



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 22/12/2025

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

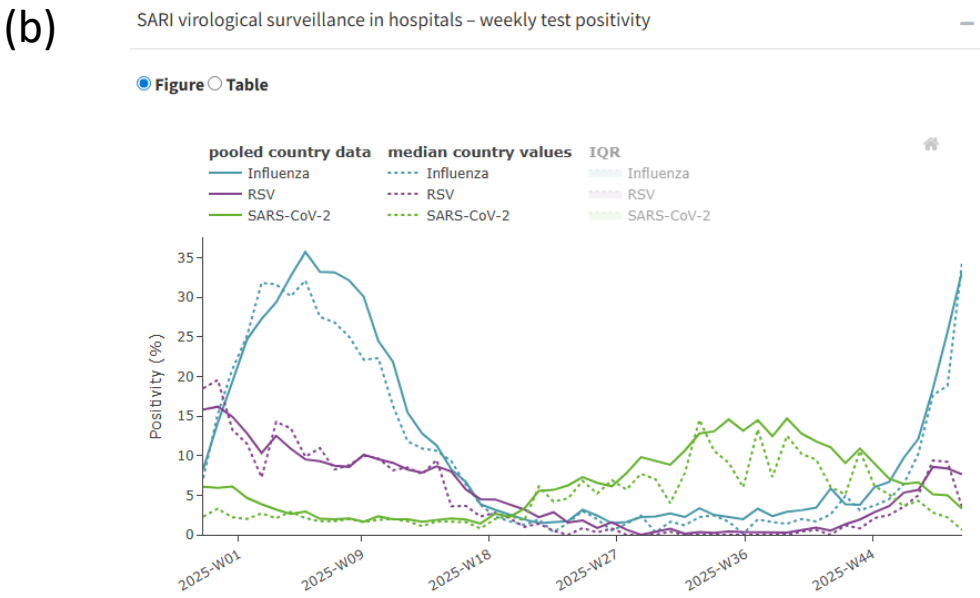
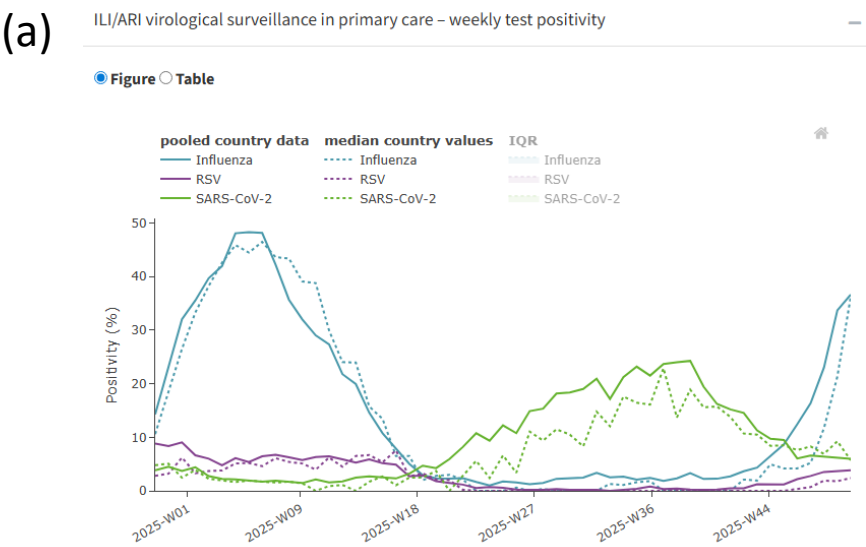
EU/EHP 50. KT

- Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je ve většině zemí zvýšený.
- Cirkulace viru chřipky nadále roste a téměř všechny země hlásí rozsáhlou aktivitu s nízkou až velmi vysokou intenzitou s rostoucím trendem. Chřipka subtypu A/H3N2 je dominantní ve všech zemích, přičemž A(H3N2) je v posledních týdnech hnací silou rostoucího trendu a dominuje ve více než polovině zemí. Cirkulace A(H1N1)pdm09 také roste, ale méně prudce. Chřipka postihuje všechny věkové skupiny, ale nejvyšší je u dětí ve věku 5–14 let. V mnoha zemích je nyní 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 subkladu K viru A(H3N2), 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) se po týdnech stabilního nárůstu ustálila a zůstává na relativně nízkých úrovních, 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. Současná dominance viru chřipky eliminuje šíření nové subvarianty BA.3.2 (Cikáda) a od ní odvozených variant.



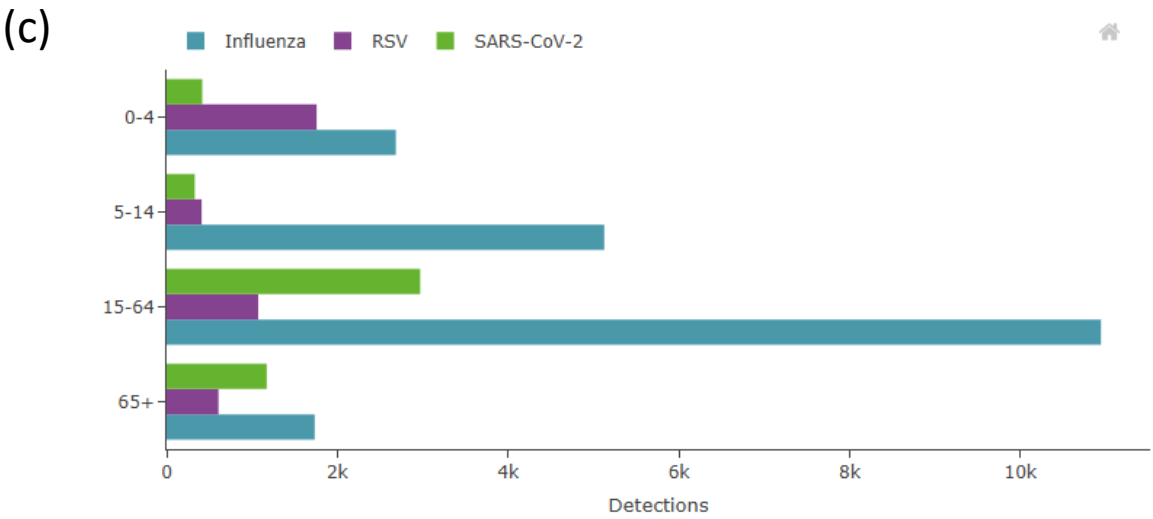
EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 50. KT

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



Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	598	56	5a.2a.1(D.3.1)	590	99
			5a.2a.1(D)	5	0.8
			5a.2a(C.1.9.3)	3	0.5
A(H3)	464	44	2a.3a.1(K)	415	89
			2a.3a.1(J.2)	26	6
			2a.3a.1(J.2.4)	12	3
			2a.3a.1(J.2.2)	11	2
B/Vic	3	0.3	V1A.3a.2(C.5)	1	33
			V1A.3a.2(C.5.1)	1	33
			V1A.3a.2(C.5.6)	1	33

