Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 19/01/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění
RNDr. Helena Jiřincová, Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., MUDr. Radomíra Limberková

EU/EHP 2. 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 respiračních virů.

Cirkulace viru chřipky je vysoká a postihuje všechny věkové skupiny, přičemž vrchol se zdá být ve většině zemí již za námi. Dominantním podtypem zůstává chřipka A(H3N2), následovaná A(H1N1)pdm09. Celkový klesající trend hospitalizací odráží pokles pacientů v primární péči; počet hospitalizací však zůstává vysoký, přičemž nejvyšší počty jsou zaznamenány u dospělých ve věku 65 let a starších.

Cirkulace respiračního syncyciálního viru (RSV) je zvýšená a nadále pomalu roste. Hospitalizace související s RSV jsou na nižších úrovních, než byly pozorovány v tomto ročním období v posledních čtyřech sezónách. Hospitalizace v několika zemích rostou, zejména u dětí mladších pěti let.

Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a dopad na míru hospitalizace je v současnosti omezený.

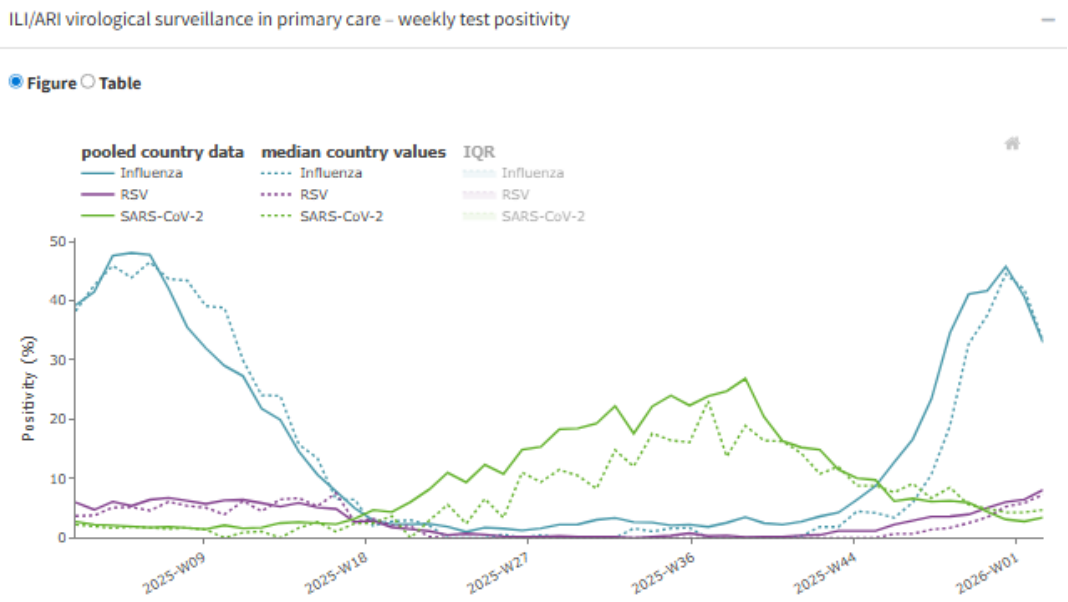
EuroMOMO (Evropský monitoring úmrtnosti) hlásí v několika zemích zvýšenou úmrtnost ze všech příčin ve věkových skupinách nad 65 let.

Zdroj: GISAID data

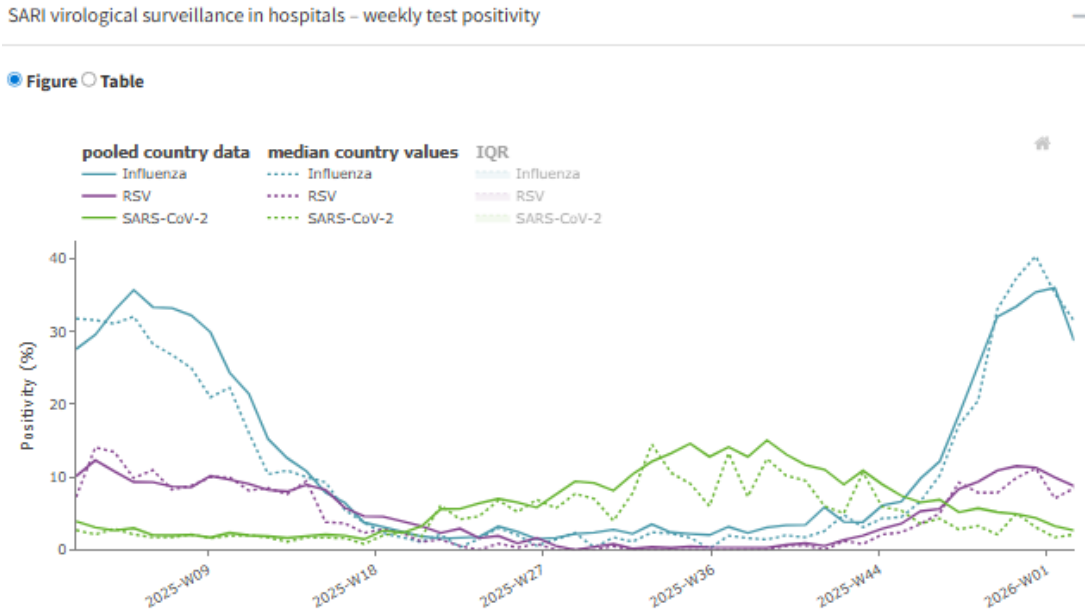
EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 2. KT 2026

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

(a)



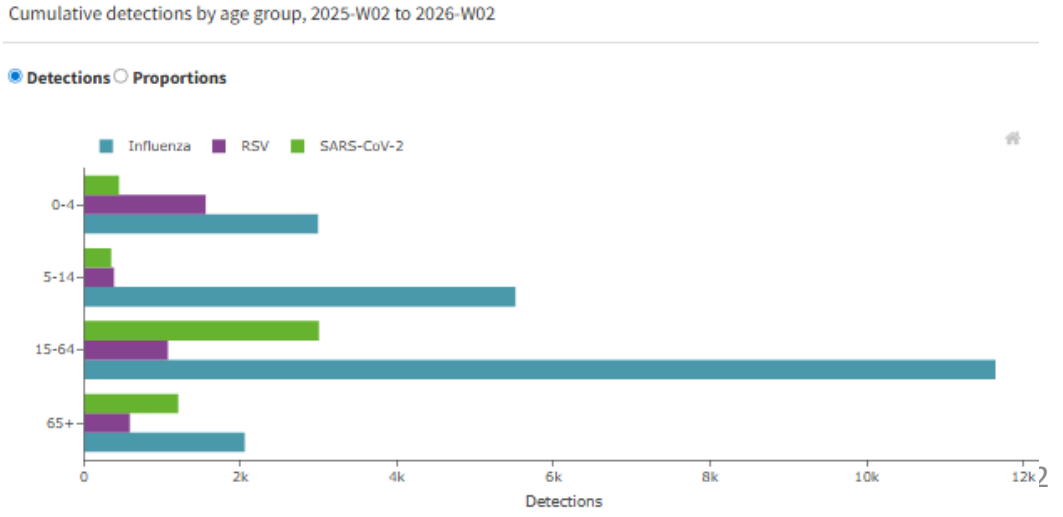
(b)



Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	1155	44	5a.2a.1(D.3.1)	1145	99
			5a.2a(C.1.9.3)	5	0.4
			5a.2a.1(D)	5	0.4
A(H3)	1458	56	2a.3a.1(K)	1341	92
			2a.3a.1(J.2)	81	6
			2a.3a.1(J.2.4)	19	1
			2a.3a.1(J.2.2)	17	1
B/Vic	6	0.2	V1A.3a.2(C.5.6)	3	50
			V1A.3a.2(C.5)	2	33
			V1A.3a.2(C.5.1)	1	17

(c)



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

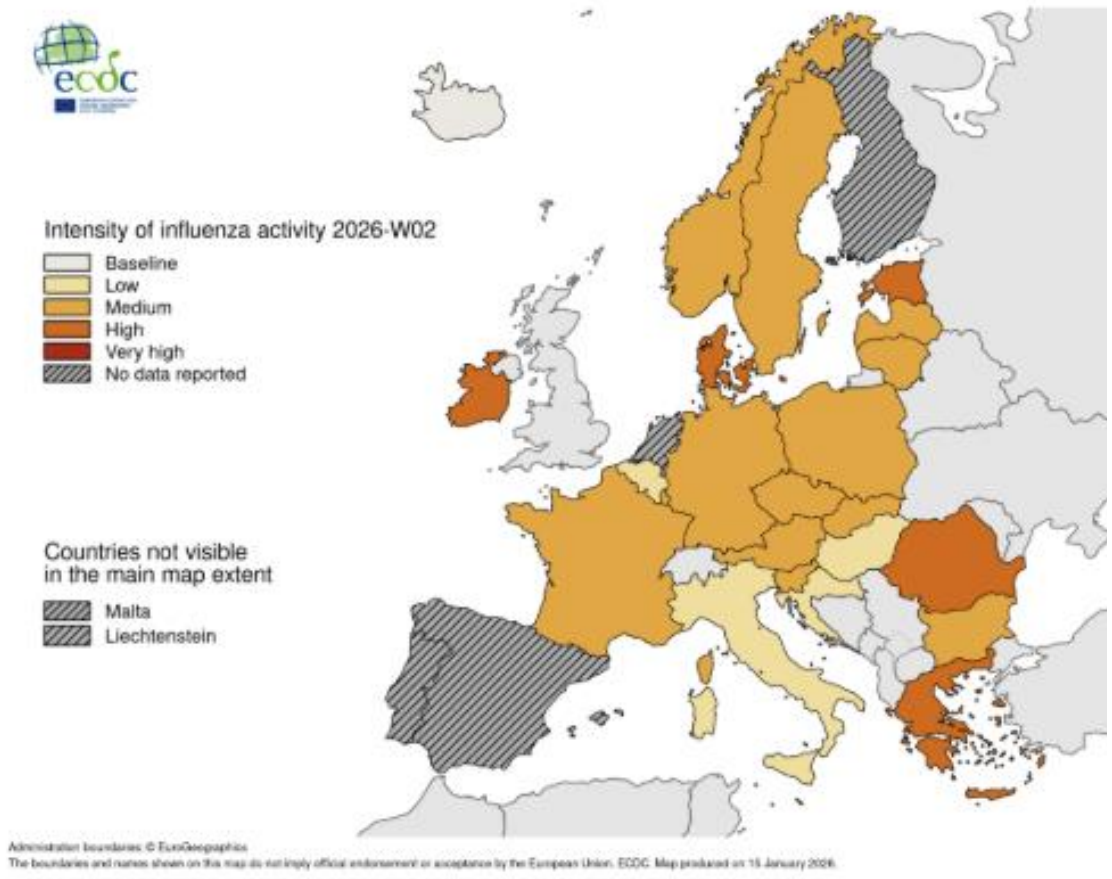
EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 2. KT 2026

