



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 21/9/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., Mgr. Jan Náhlovský, Alena Janypková, MUDr. Radomíra Limberková, RNDr. Helena Jiřincová

EU/EHP 37. KT

Aktivita respiračních virů ve většinou zůstává na mimosezónní úrovni.

Detekce SARS-CoV-2, vykazují mírný vzestupný trend, a to v primární péči především u mladistvých nad 15 let věku a v sekundární péči u osob nad 65 let věku.

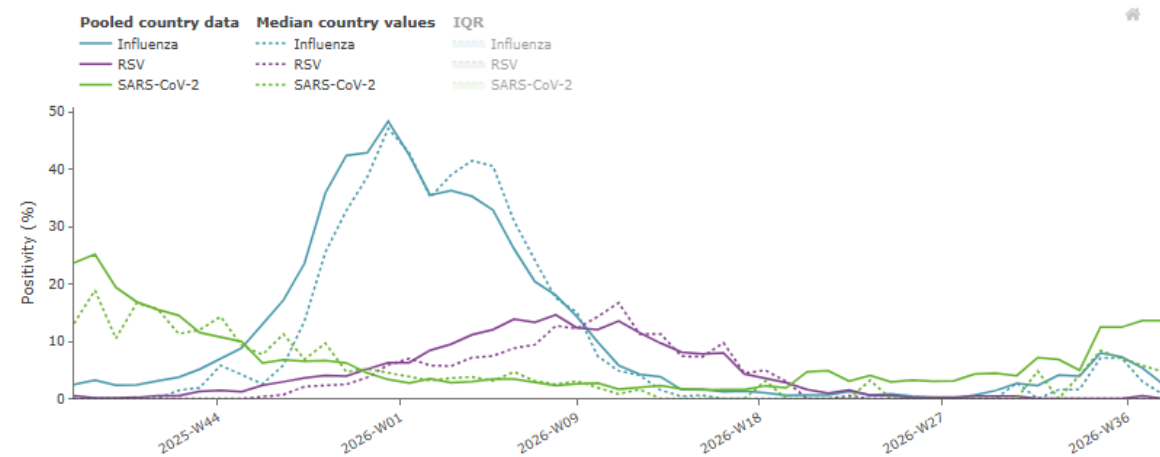
Detekci viru chřipky hlásí několik zemí.

Detekce RSV jsou na obvyklé mimosezónní úrovni.

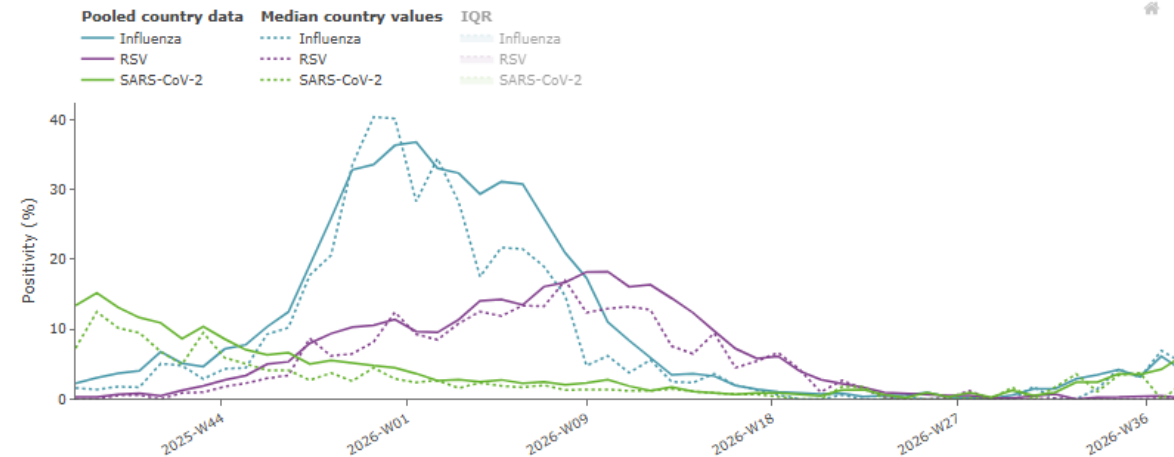
Na grafickém výstupu (str.3) je zřetelné, že stále přetrvávají technické problémy při přechodu na nový systém hlášení EPIPULSE.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 37. KT 2026

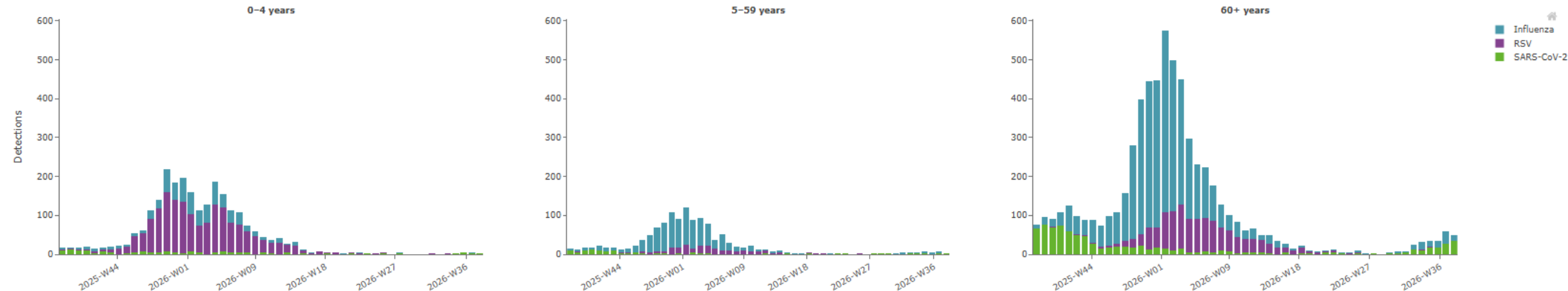
a)

