



# Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 15/12/2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

RNDr. Helena Jiřincová, Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., Mgr. Lenka Knapová, MUDr. Radomíra Limberková

## EU/EHP 49. KT

- Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je v přibližně polovině zemí zvýšený. To naznačuje, že v současné době v Evropské unii/Evropském hospodářském prostoru (EU/EHP) dochází k významné cirkulaci respiračních virů.
- Cirkulace viru chřipky nadále roste a většina zemí nyní hlásí rozsáhlou aktivitu s nízkou až střední intenzitou. Chřipka typu A je dominantní ve všech zemích, přičemž A(H3N2) je v posledních týdnech hnací silou rostoucího trendu. Cirkulace je nejvyšší u dětí ve věku 5–14 let. V některých zemích je pozorován nárůst hospitalizací, který postihuje všechny věkové skupiny, ale především dospělé ve věku 65 let a starší.
- Aktivita chřipky se zvýšila o tři až čtyři týdny dříve než v předchozích dvou sezónách.
- Zpráva ECDC o hodnocení hrozeb, která hodnotí riziko chřipky pro EU/EHP v kontextu rostoucí cirkulace viru A(H3N2) subklády K, nastiňuje klíčová doporučení, včetně očkování, používání antivirotik, používání roušek ve zdravotnických zařízeních a zařízeních dlouhodobé péče a připravenosti na zdravotní péči. Tato doporučení by měla být pečlivě zvážena a neprodleně provedena vzhledem k současné epidemiologické situaci a blížícímu se svátečnímu období.  
Viz: Threat Assessment Brief: Assessing the risk of influenza for the EU/EEA in the context of increasing circulation of A(H3N2)
- Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) pomalu roste z nízkých úrovní, ačkoli v posledním týdnu byl pozorován mírný pokles. Celková cirkulace zůstává pod úrovní, která byla v tomto období pozorována v posledních čtyřech sezónách. Data z nemocnic ukazují rostoucí počet hospitalizací souvisejících s RSV v několika zemích, zejména u dětí mladších pěti let.
- SARS-CoV-2 nadále cirkuluje, ale ve všech věkových skupinách klesá a dopad na hospitalizace je v současné době omezený.



# ECDC analýza cirkulace H3N2 podskupiny K (Threat Assessment Brief: Assessing the risk of influenza for the EU/EEA in the context of increasing circulation of A(H3N2) subclade K)

- Nově vzniklá podskupina A(H3N2) K (dříve J.2.4.1) patří k dominantní kladě 2a.3a.1 HA3 a obsahuje substituce K2N, T135K, S144N(+CHO), N158D, I160K, Q173R, K189R, T328A a S378N (podjednotka hemagglutininu 2: S49N) v genu pro hemagglutinin ve srovnání s vakcinálním kmenem A/Croatia/10136RV/2023. Jedná se o podstatně vyšší počet mutací, než jaký byl pozorován v evoluci v předchozích sezónách. Podskupina K představuje 47 % sekvencí viru A(H3N2) vložených do GISAID EpiFlu z 19 zemí EU/EHP mezi 1. květnem a 17. listopadem 2025. Tato podskupina je také rozšířená globálně. Antigenní data zveřejněná na setkání o složení vakcíny na jižní polokouli naznačují, že vakcinální kmeny A(H3N2) pro sezónu 2025-26 na severní polokouli (A/District of , resp. A/Croatia/10136RV/2023-like) se významně liší od virů z podskupin J.2.3, J.2.4 (což je ancesort podskupiny K) a J.2.5 HA. Výsledky studií sérologie u lidí také ukázaly, že po očkování byly hladiny protilátek proti mnoha nedávno cirkulujícím virům A(H3N2) – zejména těm v podskupinách J.2.2, J.2.3, J.2.4 a J.2.5 – mnohem nižší než proti referenčnímu viru ve vakcíně.

## Závěr ECDC:

- Na základě aktuálně dostupných informací ECDC hodnotí riziko pro běžnou populaci EU/EHP v důsledku chřipkové sezóny s dominancí subkladu K viru A(H3N2) jako střední. ECDC hodnotí riziko jako vysoké u osob s vyšším rizikem závažného onemocnění (osoby starší 65 let, osoby s chronickými metabolickými, plicními, kardiovaskulárními, neuromuskulárními a jinými chronickými onemocněními, těhotné osoby nebo osoby s oslabenou imunitou a osoby žijící v uzavřených zařízeních, jako jsou zařízení dlouhodobé péče). I když individuální riziko závažného onemocnění zůstává podobné jako v předchozích letech, větší epidemie způsobená nižší imunitou vůči infekci by mohla vést k vyššímu absolutnímu počtu hospitalizací a zvýšenému tlaku na zdravotnickou péči. Toto hodnocení se může změnit, jakmile bude k dispozici více dat.

## Doporučení:

- Osoby způsobilé k očkování, zejména ty s vyšším rizikem závažného onemocnění, by měly být očkovány bez prodlení.
- Včasná léčba postižených osob antivirotiky proti chřipce je nezbytná pro snížení pravděpodobnosti komplikací a progresu onemocnění u populací s vyšším rizikem závažného onemocnění. Antivirotika se stávají ještě důležitějšími v kontextu cirkulujícího kmene chřipky, který může být špatně spárováný s vakcínou.
- Nasazení antivirotik by mělo předcházet Testování, pokud je to možné, ale silné klinické podezření a místní epidemiologie by měly také vést k rozhodnutí indikovat antivirotika, aby se předešlo zpožděním, která by mohla jejich snížit účinnost. Antivirotická profylaxe by měla být zvážena v uzavřených zařízeních, jako jsou zařízení dlouhodobé péče, bez ohledu na status očkování. Nemocnice a zařízení dlouhodobé péče by měly přezkoumat své plány připravenosti a zlepšit své postupy prevence a kontroly infekcí, aby zmírnily tlak na systém zdravotní péči během chřipkové sezóny. Zaměstnanci a návštěvníci by měli v obdobích zvýšené cirkulace respiračních virů v nemocnicích a zařízeních dlouhodobé péče používat roušky.
- Země by měly lidem poskytovat personalizovanou komunikaci o tom, jak lze snížit přenos a jaký je dopad závažného onemocnění. To by mělo být provedeno prostřednictvím jasných sdělení o očkování, hygieně rukou a respirační etiketě.

## ČR:

- Dle dat distributora je většina vakcín v ČR, které nejsou doručeny do ordinace PL, již pro tuto sezónu nedostupné. Výjimkou je efluelda, kterou lze stále u distributora objednat. Tato vakcína je určena pouze pro osoby nad 60 let věku přičemž osoby mezi 60 a 64 lety musejí vakcínu hradit, minimální výše úhrady je 1036 Kč. Na očkování následně přispívají individuálně ZP.



# Antigenní změna A/H3N2 podskupiny K v porovnání s vakcinálním kmenem A/Croatia/10136RV/2023 pro sezónu 2025/26

Velká antigenní změna (tzv. antigenní drift), ke které došlo během letní chřipkové sezóny na jižní polokouli a tedy k evoluci subtypu A/H3N2 subklády K není běžná, ale v historii surveillance chřipky není neobvyklá.

Historicky známé velké antigenní změny u H3N2, jejichž přímým důsledkem byla dominance subtypu A/H3N2 známe z let 1997–1999 (změněný subtyp A/H3N2 odpovídal kmen Sydney), kdy došlo k významným adaptačním změnám, které vedly k významné antigenní změně charakterizované kmenem A/Sydney/5/1997. V letech 2003–2004: byla velká antigenní změna charakterizována kmenem(A/Fujian/411/2002). Sezóna 2014–2015 byla charakteristická evolucí kladu 3c.2a subtypu A/H3N2, mutace vedly ke vzniku nového glykosylačního místa. Tato „cukrová maska“ fyzicky blokovala přístup protilátek, což vedlo k výraznému snížení účinnosti vakcíny.

Nová subkláda K H3N2 subtypu, která je rovněž charakterizována významnou antigenní změnou a představuje ji referenční kmen A/Norway/8765/2025, se od vakcinačního kmene pro tuto sezónu liší několika aminokyselinovými substitucemi (mutacemi), které jsou zodpovědné za únik aktuálně se šířící subclade A/H3N2 před protilátkami navozenými předchozími infekcemi chřipkou A/H3N2 a do určité míry snižují účinnost vakcíny. Jedná se o mutace v povrchových bílkovinách, hemaglutininu a neuraminidáze.

V hemaglutininu rozlišujeme 11 aminokyselinových záměn **K18N**, **T151K**, **S160N**, **N161S**, **N174D**, **I176K**, **Q189R**, **A202D**, **K205R**, **T344A**, **S394N**, přičemž S160N vede k vytvoření nového glykosylačního místa (cukrové – polysacharidové masky) a mutace T151K jiné glykosylační místo ruší, tím se poměrně významně mění konformace povrchových struktur hemaglutininu. Mutace N161S se může podílet na virulenci a ovlivňuje antigenní únik.

