



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 9/02/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP 5. 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. Většina zemí je za epidemickým píkem, oba subtypy A(H3N2) a A(H1N1)pdm09 cirkulují paralelně, ve většině zemí přetrvává dominance A/H3N2.

Celkový počet hospitalizací nadále klesá, aktuální 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.

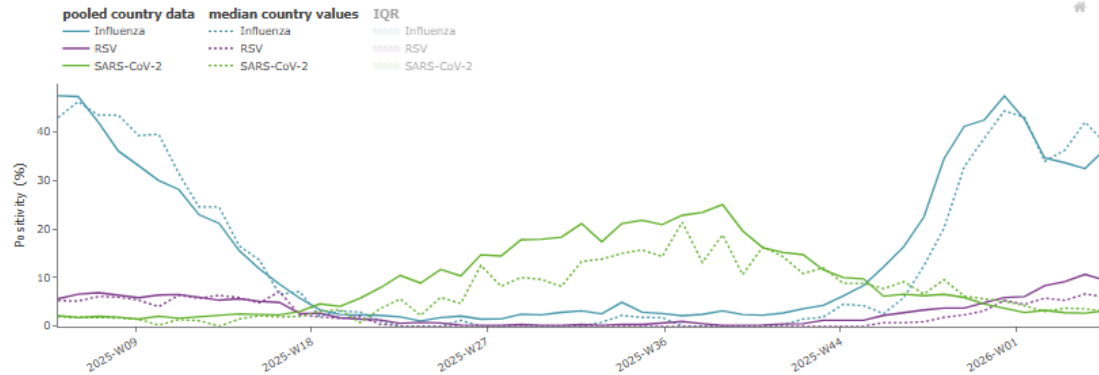
Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) je zvýšená a nadále roste. Ve většině hlásících zemí EU/EHP počty hospitalizací v souvislosti s RSV rostou, zejména u dětí mladších pěti let.

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.

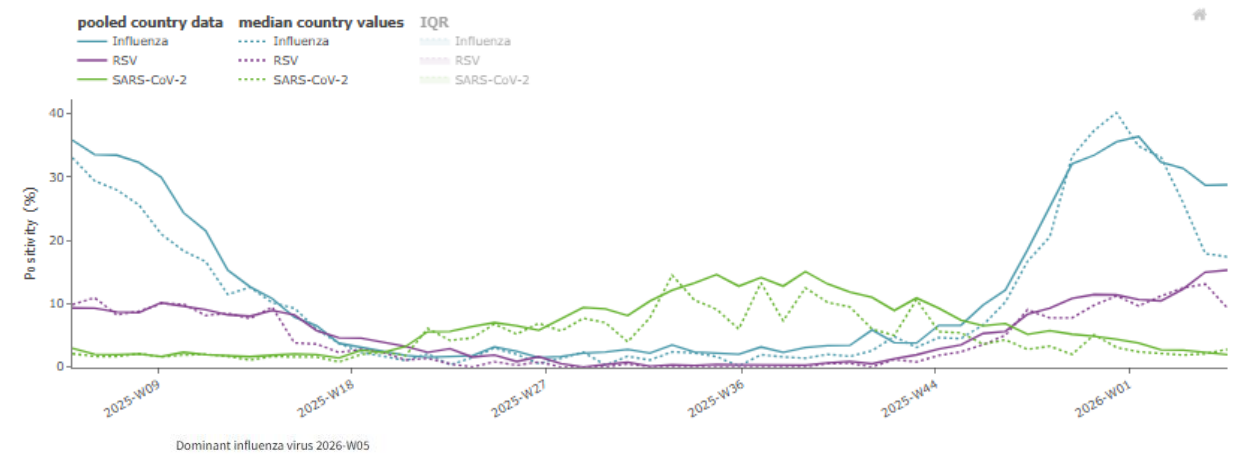
(a) ILI/ARI virological surveillance in primary care – weekly test positivity

Figure Table



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

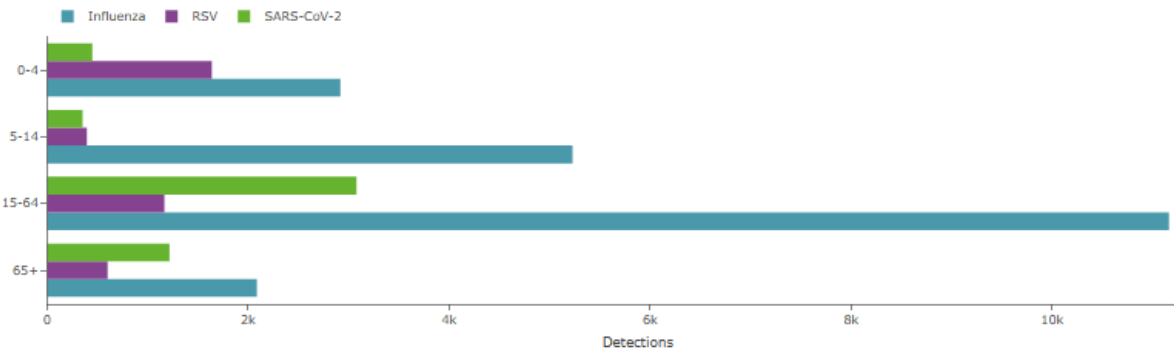
Figure Table



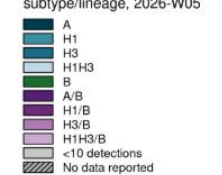
(c) Virologická surveillance – detekce ve věkových skupinách