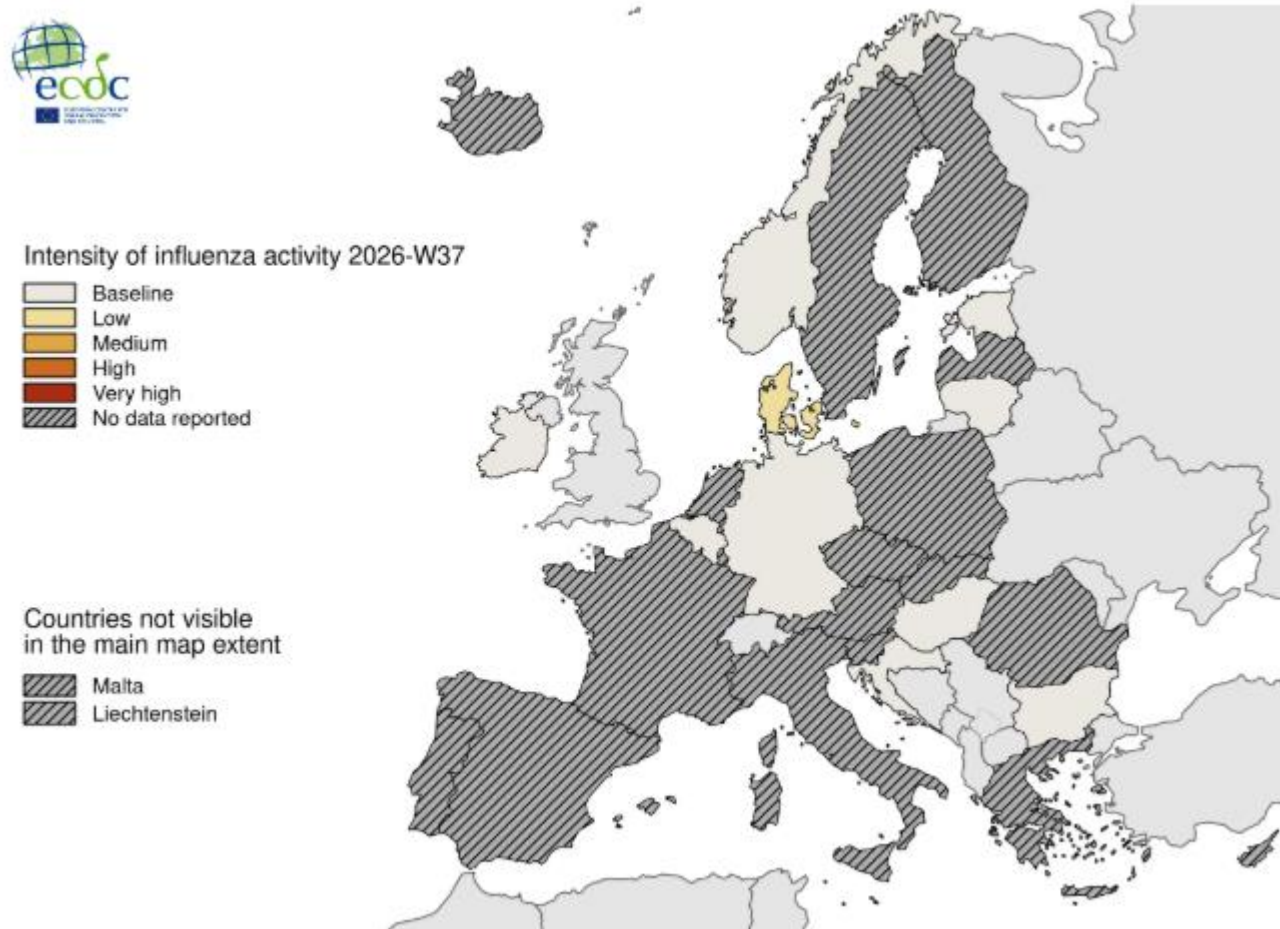


b)



c)





Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

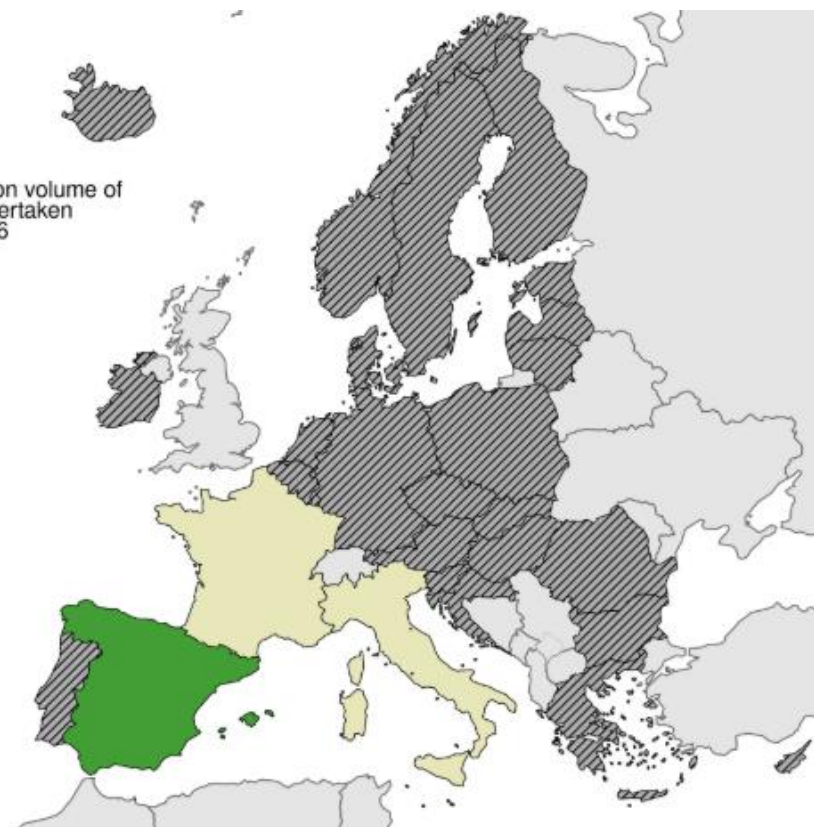
Objem sekvenace v 35. a 36. týdnu 2026



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W35 to 2026-W36



Countries not visible in the main map extent





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 21. 9. 2026

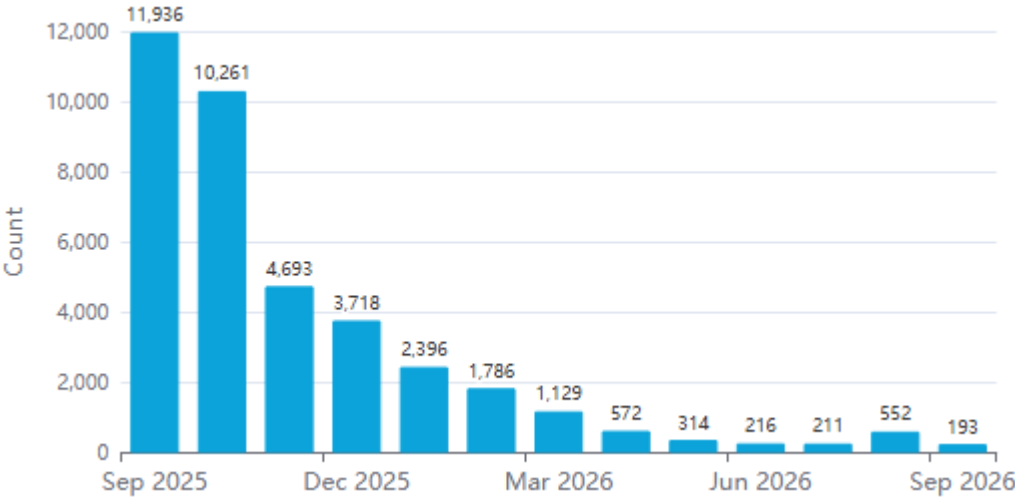
Variants of Interest (VOI)

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

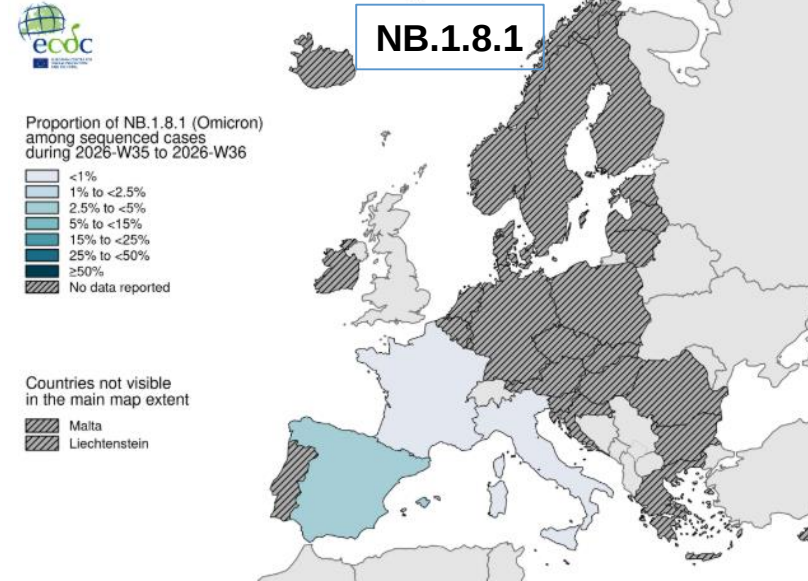
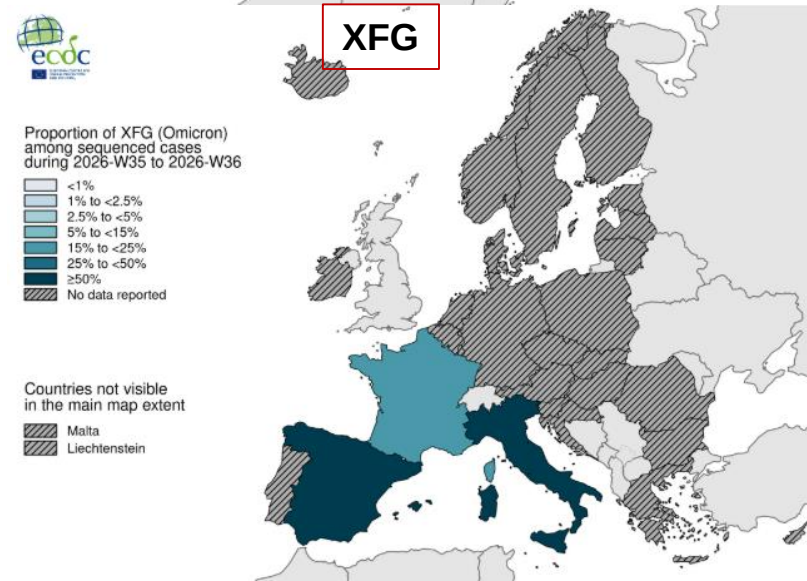
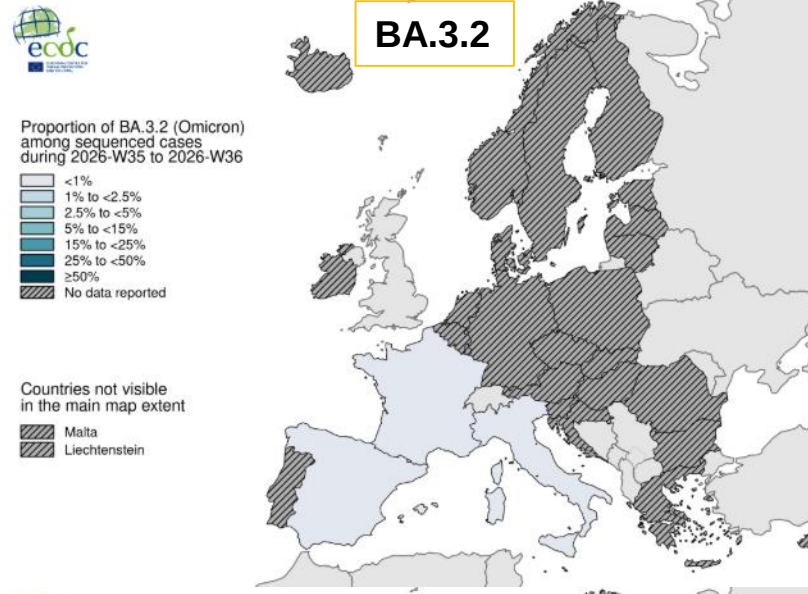
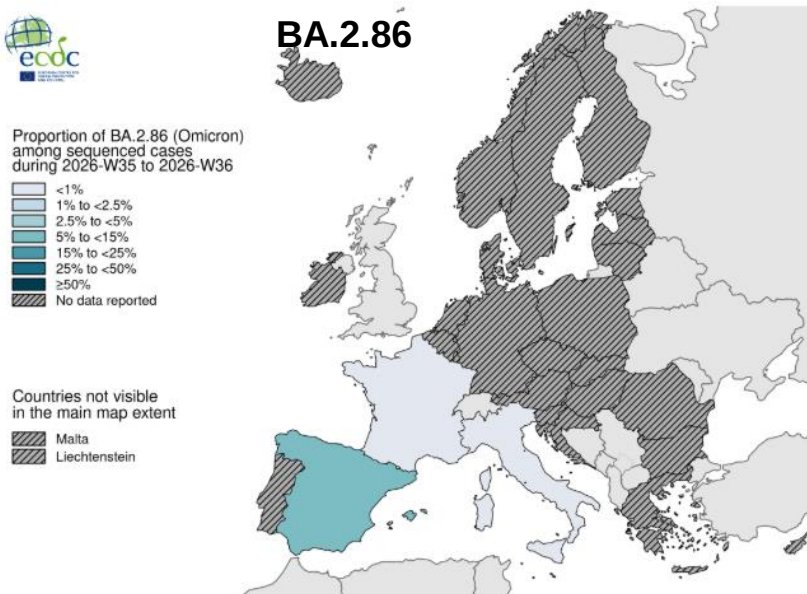
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Community
Omicron	XFG	n/a	S31P, K182R, K444R, N487D, T572I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Dominant
Omicron	BA.3.2	South Africa	(r)	November 2024	No evidence	No evidence	No evidence	Community

Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



Zdroj: ERVISS. Dostupné z: <https://www.erviss.org>, GISAID dostupné na: <https://www.epicov.org/>
European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 28 August 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026.
Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 35. týdnu - 36. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



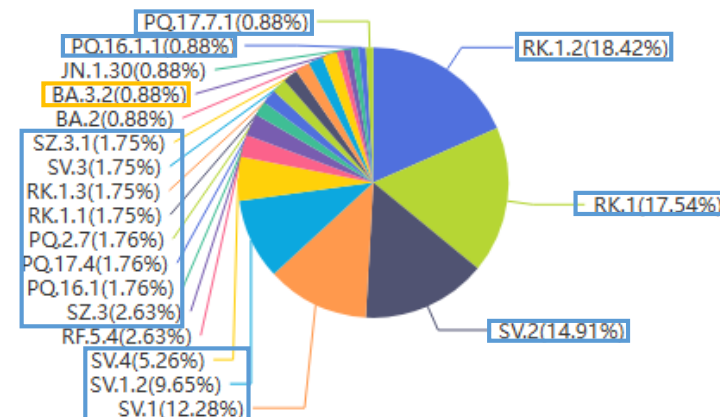
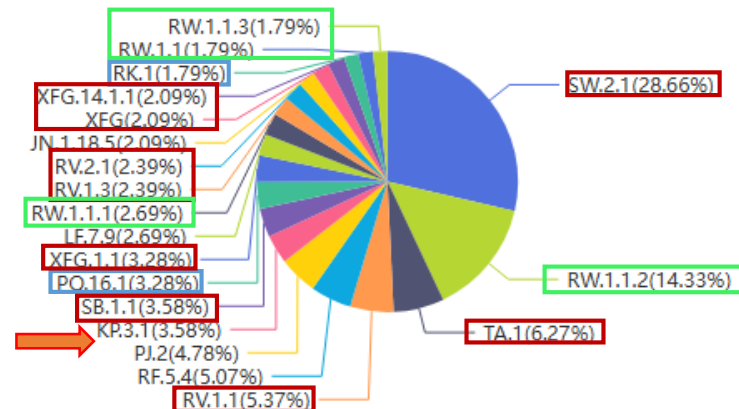
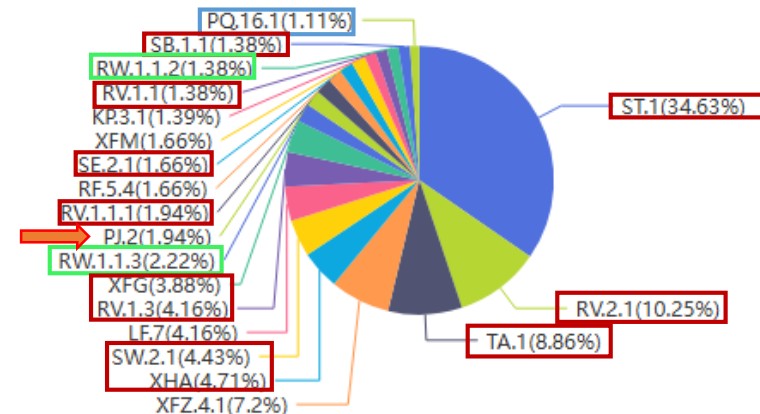
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě, Severní Americe a Asii k 21. 9. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	429	458	127

