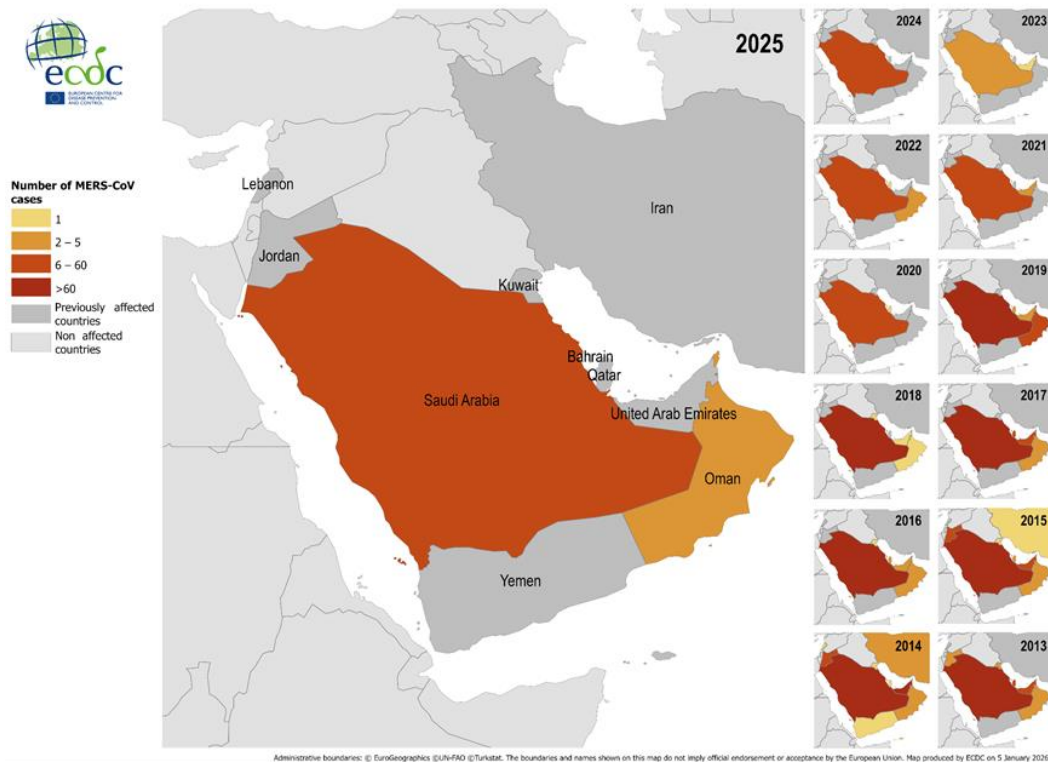
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Od začátku listopadu do 19. prosince 2025 WHO hlásila sedm nových případů lidské infekce ptačí chřipkou A(H9N2), všechny v Číně.