Cumulative detections by age group, 2025-W05 to 2026-W05

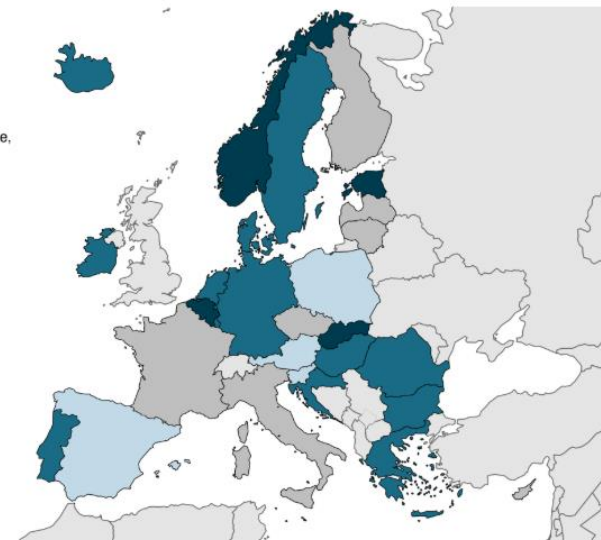
Detections Proportions



Dominant influenza virus type, subtype/lineage, 2026-W05



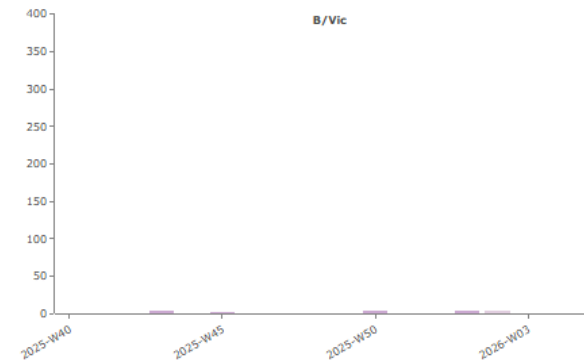
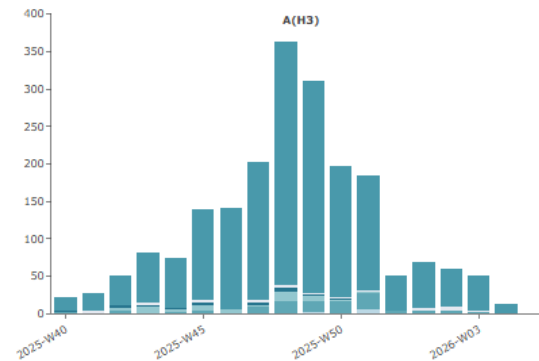
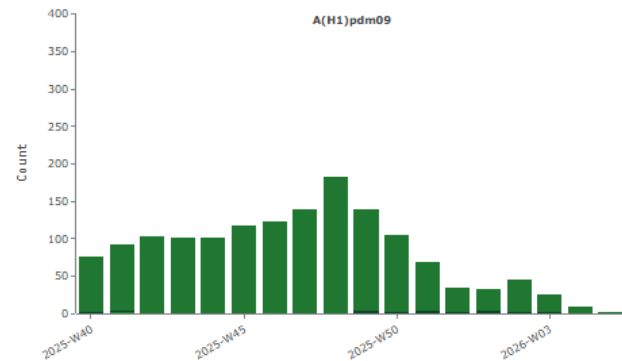
Countries not visible in the main map extent



EU/EEA virologická charakterizace virů chřipky – EU 5. KT

Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype

Count Percentage



- A(H1)pdm09_5a.2a(C.1.9.3)_A/Hungary/286/2024
- A(H1)pdm09_5a.2a.1(D)_A/Victoria/4897/2022
- A(H1)pdm09_5a.2a.1(D.3.1)_A/Missouri/11/2025
- A(H3)_2a.3a.1(J)_A/Thailand/8/2022
- A(H3)_2a.3a.1(J.2)_A/Croatia/10136RV/2023
- A(H3)_2a.3a.1(J.2)_AH3/Netherlands/10685/2024
- A(H3)_2a.3a.1(J.2.2)_A/Lisboa/216/2023
- A(H3)_2a.3a.1(J.2.4)_A/Singapore/GP20238/2024
- A(H3)_2a.3a.1(K)_A/Norway/8765/2025
- B(Vic)_V1A.3a.2(C.5)_B/Stockholm/3/2022
- B(Vic)_V1A.3a.2(C.5.1)_B/Catalonia/2279261NS/2023
- B(Vic)_V1A.3a.2(C.5.6)_B/Switzerland/329/2024
- B(Vic)_V1A.3a.2(C.5.6.1)_B/ENG/120/2025
- B(Vic)_V1A.3a.2(C.5.7)_B/Greece/5509/2024

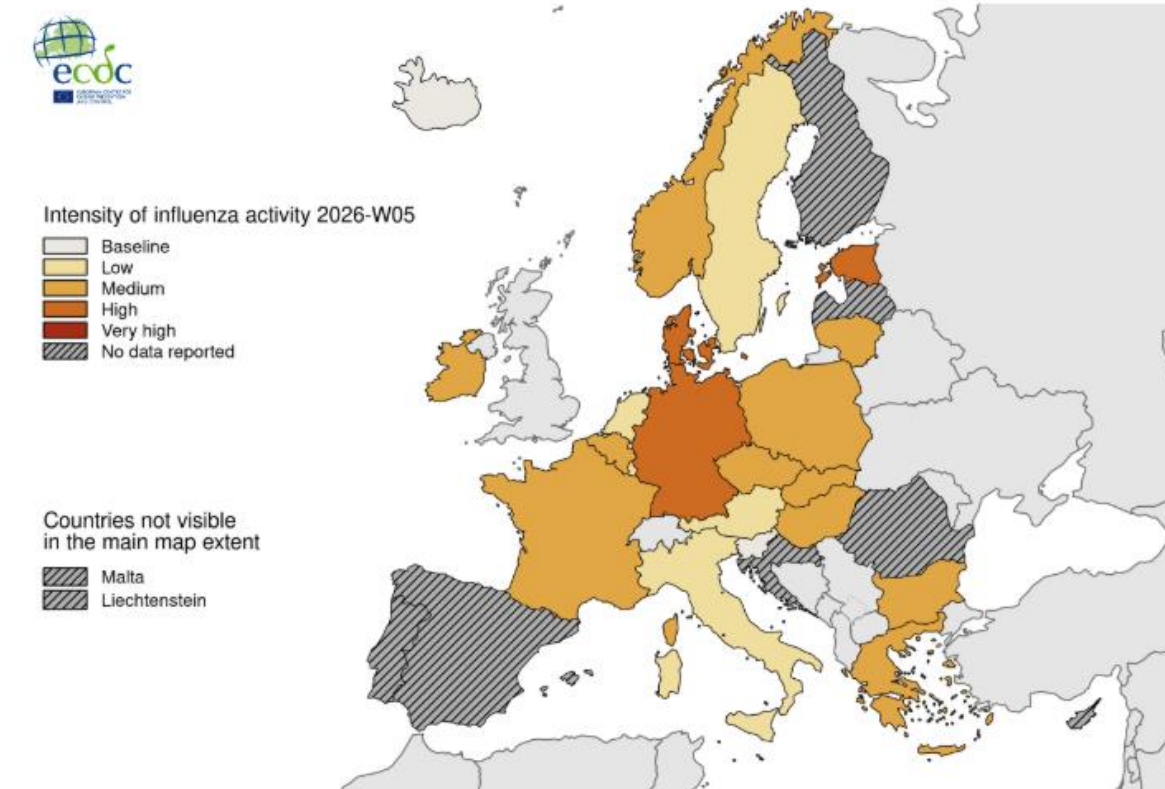
Přehled sekvenovaných kmenů virů chřipky

Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	1499	42	5a.2a.1(D.3.1)	1467	98
			5a.2a.1(D)	26	2
			5a.2a(C.1.9.3)	6	0.4
A(H3)	2043	57	2a.3a.1(K)	1808	88
			2a.3a.1(J.2)	166	8
			2a.3a.1(J.2.4)	32	2
			2a.3a.1(J.2.2)	24	1
			2a.3a.1(J)	13	0.6
B/Vic	19	0.5	V1A.3a.2(C.5.6)	9	47
			V1A.3a.2(C.5.6.1)	4	21
			V1A.3a.2(C.5.1)	3	16
			V1A.3a.2(C.5)	2	11
			V1A.3a.2(C.5.7)	1	5

EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 4. KT a 5. KT 2026

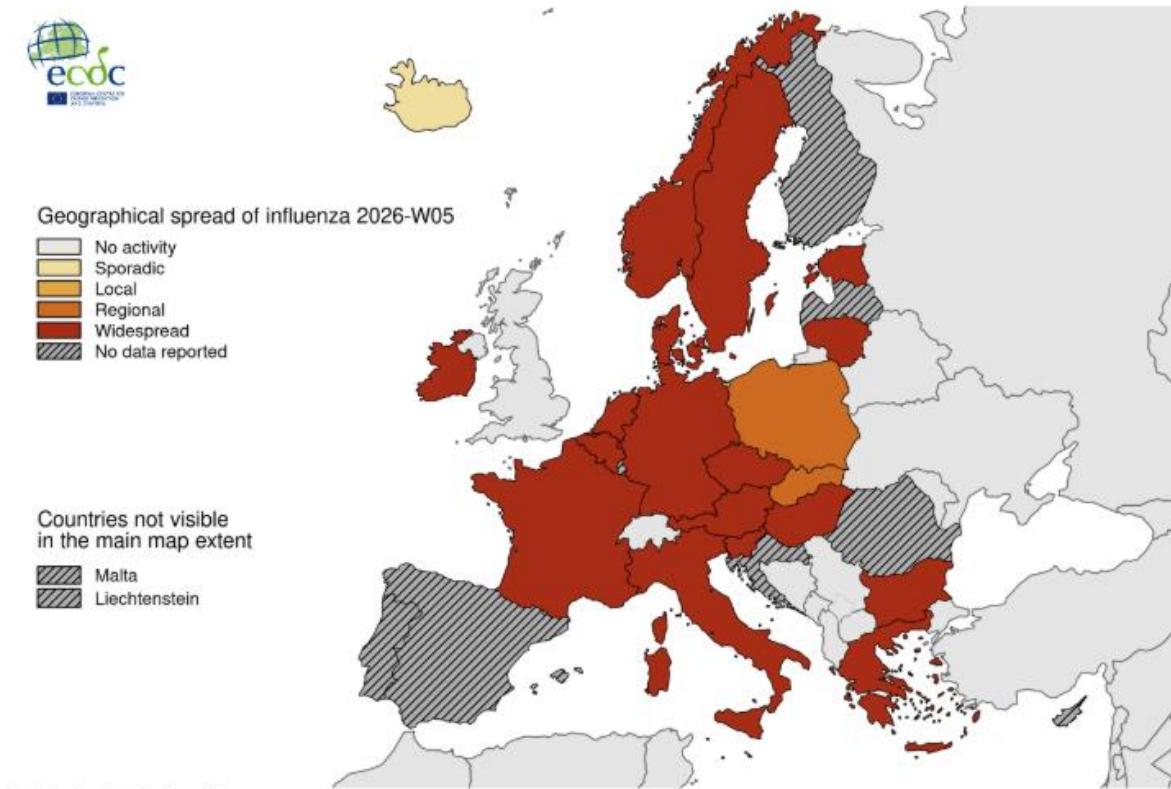
Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary
		Week 5	Week 4		Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	13 rates (8 MEM)	15 rates (9 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline 3 Low 1 Medium
	ILI	17 rates (16 MEM)	20 rates (19 MEM)		3 Baseline 8 Low 3 Medium 2 High
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	17	20	Pooled (median; IQR)	36% (38; 29–48%)
	RSV	17	19		9.4% (6; 3.1–8.5%)
	SARS-CoV-2	16	18		3.2% (3; 1.2–6%)
SARI rates in hospitals	SARI	6	11	–	–
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	10	Pooled (median; IQR)	29% (17; 11–39%)
	RSV	9	11		15% (9.3; 8.7–23%)
	SARS-CoV-2	8	10		2% (2.8; 1.4–4.2%)
Intensity (country-defined)	Influenza	21	24	Distribution of country qualitative categories	2 Baseline 5 Low 11 Medium 3 High
Geographic spread (country-defined)	Influenza	20	23	Distribution of country qualitative categories	1 Sporadic 2 Regional 17 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W05



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 5 February 2026.

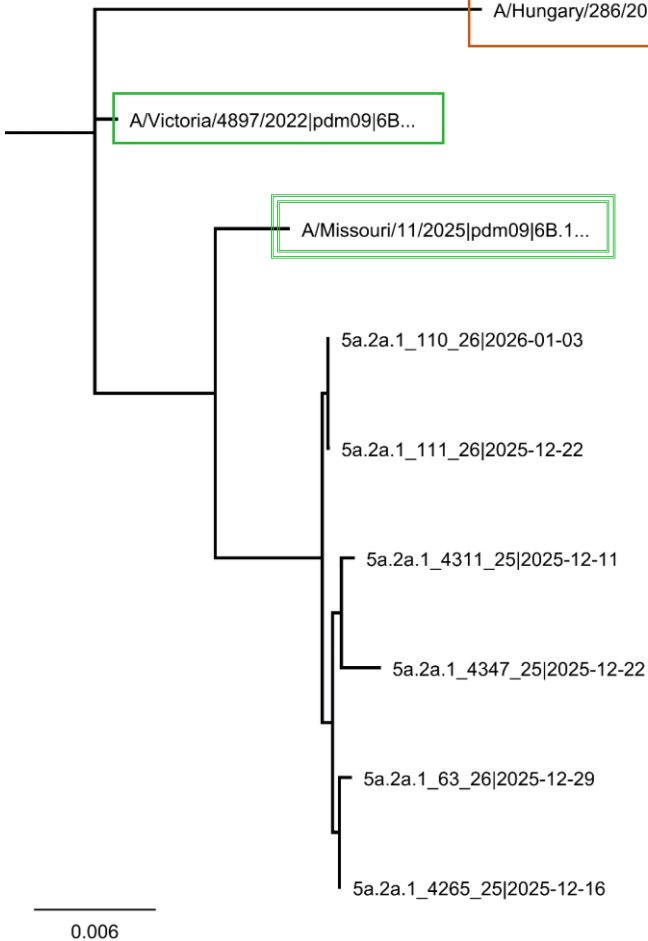
Geographical spread of influenza 2026-W05



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 5 February 2026.

