



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 23/02/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP 7. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění zůstává ve většině zemí zvýšený, což naznačuje přetrvávající cirkulaci respiračních virů ve většině zemí EU/EHP.

Cirkulace viru chřipky přes klesající trend zůstává nadále zvýšená. Přesto zůstává chřipka A(H3), následovaná A(H1)pdm09 dominantním patogenem. S poklesem cirkulace viru chřipky se rovněž snížil počet hospitalizovaných osob. Největší podíl tvořili dospělí ve věku 65 let a starší. V rámci sekvenace dominuje v případě H1N1pdm D.3.1 (5a.2a.1), v případě H3N2 subkláda K, následovaná J.2 a J.2.4, všechny spadající do klády 2a.3a.1.

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) zůstává zvýšená a nadále roste. Hospitalizace vykazují celkově rostoucí trend, přičemž nejvíce hospitalizací tvoří děti mladší pěti let.

Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a počet hospitalizací v důsledku SARS-CoV-2 je v současnosti omezený. V rámci sekvenace dominuje varianta XFG.x - Stratus (včetně subvariant od ní odvozených), dále varianta NB.1.8.1 (Nimbus) a BA.3.x (Cikáda).

EuroMOMO (Evropský monitoring úmrtnosti) hlásí zvýšenou úroveň úmrtnosti ze všech příčin, a to jak celkově, tak i u osob starších 65 let.

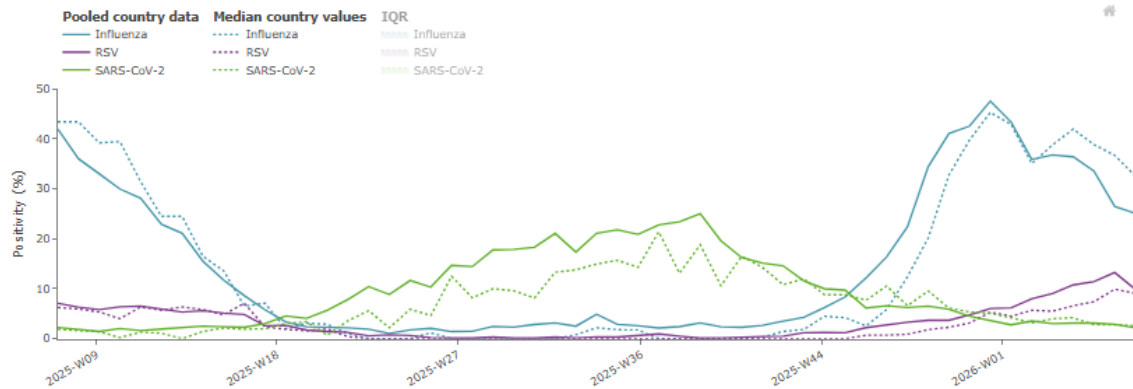
EU/EEA detekce SARS-CoV-2, RSV a chřipky 7. KT 2026

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

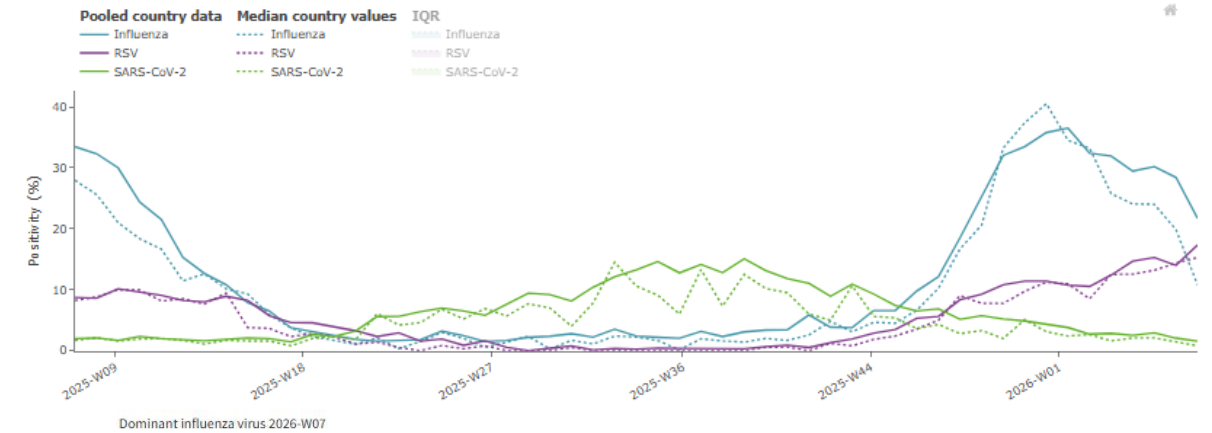
Figure Table



(b)

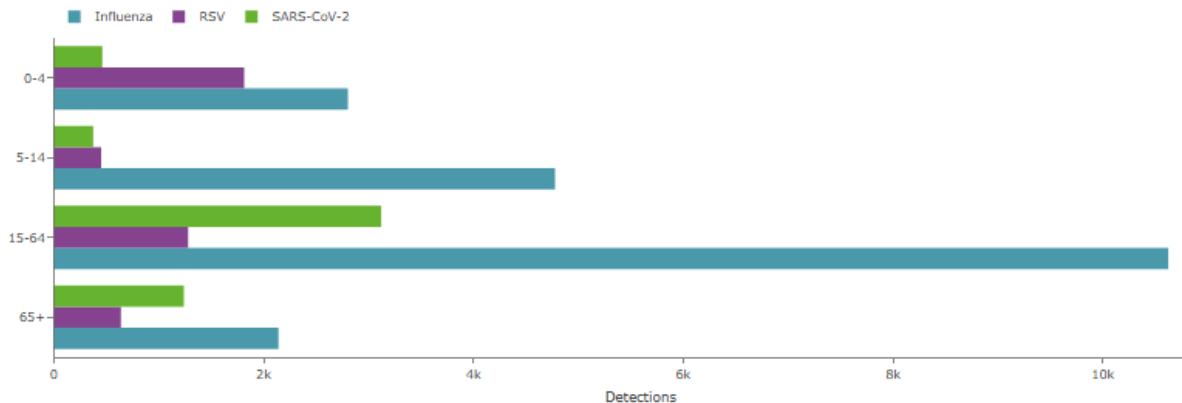
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table

