



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 2/02/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

RNDr. Helena Jiřincová, Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., Alena Janypková, MUDr. Jan Kynčl, Ph.D.,

EU/EHP 4. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je ve většině zemí EU/EHP stále vysoký.

Chřipka: Po čtyřech týdnech klesajícího trendu ukazují data nárůst pacientů dětského věku v primární péči ve srovnání s předchozím týdnem. Dominantním subtypem zůstává chřipka A(H3N2), následovaná A(H1N1)pdm09.

Zatímco celkový počet hospitalizací nadále klesá, nedávný nárůst hospitalizovaných dětí ve věku od pěti do 14 let odráží situaci pozorovanou v primární péči. Dospělí ve věku 65 let a starší představují nejvyšší počet hospitalizací, úmrtí na JIP a úmrtí v nemocnicích během sezóny.

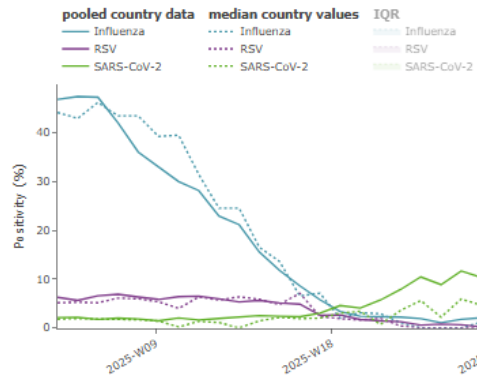
Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) je zvýšená a nadále roste. Ve většině hlásících zemí EU/EHP počty hospitalizací v souvislosti s RSV rostou, zejména u dětí mladších pěti let.

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.

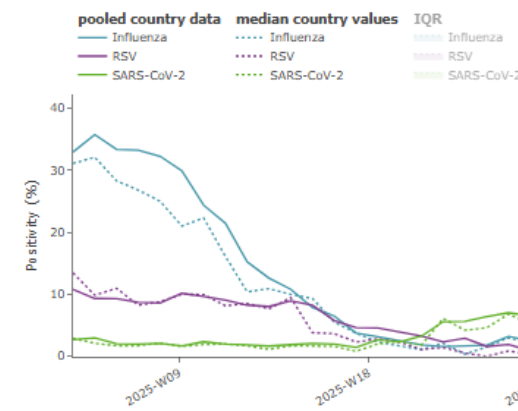
(a) ILI/ARI virological surveillance in primary care – weekly test positivity

Figure Table



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

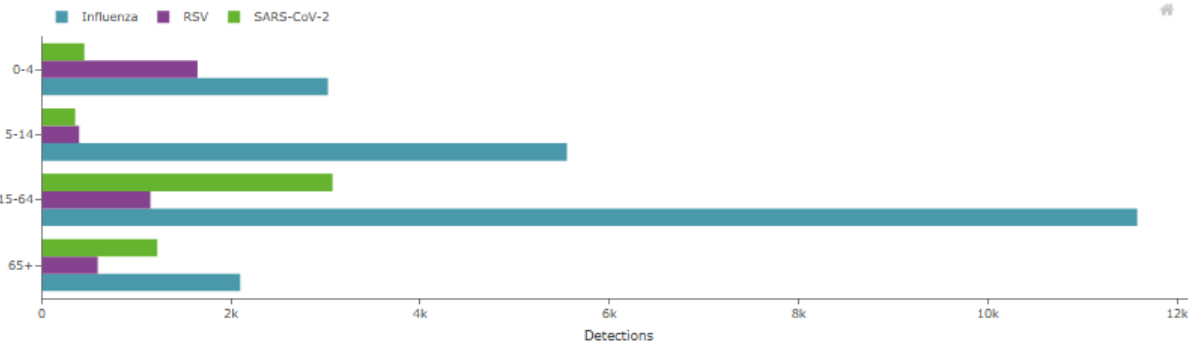
Figure Table



(c) Virologická surveillance – detekce ve věkových skupinách

Cumulative detections by age group, 2025-W04 to 2026-W04

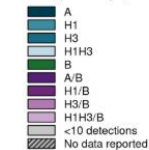
Detections Proportions



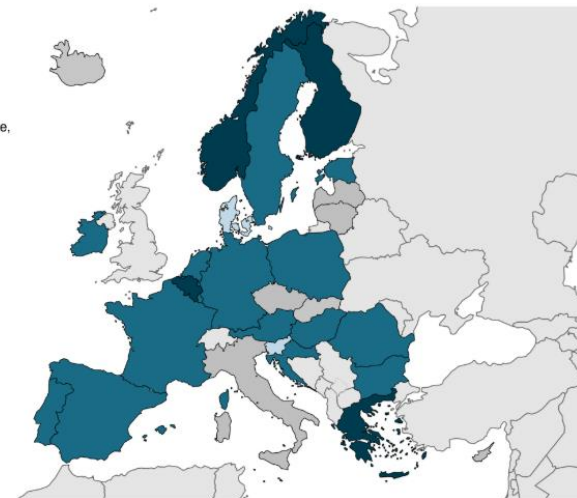
Dominant influenza virus 2026-W04



Dominant influenza virus type, subtype/lineage, 2026-W04

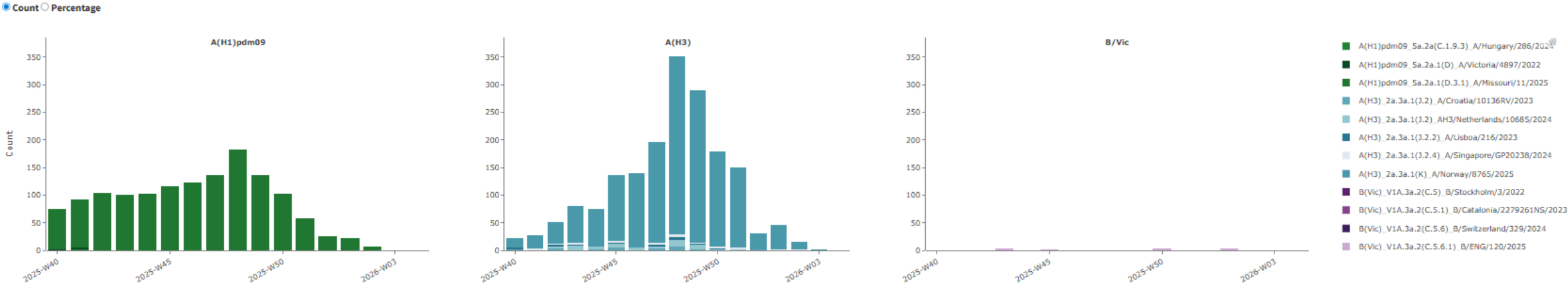


Countries not visible in the main map extent



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 28 January 2026.

Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype



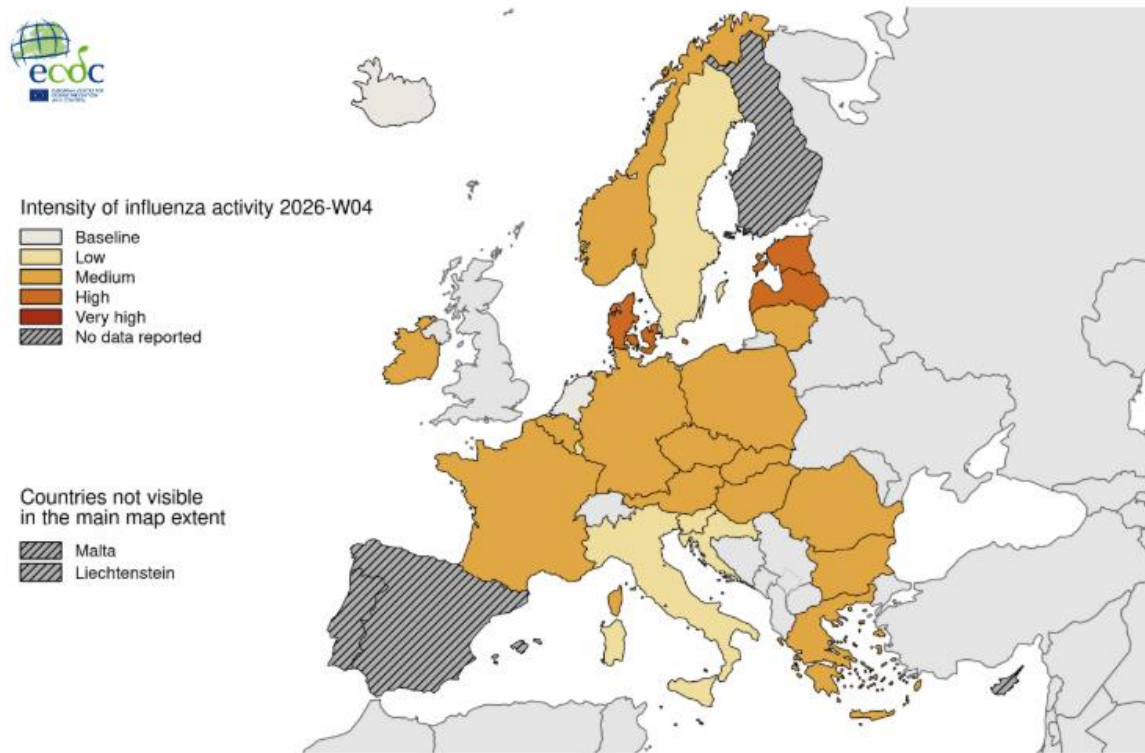
Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	1384	43	5a.2a.1(D.3.1)	1373	99
			5a.2a(C.1.9.3)	6	0.4
			5a.2a.1(D)	5	0.4
A(H3)	1799	56	2a.3a.1(K)	1657	92
			2a.3a.1(J.2)	94	5
			2a.3a.1(J.2.4)	25	1
			2a.3a.1(J.2.2)	23	1
B/Vic	15	0.5	V1A.3a.2(C.5.6)	7	47
			V1A.3a.2(C.5.6.1)	4	27
			V1A.3a.2(C.5)	2	13
			V1A.3a.2(C.5.1)	2	13

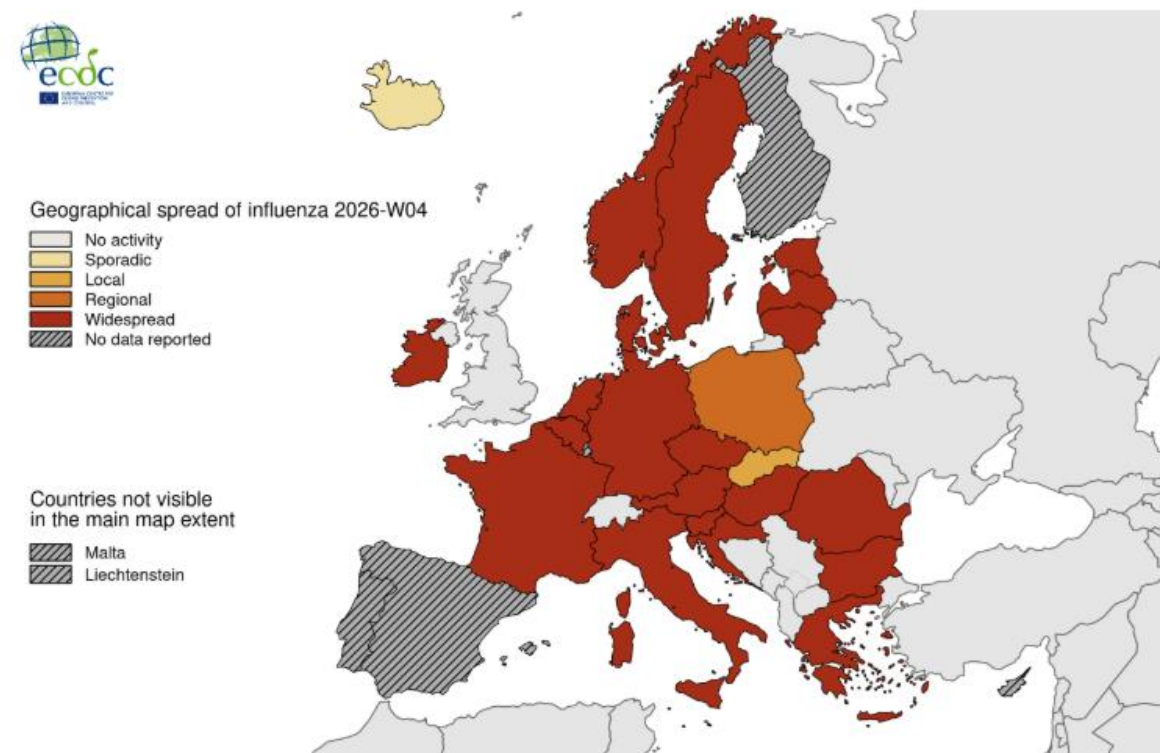
EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 3. KT a 4. KT 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary
		Week 4	Week 3		
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	15 rates (9 MEM)	17 rates (9 MEM)	Distribution of country MEM categories	5 Baseline 4 Low
	ILI	20 rates (19 MEM)	21 rates (20 MEM)		3 Baseline 9 Low 5 Medium 2 High
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	19	21	Pooled (median; IQR)	37% (40; 23–55%)
	RSV	18	20		10% (7.2; 4.5–12%)
	SARS-CoV-2	17	19		2.9% (3; 0.3–6.2%)
SARI rates in hospitals	SARI	10	12	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	10	Pooled (median; IQR)	25% (18; 14–38%)
	RSV	9	10		15% (12; 8–20%)
	SARS-CoV-2	8	10		2.5% (1; 0–2.8%)
Intensity (country-defined)	Influenza	24	25	Distribution of country qualitative categories	2 Baseline 5 Low 14 Medium 3 High
Geographic spread (country-defined)	Influenza	23	24	Distribution of country qualitative categories	1 Sporadic 1 Local 1 Regional 20 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W04