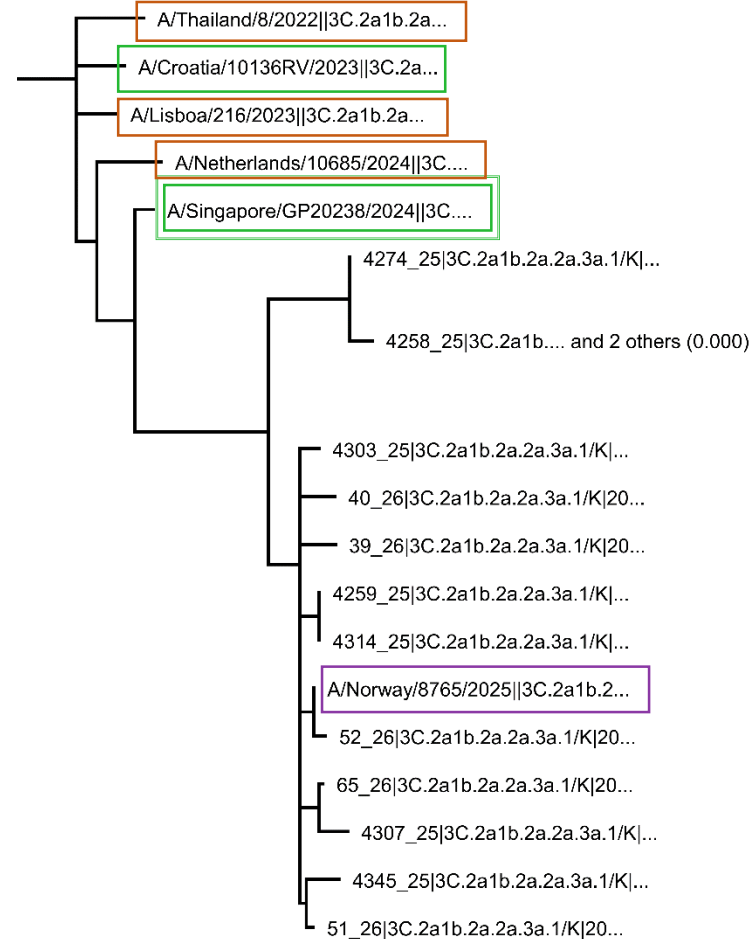
Fylogenetická analýza segmentu HA (hemagglutinin) u chřipky A variant H1N1 a H3N2 v ČR prosinec 2025 a leden 2026

Dendrogram – fylogenetická sekvenační analýza chřipek A H1N1 segmentu HA (ovlivňujícím vstup patogenu do buňky) podle 93% podobnosti zakotvená k referenčnímu kmenu A/Hungary/286/2024|pdm09|6B.1A.5a.2a|EPI3747984 (6 vzorků + 2 vakcinální kmeny, pro jižní polokouli dvojité ohraničení a 1 referenčního kmenu)



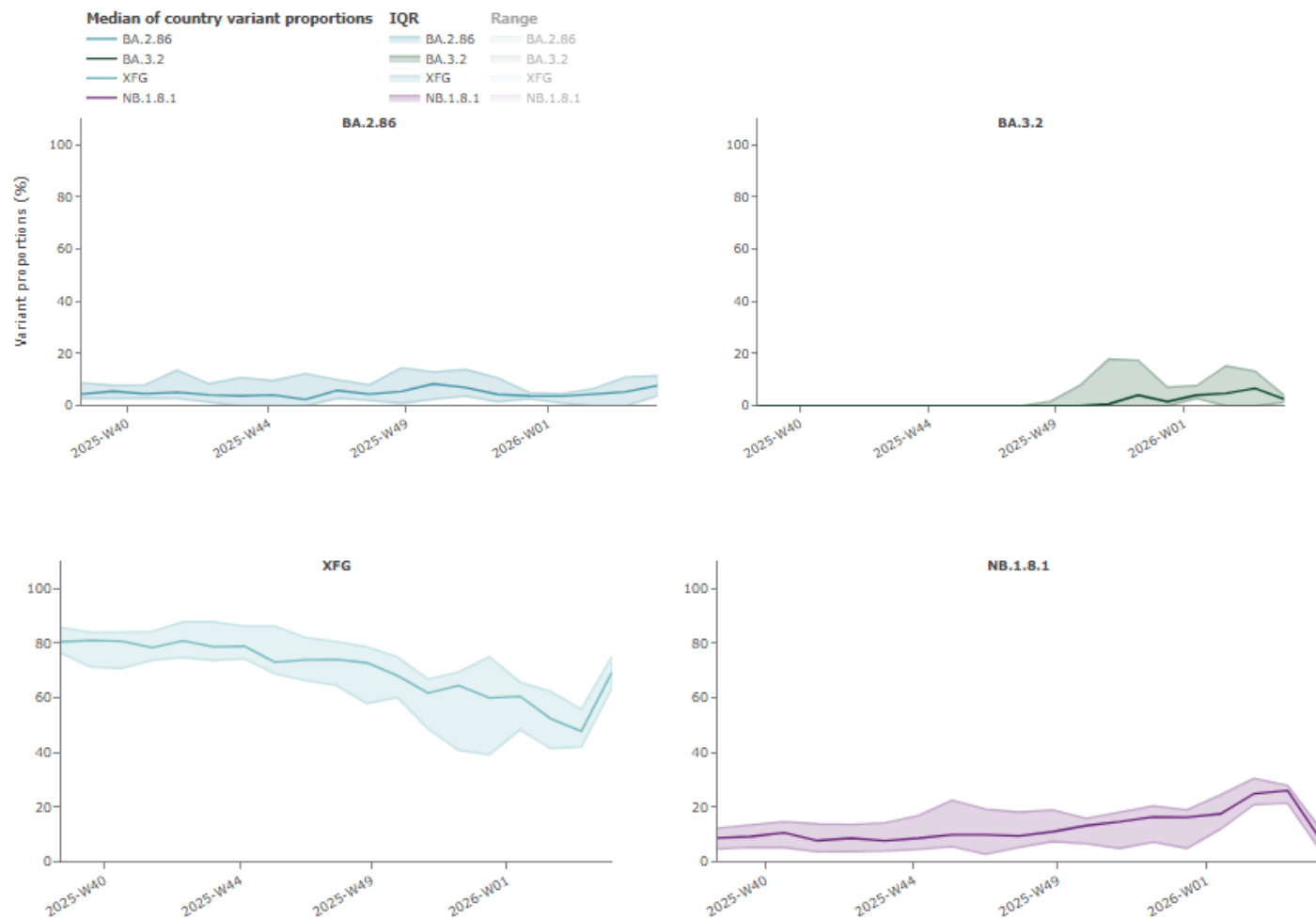
Ze vzorků s prosincovým a lednovým datem odběru bylo osekvenováno 6 vzorků. Ve všech zveřejněných analyzovaných vzorcích byla zachycena linie pdm09|6B.1A.5a.2a.1, která je fylogeneticky nejbližší vakcinálnímu kmenu pro jižní polokouli, což vypovídá o velmi dobré predikci: A/Missouri/11/2025|pdm09|6B.1A.5a.2a.1|EPI4715488. V průběhu tohoto týdne budou v databázi GISAID zveřejněny další získané sekvence a analýza za celé období bude zveřejněna ve zprávě 16. 2. 2026.