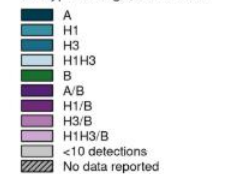


(c) Virologická surveillance – detekce ve věkových skupinách

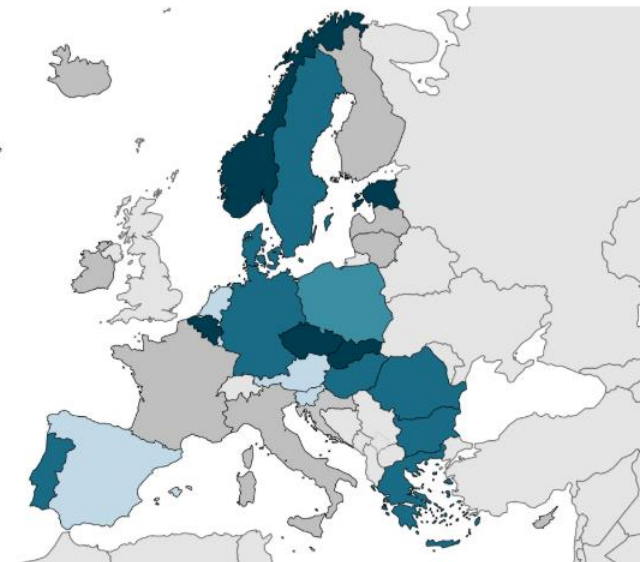
Cumulative detections by age group, 2025-W07 to 2026-W07



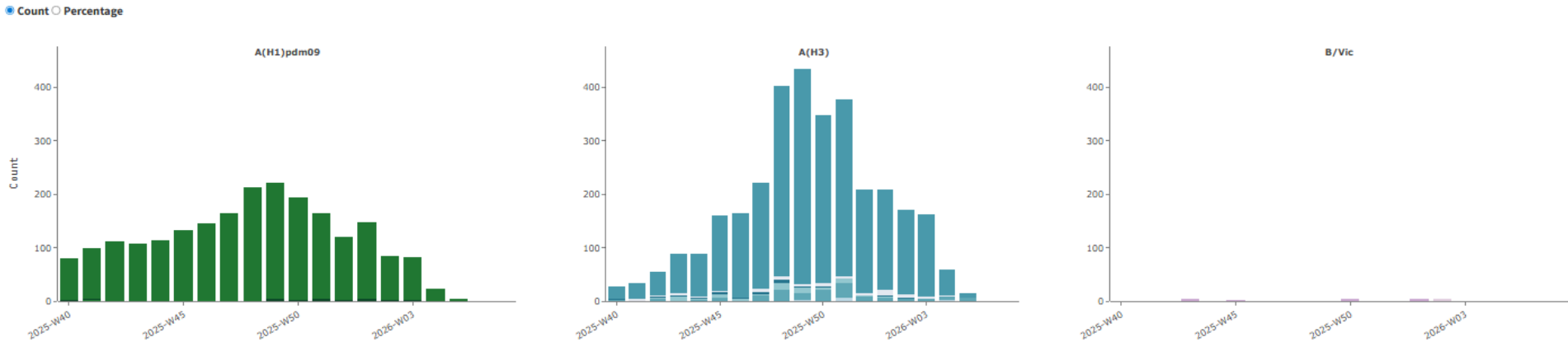
Dominant influenza virus type, subtype/lineage, 2026-W07



Countries not visible in the main map extent



Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype



- 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

Genetically characterised influenza virus distribution, week 40, 2025 to week 7, 2026

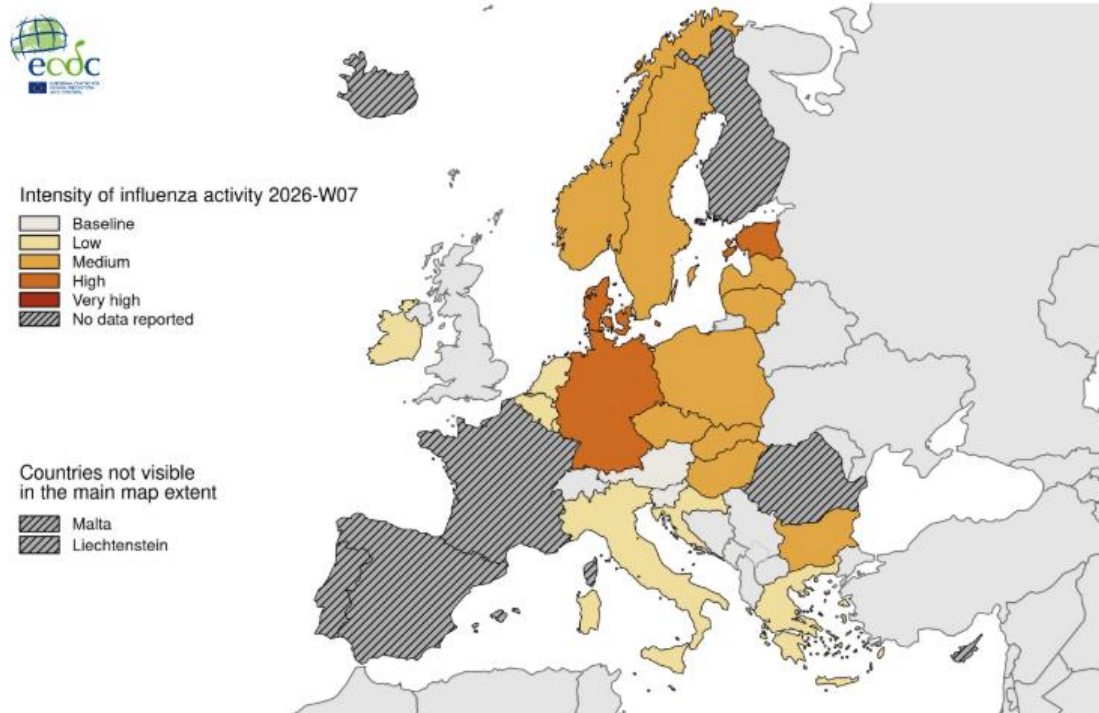
Subtype distribution			Subclade distribution		
Subtype	N	%	Subclade	N	%
A(H1)pdm09	2221	41	5a.2a.1(D.3.1)	2189	99
			5a.2a.1(D)	26	1
			5a.2a(C.1.9.3)	6	0.3
A(H3)	3238	59	2a.3a.1(K)	2906	90
			2a.3a.1(J.2)	233	7
			2a.3a.1(J.2.4)	56	2
			2a.3a.1(J.2.2)	26	0.8
			2a.3a.1(J)	17	0.5
B/Vic	19	0.3	V1A.3a.2(C.5.6)	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 6. KT a 7. KT 2026