		Reporting countries		EU/EEA summary	
Indicator	Syndrome or pathogen	Week 2	Week 1	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	17 rates (10 MEM)	18 rates (10 MEM)	Distribution of country MEM categories	6 Baseline 4 Low
	ILI	19 rates (18 MEM)	21 rates (20 MEM)		4 Baseline 7 Low 7 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	19	20	Pooled (median; IQR)	33% (33; 27–37%)
	RSV	18	19		8.1% (7.3; 2.5–12%)
	SARS-CoV-2	17	19		3.4% (4.7; 2–7.1%)
SARI rates in hospitals	SARI	11	12	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	10	11	Pooled (median; IQR)	29% (32; 23–36%)
	RSV	11	11		8.8% (8.5; 8.5–13%)
	SARS-CoV-2	10	11		2.7% (2.1; 0.8–3.6%)
Intensity (country-defined)	Influenza	23	25	Distribution of country qualitative categories	1 Baseline 4 Low 13 Medium 5 High
Geographic spread (country-defined)	Influenza	22	24	Distribution of country qualitative categories	1 Local 3 Regional 18 Widespread

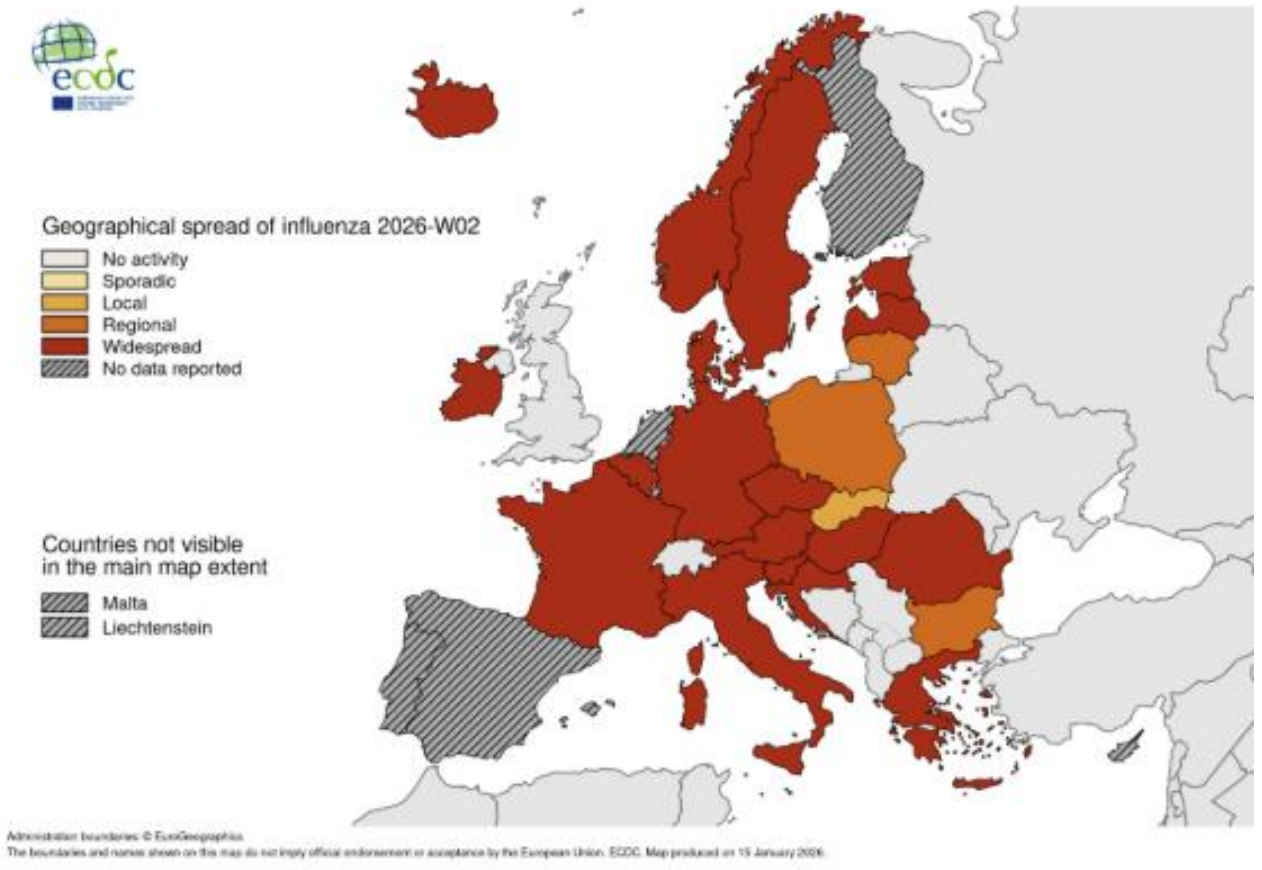
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org