Růžově zvýrazněné jsou mutace ovlivňující míru glykosylace, tedy maskují konformaci proteinu pod cukerným řetězcem, zeleně a oranžově zvýrazněné mutace vedou ke změně konformace a k antigennímu úniku. Modře vyznačené mutace stabilizují měny ve struktuře bílkoviny.

V neuraminidáze rozlišujeme 5 mutací (**H264N**, **D346G**, **N358D**, **N385D**, **H468R**), barevné označení charakterizuje stejné změny vlastnosti proteinu. Na neuraminidáze tedy přibývá jedno potencionální glykosylační místo a dvě další mutace ovlivňují konformaci a tedy i antigenní únik.

Obecně se viry chřipky vyhýbají imunitnímu systému pomocí několika specifických genetických strategií. N-vázaná glykosylace: virus přidává molekuly polysacharidů na své povrchové proteiny, aby maskoval antigenní epitopy.

Virus H3N2 od roku 1968 (Hongkongská pandemie) získal hemaglutinin (HA) H3N2 až 7 dalších glykosylačních míst.

Došlo ke zvýšení elektrického náboje hemaglutininu.

Změna elektrického potenciálu: Čistý kladný náboj molekuly HA se zvýšil z +7 v roce 1968 na přibližně +17,8 v posledních letech. Tento vyšší kladný náboj pomáhá viru rychleji se vázat na negativně nabitě receptory hostitelské buňky, potenciálně dříve, než ho protilátky dokážou rozpoznat.

Drift neuraminidázy (NA): Nedávný výzkum zdůrazňuje, že mutace v proteinu neuraminidázy (NA) jsou také kritickými prediktory závažnosti epidemie, ačkoli vakcíny se historicky zaměřovaly primárně na protein HA.

Zdroj: GISAID, flusurver

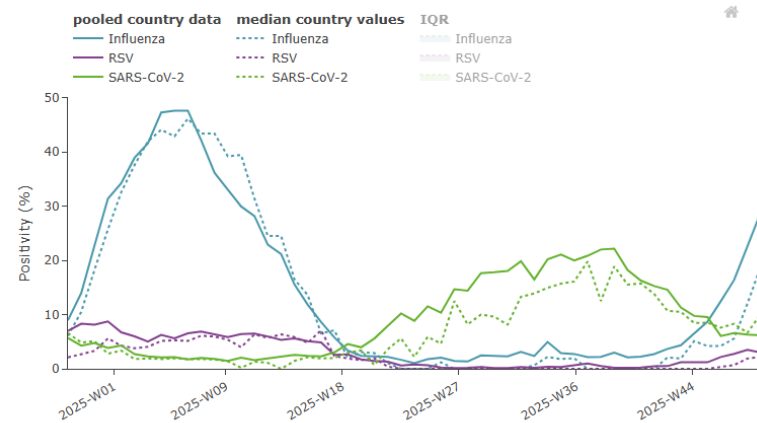
# EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 49. KT

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

(a)

ILI/ARI virological surveillance in primary care – weekly test positivity

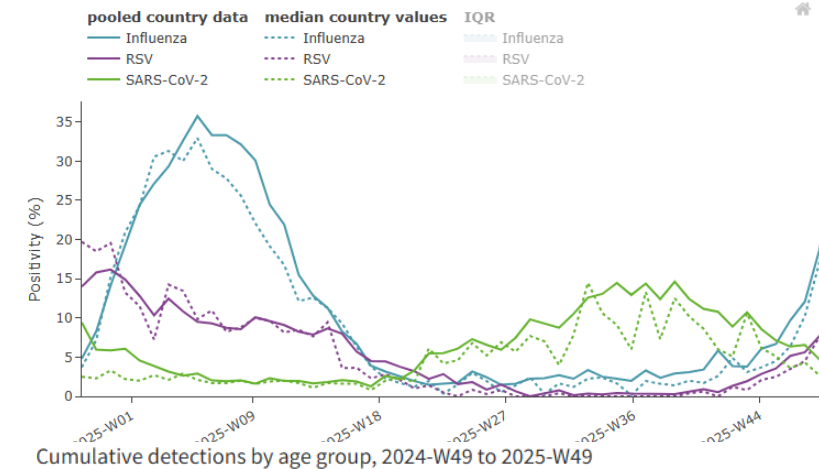
Figure Table



(b)

SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



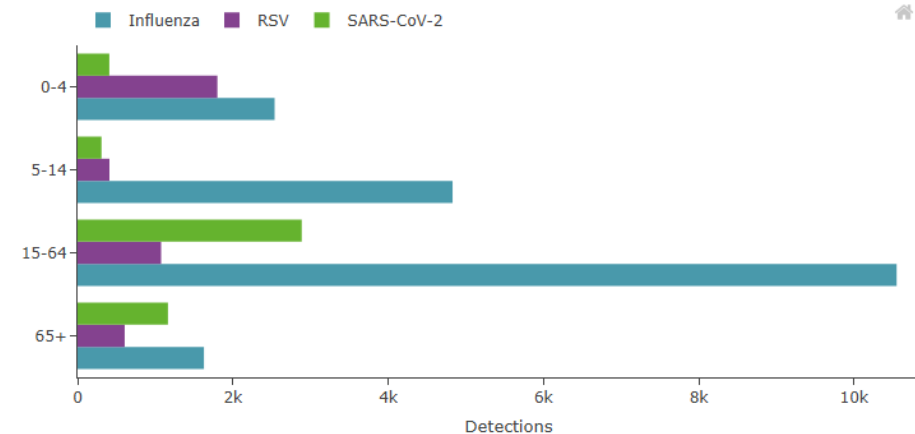
## Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Genetically characterised influenza virus distribution, weeks 40–49, 2025

| Subtype distribution |     |     | Subclade distribution |     |     |
|----------------------|-----|-----|-----------------------|-----|-----|
| Subtype              | N   | %   | Subclade              | N   | %   |
| A(H1)pdm09           | 463 | 60  | 5a.2a.1(D.3.1)        | 456 | 98  |
|                      |     |     | 5a.2a.1(D)            | 5   | 1   |
|                      |     |     | 5a.2a(C.1.9.3)        | 2   | 0.4 |
| A(H3)                | 305 | 40  | 2a.3a.1(K)            | 277 | 91  |
|                      |     |     | 2a.3a.1(J.2)          | 13  | 4   |
|                      |     |     | 2a.3a.1(J.2.4)        | 8   | 3   |
|                      |     |     | 2a.3a.1(J.2.2)        | 7   | 2   |
| B/Vic                | 3   | 0.4 | V1A.3a.2(C.5)         | 1   | 33  |
|                      |     |     | V1A.3a.2(C.5.1)       | 1   | 33  |
|                      |     |     | V1A.3a.2(C.5.6)       | 1   | 33  |

(c)

Detections Proportions



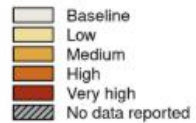
# EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled ve 48. a 49. KT

| Indicator                                  | Syndrome or pathogen | Reporting countries  |                      | EU/EEA summary                                 |                       |
|--------------------------------------------|----------------------|----------------------|----------------------|------------------------------------------------|-----------------------|
|                                            |                      | Week 49              | Week 48              | Description                                    | Value                 |
| ILI/ARI consultation rates in primary care | ARI                  | 16 rates<br>(10 MEM) | 18 rates<br>(12 MEM) | Distribution of country MEM categories         | 7 Baseline            |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 2 Low                 |
|                                            | ILI                  | 19 rates<br>(19 MEM) | 21 rates<br>(21 MEM) |                                                | 1 Medium              |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 8 Baseline            |
| ILI/ARI test positivity in primary care    | Influenza            | 21                   | 22                   | Pooled (median; IQR)                           | 6 Low                 |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 4 Medium              |
|                                            | RSV                  | 20                   | 20                   |                                                | 1 Very high           |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 29%<br>(19; 9.8–32%)  |
| SARI rates in hospitals                    | SARI                 | 10                   | 12                   | –                                              | 3%<br>(2.2; 1–4.7%)   |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 6.2%<br>(10; 1.7–14%) |
|                                            | Influenza            | 8                    | 10                   | Pooled (median; IQR)                           | 27%<br>(17; 9.6–30%)  |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 6.2%<br>(7.3; 5–11%)  |
| SARI test positivity in hospitals          | RSV                  | 8                    | 10                   |                                                | 4.5%<br>(2.7; 0.4–7%) |
|                                            |                      |                      |                      |                                                |                       |
|                                            | SARS-CoV-2           | 7                    | 9                    |                                                |                       |
|                                            |                      |                      |                      |                                                |                       |
| Intensity (country-defined)                | Influenza            | 24                   | 26                   | Distribution of country qualitative categories | 4 Baseline            |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 14 Low                |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 3 Medium              |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 2 High                |
| Geographic spread (country-defined)        | Influenza            | 23                   | 25                   | Distribution of country qualitative categories | 1 Very high           |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 7 Sporadic            |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 2 Regional            |
|                                            |                      |                      |                      |                                                | 14 Widespread         |

