Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 19/10/2026

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

EU/EHP 41. KT

Přestože v mnoha zemích výskyt respiračních infekcí podle očekávání roste, tak aktivita respiračních onemocnění v primární i sekundární péči zůstává ve všech hlásících zemích EU/EHP na nízké nebo základní úrovni.

V primární i v sekundární péči byly SARS-CoV-2 a chřipka detekovány podobnou měrou. Medián pozitivity testu byl 4,3 % pro SARS-CoV-2 a 3,4 % pro chřipku v primární péči a 5 %, respektive 4 % v sekundární péči.

Pozitivita testu na SARS-CoV-2 zůstává ve většině zemí nízká. Detekce v primární péči se týkají především osob ve věku 15 let a více, zatímco v sekundární péči se týkají primárně dospělých starších 65 let.

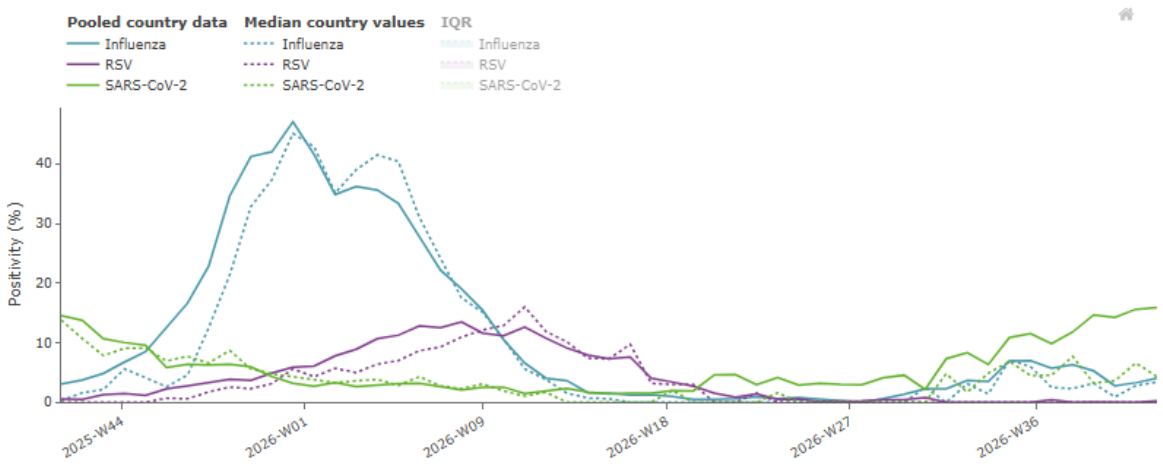
Aktivita viru chřipky je celkově na základní úrovni. Stejně jako u SARS-CoV-2 se detekce v primární péči týkají převážně osob ve věku 15 let a starších, zatímco v sekundární péči se týkají převážně dospělých starších 65 let. Ve větší míře byly zachyceny viry chřipky typu A.

Aktivita respiračního syncytiálního viru (RSV) je velmi nízká.

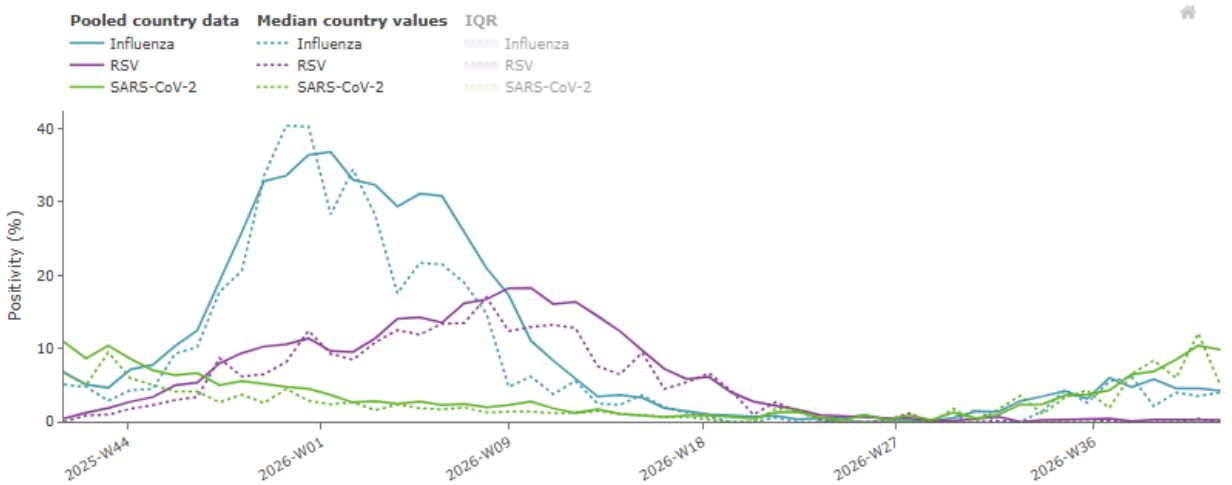
Zdroje: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org; GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 41. KT 2026

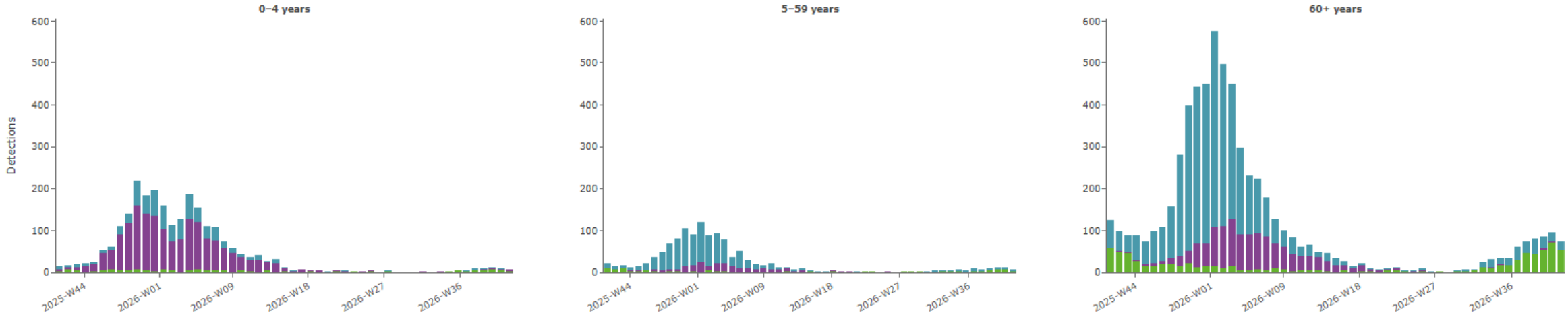
a)



b)



c)



