



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 26/01/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., MUDr. Radomíra Limberková, Alena Janypková, MUDr. Jan Kynčl, Ph.D.

EU/EHP 3. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je ve většině zemí EU/EHP zvýšený. To naznačuje, že v současné době v Evropské unii/Evropském hospodářském prostoru (EU/EHP) je rozšířená cirkulace respiračních virů.

Cirkulace viru chřipky je vysoká a postihuje všechny věkové skupiny, přičemž vrchol se zdá být ve většině zemí již za námi. Dominantním podtypem zůstává chřipka A(H3N2), následovaná A(H1N1)pdm09. Celkový klesající trend hospitalizací odráží pokles pacientů v primární péči; počet hospitalizací však zůstává vysoký, přičemž nejvyšší počty jsou zaznamenány u dospělých ve věku 65 let a starších.

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) je zvýšená a nadále roste. Ve většině hlásících zemí EU/EHP počty hospitalizací v souvislosti s RSV rostou, zejména u dětí mladších pěti let.

Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a dopad na míru hospitalizace je v současnosti omezený.

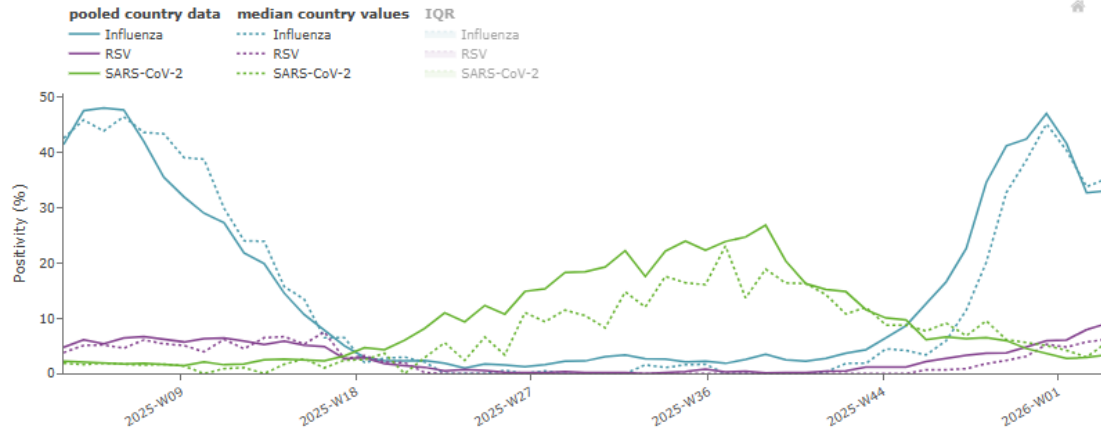
EuroMOMO (Evropský monitoring úmrtnosti) hlásí v několika zemích ve věkových skupinách nad 65 let zvýšenou úmrtnost ze všech příčin.

EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 3. KT 2026

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

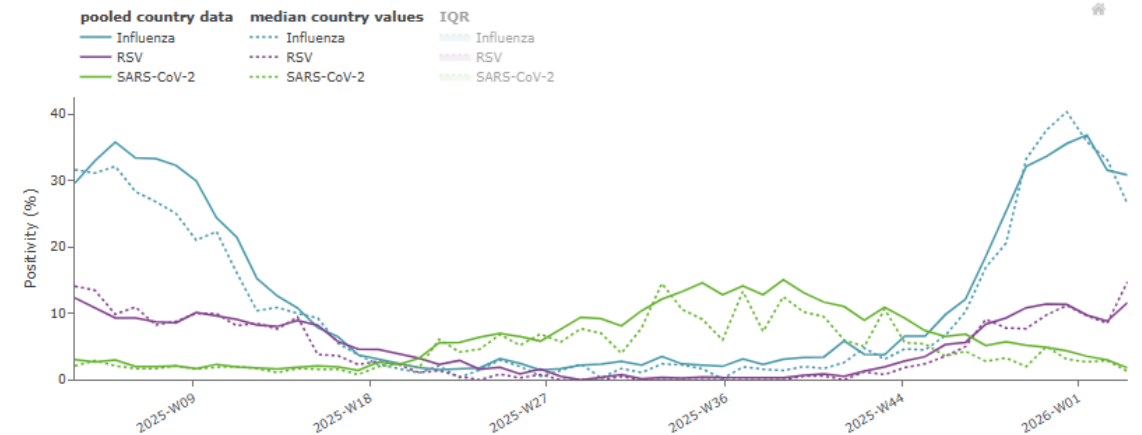
(a) ILI/ARI virological surveillance in primary care – weekly test positivity