Dendrogram - fylogenetická sekvenační analýza chřipek A H3N2 segmentu HA (ovlivňujícím vstup patogenu do buňky) podle 93% podobnosti zakotvená k referenčnímu kmenu A/Thailand/8/2022|3C.2a1b.2a.2a.3a.1|EPI2178977 (14 vzorků + 2 vakcinální kmeny, 1 referenční kmen pro subkládu K a 3 referenčních kmenů)



Ze vzorků s prosincovým a lednovým datem odběru bylo osekvenováno 14 vzorků. Ve všech zveřejněných analyzovaných vzorcích byla zachycena linie 3C.2a1b.2a.2a.3a.1/K, která je fylogeneticky nejbližší referenčnímu kmenu pro subkládu K : A/Norway/8765/2025|3C.2a1b.2a.2a.3a.1/K|EPI4742502. V průběhu tohoto týdne budou v databázi GISAID zveřejněny další získané sekvence a analýza za celé období bude zveřejněna ve zprávě 16. 2. 2026.

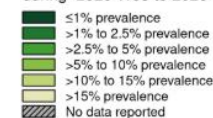
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



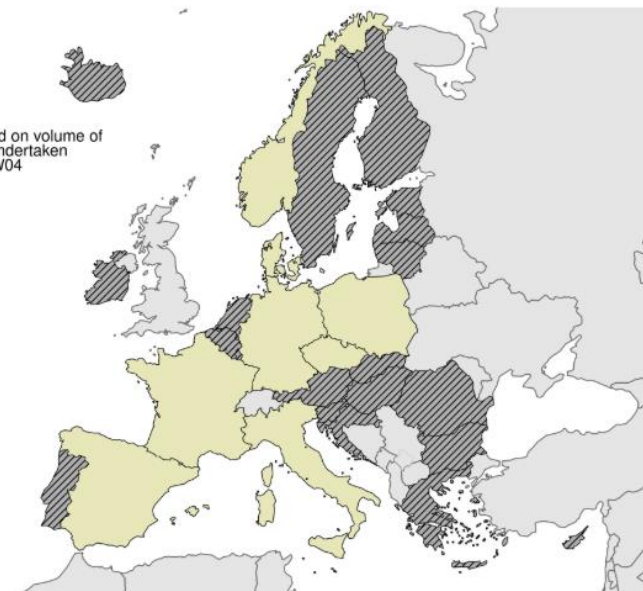
Objem sekvenování v 3. a 4. týdnu 2026



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W03 to 2026-W04



Countries not visible in the main map extent





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 9. 2. 2026

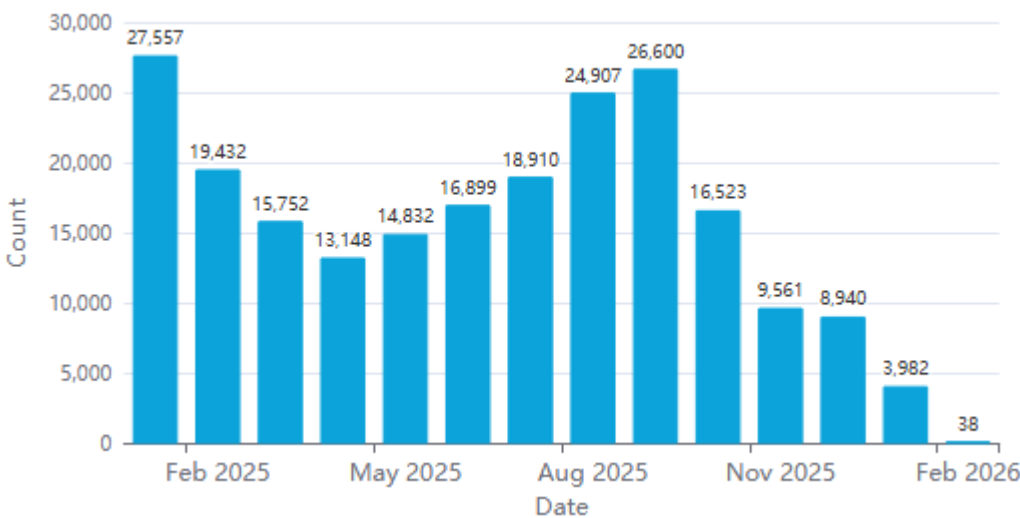
Variants of Interest (VOI)

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

Variants under monitoring

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Community
Omicron	XFG	n/a	S31P, K182R, K444R, N487D, T572I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence	Dominant
Omicron	BA.3.2	South Africa	(r)	November 2024	No evidence	No evidence	No evidence	Community

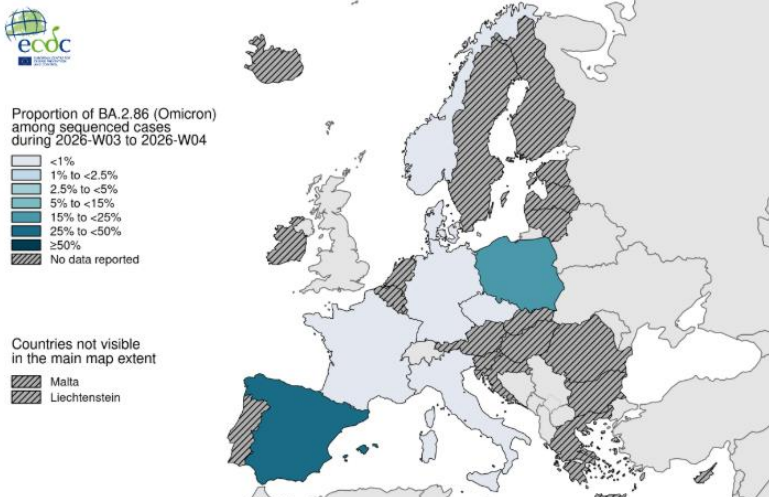
Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



