# Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 23/11/2026

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 46. KT**

Aktivita respiračních virů v primární i sekundární péči přes mírně vzestupnou tendenci zatím zůstává nízká.

V primární péči dosahuje podíl pozitivity SARS-CoV-2 (9 %), a podíl pozitiviních detekcí viru chřipky typu A (6 %). Naopak v sekundární péči převažují podíly detekce viru chřipky typu A (9 %) nad detekcemi SARS-CoV-2 (6 %).

Podíl detekcí SARS-CoV-2 má prakticky ve všech zemí EU/EHP vzestupnou tendenci, ostatní respirační viry, mimo chřipky naopak vykazují setrvalý pokles.

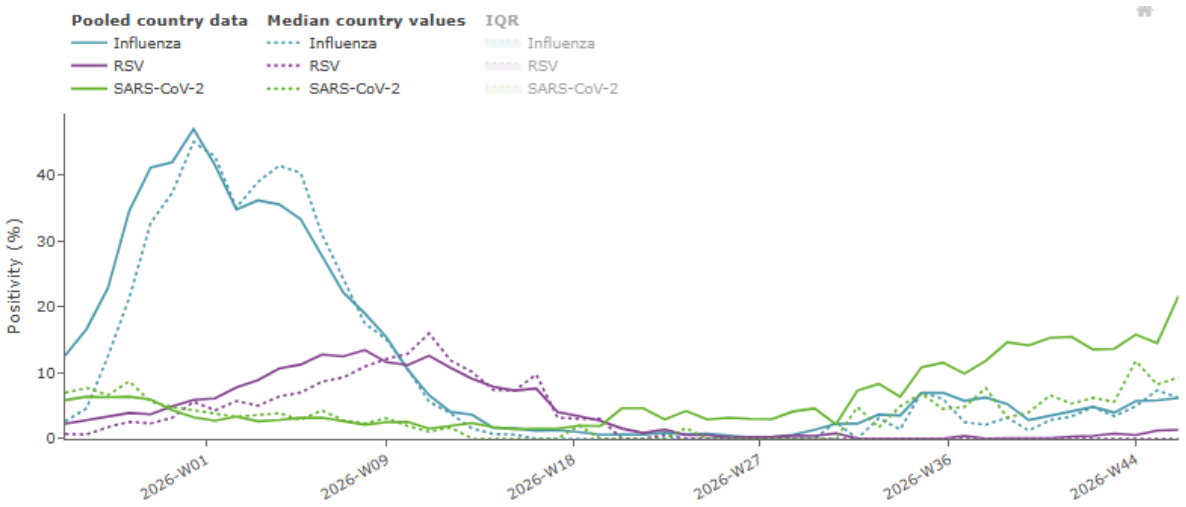
Aktivita viru chřipky zůstává stále nízká, ale od 37. KT je pozorován prakticky ve všech evropských zemích vyšší počet detekcí, než je pro toto období obvyklé. Epidemický práh nebyl v žádné zemi překročen. Většinou je detekován virus chřipky typu A, v subtypizaci převažuje A/H1pdm 2009.

Aktivita respiračního syncytiálního viru (RSV) je velmi nízká.

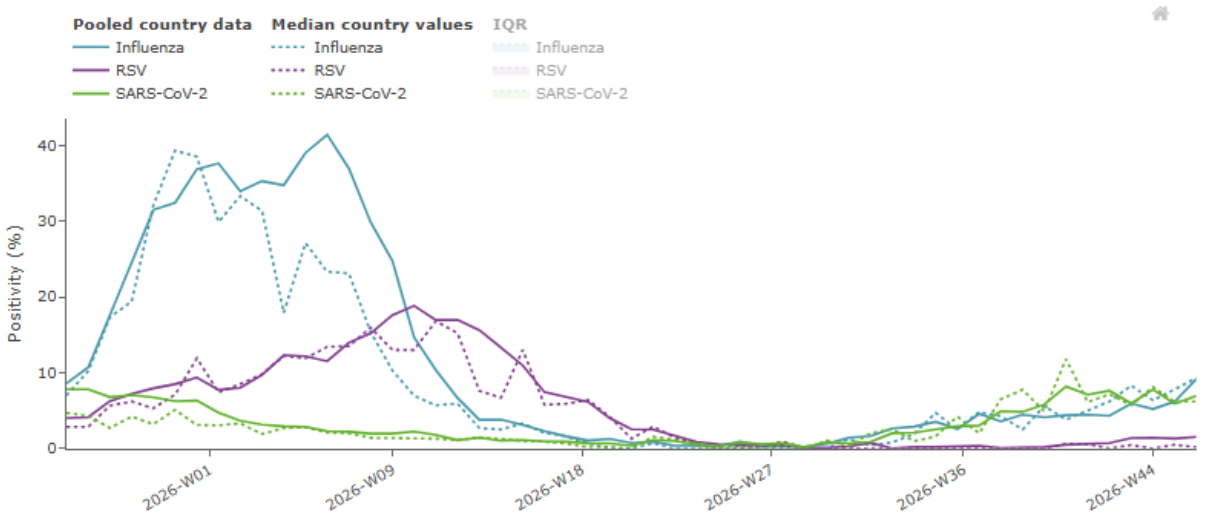
Zdroje: ERVISS. Dostupné z: https://www.erviss.org; GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: https://www.gisaid.org/

# EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 46. KT 2026

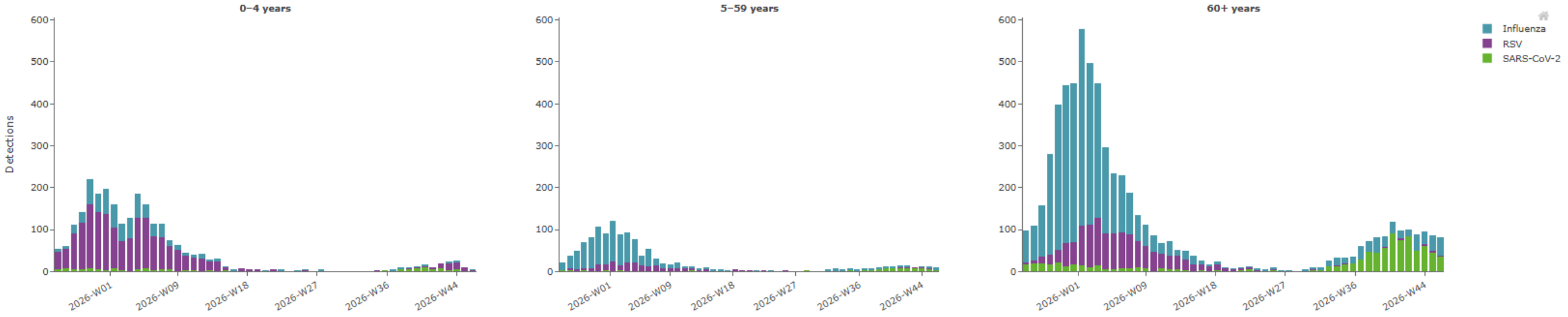
a)




b)




c)




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

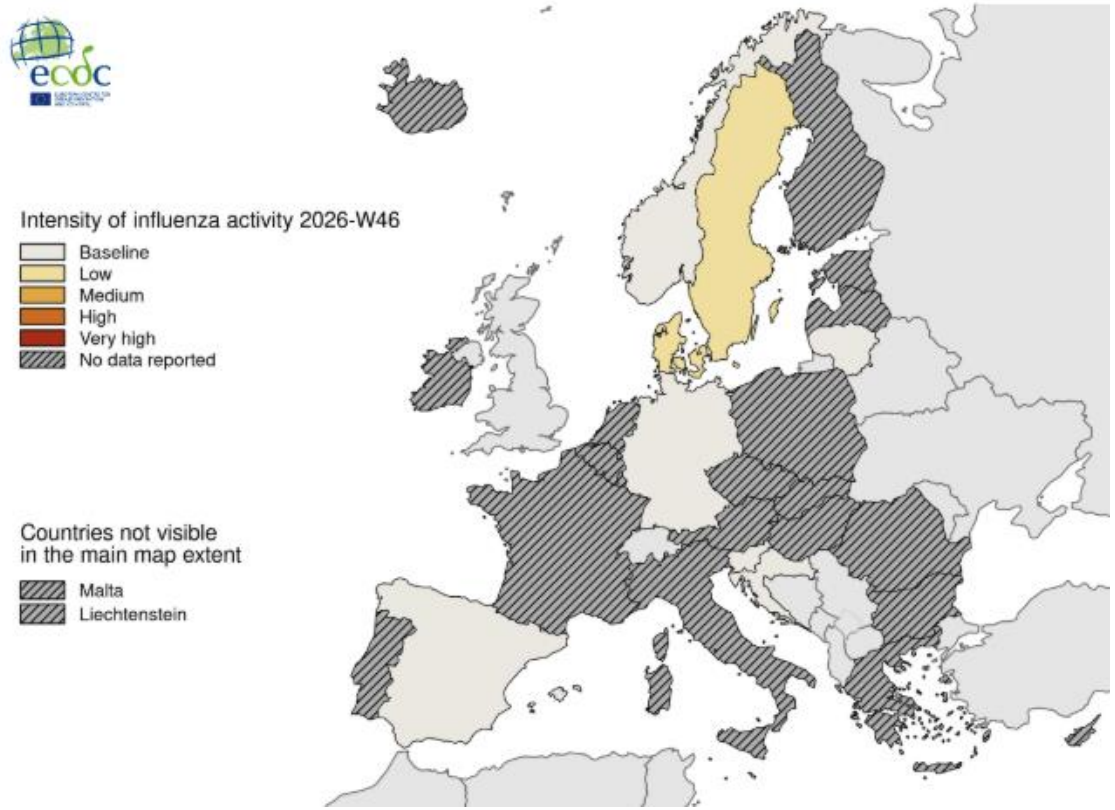
# EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 45. a 46. KT 2026