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

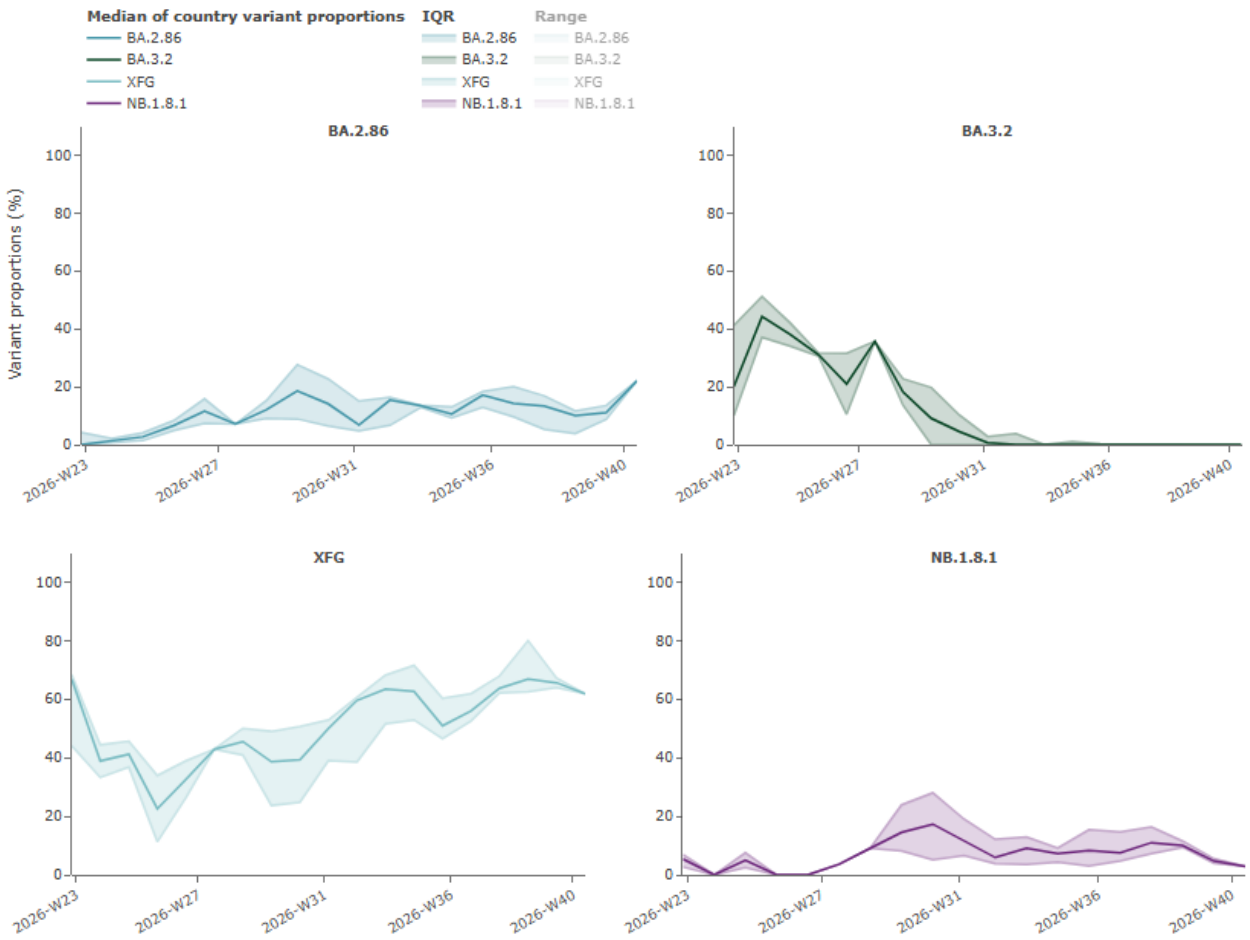
EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 40. a 41. KT 2026

		Reporting countries		EU/EEA summary	
Indicator	Syndrome or pathogen	Week 41	Week 40	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	16 rates (13 MEM)	18 rates (13 MEM)	Distribution of country MEM categories	7 Baseline 6 Low
	ILI	17 rates (15 MEM)	20 rates (17 MEM)		14 Baseline 1 Low
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	17	19	Pooled (median; IQR)	4% (3.4; 2.2–6.4%)
	RSV	16	18		0.2% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	16	18		16% (4.3; 0–11%)
SARI rates in hospitals	SARI	10 rates (7 MEM)	12 rates (8 MEM)	Distribution of country MEM categories	6 Baseline 1 Low
SARI test positivity in hospitals	Influenza	6	8	Pooled (median; IQR)	4.3% (4; 4–13%)
	RSV	6	8		0.3% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	6	8		9.9% (5; 3.2–9.3%)
Intensity (country-defined)	Influenza	12	13	Distribution of country qualitative categories	11 Baseline 1 Low