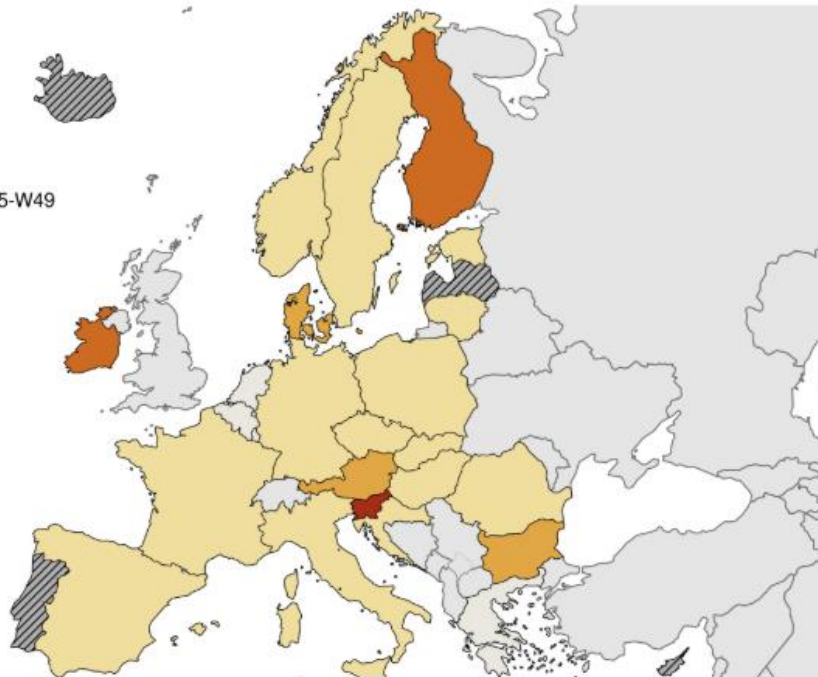
Intensity of influenza activity 2025-W49



Intensity of influenza activity 2025-W49



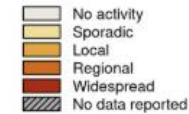
Countries not visible in the main map extent



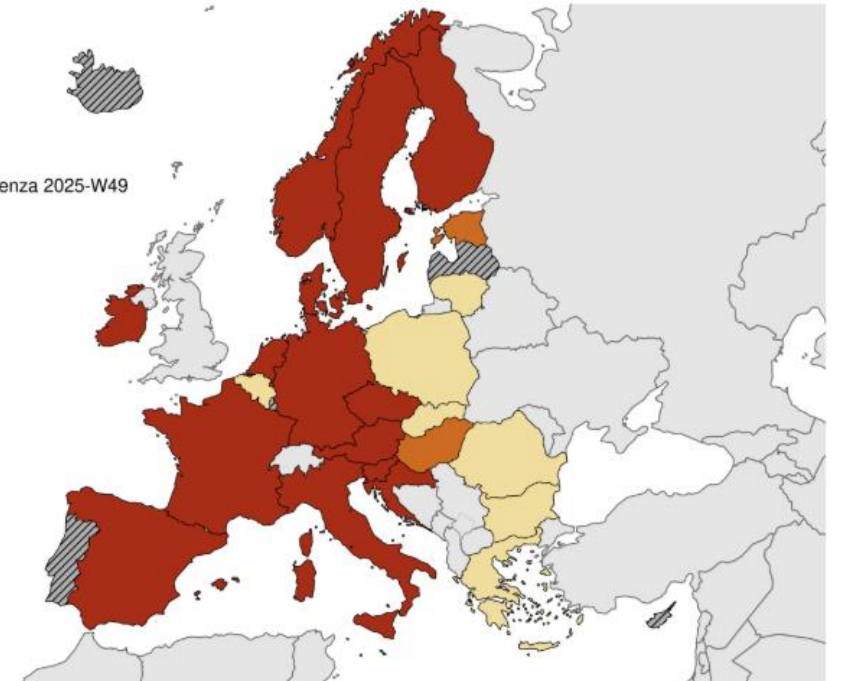
Geographical spread of influenza 2025-W49



Geographical spread of influenza 2025-W49



Countries not visible in the main map extent



Administration boundaries: © EuroGeographics  
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC Map produced on 11 December 2025.



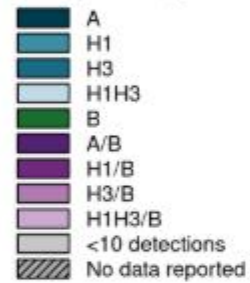


# ECDC dominující subtypy viru chřipky– 49. KT

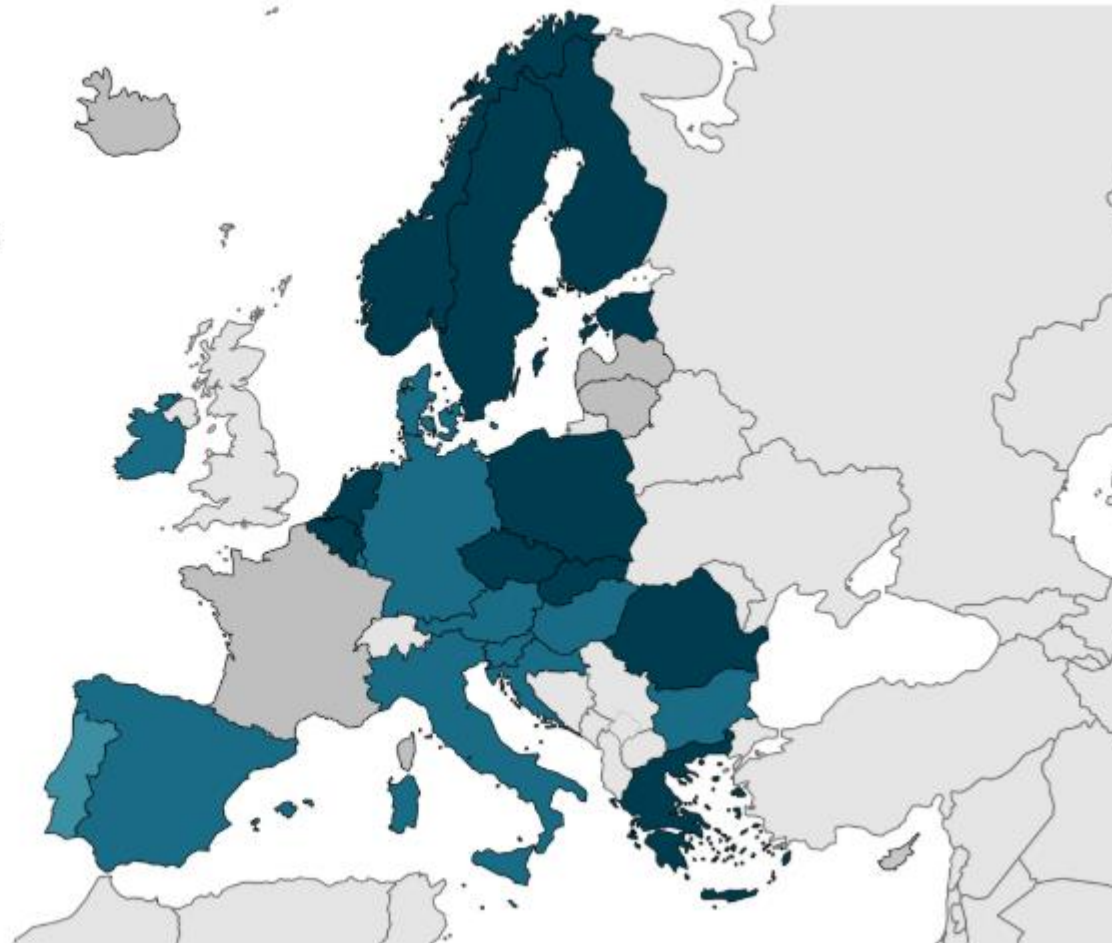
Dominant influenza virus 2025-W49



Dominant influenza virus type,  
subtype/lineage, 2025-W49



Countries not visible  
in the main map extent



Administration boundaries: © EuroGeographics

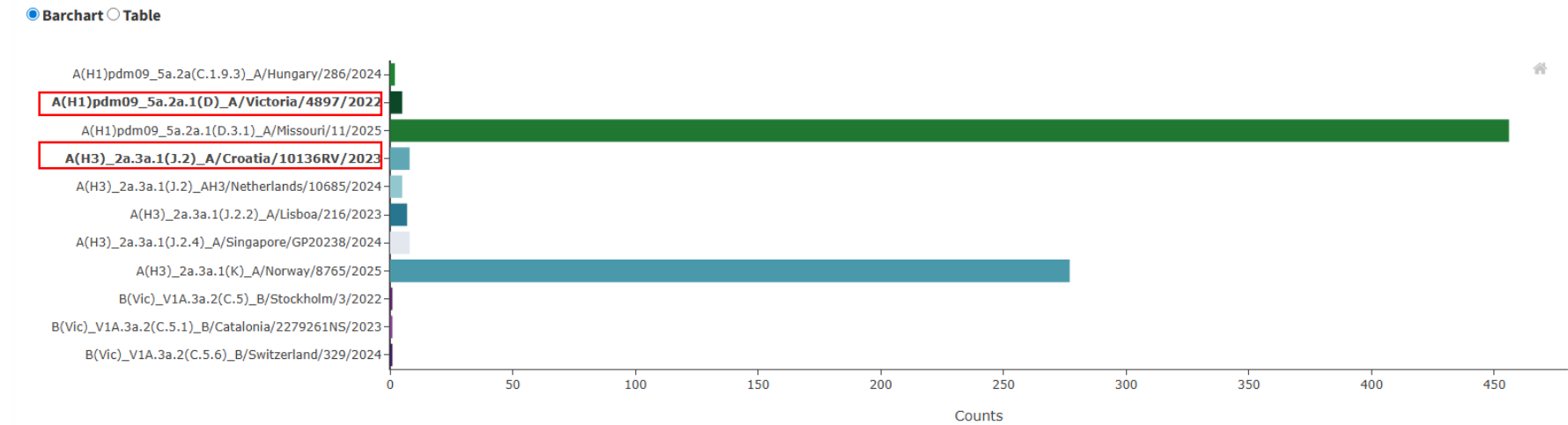
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 11 December 2025.