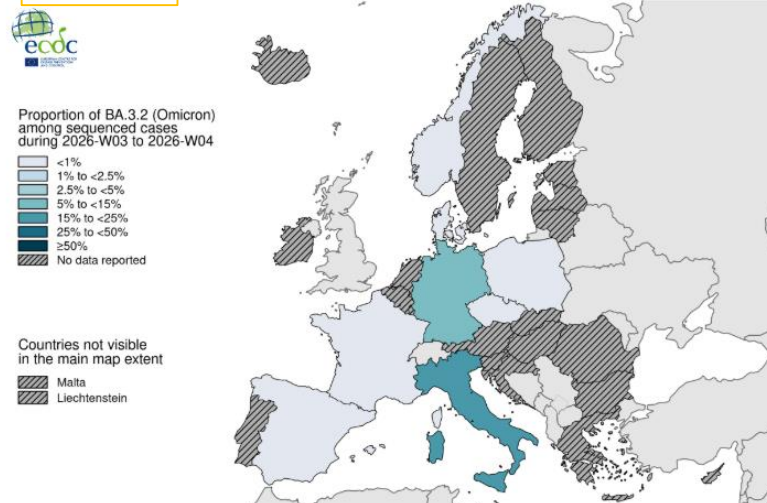
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: <https://www.erviss.org>, GISAID dostupné na: <https://www.epicov.org/>
European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 30 January 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026.
Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 3. týdnu -4. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

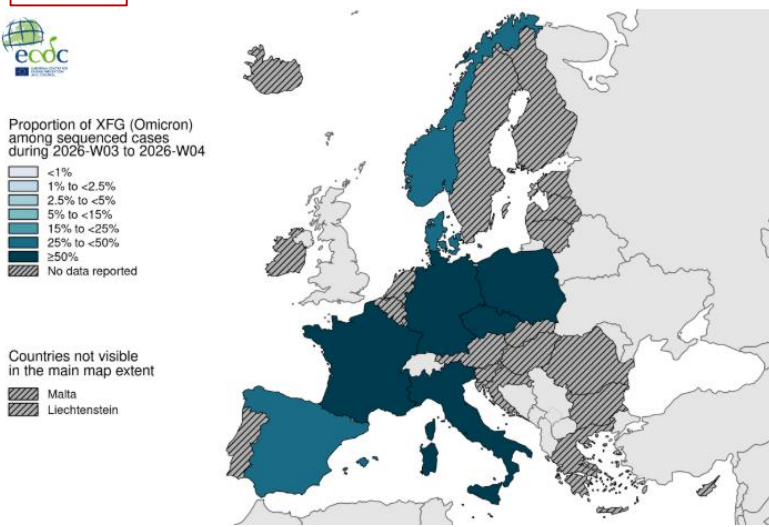
BA.2.86



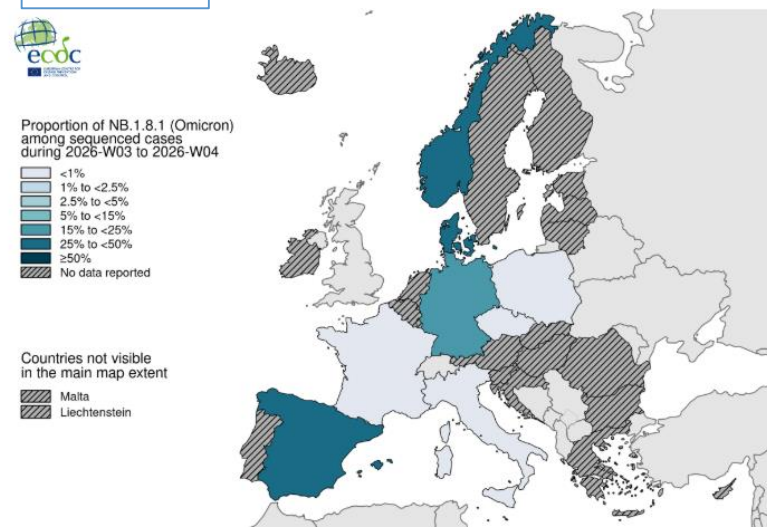
BA.3.2



XFG



NB.1.8.1



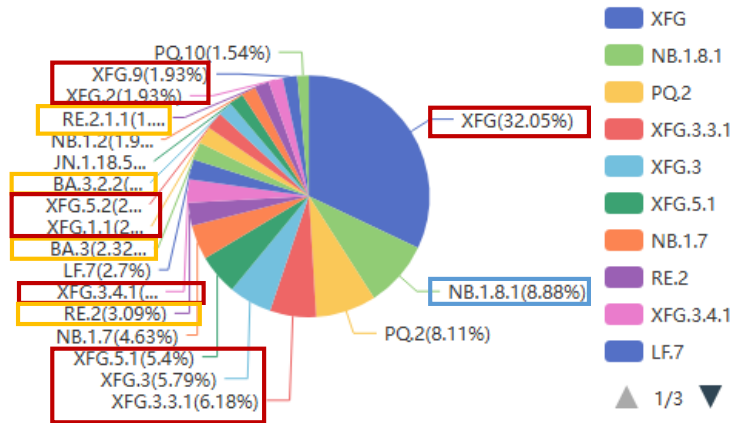
Přehled sekvenovaných variant SARS-CoV-2

SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 3–4, 2026

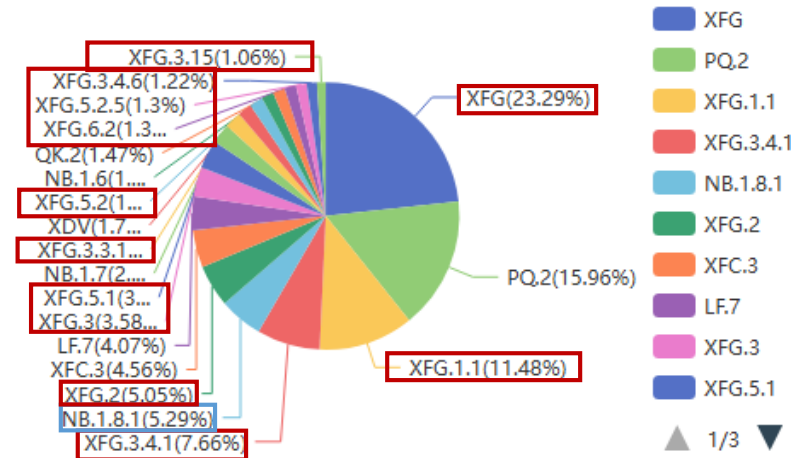
Variant	Classification ^a	Reporting countries	Detections
BA.2.86	VOI	1	4
XFG	VUM	2	32
NB.1.8.1	VUM	1	3
BA.3.2	VUM	1	1