ECDC Intenzita chřipkové aktivity a geografické rozšíření chřipky – 2. KT 2026

Intensity of influenza activity 2026-W02

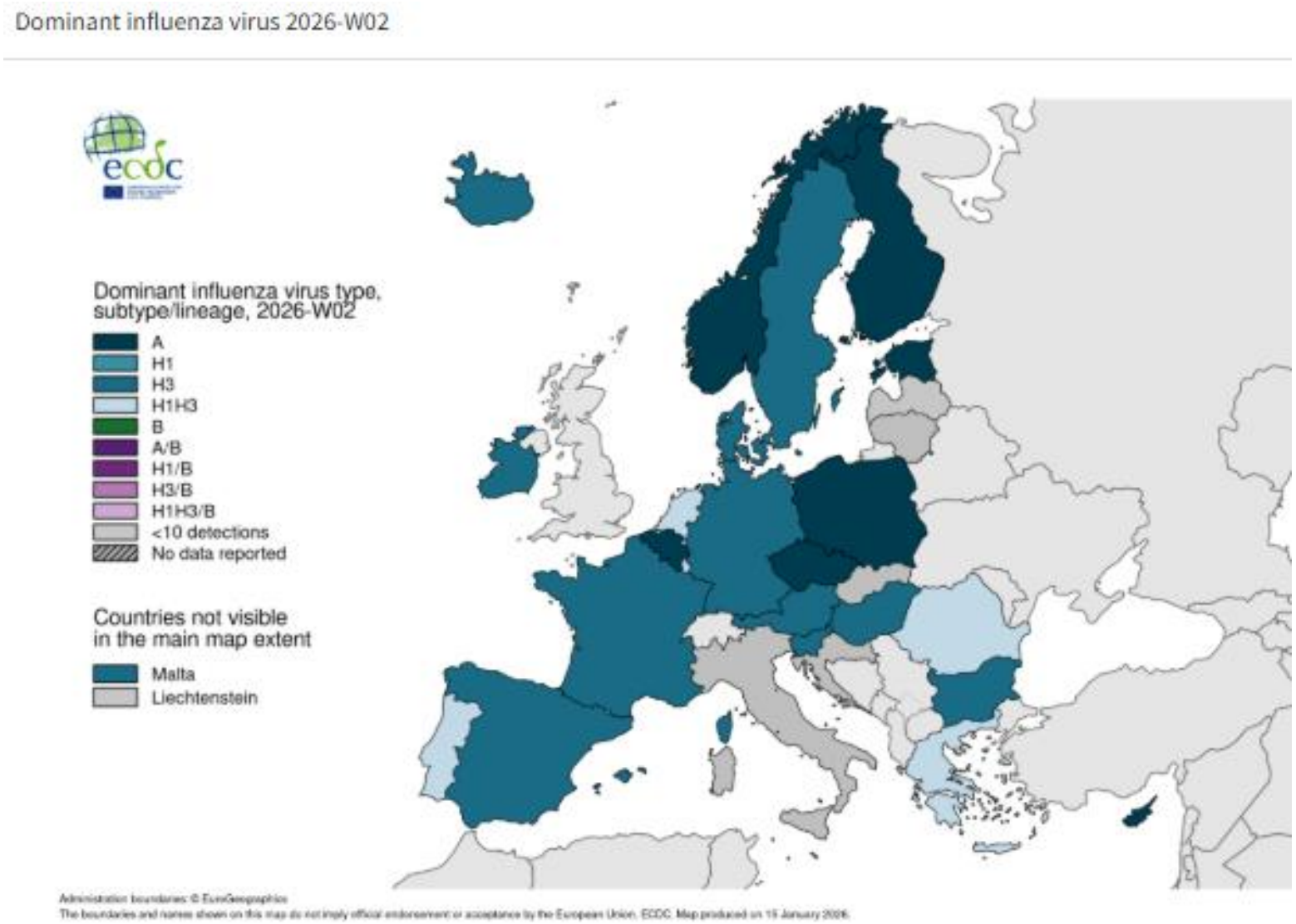


Geographical spread of influenza 2026-W02



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

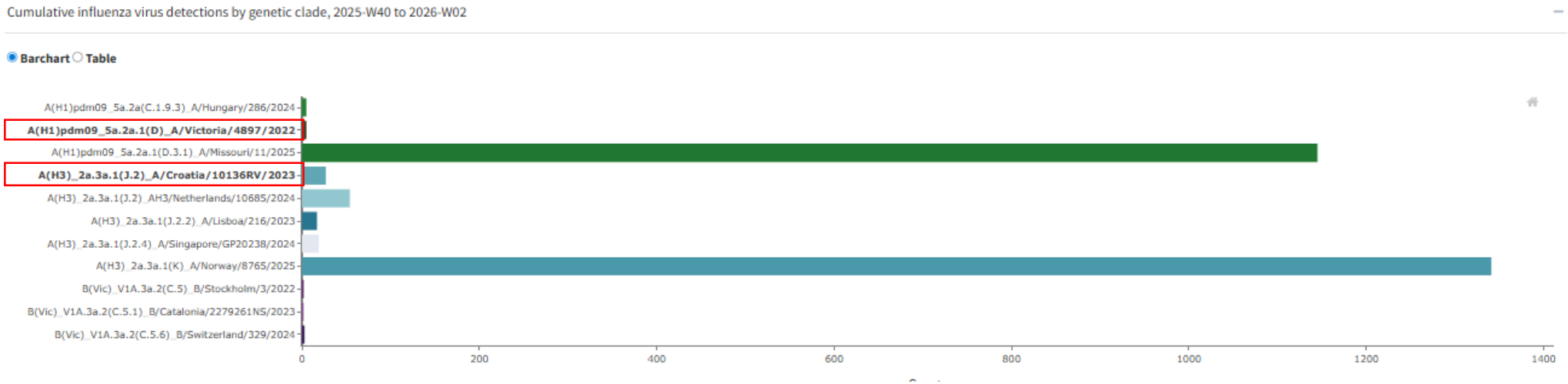
ECDC dominující subtypy viru chřipky – 2. KT 2026



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

ECDC charakteristika subtypů viru chřipky k 19/1/2026
ČR – charakterizace sekvenovaných virů chřipky

Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v EU/EHP v sezóně 2025/26 (KT 40/25 – KT 2/26)



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

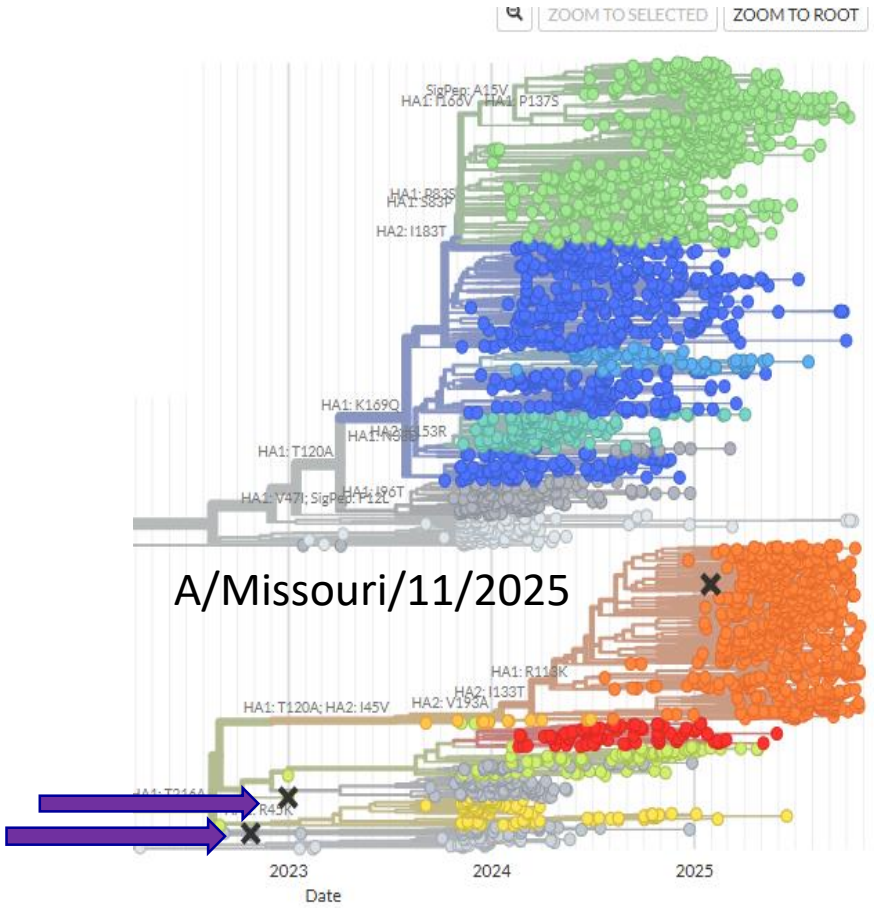
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org

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

Zdroj: GISAID. Dostupné na: https://platform.epicov.org/

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.

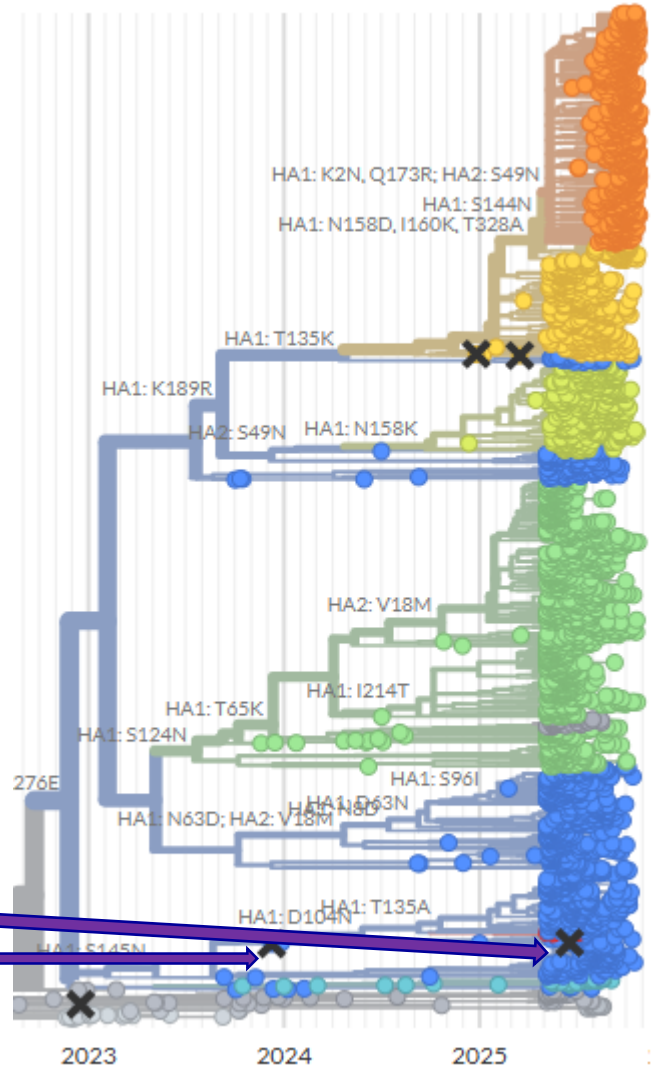
Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Norway like kmenů) od vakcinačního kmene :

- 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



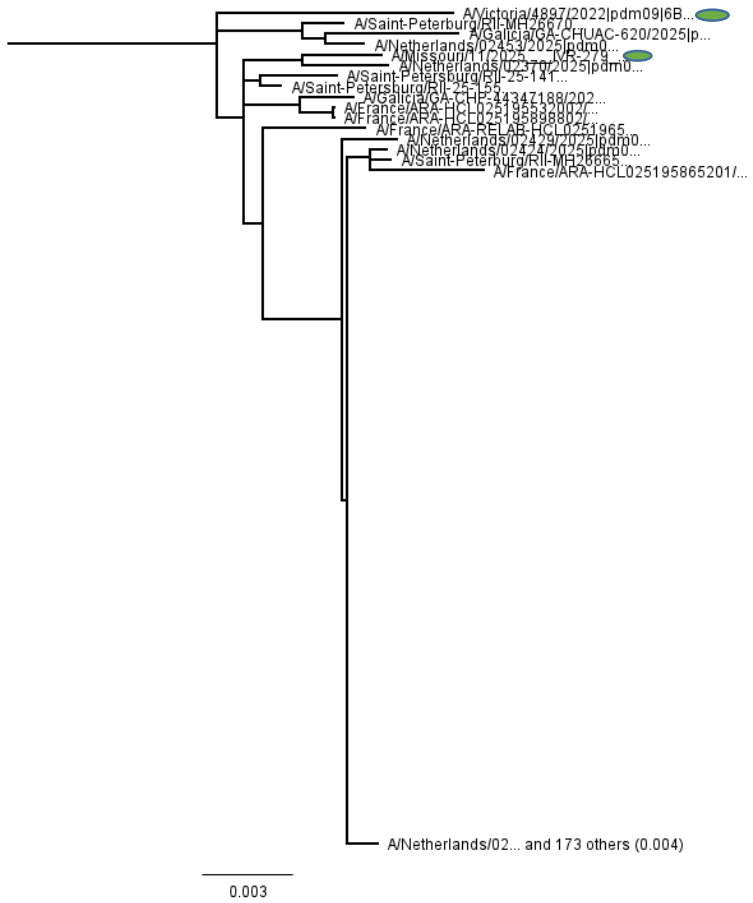
Zdroj: GISAID. Dostupné na: https://platform.epicov.org/

