



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 23/03/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP 11. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění se ve většině zemí navrátil k normálu.

Cirkulace viru chřipky nadále klesá ve všech zemích EU/EHP. Stejně tak klesá počet hospitalizovaných osob, většina hospitalizovaných osob pro onemocnění chřipkou je starší 65 let. Dominantním subtypem je nadále A(H3).

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) zůstává stále zvýšená, přičemž většinu hospitalizovaných představují děti do 5 let.

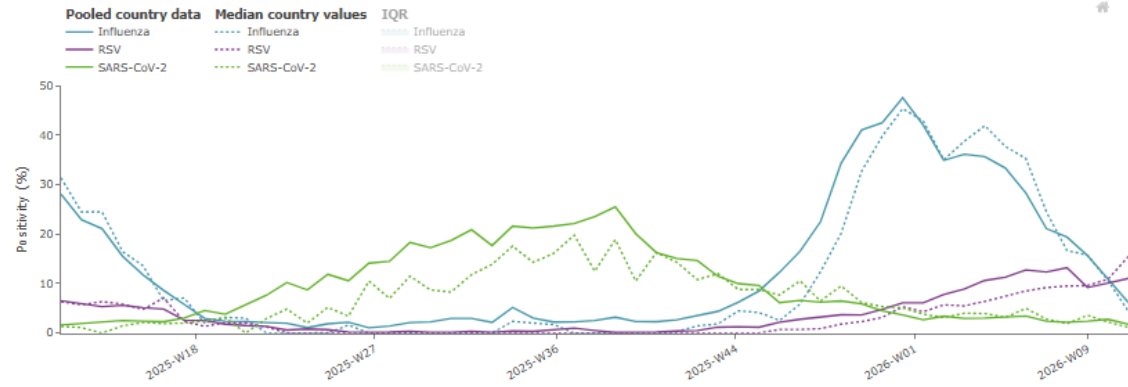
Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a nízký je i související počet hospitalizovaných. V rámci sekvenace dominuje varianta a BA.3.x (Cikáda).

EuroMOMO (Evropský monitoring úmrtnosti) EuroMOMO hlásilo úmrtnost ze všech příčin na očekávané úrovni ve všech věkových skupinách.

a)

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

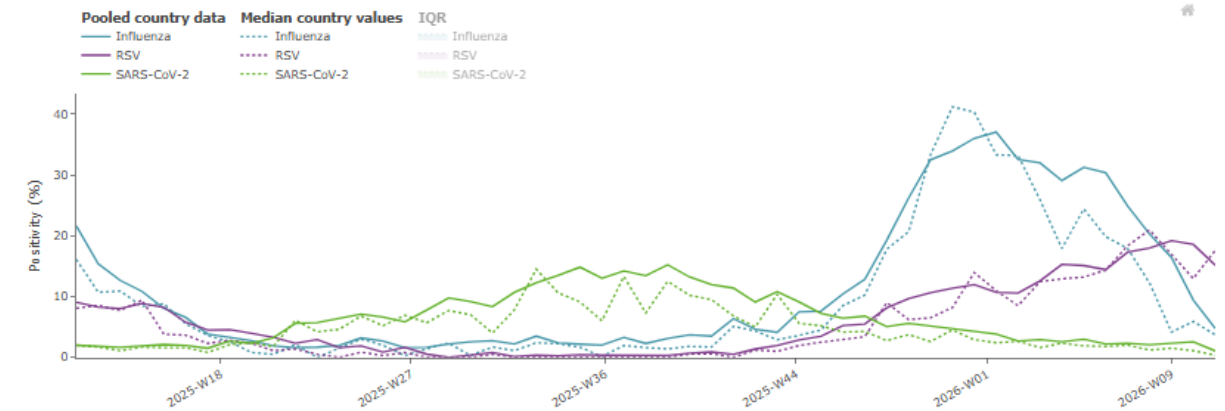
Figure Table



b)

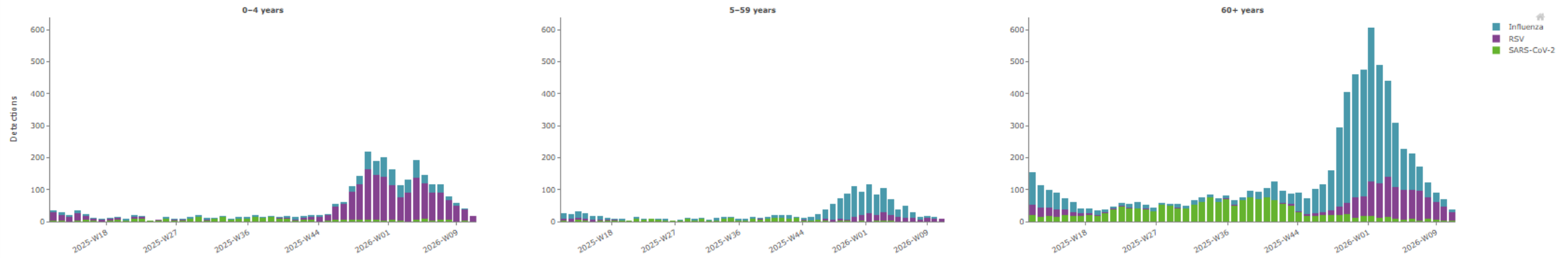
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