# ECDC charakteristika subtypů viru chřipky k 15/12/2025

## ČR – charakterizace sekvenovaných virů chřipky

### Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v EU/EHP v sezóně 2025/26



Pozn: červeně označeny vakcinační kmeny

### Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v ČR v sezóně 2025/26

| 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      | 3/4                     | A/Missouri/11/2025           |
| A /H1N1pdm09 | D.3.1    | 5a.2a.1     | 6B.1A.5a.2a.1      | 1/4                     | A/Missouri/11/2025           |
| A /H3N2      | K        | 2a.3a.1     | 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 | 1/1                     | A/Norway/8765/2025           |



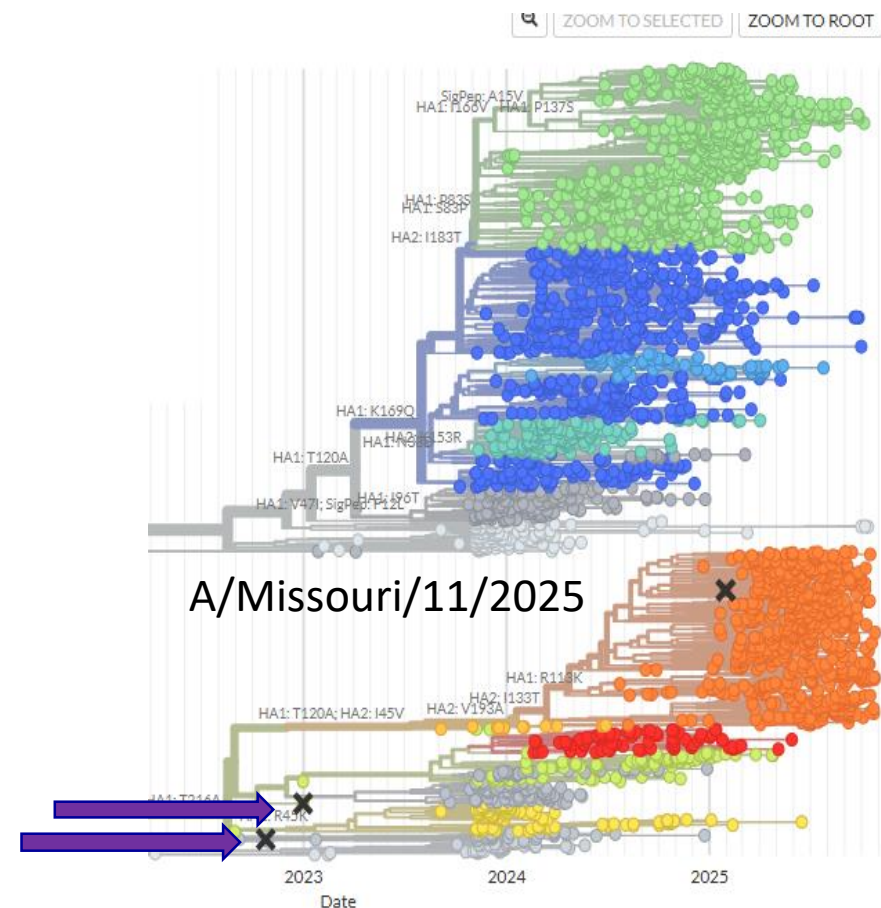
# H1N1pdm – antigenní drift aktuálně sekvenovaných virů chřipky

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



# 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.

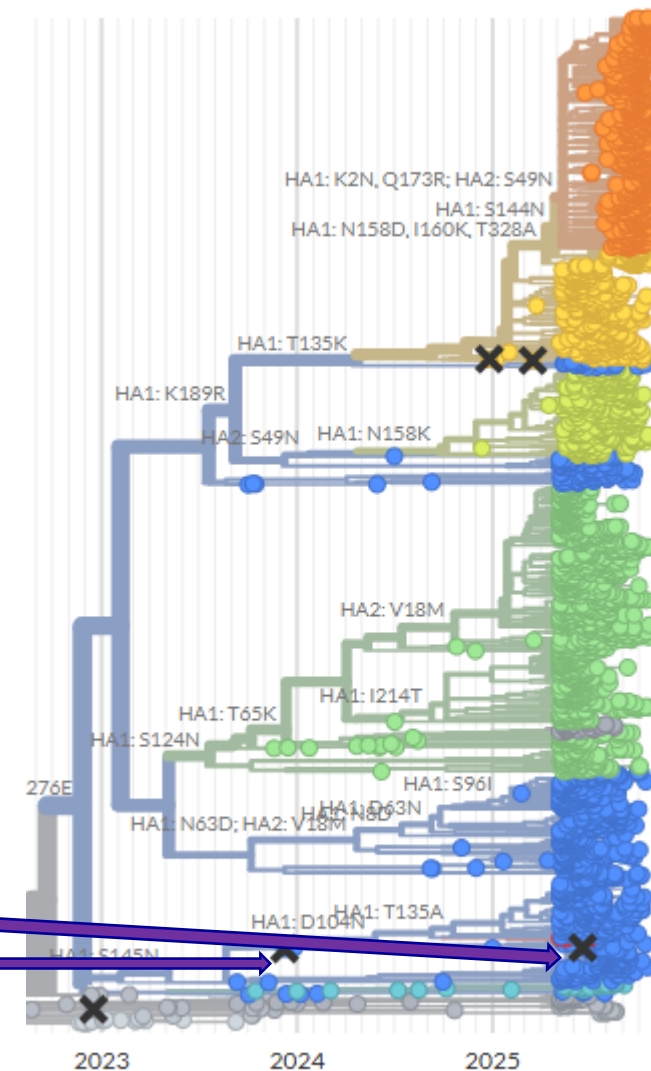
Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Norway like kmenů) od vakcinačního kmene :

- 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



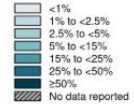
# ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu – 47. a 48. KT

Maps of variant proportions, 2025-W47 to 2025-W48

BA.2.86



Proportion of BA.2.86 (Omicron) among sequenced cases during 2025-W47 to 2025-W48



Countries not visible in the main map extent  
Malta  
Liechtenstein



Administration boundaries: © EuroGeographics  
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 11 December 2025.

## 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              |

Maps of variant proportions, 2025-W47 to 2025-W48

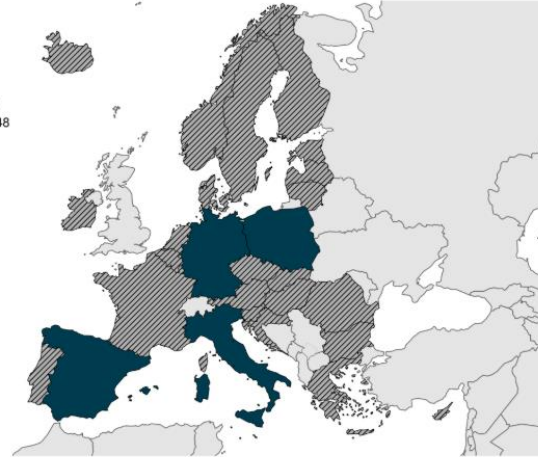
XFG



Proportion of XFG (Omicron) among sequenced cases during 2025-W47 to 2025-W48



Countries not visible in the main map extent  
Malta  
Liechtenstein



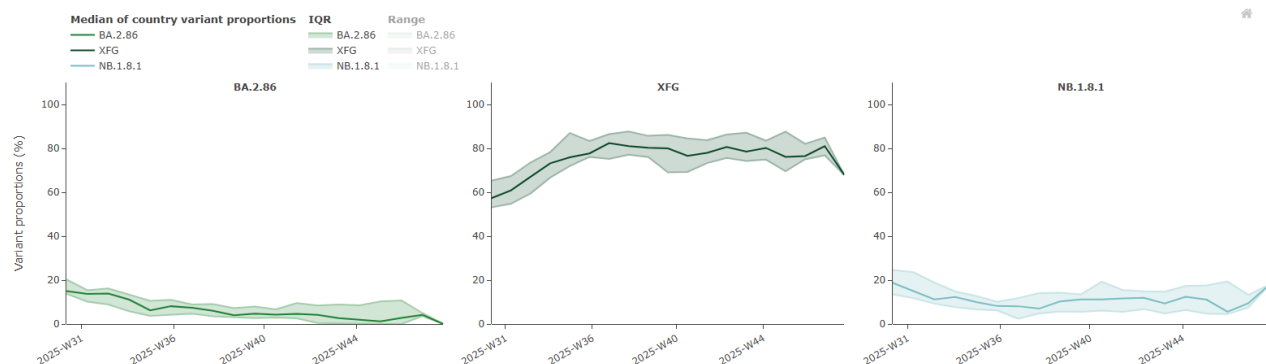
Administration boundaries: © EuroGeographics  
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 11 December 2025.