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

Evropa 9. 1. - 9. 2. 2026



Severní Amerika 9. 1. - 9. 2. 2026

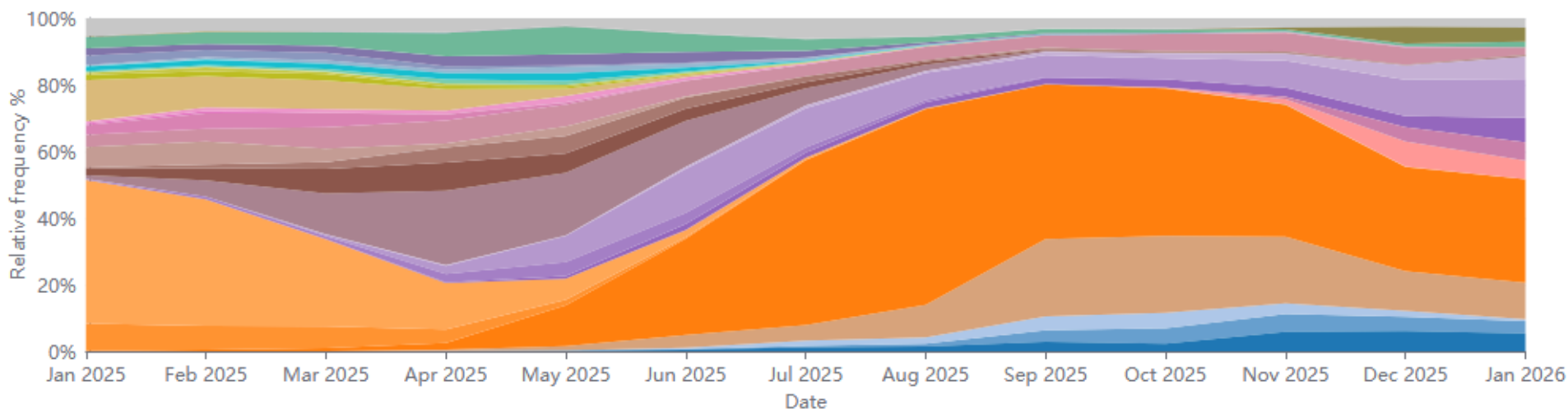


- BA.3.x (Cikáda)
- NB.1.8.1 (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)

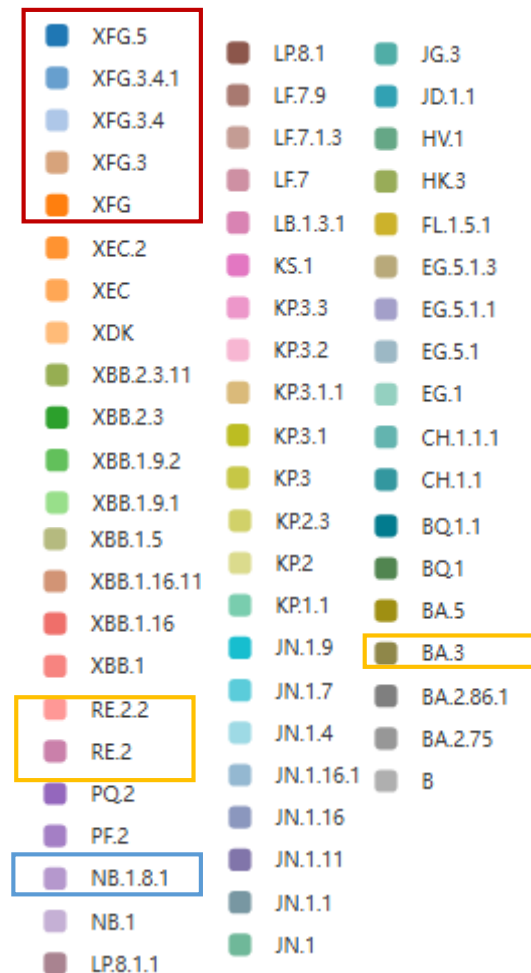
Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	333	1514	92
XFG	83	286	3
XFG.3	15	44	0
XFG.3.4.1	8	94	3
NB.1.8.1	23	65	9
BA.3	6	1	0
RE.2	8	1	0
RE.2.1.1	5	0	0
PQ.2	21	196	24

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 (83 vzorků) a její subvarianty. Tyto varianty fylogeneticky spadají do varianty XFG (Stratus). U varianty NB.1.8.1 (Nimbus) bylo v posledním měsíci 23 zachycených vzorků. Pro variantu BA.3 (Cikáda) bylo v posledním měsíci v Evropském regionu zachyceno 6 vzorků, v populaci se šíří i subvarianty odvozené od BA.3. Varianty BA.3, XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty podle WHO i ECDC.



ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 6. 2026 KT

- V 5. KT je podíl detekcí viru chřipky a stále vysoký a představuje nadále více než 60 % pozitivních detekcí. U subtypovaných vzorků detekujeme subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl v minulém týdnu zachycen 1x.
- Od 36. KT bylo v surveillanci detekováno celkem 3 244 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 231 vzorků. Ve 48 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 183 případech subtyp A/H3.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 vykazuje stabilní podíl pozitivních detekcí kolem 2,5 %.
- Podíl pozitivních detekcí RSV nadále stoupá a dosahuje téměř 20 % podíl pozitivních detekcí (19,8).
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (6,3 %).
- Celkový počet hlášených detekcí v non- sentinelové surveillance se snižuje, proto dochází i k poklesu absolutních hodnot v grafu na následující straně.