Geographical spread of influenza 2026-W04

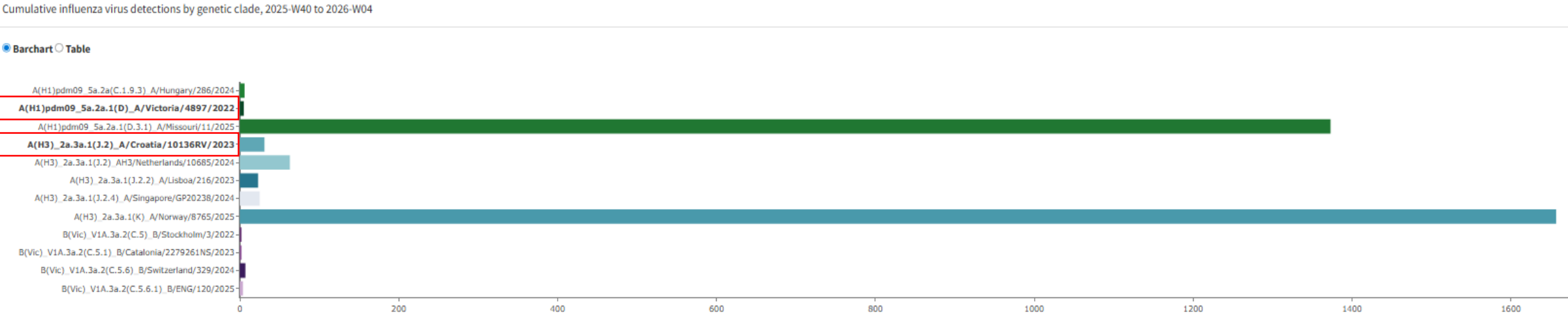




ECDC charakteristika subtypů viru chřipky k 2/2/2026

ČR – charakterizace sekvenovaných virů chřipky

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



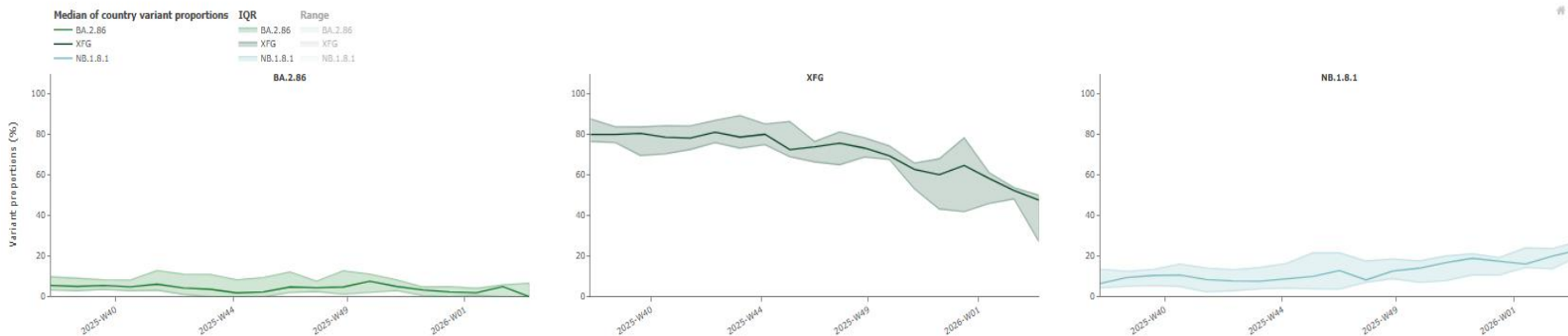
Pozn: červeně označeny vakcinační kmeny

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

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

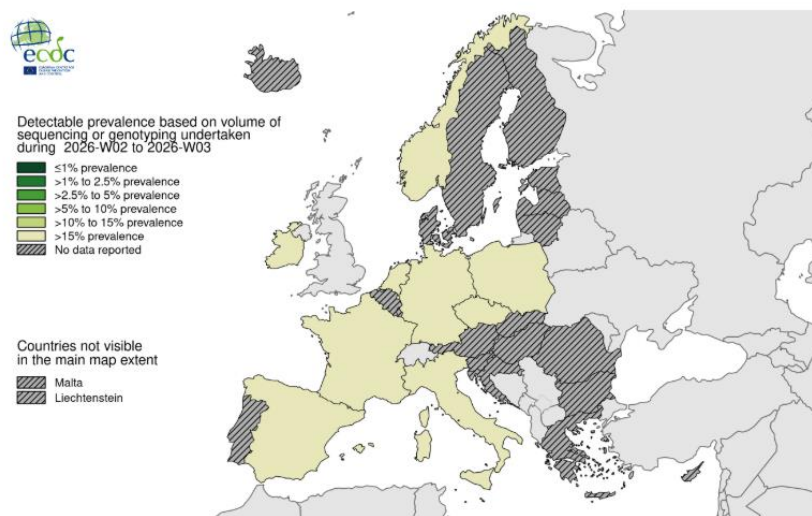
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



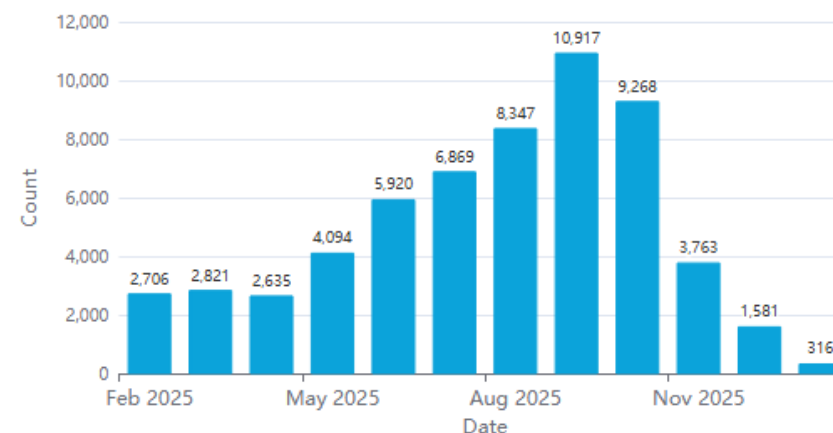
Souhrnný objem sekvenování

Country ↕	Data source ↕	Sequencing or genotyping volume	
		n ↕	Detection threshold ↕
Czechia	GISAID	2	>30%
France	GISAID	1	>30%
Germany	GISAID	11	>30%
Ireland	GISAID	4	>30%
Italy	GISAID	5	>30%
Netherlands	GISAID	13	>30%
Norway	GISAID	30	>15% to 20%
Poland	GISAID	21	>20% to 30%
Spain	GISAID	21	>20% to 30%