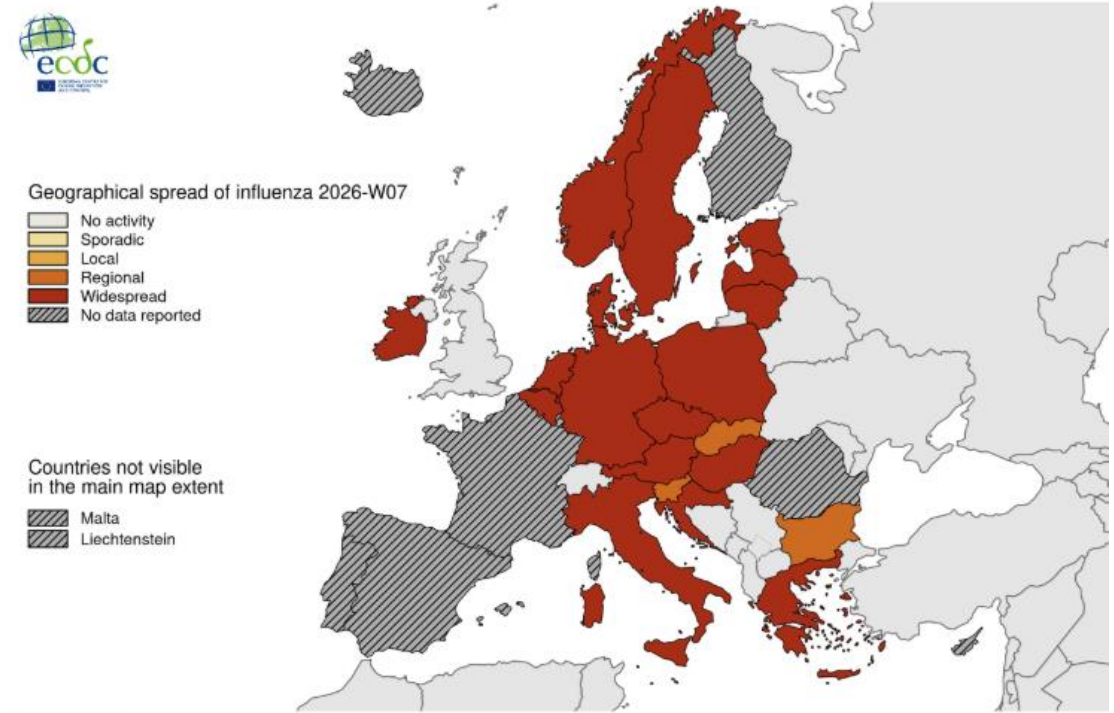
Key indicators in week 7, 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary
		Week 7	Week 6		Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	13 rates (8 MEM)	18 rates (10 MEM)	Distribution of country MEM categories	3 Baseline 4 Low 1 Medium
	ILI	18 rates (16 MEM)	22 rates (20 MEM)		5 Baseline 7 Low 4 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	17	21	Pooled (median; IQR)	25% (33; 19–48%)
	RSV	16	20		9.9% (9.1; 5.4–13%)
	SARS-CoV-2	15	18		2.2% (2.6; 1.2–7.5%)
SARI rates in hospitals	SARI	10 rates (5 MEM)	12 rates (6 MEM)	Distribution of country MEM categories	5 Baseline
SARI test positivity in hospitals	Influenza	9	11	Pooled (median; IQR)	22% (11; 3.6–26%)
	RSV	9	12		17% (15; 13–24%)
	SARS-CoV-2	9	11		1.6% (0.8; 0.4–2.3%)
Intensity (country-defined)	Influenza	21	25	Distribution of country qualitative categories	2 Baseline 7 Low 9 Medium 3 High
Geographic spread (country-defined)	Influenza	20	24	Distribution of country qualitative categories	3 Regional 17 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W07

