Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 29/9/2026

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 38. KT

Aktivita respiračních virů ve většině zemí 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.

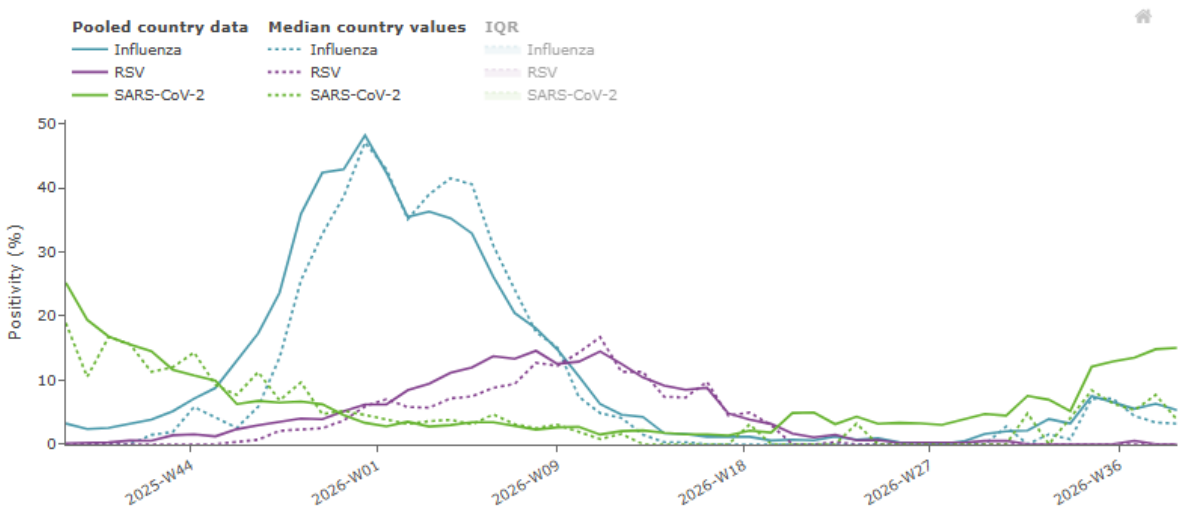
Detekce RSV jsou na obvyklé mimosezónní úrovni.

Na grafickém výstupu (str.3, str. 4) je zřetelné, že stále přetrvávají technické problémy při přechodu na nový systém hlášení EPIPULSE.

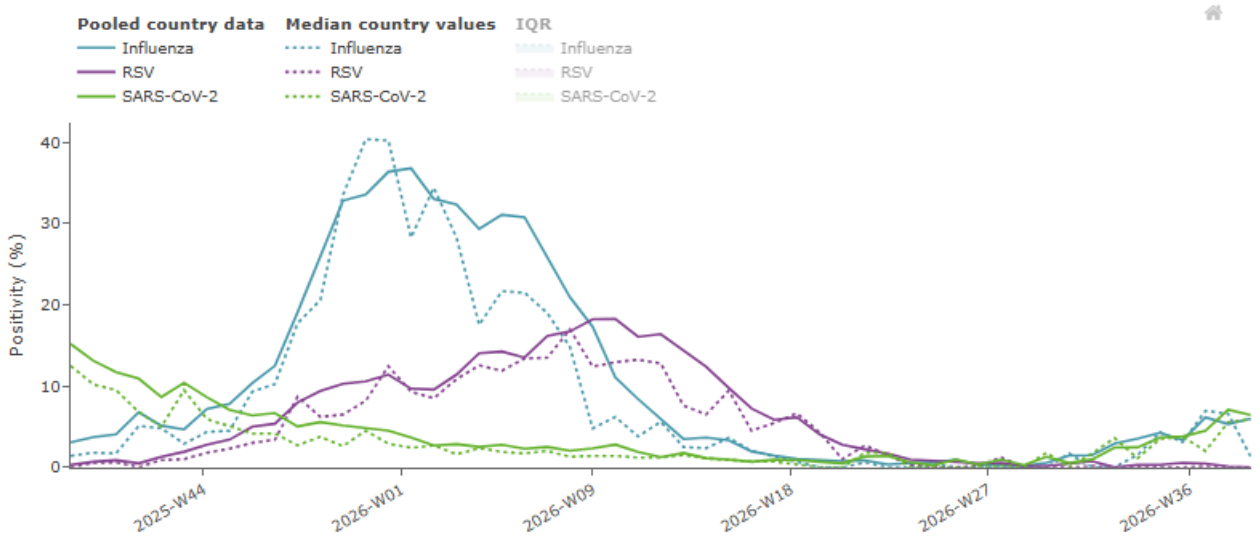
Zdroje: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org; GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 38. KT 2026

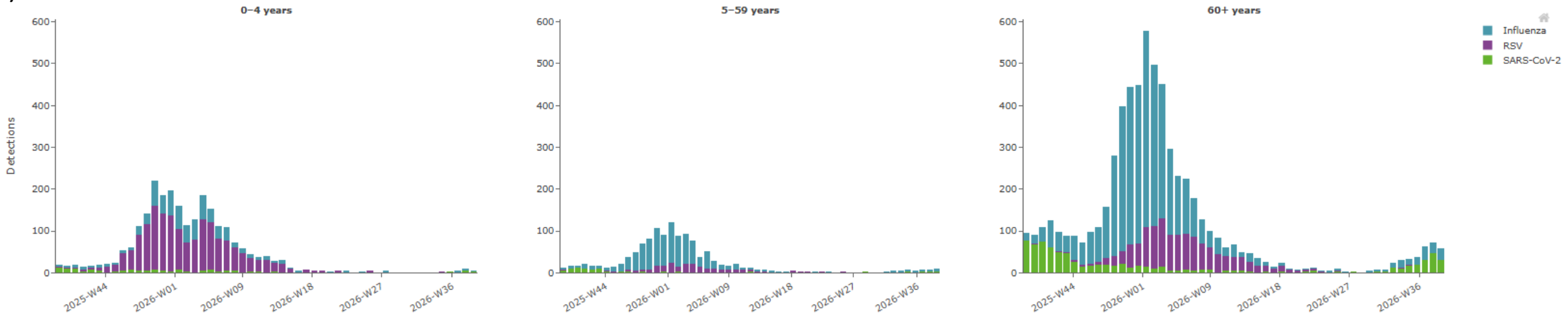
a)



b)