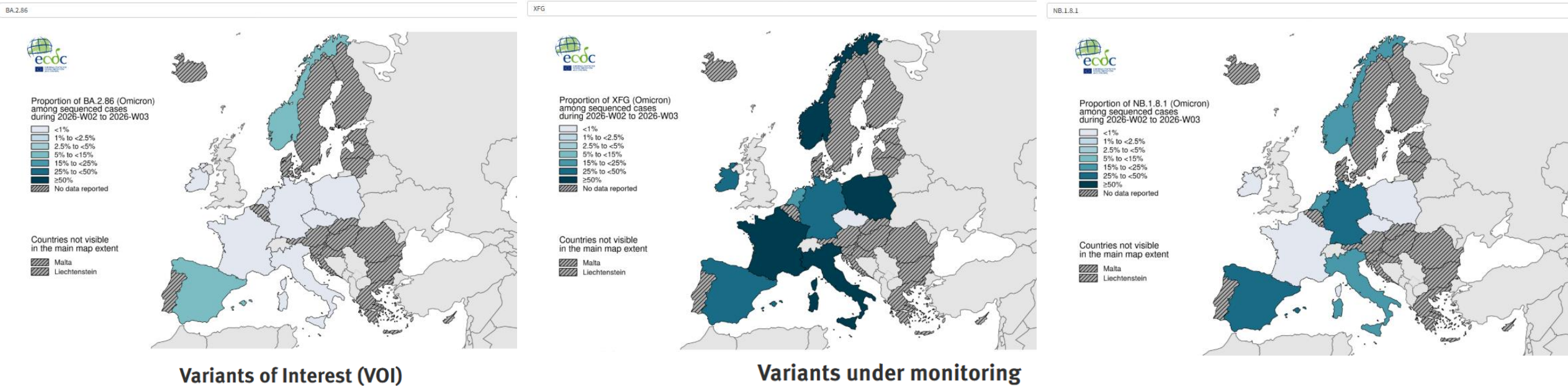
Objem sekvenování v 2. a 3. týdnu 2026



Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



Distribuce sledovaných variant v Evropě v 2. týdnu -3. týdnu (BA.2.86, XFG, NB.1.8.1)



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

Zdroje: ERVISS. Dostupné na: <https://www.erviss.org>,

European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 31 October 2025 [online]. Stockholm: ECDC, 2025.

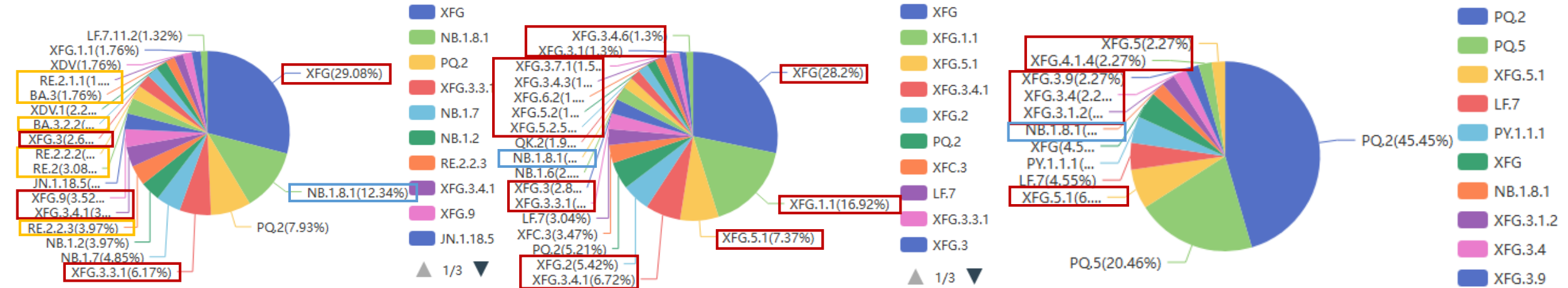
Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

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

Evropa 2. 1. - 2. 2. 2026

Severní Amerika 2. 1. - 2. 2. 2026

Asie 2. 1. - 2. 2. 2026

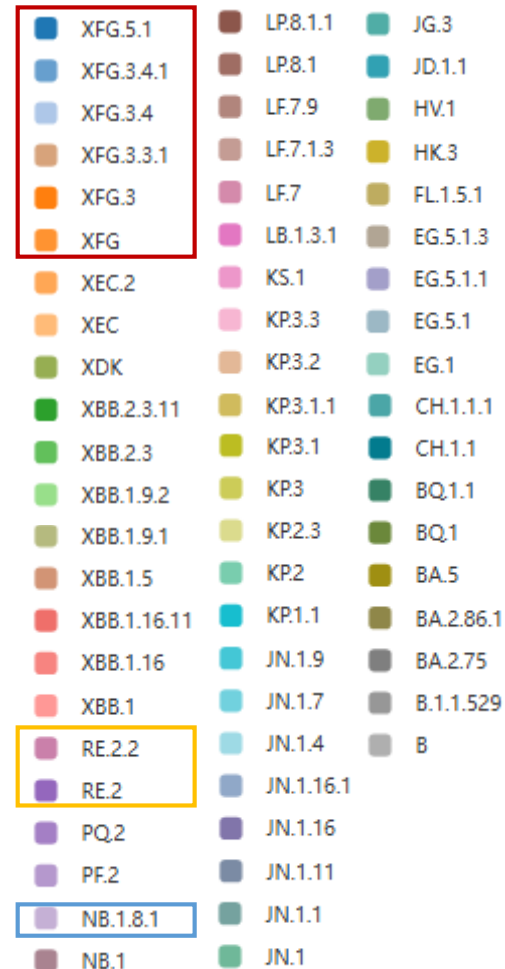
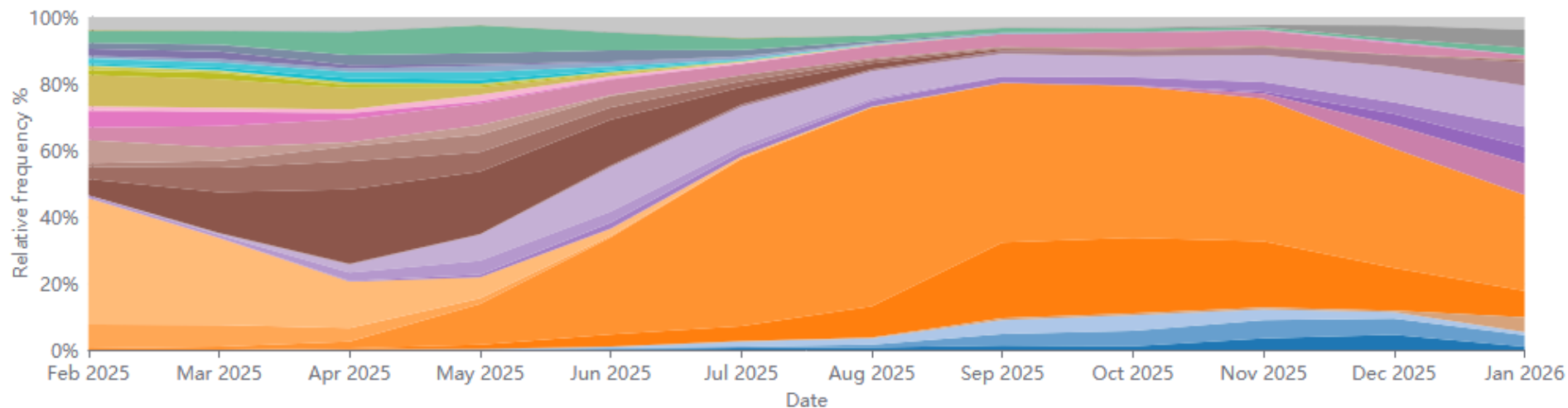


Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	447	1845	90
XFG	94	307	3
XFG.3	10	84	1
XFG.3.4.1	13	95	1
NB.1.8.1	43	61	5
BA.3	11	0	0
RE.2	7	1	0
RE.2.2	3	0	0
PQ.2	34	285	36

 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

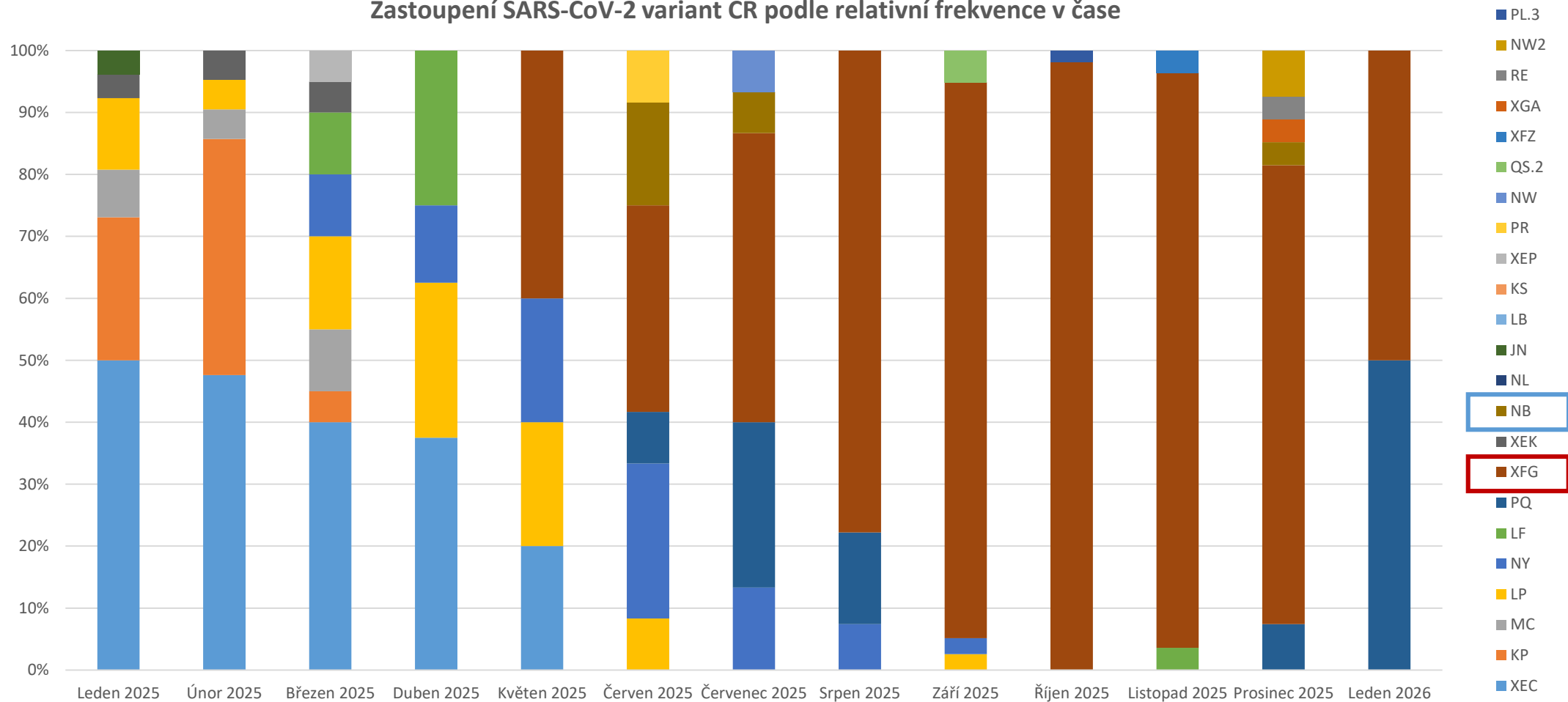


V posledním měsíci v Evropě, bylo provedeno méně sekvenací SARS-CoV-2, výskyt viru v tomto období byl celkově nižší v důsledku vyššího výskytu chřipek. V Evropském regionu převládá XFG (94 vzorků) a její subvarianty. Tyto varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus). U varianty NB.1.8.1 (Nimbus) bylo v posledním měsíci 43 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 6 variant Cikády (BA.3, BA.3.2.2, RE.2, RE.2.1.1, RE.2.2.2 a RE.2.2.3). Cikáda je poměrně evolučně vzdálená od současných variant odvozených od BA.2.86.

Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v ČR v období leden - prosinec 2025

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

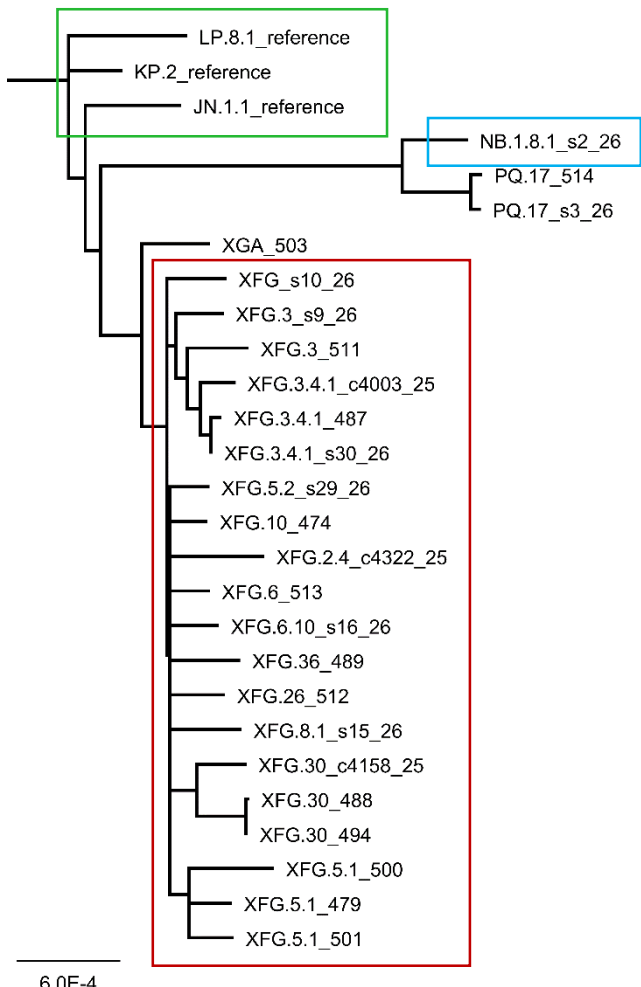


Na území ČR byly v období prosince detekovány varianty XFG (20 vzorků) - Stratus. Tato varianta patří mezi sledované varianty podle WHO i ECDC. Vyjma těchto variant byla v prosinci zachycena varianta NW (2 vzorky) PQ (2 vzorky) NB.1.8.1 (1 vzorek) a RE (1 vzorek), tato data jsou k dispozici v databázi GISAID). V lednu 2026 byly zatím zachyceny 4 vzorky, a to 2 vzorky varianty XFG a 2 vzorky varianty PQ.