| | | Reporting countries | | EU/EEA summary | |
|---|---|---|---|---|---|
| Indicator | Syndrome or pathogen | Week 46 | Week 45 | Description | Value |
| ILI/ARI consultation rates in primary care | ARI | 16 rates (13 MEM) | 18 rates (14 MEM) | Distribution of country MEM categories | 6 Baseline<br>7 Low |
| | ILI | 20 rates (17 MEM) | 22 rates (19 MEM) | | 15 Baseline<br>2 Low |
| ILI/ARI test positivity in primary care | Influenza | 16 | 19 | Pooled (median; IQR) | 6.2% (6.2; 2.5–9.3%) |
| | RSV | 14 | 17 | | 1.3% (0; 0–1.4%) |
| | SARS-CoV-2 | 14 | 17 | | 22% (9.3; 7.8–20%) |
| SARI rates in hospitals | SARI | 8 rates (6 MEM) | 12 rates (9 MEM) | Distribution of country MEM categories | 5 Baseline<br>1 Low |
| SARI test positivity in hospitals | Influenza | 6 | 8 | Pooled (median; IQR) | 9.2% (9.3; 6.9–12%) |
| | RSV | 6 | 8 | | 1.5% (0.1; 0–1%) |
| | SARS-CoV-2 | 6 | 8 | | 6.9% (6.2; 4.8–8.4%) |
| Intensity (country-defined) | Influenza | 8 | 13 | Distribution of country qualitative categories | 6 Baseline<br>2 Low |

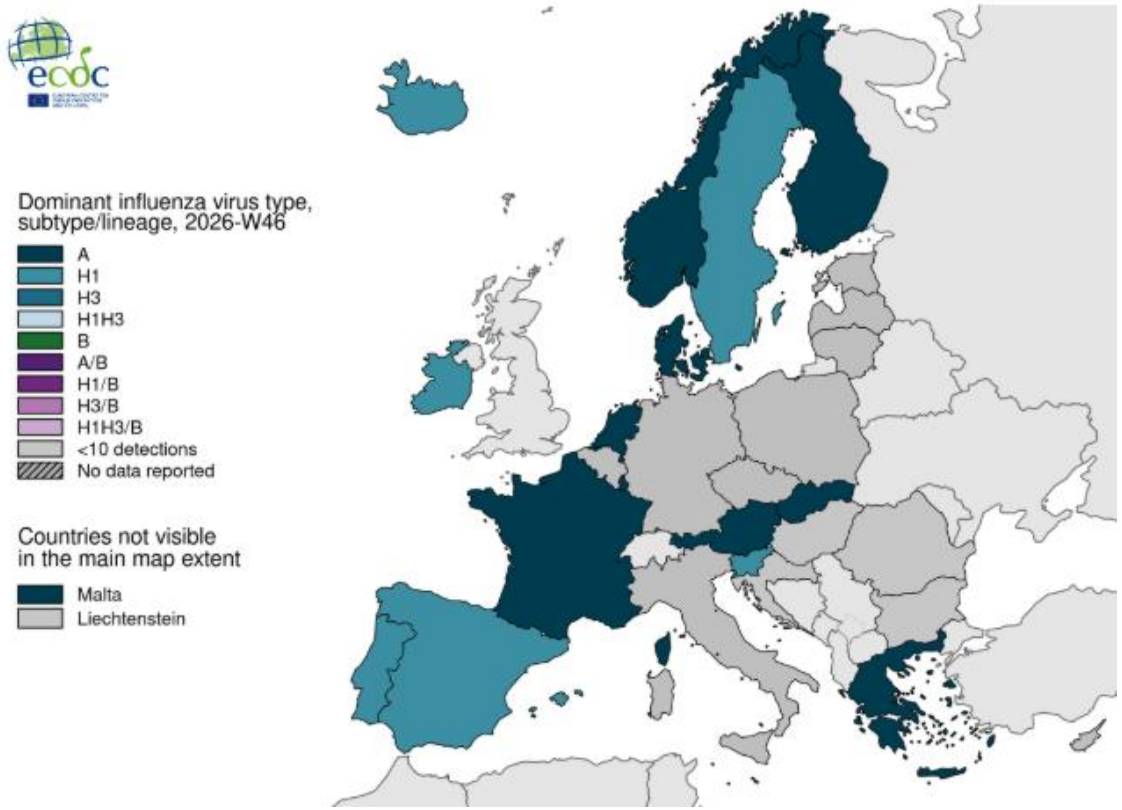
**Zdroj: ERVISS.** Dostupné z: https://www.erviss.org

# ECDC Intenzita chřipkové aktivity a geografické rozšíření chřipky – 46. KT 2026

Intensity of influenza activity 2026-W46




Dominant influenza virus 2026-W46




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

# ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 23. 11. 2026

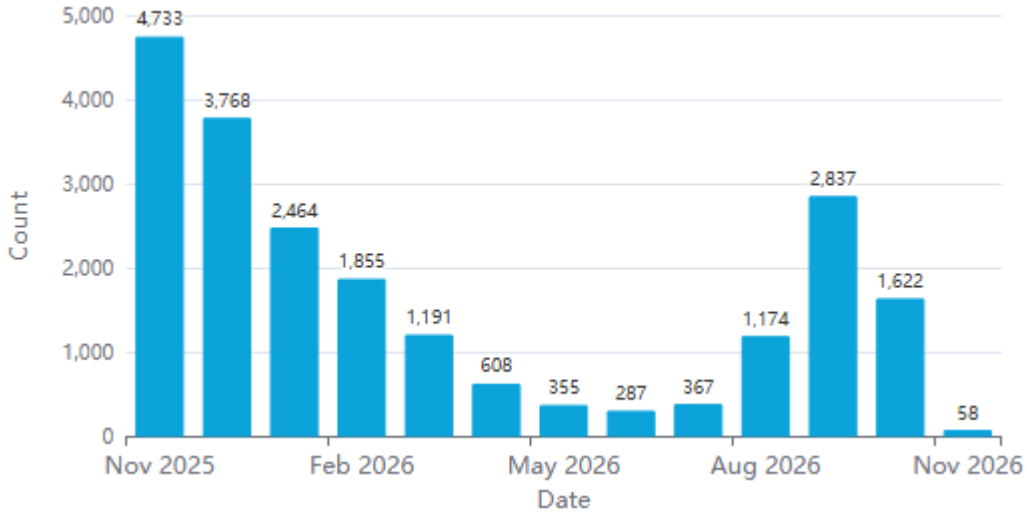
## Variants of Interest (VOI)

| 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




Varianta PJ.2.1, linie SARS-CoV-2 odvozená od varianty JN.1, byla zařazena mezi varianty sledované v rámci monitoringu (variant under monitoring, VUM) WHO, ale v ECDC jako VUM zatím nefiguruje.