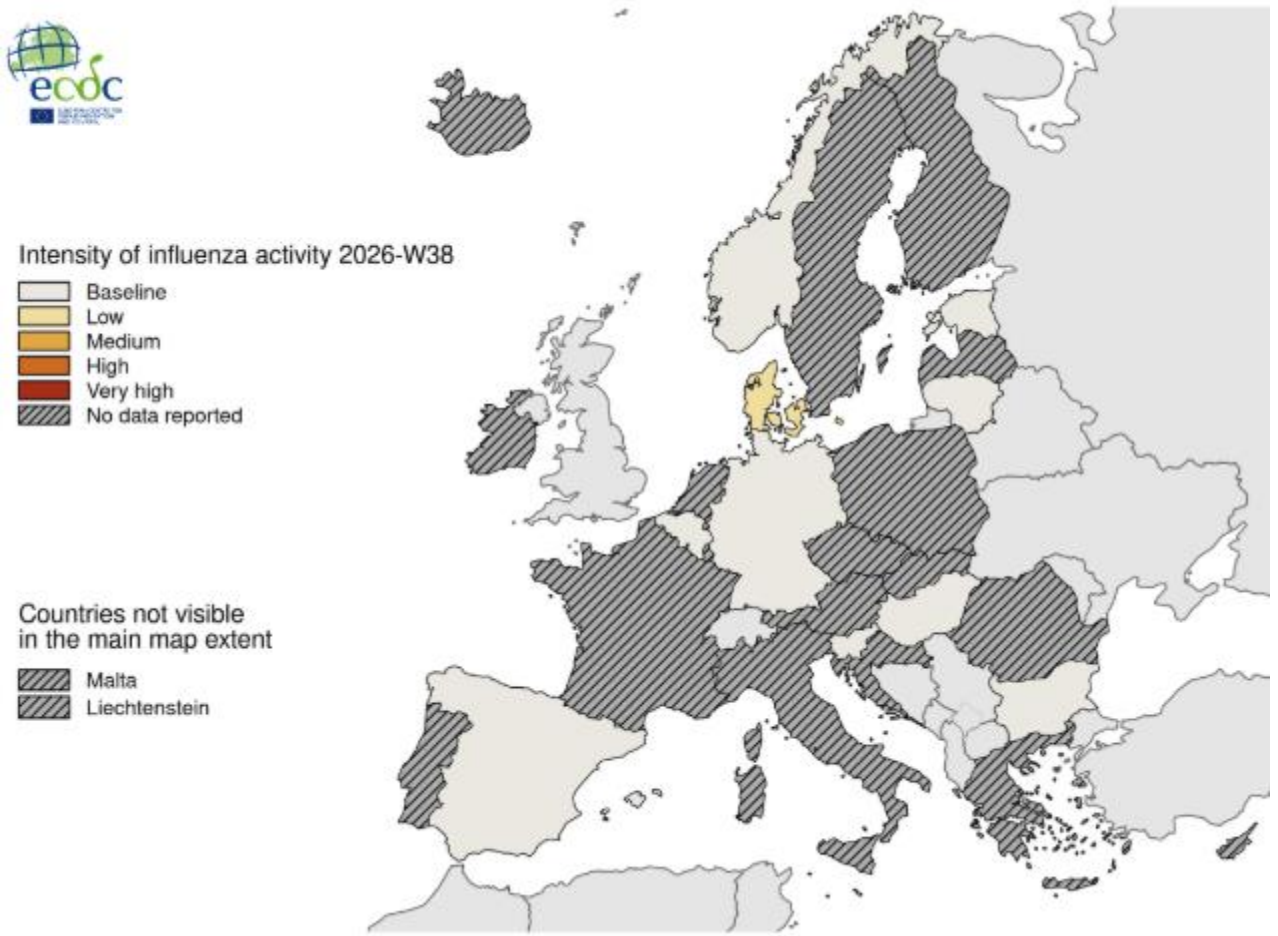


c)



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

ECDC Intenzita chřipkové aktivity a geografické rozšíření chřipky – 38. KT 2026



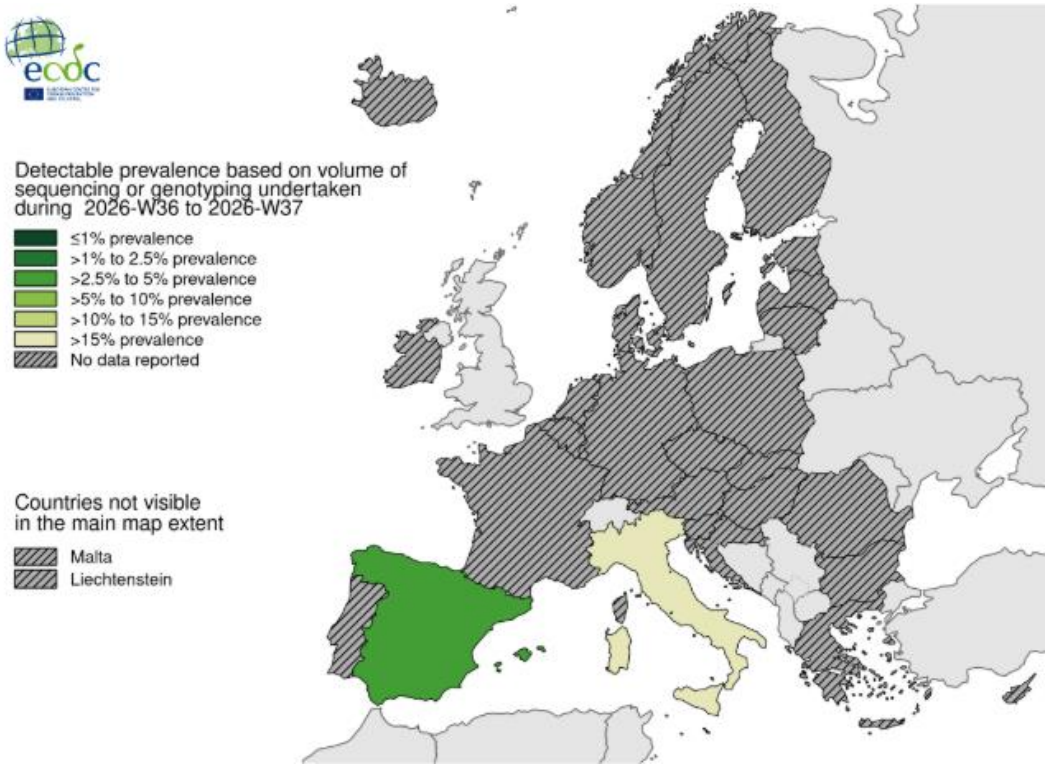
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org

ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě k 29. 9. 2026

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



Objem sekvenace v 36. a 37. týdnu 2026



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

ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 29. 9. 2026

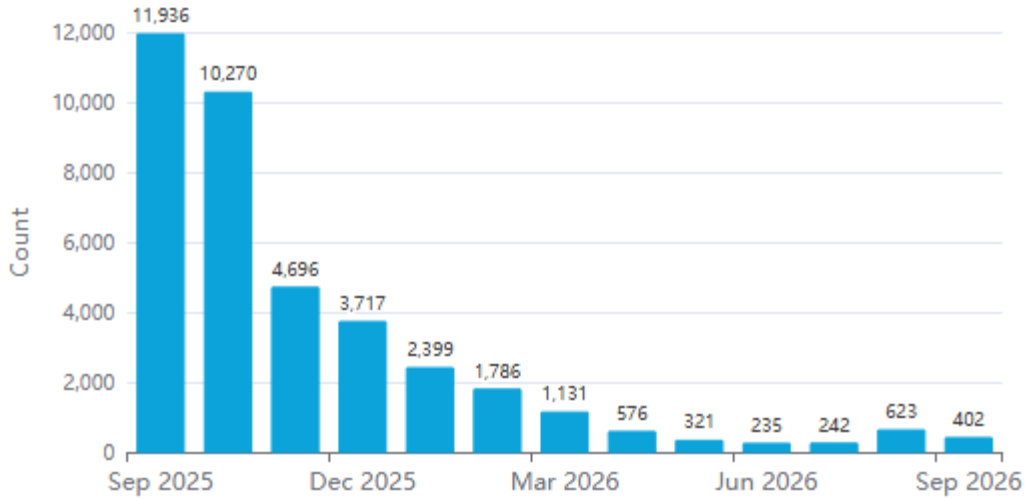
Variants of Interest (VOI)

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

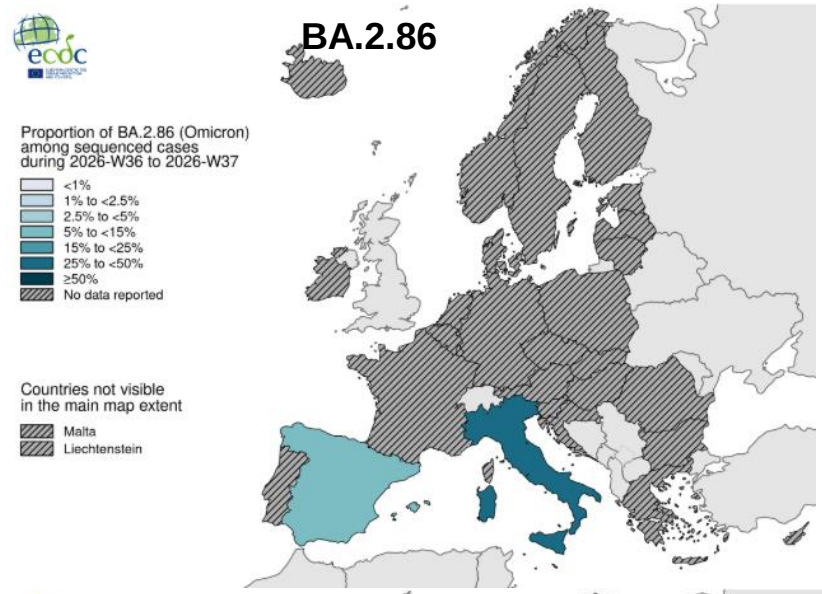
Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

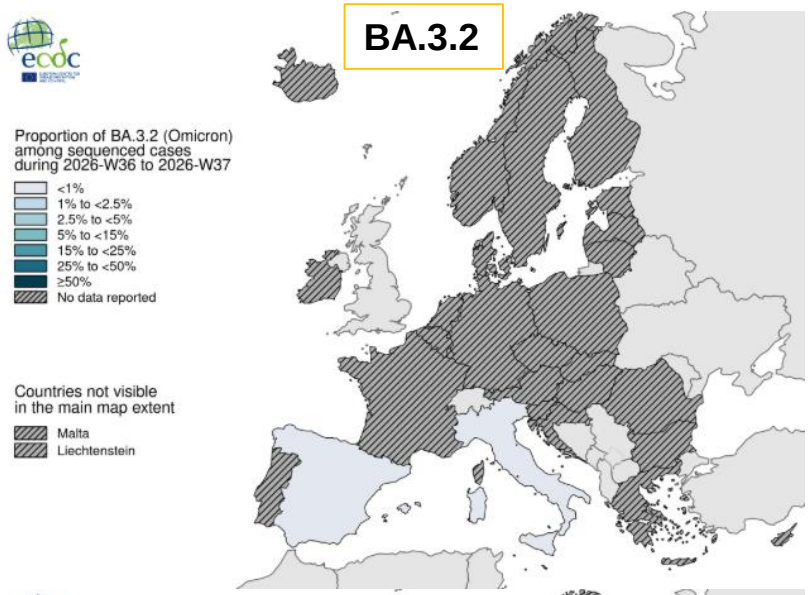


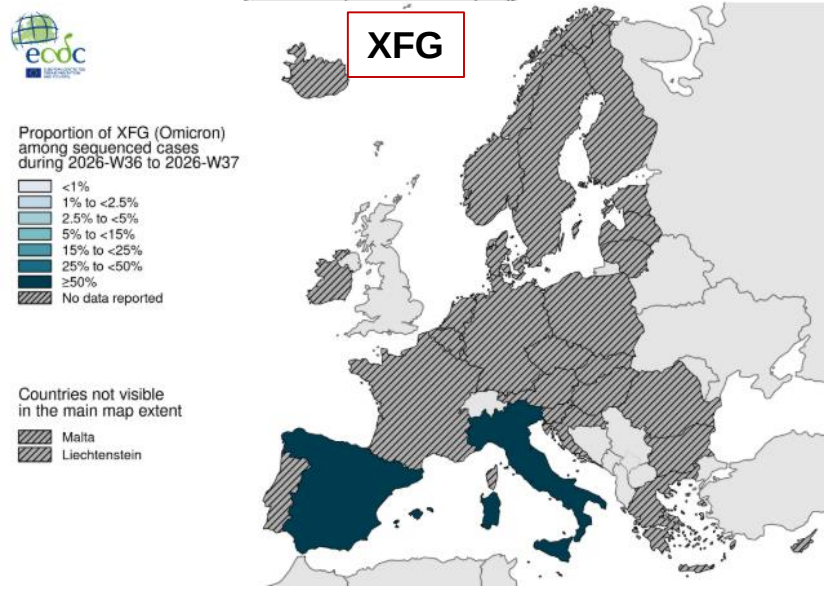
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org, GISAID dostupné na: https://www.epicov.org/
European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 25 September 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026. Dostupné na: https://www.ecdc.europa.eu