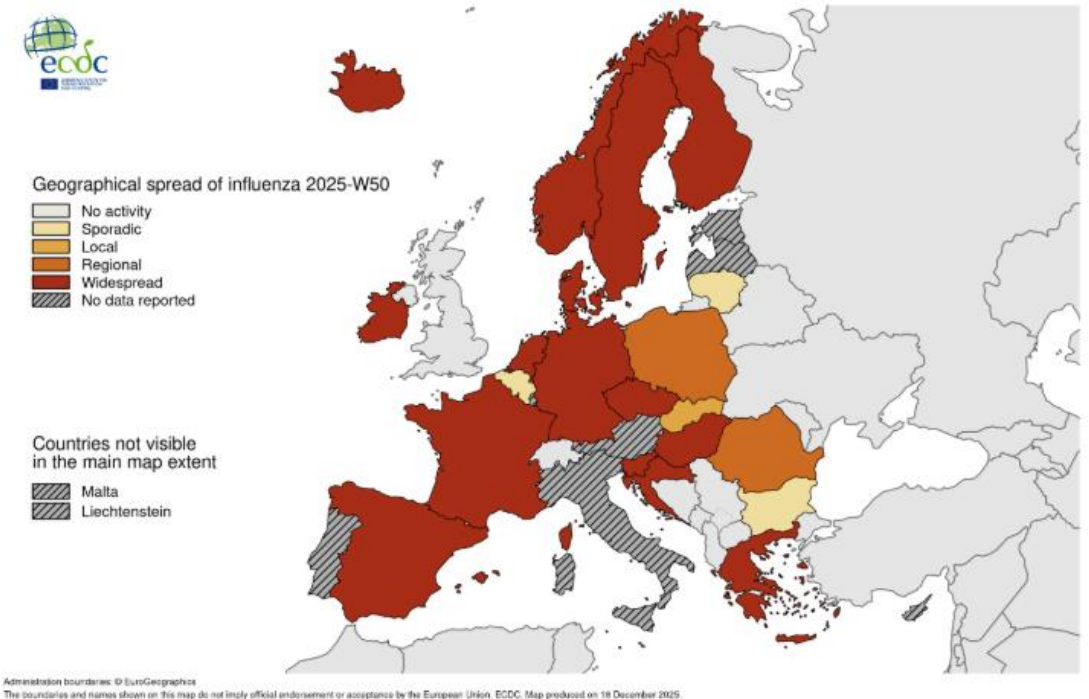
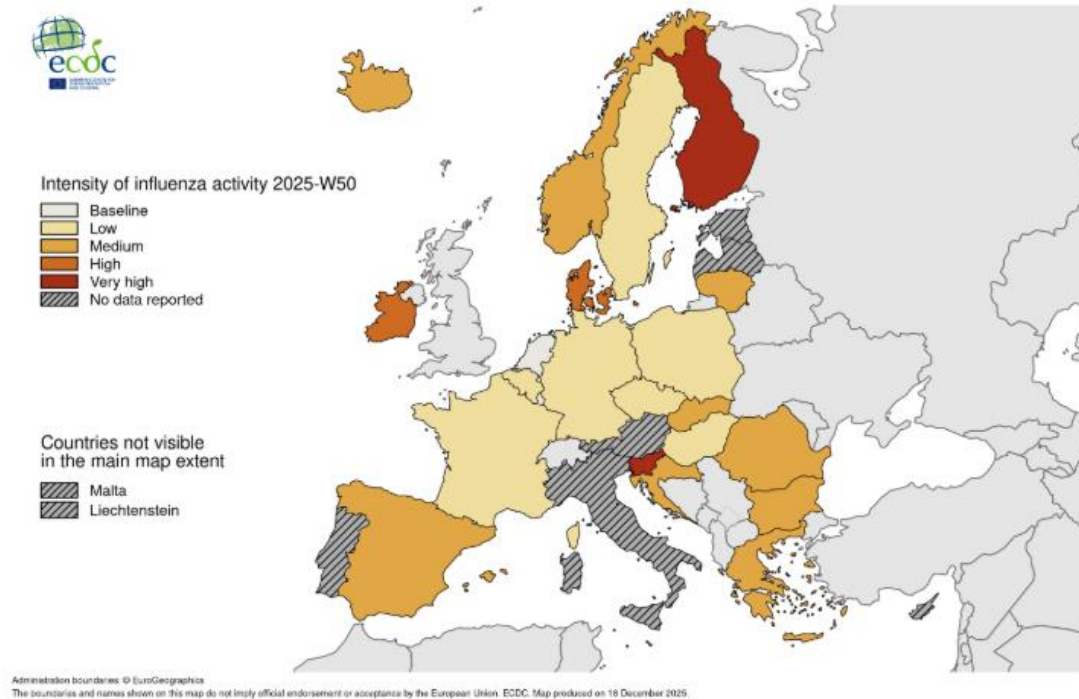


EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled ve 49. a 50. KT

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 50	Week 49	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	15 rates (10 MEM)	17 rates (11 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline
					4 Low
	ILI	18 rates (18 MEM)	20 rates (20 MEM)		2 Medium
					5 Baseline
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	18	22	Pooled (median; IQR)	4 Low
					6 Medium
	RSV	17	21		2 High
					1 Very high
SARI rates in hospitals	SARS-CoV-2	17	20		37%
					(36; 20–40%)
	RSV	17	21		3.8%
					(2.4; 0.7–4.9%)
SARI test positivity in hospitals	Influenza	7	10	Pooled (median; IQR)	6%
					(5.7; 2–11%)
	RSV	7	9		–
					–
SARI rates in hospitals	SARS-CoV-2	6	9		33%
					(34; 26–42%)
	RSV	7	9		7.6%
					(3.5; 2.4–9.2%)
SARI test positivity in hospitals	Influenza	7	10	Pooled (median; IQR)	3.3%
					(0.6; 0–1.4%)
	RSV	7	9		–
					–

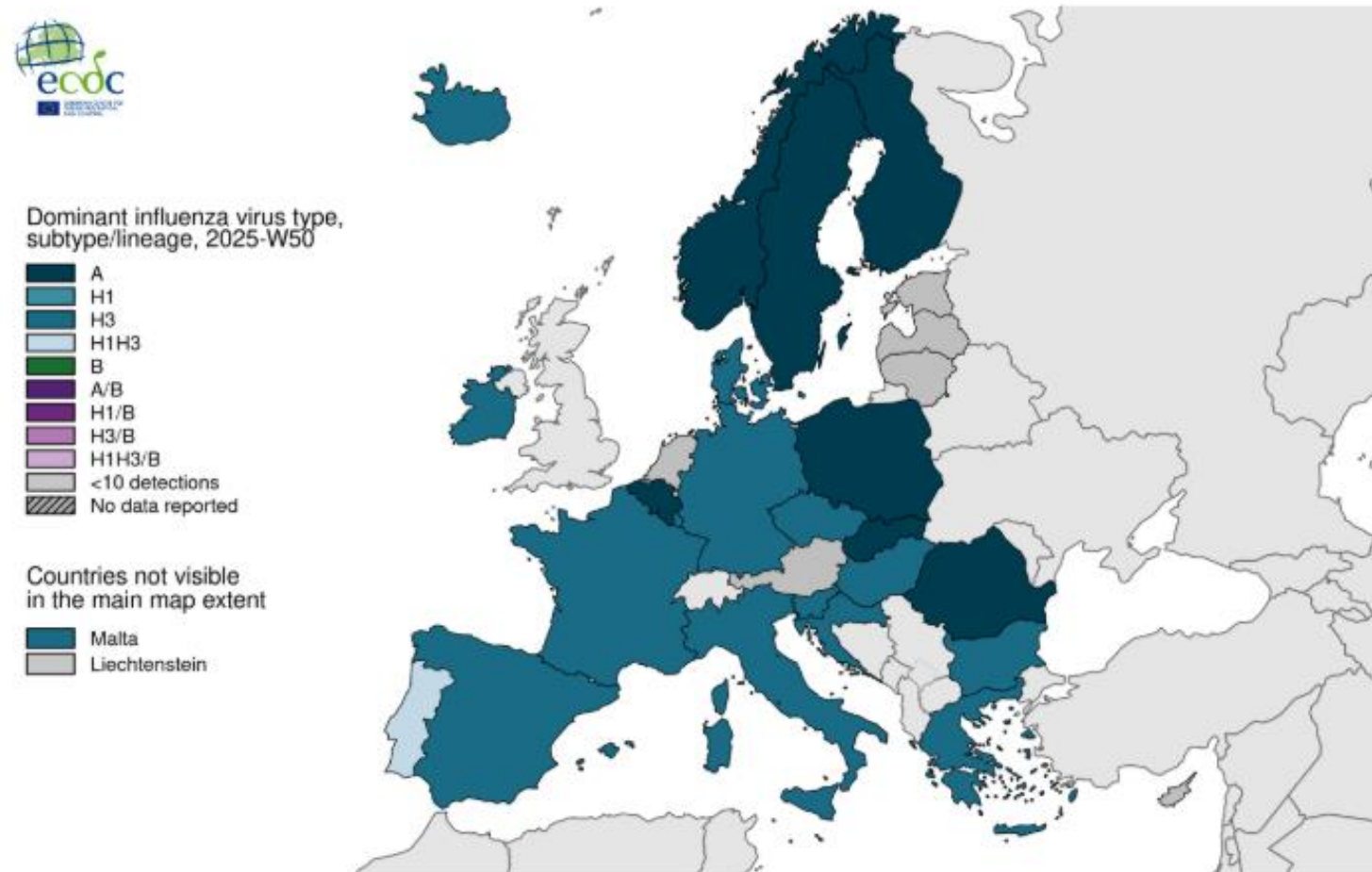
Intensity of influenza activity 2025-W50