**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 30 October 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026. Dostupné na: https://www.ecdc.europa.eu

# WHO: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 23. 11. 2026

**Currently circulating variants under monitoring (VUMs) (as of 19 November 2026)**

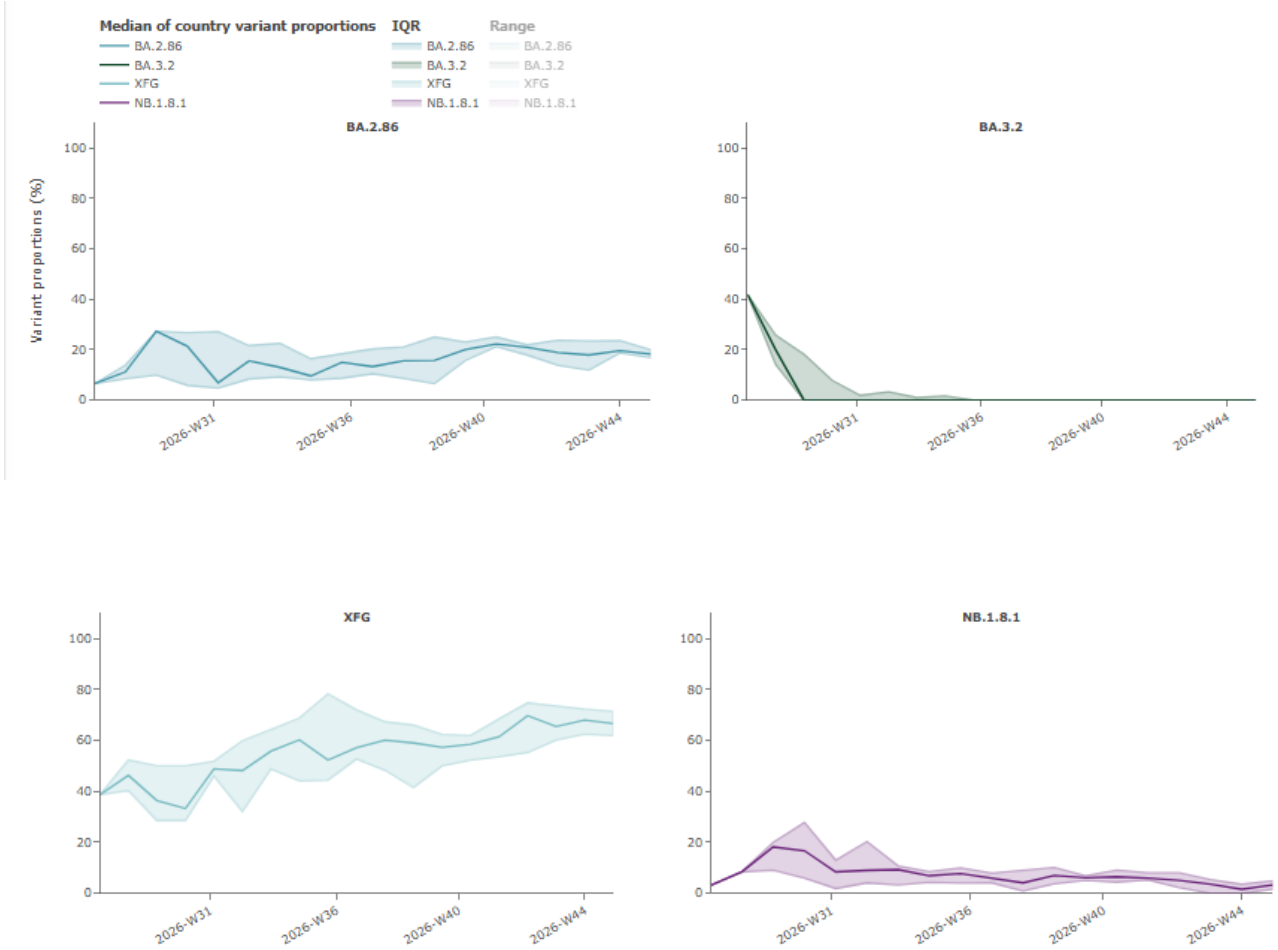
| Pango lineage | Next strain clade | Genetic features | Earliest documented samples | Date of designation and risk assessments |
|---|---|---|---|---|
| PQ.16.1.1 | 25B | NB.1.8.1 + S:D253G, S:N417T, S:D420N, S:I478T | 25-03-2024 | 27-07-2026<br>PQ.16.1.1 Initial Risk Evaluation 27 July 2026 |
| NB.1.8.1 | 25B | JN1 + S:T22N, S:F59S, S:G184S,S:A435S, S:F456L, S:T478I, S:Q493E | 22-01-2025 | 23-05-2025<br>NB.1.8.1 Initial Risk Evaluation 23 May 2025 |
| XFG | 25C | JN1 + S:T22N, S:S31P, S:K182R, S:R190S, S:R346T, S:K444R, S:V445R, S:F456L, S:N487D, S:Q493E, S:T572I | 27-01-2025 | 25-06-2025<br>XFG Initial Risk Evaluation 25 June 2025 |
| BA.3.2 | 25I | Relative to Index:<br>P9L, R21T, P26L, A67V, H69-, V70-, T95I, I101T, C136-, N137-, D138-, P139-, F140-, L141-, G142-, V143-, Y144-, Y145-, H146-, K147-, F157S, N164K, S172F, K187T, N211-, L212I, A243-, L244-, P251S, I326V, G339Y, A348P, S371F, S373P, S375F, R403K, D405N, R408S, K417N, A435S, N440R, V445A, G446D, L452W, N460K, S477N, T478N, E484K, G496S, Q498R, N501Y , K529N, E554D, E583D, D614G, H625R, N641K, V642G, E654K, H655Y , N679R, P681R, A688D, S704L, N764K, K795T, D796Y , A852K, S939F, Q954H, N969K, P1162R, D1184E | 22-11-2024 | 05-12-2025<br>BA.3.2 Initial Risk Evaluation 05 December 2025 |
| PJ.2.1 | | MC.10.1.7 + M:H155N, N:T148A, N:P383L, NS3:V255del, NSP2:A488T, NSP3:T64I, NSP3:T820I, NSP3:P822S, NSP3:I896T, NSP3:T1336I, NSP3:T1677I, NSP4:R401H, NSP4:M426V, NSP5:S121L, S:T22N, S:R190S, S:211del→G, S:I212del, S:G213del, S:R346T, S:N439K, S:K440N, S:H445P, S:S446T, S:W452K, S:T547K, S:S621del, S:V622del, S:A623S, S:N641del, S:V642I, S:Q644E, S:Q675K, S:D839K, S:A958S, S:D1146G, S:I1169F, S:V1264L | 25-05-2026 | 19-11-2026<br>PJ.2.1 Initial Risk Evaluation 19 November 2026 |

Varianta PJ.2.1, linie SARS-CoV-2 odvozená od varianty JN.1, byla zařazena mezi varianty sledované v rámci monitoringu (variant under monitoring, VUM).
Na základě dostupných důkazů je dodatečné riziko pro veřejné zdraví spojené s variantou PJ.2.1 na globální úrovni hodnoceno jako nízké, avšak s nízkou mírou jistoty tohoto hodnocení.
Tato linie vznikla v důsledku evolučních změn (*saltation event*) a vykazuje vysokou schopnost vazby na lidský receptor ACE2.
Dostupné fenotypové údaje naznačují pouze omezený dodatečný únik před protilátkami ve srovnání se současně cirkulujícími testovanými variantami. Postvakcinační séra (LP.8.1 a XFG) vykazují mírně sníženou virus neutralizační aktivitu varianty PJ.2.1 v laboratorních testech.
Komparativní klinická data nejsou dostatečná k určení, zda je varianta PJ.2.1 spojena se zvýšenou závažností onemocnění.