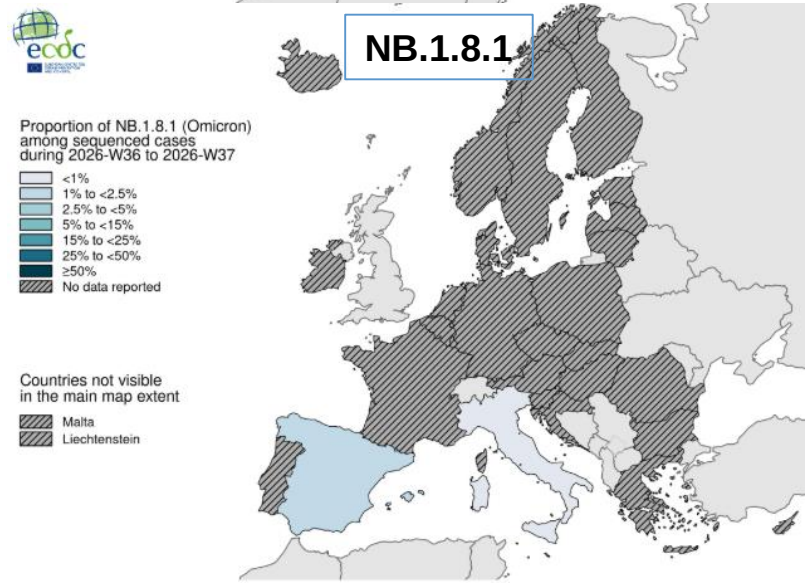
ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě 36. KT - 37. KT

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 36. týdnu - 37. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)







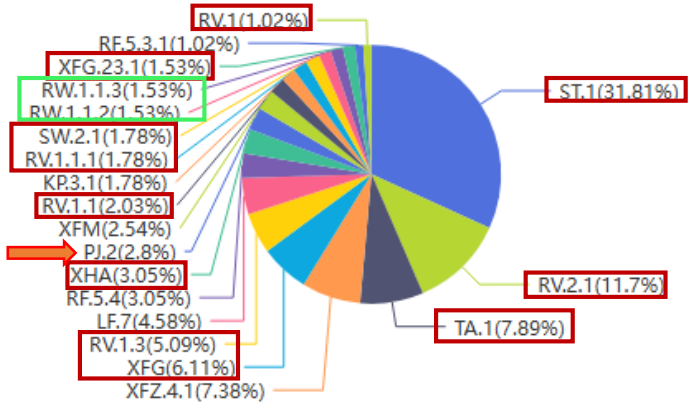


Zdroj: ERVISS. Dostupné na: https://www.erviss.org

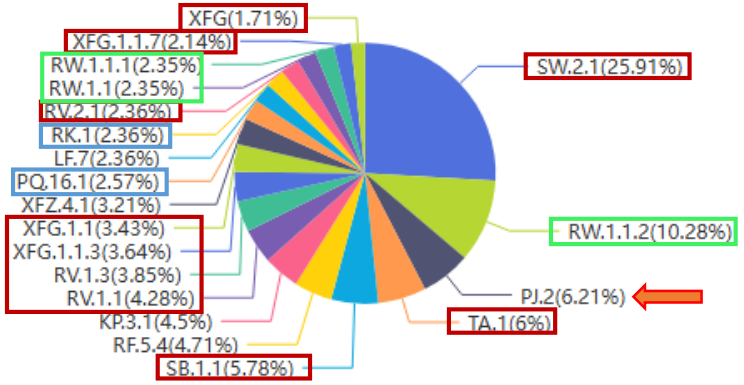
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě, Severní Americe a Asii k 29. 9. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	460	660	148

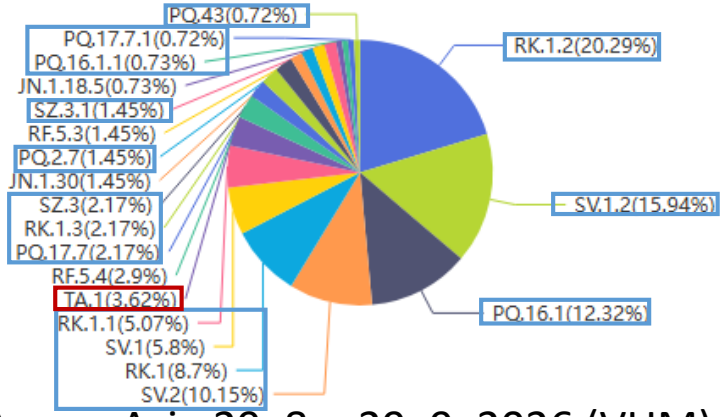
Evropa 29. 8. - 29. 9. 2026



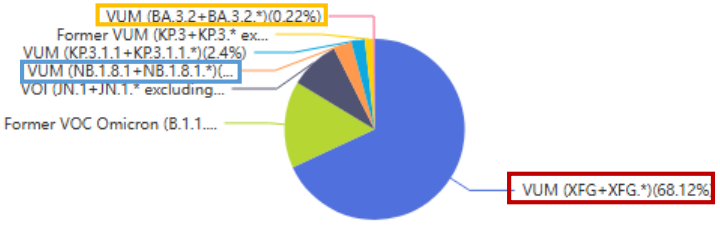
Severní Amerika 29. 8. – 29. 9. 2026



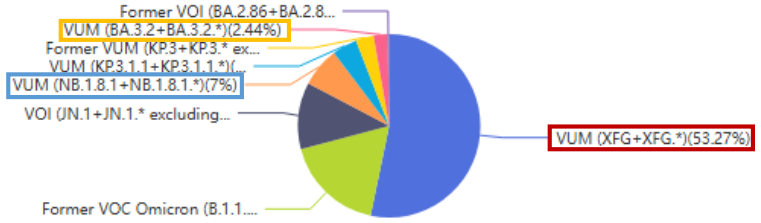
Asie 29. 8. - 29. 9. 2026



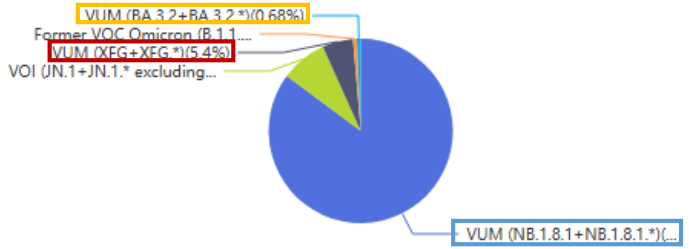
Evropa 29. 8. - 29. 9. 2026 (VUM)