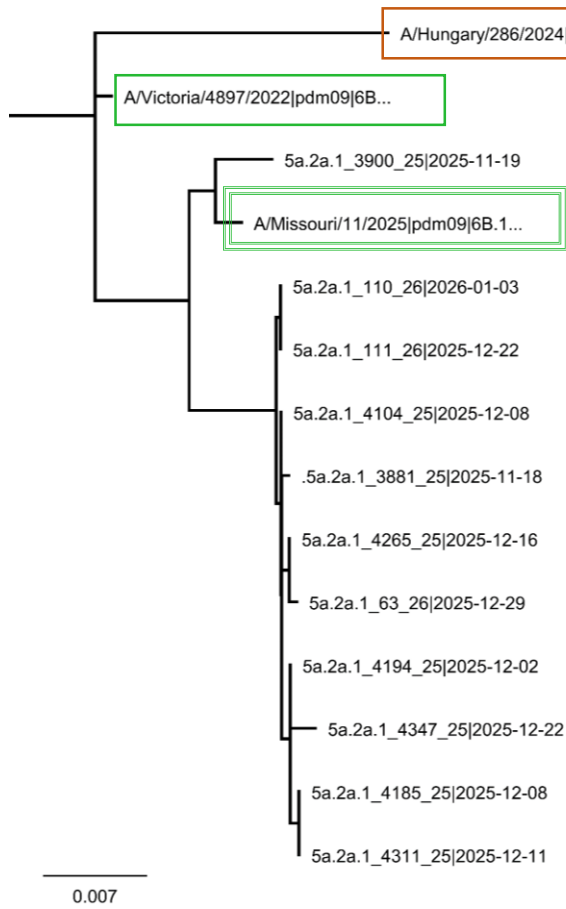


Geographical spread of influenza 2026-W07



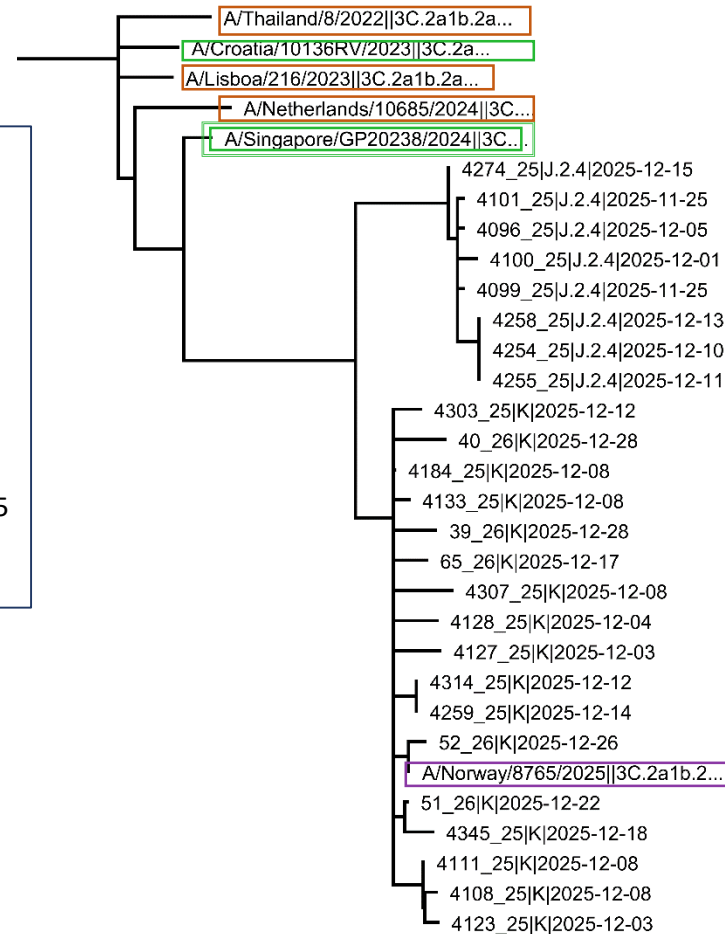
Fylogenetická analýza segmentu HA (hemagglutinin) u chřipky A variant H1N1 a H3N2 v ČR prosinec 2025 a leden 2026

Dendrogram – fylogenetická sekvenační analýza viru chřipky A H1N1pdm segmentu HA (ovlivňujícím vstup patogenu do buňky) podle 93% podobnosti zakotvená k referenčnímu kmenu A/Hungary/286/2024|pdm09|6B.1A.5a.2a|EPI3747984 - 11 vzorků + 2 vakcinální kmeny (pro jižní polokouli - dvojité ohrazení) a 1 referenčního kmenu)



Ze vzorků s listopadovým, prosincovým a lednovým datem odběru bylo osekvenováno 11 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.

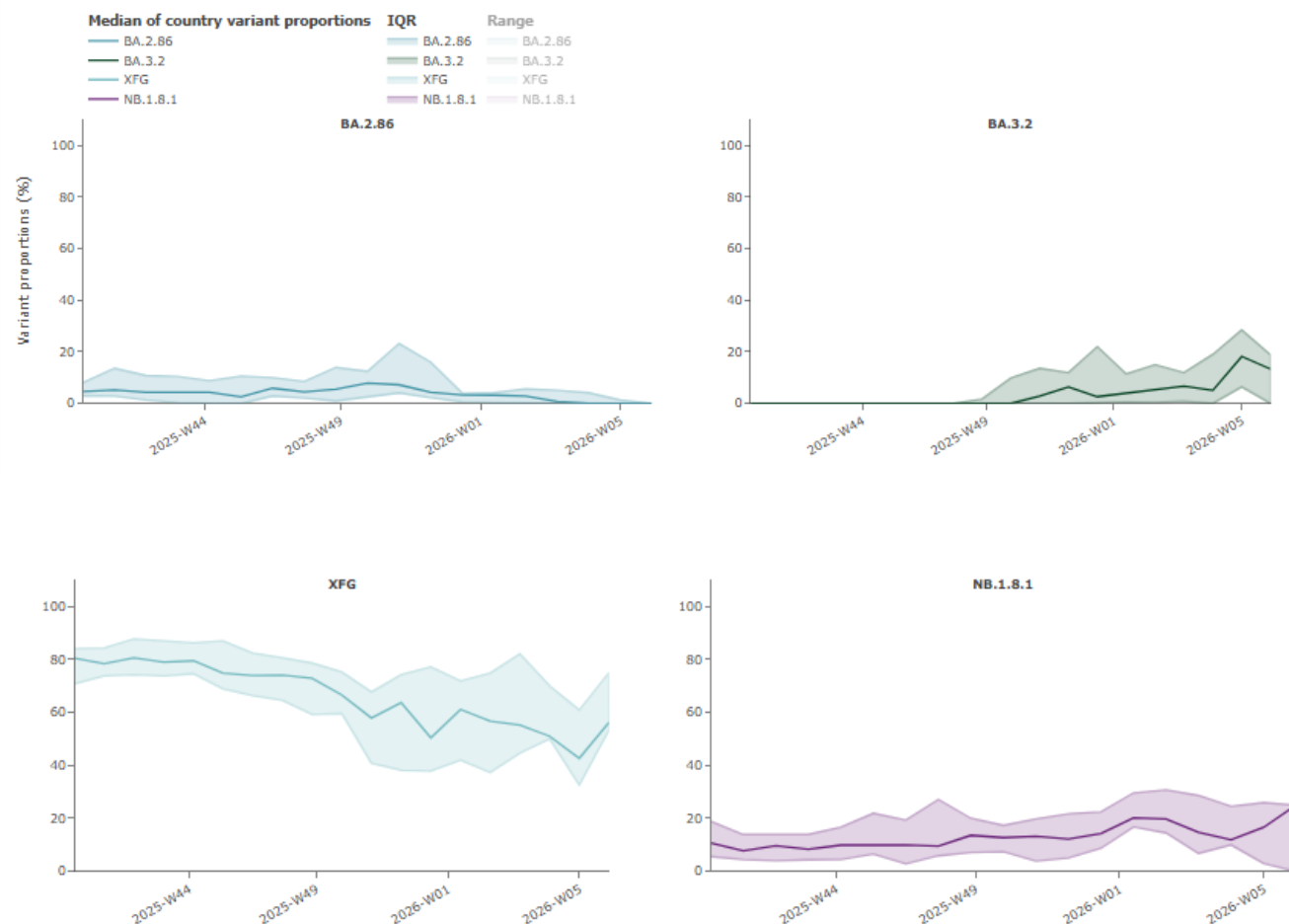
Dendrogram - fylogenetická sekvenační analýza viru chřipky A H3N2 segmentu HA (ovlivňujícím vstup patogenu do buňky) podle 93% podobnosti zakotvená k referenčnímu kmenu A/Thailand/8/2022|3C.2a1b.2a.2a.3a.1|EPI2178977 - 25 vzorků + 2 vakcinální kmeny (pro jižní polokouli - dvojité ohrazení), 1 referenční kmen pro subkládu K a 3 referenční kmeny



Ze vzorků s listopadovým a prosincovým datem odběru bylo osekvenováno 25 vzorků. V analyzovaných vzorcích byly zachyceny linie: 3C.2a1b.2a.2a.3a.1/K a 3C.2a1b.2a.2a.3a.1/J.4.2. Linie 3C.2a1b.2a.2a.3a.1/K je fylogeneticky nejbližší referenčnímu kmenu pro subkládu K: A/Norway/8765/2025|3C.2a1b.2a.2a.3a.1/K|EPI4742502. Kromě subklády K byla u 8 vzorků zachycena subkláda J.4.2.