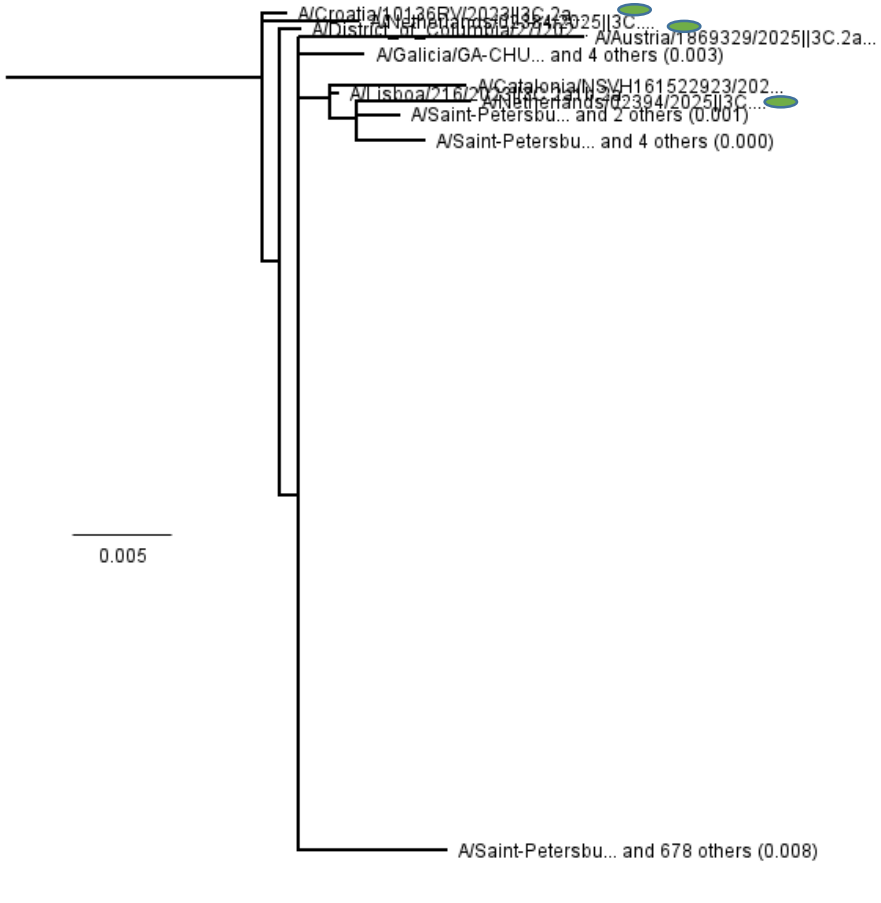
Celogenomová fylogenetická analýza subtypů chřipky A v Evropě

Dendrogram – fylogenetická analýza H1N1 segmentu HA (hemaglutinin) 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 (hemaglutinin) podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu A/H3N2/Croatia/10136RV/2023 (699 vzorků + 3 vakcinální kmeny)



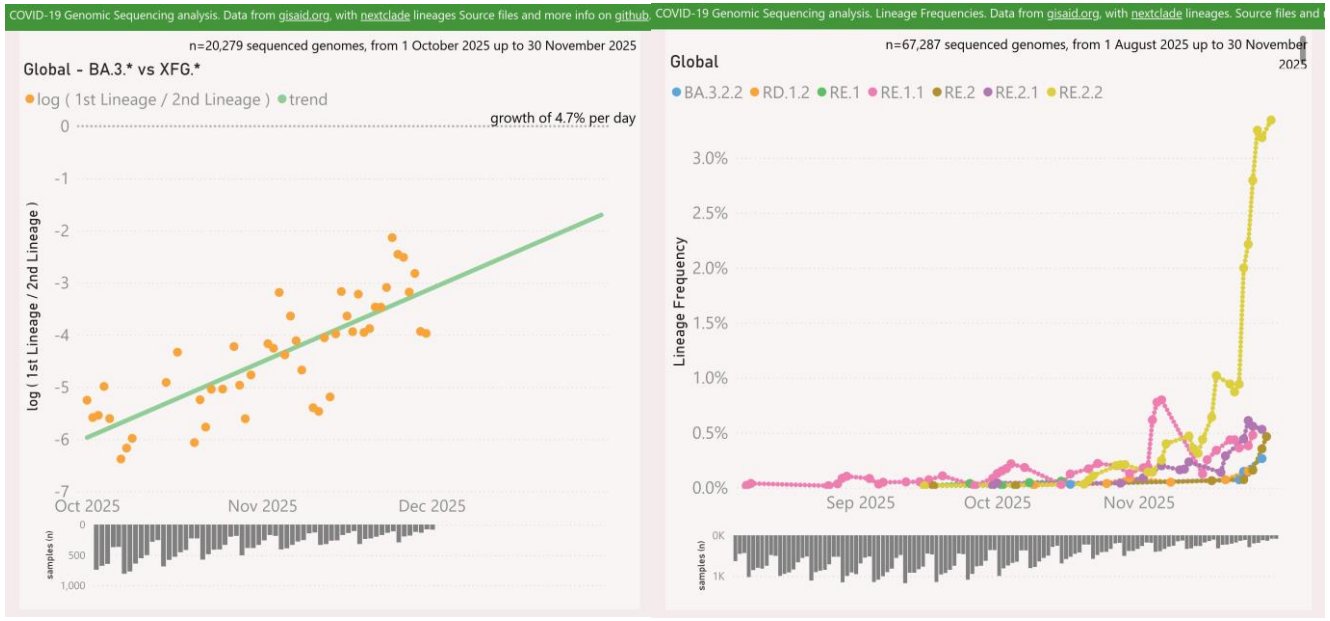


Zdroj: Biomatters. Geneious Prime: Multiple Sequence Alignment Tool, verze 2025.2 [software]. Auckland: Biomatters Ltd., 2025. Dostupné z: https://www.geneious.com

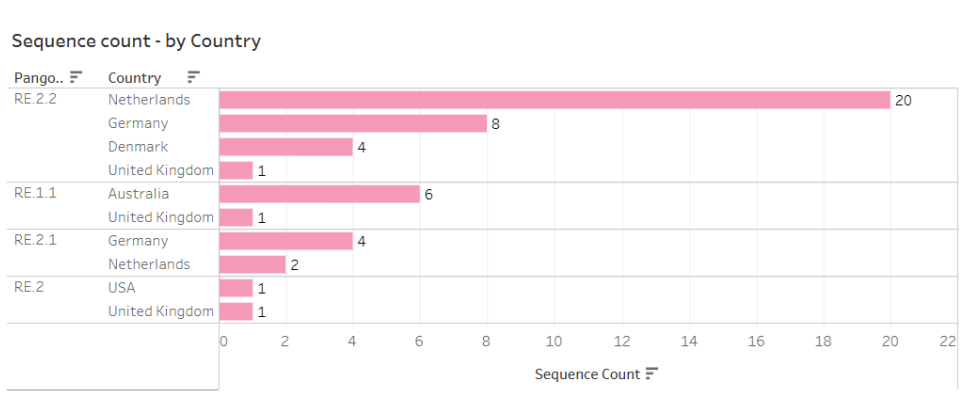
GISAID: SARS-CoV-2 charakteristika nově se šířících variant BA.3 a BA.3 like

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)



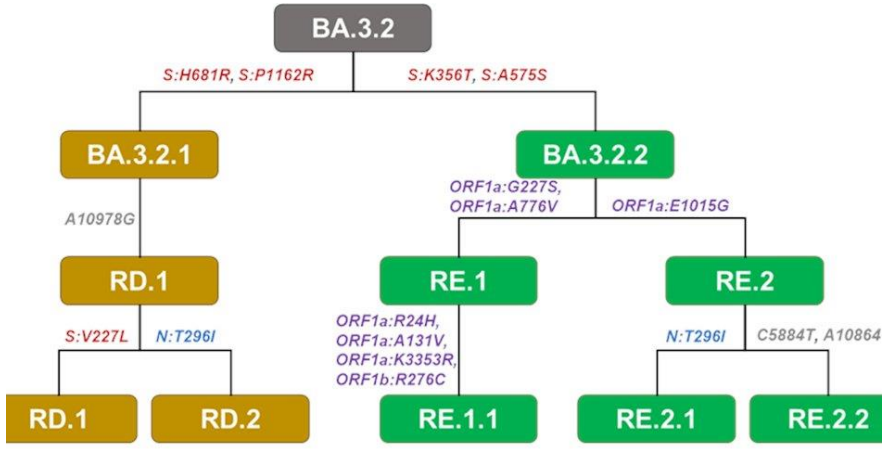
Link to dashboards: public.tableau.com/app/profile/raj.rajnarayanan | #NYITCOMResearch Report | Sequence data provided on this Viz are subject to GISAID's Terms and Conditions: https://www.gisaid.org/registration/terms-of-use/ | Summary of PANGO designations: https://www.pango.network/summary-of-designated-omicron-lineages/ | ^^ Nexclade 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.

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

Rozdíly mezi variantami BA.3.2.1 a BA.3.2.2.



SARS-CoV-2, BA.3.2.x - Cikáda

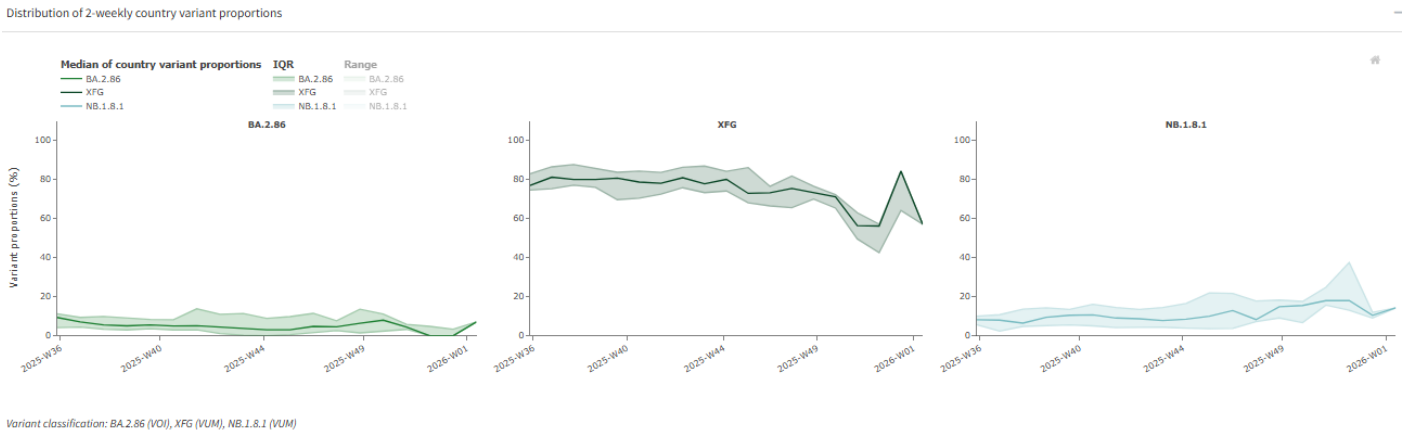
Evoluci BA.3.2 si lze představit jako osamělého trosečníka na izolovaném ostrově, který se po letech vrací do civilizace. Během své izolace se naučil zcela nové dovednosti pro přežití, které mu nyní umožňují obstát v moderním světě, i když se jeho původní příbuzní již dávno vytratili.