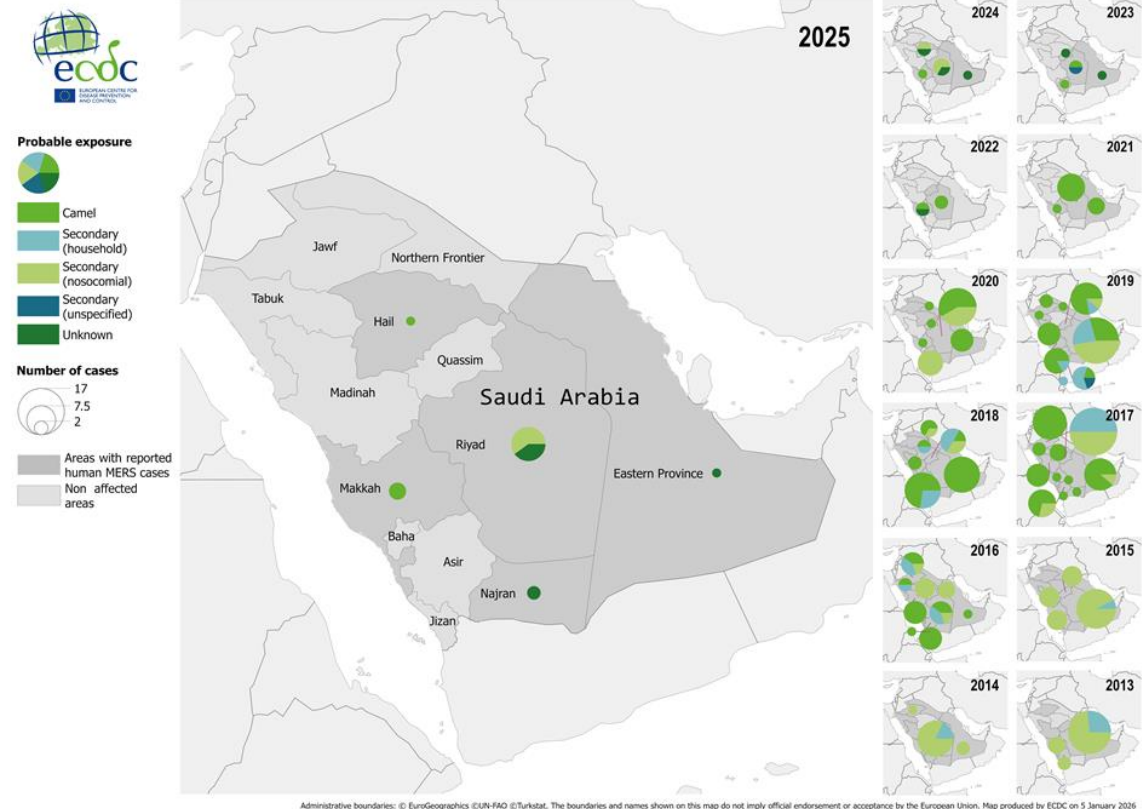
- Příznaky se u těchto případů projeví v září (n=1), říjnu (n=3) a listopadu (n=3) 2025.
- Pět případů bylo u dětí a dva u dospělých.
- Pět jedinců mělo mírný průběh onemocnění. Dvě starší osoby byly hospitalizovány, z nichž jedna měla základní onemocnění a byla hospitalizována s těžkým zápallem plic.
- Všichni kromě jednoho byli v kontaktu s ptáky (drůbež z dvorku nebo trh s živou drůbeží). Vyšetřování jednoho případu stále probíhá.
- U kontaktů těchto případů nebyly hlášeny žádné nové případy.
- Celkem bylo od roku 1998 hlášeno 190 případů ptačí chřipky A(H9N2) u lidí, včetně dvou úmrtí z 10 zemí. Od roku 2015 Čína nahlásila WHO 149 případů infekce virem ptačí chřipky A(H9N2) u lidí, včetně dvou úmrtí (míra úmrtnosti (CFR): 1,4 %).
- Riziko pro lidské zdraví v EU/EHP je v současné době považováno za velmi nízké.

- Od poslední aktualizace 10. prosince 2025 a k 5. lednu 2026 bylo v Saúdské Arábii hlášeno pět nových případů MERS (včetně jednoho úmrtí).
- Od začátku roku 2025 a k 5. lednu 2026 bylo hlášeno 19 případů MERS (včetně čtyř úmrtí) s datem nástupu v roce 2025. Z nich bylo 17 případů (včetně čtyř úmrtí) hlášeno v Saúdské Arábii a dva importované případy byly hlášeny ve Francii.
 - Pravděpodobnost trvalého přenosu z člověka na člověka mezi běžnou populací v Evropě zůstává velmi nízká a dopad onemocnění na běžnou populaci je také považován za nízký. Současná situace s MERS-CoV představuje nízké riziko pro EU/EHP.