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

Distribution of 2-weekly country variant proportions



Objem sekvenování v 5. a 6. týdnu 2026

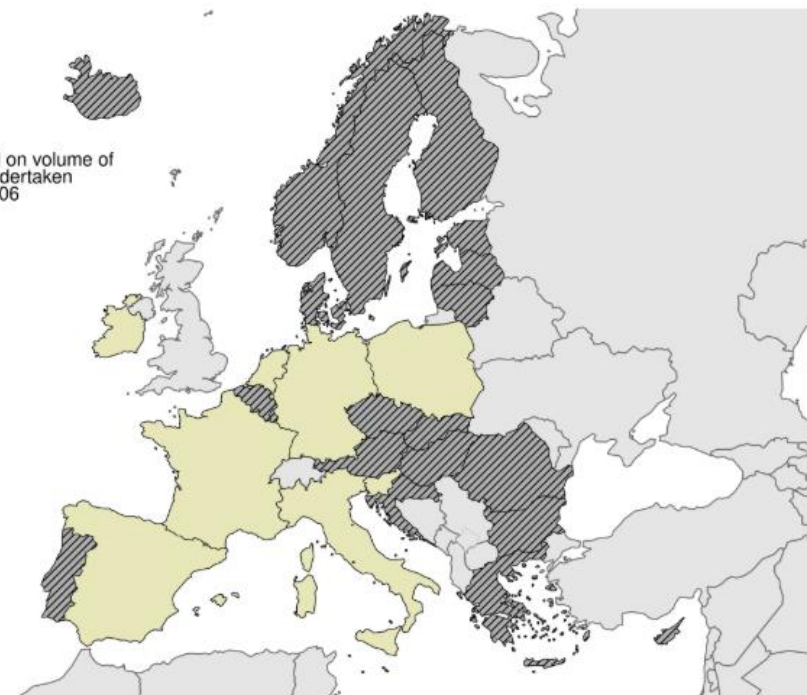
Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W05 to 2026-W06



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W05 to 2026-W06



Countries not visible in the main map extent





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 23. 2. 2026

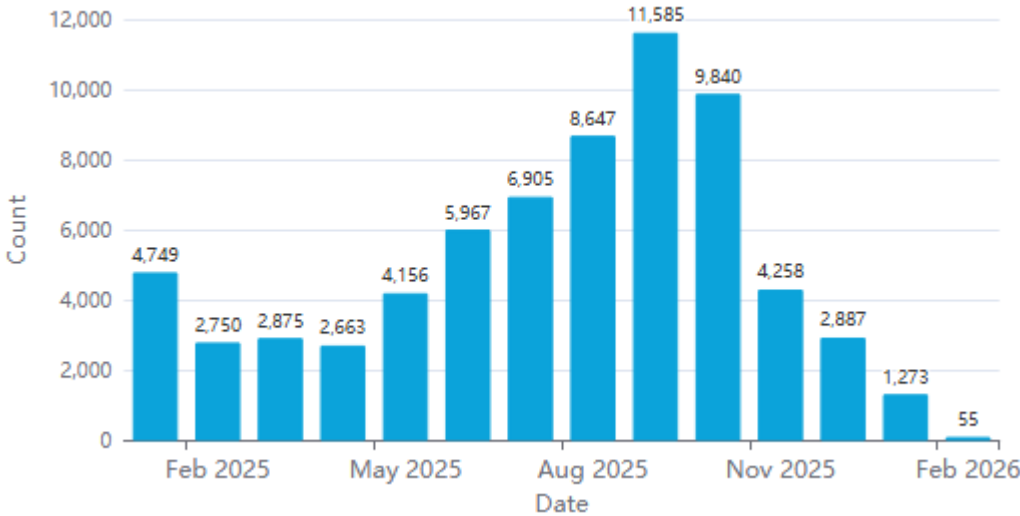
Variants of Interest (VOI)

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

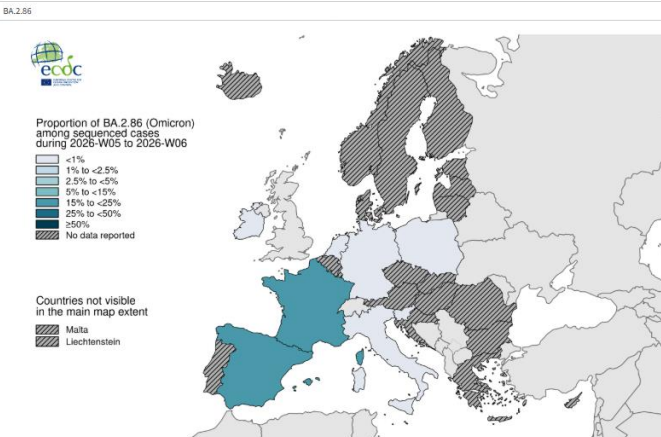
Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



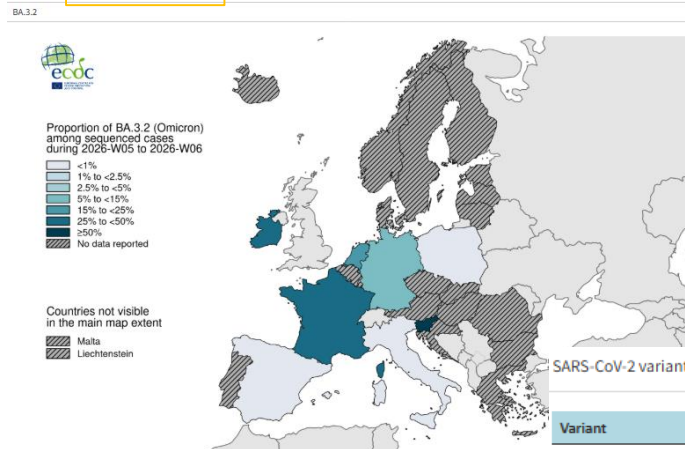
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: <https://www.erviss.org>, GISAID dostupné na: <https://www.epicov.org/>
European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 30 January 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026.
Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 5. týdnu - 6. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