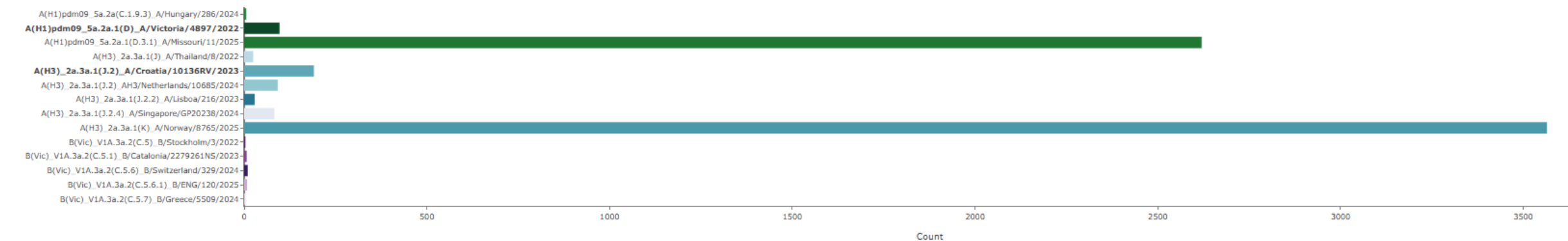
c)

Weekly detections by age



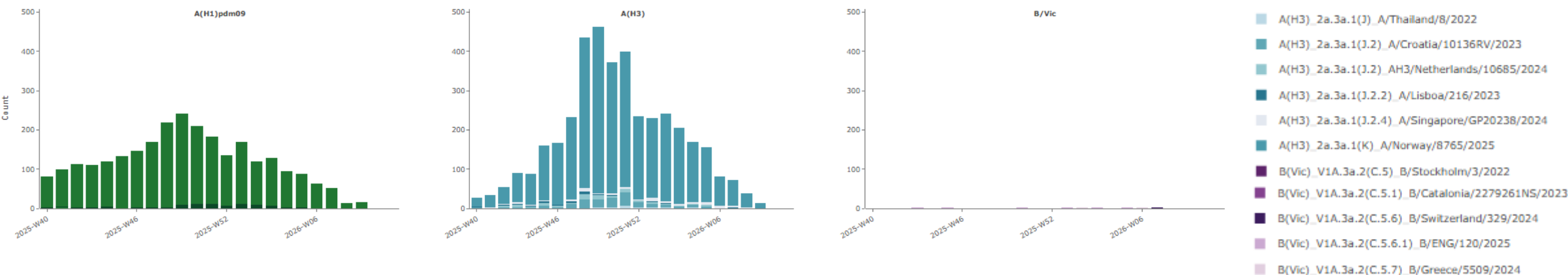
Cumulative influenza virus detections by genetic clade, 2025-W40 to 2026-W11