Geographical spread of influenza 2025-W50



ECDC dominující subtypy viru chřipky – 50. KT

Dominant influenza virus 2025-W50



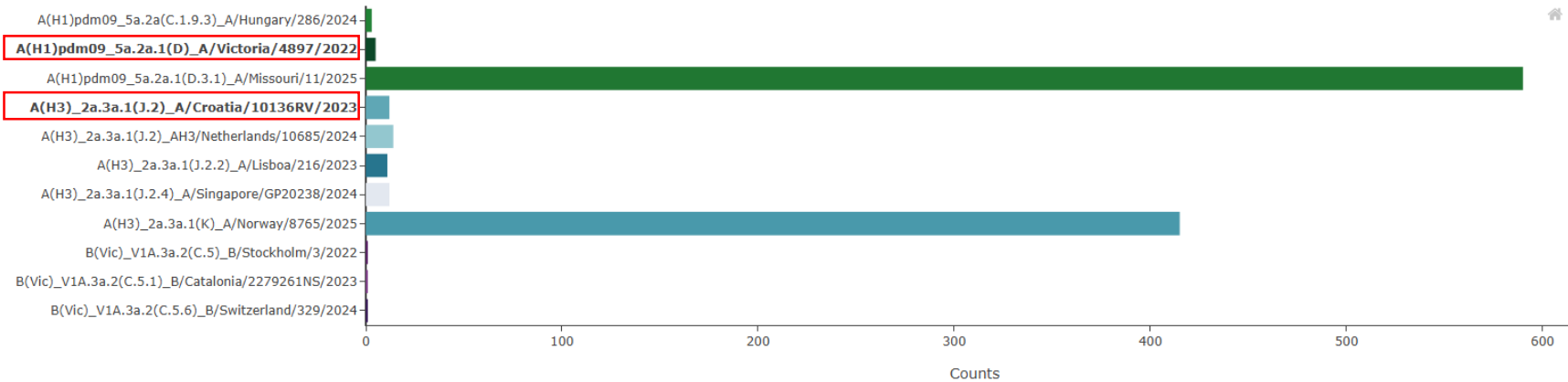
Administrative boundaries: © EuroGeographics
The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 18 December 2025.



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

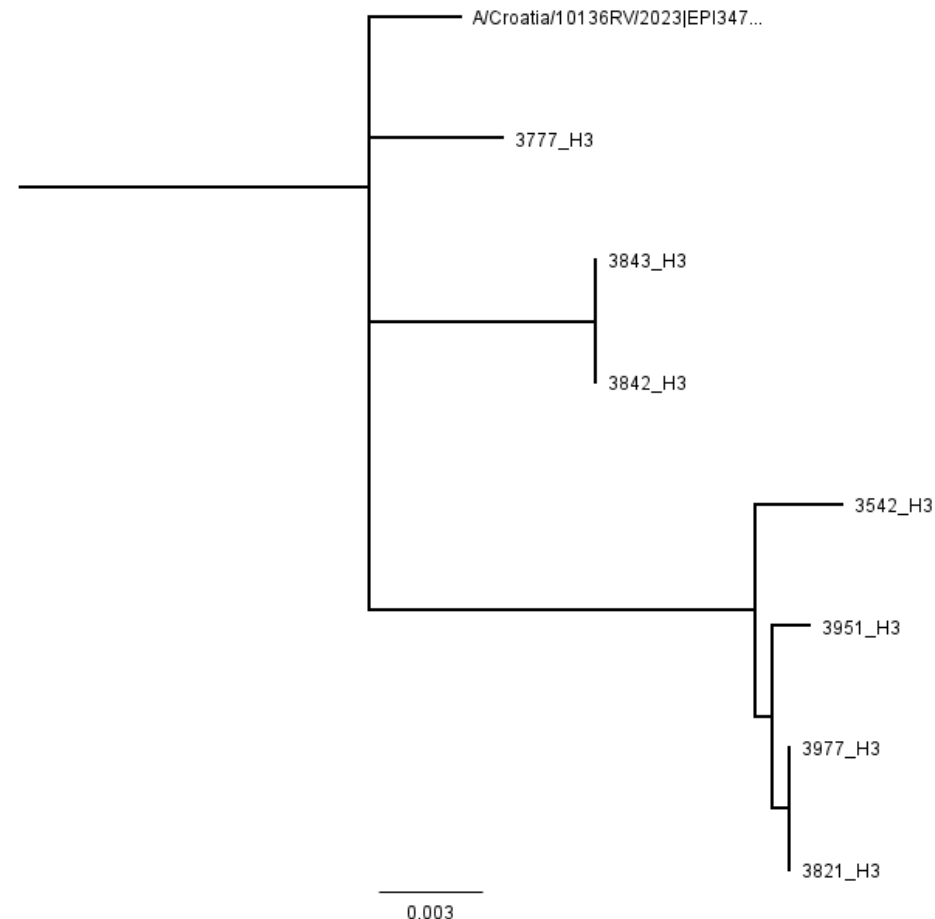
Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v ČR v sezóně 2025/26 (celkem 14 WGS)

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	4/6	A/Missouri/11/2025
A /H1N1pdm09	D.3.1	5a.2a.1	6B.1A.5a.2a.1	2/6	A/Missouri/11/2025
A /H3N2	K	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	5/8	A/Norway/8765/2025
A /H3N2	J.2.1	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2/8	A/District Of Columbia/27/2023
A /H3N2	J.2.2	2a.3a.1	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1/8	A/Lisboa/216/2023

Dendrogram – fylogenetická analýza segmentu HA1 (hemagglutinin) podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H1N1/Victoria/4897/2022 (4 vzorky + 1 vakcinální kmen)

Data odběru vzorků:
1. 9. – 15. 12. 2025

Dendrogram – fylogenetická analýza segmentu HA3 (hemagglutinin) podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu
A/H3N2/Croatia/10136RV/2023 (7 vzorků + 1 vakcinální kmen)



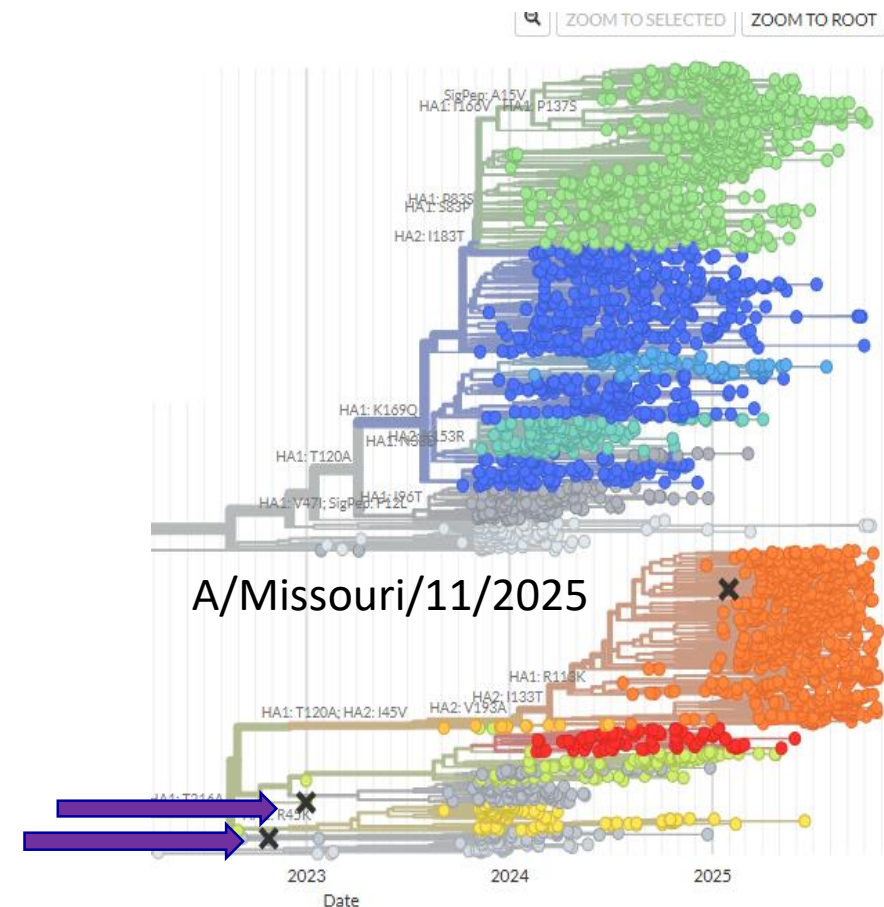
H1N1pdm – antigenní drift aktuálně sekvenovaných virů chřipky

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.