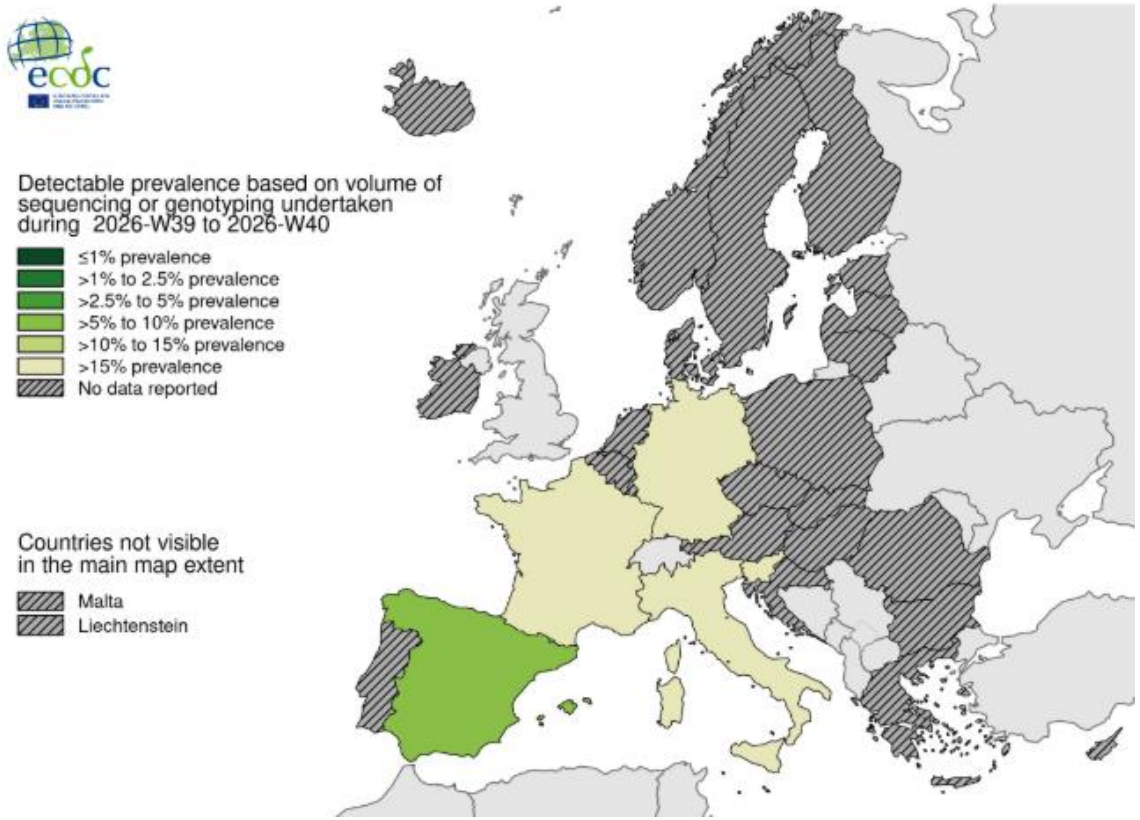
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org

ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě k 19. 10. 2026

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



Objem sekvenace v 39. a 40. týdnu 2026



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

ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 19. 10. 2026

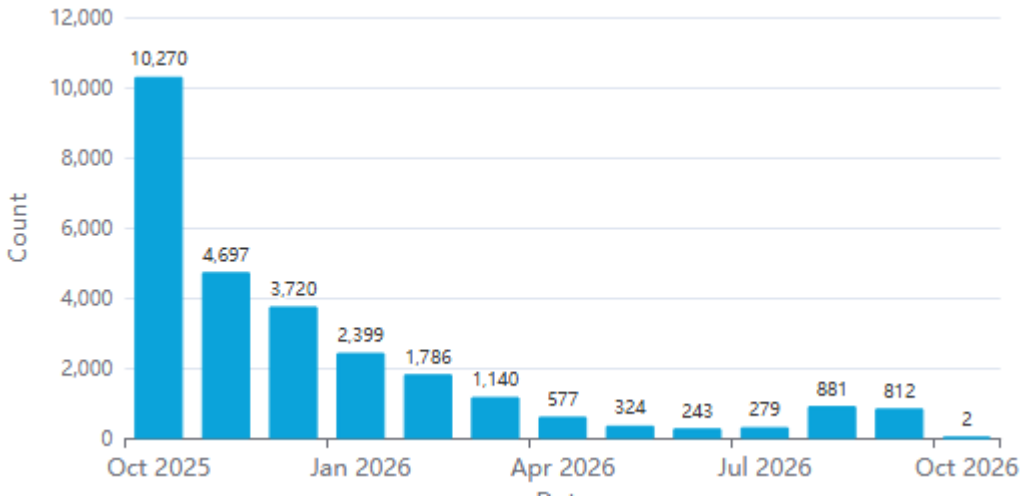
Variants of Interest (VOI)

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

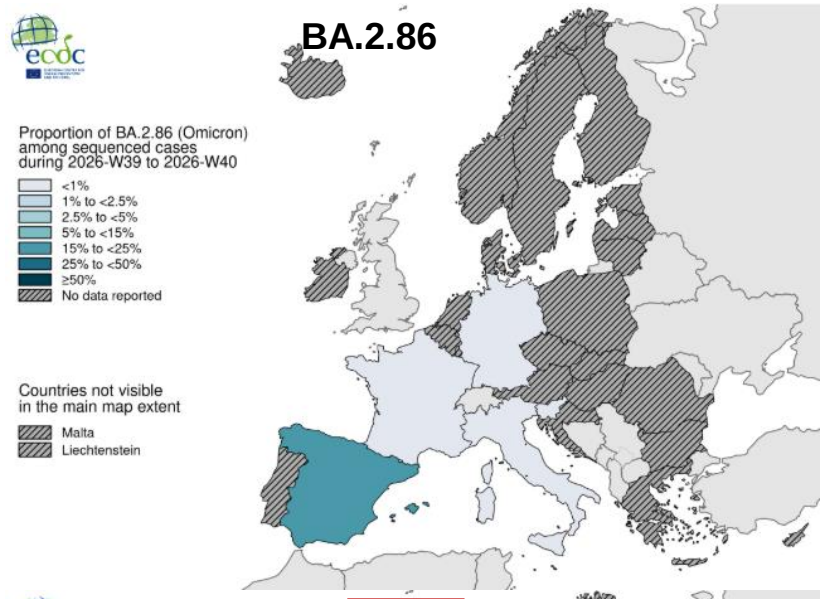
Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