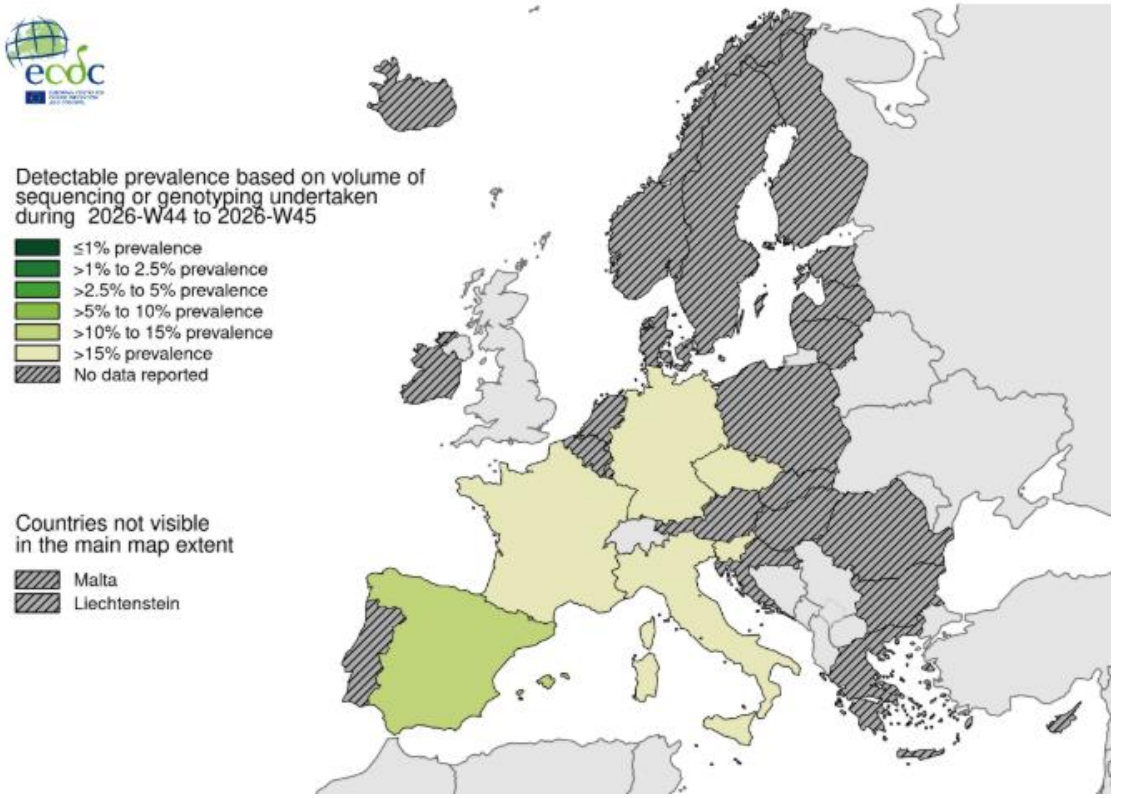
**Zdroj:** World Health Organization. (2026, November 19). *Tracking SARS-CoV-2 variants*. https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/
World Health Organization. (2026, November 19). *Risk evaluation for SARS-CoV-2 variant under monitoring: PJ.2.1*. https://www.who.int/publications/m/item/risk-evaluation-for-sars-cov-2-variant-under-monitoring--pj.2.1

# ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě k 23. 11. 2026

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



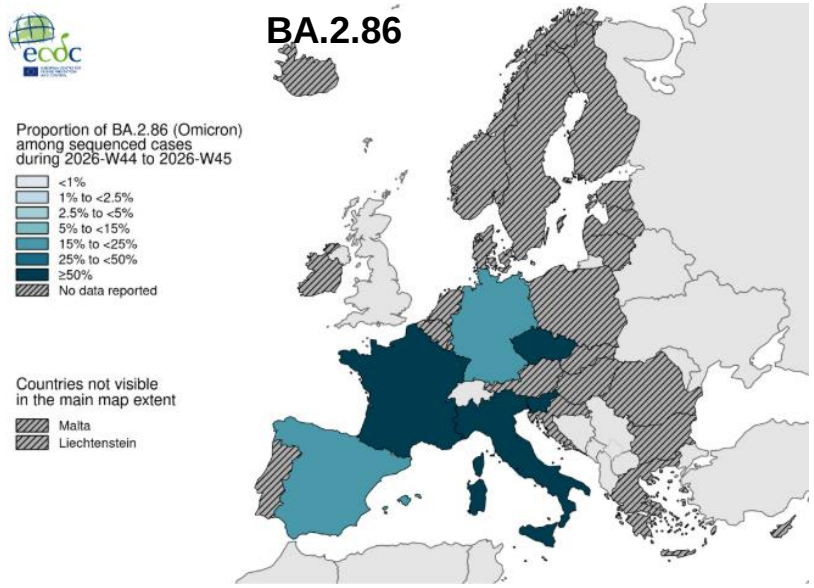

Objem sekvenace v 44. a 45. týdnu 2026

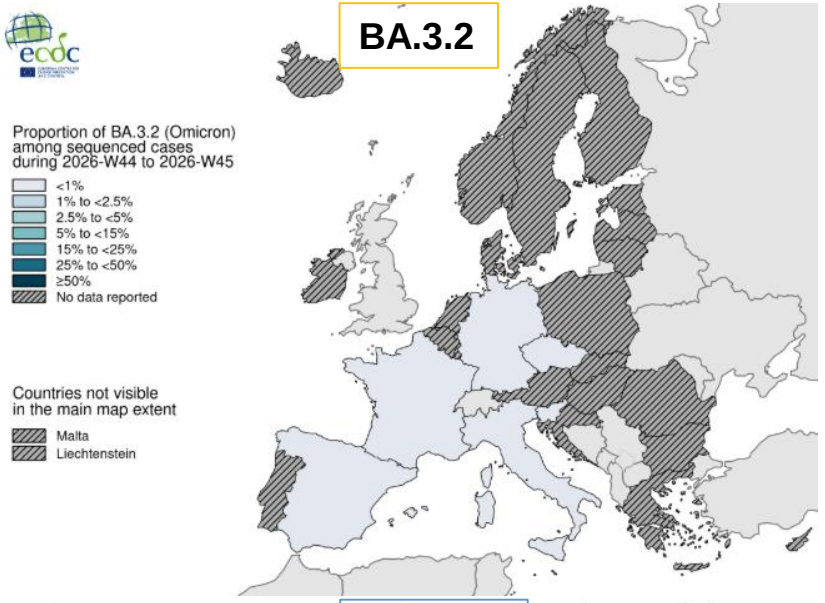


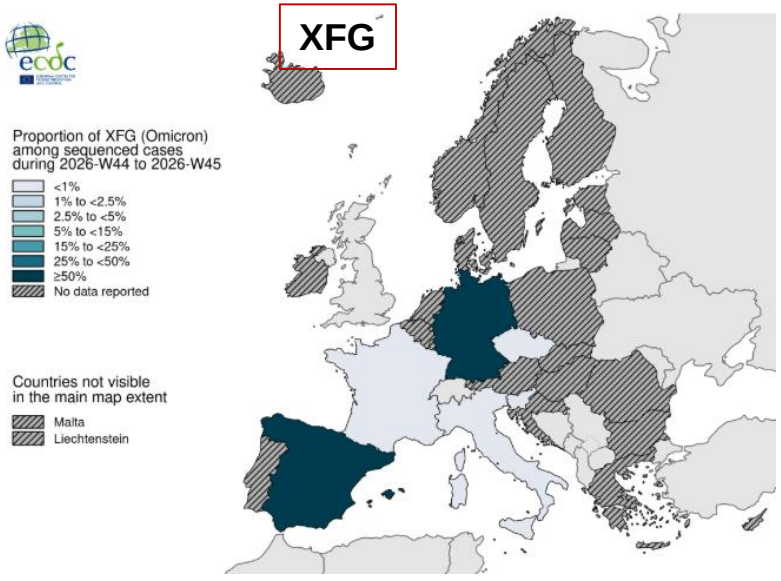

**Zdroj: ERVISS.** Dostupné z: https://www.erviss.org

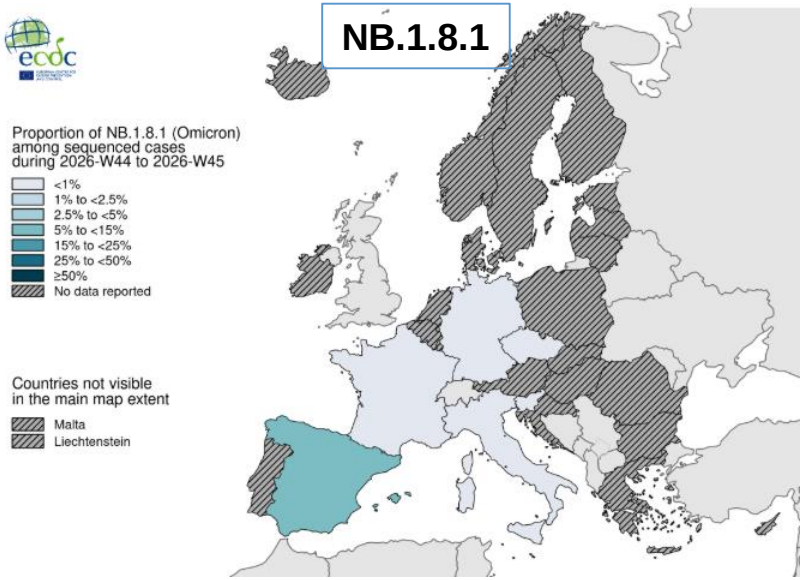
# ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu v Evropě 44. KT - 45. KT

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 44. týdnu - 45. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