## 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              |

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

Distribution of 2-weekly country variant proportions



## Souhrnný objem sekvenování

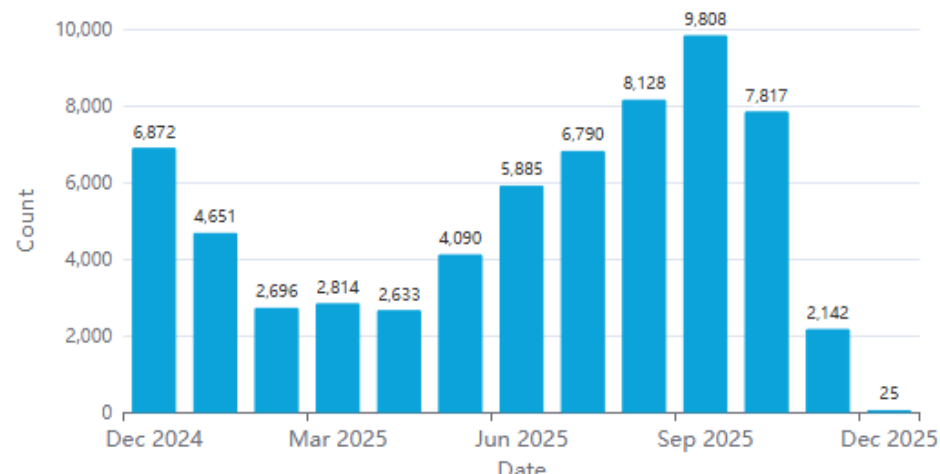
| Country ↕ | Data source ↕ | Sequencing or genotyping volume |                       |
|-----------|---------------|---------------------------------|-----------------------|
|           |               | n ↕                             | Detection threshold ↕ |
| Germany   | GISAID        | 28                              | >15% to 20%           |
| Italy     | GISAID        | 8                               | >30%                  |
| Poland    | GISAID        | 3                               | >30%                  |
| Spain     | GISAID        | 7                               | >30%                  |

## Objem sekvenování v 47. a 48. týdnu

Map of volume of sequencing or genotyping, 2025-W47 to 2025-W48



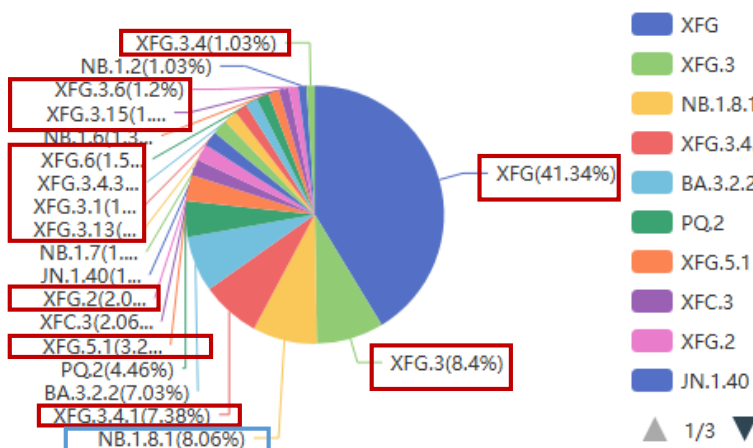
## Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



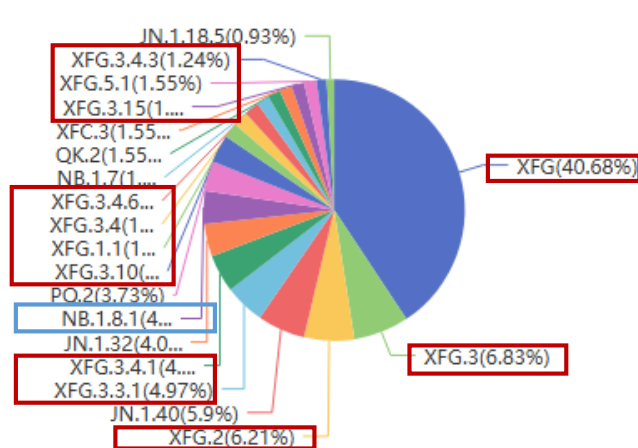


## Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtenějších variant SARS-CoV-2

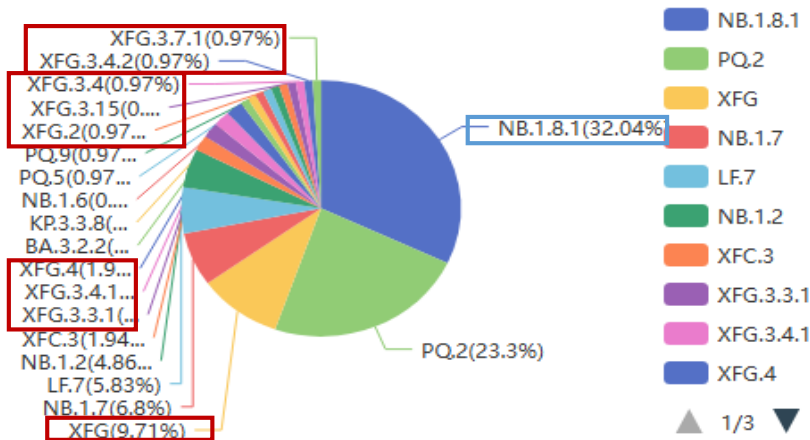
Evropa 15. 11. - 15. 12. 2025



Severní Amerika 15. 11. - 15. 12. 2025

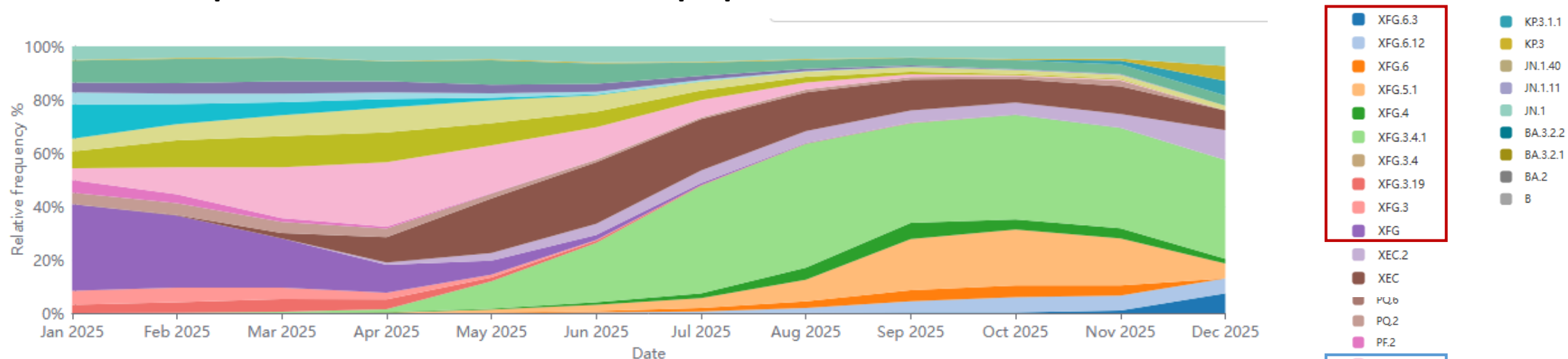


Asie 15. 11. - 15. 12. 2025



| Varianta               | Evropa     | Severní Amerika | Asie       |
|------------------------|------------|-----------------|------------|
| <b>Počet sekvenací</b> | <b>726</b> | <b>401</b>      | <b>106</b> |
| XFG                    | 241        | 131             | 10         |
| XFG.3                  | 49         | 22              | 0          |
| XFG.3.4                | 6          | 6               | 1          |
| XFG.3.4.1.             | 43         | 15              | 2          |
| NB.1.8.1               | 47         | 13              | 33         |
| BA.3.2.2               | 41         | 1               | 1          |
| PQ.2                   | 26         | 12              | 24         |