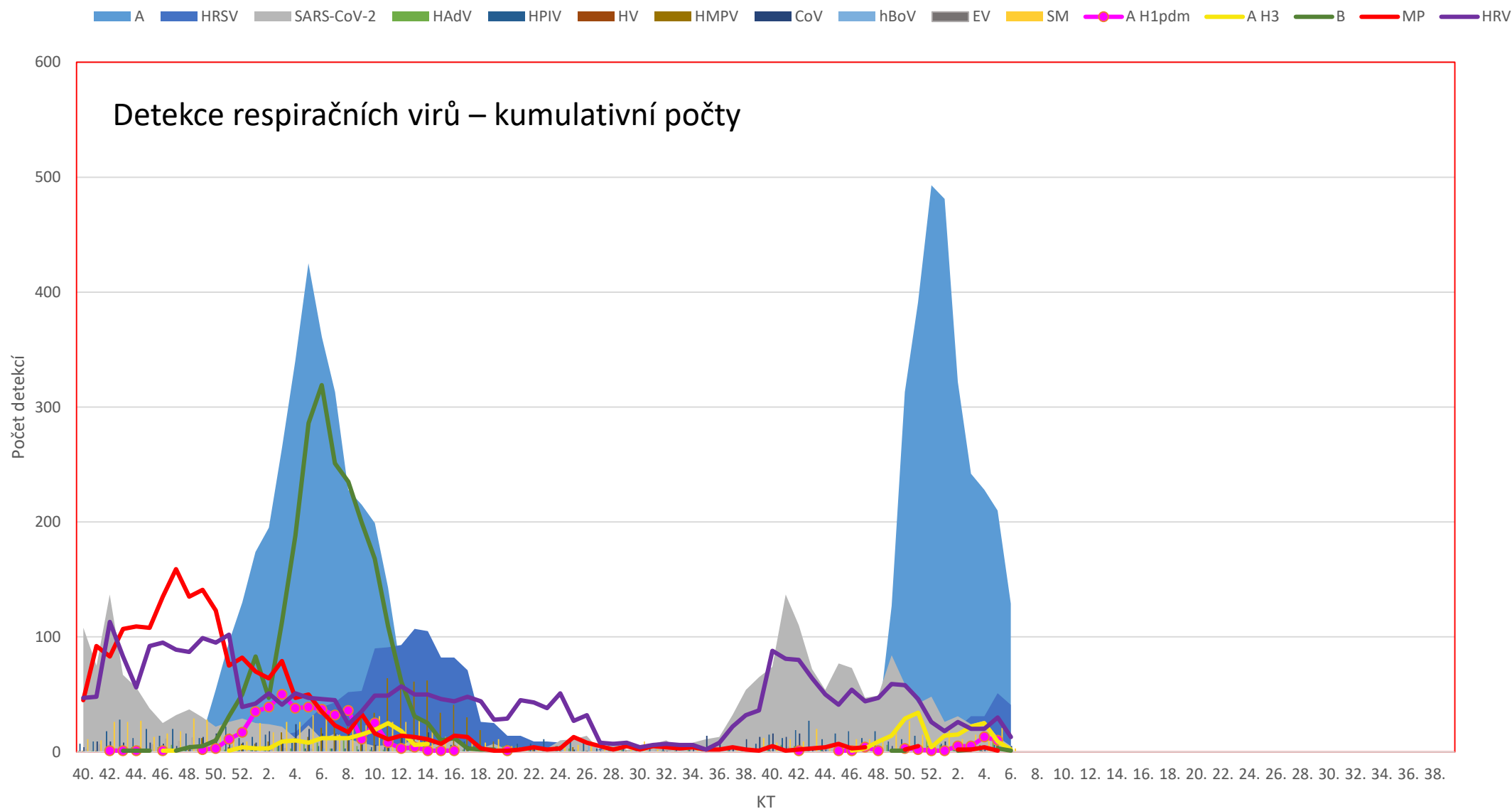
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		3.	Podíl	4.	Podíl	5.	Podíl	6.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	242	63,7%	228	60,8%	210	55,4%	129	62,3%	3013
	A H ₁ pdm	5	1,3%	13	3,5%	10	2,6%		0,0%	48
	A H ₃	22	5,8%	25	6,7%	9	2,4%	2	1,0%	183
	B	2	0,5%		0,0%	3	0,8%	1	0,5%	11
	HRSV	31	8,2%	31	8,3%	51	13,5%	41	19,8%	251
	HAdV	6	1,6%	6	1,6%	11	2,9%	4	1,9%	114
	HPIV	6	1,6%	2	0,5%	6	1,6%	3	1,4%	233
	HV	1	0,3%	1	0,3%	2	0,5%		0,0%	22
	MP	2	0,5%	4	1,1%	1	0,3%		0,0%	54
	HMPV	1	0,3%		0,0%	7	1,8%	1	0,5%	14
	CoV	2	0,5%	4	1,1%	5	1,3%	5	2,4%	143
	HRV	20	5,3%	20	5,3%	30	7,9%	13	6,3%	963
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	10
	EV	1	0,3%	2	0,5%		0,0%		0,0%	29
	SARS-CoV-2	24	6,3%	27	7,2%	13	3,4%	5	2,4%	1216
	SM	15	3,9%	12	3,2%	21	5,5%	3	1,4%	262
	pozitivní	380	22,2%	375	20,8%	379	23,9%	207	19,5%	6566
	negativní	1328		1430		1206		857		23593
Celkový počet vyšetření:		1708		1805		1585		1064		30159

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	269	70,8%	266	70,9%	229	60,4%	131	63,3%	3244
	B	2	0,5%	0	0,0%	3	0,8%	1	0,5%	2
	Celkem	271	0,713	266	0,709	232	0,6121	132	63,8%	3246



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

- Mezi 9. a 15. lednem 2026 obdržela WHO zprávy o nových lidských infekcích virem ptačí chřipky A(H9N2) v Číně. Všichni tři pacienti dětského věku se uzdravili. Zatímco jeden případ měl v epidemické anamnéze kontakt s drůbeží z domácích chovů, další dva popřeli expozici.
- A/H5N1 ptačí chřipka byla v Antarktidě potvrzena již třetí rok po sobě, mezi pozitivními zvířaty převažovali lachtani a tučňáci.
- A/H5N9 – Jižní Korea poprvé zaznamenala reassortantu H5 s neuraminidázou N9, aktuální riziko související se vznikem tohoto nového subtypu se vyšetřuje.



Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 6. KT 2026 a EU/EHP 5. KT

EU/EHP 5. KT

Chřipka: Po čtyřech týdnech klesajícího trendu ukazují data nárůst pacientů dětského věku v primární péči ve srovnání s předchozím týdnem. Většina zemí je za epidemickým píkem, oba subtypy A(H3N2) a A(H1N1)pdm09 cirkulují paralelně, ve většině zemí přetrvává dominance A/H3N2. Celkový počet hospitalizací nadále klesá. Aktuální 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 6. KT:

V 6. KT je podíl detekcí viru chřipky a stále vysoký a představuje nadále více než 60 % pozitivních detekcí. U subtypovaných vzorků detekujeme subtyp H3N2. Virus chřipky typu B byl v minulém týdnu zachycen 1x.

Od 36. KT bylo v surveillanci detekováno celkem 3 244 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 231 vzorků. Ve 48 případech byl určen subtyp A/H1pdm, ve 183 případech subtyp A/H3.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 vykazuje stabilní podíl pozitivních detekcí kolem 2,5 %.

Podíl pozitivních detekcí RSV nadále stoupá a dosahuje téměř 20% podílu pozitivních detekcí.

Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (6,3 %).

Celkový počet hlášených detekcí v non-sentinelové surveillance se snižuje.

Ptačí chřipka: detekce u savců a ptáků již 3. rokem na Antarktidě napovídá enzootickému výskytu, v Jižní Koreji detekován nový subtyp HPAI – A/H5N9, související riziko zatím není známo. Čína potvrdila 3 onemocnění člověka A/H9N2, jedná se o děti, u všech případů došlo k úzdavě, pouze v jednom případě je v epidemické anamnéze uveden kontakt s drůbeží.

Epidemická situace ČR 6. KT:

V 6. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1534 na 100 000 obyvatel, což stále představuje mírný vzestup, a to o 2,5 % v porovnání s předchozím týdnem. Aktuální nemocnost je nadále vysoká ve všech sledovaných věkových skupinách. K poklesu nemocnosti u školáků přispěly jarní prázdniny, které začaly ve vybraných okresech. Epidemické šíření chřipky v ČR nadále probíhá. Nejvyšší nemocnost ARI je hlášena z Moravskoslezského kraje.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 6. 2. 2026 hlášeno celkem 299 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 103 osob následkům infekce podlehl.

Výskyt chřipky sice bude ještě přetrvávat i v dalším období, ale její aktivita by se v dalších týdnech již mohla pomalu začít snižovat.