BA.2.86



BA.3.2

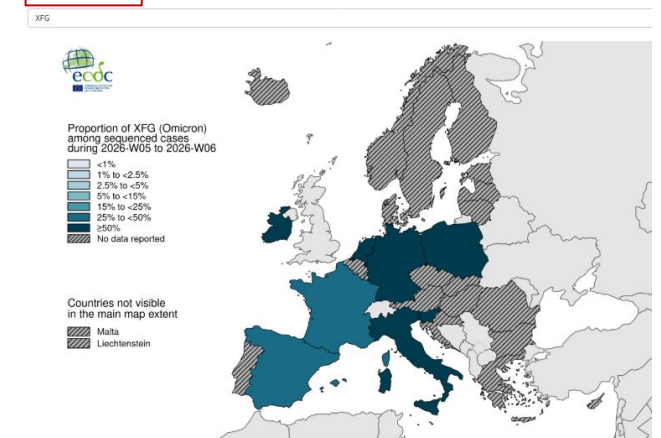


Přehled sekvenovaných variant SARS-CoV-2

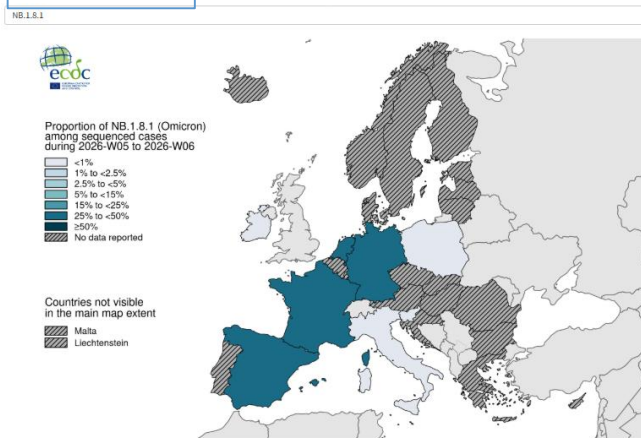
SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 5-6, 2026

Variant	Classification ^a	Reporting countries	Detections	Distribution (median and IQR)
BA.2.86	VOI	1	2	0% (0-0%)
XFG	VUM	5	50	56% (53-75%)
NB.1.8.1	VUM	3	12	25% (0-25%)
BA.3.2	VUM	3	9	13% (0-19%)

XFG

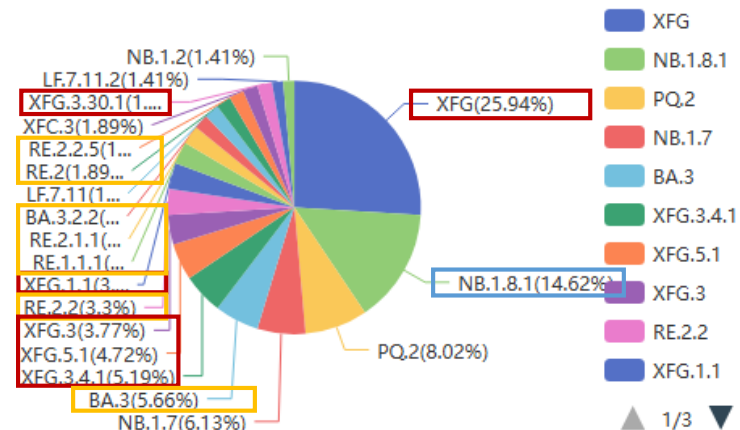


NB.1.8.1

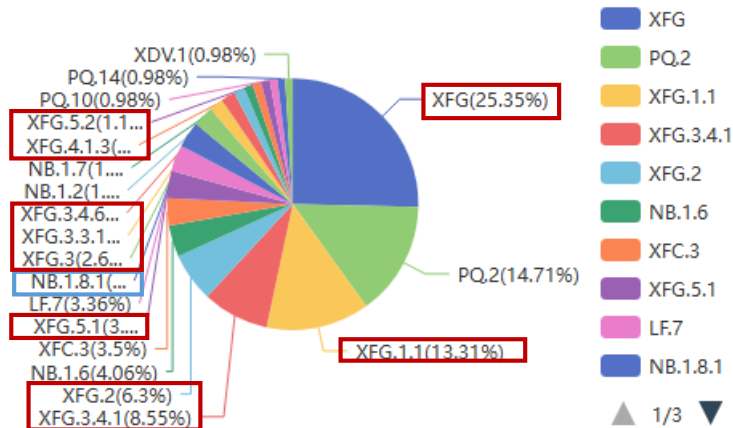


Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčtetnějších variant SARS-CoV-2