Evropa 21. 8. - 21. 9. 2026

Severní Amerika 21. 8. – 21. 9. 2026

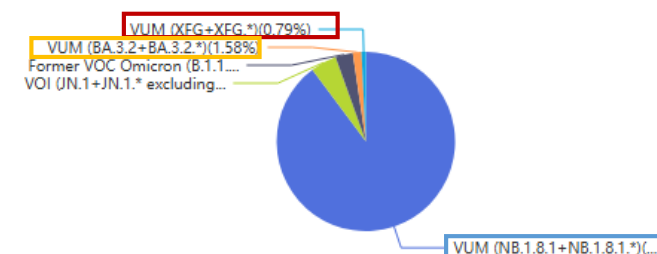
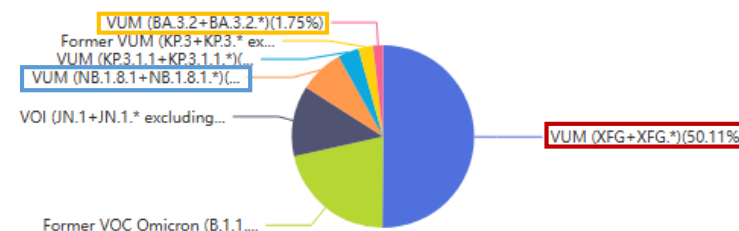
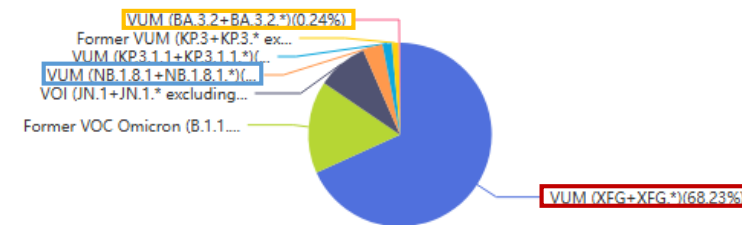
Asie 21. 8. - 21. 9. 2026



Evropa 21. 8. - 21. 9. 2026 (VUM)

Severní Amerika 21. 8. - 21. 9. 2026 (VUM)

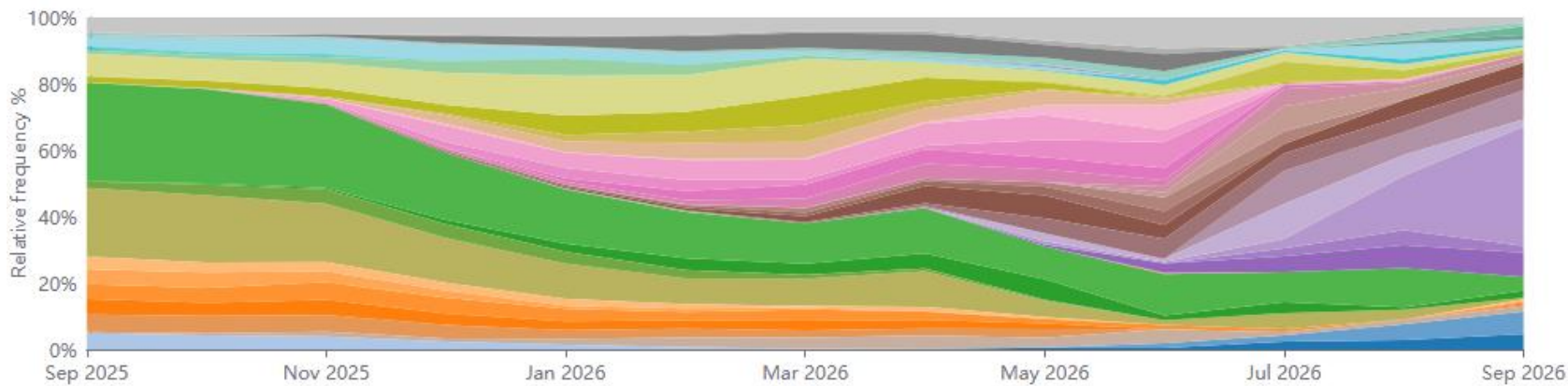
Asie 21. 8. - 21. 9. 2026 (VUM)



- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)
- RW.1.1

V Evropě a Severní Americe u sledovaných variant převládá linie XFG.x (Stratus), v Asii stále převládá NB.1.8.1.x. V Evropě a Severní Americe se objevuje varianta RW.1.1.x. V Asijském regionu dominují varianty PQ.16.1.1 a PQ.17.7.2 a jejich potomci SV.x, respektive RK.x (tyto varianty jsou odvozeny od NB.1.8.1). V evropských a amerických datech se objevuje varianta PJ.2 (celkem 40 sekvencí, některé z nich algoritmem v GISAID chybně určeny jako ancestrální linie KP.3.1).