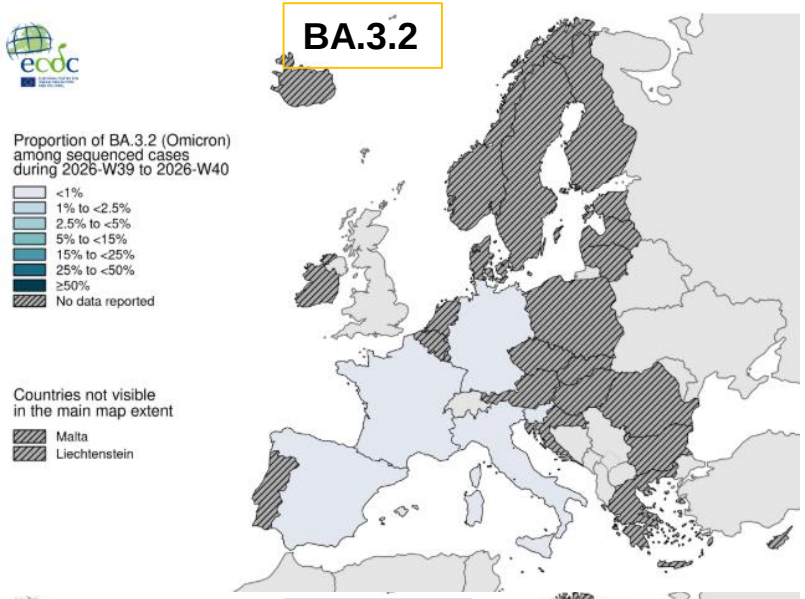


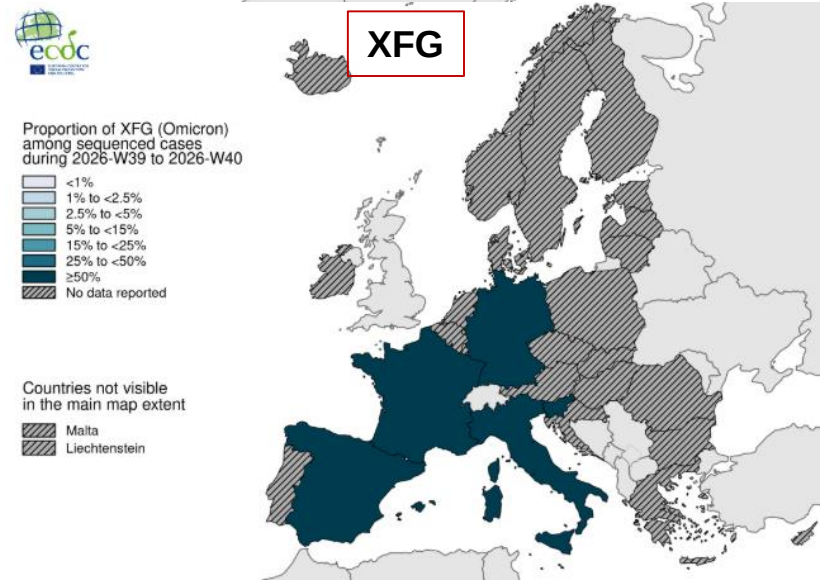
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org, GISAID dostupné na: https://www.epicov.org/
European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 25 September 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026. Dostupné na: https://www.ecdc.europa.eu

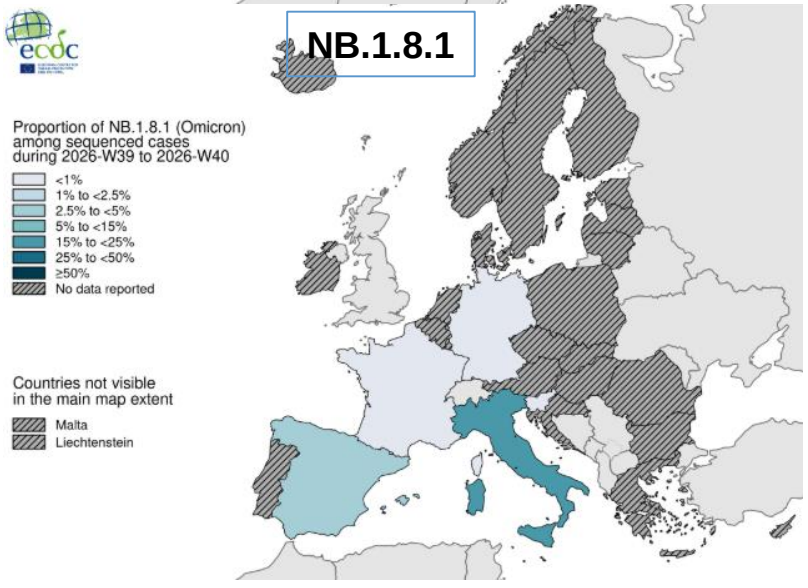
ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě 39. KT - 40. KT

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 38. týdnu - 39. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)







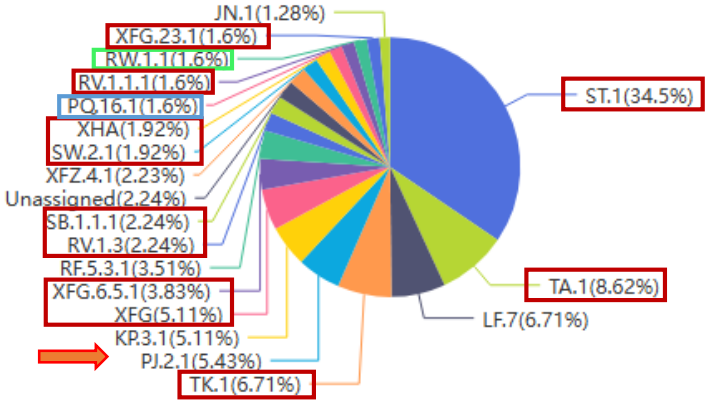


Zdroj: ERVISS. Dostupné na: https://www.erviss.org

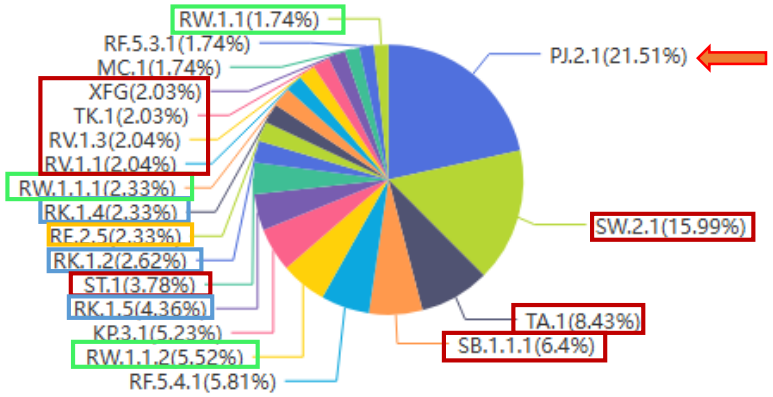
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě, Severní Americe a Asii k 19. 10. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	376	499	82