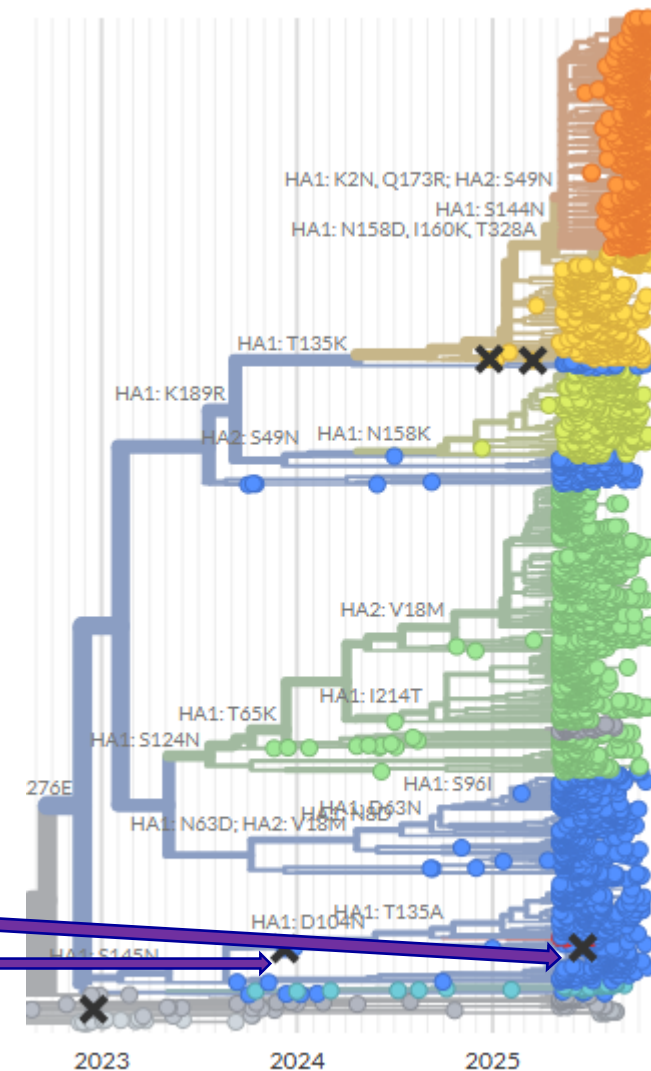
Specifické mutace vedoucí k antigenní odlišnosti subclade K (Norway like kmenů) od vakcinačního kmene :

- 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)

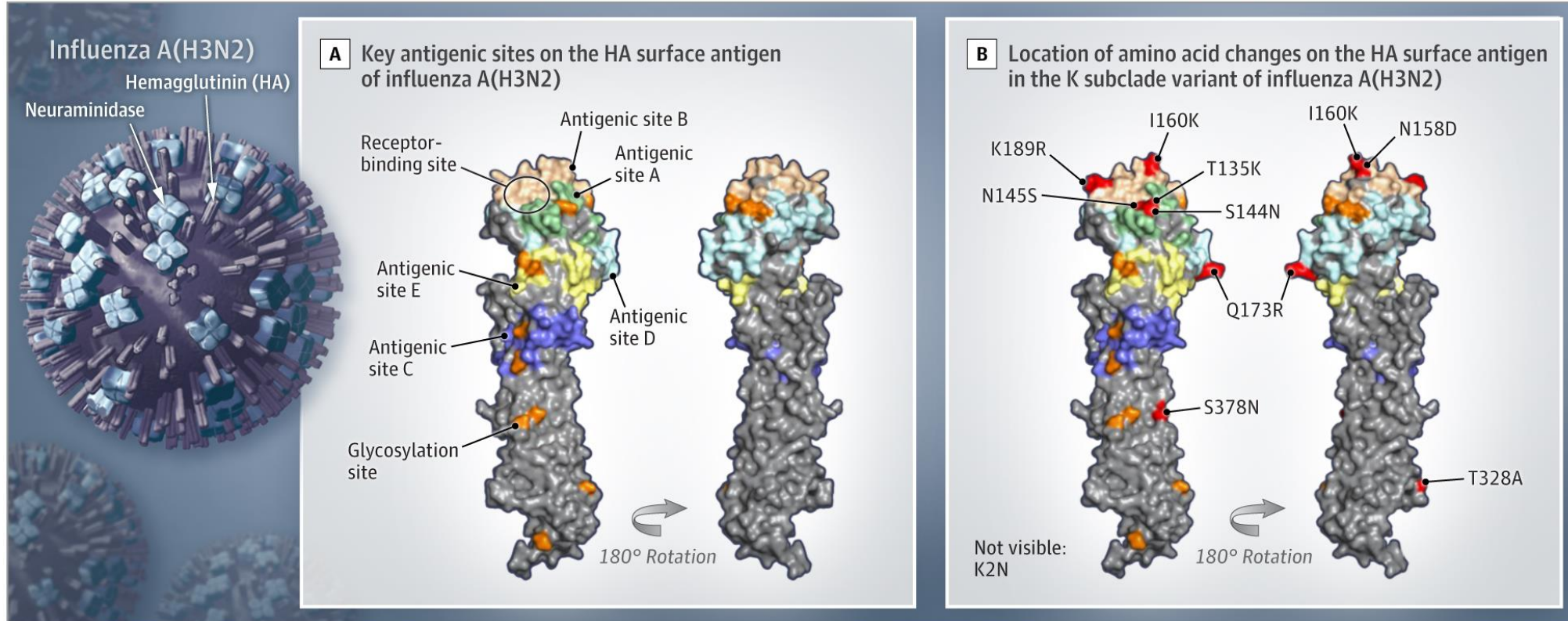
Vakcína proti chřipce A(H3N2) v sezóně 2025/26 na severní polokouli bude mít pravděpodobně nižší účinnost než v předchozích letech, protože dominantní varianta H3N2 (subclade K) obsahuje mutace, které se odlišují od vakcinačního kmene. Odhady účinnosti se pohybují kolem 30–40 % proti symptomatické infekci, 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

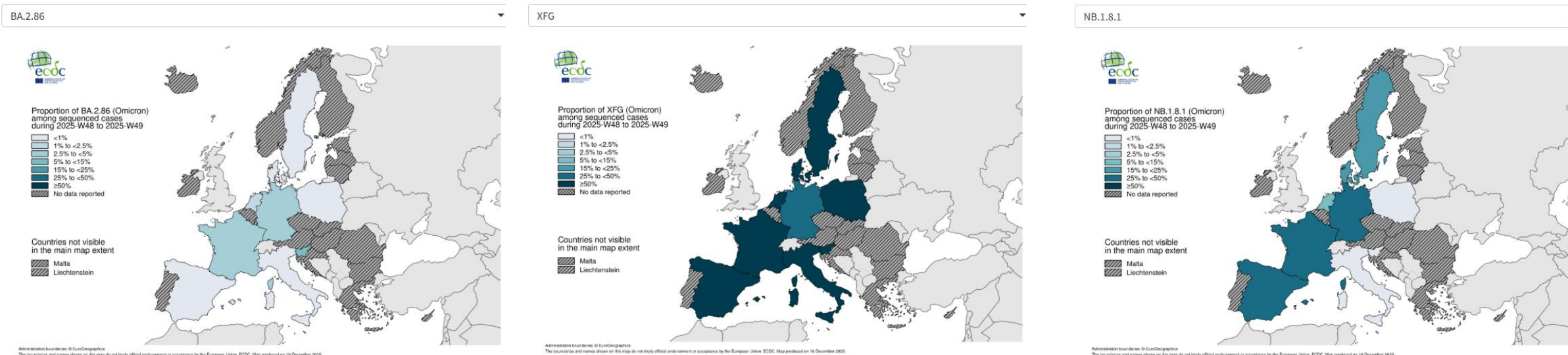


H3N2 – subclade K - strukturální změny v HA ovlivňující escape charakter



Zambon M, Hayden FG. Influenza A(H3N2) Subclade K Virus: Threat and Response. JAMA. Published online December 18, 2025. doi:10.1001/jama.2025.25903

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 48. a 49. týdnu (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



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	Community

GISAID: SARS-CoV-2 charakteristika nově se šířících variant BA.3.2 a BA.3.2 like

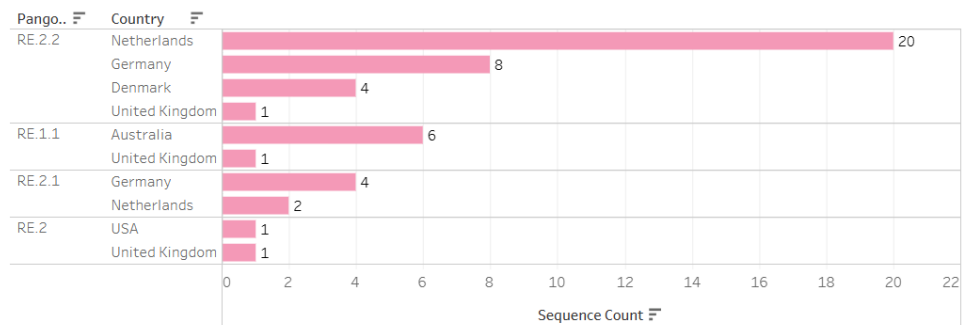
Globálně od října vykazovala BA.3.2.* „Cicada“ růstovou výhodu 4,7 % za den (33 % za týden) oproti XFG. RE.2.2 je

RE.2.2 je nejúspěšnější podlinií BA.3.2.* s růstem 3,3 %. Vykazuje ještě rychlejší růstový náskok o 6,6 % za den (46 % za týden) oproti XFG.* "Stratus".