☒ Barchart ☐ Table



Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype

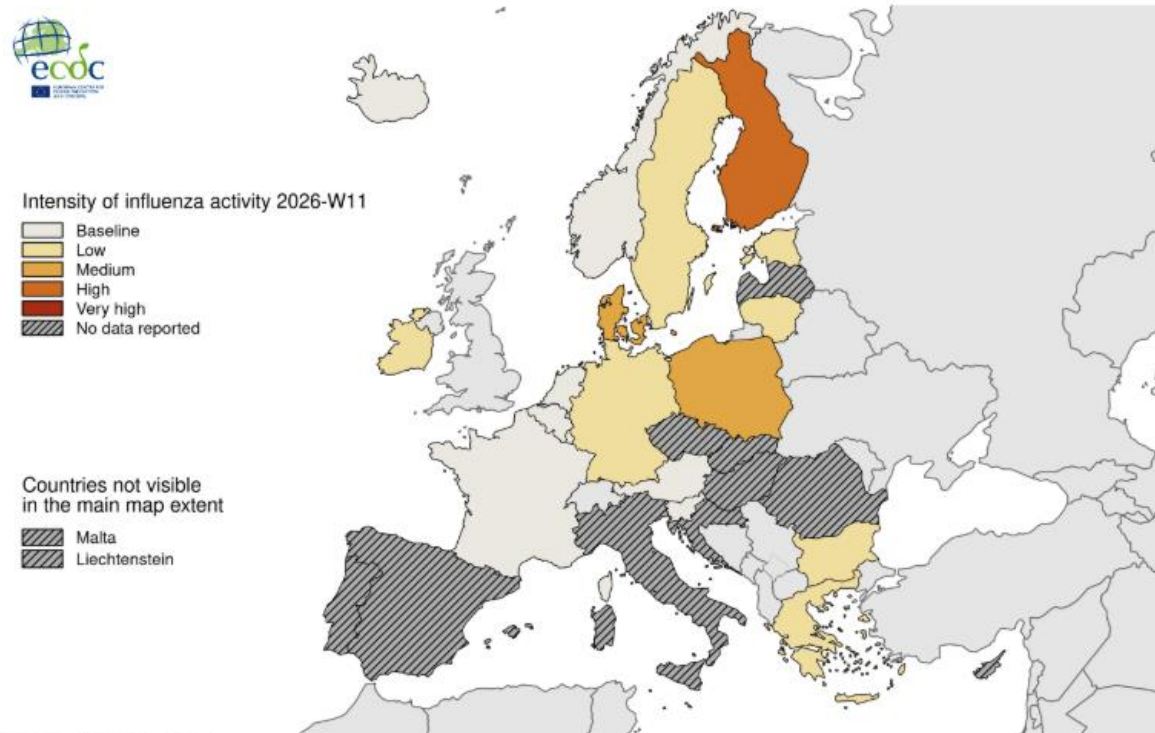
☒ Count ☐ Percentage



EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 10. a 11. KT 2026

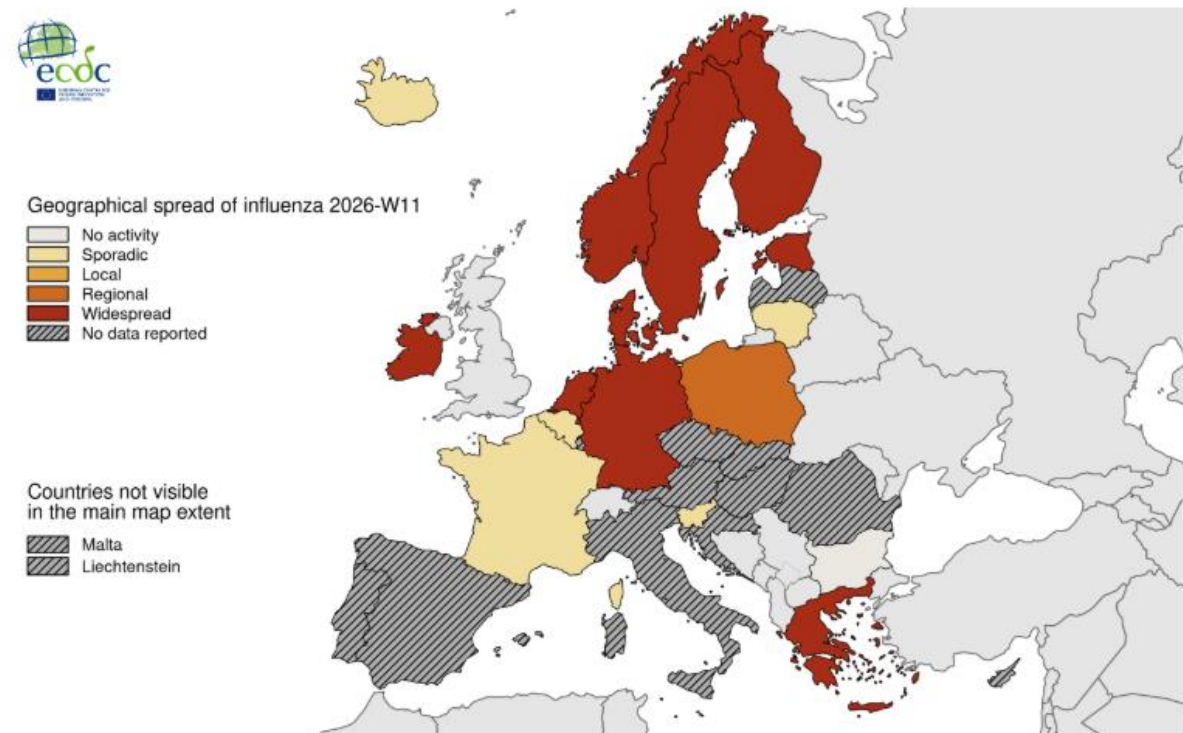
Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary
		Week 11	Week 10		Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	13 rates (7 MEM)	18 rates (10 MEM)	Distribution of country MEM categories	6 Baseline 1 Low
	ILI	15 rates (13 MEM)	21 rates (19 MEM)		12 Baseline 1 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	18	19	Pooled (median; IQR)	6.2% (4.3; 2.4–13%)
	RSV	16	18		11% (16; 7.3–18%)
	SARS-CoV-2	16	18		1.7% (1.1; 0–2.6%)
SARI rates in hospitals	SARI	9 rates (4 MEM)	12 rates (6 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	10	Pooled (median; IQR)	4.8% (3.7; 1–6.4%)
	RSV	8	10		15% (18; 9.2–22%)
	SARS-CoV-2	8	10		1.1% (0.3; 0–0.8%)
Intensity (country-defined)	Influenza	18	24	Distribution of country qualitative categories	8 Baseline 7 Low 2 Medium 1 High
Geographic spread (country-defined)	Influenza	16	22	Distribution of country qualitative categories	1 No activity 5 Sporadic 1 Regional 9 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W11