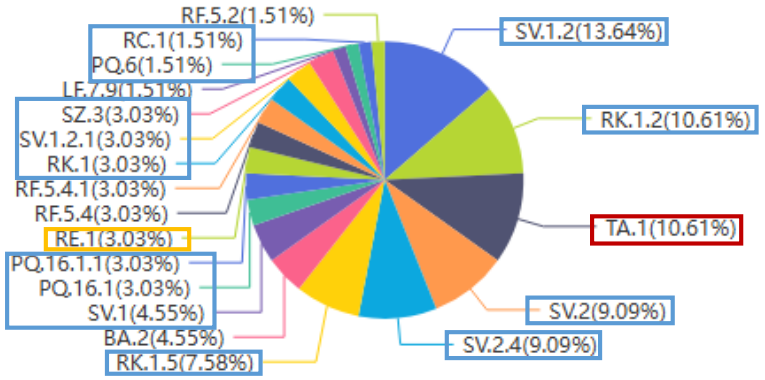
Evropa 19. 9. - 19. 10. 2026



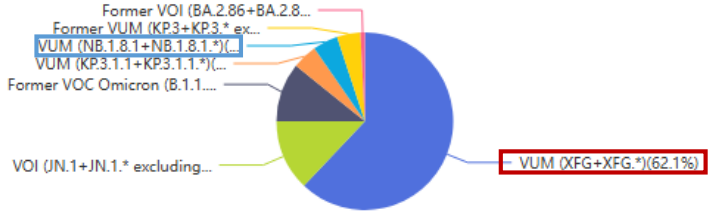
Severní Amerika 19. 9. – 19. 10. 2026



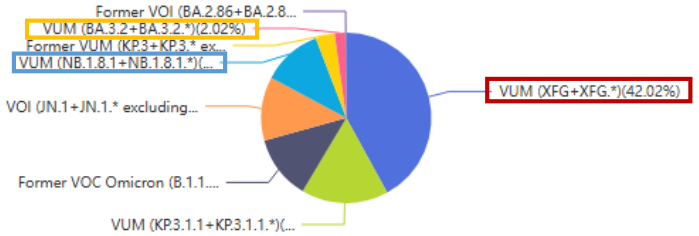
Asie 19. 9. - 19. 10. 2026



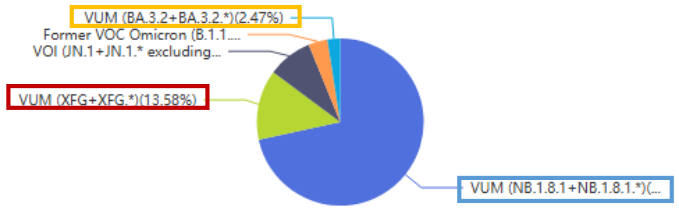
Evropa 19. 9. - 19. 10. 2026 (VUM)



Severní Amerika 19. 9. - 19. 10. 2026 (VUM)



Asie 19. 9. - 19. 10. 2026 (VUM)



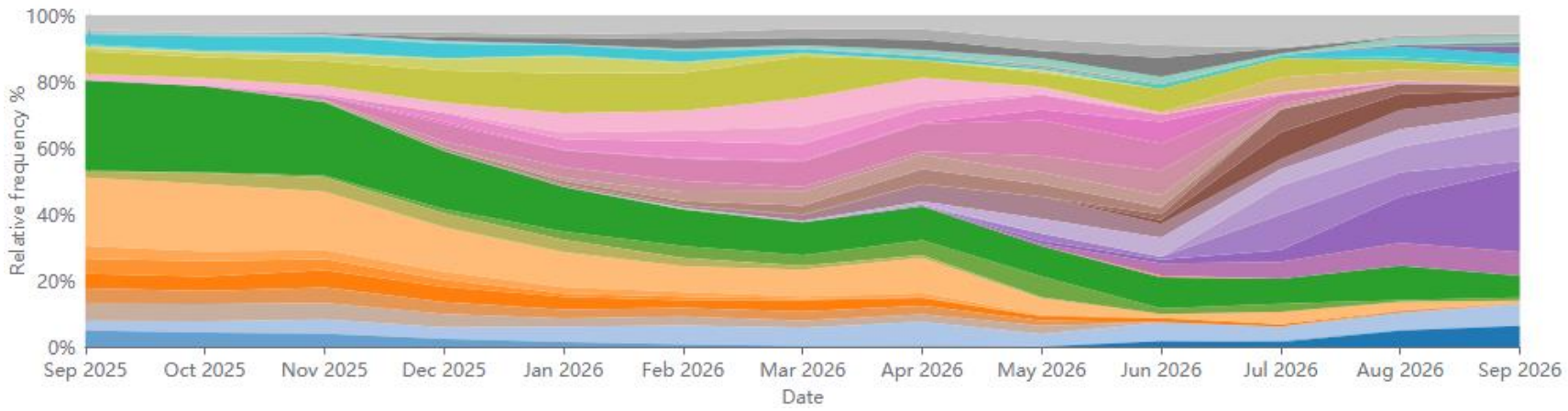
BA.3.2.x (Cikáda)
NB.1.8.1.x (Nimbus)
XFG.x (Stratus)
RW.1.1.x