Severní Amerika 29. 8. - 29. 9. 2026 (VUM)



Asie 29. 8. - 29. 9. 2026 (VUM)



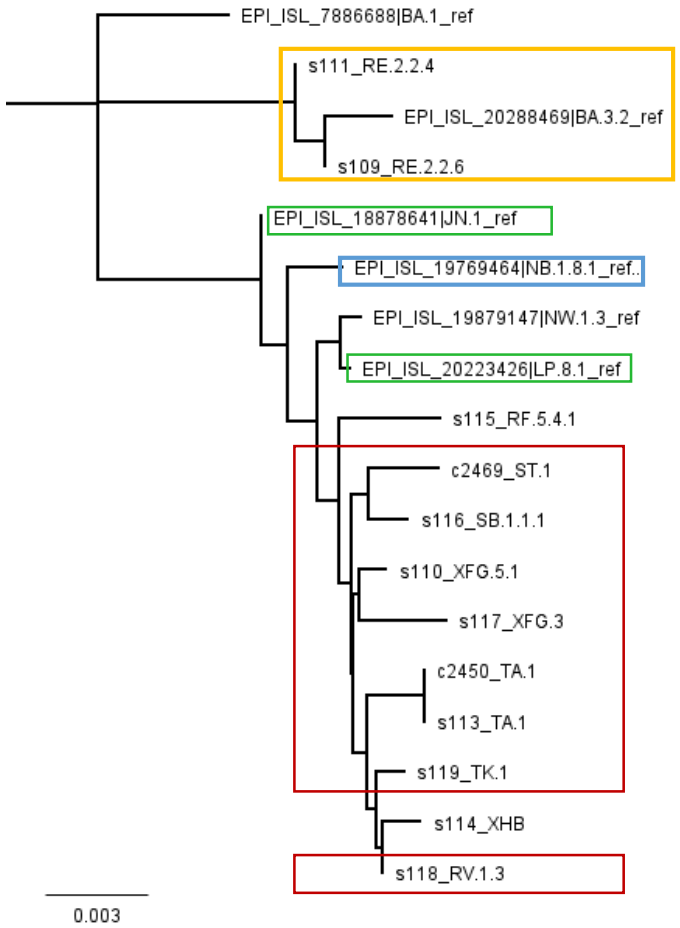
- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)
- RW.1.1.x

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. V evropských a amerických datech se objevuje varianta PJ.2 (celkem 68 sekvencí, některé z nich algoritmem v GISAID chybně určeny jako ancestrální linie KP.3.1), jež se aktuálně vyskytuje s frekvencí cca 5 %.

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

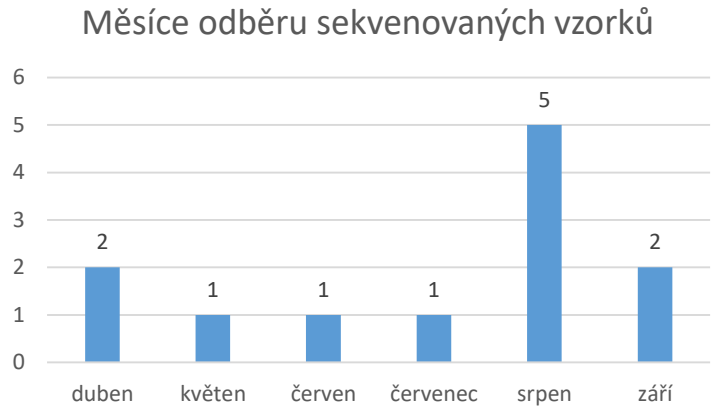
Fylogenetická analýza Spike proteinu u variant SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93 % podobnosti zakotvená k BA.1 (původní Omicron) (12 vzorků + 2 vakcinální kmeny)



V sekvencích 12 vzorků s daty odběru duben – září 2026 bylo zachyceno 66.7 % varianty XFG.x (Stratus), 16,7 % varianty BA.3.2.x (Cikáda). Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: XHB (rekombinant mezi PY.1.1 a RV.1.1.1) a RF.5.4.1.
Vzorky Cikády pochází z mimosezónního sběru (duben, květen). Ve vzorcích s datem odběru 11. 8. - 3. 9. 2026 dominovala varianta Stratus v 86 % sekvenovaných vzorků. Pro současnou sezónu je určen vakcinální kmen XFG (varianta Stratus), který je tedy ve shodě s dominantně cirkulující variantou viru SARS-CoV-2 v posledním období.