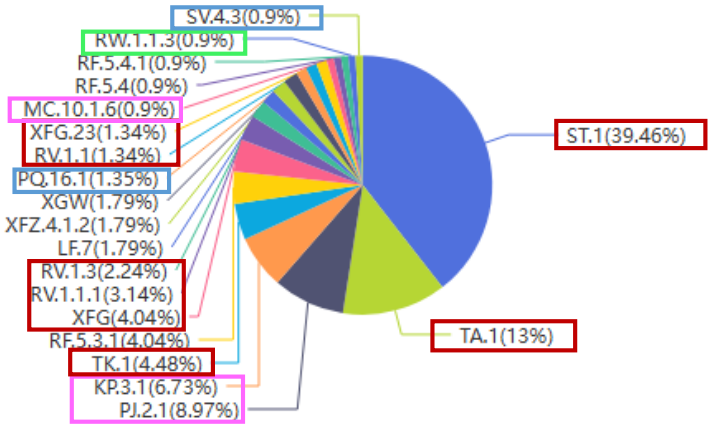

Z dat publikovaných na Erviss.org je patrné, že incidence BA.3.2.x (Cikáda) klesla, ze sledovaných variant se objevuje NB.1.8.1.x (Nimbus) a XFG.x (Stratus), který je nejrozšířenější variantou v Evropě. Většina detekcí, včetně sledovaných variant, představuje varianty odvozené od BA.2.86. Varianta PJ.2.1 zatím není na Erviss.org zobrazována, protože podle ECDC zatím není VUM.

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

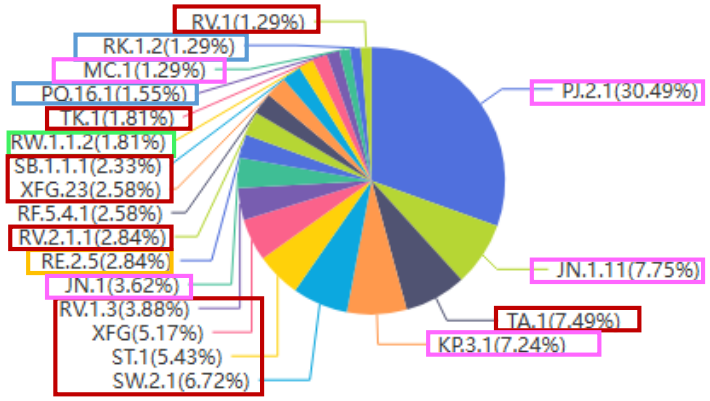
# Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě, Severní Americe a Asii k 23. 11. 2026

| Kontinent | Evropa | Severní Amerika | Asie |
|---|---|---|---|
| Počet sekvenací | 245 | 500 | 124 |

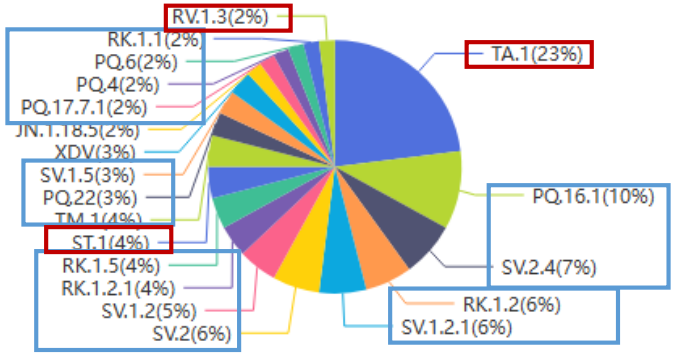
Evropa 23. 10. - 23. 11. 2026



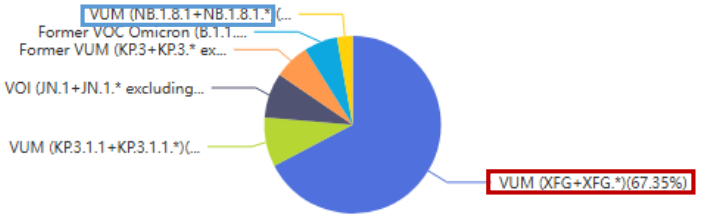

Severní Amerika 23. 10. – 23. 11. 2026



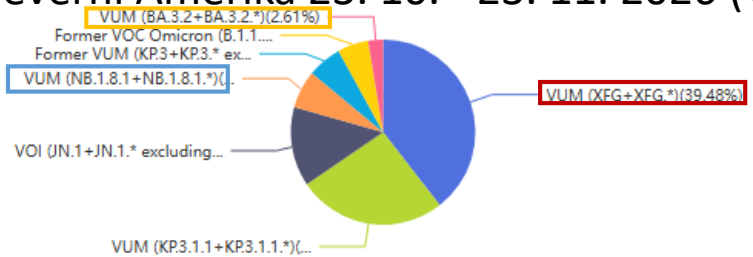

Asie 23. 10. - 23. 11. 2026



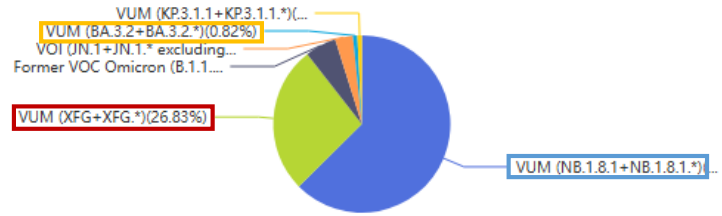

Evropa 23. 10. - 23. 11. 2026 (VUM)




Severní Amerika 23. 10. - 23. 11. 2026 (VUM)




Asie 23. 10. - 23. 11. 2026 (VUM)



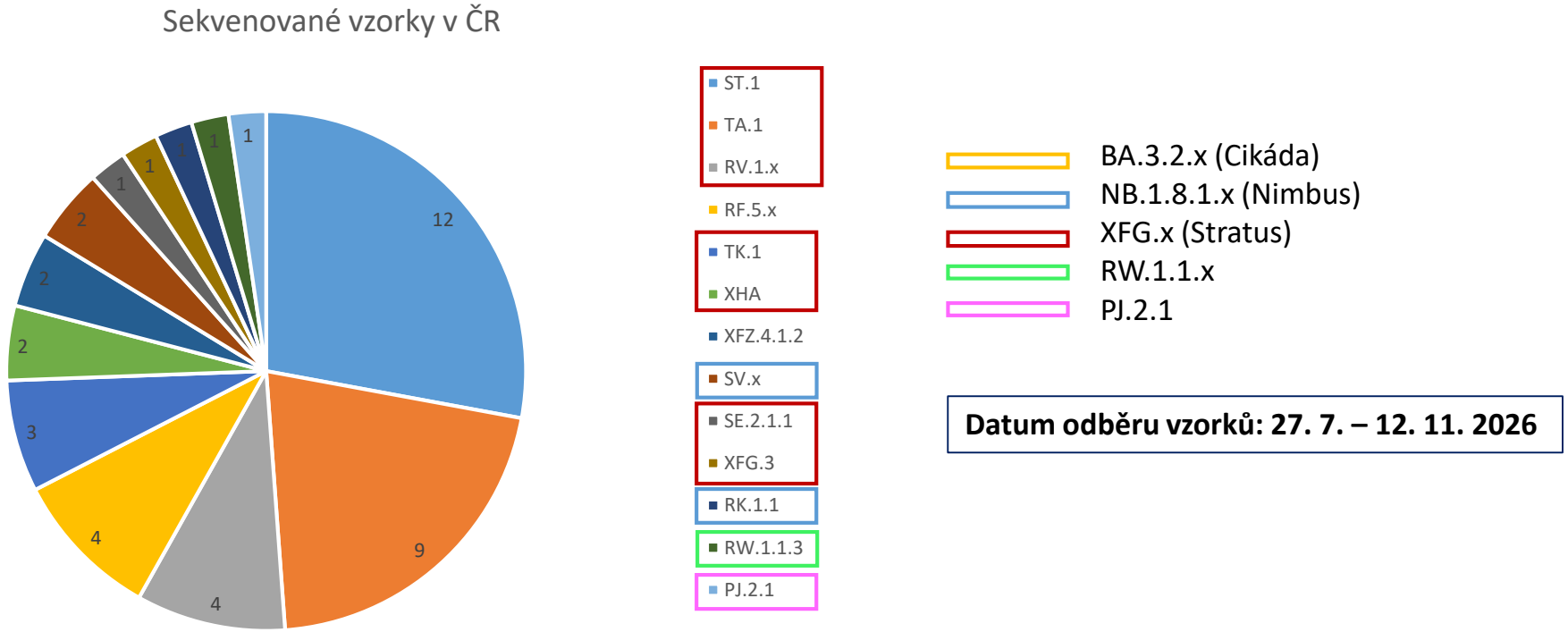

- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)
- RW.1.1.x
- PJ.2.1

V Evropě a Severní Americe u sledovaných variant převládá linie XFG.x (Stratus), v Asii stále převládá NB.1.8.1.x. V Severní Americe je nejzastoupenější variantou **PJ.2.1, která v širším určení spadá do variant příbuzných JN.1** (174 sekvencí v posledním měsíci, včetně vzorků určených jako JN.1.x, KP.3.1 a MC.x). V Evropě stále zastoupení varianty PJ.2.1 roste (40 sekvencí v posledním měsíci, včetně vzorků určených jako KP.3.1). Varianty KP.3.1 a MC.x jsou důsledkem použití neaktualizovaného výpočetního algoritmu v GISAID, při použití aktualizovaného algoritmu zohledňujícího poslední vývoj viru (Nextstrain/Nextclade) je ve všech případech určena varianta PJ.2.1. V Asii velmi klesl počet sekvenovaných vzorků, stále zde převládá NB.1.8.1.x.