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



V posledním měsíci v Evropě převládá XFG (241 vzorků), následována XFG.3 (49 vzorků), XFG.3.4 (6 vzorků) a XFG.3.4.1 (43 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

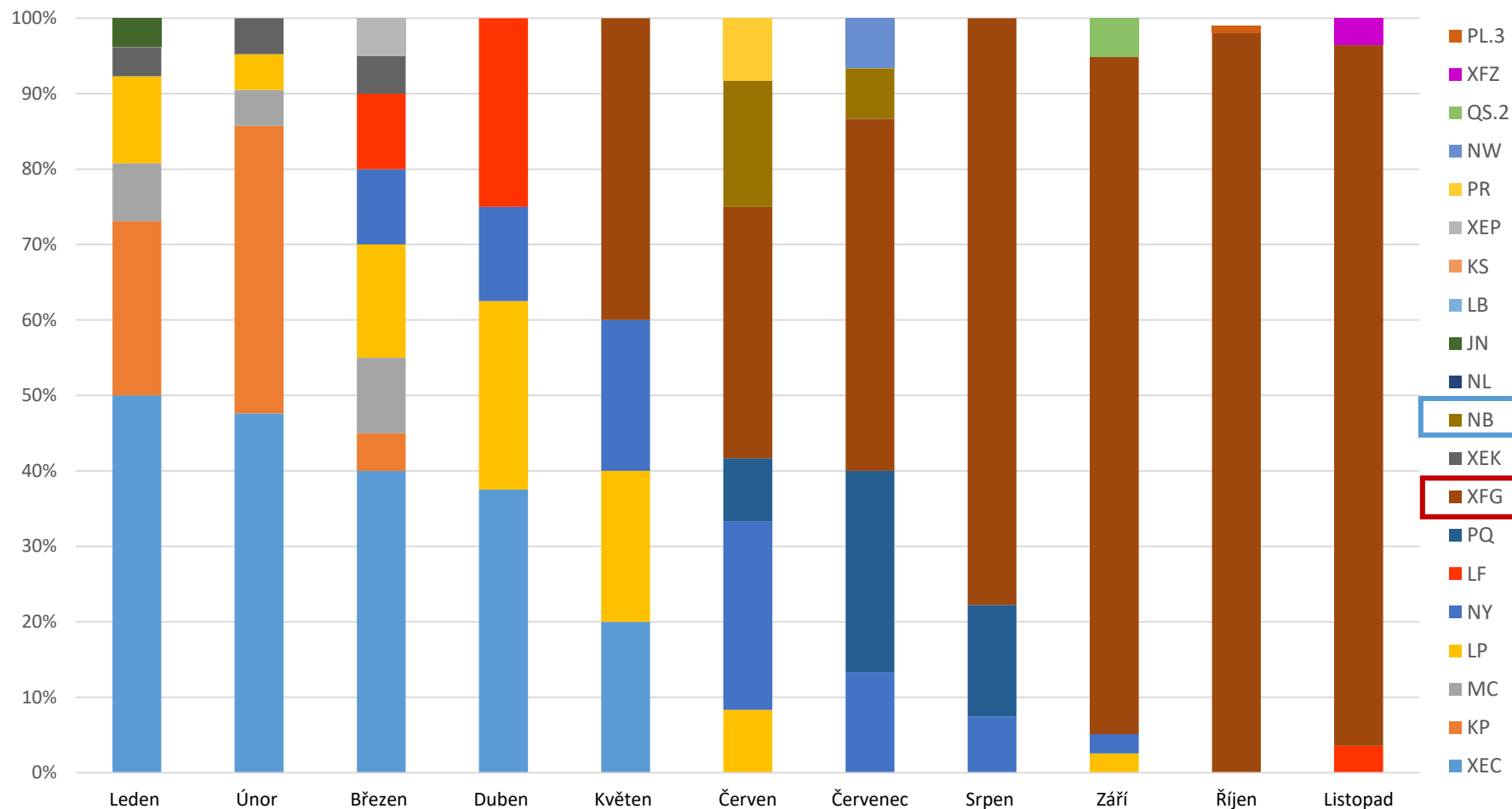
U varianty NB.1.8.1 bylo v posledním měsíci 47 zachycených vzorků. Varianty XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.

V Evropě (Skotsko, Nizozemí, Německo, Dánsko) se šíří varianta BA.3.2.2 (Cikáda), v posledním měsíci bylo do databáze GISAID nahráno 41 zachycených sekvencí. Varianta BA.3.2.x byla v posledních měsících detekována převážně v odpadních vodách a její šíření je očekávané. Tato varianta je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86. V souvislosti s šířením této varianty se v některých zemích objevuje zvýšený počet případů, což by mohlo indikovat nástup již 3. epidemické vlny v tomto roce a 2. podzimní vlny. Varianta dostala jméno Cikáda podle velmi pomalého růstu od vzniku do objevení se.



# Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v ČR v období leden - listopad 2025

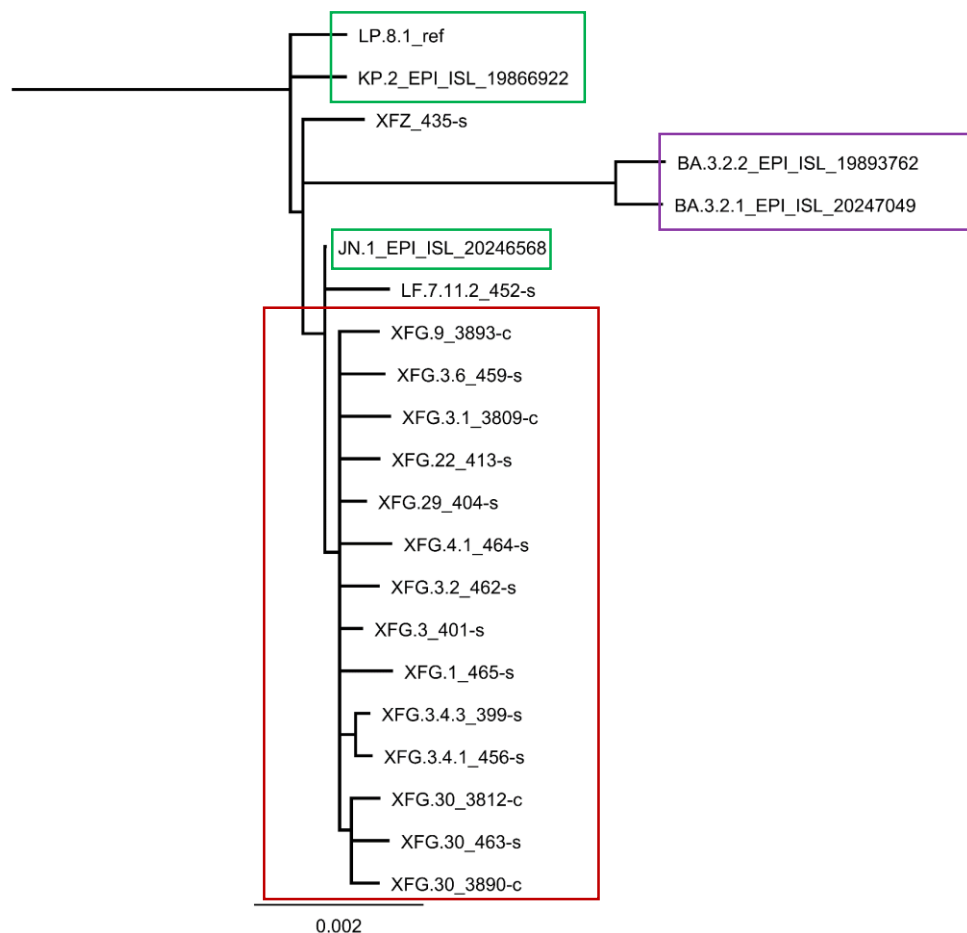
## Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR podle relativní frekvence v čase



Na území ČR byly v období října pouze varianty XFG - Stratus. Tyto varianty jsou sledované podle WHO i ECDC. V současné době se zpracovávají sekvenace s datem odběru listopad).