Figure Table



(b) SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

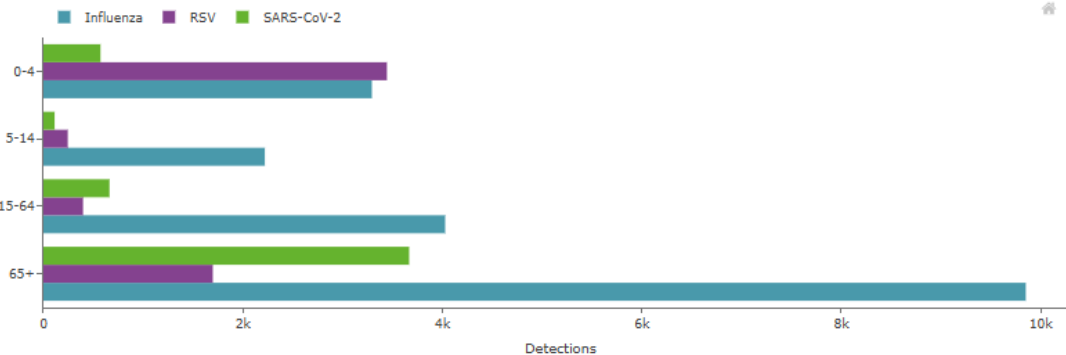
Figure Table



(c) Virologická surveillance – detekce ve věkových skupinách

Cumulative detections by age, 2025-W03 to 2026-W03

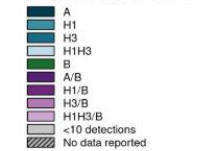
Detections Proportions



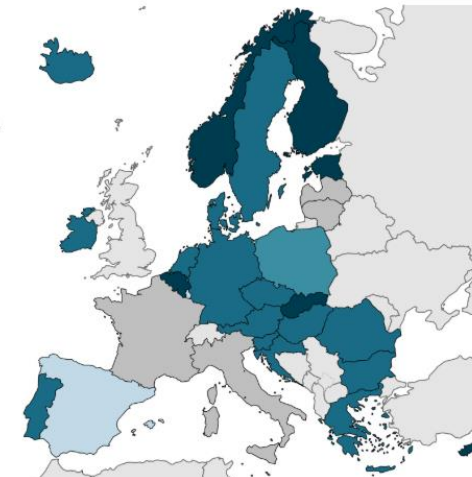
Dominant influenza virus 2026-W03



Dominant influenza virus type, subtype/lineage, 2026-W03

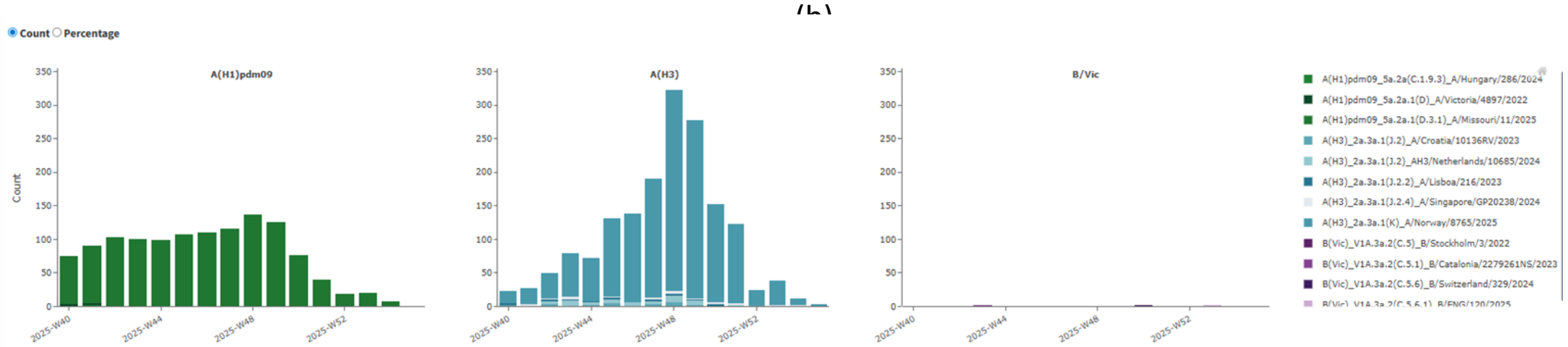


Countries not visible in the main map extent
 Malta
 Liechtenstein



EU/EEA virologická charakterizace virů chřipky – EU 3. KT

(a)



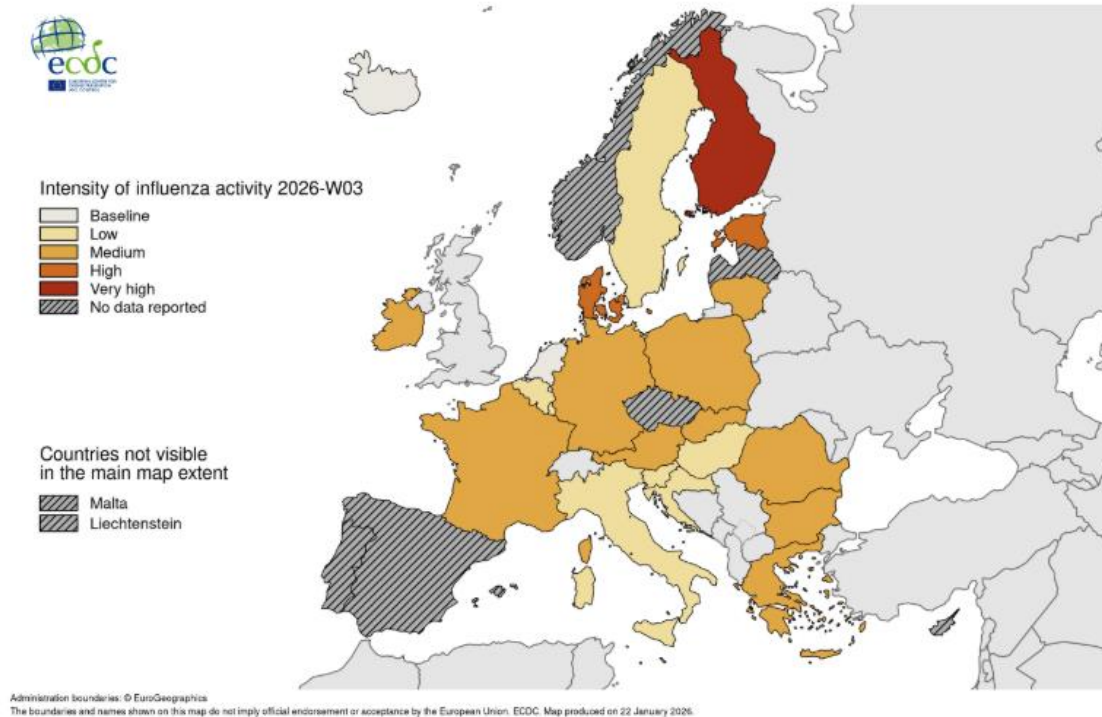
Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype	Subtype distribution		Subclade	Subclade distribution	
	N	%		N	%
A(H1)pdm09	1230	42	5a.2a.1(D.3.1)	1220	99
			5a.2a(C.1.9.3)	5	0.4
			5a.2a.1(D)	5	0.4
A(H3)	1664	57	2a.3a.1(K)	1533	92
			2a.3a.1(J.2)	86	5
			2a.3a.1(J.2.4)	25	2
			2a.3a.1(J.2.2)	20	1
B/Vic	10	0.3	V1A.3a.2(C.5.6)	5	50
			V1A.3a.2(C.5)	2	20
			V1A.3a.2(C.5.1)	2	20
			V1A.3a.2(C.5.6.1)	1	10