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

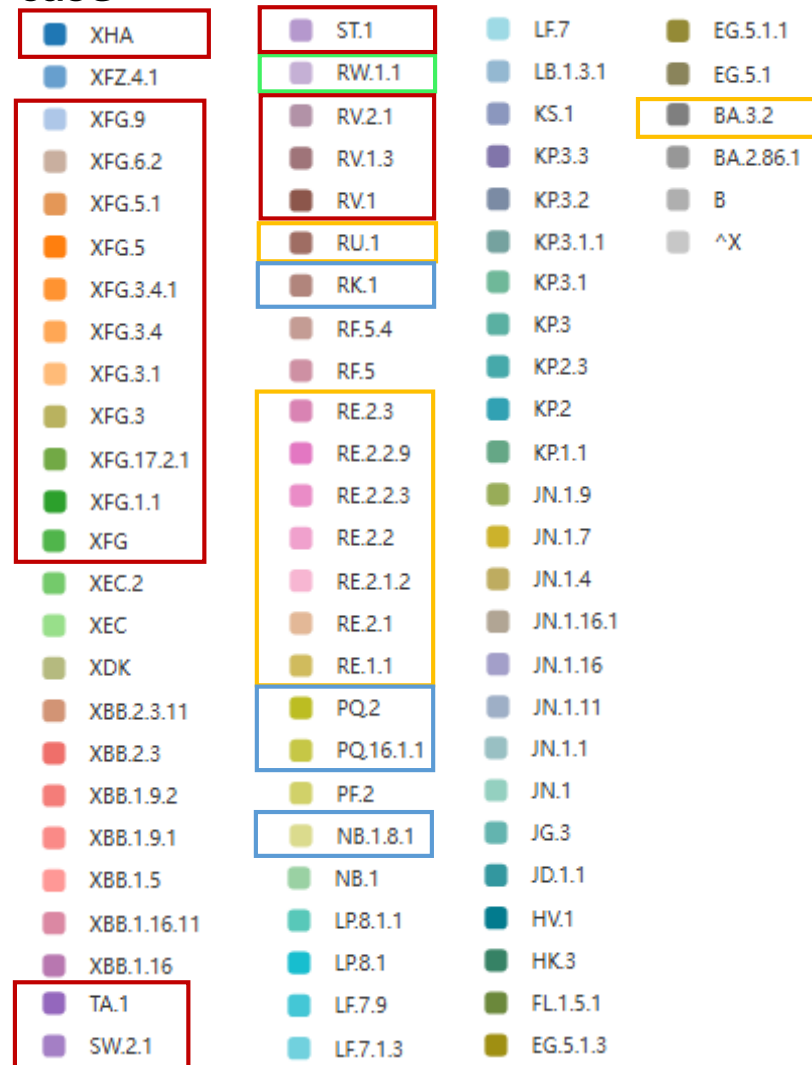


V Evropském regionu bylo za poslední měsíc osekvenováno **429** vzorků SARS-CoV-2, převládá varianta XFG (Stratus). Varianta XHA je rekombinantem dvou různých linií XFG (TB.2 a RV.1.1.1). V Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenačních datech objevuje varianta RW.1.1, jež není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, ve zprávách ji pro přehlednost značíme **zeleně**.

Varianty BA.3.2, XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty (VUM) podle WHO i ECDC.

Byly osekvenovány vzorky SARS-CoV-2 ze sekundární péče v ČR. V mimosezónních vzorcích (datum odběru 2. 4. - 1. 7. 2026) byly detekovány varianty RE.2.2.4 (Cikáda), RE.2.2.6 (Cikáda), XFG.5.1 (Stratus), TA.1 (Status) a XHB (rekombinant mezi XFG a LF.7). V posledním období (datum odběru 11. 8. – 3. 9. 2026) byly detekovány varianty RF.5.4.1 a varianty odvozené od XFG (Stratus): SB.1.1.1, ST.1, RV.1.3, TA.1, TK.1 a XFG.3. Pro současnou sezónu je určen vakcinální kmen XFG, který je ve shodě s dominantně cirkulující variantou viru SARS-CoV-2.

Prosíme všechna spolupracující pracoviště o poskytnutí pozitivních vzorků SARS-CoV-2 s C_T pod 30, a rovněž o vzorky s pozitivní detekcí viru chřipky.



SARS-CoV-2 charakteristika PJ.2.1 varianty

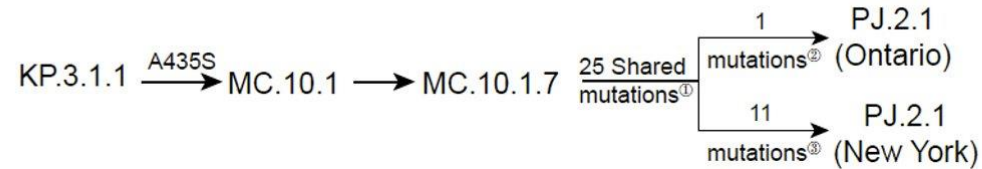
Saltatorní PJ.2.1 vyvolává obavy z možné vyšší míry šíření v podobě epidemické vlny podobné té, kterou způsobila varianta JN.1.

1. PJ.2.1 vykazuje výrazně vyšší vazebnou afinitu k receptoru ACE2.
2. Antigenně stále spadá do klastru JN.1-like variant.