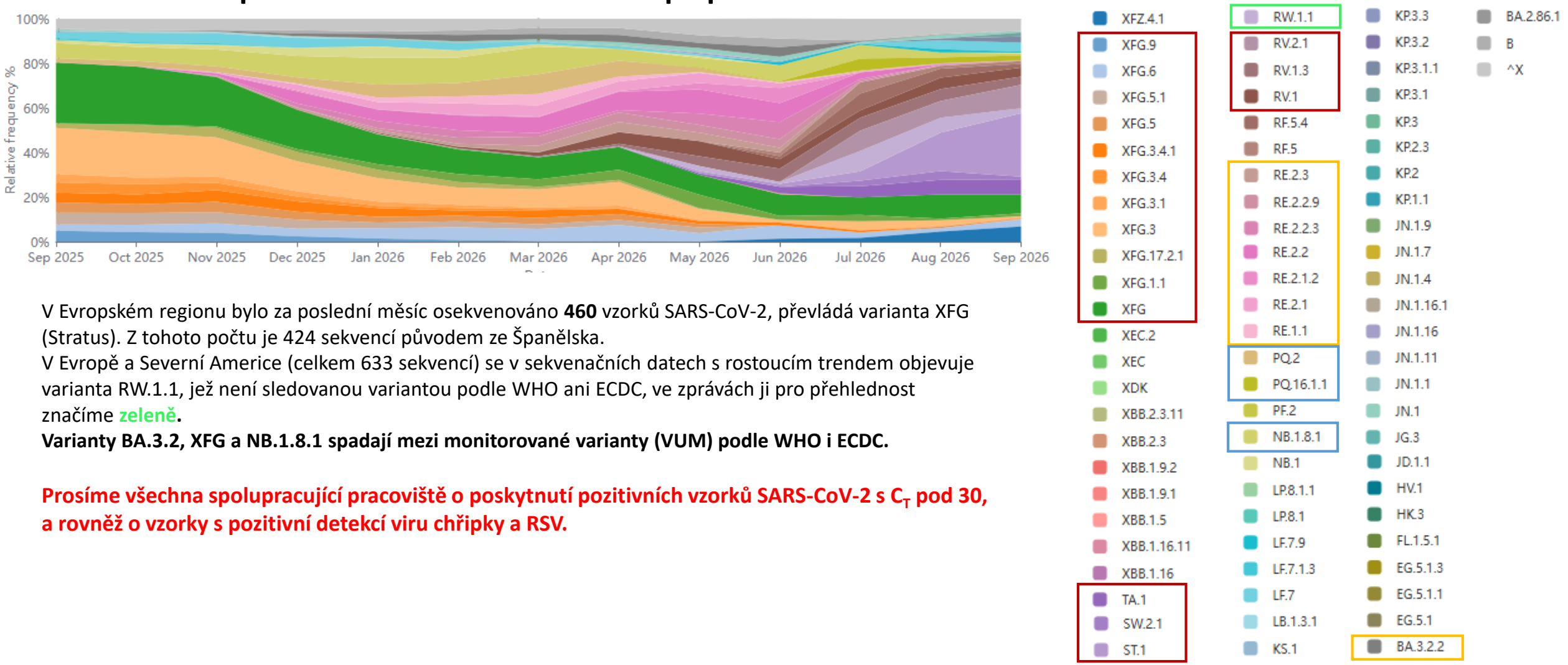
- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)
- Vakcinální kmeny (roky 2024-2025)



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

Výsledky sekvenace SARS-CoV-2 v Evropě, září 2025 - září 2026

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



V Evropském regionu bylo za poslední měsíc osekvenováno **460** vzorků SARS-CoV-2, převládá varianta XFG (Stratus). Z tohoto počtu je 424 sekvencí původem ze Španělska.
V Evropě a Severní Americe (celkem 633 sekvencí) se v sekvenačních datech s rostoucím trendem 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.

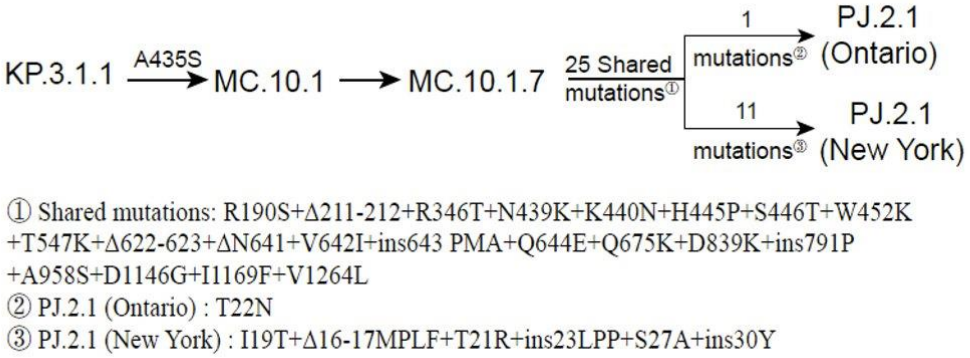
Prosíme všechna spolupracující pracoviště o poskytnutí pozitivních vzorků SARS-CoV-2 s C_T pod 30, a rovněž o vzorky s pozitivní detekcí viru chřipky a RSV.

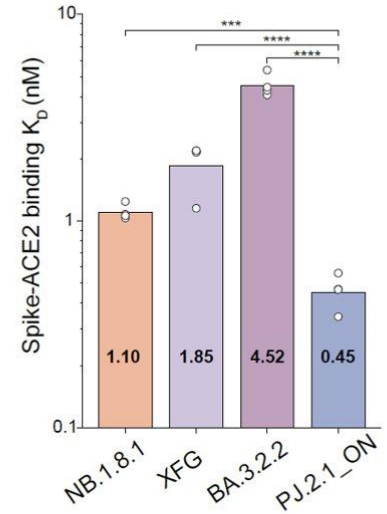
Zdroj: GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

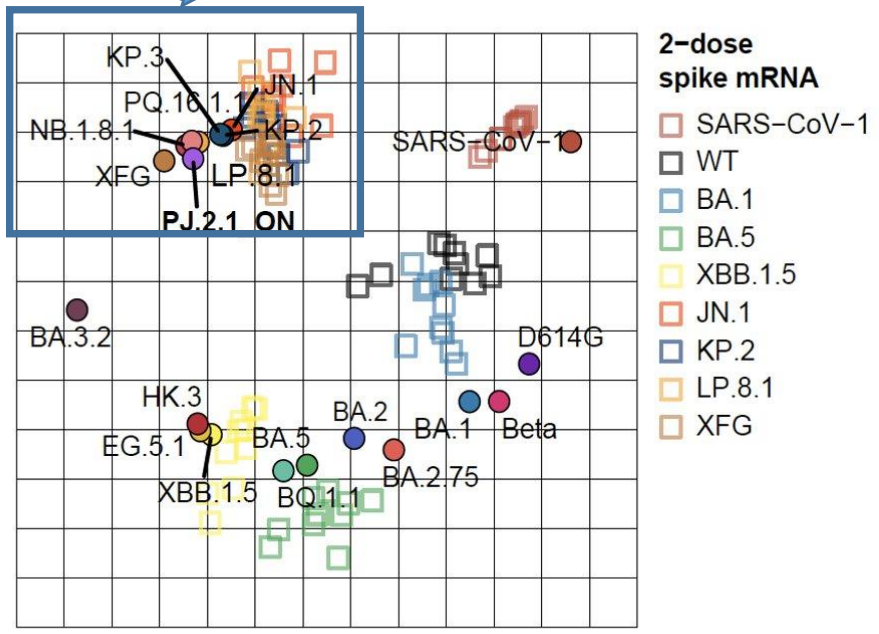
SARS-CoV-2 charakteristika PJ.2.1 varianty