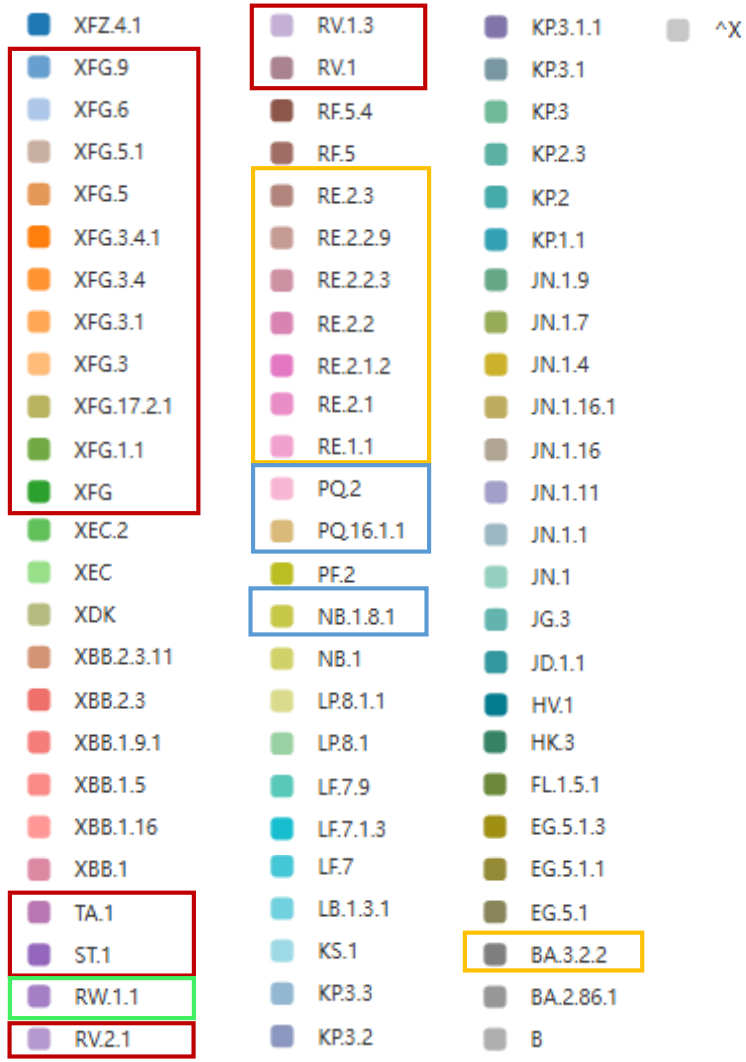
V Evropě a Severní Americe u sledovaných variant převládá linie XFG.x (Stratus), v Asii stále převládá NB.1.8.1.x. V Evropě a Severní Americe se objevuje varianta RW.1.1.x. V Severní Americe je nejzastoupenější variantou **PJ.2.1**, v Evropě stále zastoupení této varianty roste. V Asijském regionu dominují varianty PQ.16.1.1 a PQ.17.7.2 a jejich potomci SV.x, respektive RK.x.

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

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 **376** vzorků SARS-CoV-2, převládá varianta XFG (Stratus). Z tohoto počtu je 299 sekvencí původem ze Španělska.
V Evropě a Severní Americe (celkem 875 sekvencí) se v sekvenačních datech stabilně objevuje varianta RW.1.1 (v současné době vykazuje klesající trend), RW.1.1 není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, ve zprávách ji pro přehlednost značíme **zeleně.** Incidence varianty BA.3.2 a jejích potomků je za poslední měsíc celosvětově nízká. Naopak varianta **PJ.2.1** v Severní Americe je v současné době nejrozšířenější variantou. Varianta PJ.2.1 vykazuje vzrůstající trend v Evropě, Severní Americe a Oceánii.
Varianty BA.3.2, XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty (VUM) podle WHO i ECDC.

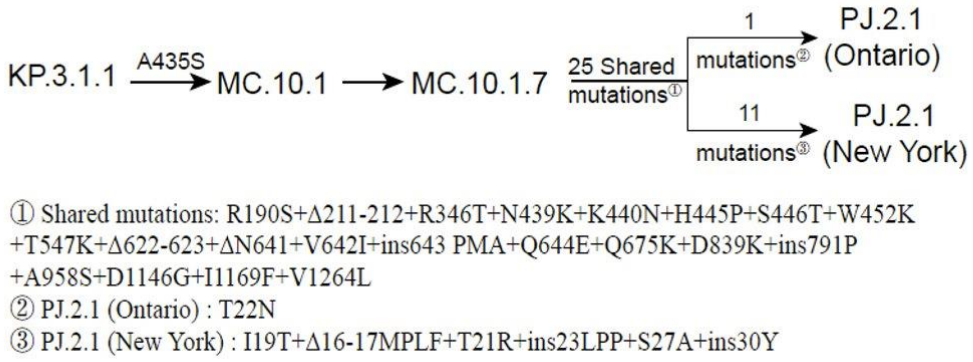
Prosíme všechna spolupracující pracoviště o poskytnutí pozitivních vzorků SARS-CoV-2 s C_T pod 30, a rovněž o vzorky s pozitivní detekcí viru chřipky a RSV.

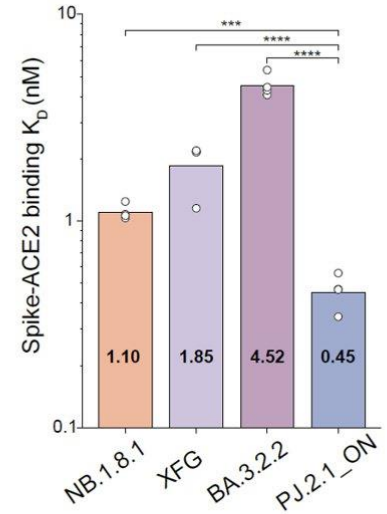
Zdroj: GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

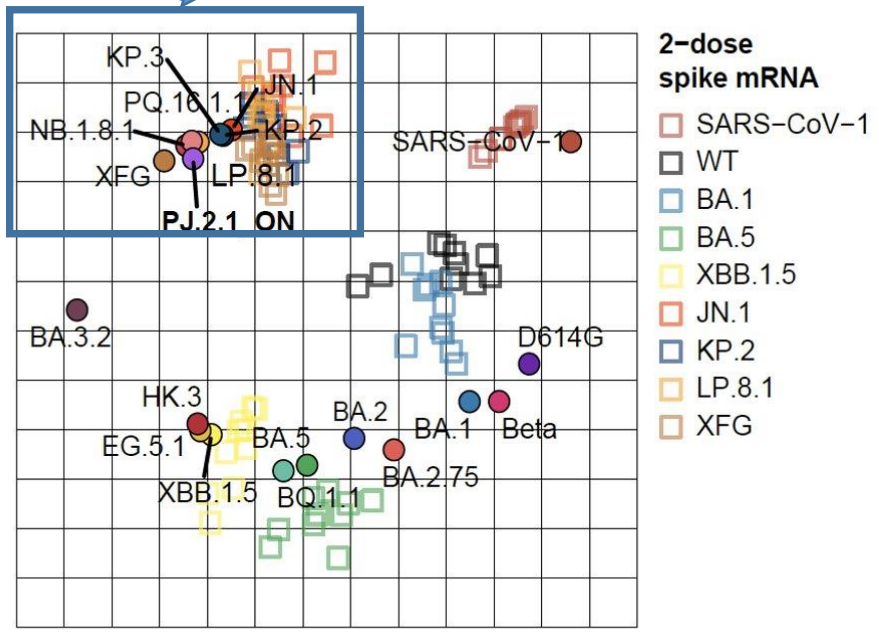
SARS-CoV-2 charakteristika PJ.2.1 varianty