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

AKSAMENTOV, I, at al: . Nextclade [software]. Verze 3.x. Basel: Biozentrum, University of Basel, 2021–2026 [cit. 2026-11-16]. Dostupné z: nextstrain.org

# Distribuce variant SARS-CoV-2 v ČR k 23. 11. 2026

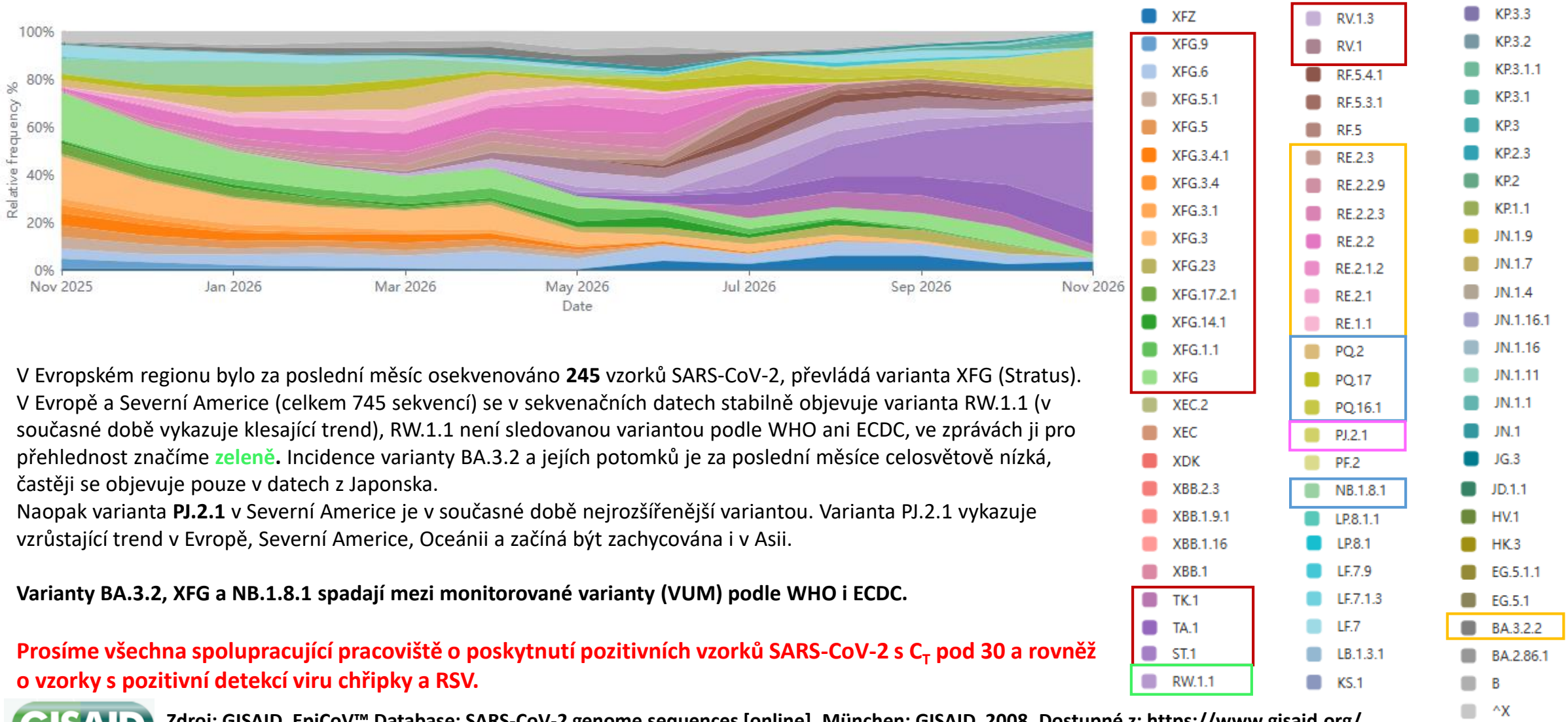



V nově sekvenovaných datech jsme zachytili variantu PJ.2.1 s datem odběru 9. 11. 2026. Do sekvenací byly začleněny 2 vzorky s daty odběru 27. 7. 2026 (varianta RF.5.4.2) a 13. 8. 2026 (varianta SV.2.1). Ostatních 40 sekvenovaných vzorků má datum odběru září – listopad 2026. V příští zprávě plánujeme zveřejnit fylogenetickou analýzu vzorků s datem odběru září – listopad 2026.

**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.**

# Výsledky sekvenace SARS-CoV-2 v Evropě, listopad 2025 - listopad 2026

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




V Evropském regionu bylo za poslední měsíc osekvenováno **245** vzorků SARS-CoV-2, převládá varianta XFG (Stratus). V Evropě a Severní Americe (celkem 745 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 měsíce celosvětově nízká, častěji se objevuje pouze v datech z Japonska.
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, Oceánii a začíná být zachycována i v Asii.

**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/**

# Vtip pro 47.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:** Chakravarty, R. (2021, January 7). *Bird flu 2021* [Cartoon]. Green Humour. https://www.greenhumour.com/2021/01/bird-flu-2021.html

# ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 44. - 47. KT 2026

- 34. KT byl prvním týdnem, kdy byla potvrzena chřipka A ve virologické surveillance.
- Ve 47. KT činil podíl pozitivních detekcí viru chřipky 17 %, což je pro tuto dobu neobvyklé, ale údaje korespondují s epidemickou situací na severní polokouli. Vyšší podíl případů chřipky je dán zkreslením dat malým počtem vyšetření, a především vyšší mírou zastoupení pozitivních testů v nonsentinel surveillance, což pravděpodobně souvisí s nemocniční péčí, kterou si chřipka vyžádala.
- Ve shodě s evropskými daty i v ČR převažuje detekce A/H1pdm nad subtypem A/H3.
- V rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance respiračních virů dominuje SARS-CoV-2 (29,5 %), sestupnou tendenci vykazují i nadále detekce rhinovirů (20,5 %) a virů parainfluenzy (9,8 %). Sezonní koronaviry jsou detekovány v 4,5 % pozitivních detekcí. RSV byly detekovány ve 3,6 % pozitivních vyšetření.
- Časné detekce viru chřipky lze vysvětlit časnějším nástupem cirkulace viru chřipky prakticky na celé severní polokouli.

## Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

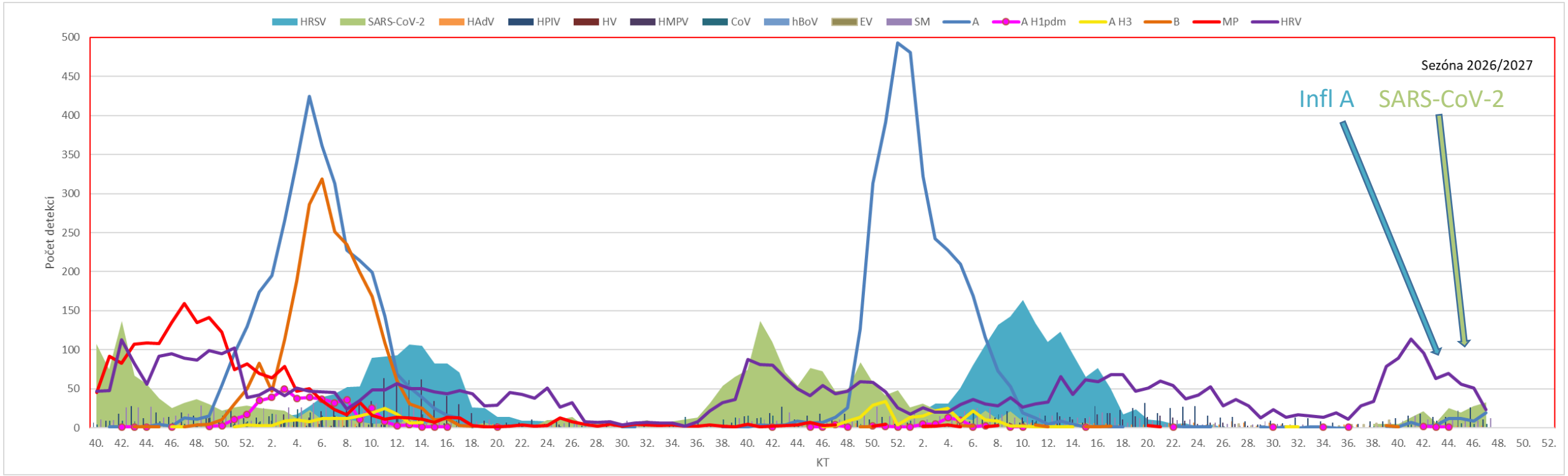
| Kalendářní týden (KT) | | 44. | podíl | 45. | podíl | 46. | podíl | 47. | podíl | Kumulativně od 40.KT |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Detekce viru | A | 12 | 8,5% | 12 | 8,8% | 9 | 6,1% | 19 | 17,0% | 65 |
| | A $H_1$pdm | 1 | 0,7% | | 0,0% | | 0,0% | | 0,0% | 4 |
| | A $H_3$ | | 0,0% | | 0,0% | | 0,0% | | 0,0% | 0 |
| | B | | 0,0% | 1 | 0,7% | | 0,0% | | 0,0% | 3 |
| | HRSV | 2 | 1,4% | | 0,0% | | 0,0% | 4 | 3,6% | 10 |
| | HAdV | 1 | 0,7% | 3 | 2,2% | 2 | 1,4% | 3 | 2,7% | 19 |
| | HPIV | 14 | 9,9% | 22 | 16,2% | 26 | 17,6% | 11 | 9,8% | 133 |
| | HV | | 0,0% | | 0,0% | | 0,0% | | 0,0% | 0 |
| | MP | | 0,0% | 1 | 0,7% | | 0,0% | 1 | 0,9% | 3 |
| | HMPV | 1 | 0,7% | | 0,0% | | 0,0% | 1 | 0,9% | 7 |
| | CoV | 1 | 0,7% | 6 | 4,4% | 5 | 3,4% | 5 | 4,5% | 37 |
| | HRV | 70 | 49,6% | 56 | 41,2% | 51 | 34,5% | 23 | 20,5% | 562 |
| | hBoV | | 0,0% | | 0,0% | 2 | 1,4% | | 0,0% | 2 |
| | EV | 4 | 2,8% | 4 | 2,9% | 5 | 3,4% | | 0,0% | 34 |
| | SARS-CoV-2 | 25 | 17,7% | 20 | 14,7% | 28 | 18,9% | 33 | 29,5% | 152 |
| | SM | 10 | 7,1% | 11 | 8,1% | 9 | 6,1% | 12 | 10,7% | 87 |
| | pozitivní | 141 | 19,0% | 136 | 14,9% | 137 | 15,6% | 112 | 13,4% | 1118 |
| | negativní | 600 | | 777 | | 743 | | 721 | | 5531 |
| Celkový počet vyšetření: | | 741 | | 913 | | 880 | | 833 | | 6649 |

## Virologická surveillance – detekce viru chřipky za 4 poslední KT

| Kalendářní týden (KT) | | 44. | podíl | 45. | podíl | 46. | podíl | 47. | podíl | Kumulativně od 40 KT |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | A bez další subtypizace | 13 | 9,2% | 12 | 8,8% | 9 | 6,6% | 19 | 17,0% | 69 |
| | B | 0 | 0,0% | 1 | 0,7% | 0 | 0,0% | 0 | 0,0% | 3 |
| | Celkem | 13 | | 13 | | 9 | | 19 | | 72 |

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 - 47. 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

# H9N2 – případy onemocnění člověka souhrn informací

Zpráva WHO o humánních případech ptačí chřipky v Číně za období 13.–19. 11. 2026 (Avian Influenza Weekly Update #1071). Celkově hlásí WHO za region Západní Pacifik celkem 191 případů A(H9N2) od roku 2015 (z toho 188 v Číně, 2 v Kambodži a 1 ve Vietnamu), včetně 2 úmrtí u pacientů s jinými závažnými onemocněními.

**Nedávné a sledované případy bez jasného zdroje (2025–2026)**
Hospitalizovaný onkologický pacient v Kuang-čou (provincie Kuang-tung, listopad 2025 / publikováno v listopadu 2026): 71letý muž léčený pro lymfom a chronické plicní onemocnění dostal horečku až po 10 dnech hospitalizace kvůli komplikacím chemoterapie. Pacient neměl žádný známý kontakt s drůbeží a zdroj nákazy zůstal neobjasněn. Virus byl zachycen náhodně pomocí sekvenování (mNGS) při zhoršení dechových funkcí a geneticky odpovídal kmenům cirkulujícím v místním prostředí.
Pacient po transplantaci plic (provincie Kuej-čou, sledováno v roce 2026): 35letý příjemce plicního štěpu bez doloženého přímého kontaktu s drůbeží. Genomická analýza ukázala těsnou shodu s viry izolovanými z okolního prostředí, což ukazuje na skrytou nepřímou expozici v kontaminovaném prostředí.
Dvouletý chlapec z provincie Ťiang-si (březen 2026): Dítě s mírným průběhem onemocnění nemělo žádnou jasnou přímou expozici drůbeži. Následné epidemiologické šetření však odhalilo pozitivní vzorky viru H9 na stáncích s živou drůbeží na trhu, který rodina pravidelně navštěvovala.• Nezletilý pacient z provincie Kuej-čou (září 2026): Hlášení z října 2026 uvádí mírný případ u nezletilé osoby bez přímého kontaktu s ptáky, kde byla jako zdroj zvažována pouze možná nepřímá expozice v prostředí.

**Současné kmeny viru ptačí chřipky A(H9N2) v Číně i v Africe již běžně nesou klíčové genetické mutace, které jim umožňují efektivně vázat se na receptory v lidských horních cestách dýchacích a množit se v savčích buňkách. Na rozdíl od mnoha jiných ptačích virů tak H9N2 k získání těchto vlastností nepotřebuje mezihostitele (např. prase), ale vyvíjí si je přímo v populaci drůbeže**
HA-Q226L:nejvýznamnější adaptivní mutace, v Číně ji nese přes 99 % izolovaných kmenů clade B4.7 (je také velmi častá je africké clade G5.5).
- virus upřednostňuje vazbu na lidské receptory alfa-2,6 před ptačími.
Další podpůrné mutace v vazebném místě (RBS) HA: I155T, H183N a A190V/T stabilizují vazbu na lidské epiteliální buňky a zvyšují přenosnost kapénkami v experimentálních modelech (u fretek a morčat).
**Nové mutace zachycené u nedávných lidských případů:**
• HA-T195S a Y264H: méně obvyklá kombinace, která dále ovlivňuje stabilitu vazby na receptor
• PB2-E627K a E627V: zvyšuje aktivitu virové polymerázy v lidských buňkách a virulenci u savců, 627K se u H9N2 objevuje spíše až po přenosu na savce, PB2-627V cirkuluje u drůbeže v Číně (detekována ve 30 % sekvenovaných vzorků).
• PB2-A588V a I292V: velmi rozšířené mutace v čínských genotypech G57 a G118, zvyšují replikaci viru v lidských plicních buňkách a tlumí časnou protivirovou imunitní odpověď (produkci interferonu beta).
• PB2-D701N: usnadňuje transport virové polymerázy do jádra lidské buňky; častěji se nachází u kmenů izolovaných z prasat a lidských pacientů.
• NP-N52 (nukleoprotein): U více než 96 % současných čínských kmenů H9N2 byla zjištěna mutace na pozici 52 nukleoproteinu. Ta viru umožňuje obejít lidský protivirový protein MxA, který jinak slouží jako hlavní vrozená bariéra bránící ptačím chřipkám v množení v lidských buňkách.