Celogenomová fylogenetická analýza variant SARS-CoV-2 v ČR

prosinec 2025 a leden 2026

Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu LP.8.1 (24 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)

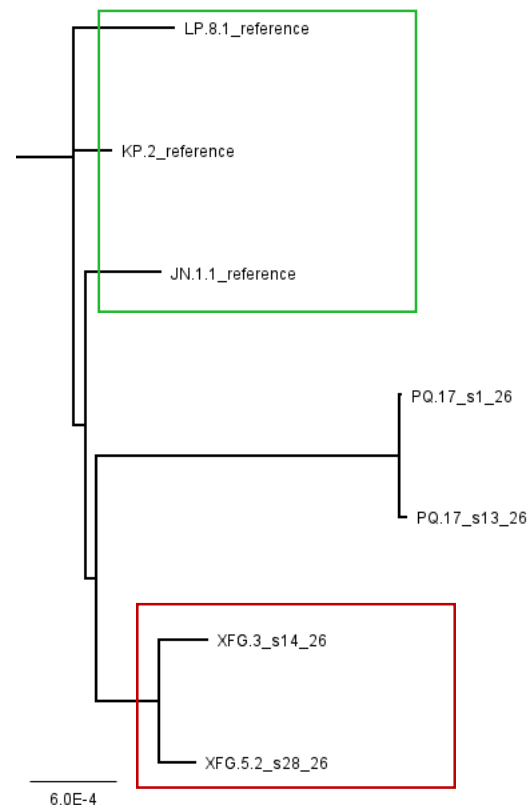


Data odběru vzorků:
1.12. – 31.12. 2025

Ze vzorků s prosincovým datem odběru bylo osekvenováno 25 vzorků. Převážně byly zachyceny varianty XFG, mimo varianty XFG byly zachyceny varianty PQ.17 (2 vzorky), NB.1.8.1 (1 vzorek), XGA (1 vzorek) a varianta RE.2.2 (1 vzorek). Varianty XFG a NB.1.8.1 patří mezi sledované varianty podle ECDC a WHO.

Mimo zde analyzovaných vzorků byl v prosinci 2025 zachycen 1 vzorek varianty RE.2.2 (datum odběru 8. 12. 2025), který v analýze prosincových vzorků neuvádím, z důvodu výrazné evoluční vzdálenosti od všech ostatních vzorků a rozhození měřítka. Varianta RE.2.2 (Cikáda) je velmi evolučně vzdálená od současně kolujících variant (Stratus), a proto má tato varianta vyšší riziko imunitního úniku.

Dendrogram – fylogenetická celogenomová sekvenační analýza podle 93% podobnosti zakotvená k vakcinálnímu kmenu LP.8.1 (4 vzorky + 3 **vakcinální kmeny**)



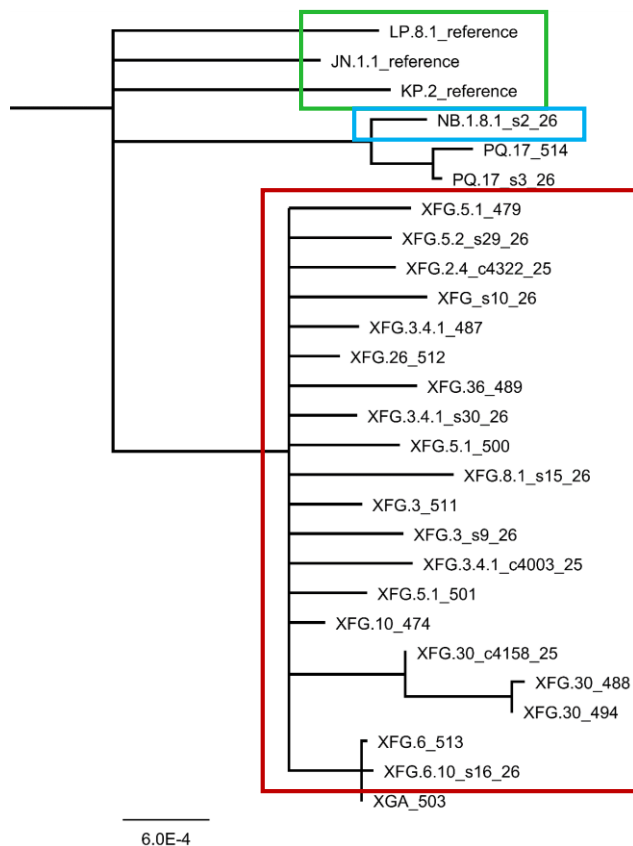
Data odběru vzorků:
1.1. – 19.1. 2026

Ze vzorků s lednovým datem odběru byly osekvenovány 4 vzorky. Byly zachyceny 2 vzorky varianty XFG a 2 vzorky varianty PQ.17. Varianta XFG patří mezi sledované varianty podle ECDC a WHO.

Fylogenetická analýza Spike proteinu u variant SARS-CoV-2 v ČR prosinec 2025 a leden 2026

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93% podobnosti nezakotvená (24 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)

Data odběru vzorků:
1.12. – 31.12. 2025

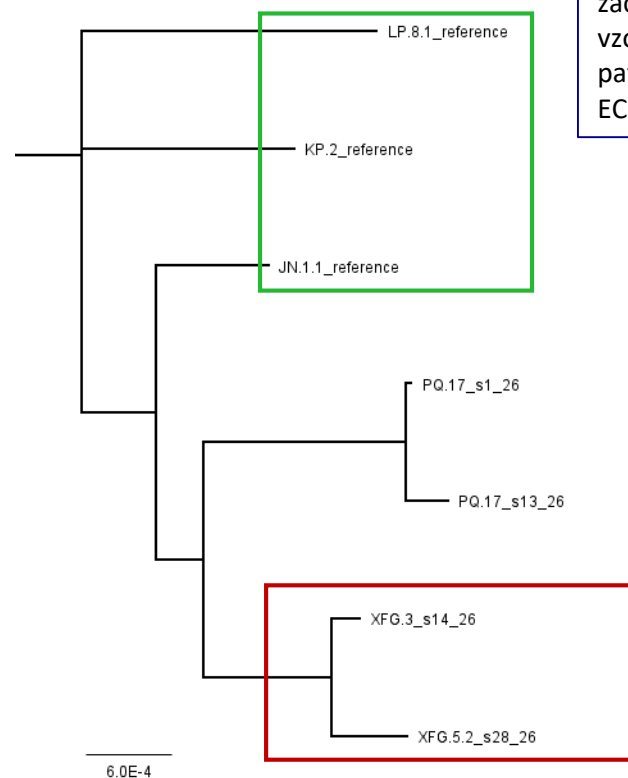


Ze vzorků s prosincovým datem odběru bylo osekvenováno 25 vzorků. Převážně byly zachyceny varianty XFG, mimo varianty XFG byly zachyceny varianty PQ.17 (2 vzorky), NB.1.8.1 (1 vzorek), XGA (1 vzorek) a varianta RE.2.2 (1 vzorek). Varianty XFG a NB.1.8.1 patří mezi sledované varianty podle ECDC a WHO.