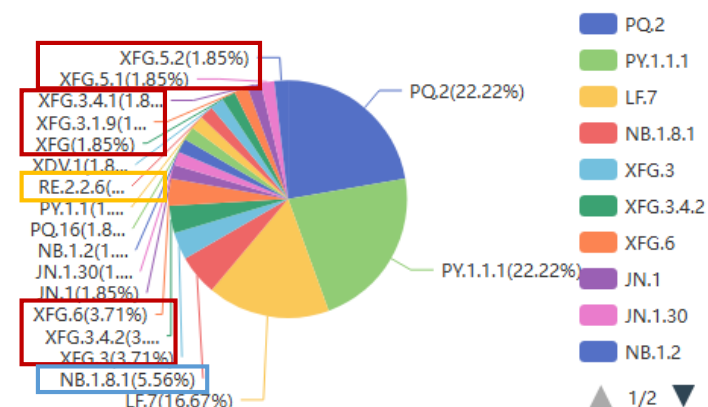
Evropa 23. 1. - 23. 2. 2026



Severní Amerika 23. 1. - 23. 2. 2026



Asie 23. 1. - 23. 2. 2026

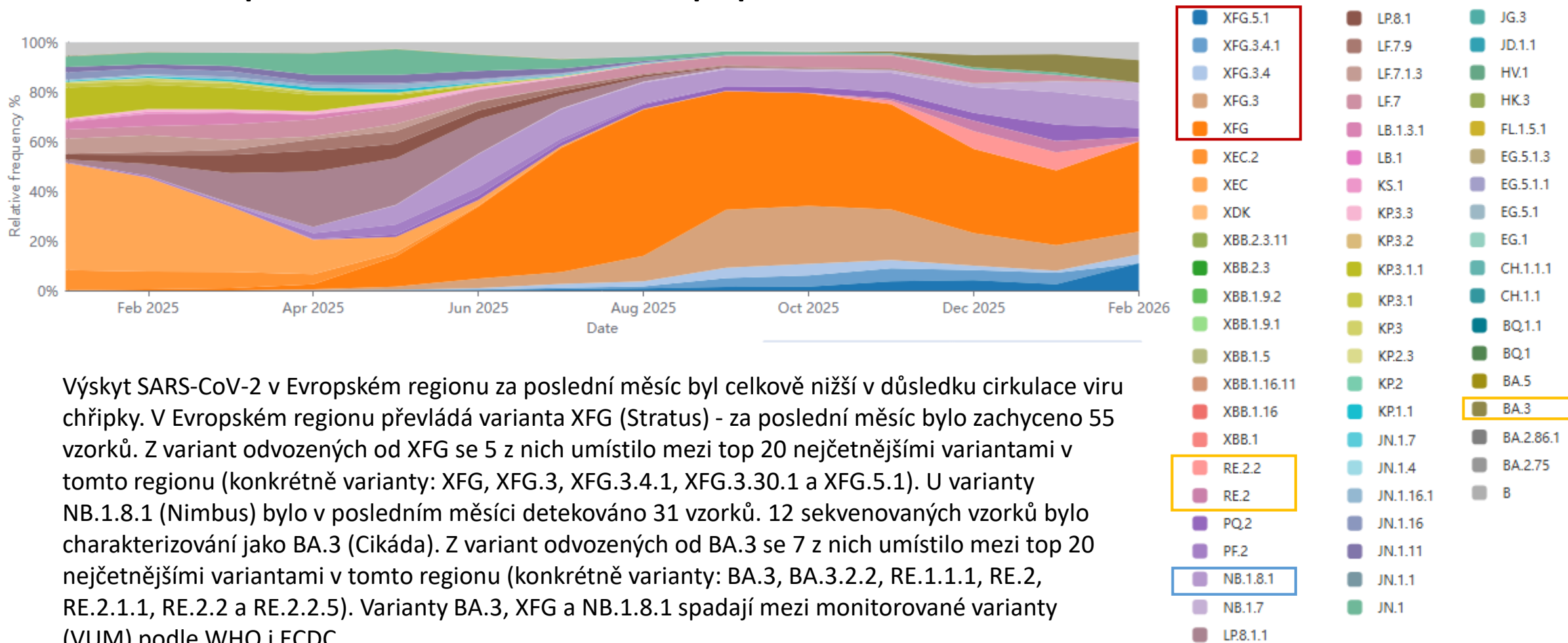


- BA.3.x (Cikáda)
- NB.1.8.1 (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)

Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	268	877	54
XFG	55	181	1
XFG.3	8	19	2
XFG.3.4.1	11	61	1
NB.1.8.1	31	24	3
BA.3	12	1	0
RE.2	4	1	0
RE.2.2	7	1	0
PQ.2	17	105	12

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

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



ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 8. KT 2026

- V 8. KT vidíme přes setrvalý pokles nadále přetrvávající vysokou cirkulaci virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl na 30 %. U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B nebyl v minulém týdnu detekován.
- Od 36. KT bylo v surveillance detekováno celkem 3 500 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 272 vzorků. V 52 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 220 případech subtyp A/H3.
- Do popředí se dostává respirační syncytiální virus - RSV, kdy podíl pozitivních detekcí již 4. týdnem poměrně strmě stoupá. Nyní představuje téměř 45% pozitivních detekcí.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje necelé 2 % podílu pozitivních detekcí, v posledních týdnech jeho zastoupení kolísá mezi 2 a 5 %.
- Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (5,2 %), zvýšenou míru cirkulace detekujeme u sezónních koronavirů (NL63, IC43, 229E, HKU1) ty představují 7,5 % pozitivních detekcí.
- Celkový počet hlášených detekcí v non- sentinelové surveillance se snížil oproti vrcholu chřipkové epidemie, proto dochází i k poklesu absolutních hodnot v grafu na následující straně.

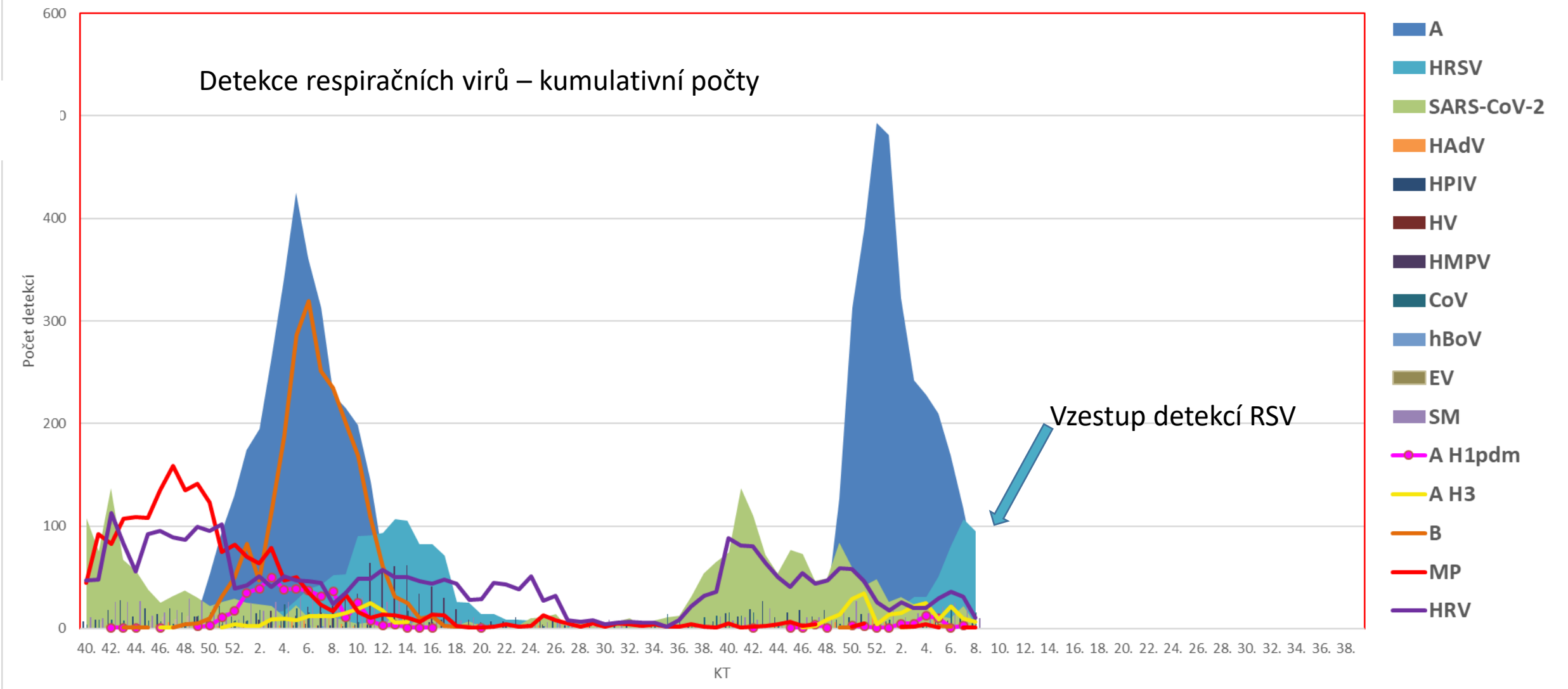
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		5.	Podíl	6.	Podíl	7.	Podíl	8.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	210	55,4%	169	43,6%	116	33,1%	57	26,9%	3226
	A H ₁ pdm	10	2,6%	1	0,3%	3	0,9%		0,0%	52
	A H ₃	9	2,4%	22	5,7%	10	2,9%	7	3,3%	220
	B	3	0,8%	2	0,5%		0,0%		0,0%	12
	HRSV	51	13,5%	80	20,6%	107	30,6%	95	44,8%	492
	HAdV	11	2,9%	7	1,8%	6	1,7%	2	0,9%	125
	HPIV	6	1,6%	8	2,1%	12	3,4%	6	2,8%	256
	HV	2	0,5%		0,0%	2	0,6%	1	0,5%	25
	MP	1	0,3%		0,0%	1	0,3%	1	0,5%	56
	HMPV	7	1,8%	2	0,5%	6	1,7%	2	0,9%	23
	CoV	5	1,3%	24	6,2%	7	2,0%	16	7,5%	185
	HRV	30	7,9%	36	9,3%	31	8,9%	11	5,2%	1028
	hBoV		0,0%		0,0%	1	0,3%		0,0%	11
	EV		0,0%	2	0,5%	1	0,3%		0,0%	32
	SARS-CoV-2	13	3,4%	10	2,6%	22	6,3%	4	1,9%	1247
	SM	21	5,5%	25	6,4%	25	7,1%	10	4,7%	319
	pozitivní	379	23,9%	388	24,2%	350	21,4%	212	18,5%	7309
	negativní	1206		1217		1289		936		26178
Celkový počet vyšetření:		1585		1605		1639		1148		33487