Z Austrálie se začíná šířit, RE.2.2 (potomek RE.1.1 - rekombinanta BA.3.2.2. a JN.1, M, ORF6 a část orf7a pochází z JN.1.1)

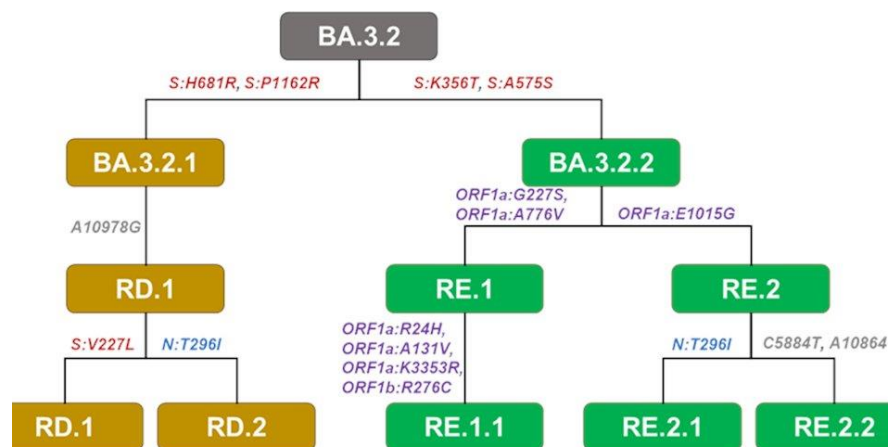


Sequence count - by Country



Link to dashboards: public.tableau.com/app/profile/raj.rajanarayanan | #NYITCOMResearch Report | Sequence data provided on this Viz are subject to GISAID's Terms and Conditions: <https://www.gisaid.org/registration/terms-of-use/> | Summary of PANGO designations: <https://www.pango.network/summary-of-designated-omicron-lineages/> | ^^ Nextclade tool: Aksamentov, I., Roemer, C., Hodcroft, E. B., & Neher, R. A., (2021). Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. Journal of Open Source Software, 6 (7), 3773.

Rozdíly mezi variantami BA.3.2.1 a BA.3.2.2.

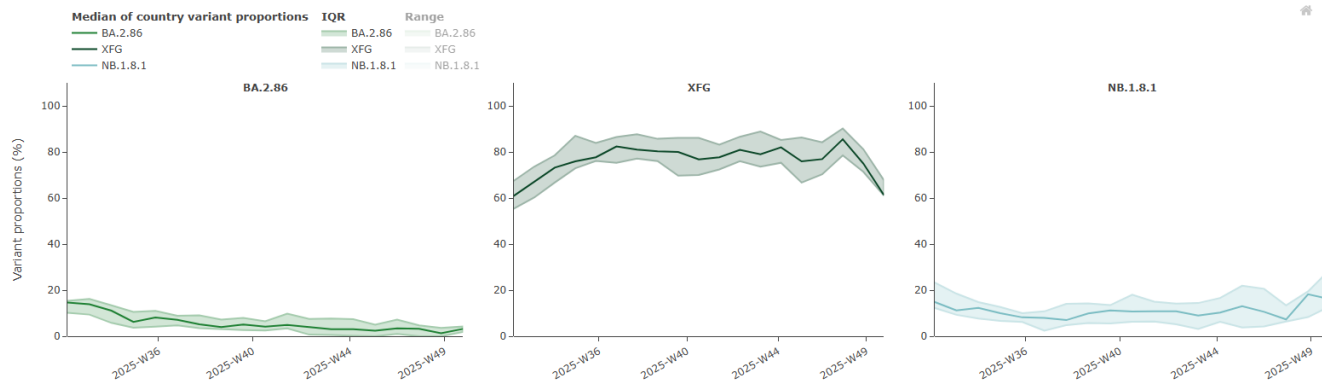


BA.3.2 vykazuje rozsáhlé delece, především je deletován celý ORF a 11 aminokyselin v N terminální oblasti spike

S:N137-, S:D138-, S:P139-, S:F140-, **NTD Deletion**
 S:L141-, S:G142-, S:V143-, S:Y145-, **136 to 147**
 S:H146-, S:K147-, S:N164K, S:S172F,

Zdroj: GISAID, interní data

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

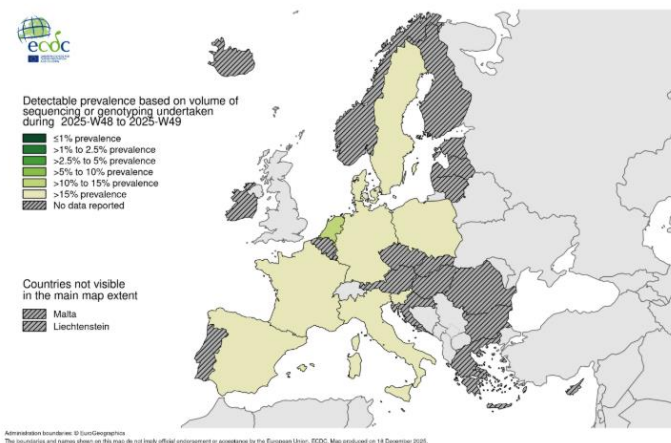


Souhrnný objem sekvenování

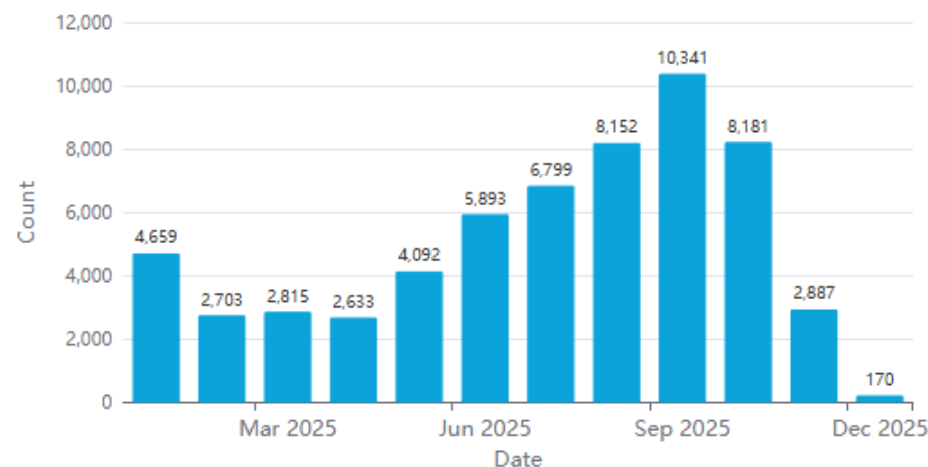
Country ↕	Data source ↕	Sequencing or genotyping volume	
		n ↕	Detection threshold ↕
Denmark	GISAID	31	>15% to 20%
France	GISAID	31	>15% to 20%
Germany	GISAID	24	>20% to 30%
Italy	GISAID	7	>30%
Netherlands	GISAID	54	>10% to 15%
Poland	GISAID	5	>30%
Slovenia	GISAID	15	>30%
Spain	GISAID	9	>30%
Sweden	GISAID	5	>30%

Objem sekvenování v 48. a 49. týdnu

Map of volume of sequencing or genotyping, 2025-W48 to 2025-W49

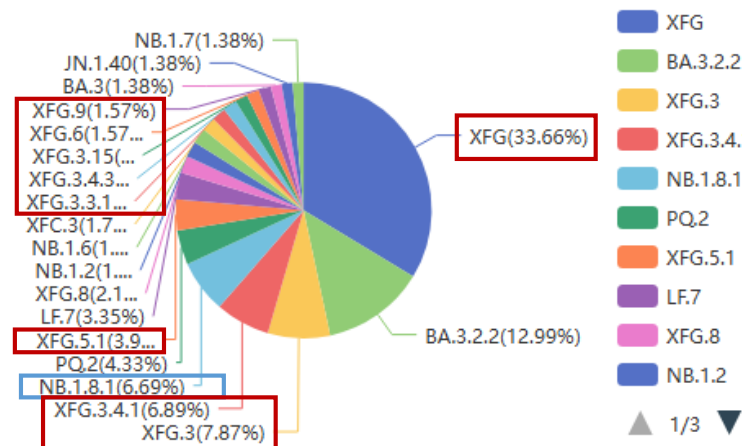


Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

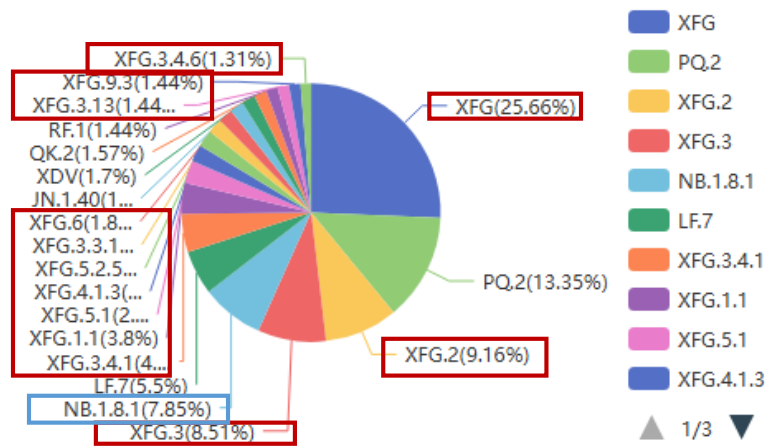


Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtenějších variant SARS-CoV-2