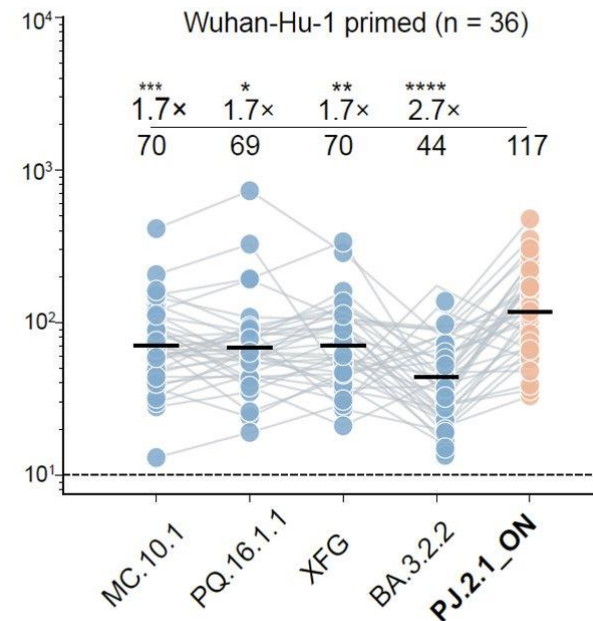
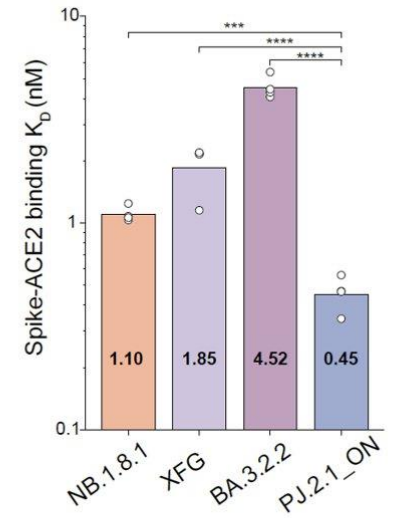
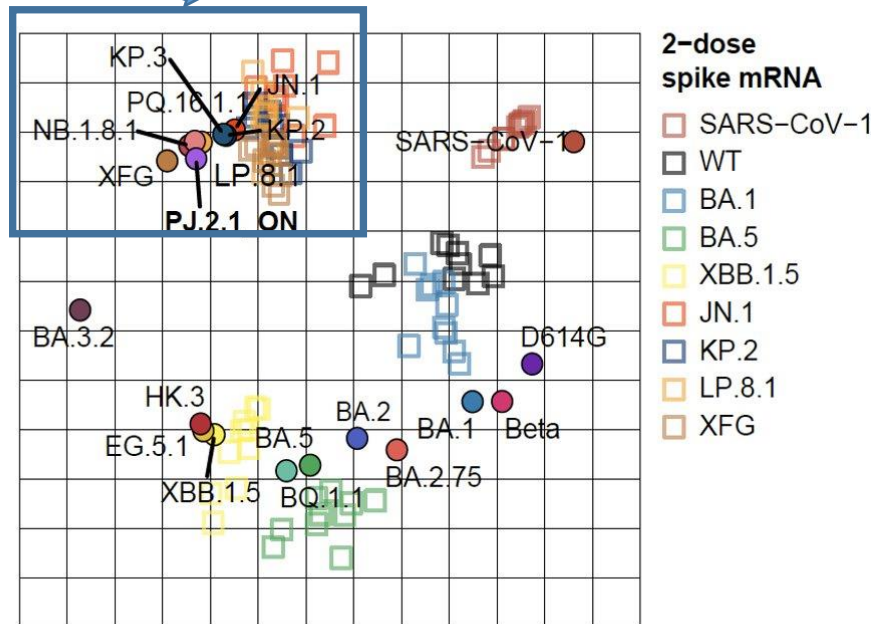
Nevykazuje tedy escape charakter, který vykazují např. XFG (aktuální vakcinální kmen), PQ.16.1.1, BA.3.2.2 (cikáda), její schopnost vazby na receptor zrcadlí ranou evoluční trajektorii vývoje od BA.2.86 k JN.1.

3. Aktuálně odlišujeme 2 sublinie PJ.2.1 (Ontario a New York), které se liší počtem mutací. Sublinie New York obsahuje navíc dalších 11 mutací, včetně delece a inserce.

HE, PeiZhuo, et al. Increased receptor binding capability of the SARS-CoV-2 saltational variant PJ.2.1. *bioRxiv* [online]. 3. září 2026 [cit. 2026-09-21]. DOI: 10.64898/2026.09.03.749172. Dostupné z: <https://doi.org/10.64898/2026.09.03.749172>



- ① Shared mutations: R190S+Δ211-212+R346T+N439K+K440N+H445P+S446T+W452K+T547K+Δ622-623+ΔN641+V642I+ins643 PMA+Q644E+Q675K+D839K+ins791P+A958S+D1146G+I1169F+V1264L
- ② PJ.2.1 (Ontario) : T22N
- ③ PJ.2.1 (New York) : I19T+Δ16-17MPLF+T21R+ins23LPP+S27A+ins30Y



Dobrý den, vážení čtenáři,
Zavedli jsme novou rubriku vtip pro kalendářní týden, která má za cíl zpříjemnit čtení našich pravidelných týdenních zpráv a zároveň podpořit jejich dosah. Pro vás, kteří nás sledujete dlouhodobě, chceme doplnit seriózní odborné informace o jeden korektní, tematický vtip z oblasti epidemiologie, virologie či příbuzných oborů. Budeme rádi, pokud se na této rubrice budete podílet. Pokud narazíte na tematicky vhodný vtip, který by se hodil k publikaci v našich zprávách, budeme velmi rádi, když nám jej zašlete — buď přímo mně (lucie.mrazkova@szu.gov.cz), nebo kterémukoli z mých spoluautorů (jmeno.prijmeni@szu.gov.cz), do předmětu prosím uveďte vtip.

Těšíme se na vaše podněty.

S pozdravem a přáním pěkného dne tým NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění.