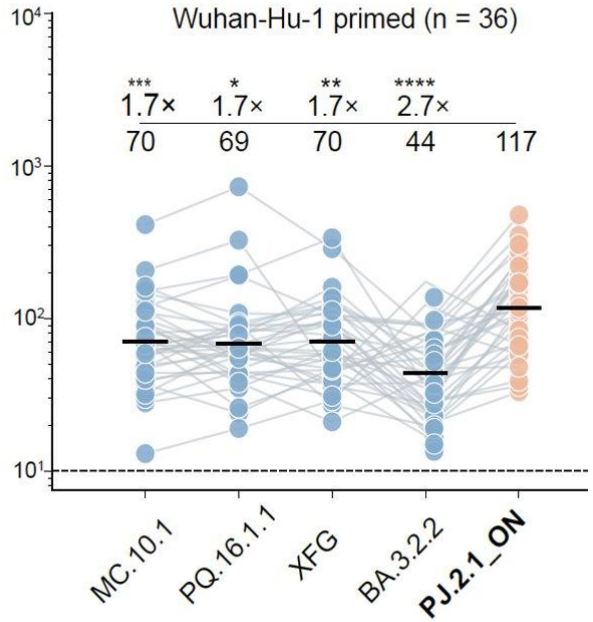
Saltatorní PJ.2.1 vyvolává obavy z možné vyšší míry šíření v podobě epidemické vlny podobné té, kterou způsobila varianta JN.1.

1. PJ.2.1 vykazuje velmi vysokou 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 inzerce.





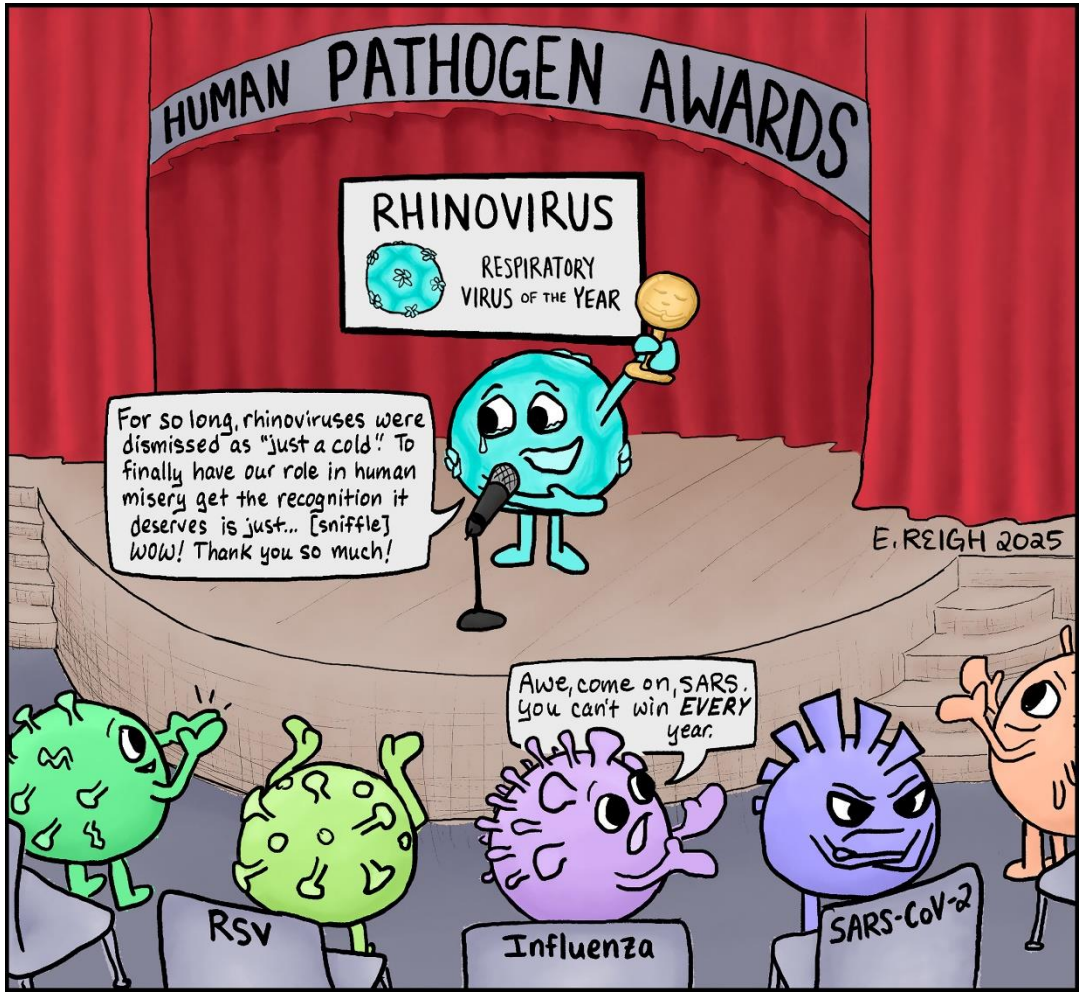




HE, PeiZhuo, et al. Increased receptor binding capability of the SARS-CoV-2 saltational variant PJ.2.1. *bioRxiv* [online]. 3. září 2026 [cit. 2026-09-21]. Dostupné z: https://doi.org/10.64898/2026.09.03.749172

Vtip pro 39.KT

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.