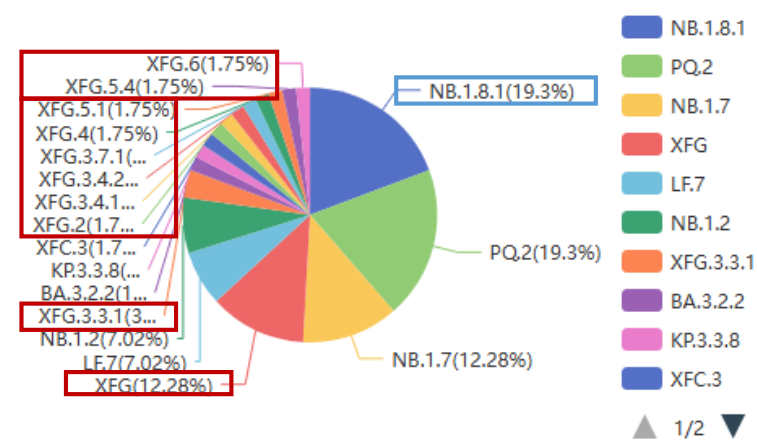
Evropa 22. 11. - 22. 12. 2025



Severní Amerika 22. 11. - 22. 12. 2025



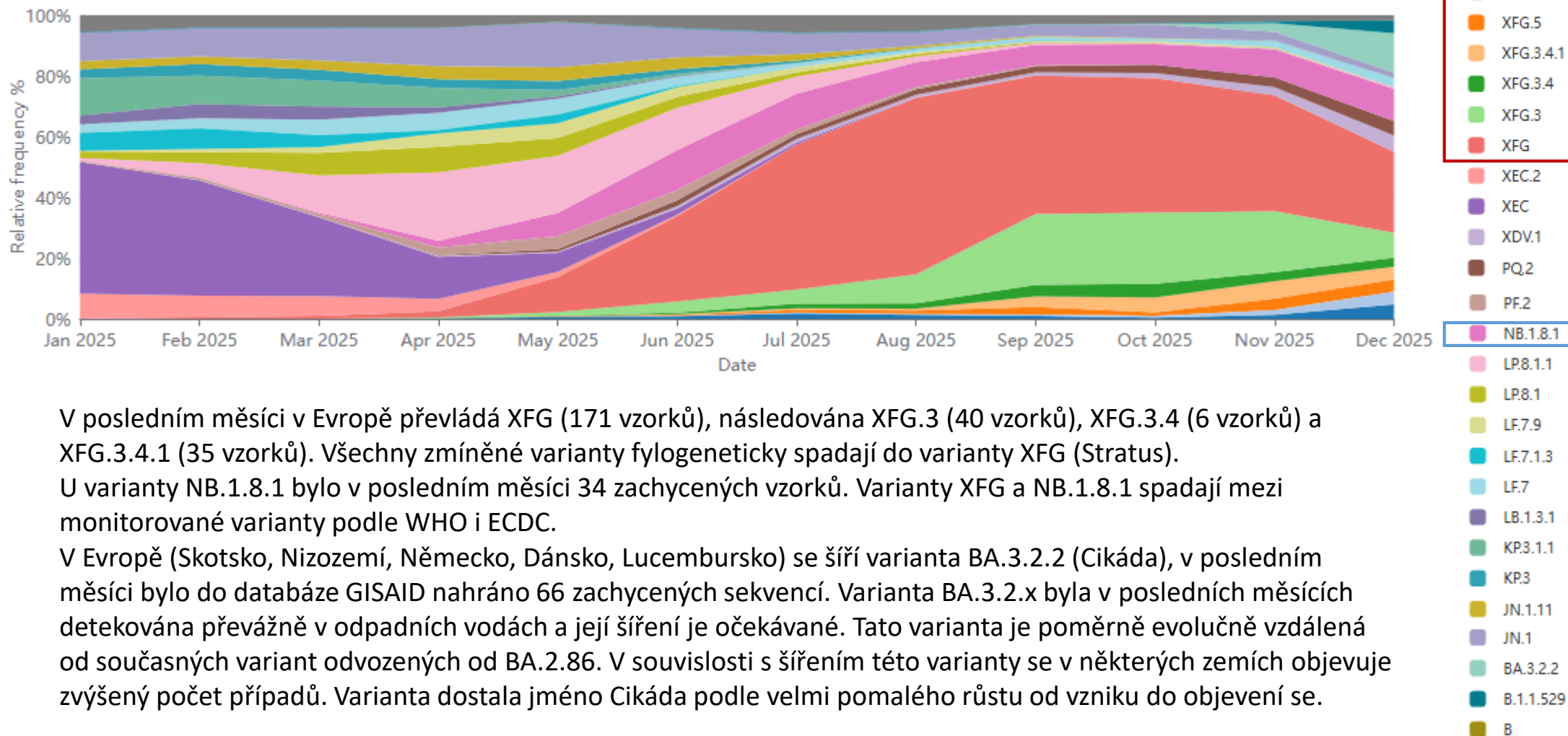
Asie 22. 11. - 22. 12. 2025



Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	699	978	57
XFG	171	196	7
XFG.3	40	65	0
XFG.3.4	6	9	0
XFG.3.4.1.	35	37	1
NB.1.8.1	34	60	11
BA.3.2.2	66	0	1
PQ.2	22	102	11

Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v Evropě, leden - prosinec 2025

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



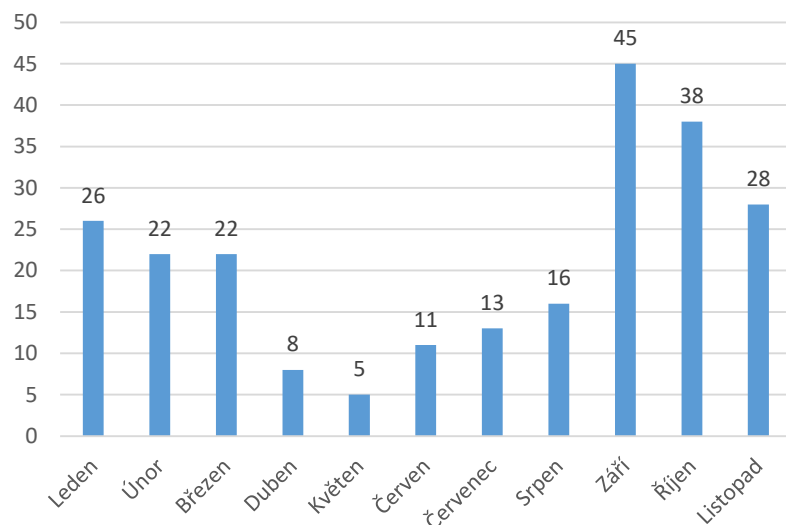
V posledním měsíci v Evropě převládá XFG (171 vzorků), následována XFG.3 (40 vzorků), XFG.3.4 (6 vzorků) a XFG.3.4.1 (35 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

U varianty NB.1.8.1 bylo v posledním měsíci 34 zachycených vzorků. Varianty XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.