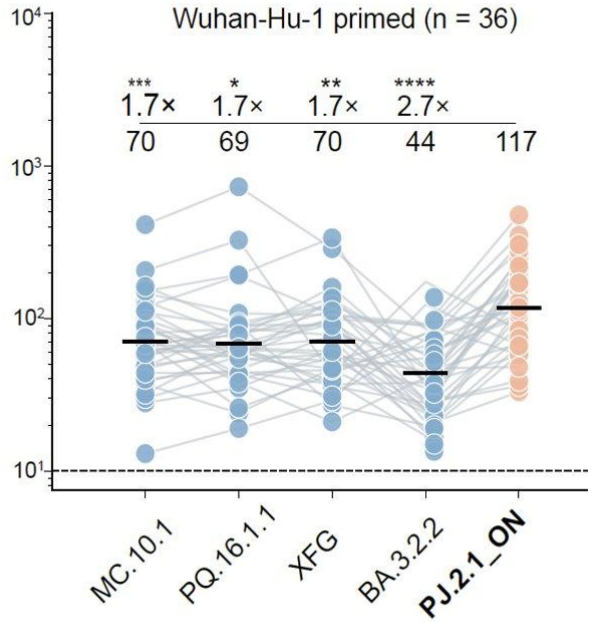
Saltatorní **PJ.2.1** vyvolává obavy z možné vyšší míry šíření v podobě epidemické vlny podobné té, kterou způsobila varianta JN.1.

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.





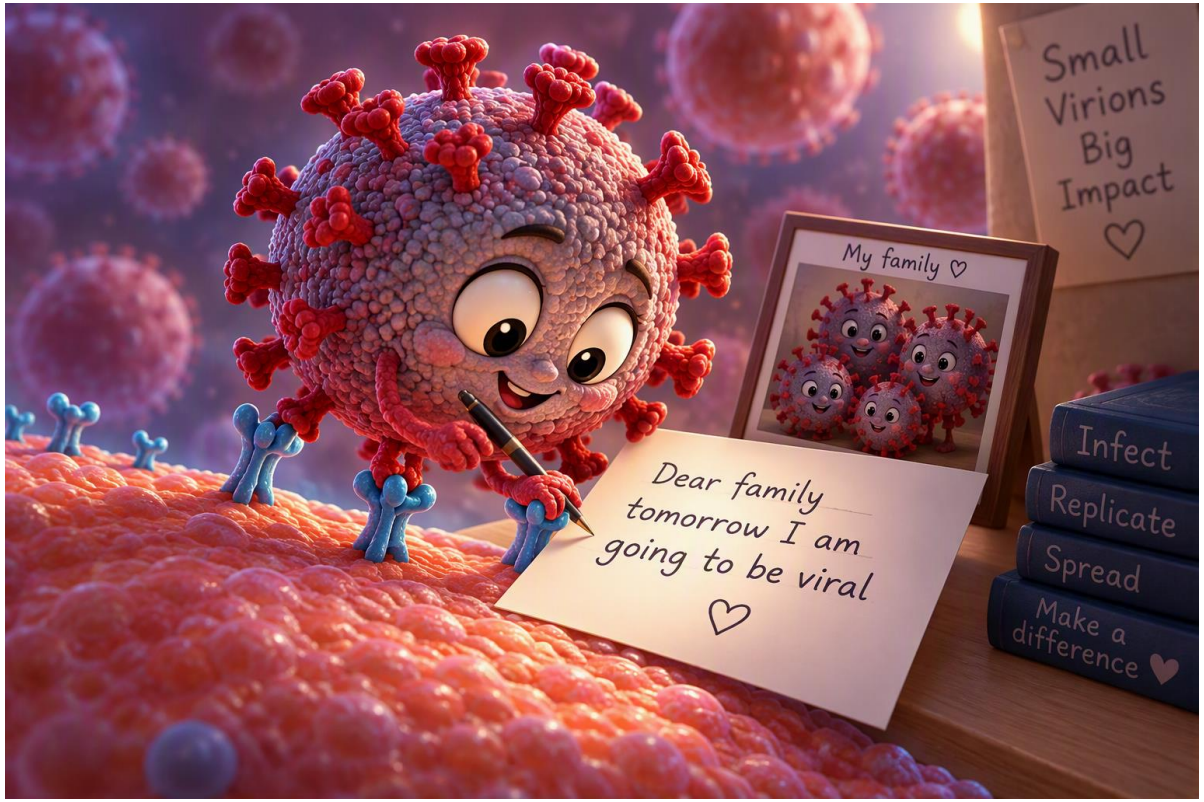




HE, PeiZhuo, et al. Increased receptor binding capability of the SARS-CoV-2 saltational variant PJ.2.1. *bioRxiv* [online]. 3. září 2026 [cit. 2026-09-21]. Dostupné z: https://doi.org/10.64898/2026.09.03.749172

Vtip pro 42.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: Dear family, tomorrow I am going to be viral [obrázek vytvořený pomocí generativní umělé inteligence]. 2026.