Zdroj: REIGH, Erin L. "And the Pathy goes to…". *Annals of Allergy, Asthma & Immunology* [online]. 2025, 135(3), 276–277 [cit. 2026-09-29]. DOI 10.1016/j.anai.2025.04.010. Dostupné z: https://www.annallergy.org

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 40. KT 2025 - 39. KT 2026

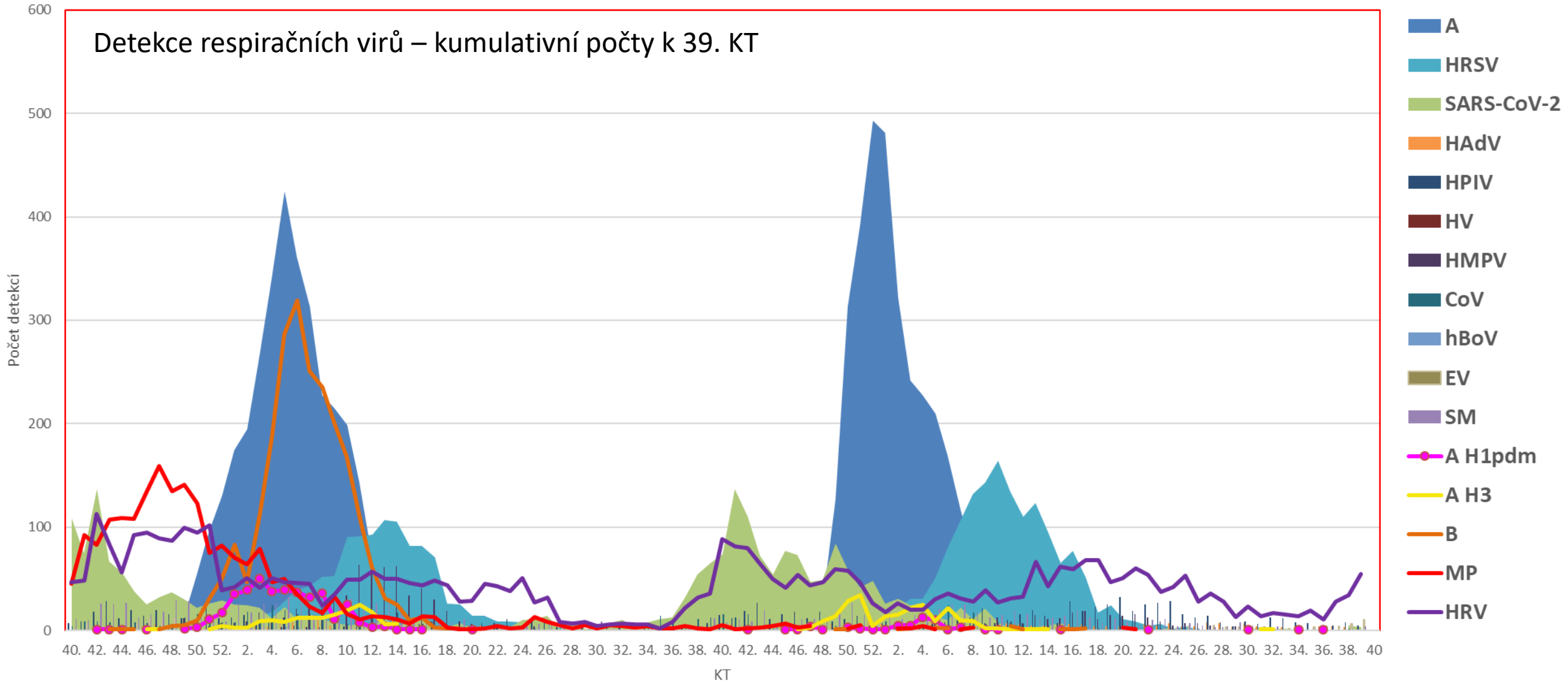
- Ve 39. KT byly zachyceny 3 případy chřipky typu B, což stejně jako sporadické detekce viru chřipky typu A neodpovídá sezóně.
- Z dalších sledovaných respiračních virů byly majoritně detekovány rhinoviry (56 %), enteroviry (10 %), viry parainfluenzy (13 %), adenoviry (5 %), sezónní koronaviry (3 %) a SARS-CoV-2 (8 %).
- Časné detekce viru chřipky zatím nelze vysvětlit teoreticky možným častějším nástupem chřipky, a současně zatím nelze predikovat časnější nástup epidemické vlny.

Kalendářní týden (KT)		36.	podíl	37.	podíl	38.	podíl	39.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	0	0,0%		0,0%		0,0%	2	0,0%	3361
	A H_1pdm	1	4,0%		0,0%		0,0%		0,0%	56
	A H_3		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	230
	B		0,0%		0,0%		0,0%	3	0,0%	24
	HRSV		0,0%		0,0%		0,0%	2	0,0%	1568
	HAdV	4	16,0%	4	9,3%	3	9,3%	2	4,9%	241
	HPIV	1	4,0%	5	11,6%	8	11,6%	5	13,1%	638
	HV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	38
	MP	1	4,0%		0,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	238
	CoV	1	4,0%	1	2,3%	2	2,3%	1	3,3%	249
	HRV	11	44,0%	28	65,1%	34	65,1%	55	55,7%	1977
	hBoV		0,0%		0,0%	1	0,0%		1,6%	26
	EV	4	16,0%	4	9,3%	6	9,3%	10	9,8%	56
	SARS-CoV-2		0,0%		0,0%	5	0,0%	3	8,2%	1321
	SM	2	8,0%	1	2,3%	2	2,3%	4	3,3%	554
	pozitivní	25	7,7%	43	12,1%	61	12,1%	87	15,0%	10642
	negativní	298		313		345		375		40483
Celkový počet vyšetření:		323		356		406		462		51125

Kalendářní týden (KT)		36.	podíl	37.	podíl	38.	podíl	39.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	1	4,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	2,3%	3647
	B	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	3	3,4%	24
	Celkem	1		0		0		5		3671

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, 40. KT 2024 - 39. 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

Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 39. KT 2026 a EU/EHP 38. KT

EU/EHP 38. KT

- Aktivita respiračních virů ve většině zemí 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. V rámci sledovaných variant evidujeme vzestupný trend pouze u varianty XFG, která je aktuálním vakcinálním kmenem.
- Detekci viru chřipky hlásí několik zemí, detekce RSV jsou na obvyklé mimosezónní úrovni.

Virologická surveillance ČR 39. KT

- Od 29. KT je sporadicky detekován virus chřipky typu A, a to především v nonsentinel surveillance. U subtypovaných vzorků jsme 3x prokázali A/H1pdm a 3x A/H3.
- Ve 39. KT byly zachyceny 3 případy chřipky typu B, což stejně jako sporadické detekce viru chřipky typu A, neodpovídá sezóně.
- Z dalších sledovaných respiračních virů byly majoritně detekovány rhinoviry (56 %), viry parainfluenzy (13 %), enteroviry (10 %), SARS-CoV-2 (8 %), adenoviry (5 %), sezónní koronaviry (3 %).
- 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. Data o nemocnosti nadále uvádíme na webu SZÚ.

Rádi bychom vás pozvali na Konzultační den Oddělení respiračních, střevních a exantematických virových 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 nižším 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.