Mimo zde analyzovaných vzorků byl v prosinci 2025 zachycen 1 vzorek varianty RE.2.2 (datum odběru 8. 12. 2025), který v analýze prosincových vzorků neuvádím, z důvodu výrazné evoluční vzdálenosti od všech ostatních vzorků a rozhození měřítka. Varianta RE.2.2 (Cikáda) je velmi evolučně vzdálená od současně kolujících variant (Stratus), a proto má tato varianta vyšší riziko imunitního úniku.

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93% podobnosti nezakotvená (4 vzorky + 3 **vakcinální kmeny**)

Data odběru vzorků:
1.1. – 19.1. 2026



Ze vzorků s lednovým datem odběru byly osekvenovány 4 vzorky. Byly zachyceny 2 vzorky varianty XFG a 2 vzorky varianty PQ.17. Varianta XFG patří mezi sledované varianty podle ECDC a WHO.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 5. 2026 KT

- V 5. KT je podíl detekcí viru chřipky A stále vysoký a představuje téměř 70 % pozitivních detekcí. U subtypovaných vzorků detekujeme jak H1N1pdm tak subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl v minulém týdnu zachycen 3x.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 poklesl na 2,5 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV se téměř zdvojnásobil a dosahuje více než 15 %.
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (3,8 %).
- Od 36. KT bylo zachyceno celkem 3086 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 218 vzorků. Ve 42 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 176 případech subtyp A/H3. V sentinelové surveillance roste podíl detekcí subtypu A/H1N1 pdm 2009.
- Celkový počet hlášených detekcí v non- sentinelové surveillance se snižuje, proto dochází i k poklesu absolutních hodnot v grafu na následující straně.

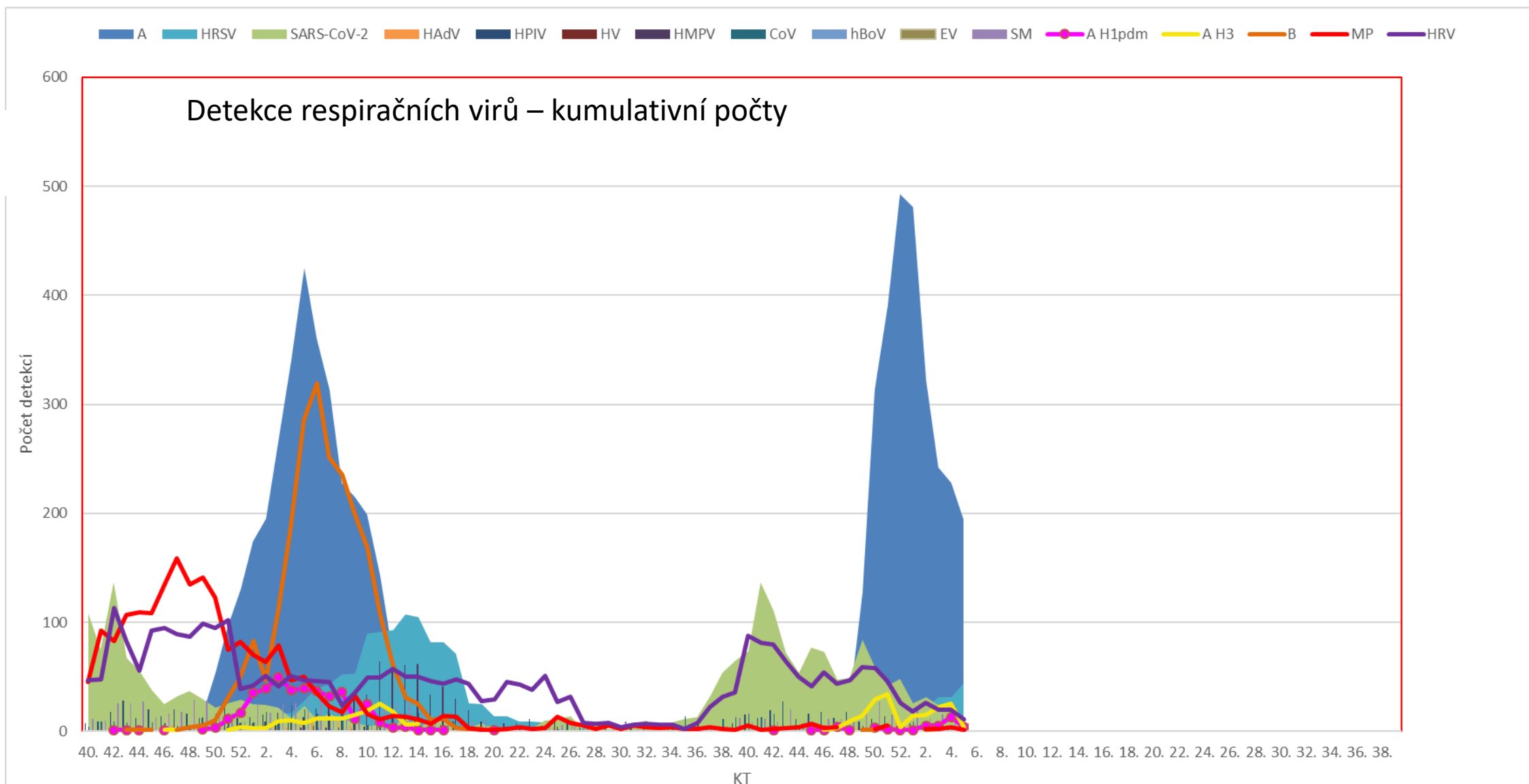
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		2.	Podíl	3.	Podíl	4.	Podíl	5.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	322	70,9%	242	63,7%	228	60,8%	194	66,9%	2868
	A H ₁ pdm	5	1,1%	5	1,3%	13	3,5%	4	1,4%	42
	A H ₃	15	3,3%	22	5,8%	25	6,7%	4	1,4%	176
	B	1	0,2%	2	0,5%		0,0%	3	1,0%	10
	HRSV	21	4,6%	31	8,2%	31	8,3%	44	15,2%	203
	HAdV	5	1,1%	6	1,6%	6	1,6%	3	1,0%	102
	HPIV	6	1,3%	6	1,6%	2	0,5%	4	1,4%	228
	HV	3	0,7%	1	0,3%	1	0,3%	2	0,7%	22
	MP	2	0,4%	2	0,5%	4	1,1%	1	0,3%	54
	HMPV	1	0,2%	1	0,3%		0,0%	3	1,0%	9
	CoV	5	1,1%	2	0,5%	4	1,1%	3	1,0%	136
	HRV	26	5,7%	20	5,3%	20	5,3%	11	3,8%	931
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	10
	EV		0,0%	1	0,3%	2	0,5%		0,0%	29
	SARS-CoV-2	31	6,8%	24	6,3%	27	7,2%	7	2,4%	1205
	SM	11	2,4%	15	3,9%	12	3,2%	7	2,4%	245
	pozitivní	454	21,8%	380	22,2%	375	20,8%	290	21,5%	6270
	negativní	1627		1328		1430		1056		22586
Celkový počet vyšetření:		2081		1708		1805		1346		28856