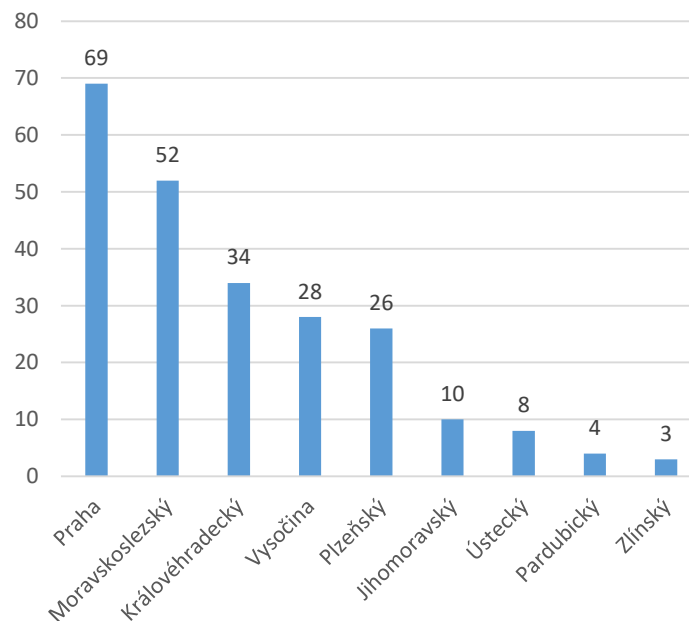
V Evropě (Skotsko, Nizozemí, Německo, Dánsko, Lucembursko) se šíří varianta BA.3.2.2 (Cikáda), v posledním měsíci bylo do databáze GISAID nahráno 66 zachycených sekvencí. Varianta BA.3.2.x byla v posledních měsících detekována převážně v odpadních vodách a její šíření je očekávané. Tato varianta je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86. V souvislosti s šířením této varianty se v některých zemích objevuje zvýšený počet případů. Varianta dostala jméno Cikáda podle velmi pomalého růstu od vzniku do objevení se.

Sekvenační přehled SARS-CoV-2 v ČR v období leden - listopad 2025

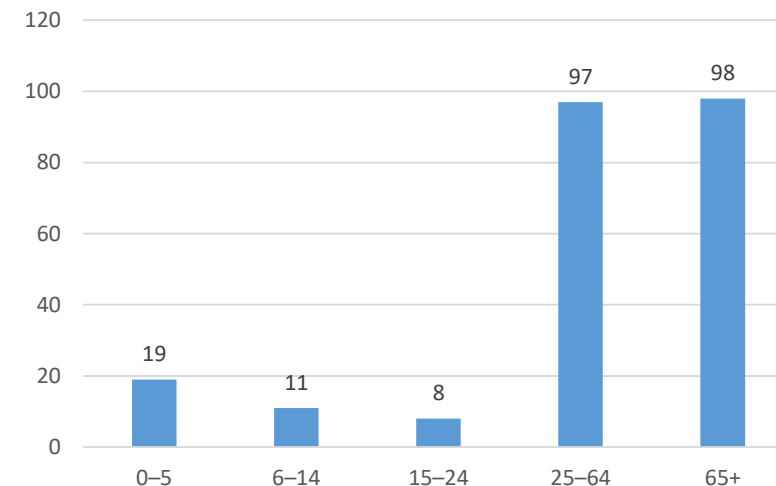
Počty sekvenovaných vzorků SARS-CoV-2 s datem odběru leden- listopad 2025



Zastoupení krajů



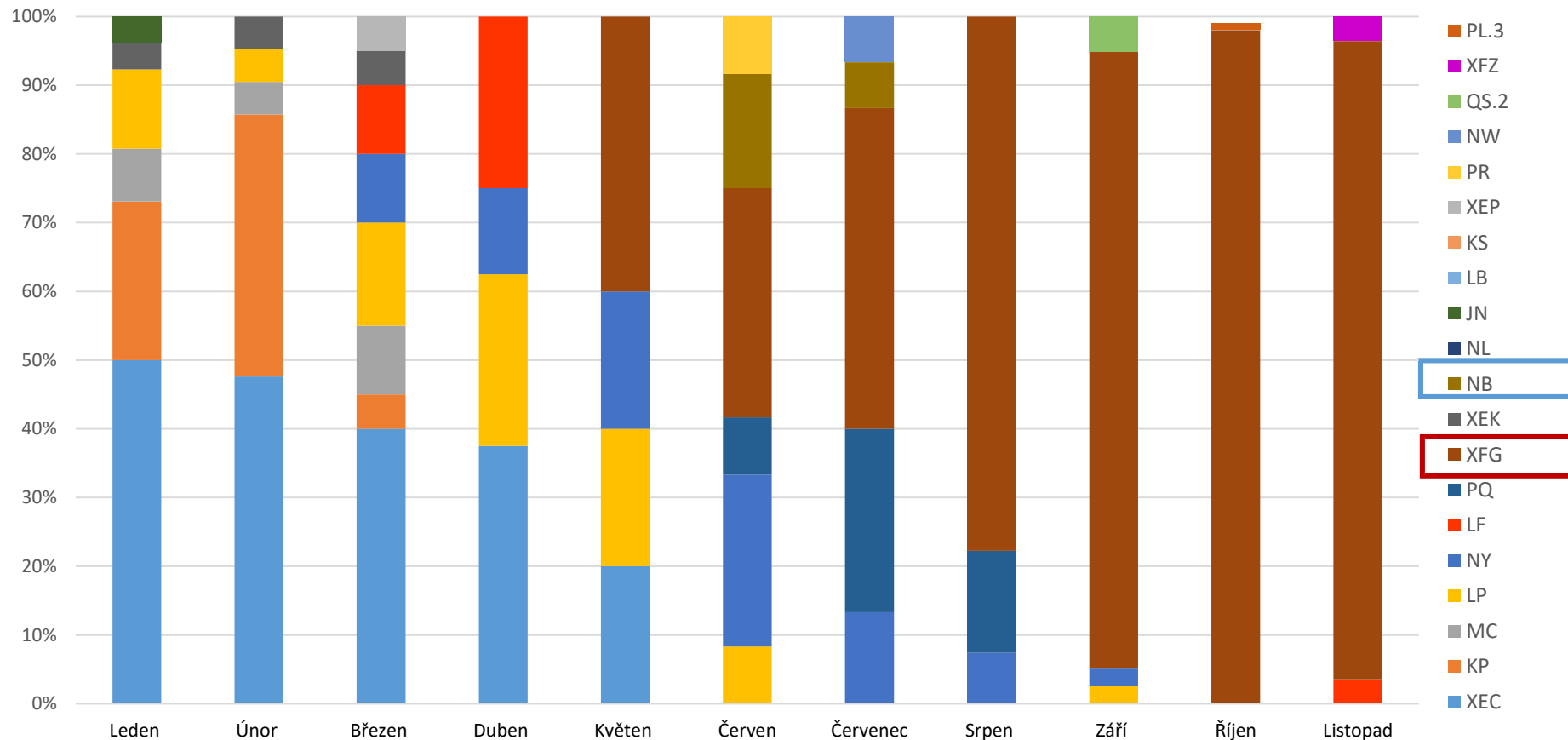
Zastoupení věkových skupin



V ČR bylo v průběhu letošního roku (2025) osekvenováno 234 vzorků SARS-CoV-2. Vzorky s datem odběru prosinec 2025 budou zveřejněny v lednu 2026, vzhledem k posílání vzorků do NRL od jednotlivých pracovišť zpětně. V grafech naleznete celkový počet sekvenací za jednotlivé měsíce, zastoupení jednotlivých krajů a zastoupení věkových skupin pacientů.

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 listopadu detekovány převážně varianty XFG - Stratus. Tyto varianty jsou sledované podle WHO i ECDC. Vyjma těchto variant byla v listopadu zachycena varianta LF.7.11 a rekombinantní varianta XFZ.

- V 51. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 75% hranici. Viry chřipky A představují 77,4 % podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B nebyl prokázán.
- **Od minulého týdne evidujeme tedy téměř 12% nárůst detekcí viru chřipky A.** Virologická data potvrzují, že jsme v epidemii chřipky.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 6,5 %.
- Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 6,5 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV je nadále nízký (2,5 %).
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 870 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 99 vzorků. Ve 12 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 87 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. Dle zatím omezených sekvenačních dat, připadá na subkládu K 63 % sekvencí.