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.

ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě k 19. 1. 2026

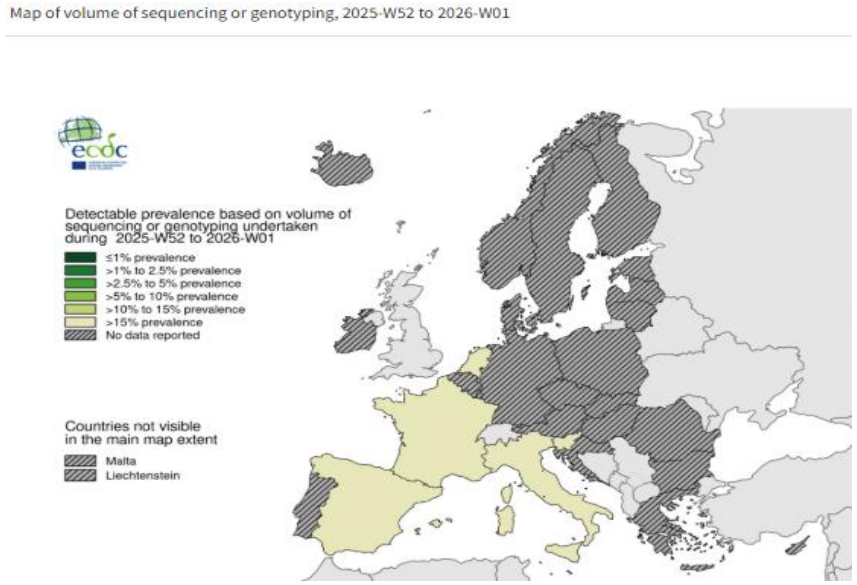
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



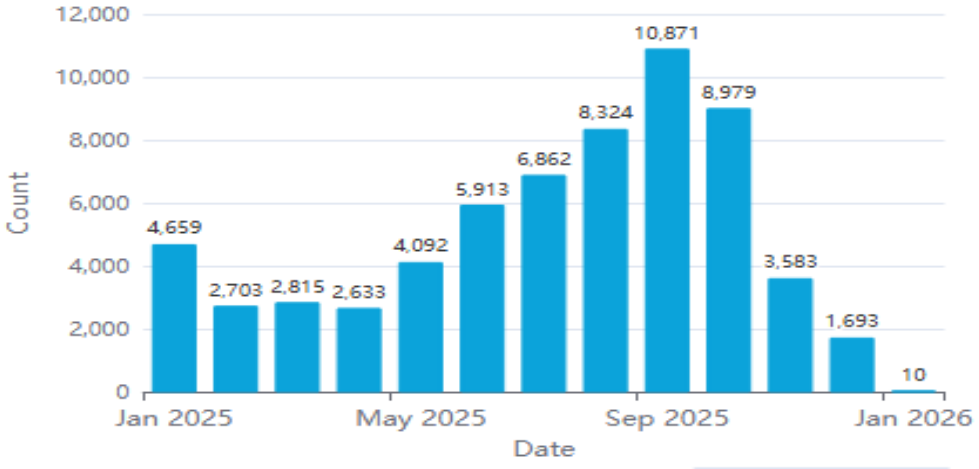
Souhrnný objem sekvenování

Country	Data source	Sequencing or genotyping volume	
		n	Detection threshold
France	GISAID	6	>30%
Italy	GISAID	1	>30%
Netherlands	GISAID	14	>30%
Slovenia	GISAID	5	>30%
Spain	GISAID	2	>30%

Objem sekvenování v 51. a 52. týdnu 2025



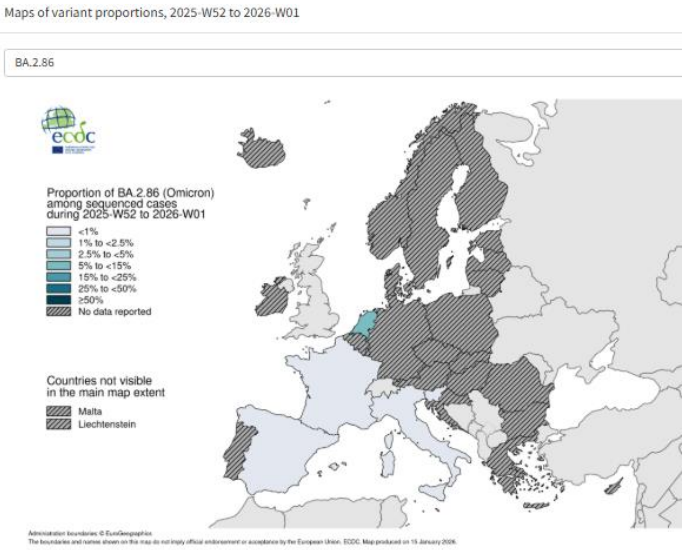
Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

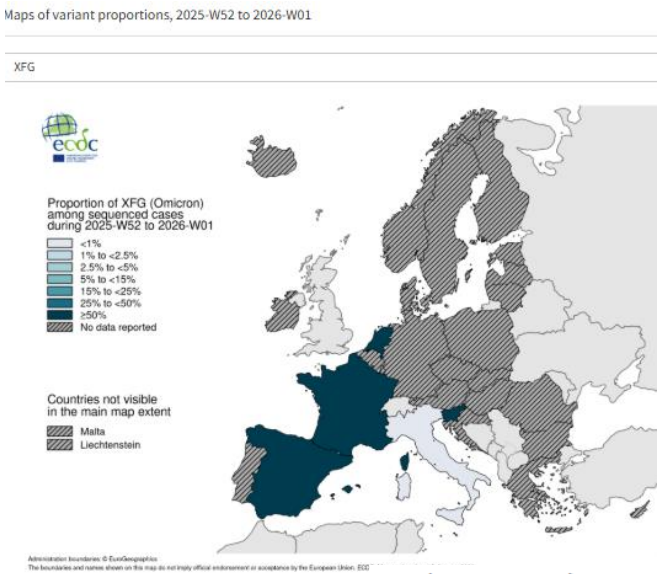


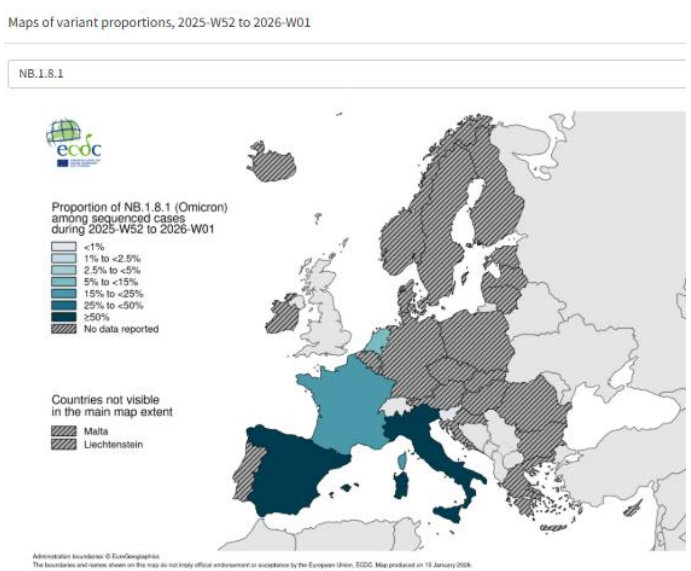
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org, GISAID dostupné na: https://www.epicov.org/

ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu 52. KT -1. KT

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 52. týdnu -1. 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

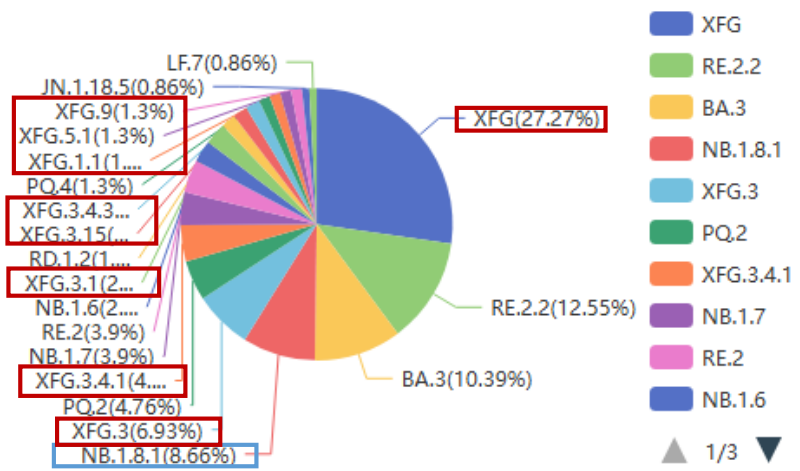
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