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	342	75,3%	269	70,8%	266	70,9%	202	69,7%	3086
	B	1	0,2%	2	0,5%	0	0,0%	3	1,0%	2
	Celkem	343	0,756	271	0,713	266	0,7093	205	70,7%	3088



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

- Virus Nipah byl poprvé identifikován v roce 1998 během epidemie mezi chovateli prasat v Malajsii. V roce 1999 bylo hlášeno ohnisko v Singapuru po dovozu nemocných prasat z Malajsie. Od roku 1999 nebyly z Malajsie ani Singapuru hlášeny žádné nové epidemie. V roce 2001 byly zjištěny epidemie infekce virem NIPAH v Indii a Bangladéši. V Bangladéši jsou od roku 2001 epidemie hlášeny téměř každý rok. V Indii jsou epidemie pravidelně hlášeny v několika částech země, včetně posledního v roce 2026.
- Přírodním hostitelem jsou pravděpodobně viru kaloni z čeledi *Pteropodidae*, vyskytují se v různých částech Asie a Austrálie. U afrických kaloňů rodu *Eidolon* z čeledi *Pteropodidae* byly zjištěny protilátky proti virům Nipah a Hendra, což naznačuje, že tyto viry by mohly být přítomny i v geografickém rozšíření *Pteropodidae* v Africe. Infekce virem Nipah u kaloňů zřejmě nezpůsobuje onemocnění.
- Viry Nipah i Hendra jsou řazeny do podobné skupiny jako např. RSV, virus spalniček, tedy do čeledi *Paramyxoviridae*. K přenosu viru na člověka může dojít přímým kontaktem s infikovanými zvířaty, jako jsou netopýři, prasata nebo koně, a konzumací ovoce nebo ovocných produktů, jako je syrová šťáva z datlových palem, kontaminovaných infikovanými kaloňovými netopýři. Virus může také způsobit závažné onemocnění u hospodářských zvířat, jako jsou prasata.
- Virus Nipah se může šířit i mezi lidmi. Byl hlášen ve zdravotnických zařízeních a mezi rodinami a pečovateli nemocných osob prostřednictvím blízkého kontaktu. Ve zdravotnických zařízeních se může riziko šíření zvýšit v prostředích s nedostatečným zavedením opatření pro prevenci a kontrolu infekcí (jako je používání osobních ochranných prostředků, čištění a dezinfekce a hygiena rukou, nevětrané prostory, vysoký koncentrace osob).
- Doposud nebyl hlášen žádný případ importu viry mimo endemické země.
- Diagnostika: nejpřesnější je RT PCR, k dispozici je metoda, která cílí do konzervativního a nekódujícího úseku virové RNA a pomocí ní lze přesně určit virovou nálož - Jensen KS, Adams R, Bennett RS, Bernbaum J, Jahrling PB, Holbrook MR. Development of a novel real-time polymerase chain reaction assay for the quantitative detection of Nipah virus replicative viral RNA. PLoS One. 2018 Jun 19;13(6):e0199534. doi: 10.1371/journal.pone.0199534. PMID: 29920552; PMCID: PMC6007899.
- Detekci viru metodou PCR je nutné provádět v laboratořích vybavených BSL3, příprava pro izolaci virové RNA musí probíhat v BSL3.
- BSL4 musí být vybaveny laboratoře zabývající se izolací viru a jeho množením.

- Dne 26. ledna 2026 informoval indický národní koordinátor IHR WHO o dvou potvrzených případech infekce NiV, ke kterým došlo ve státě Západní Bengálsko. Předběžné laboratorní testy naznačovaly infekci NiV a potvrzení bylo provedeno v Národním virologickém institutu v Puné dne 13. ledna 2026. Případy byly potvrzeny pomocí reverzní transkripční polymerázové řetězové reakce (RT-PCR) a enzymatického imunosorbentního testu (ELISA).
- Oba případy jsou zdravotní sestry ve věku 20 až 30 let z Barasatu, Severní Parganas (Západní Bengálsko). U obou případů se koncem prosince 2025 rozvinuly příznaky typické pro těžkou infekci NiV a byly přijaty do nemocnice začátkem ledna 2026.
- Po dvou potvrzených případech indické zdravotnické orgány identifikovaly a otestovaly více než 190 kontaktních osob, včetně zdravotnických a pečovatelských pracovníků a kontaktů z komunity. Všechny vzorky od kontaktních osob byly negativní na NiV.
- Indické národní centrum pro kontrolu a prevenci nemocí (NCDC) 27. ledna oznámilo, že od prosince 2025 do dnešního dne nebyly v Západním Bengálsku zjištěny žádné další potvrzené případy.
- Od roku 1998, kdy byl virus objeven, nedošlo k exportu viru do jiné země. Riziko nákazy pro cestovatele je spojeno pouze s konzumací neomytých plodů ovoce nebo datlového vína potřísněného slinami kaloňů nebo konzumací nedostatečně tepelně upraveného masa.



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

EU/EHP 4. KT

- Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění, je ve většině zemí EU/EHP stále vysoký.
- Chřipka: Po čtyřech týdnech klesajícího trendu ukazují data nárůst pacientů dětského věku v primární péči ve srovnání s předchozím týdnem. Dominantním subtypem zůstává chřipka A(H3N2), následovaná A(H1N1)pdm09. Zatímco celkový počet hospitalizací nadále klesá, nedávný nárůst hospitalizovaných dětí ve věku od pěti do 14 let odráží situaci pozorovanou v primární péči. Dospělí ve věku 65 let a starší představují nejvyšší počet hospitalizací, úmrtí na JIP a úmrtí v nemocnicích během sezóny.
- 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.

Virologická surveillance ČR 5. KT:

V 5. KT je podíl detekcí viru chřipky A stále vysoký a představuje téměř 70 % pozitivních detekcí. U subtypovaných vzorků detekujeme jak H1N1pdm tak subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl v minulém týdnu zachycen 3x.

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

Podíl pozitivních detekcí RSV se téměř zdvojnásobil a dosahuje více než 15 %.

Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (3,8 %).

NIPAH virus: V Indii (Západní Bengálsko) doposud potvrzeny pouze 2 případy onemocnění u zdravotních sester. Od roku 1998, kdy byl virus objeven, nedošlo exportu viru do jiné země. Riziko nákazy pro cestovatele minimální a je spojeno pouze s konzumací neomytých plodů ovoce nebo datlového vína potřísněného slinami kaloňů nebo konzumací nedostatečně tepelně upraveného masa.

Epidemická situace ČR 5. KT 2026:

V 5. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1497 na 100 000 obyvatel, což představuje mírný vzestup o necelá 3 % v porovnání s předchozím týdnem. Aktuální nemocnost je vysoká ve všech sledovaných věkových skupinách. Nejvyšší nárůst je u dětí ve věku 0-5 let, ale u této věkové skupiny nebyla překonána nemocnost evidovaná před vánočními svátky. Epidemické šíření chřipky v ČR nadále probíhá. Nejvyšší nemocnost ARI je hlášena z Moravskoslezského kraje. V aktuální chřipkové sezoně bylo do 30. 1. 2026 hlášeno celkem 251 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 93 osob následkům infekce podlehl.

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