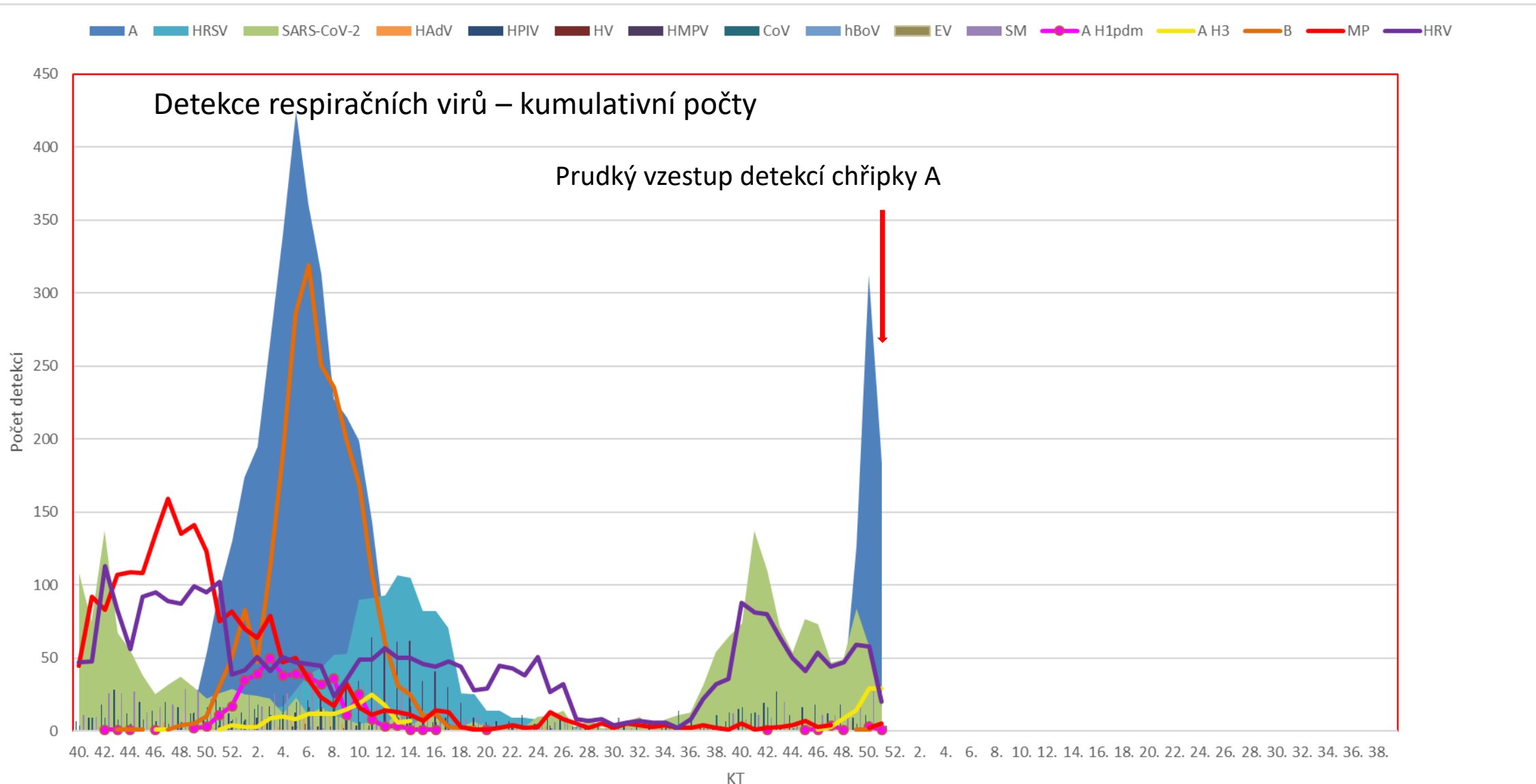
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		48.	Podíl	49	Podíl	50.	Podíl	51.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	26	15,4%	127	37,9%	313	59,1%	254	69,2%	771
	A H ₁ pdm	1	0,6%		0,0%	3	0,6%	1	0,3%	12
	A H ₃	9	5,3%	14	4,2%	29	5,5%	29	7,9%	87
	B		0,0%	1	0,3%	1	0,2%		0,0%	3
	HRSV	3	1,8%	8	2,4%	9	1,7%	9	2,5%	45
	HAdV	3	1,8%	6	1,8%	4	0,8%	4	1,1%	58
	HPIV	18	10,7%	9	2,7%	11	2,1%	7	1,9%	191
	HV		0,0%	1	0,3%	2	0,4%	2	0,5%	14
	MP		0,0%		0,0%	2	0,4%	5	1,4%	45
	HMPV		0,0%	1	0,3%	1	0,2%		0,0%	4
	CoV		0,0%	5	1,5%	7	1,3%	3	0,8%	111
	HRV	47	27,8%	59	17,6%	58	10,9%	24	6,5%	788
	hBoV		0,0%	2	0,6%	1	0,2%		0,0%	10
	EV	2	1,2%		0,0%	3	0,6%		0,0%	24
	SARS-CoV-2	49	29,0%	84	25,1%	59	11,1%	24	6,5%	1024
	SM	11	6,5%	18	5,4%	27	5,1%	5	1,4%	163
	pozitivní	169	14,1%	335	23,2%	530	28,0%	367	28,7%	3350
	negativní	1031		1108		1361		913		13997
Celkový počet vyšetření:		1200		1443		1891		1280		17347

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		48	Podíl	49	Podíl	50	Podíl	51	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	36	21,3%	141	42,1%	345	65,1%	284	77,4%	870
	B	0	0,0%	1	0,3%	1	0,2%	0	0,0%	2
	Celkem	36	0,213	142	0,424	346	0,6528	284	77,4%	872



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:

V 51. KT překročil podíl detekcí viru chřipky A v sentinelové a nonsentinelové surveillance 75% hranici. Viry chřipky A představují 77,4 % podíl pozitivních detekcí, přičemž u subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B nebyl prokázán. Od minulého týdne evidujeme tedy téměř 12% nárůst detekcí viru chřipky A. Virologická data potvrzují, že jsme v epidemii chřipky. Od 36. KT bylo zachyceno celkem 870 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 99 vzorků. Ve 12 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 87 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. Dle zatím omezených sekvenačních dat, připadá na subkládu K 63 % sekvencí.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 6,5 %.

Dalšími dominantně cirkulujícími viry jsou rhinoviry, i v tomto případě podíl pozitivních detekcí klesá na 6,5 %.

Podíl pozitivních detekcí RSV je nadále nízký (2,5 %).

Epidemiologický souhrn ČR:

V 51. týdnu roku 2025 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1580 na 100 000 obyvatel, což představuje vzestup o 6,3 % v porovnání s předchozím týdnem. Počty nemocných se nadále zvyšují téměř ve všech krajích, jedinou výjimkou je Karlovarský kraj.

Aktuálně nejvyšší nemocnost ARI je hlášena z Jihomoravského kraje a z kraje Vysočina.

Také v kategorii chřipkových onemocnění (ILI), která je podskupinou akutních respiračních infekcí a je k hodnocení výskytu chřipky citlivější, byť významně podhodnocuje skutečnou nemocnost chřipkou, se v ČR nemocnost i nadále zvyšuje, aktuálně o více než třetinu. Vzestup je evidován ve všech věkových skupinách. Situaci je možné hodnotit jako pokračující 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.

Epidemický výskyt chřipky bude přetrvávat i v průběhu vánočních a novoročních svátků.

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 50. KT

Cirkulace viru chřipky nadále roste ve všech zemích EU/EHP. Chřipka subtypu A/H3N2 je dominantní ve všech zemích, přičemž A(H3N2) je v posledních týdnech hnací silou rostoucího trendu a dominuje ve více než polovině zemí. Cirkulace A(H1N1)pdm09 také roste, ale méně prudce. Chřipka postihuje všechny věkové skupiny, ale nejvyšší je u dětí ve věku 5–14 let. Nárůst hospitalizací postihují všechny věkové skupiny, nejvíce dospělé ve věku 65 let a starší. **Zpráva ECDC o hodnocení hrozeb, která hodnotí riziko chřipky pro EU/EHP v kontextu rostoucí cirkulace subkladu K viru A(H3N2), nastiňuje klíčová doporučení, včetně očkování, používání antivirových léčiv, 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)**

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.

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) se po týdnech stabilního nárůstu ustálila a zůstává na relativně nízkých úrovních, pod úrovní, která byla v tomto období pozorována v posledních čtyřech sezónách

ECDC doporučení

Zdravotnická zařízení a zařízení dlouhodobé péče by měla posílit své plány připravenosti a opatření v oblasti prevence a kontroly infekcí a také povzbuzovat personál a návštěvníky k používání roušek v obdobích zvýšené cirkulace respiračních virů.

Poskytovatelé zdravotní péče by měli zvážit okamžité podávání antivirových léčiv pacientům s vyšším rizikem závažného onemocnění, aby se snížily komplikace.

Poskytovatelé zdravotní péče by měli zvážit použití antivirové profylaxe během ohnisek nákazy v uzavřených prostředích, např. v zařízeních dlouhodobé péče.

Doporučení České infektologické společnosti pro pacienty, kdy léčit doma a kdy je třeba lékařský dohled.

[https://infektologie.cz/standardy2/Chripka - informace pro pacienty.pdf](https://infektologie.cz/standardy2/Chripka_-_informace_pro_pacienty.pdf)

Doporučení České infektologické společnosti pro odborníky – odběr materiálu, diagnostika a léčba antivirových léčiv

<https://infektologie.cz/standardy2/DP-chripka-2025.pdf>