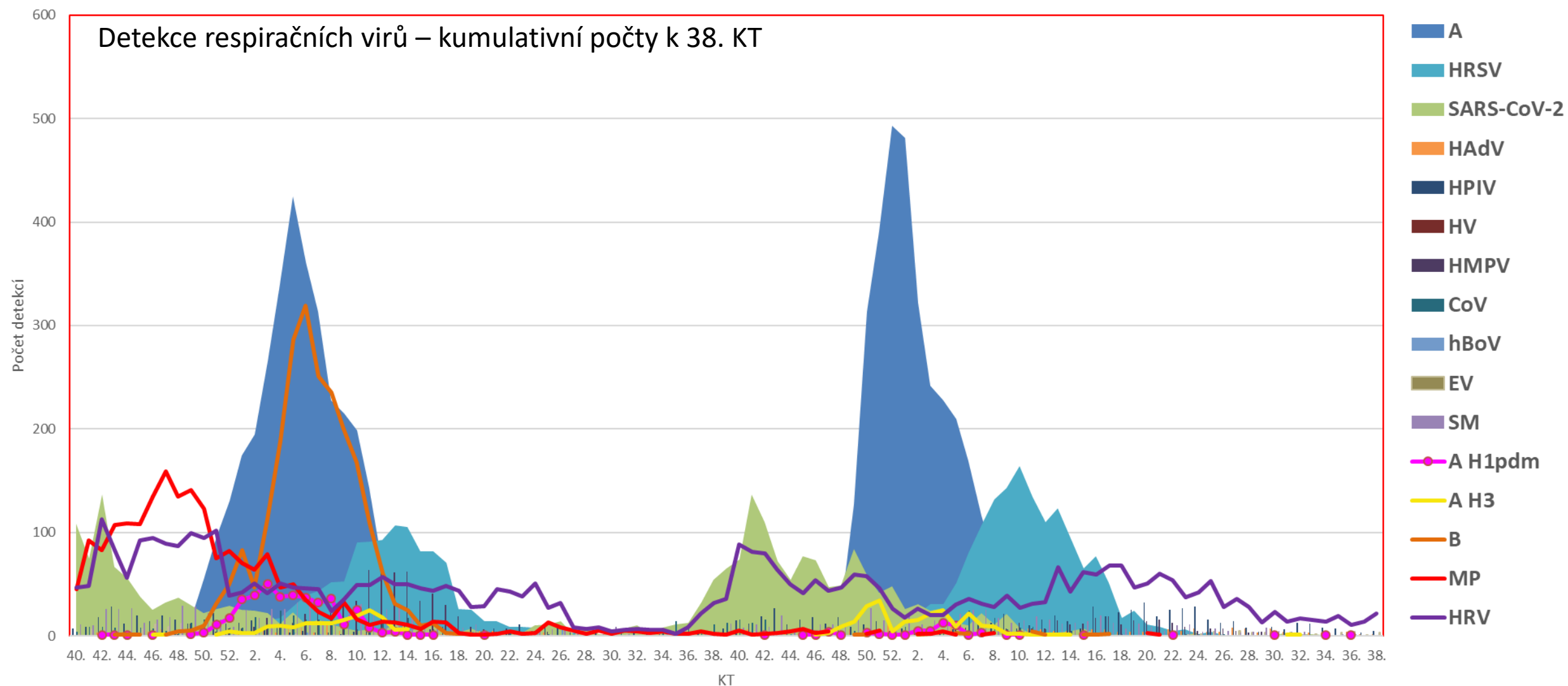


The CARTOON KRONICLES

- Od 29. KT je sporadicky detekován virus chřipky typu A, a to především v nonsentinel surveillance, u subtypovaných vzorků jsme 3 x prokázali A/H1pdm a 3 x A/H3.
- Z dalších sledovaných respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy, adenoviry, sezónní koronaviry a SARS-CoV-2.
- Časné detekce viru chřipky zatím nelze vysvětlit teoreticky možným častějším nástupem chřipky, a současně zatím nelze predikovat časnější nástup epidemické vlny.

Kalendářní týden (KT)		35.	podíl	36.	podíl	37.	podíl	38.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	0	0,0%	0	0,0%		0,0%		0,0%	3361
	A H ₁ pdm		0,0%	1	4,0%		0,0%		0,0%	56
	A H ₃	1	2,9%		0,0%		0,0%		0,0%	230
	B		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	24
	HRSV	1	2,9%		0,0%		0,0%		0,0%	1568
	HAdV	1	2,9%	4	16,0%	2	9,1%	2	5,6%	241
	HPIV	7	20,0%	1	4,0%	3	13,6%	5	13,9%	638
	HV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	38
	MP		0,0%	1	4,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	238
	CoV		0,0%	1	4,0%	1	4,5%	1	2,8%	249
	HRV	19	54,3%	11	44,0%	14	63,6%	22	61,1%	1977
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV	3	8,6%	4	16,0%	1	4,5%	3	8,3%	56
	SARS-CoV-2	1	2,9%		0,0%		0,0%	2	5,6%	1321
	SM	2	5,7%	2	8,0%	1	4,5%	1	2,8%	554
	pozitivní	35	9,9%	25	8,6%	22	7,9%	36	11,6%	10642
	negativní	317		267		256		274		40483
Celkový počet vyšetření:		352		292		278		310		51125

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



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

EU/EHP 37. KT

- Aktivita respiračních virů ve většinou zůstává na mimosezónní úrovni.
- Detekce SARS-CoV-2 vykazují mírný vzestupný trend, a to v primární péči především u mladistvých nad 15 let věku a v sekundární péči u osob nad 65 let věku. Vzestupný trend evidujeme pouze u XFG v rámci sledovaných variant, tato varianta je aktuálním vakcinálním kmenem.
- Detekci viru chřipky hlásí několik zemí. Na základě časných záchytů zatím nelze predikovat časnější nástup epidemické vlny chřipky.
- Detekce RSV jsou na obvyklé mimosezónní úrovni.

Virologická surveillance ČR 38. KT

- Od 29. KT je sporadicky detekován virus chřipky typu A, a to především v nonsentinel surveillance, u subtypovaných vzorků jsme 3 x prokázali A/H1pdm a 3 x A/H3.
- Z dalších sledovaných respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy, adenoviry, sezónní koronaviry a SARS-CoV-2.
- Časné detekce viru chřipky zatím nelze vysvětlit teoreticky možným častějším nástupem chřipky, a současně zatím nelze predikovat časnější nástup epidemické vlny.

Epidemiologická surveillance ČR

- Epidemiologický souhrn byl ukončen v 10. KT a bude součástí zprávy pouze v mimořádných situacích.

Rádi bychom vás pozvali na Konzultační den Oddělení respiračních, střevních a exantematických nákaz a Oddělení epidemiologie, který se bude konat 26. 11. 2026 ve Velké posluchárně SZÚ, bližší informace naleznete na webových stránkách SZÚ.

Prosíme všechny laboratoře a spolupracující pracoviště o poskytnutí pozitivních vzorků SARS-CoV-2 s C_T menší než 30, a rovněž o vzorky s pozitivní detekcí viru chřipky. Pro nastávající sezónu je extrémně důležité zasílat i vzorky s pozitivní detekcí RSV, po zavedení nové profylaxe proti RSV (nirsevimab, případně clesrovimab) a nových vakcín, sledujeme změny vedoucí k úniku před protilátkami, pasivně podanými či indukovanými očkováním.