# Celogenomová fylogenetická analýza variant SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu LP.8.1 (16 vzorků + 3 **vakcinální kmeny** + 2 **referenční sekvence** z GISAID tato data reprezentují varianty BA.3.2.x)

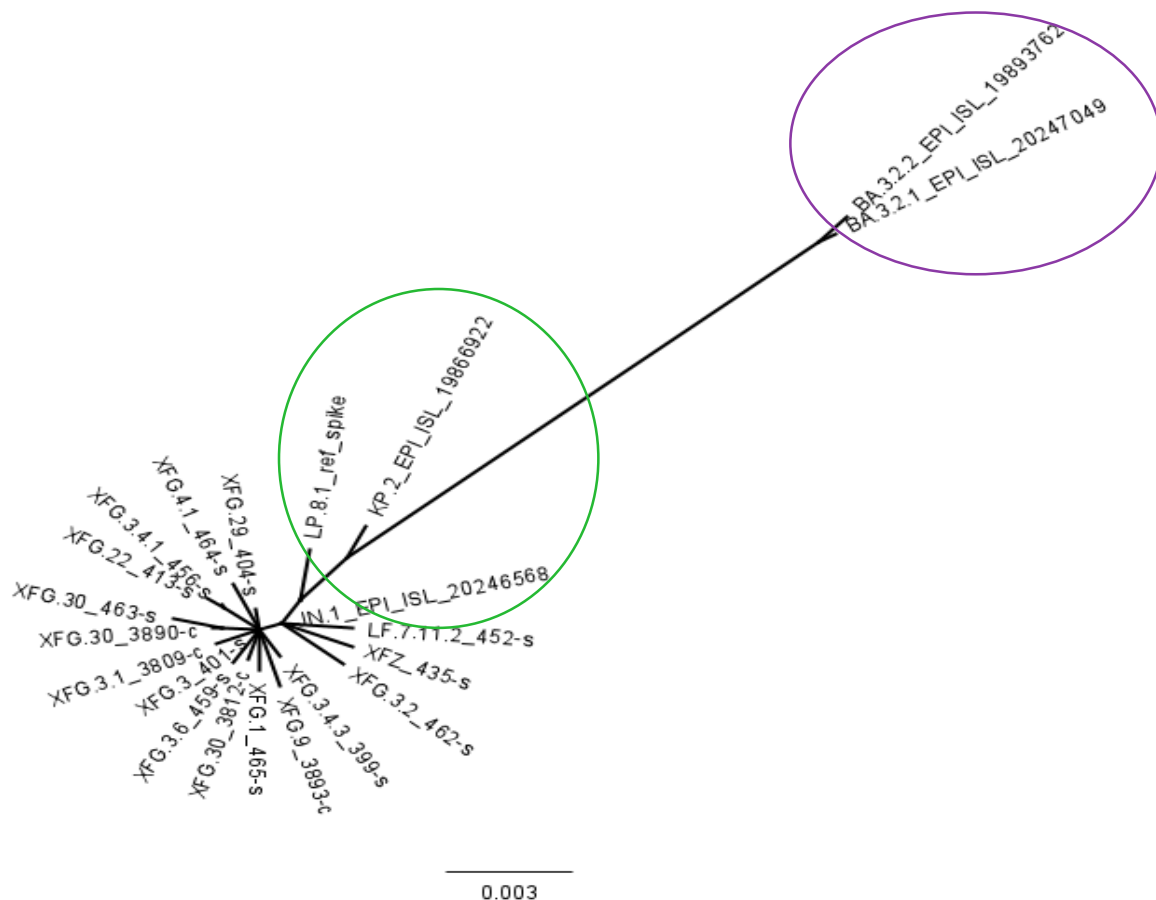


**Data odběru vzorků:**  
11.11. – 22.11. 2025

V listopadu byly v ČR zachyceny převážně varianty XFG, které patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byla detekována varianta LF.7.11.2 a nová rekombinantní varianta XFZ. Dendrogramy zobrazují fylogenetickou podobnost zachycených variant. Vysoký počet mutací mezi jednotlivými liniemi XFG spadá zejména do oblasti strukturálních proteinů. Z linií XFG se nejlépe šíří varianty XFG.3 a její subvarianty (XFG.3.4.1 a XFG.3.4.3), což je v souladu s Evropskými daty (v databázi GISAID). Pro ukázkou evoluční vzdálenosti (počtu mutací) byly do dendrogramu kromě vakcinálních kmenů přidány i varianty BA.3.2.1 a BA.3.2.2 zachycené v Evropě.

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

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93% podobnosti nezakotvená (16 vzorků + 3 **vakcinální kmeny** + 2 **referenční sekvence z GISAID**)



**Data odběru vzorků:**

**2.11. – 22.11. 2025**

V sekvenacích vzorků s datem odběru listopad byly zachyceny převážně varianty XFG.x, které patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Z nezakotveného dendrogramu pro Spike protein je patrné, že varianta XFG tvoří samostatný cluster, který je vzdálený od vakcinálních kmenů, a proto má tato varianta mírné riziko imunitního úniku.

Mimo tyto varianty byla detekována varianta LF.7.11.2 a nová rekombinantní varianta XFZ. Obě tyto varianty ve jsou Spike proteinu fylogeneticky blízké vakcinálním kmenům (mají menší počet mutací než varianty XFG).

Varianty BA.3.2.x kolující v Evropě se výrazně liší i ve Spike proteinu.

- V 50. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 50% hranici. Viry chřipky A představují 64,1% podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme pouze subtyp H3N2. Virus chřipky typu B nebyl prokázán.
- **Od minulého týdne evidujeme tedy téměř 20% nárůst detekcí viru chřipky A.** Virologická data potvrzují, že jsme v epidemii chřipky.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 11,5 %.
- Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 11 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV je nadále nízký (1,9 %).
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 509 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 54 vzorků. V 9 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 45 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3 a lze se domnívat, že letošní epidemie chřipky bude charakterizována dominancí A/H3N2, což odpovídá šíření subklády K.

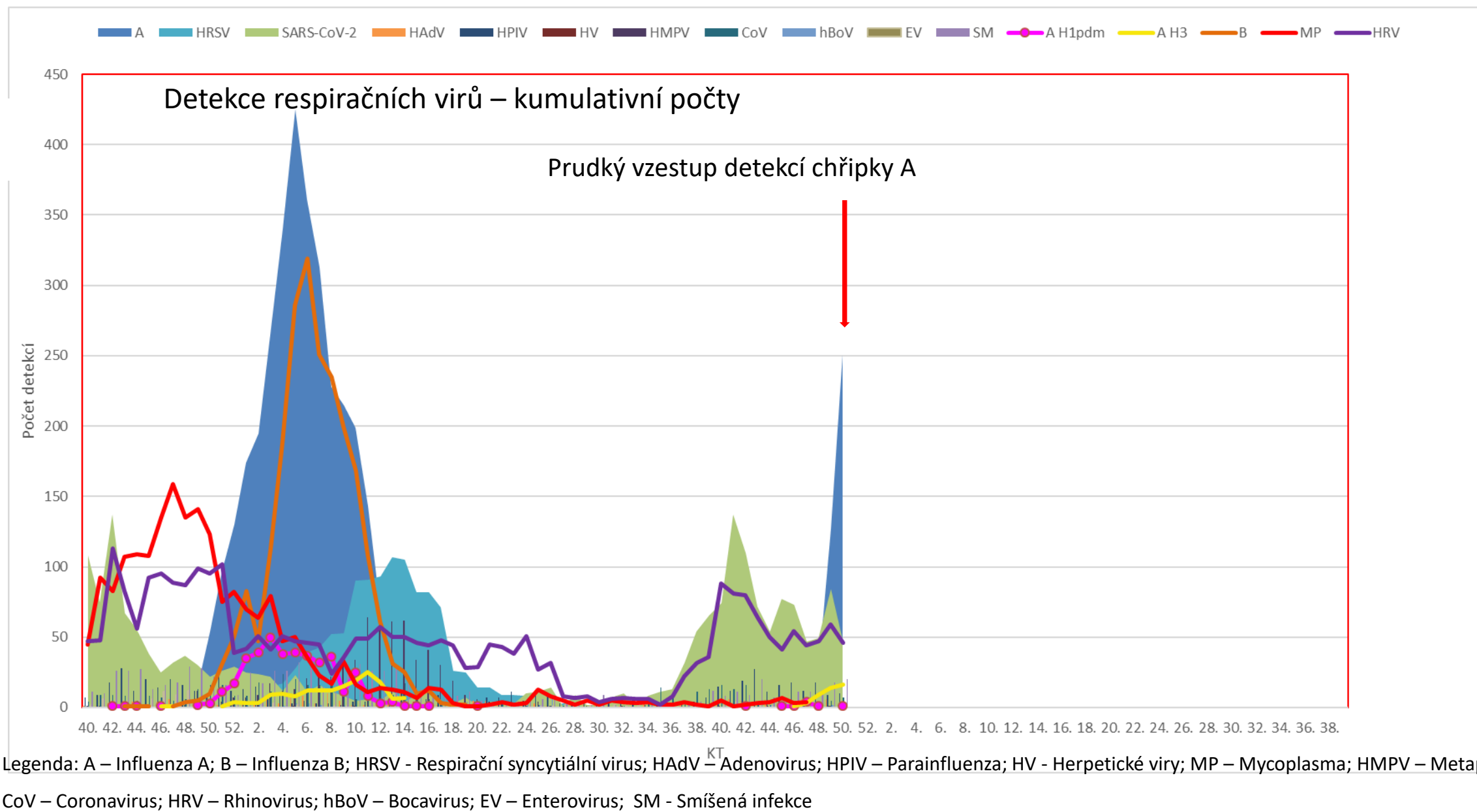
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

## Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

| Kalendářní týden (KT)    |                      | 47. | Podíl | 48.  | Podíl | 49.  | Podíl | 50.  | podíl | Kumulativně od 36.KT |
|--------------------------|----------------------|-----|-------|------|-------|------|-------|------|-------|----------------------|
| Detekce viru             | A                    | 14  | 9,2%  | 26   | 15,4% | 127  | 37,9% | 251  | 60,0% | 455                  |
|                          | A H <sub>1</sub> pdm | 4   | 2,6%  | 1    | 0,6%  |      | 0,0%  | 1    | 0,2%  | 9                    |
|                          | A H <sub>3</sub>     | 3   | 2,0%  | 9    | 5,3%  | 14   | 4,2%  | 16   | 3,8%  | 45                   |
|                          | B                    |     | 0,0%  |      | 0,0%  | 1    | 0,3%  |      | 0,0%  | 2                    |
|                          | HRSV                 | 1   | 0,7%  | 3    | 1,8%  | 8    | 2,4%  | 8    | 1,9%  | 35                   |
|                          | HAdV                 | 6   | 3,9%  | 3    | 1,8%  | 6    | 1,8%  | 2    | 0,5%  | 52                   |
|                          | HPIV                 | 12  | 7,9%  | 18   | 10,7% | 9    | 2,7%  | 10   | 2,4%  | 183                  |
|                          | HV                   | 3   | 2,0%  |      | 0,0%  | 1    | 0,3%  | 2    | 0,5%  | 12                   |
|                          | MP                   | 4   | 2,6%  |      | 0,0%  |      | 0,0%  | 2    | 0,5%  | 40                   |
|                          | HMPV                 |     | 0,0%  |      | 0,0%  | 1    | 0,3%  | 1    | 0,2%  | 4                    |
|                          | CoV                  | 1   | 0,7%  |      | 0,0%  | 5    | 1,5%  | 7    | 1,7%  | 108                  |
|                          | HRV                  | 44  | 28,9% | 47   | 27,8% | 59   | 17,6% | 46   | 11,0% | 752                  |
|                          | hBoV                 |     | 0,0%  |      | 0,0%  | 2    | 0,6%  | 1    | 0,2%  | 10                   |
|                          | EV                   | 2   | 1,3%  | 2    | 1,2%  |      | 0,0%  | 3    | 0,7%  | 24                   |
|                          | SARS-CoV-2           | 47  | 30,9% | 49   | 29,0% | 84   | 25,1% | 48   | 11,5% | 989                  |
|                          | SM                   | 11  | 7,2%  | 11   | 6,5%  | 18   | 5,4%  | 20   | 4,8%  | 151                  |
|                          | pozitivní            | 152 | 15,9% | 169  | 14,1% | 335  | 23,2% | 418  | 26,9% | 2871                 |
|                          | negativní            | 806 |       | 1031 |       | 1108 |       | 1137 |       | 12860                |
| Celkový počet vyšetření: |                      | 958 |       | 1200 |       | 1443 |       | 1555 |       | 15731                |

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

| Kalendářní týden (KT) |                         | 47. | Podíl | 48. | Podíl | 49. | Podíl  | 50. | podíl | Kumulativně od 36.KT |
|-----------------------|-------------------------|-----|-------|-----|-------|-----|--------|-----|-------|----------------------|
|                       | A bez další subtypizace | 21  | 13,8% | 36  | 21,3% | 141 | 42,1%  | 268 | 64,1% | 509                  |
|                       | B                       | 0   | 0,0%  | 0   | 0,0%  | 1   | 0,3%   | 0   | 0,0%  | 2                    |
|                       | Celkem                  | 21  | 0,138 | 36  | 0,213 | 142 | 0,4239 | 268 | 64,1% | 511                  |





V 50. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 50% hranici. Viry chřipky A představují 64,1% podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme pouze subtyp H3N2. Virus chřipky typu B nebyl prokázán.

**Od minulého týdne evidujeme tedy téměř 20% nárůst detekcí viru chřipky A.** Virologická data potvrzují, že jsme v epidemii chřipky.

Od 36. KT bylo zachyceno celkem 509 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 54 vzorků. V 9 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 45 případech subtyp A/H3. Roste především podíl detekcí subtypu A/H3 a lze se domnívat, že letošní epidemie chřipky bude charakterizována dominancí A/H3N2, což odpovídá šíření subklády K. Vzhledem k velkému antigennímu driftu H3N2 lze očekávat, že účinnost vakcíny bude nižší.

H1N1pdm - i v tomto případě pozorujeme majoritní šíření driftované subclade D.3.1, jak v EU/EHP, tak v i ČR. I v tomto případě je negativně ovlivněna účinnost vakcíny.

Přesto je očkování vhodné, a to nejen ve věkové skupině osob starších 65 let. V této souvislosti je třeba připomenout, že vakcína proti chřipce chrání především před těžkým onemocněním vedoucím k hospitalizaci a případně k úmrtí. Chřipka je závažným onemocněním a nelze ji zaměňovat s nachlazením.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 11,5 %.

Podíl pozitivních detekcí RSV je nadále nízký (1,9 %).

Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 11 %.

**Upozornění: v souvislosti s vánočními svátky a koncem roku bude poslední letošní zpráva uveřejněna 22. 12. 2025, další zpráva bude k dispozici 5. 1. 2026**

### EU/EHP 49. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění se zvyšuje. Cirkulace **viru chřipky** nadále roste a většina zemí nyní hlásí rozsáhlou aktivitu s nízkou až střední intenzitou. Chřipka typu A je dominantní ve všech zemích, přičemž A(H3N2) je v posledních týdnech hnací silou rostoucího trendu. Cirkulace je nejvyšší u dětí ve věku 5–14 let. V některých zemích je pozorován nárůst hospitalizací, který postihuje všechny věkové skupiny, ale především dospělé ve věku 65 let a starší. Zpráva ECDC o hodnocení hrozeb, která hodnotí riziko chřipky pro EU/EHP v kontextu rostoucí cirkulace viru A(H3N2) subkladu K, nastiňuje klíčová doporučení, včetně očkování, používání antivirotik, používání roušek ve zdravotnických zařízeních a zařízeních dlouhodobé péče a připravenosti na zdravotní péči. Tato doporučení by měla být pečlivě zvážena a neprodleně provedena vzhledem k současné epidemiologické situaci a blížícímu se svátečnímu období. Viz: Threat Assessment Brief: Assessing the risk of influenza for the EU/EEA in the context of increasing circulation of A(H3N2).

Cirkulace RSV pomalu roste z nízkých úrovní, ačkoli v posledním týdnu byl pozorován mírný pokles. Data z nemocnic ukazují rostoucí počet hospitalizací souvisejících s RSV v několika zemích, zejména u dětí mladších pěti let.

**SARS-CoV-2** nadále cirkuluje, ale ve všech věkových skupinách klesá a dopad na hospitalizace je v současné době omezený. Vzhledem k postupnému nárůstu detekcí nové varianty BA.3.2.2 (Cikáda) nelze předpovědět, že klesající trend bude pokračovat.

**MERS CoV:** Dne 3. prosince 2025 francouzské ministerstvo zdravotnictví oznámilo dva importované případy lidského koronaviru respiračního syndromu (MERS-CoV) z Blízkého východu s cestovní anamnézou na Arabský poloostrov. Oba případy byly součástí stejné skupinové cesty. Země by měly cestovatelům vracejícím se ze všech oblastí postižených virem MERS-CoV doporučit, aby vyhledali lékařskou pomoc, pokud se u nich během dvou týdnů po návratu objeví respirační onemocnění s horečkou a kašlem nebo průjmem, a aby informovali svého poskytovatele zdravotní péče o svém nedávném cestování. Pravděpodobnost trvalého přenosu z člověka na člověka mezi běžnou populací v Evropě zůstává velmi nízká a dopad onemocnění na běžnou populaci je považován za nízký.

**MPOX:** V Británii byl identifikován nový kmen MPXV, jedná se rekombinantu mezi klady Ib a IIb. V současné době nejsou k dispozici žádné veřejné údaje o závažnosti případu, ale je hlášena cestovní anamnéza z Asie. Sekvence je veřejně dostupná v GISAID. <https://virological.org/t/inter-clade-recombinant-mpox-virus-detected-in-england-in-a-traveller-recently-returned-from-asia/1015>

### Epidemiologický souhrn ČR:

V 50. týdnu roku 2025 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1486 na 100 000 obyvatel, což představuje vzestup o téměř 20 % v porovnání s předchozím týdnem. Počty nemocných se zvyšují ve všech krajích a ve všech věkových skupinách, nejvíce u dětí ve věku 6 až 14 let. Aktuálně nejvyšší nemocnost je hlášena z Karlovarského a Jihomoravského kraje.

V kategorii chřipkových onemocnění (ILI) se v ČR nemocnost i nadále výrazně zvyšuje, a to ve všech věkových skupinách. Situaci je možné hodnotit jako regionální chřipkovou epidemii.

Očkování proti chřipce lze nadále doporučit, ale je nutné upozornit na to, že ochrana nastupuje až za 10 - 14 dnů od podání vakcíny. Vzestup nemocnosti akutních respiračních infekcí včetně chřipky lze očekávat i v následujících týdnech.