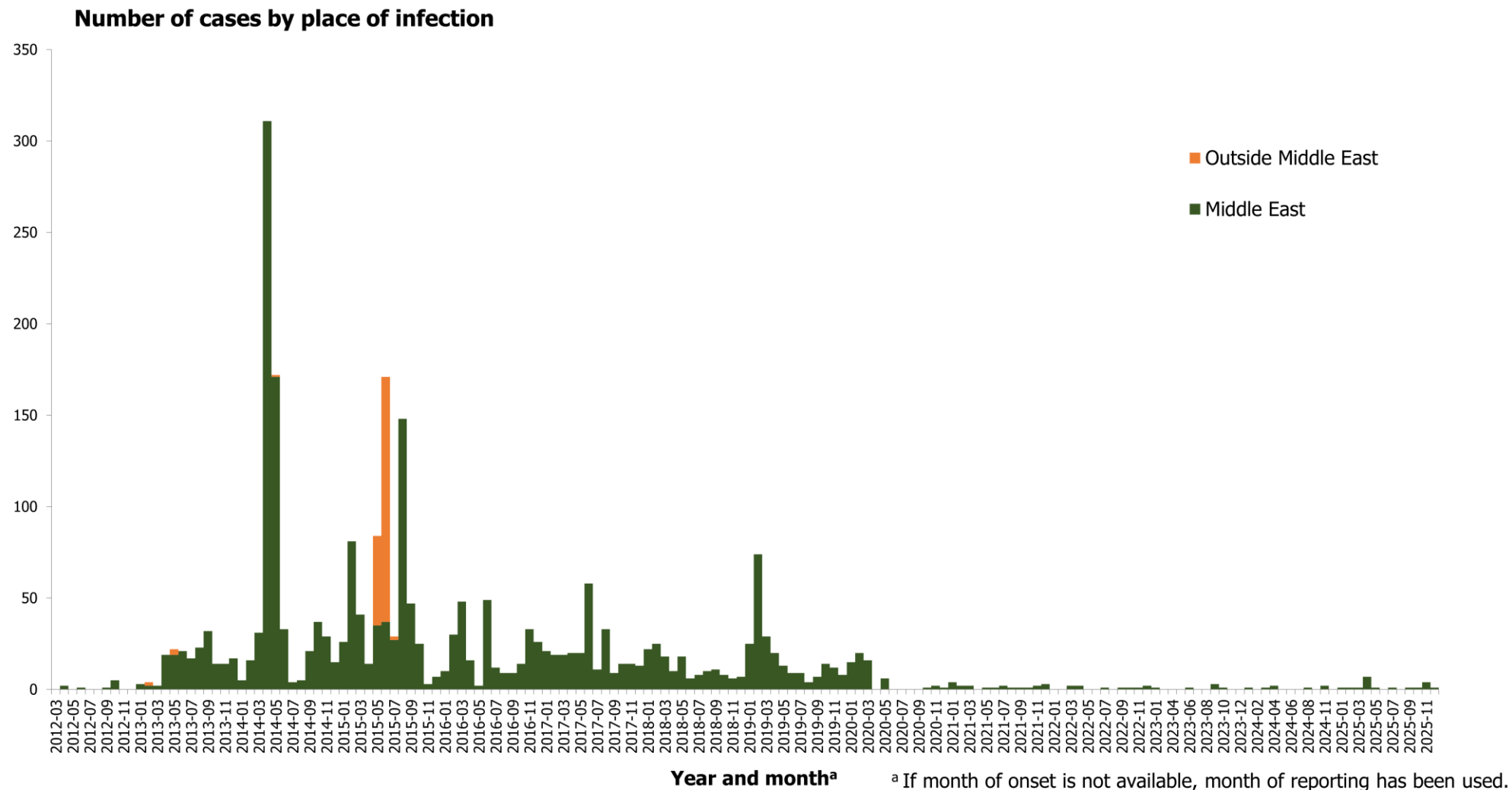
Obr. Počet případů v letech 2013 – 2025



Ohniska na MERS – CoV na Arabském poloostrově



MERS – CoV – kumulativní počet případů





Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 2. KT 2026 a EU/EHP 1. KT

Virologická surveillance 2. KT:

V 2. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 70% hranici. Viry chřipky A představují 77,3% podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl prokázán v jednom případě. Od 36. KT bylo zachyceno celkem 2232 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 131 vzorků. V 15 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 116 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3, letošní epidemie chřipky je nadála charakterizována dominancí A/H3N2 subklády K.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 mírně stoupá ve shodě s globálními daty, v ČR dosáhl 8,7% podílu pozitivních detekcí. Zatím nelze pro nedostatek sekvenačních dat říci, zda se jedná o vzestup v důsledku šíření nové varianty BA.3.2.x (Cikáda).

Podíl pozitivních detekcí RSV (5,6 %) má ve shodě s evropskými daty vzestupnou tendenci.

Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 2,8 %.

EU/EHP 1. KT

Cirkulace viru chřipky ve většině zemí EU/EHP nadále roste, ačkoli v některých zemích se zdá, že vrchol již pominul. Chřipka A(H3N2) zůstává dominantním podtypem na úrovni EU/EHP, ale detekován je také A(H1N1)pdm09. Postiženy jsou všechny věkové skupiny. V mnoha zemích je pozorován nárůst hospitalizací, zejména u dospělých ve věku 65 let a starších.

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) v několika zemích nadále pomalu roste. Data z nemocnic ukazují rostoucí počet hospitalizací souvisejících s RSV v několika zemích, zejména u dětí mladších pěti let. Na úrovni EU/EHP jsou hospitalizace související s RSV na nižších úrovních, než byly v tomto období pozorovány v posledních čtyřech sezónách.

Cirkulace SARS-CoV-2 nadále klesá ve všech věkových skupinách a dopad na hospitalizace je v současné době omezený.

Ptačí chřipka A/H9N2:

Od začátku listopadu do 19. prosince 2025 WHO hlásila sedm nových případů lidské infekce ptačí chřipkou A(H9N2), všechny v Číně.

Pět případů bylo u dětí a dva u dospělých. Pět jedinců mělo mírný průběh onemocnění. Dvě starší osoby byly hospitalizovány, z nichž jedna měla základní onemocnění a byla hospitalizována s těžkým zápallem plic. Všichni kromě jednoho byli v kontaktu s ptáky (drůbež z dvorku nebo trh s živou drůbeží). Vyšetřování jednoho případu stále probíhá. Mezilidský přenos nebyl prokázán.

MERS –CoV: Na Arabském poloostrově stále dochází ojediněle k přenosu viru z populace velbloudů na člověka. Od poslední aktualizace 10. prosince 2025 a k 5. lednu 2026 bylo v Saúdské Arábii hlášeno pět nových případů MERS (včetně jednoho úmrtí). Současná situace nepředstavuje riziko.

Epidemická situace 2. KT 2026:

Ve 2. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1583 na 100 000 obyvatel, což představuje vzestup o 71 % v porovnání s předchozím týdnem. Je však nutné vzít v úvahu fakt, že nemocnost za předcházející týden byla významně ovlivněna novoročními svátky. Nicméně, aktuální celková nemocnost za jediný týden dosáhla úrovně nemocnosti evidované v předvánočním období, je tudíž zřejmé, že v ČR chřipková epidemie nadále probíhá.

Při relativním porovnání nemocnosti před Vánoci a nyní je v současnosti evidován výrazný vzestup nemocnosti u dospělých ve věkové skupině 25-64 let a u dospělých nad 65 let.

Aktuálně nejvyšší nemocnost ARI je hlášena ze Zlínského, Plzeňského a Moravskoslezského kraje.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 9. 1. 2026 hlášeno celkem 151 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 49 osob následkům infekce podlehl.

Lze předpokládat, že epidemický výskyt chřipky bude přetrvávat ještě i v dalším období.