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		5.	Podíl	6.	Podíl	7.	Podíl	8.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	229	60,4%	192	49,5%	129	36,9%	64	30,2%	3498
	B	3	0,8%	2	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	2
	Celkem	232	0,612	194	0,5	129	0,3686	64	30,2%	3500



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



Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 8. KT 2026 a EU/EHP 7. KT

EU/EHP 7. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění zůstává ve většině zemí EU/EHP zvýšený, což naznačuje přetrvávající cirkulaci respiračních virů. Cirkulace viru chřipky přes klesající trend zůstává nadále zvýšená. Přesto zůstává chřipka A(H3), následovaná A(H1)pdm09 dominantním patogenem. S poklesem cirkulace viru chřipky se rovněž snížil počet hospitalizovaných osob. Největší podíl tvořili dospělí ve věku 65 let a starší. V rámci sekvenace dominuje v případě H1N1pdm D.3.1 (5a.2a.1), v případě H3N2 subkláda K, následovaná J.2 a J.2.4, všechny tři spadají do klády 2a.3a.1. Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) zůstává zvýšená a nadále roste. Hospitalizace vykazují celkově rostoucí trend, nejvíce hospitalizací tvoří děti mladší pěti let. Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a počet hospitalizací v důsledku SARS-CoV-2 je v současnosti omezený. V rámci sekvenace dominuje varianta XFG.x - Stratus (včetně subvariant od ní odvozených), dále varianta NB.1.8.1 (Nimbus) a BA.3.x (Cikáda). EuroMOMO (Evropský monitoring úmrtnosti) hlásí zvýšenou úroveň úmrtnosti ze všech příčin, a to jak celkově, tak i u osob starších 45 let.

Virologická surveillance ČR 8. KT:

V 8. KT vidíme přes setrvalý pokles nadále přetrvávající vysokou cirkulaci virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl na 30 %. U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B nebyl v minulém týdnu detekován. Od 36. KT bylo v surveillance detekováno celkem 3 500 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypizováno pouze 272 vzorků. V 52 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 220 případech subtyp A/H3. Do popředí se dostává respirační syncytiální virus - RSV, jehož podíl pozitivních detekcí již 4. týdnem poměrně strmě stoupá. Nyní představuje téměř 45 % pozitivních detekcí. Tato data naznačují nástup epidemické vlny RSV. Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje necelá 2 % podílu pozitivních detekcí, v posledních týdnech jeho zastoupení kolísá mezi 2 % a 5 %. Dalšími cirkulujícími viry jsou rhinoviry (5,2 %), zvýšenou míru cirkulace detekujeme u sezónních koronavirů (NL63, IC43, 229E, HKU1), ty představují 7,5 % pozitivních detekcí. **Ptačí chřipka:** Detekce viru ptačí chřipky A/H5N1 v pražské ZOO nepředstavuje riziko pro návštěvníky. Riziko nákazy pro zaměstnance a veterináře je nízké. Situace je monitorována KHS ve spolupráci s NRL. Doposud nebyl potvrzen žádný případ přenosu viru na člověka. Austrálie hlásí první detekci viru H5N1 na svém území, virus byl potvrzen v kolonii tučňáků na ostrově geograficky náležejícím do Antarktické oblasti.

Epidemická situace ČR 8. KT:

V 8. týdnu roku 2026 dosáhla v ČR nemocnost akutních respiračních infekcí (ARI) úrovně 1423 na 100 000 obyvatel, což představuje pokles téměř o 5 % v porovnání s předchozím týdnem. Počty nemocných klesají ve všech věkových skupinách s výjimkou dětí do pěti let. Nejvyšší nemocnost ARI je hlášena z Plzeňského a z Moravskoslezského kraje. Chřipka je nadále hlavním původcem respiračních onemocnění, ale její aktivita se již pomalu snižuje.

V aktuální chřipkové sezoně bylo do 20. 2. 2026 hlášeno celkem 358 klinicky závažných případů chřipkové infekce vyžadující hospitalizaci v režimu intenzivní péče, z nichž 125 osob následkům infekce podlehl.