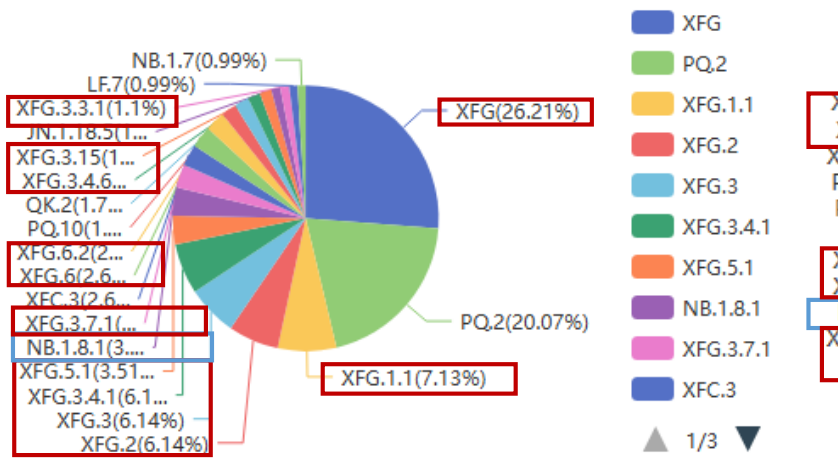
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě, Severní Americe a Asii k 19. 01. 2026

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

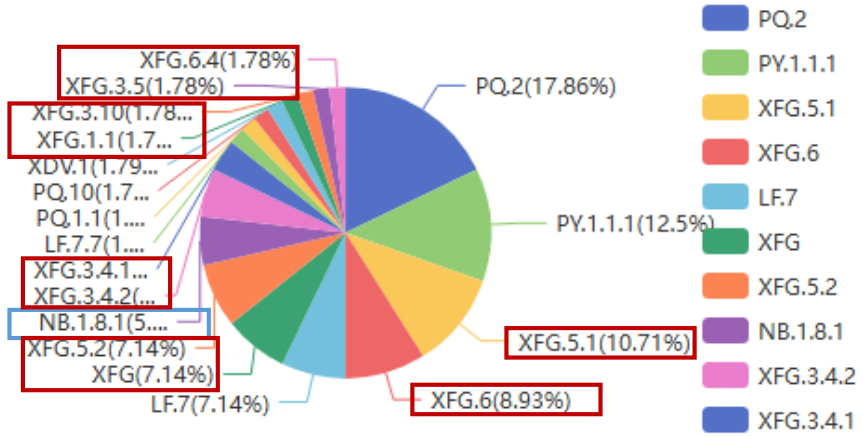
Evropa 19. 12. 2025 - 19. 1. 2026



Severní Amerika 19. 12. 2025 - 19. 1. 2026



Asie 19. 12. 2025 - 19. 1. 2026

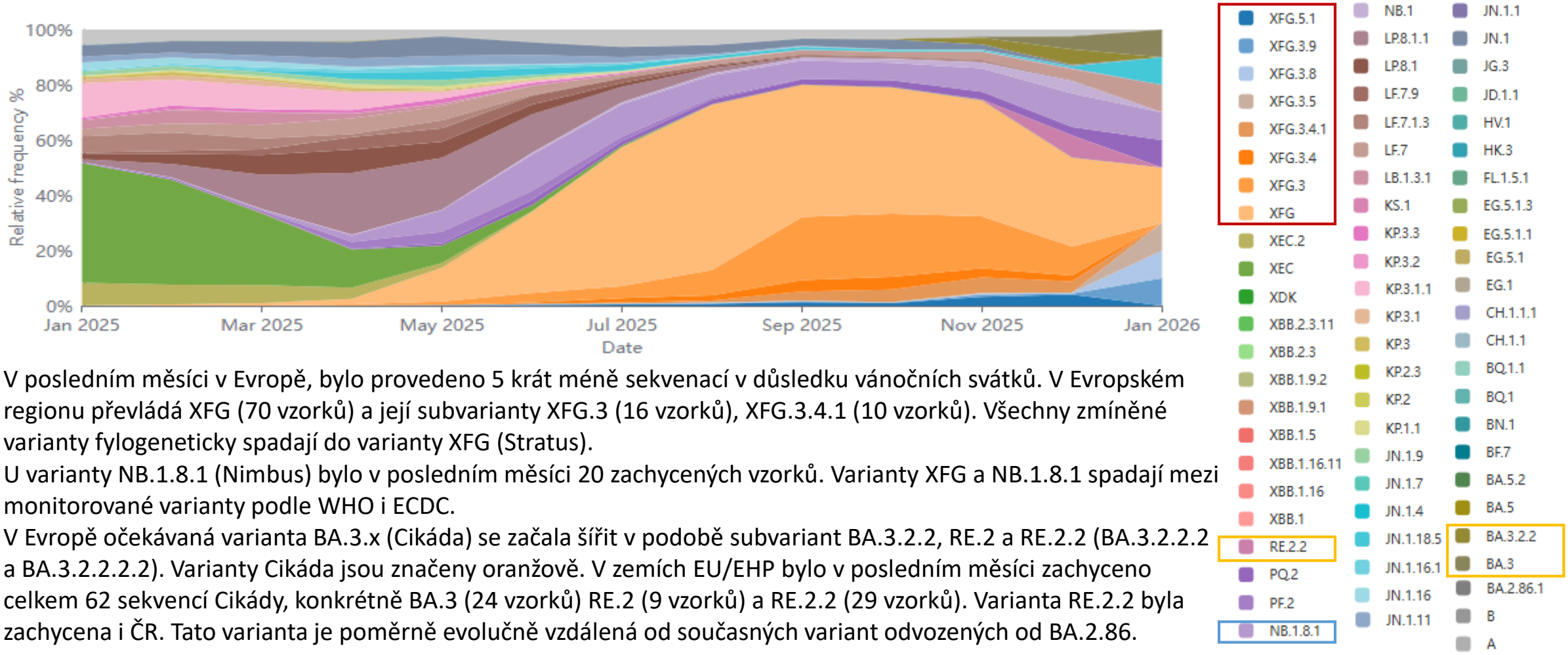


Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	295	1191	72
XFG	70	252	6
XFG.3	16	58	0
XFG.3.4.1	10	56	2
NB.1.8.1	20	37	3
BA.3	24	0	0
RE.2	9	0	0
RE.2.2	29	1	0
PQ.2	12	189	14

Zdroj: GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008 [cit. 2025-11-10]. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

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

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



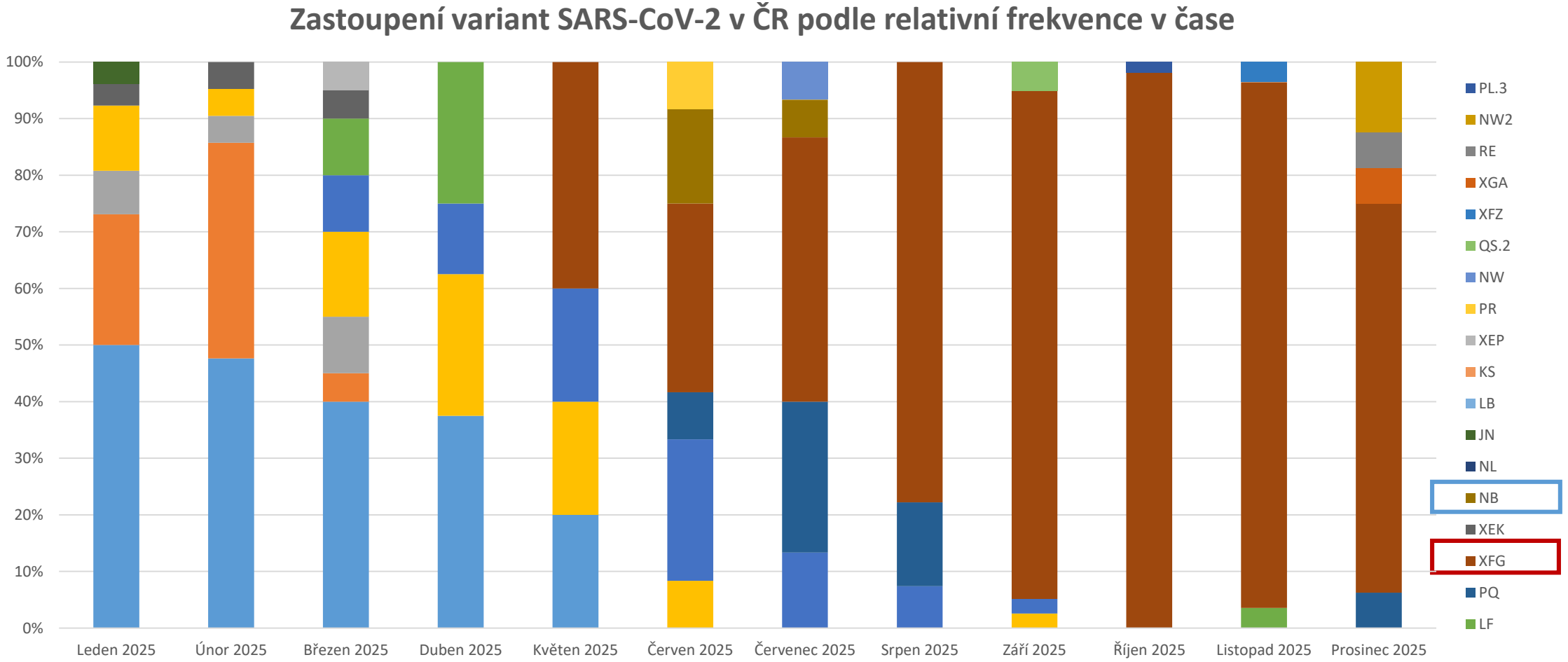
V posledním měsíci v Evropě, bylo provedeno 5 krát méně sekvenací v důsledku vánočních svátků. V Evropském regionu převládá XFG (70 vzorků) a její subvarianty XFG.3 (16 vzorků), XFG.3.4.1 (10 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

U varianty NB.1.8.1 (Nimbus) bylo v posledním měsíci 20 zachycených vzorků. Varianty XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.