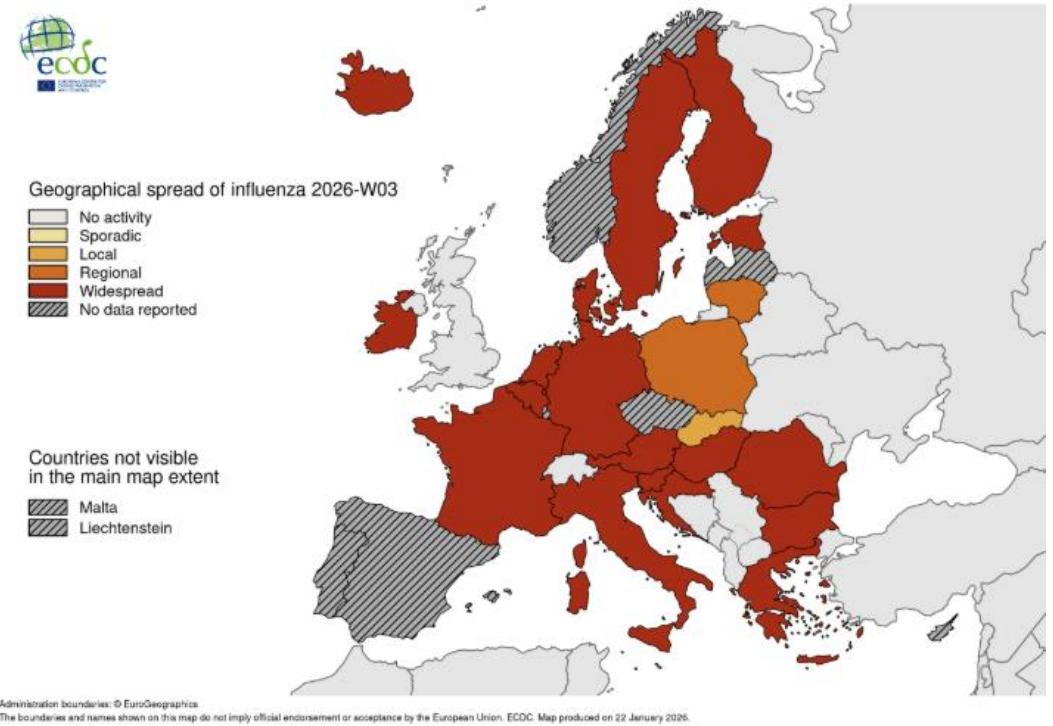
EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 3. KT 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 3	Week 2	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	15 rates (8 MEM)	16 rates (9 MEM)	Distribution of country MEM categories	5 Baseline 3 Low
	ILI	18 rates (17 MEM)	20 rates (19 MEM)		4 Baseline 8 Low 5 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	19	21	Pooled (median; IQR)	33% (35; 26–48%)
	RSV	18	20		9.1% (6.2; 1.4–9.9%)
	SARS-CoV-2	17	19		3.4% (5.6; 2.6–7.1%)
SARI rates in hospitals	SARI	10	12	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	10	Pooled (median; IQR)	31% (26; 23–35%)
	RSV	8	11		12% (15; 4.9–20%)
	SARS-CoV-2	8	10		1.8% (1.3; 0.4–2.1%)
Intensity (country-defined)	Influenza	22	24	Distribution of country qualitative categories	2 Baseline 7 Low 10 Medium 2 High 1 Very high
Geographic spread (country-defined)	Influenza	21	23		1 Local 2 Regional 18 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W03



Geographical spread of influenza 2026-W03

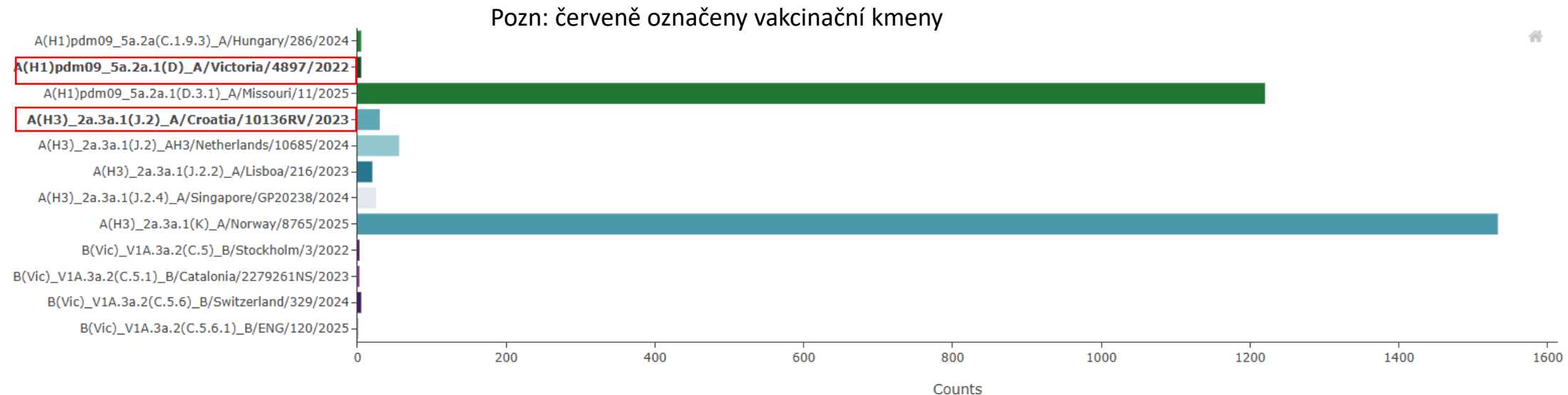




ECDC charakteristika subtypů viru chřipky k 26/1/2026

ČR – charakterizace sekvenovaných virů chřipky

Taxonomické zařazení sekvenovaných virů chřipky v EU/EHP v sezóně 2025/26 (40. KT 2025 – 3.KT 2026)



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

SARS-CoV-2, BA.3.2.x - Cikáda

Evoluci BA.3.2 si lze představit jako osamělého trosečníka na izolovaném ostrově, který se po letech vrací do civilizace. Během své izolace se naučil zcela nové dovednosti pro přežití, které mu nyní umožňují obstát v moderním světě, i když se jeho původní příbuzní již dávno vytratili.

BA.3.2 je vysoce divergentní linie viru SARS-CoV-2, která je přímo odvozena od původní varianty Omicron BA.3. Tato linie byla poprvé identifikována v listopadu 2024 v jižní Africe, což představuje první výskyt varianty odvozené od BA.3 po více než dvou letech od jejího zmizení z oběhu.