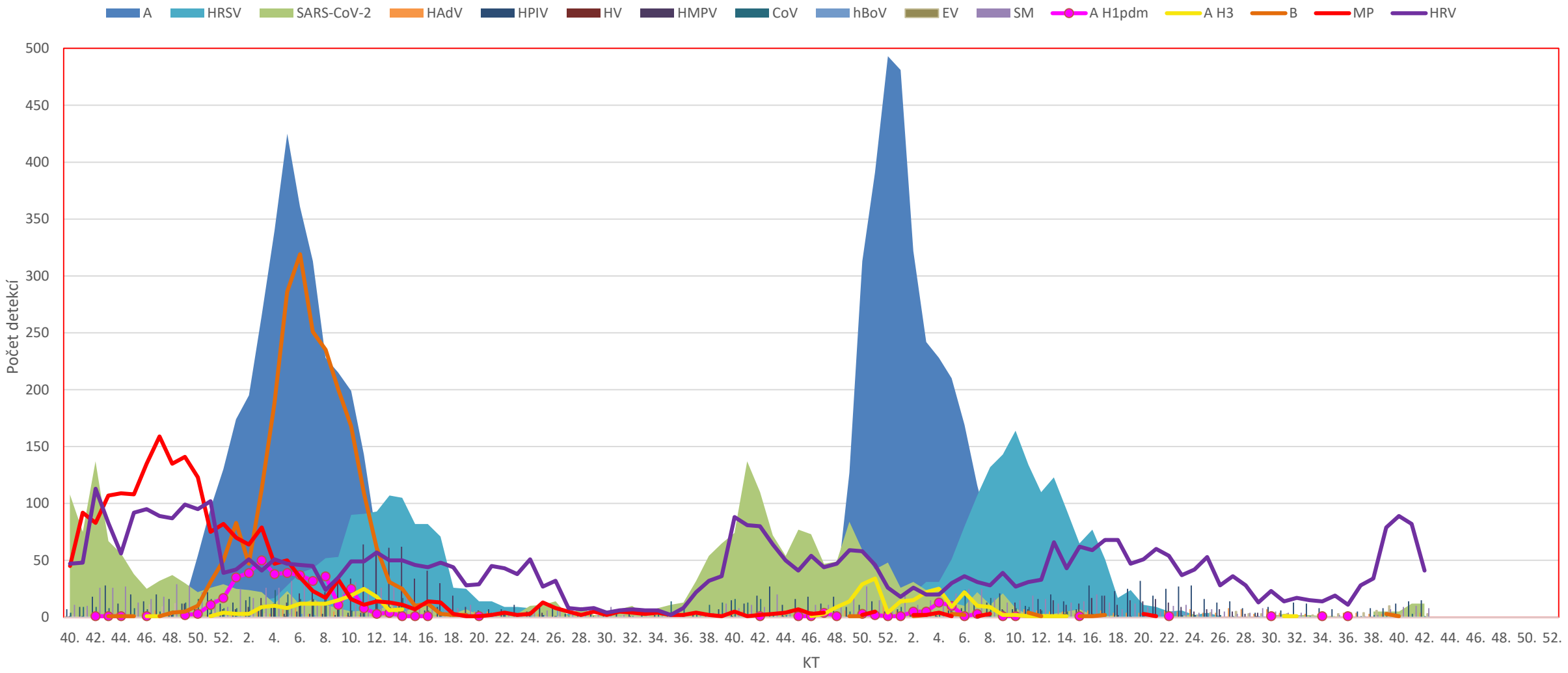
ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 39. - 42. KT 2026

- Ve 42. KT byl nahlášen 1 případ chřipky typu A.
- Dominujícím respiračním virem je stále rhinovirus, který byl detekován v téměř 48 % všech pozitivních záchytů.
- Z dalších sledovaných respiračních virů byly významněji zastoupeny viry parainfluenzy (17,4 %), SARS-CoV-2 (14 %) a adenoviry (4,6 %).

kalendářní týden (KT)		39.	podíl	40.	podíl	41.	podíl	42.	podíl	kumulativně od 40. KT 2026
detekce viru	A	2	0,0%	1		7	5,3 %	1		9
	A H_1pdm		0,0%							0
	A H_3		0,0%							0
	B	3	0,0%	1						1
	HRSV	2	0,0%			1		1		2
	HAdV	3	4,9%	3	2,4%	1		4	4,6 %	8
	HPIV	8	13,1%	12	9,6%	14	10,5 %	15	17,4 %	41
	HV		0,0%							0
	MP		0,0%			1				1
	HMPV		0,0%	1						1
	CoV	2	3,3%	1		3	2,3 %	1		5
	HRV	79	55,7%	89	71,2%	82	61,6 %	41	47,7 %	212
	hBoV									0
	EV	10	9,8%	3	2,4%	2	1,5 %	3	3,5 %	8
	SARS-CoV-2	5	8,2%	5	4,0%	12	9,2 %	12	14,0 %	29
	SM	7	3,3%	9	7,2%	10	7,5 %	8	9,3 %	27
	pozitivní	121	15,0%	125	18,0%	133	16,9 %	86	12,4 %	344
	negativní	494		568		656		611		1835
celkový počet vyšetření		615		693		789		697		2179

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 - 42. 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 42. KT 2026 a EU/EHP 41. KT

EU/EHP 41. KT

- Aktivita respiračních virů se v primární i sekundární péči ve většině zemí postupně zvyšuje, přesto zatím zůstává na základní úrovni.
- Výskyt SARS-CoV-2 zůstává ve většině zemí nízký, v primární péči se detekce týkají mladistvých nad 15 let věku a dospělých do 65 let a v sekundární péči osob nad 65 let věku.
- Aktivita viru chřipky je celkově na základní úrovni, v primární péči se detekce týkají mladistvých nad 15 let věku a dospělých do 65 let a v sekundární péči osob nad 65 let věku. Většina detekovaných virů chřipky patří do typu A.
- Detekce RSV jsou na obvyklé mimosezónní úrovni.

Virologická surveillance ČR 42. KT

- Ve 42. KT byl nahlášen 1 případ chřipky typu A.
- Dominujícím respiračním virem je stále rhinovirus, který byl detekován v téměř 48 % všech pozitivních záchytů.
- Z dalších sledovaných respiračních virů byly významněji zastoupeny viry parainfluenzy (17,4 %), SARS-CoV-2 (14 %) a adenoviry (4,6 %).

Epidemiologická surveillance ČR 42. KT

- Nemocnost ARI se pohybuje na hodnotě obvyklé pro toto roční období. Mezi jednotlivými kraji nejsou významné rozdíly.

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 a nových vakcín, sledujeme změny vedoucí k úniku před protilátkami, pasivně podanými či indukovanými očkováním.