V Evropě očekávaná varianta BA.3.x (Cikáda) se začala šířit v podobě subvariant BA.3.2.2, RE.2 a RE.2.2 (BA.3.2.2.2 a BA.3.2.2.2.2). Varianty Cikáda jsou značeny oranžově. V zemích EU/EHP bylo v posledním měsíci zachyceno celkem 62 sekvencí Cikády, konkrétně BA.3 (24 vzorků) RE.2 (9 vzorků) a RE.2.2 (29 vzorků). Varianta RE.2.2 byla zachycena i ČR. Tato varianta je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86.

Zdroj: GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

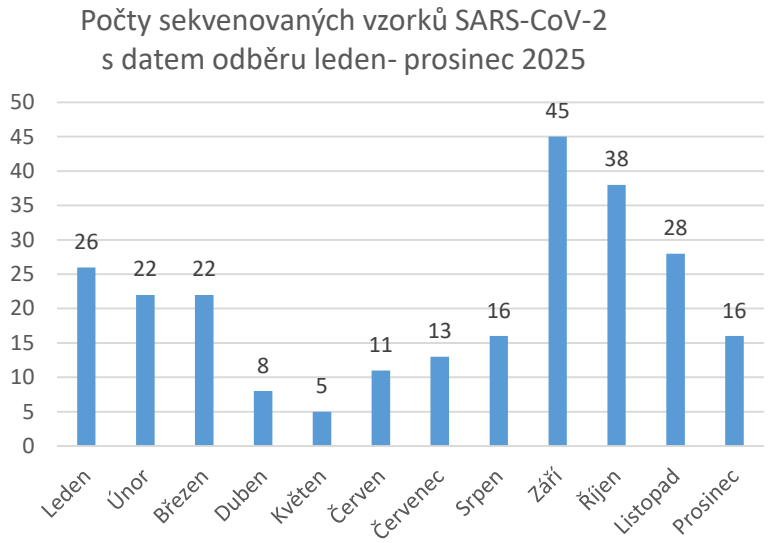
Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v ČR v období leden - prosinec 2025

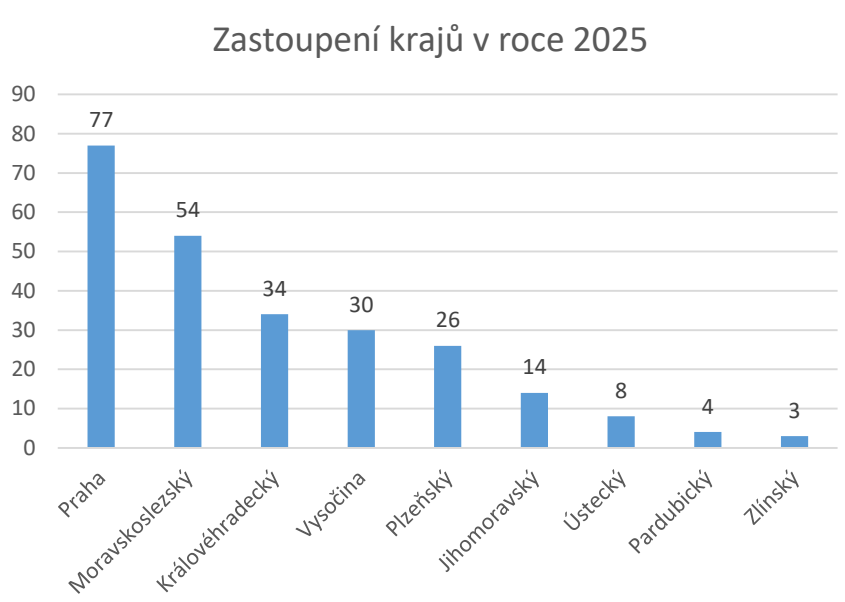


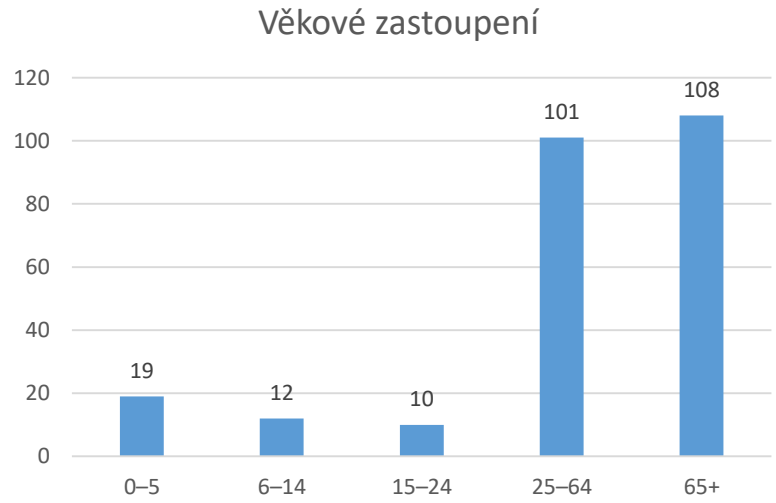
Na území ČR byly v období prosince detekovány varianty XFG (11 vzorků) - Stratus. Tato varianta patří mezi sledované varianty podle WHO i ECDC. Vyjma těchto variant byla v listopadu zachycena varianta NW (2 vzorky) PQ (1 vzorek) a RE (1 vzorek). Varianta RE je odvozena od varianty BA.3.2.2 (Cikáda) a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

Nextclade **Zdroj: Nextclade.** Nextclade Web [online]. Basel: Nextstrain, 2020. Dostupné z: https://clades.nextstrain.org (určení variant sekvenovaných dat)

Sekvenační přehled SARS-CoV-2 v ČR v období leden –prosinec 2025







V ČR bylo v průběhu letošního roku (2025) osekvenováno celkem 250 vzorků SARS-CoV-2. V grafech naleznete celkový počet sekvenací za jednotlivé měsíce, zastoupení jednotlivých krajů a zastoupení věkových skupin pacientů.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 3. 2026 KT

- V 3. KT je podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance stále mírně nad 70% hranicí. Viry chřipky A představují 70,3% podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl prokázán ve dvou případech.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 mírně poklesl na 5,1 %. Zatím nelze pro nedostatek sekvenačních dat říci, do jaké míry se uplatňuje nová varianta BA.3.2.x (Cikáda).
- Podíl pozitivních detekcí RSV (8,7%) má ve shodě s evropskými daty vzestupnou tendenci.
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí stoupá (5,1 %).

- 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.

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

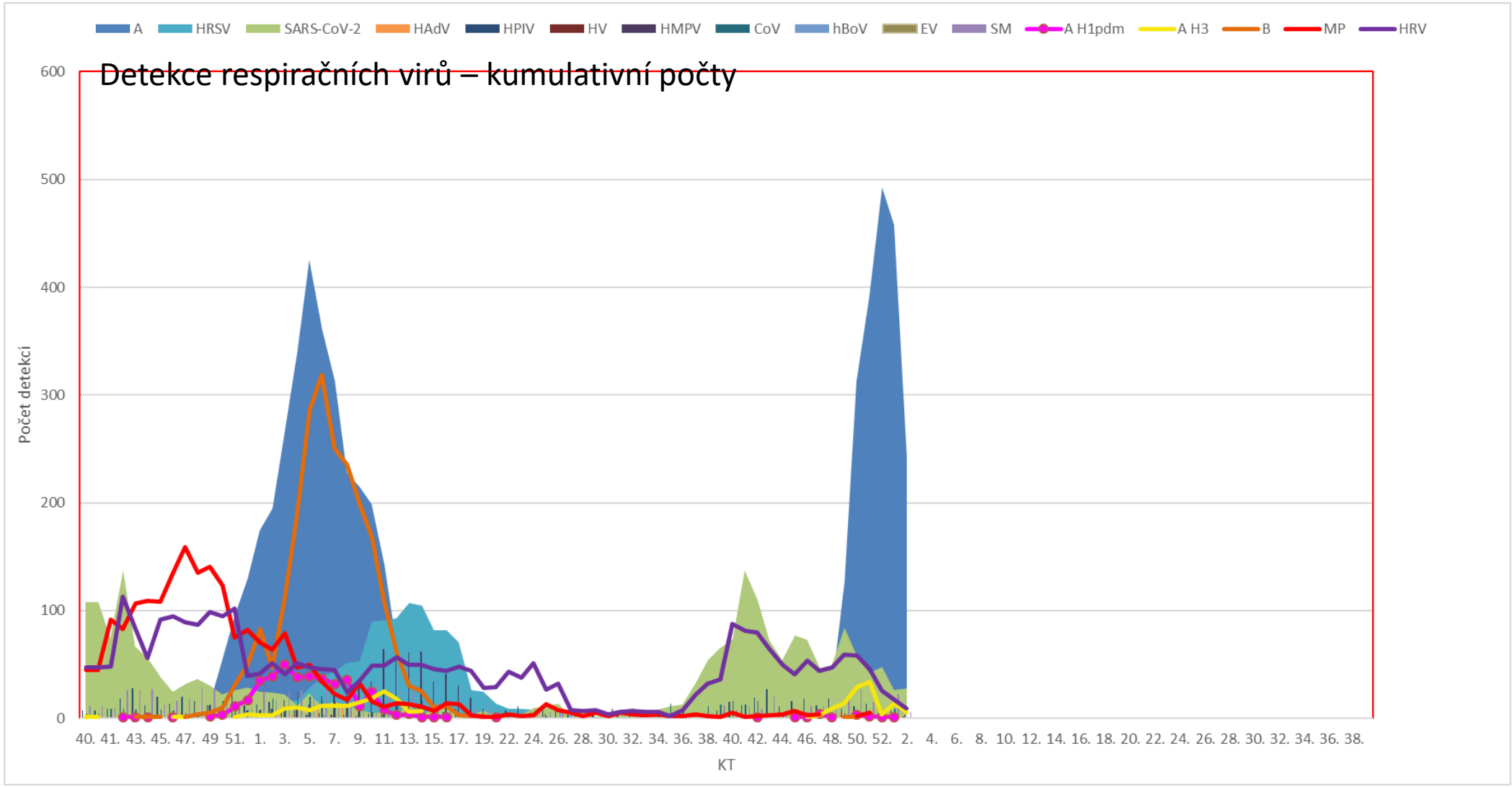
Kalendářní týden (KT)		52.	Podíl	1.	Podíl	2.	Podíl	3.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	493	81,4%	458	78,6%	308	70,2%	174	63,0%	2101
	A H_1pdm	1	0,2%	1	0,2%	5	1,1%	4	1,4%	15
	A H_3	4	0,7%	14	2,4%	15	3,4%	16	5,8%	116
	B	1	0,2%		0,0%	1	0,2%	2	0,7%	5
	HRSV	3	0,5%	21	3,6%	21	4,8%	24	8,7%	94
	HAdV	17	2,8%	6	1,0%	5	1,1%	4	1,4%	84
	HPIV	5	0,8%	7	1,2%	6	1,4%	6	2,2%	212
	HV		0,0%	1	0,2%	3	0,7%	1	0,4%	18
	MP		0,0%		0,0%	2	0,5%	2	0,7%	47
	HMPV		0,0%		0,0%	1	0,2%	1	0,4%	5
	CoV	1	0,2%	9	1,5%	5	1,1%	2	0,7%	123
	HRV	26	4,3%	18	3,1%	25	5,7%	14	5,1%	862
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	10
	EV	2	0,3%		0,0%		0,0%	1	0,4%	26
	SARS-CoV-2	48	7,9%	26	4,5%	31	7,1%	14	5,1%	1144
	SM	5	0,8%	22	3,8%	11	2,5%	11	4,0%	206
	pozitivní	606	32,5%	583	29,7%	439	22,6%	276	21,3%	5068
	negativní	1261		1381		1505		1022		18325
Celkový počet vyšetření:		1867		1964		1944		1298		23393