Fylogenetické analýzy svědčí o prodlouženém období skrytého nebo izolovaného vývoje. Tento proces, charakterizovaný náhlým nahromaděním velkého množství mutací, se nazývá saltace a je typický pro vývoj viru během chronických infekcí.

- Po svém re-emergentním výskytu v Jihoafrické republice se BA.3.2 rozšířila do světa. Byla detekována v Austrálii (kde dosáhla nejvyšší prevalence), Německu, USA, Nizozemsku, Dánsku a dalších zemích.
- Genetické změny: Oproti původní BA.3 obsahuje 39 aminokyselinových substitucí ve spike proteinu, dvě velké delece v N-terminální doméně (NTD) a novou čtyř-reziduovou inzerci (ins214:ASDT).

Významným rysem je **úplná absence genů ORF7a, ORF7b a ORF8**, což je změna, která se v průběhu pandemie objevila u několika různých linií, ale její přesný vliv na virulenci zůstává předmětem zkoumání.

Změny ve spike proteinu, jako jsou reverzní mutace R493Q a H505Y, pravděpodobně zvyšují vazebnou afinitu k receptoru ACE2 a podporují únik před neutralizačními protilátkami. Rozsáhlé úpravy v doménách SD1 a SD2 mohou navíc ovlivňovat stabilitu proteinu a jeho schopnost fúze s hostitelskou buňkou. I když BA.3.2 prozatím nedosáhla tak explozivního nárůstu jako dřívější varianty (např. JN.1), její schopnost přetrvávat a šířit se po boku dominantních linií naznačuje, že si uchovává potenciál stát se epidemiologickou hrozbou, zejména pokud získá další adaptivní mutace.

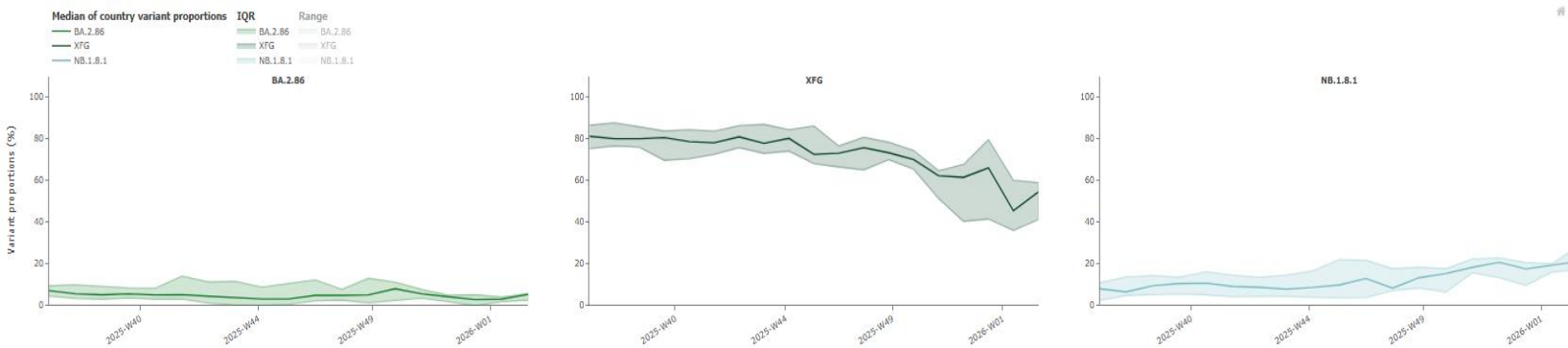
N-terminální doména (NTD) a signální peptid (9 substitucí)

Tato oblast prošla rozsáhlou přestavbou, která zahrnuje i eliminaci disulfidové vazby C15–C136.

Receptor-binding doména obsahuje 15 substitucí a vykazuje silné známky selekčního tlaku, přičemž tři mutace (S446D, L452W a A484K) vznikly dvěma nukleotidovými změnami, a mutace R493Q je reverzí k původní sekvenci z Wu-chanu, zvyšuje afinitu k ACE2.

Domény SD1 a SD2 obsahují 9 substitucí a pravděpodobně ovlivňují stabilitu spike proteinu a jeho schopnost fúze s buňkou, přičemž K529N přidává glykosylační místo. Linker a doména S2 obsahuje 6 substitucí. Mutace v doméně S2 jsou často konvergentní a mohou být adaptivní pro přežití viru.

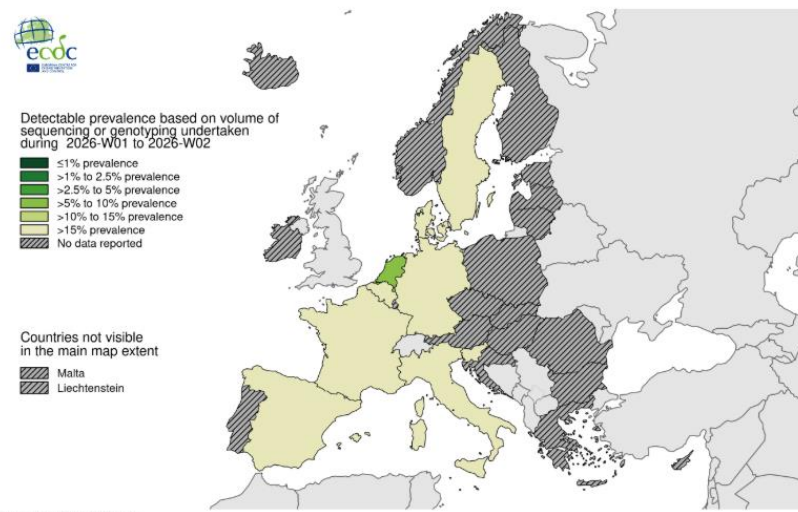
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