| Subtyp viru | Lokalita hlášení | Pacient | Nástup příznaků | Zdroj nákazy (expozice) | Průběh a stav |
|---|---|---|---|---|---|
| **A(H9N2)** | Provincie **Che-nan** (Henan) | Dětský pacient | 24. října 2026 | Kontakt s drůbeží na trhu s živou drůbeží (pozitivní stěr ze stánku) | Léčen oseltamivirem, zotavil se; 3 blízké kontakty negativní |
| **A(H9N2)** | Provincie **Chu-nan** (Hunan) | Dětský pacient | 20. října 2026 | Kontakt s domácí drůbeží (pozitivní vzorek z prostředí) | Zotavil se; všechny blízké kontakty negativní |
| **A(H5N1)** | Autonomní oblast **Kuang-si** (Guangxi) | Dospělý muž (rezident provincie Quang Ninh, Vietnam) | 1. listopadu 2026 | Bez známého kontaktu s drůbeží či kontaminovaným prostředím | Zachycen 2. 11. při hraničním screeningu v Tung-singu (kašel, rýma); stav klinicky stabilní |

Zdroj: WORLD HEALTH ORGANIZATION. Avian Influenza Weekly Update Number 1072: 13 November 2026. Online. WHO Regional Office for the Western Pacific, 13. 11. 2026 [cit. 2026-11-23]. Dostupné z: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai_20261113.pdf

Zdroje:
ZHANG, Jingjing; WU, Yuqian; WANG, Weijia; HE, Qing; ZHOU, Tengfei et al. Genomic and structural characterization of a reassortant H9N2 avian influenza virus from a human case. Online. International Journal of Infectious Diseases. 2025, roč. 163, č. 108290 [cit. 2026-11-23]. ISSN 1201-9712. Dostupné z: doi.org
ZHANG, Jingjing; WANG, Weijia; XIA, Dan; PAN, Yifan; CHEN, Yiyun et al. Severe H9N2 virus infection in a hospitalized patient without recognized poultry exposure: implications for surveillance of unexplained severe pneumonia. Online. One Health. 2026, č. 101670 [cit. 2026-11-23]. ISSN 2352-7714. Dostupné z: https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2026.101670
FUSARO, Alice; PU, Juan; ZHOU, Yong; LU, Lu; TASSONI, Luca et al. Proposal for a Global Classification and Nomenclature System for A/H9 Influenza Viruses. Online. Emerging Infectious Diseases. 2024, roč. 30, č. 8, s. 1–13 [cit. 2026-11-23]. ISSN 1080-6059. Dostupné z: doi.org
GAO, Wenhui; ZU, Zhaomin; LIU, Jinhua; SONG, Jinming; WANG, Xiaolong et al. Prevailing I292V PB2 mutation in avian influenza H9N2 virus increases viral polymerase function and attenuates IFN-β induction in human cells. Online. Journal of General Virology. 2019, roč. 100, č. 9, s. 1273–1281 [cit. 2026-11-23]. ISSN 1465-2099.

# H9N2 –souhrn informací

Přehled cirkulujících variant  Africe a Číně:

Rozšíření v Africe:

Severní Afrika (Egypt, Maroko, Tunisko, Libye, Alžírsko): v Egyptě je endemický od roku 2011, v Maroku od roku 2016

Západní Afrika (Nigérie, Ghana, Burkina Faso, Mali, Pobřeží slonoviny, Senegal, Benin, Togo): virus se do západní Afriky rozšířil jednorázovým přenosem kolem roku 2015 (pravděpodobně z Maroka) a od té doby tvoří samostatný západoafrický klastr šířený obchodem s živou drůbeží.

Východní a jižní Afrika (Uganda, Keňa, Mosambik): první záchyt v Mosambiku v roce 2025 spadá rovněž do clade G5.5, ale geneticky má blíže ke kmenům ze Saúdské Arábie, Jordánska a Izraele než k západoafrické větvi.

Zoonotický potenciál: I africké kmeny kládu G5.5 nesou markery adaptace na savce (např. mutaci Q226L) a způsobily ojedinělé lidské infekce (Senegal 2019, Ghana 2024 či importovaný případ do Itálie ze západní Afriky v březnu 2026).

| Oblast | Tradiční linie (HA) | Moderní klasifikace kládu (WHO/CDC) | Převažující genotypy (celý genom) | Epidemiologický význam |
|---|---|---|---|---|
| Čína | **BJ/94-like** (také Y280-like / h9.4.2.5) | **B4.7** (dále se dělí na větve a, b, c) | **G57** a nově **G118** (rekombinantní genotypy) | Způsobuje drtivou většinu lidských nákaz; donor vnitřních genů pro vysoce patogenní viry (H5N1, H5N6, H7N9, H3N8). |
| Afrika | **G1-like** („západní“ větev G1 / h9.4.1) | **G5.5** | Lokální klastry odvozené z blízkovýchodních kmenů | Endemická v drůbežářství od severní po západní a jižní Afriku; ojedinělé přenosy na člověka (např. Senegal, Ghana). |


KARIITHI, Henry M.; WELCH, C. N.; FERREIRA, H. L.; PUSHPKO, P.; ATEYA, L. O. et al. Antigenic and molecular characterization of low pathogenic avian influenza A(H9N2) viruses in sub-Saharan Africa. Online. Journal of General Virology. 2021, roč. 102, č. 4 [cit. 2026-11-23]. ISSN 1465-2099. Dostupné z: doi.org

SHALABY, A. G. et al. An Updated Review on Low Pathogenic Avian Influenza H9N2 Subtype in Africa. Online. Avian Diseases. 2025, roč. 69, č. 1, s. 16–28 [cit. 2026-11-23]. ISSN 1938-4351.

SANOGO, Idrissa N.; KOITA, Ousmane A.; OUATTARA, Lassina; DIAWARA, Sidi I.; TOURÉ, Mahamadou et al. Genetic insights of H9N2 avian influenza viruses circulating in Mali and phylogeographic patterns in Northern and Western Africa. Online. Virus Evolution. 2024, roč. 10, č. 1, veae011 [cit. 2026-11-23]. ISSN 2057-1577. Dostupné z: doi.org

# Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 47. KT 2026 a EU/EHP 46. KT

**EU/EHP 46. KT**

- Aktivita respiračních virů v primární i sekundární péči přes mírně vzestupnou tendenci zatím zůstává nízká.
- V primární péči dosahuje podíl pozitivity SARS-CoV-2 (9 %), a podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A (6 %). Naopak v sekundární péči převažují podíly detekce viru chřipky typu A (9 %) nad detekcemi SARS-CoV-2 (6%).
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 má prakticky ve všech zemí EU/EHP vzestupnou tendenci, ostatní respirační viry, mimo chřipky naopak vykazují setrvalý pokles.
- Aktivita viru chřipky zůstává stále nízká, ale od 37. KT je pozorován prakticky ve všech evropských zemích vyšší počet detekcí, než je pro toto období obvyklé. Epidemický práh nebyl v žádné zemi překročen. Většinou je detekován virus chřipky typu A, v subtypizaci převažuje A/H1pdm 2009.
- Aktivita respiračního syncytiálního viru (RSV) je velmi nízká.

**Virologická surveillance ČR 47. KT**

- Ve 47. KT činil podíl pozitivních detekcí viru chřipky 17 %, což je pro tuto dobu neobvyklé, ale údaje korespondují s epidemickou situací na severní polokouli. Vyšší podíl případů chřipky je dán zkreslením dat malým počtem vyšetření, a především vyšší mírou zastoupení pozitivních testů v nonsentinel surveillance, což pravděpodobně souvisí s nemocniční péčí, kterou si chřipka vyžádala.
- Ve shodě s evropskými daty i v ČR převažuje detekce A/H1pdm nad subtypem A/H3.
- V rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance respiračních virů dominuje SARS-CoV-2 (29,5 %), sestupnou tendenci vykazují i nadále detekce rhinovirů (20,5 %), virů parainfluenzy (9,8 %), sezonní koronaviry jsou detekovány ve 4,5 % pozitivních detekcí. RSV byly detekovány ve 3,6 % pozitivních vyšetření.
- Časné detekce viru chřipky lze vysvětlit časnějším nástupem cirkulace viru chřipky prakticky na celé severní polokouli.

**Epidemiologická surveillance ČR 47. KT**

- V minulém týdnu sice celková nemocnost ARI poklesla o necelých 9 %, ale to je jednoznačně v souvislosti se státním svátkem v pracovním týdnu. Mezi kraji nadále nejsou významné rozdíly.

**Ptačí chřipka A/H9N2**

- V rámci sledování pandemického potenciálu nelze zapomínat na virus chřipky A/H9N2, který je endemický v Číně a zemích Afriky. V obou oblastech cirkulují odlišné taxonomické varianty, ale ve všech případech lze detekovat přítomnost adaptivních mutací na člověka (podrobněji strana 15-16 této zprávy).

- **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.**