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		52.	Podíl	1.	Podíl	2.	Podíl	3.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	498	82,2%	473	81,1%	328	74,7%	194	70,3%	2232
	B	1	0,2%	0	0,0%	1	0,2%	2	0,7%	2
	Celkem	499	0,823	473	0,811	329	0,7494	196	71,0%	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

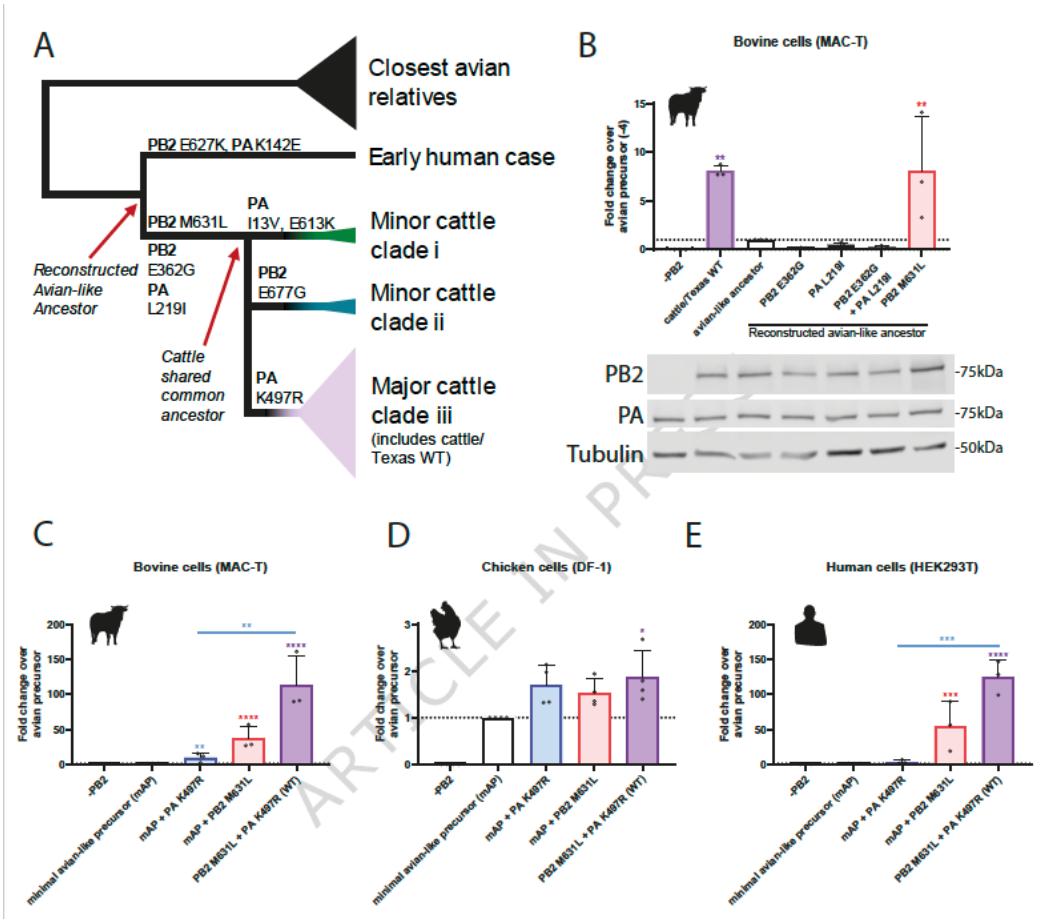
ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 39. KT 2024 - 3. KT 2026



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

Akumulace adaptivních mutací viru H5N1 u mléčného skotu

Viry ptačí chřipky cirkulujících ve stádech dojných krav patřící do genotypy B3.13 H5N1 rychle akumulovaly adaptace na savce, včetně člověka. Tyto adaptační mutace jsou soustředěny v genech kódujících v polymerázový komplex, které umožňují lepší replikaci v buňkách a tkáních skotu. PB2 M631L ovlivňuje vazbu polymerázy a ANP32. Důležité jsou dále mutace v PA K497R, a PB2 E627K a D740N.



Zdroj: **Dholakia, V., Quantrill, J.L., Richardson, S.A.S. et al. Polymerase mutations underlie early adaptation of H5N1 influenza virus to dairy cattle and other mammals. Nat Commun (2026). https://doi.org/10.1038/s41467-026-68306-6**

MPXV Ib (mpox) detekována v ČR

- Od listopadu 2023 se ve východních částech Demokratické republiky Kongo (DRK) případy viru mpox MPXV Ib, který se šíří také prostřednictvím regionálního cestování do sousedních zemí střední a východní Afriky, včetně Burundi, Etiopie, Keni, Rwandy a Ugandy. Mimo Afriku byly případy nadále hlášeny v souvislosti s cestovní anamnézou, a to i v Austrálii, Brazílii, Kanadě, Číně, Francii, Německu, Indii, Itálii, Japonsku, Nizozemsku, Ománu, Pákistánu, Portugalsku, Španělsku, Švédsku, Thajsku, Spojeném království a Spojených státech. Recentně byla potvrzena i rekombinantní variant Ib+IIb ze Spojeného království s cestovní anamnézou Asie.

- Aktuálně je v některých evropských zemích a některých státech virus MPXV Ib detekován i bez cestovní anamnézy do endemických zemí subsaharské Afriky. K těmto zemím patří nyní i ČR, jedná se o pravděpodobný import z Berlína. V této souvislosti je důležité věnovat zvýšenou pozornost infekci připomínající mpox a současně u všech pozitivit zasílat vzorky do NRL na konfirmaci a subtypizaci Ib/IIB.

Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 3. KT 2026 a EU/EHP 2. KT

Virologická surveillance 3. KT:
V 3. KT je podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance stále mírně nad 70% hranicí. Viry chřipky A představují 70,3% podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl prokázán ve dvou případech.
Podíl detekcí SARS-CoV-2 mírně poklesl na 5,1 %. Zatím nelze pro nedostatek sekvenačních dat říci, do jaké míry se uplatňuje nová varianta BA.3.2.x (Cikáda).
Podíl pozitivních detekcí RSV (8,7%) má ve shodě s evropskými daty vzestupnou tendenci.
Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí stoupá na 5,1 %.
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.

EU/EHP 2. KT
Cirkulace respiračních virů ve většině zemí EU/EHP je nadále vysoká, většina zemí je za vrcholem epidemie chřipky. Subtyp 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. V této věkové skupině je i pozorována zvýšená úmrtnost ze všech příčin.
Cirkulace respiračního syncyciálního viru (RSV) je zvýšená a nadále pomalu roste. Hospitalizace související s RSV jsou na nižších úrovních, než byly pozorovány v tomto ročním období v posledních čtyřech sezónách. Hospitalizace v několika zemích rostou, zejména u dětí mladších pěti let.
Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a dopad na míru hospitalizace je v současnosti omezený.

MPXV Ib (mpox)
V minulém týdnu jsme poprvé v ČR detekovali výskyt mpox v důsledku infekce virem MPXV Ib. Jedná se o virus endemický v zemích subsaharské Afriky, který je mimo tyto země detekován především v souvislosti s cestovní anamnézou. V ČR, stejně jako v několika dalších evropských zemích, nevidíme souvislost s importem z endemických zemí, ale jedná se pravděpodobně o import z Berlína. **V této souvislosti je důležité věnovat zvýšenou pozornost infekci připomínající mpox a současně u všech pozitivit zasílat vzorky do NRL na konfirmaci a subtypizaci Ib/IIB.**

Epidemická situace 3. KT 2026:
Ve 3. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1281 na 100 000 obyvatel, což představuje pokles o 19 % v porovnání s předchozím týdnem. Pokles nemocnosti je evidován ve všech krajích. Oproti předpokladům ve většině věkových skupin došlo k poklesu nemocnosti, nemocnost ARI i ILI se zvýšila jen ve skupině dětí 6-14 let. Epidemické šíření chřipky v ČR nadále probíhá. Aktuálně nejvyšší nemocnost ARI je hlášena ze Zlínského kraje.
V aktuální chřipkové sezoně bylo do 16. 1. 2026 hlášeno celkem 186 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 63 osob následkům infekce podlehlo.
Výskyt chřipky bude přetrvávat ještě i v dalším období.