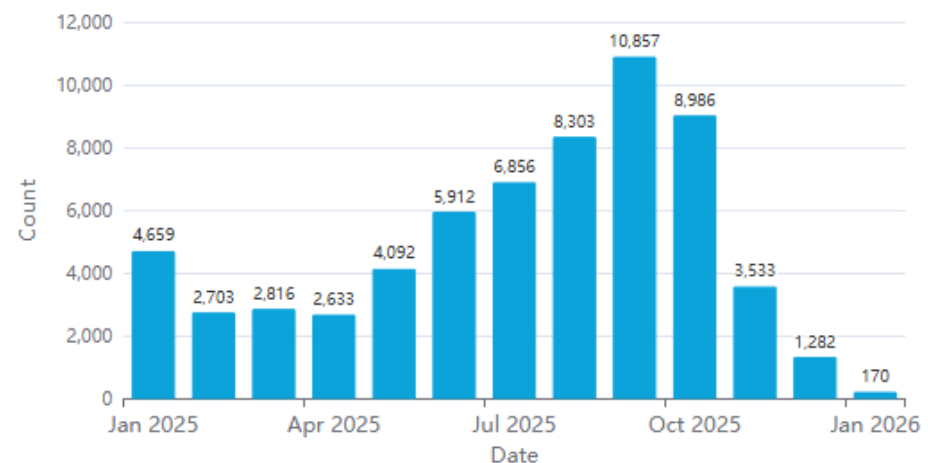
Souhrnný objem sekvenování

Country ↕	Data source ↕	Sequencing or genotyping volume	
		n ↕	Detection threshold ↕
Belgium	GISAID	1	>30%
Denmark	GISAID	1	>30%
France	GISAID	5	>30%
Germany	GISAID	9	>30%
Italy	GISAID	11	>30%
Netherlands	GISAID	68	>5% to 10%
Slovenia	GISAID	1	>30%
Spain	GISAID	19	>20% to 30%
Sweden	GISAID	1	>30%

Objem sekvenování v 1. a 2. týdnu 2026

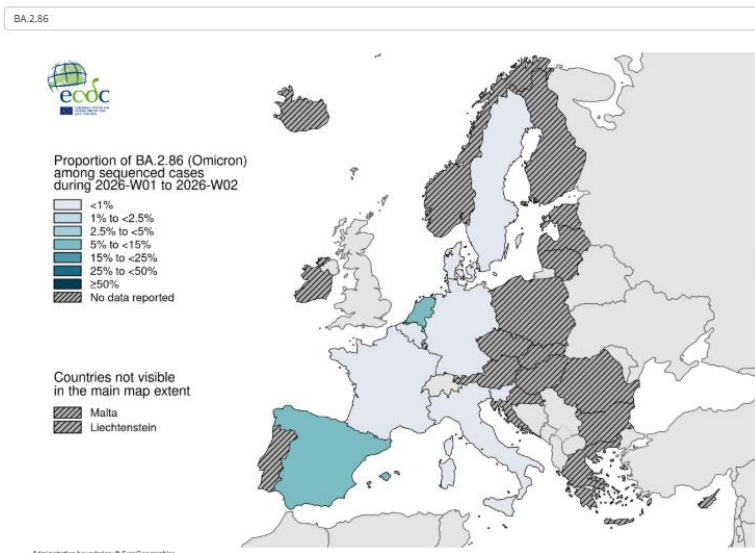


Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region

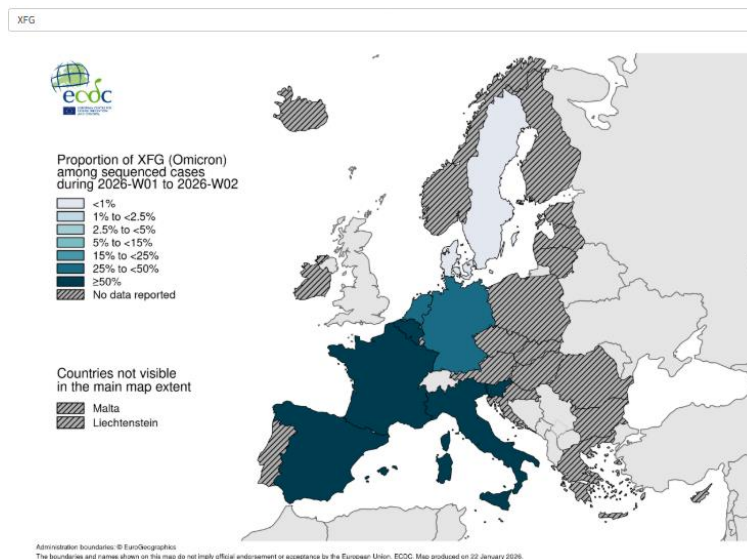


ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu 1. KT -2. KT

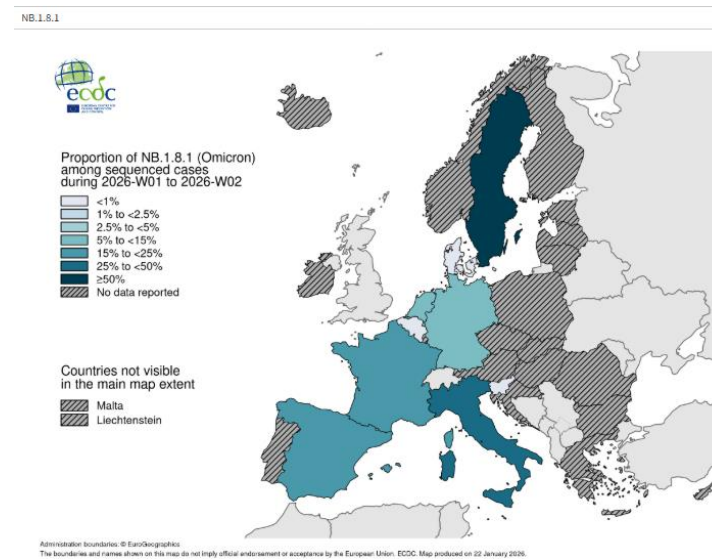
Distribuce sledovaných variant v Evropě v 1. týdnu -2. týdnu (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



Variants of Interest (VOI)



Variants under monitoring

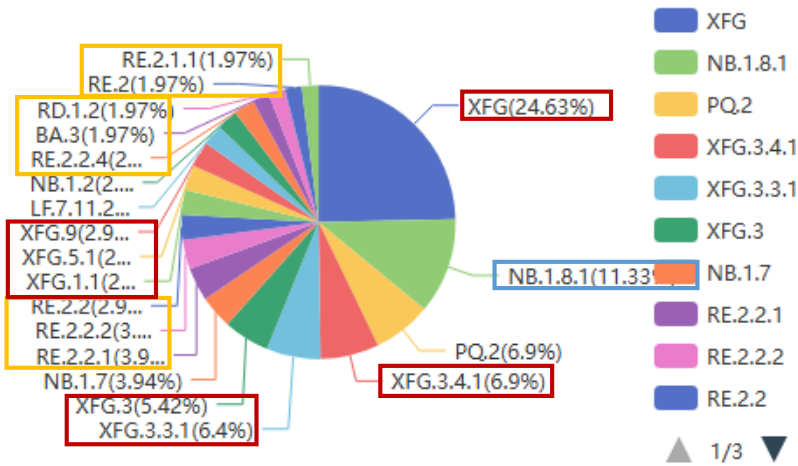


WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P	n/a	Baseline (6)	Baseline (6-8)	Baseline	Community

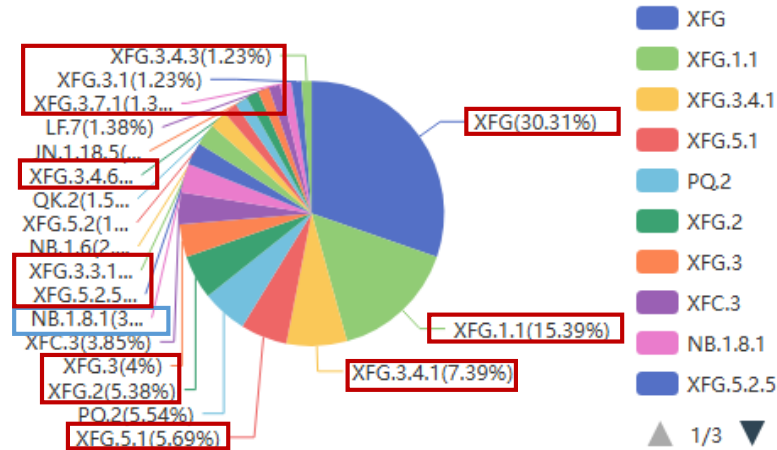
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Community
Omicron	XFG	n/a	S31P, K182R, K444R, N487D, T572I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Community

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

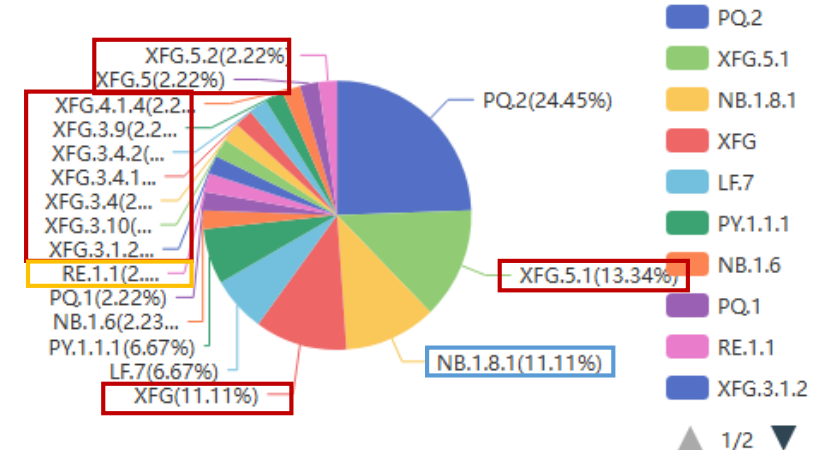
Evropa 26. 12. 2025 - 26. 1. 2026



Severní Amerika 26. 12. 2025 - 26. 1. 2026



Asie 26. 12. 2025 - 26. 1. 2026

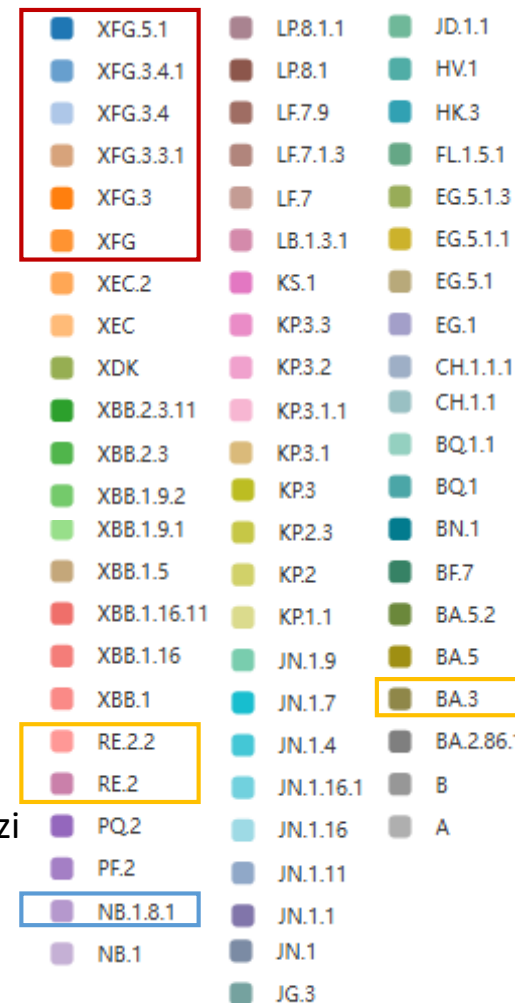
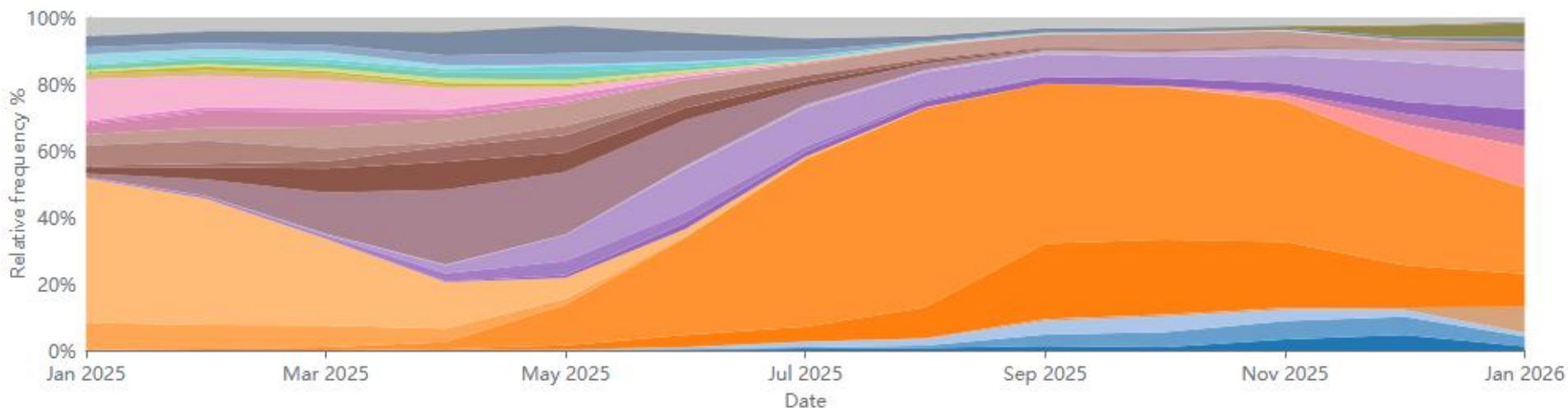


Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	338	1406	78
XFG	65	311	6
XFG.3	15	60	0
XFG.3.4.1	16	76	2
NB.1.8.1	29	36	6
BA.3	6	0	0
RE.2	4	0	0
RE.2.2	6	0	0
PQ.2	17	149	19

Cikáda
NB.1.8.1
XFG

Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v Evropě, leden 2025 - leden 2026

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



V posledním měsíci v Evropě, bylo provedeno méně sekvenací v důsledku vánočních svátků. V Evropském regionu převládá XFG (65 vzorků) a její subvarianty XFG.3 (15 vzorků), XFG.3.4.1 (16 vzorků). Všechny zmíněné varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus).

U varianty NB.1.8.1 (Nimbus) bylo v posledním měsíci 20 zachycených vzorků. Varianty XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.

V Evropě očekávaná varianta BA.3.x (Cikáda) se začala šířit v podobě subvariant BA.3.x, RD.1.2, RE.1.x RE.2.x. Varianty Cikáda jsou značeny oranžově. V zemích EU/EHP bylo v posledním měsíci mezi top 20 (nejčtenějších variant) zachyceno celkem 7 variant cikády (BA.3, RD.1.2, RE.2, RE.2.1.1, RE.2.2, RE.2.2.1, RE.2.2.2 a RE.2.2.4). Varianta RE.2.2 byla zachycena i v ČR. Cikáda je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 4. 2026 KT

- Ve 4. KT je podíl detekcí viru chřipky A stále vysoký, po mírném poklesu na 71 % v minulém týdnu pozorujeme v sentinelové a nonsentinelové surveillance mírný vzestup na více než 73 % . U subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B nebyl v minulém týdnu zachycen.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 setrvává na 5,5 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV zatím nestoupá a udržuje se na 8,5 %.
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (4,4 %).
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 2817 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 204 vzorků. Ve 32 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 172 případech subtyp A/H3. Roste podíl detekcí viru chřipky typu A v sentinelové surveillance.
- Celkový počet hlášených detekcí v non- sentinelové surveillance je v tomto týdnu významně nižší, tím dochází i k poklesu absolutních hodnot v grafu na následující straně.

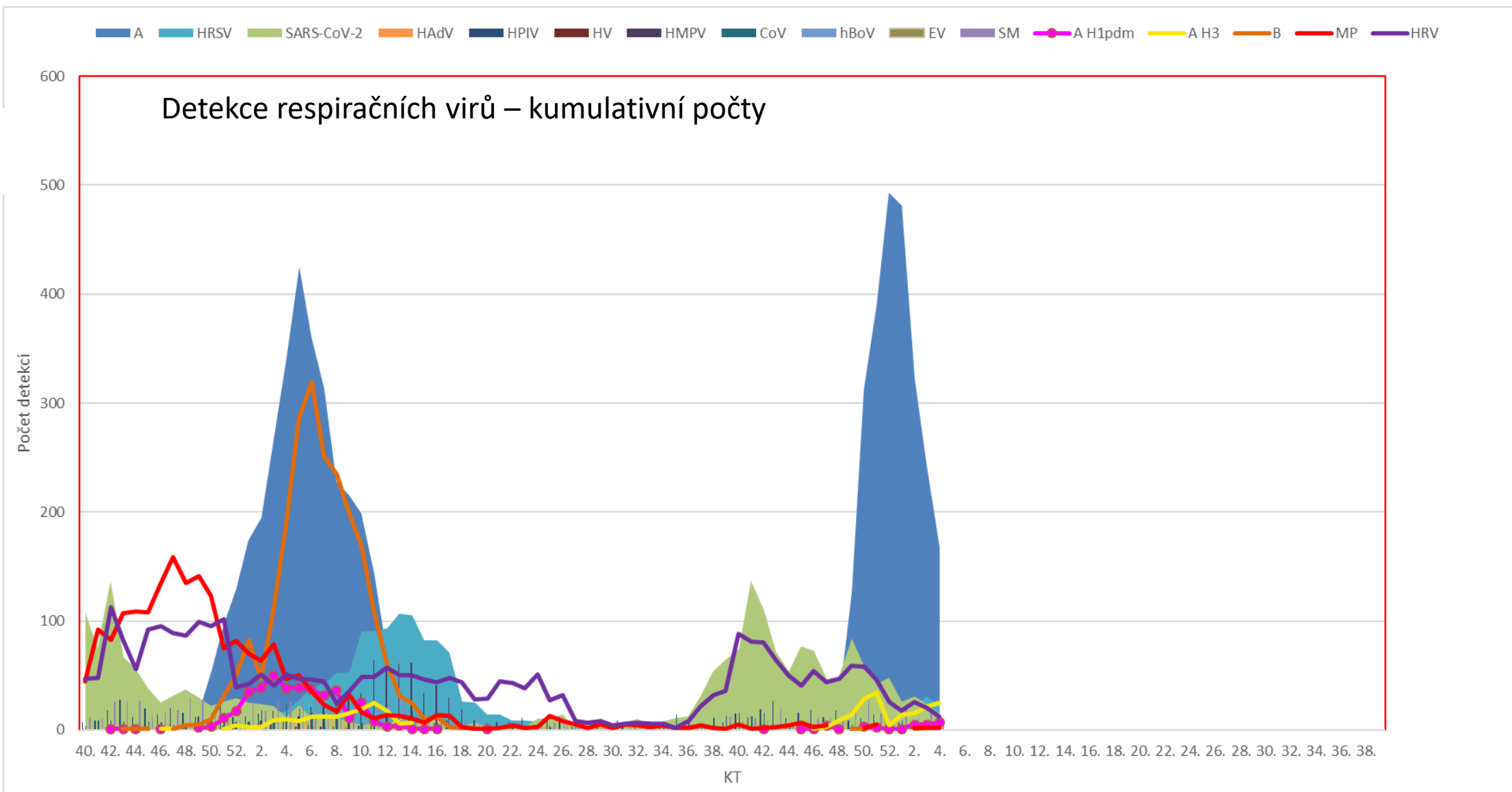
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		1.	Podíl	2.	Podíl	3.	Podíl	4.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	481	79,2%	322	70,9%	242	63,7%	167	61,6%	2613
	A H ₁ pdm	1	0,2%	5	1,1%	5	1,3%	7	2,6%	32
	A H ₃	14	2,3%	15	3,3%	22	5,8%	25	9,2%	172
	B		0,0%	1	0,2%	2	0,5%		0,0%	7
	HRSV	22	3,6%	21	4,6%	31	8,2%	23	8,5%	151
	HAdV	6	1,0%	5	1,1%	6	1,6%	2	0,7%	95
	HPIV	7	1,2%	6	1,3%	6	1,6%	1	0,4%	223
	HV	1	0,2%	3	0,7%	1	0,3%	1	0,4%	20
	MP		0,0%	2	0,4%	2	0,5%	2	0,7%	51
	HMPV		0,0%	1	0,2%	1	0,3%		0,0%	6
	CoV	9	1,5%	5	1,1%	2	0,5%	4	1,5%	133
	HRV	18	3,0%	26	5,7%	20	5,3%	12	4,4%	912
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	10
	EV		0,0%		0,0%	1	0,3%	2	0,7%	29
	SARS-CoV-2	26	4,3%	31	6,8%	24	6,3%	15	5,5%	1186
	SM	22	3,6%	11	2,4%	15	3,9%	10	3,7%	236
	pozitivní	607	28,6%	454	21,8%	380	22,2%	271	19,3%	5876
	negativní	1514		1627		1328		1130		21230
Celkový počet vyšetření:		2121		2081		1708		1401		27106

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		1.	Podíl	2.	Podíl	3.	Podíl	4.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	496	81,7%	342	75,3%	269	70,8%	199	73,4%	2817
	B	0	0,0%	1	0,2%	2	0,5%	0	0,0%	2
	Celkem	496	0,817	343	0,756	271	0,7132	199	73,4%	2819



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

- Od listopadu 2023 se ve východních částech Demokratické republiky Kongo (DRK) případy viru mpox MPXV Ib, který se šíří také prostřednictvím regionálního cestování do sousedních zemí střední a východní Afriky, včetně Burundi, Etiopie, Keni, Rwandy a Ugandy. Mimo Afriku byly případy nadále hlášeny v souvislosti s cestovní anamnézou, a to i v Austrálii, Brazílii, Kanadě, Číně, Francii, Německu, Indii, Itálii, Japonsku, Nizozemsku, Ománu, Pákistánu, Portugalsku, Španělsku, Švédsku, Thajsku, Spojeném království a Spojených státech. Recentně byla potvrzena i rekombinantní variant Ib+IIb ze Spojeného království s cestovní anamnézou Asie.
- Aktuálně je v některých evropských zemích a některých státech virus MPXV Ib detekován i bez cestovní anamnézy do endemických zemí subsaharské Afriky. K těmto zemím patří nyní i ČR, jedná se o pravděpodobný import z Berlína, kde je detekován klastr onemocnění vyvolaných MPXv Ib. V této souvislosti je důležité věnovat zvýšenou pozornost infekci připomínající mpox a současně u všech pozitivit zasílat vzorky do NRL na confirmaci a subtypizaci Ib/IIb.



Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 4. KT 2026 a EU/EHP 3. KT

EU/EHP 3. KT

- Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je ve většině zemí EU/EHP zvýšený.
- Cirkulace viru chřipky je vysoká a postihuje všechny věkové skupiny, přičemž vrchol se zdá být ve většině zemí již za námi. Dominantním podtypem zůstává chřipka A(H3N2), následovaná A(H1N1)pdm09. Celkový klesající trend hospitalizací odráží pokles pacientů v primární péči; počet hospitalizací však zůstává vysoký, přičemž nejvyšší počty jsou zaznamenány u dospělých ve věku 65 let a starších.
- Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) je zvýšená a nadále roste. Ve většině hlásících zemí EU/EHP počty hospitalizací v souvislosti s RSV rostou, zejména u dětí mladších pěti let.
- Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a dopad na míru hospitalizace je v současnosti omezený.

Virologická surveillance ČR 4. KT:

Ve 4. KT je podíl detekcí viru chřipky A stále vysoký, po mírném poklesu na 71 % v minulém týdnu pozorujeme v sentinelové a nonsentinelové surveillance mírný vzestup na více než 73 % . U subtypovaných vzorků detekujeme většinou subtyp H3N2. Virus chřipky typu B nebyl v minulém týdnu zachycen. Od 36. KT bylo zachyceno celkem 2817 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 204 vzorků. Ve 32 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 172 případech subtyp A/H3. Roste podíl detekcí viru chřipky typu A v sentinelové surveillance.

- Podíl detekcí SARS-CoV-2 setrvává na 5,5 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV zatím nestoupá a udržuje se na 8,5 %.
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (4,4 %).

MPXV Ib: na území ČR potvrzena infekce mpox clade Ib bez cestovní anamnézy do subsaharské Afriky, případ je pravděpodobně navázán na klast v Berlíně.

Epidemická situace ČR 4. KT 2026:

Ve 4. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1456 na 100 000 obyvatel, což představuje vzestup o téměř 14 % v porovnání s předchozím týdnem. Vzestup nemocnosti je evidován ve všech krajích. Nemocnost ARI i ILI se nejvíce zvýšila ve skupinách dětí a u dospívajících. Epidemické šíření chřipky v ČR nadále probíhá. Aktuálně nejvyšší nemocnost ARI je hlášena ze Zlínského a Moravskoslezského kraje.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 23. 1. 2026 hlášeno celkem 220 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 81 osob následkům infekce podlehlo.

Respirační onemocnění se v současnosti „přelévají“ mezi jednotlivými věkovými skupinami. Nelze vyloučit, že ještě dojde k opětovnému vzestupu nemocnosti u starších osob. Výskyt chřipky bude přetrvávat ještě i v dalším období, ale pravděpodobně by již nemělo dojít k významnému nárůstu počtu nemocných.