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 19 March 2026.

Geographical spread of influenza 2026-W11



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 19 March 2026.

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

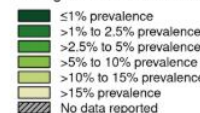
Objem sekvenace v 9. a 10. týdnu 2026



Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W09 to 2026-W10



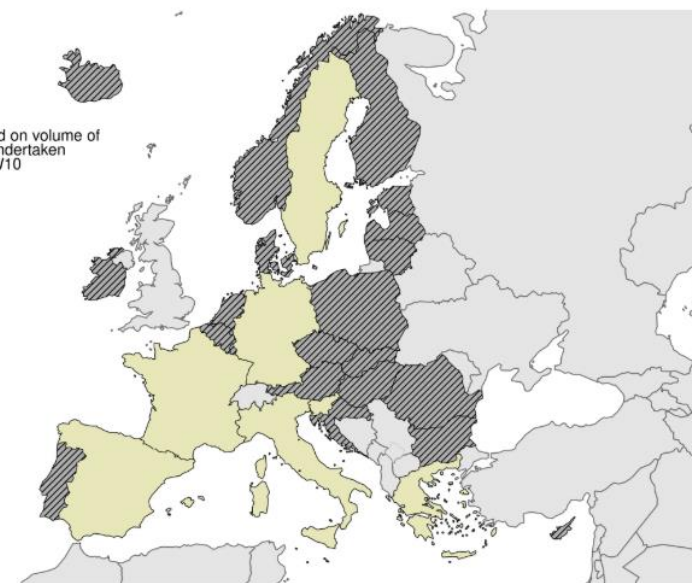
Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W09 to 2026-W10



Countries not visible in the main map extent

- Malta
- Liechtenstein

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 19 March 2026.





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 23. 3. 2026

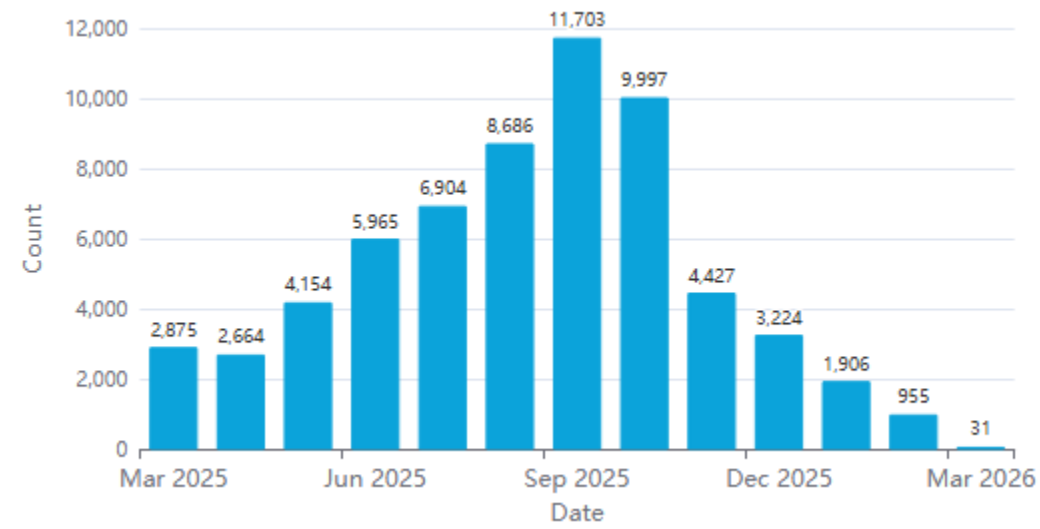
Variants of Interest (VOI)

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

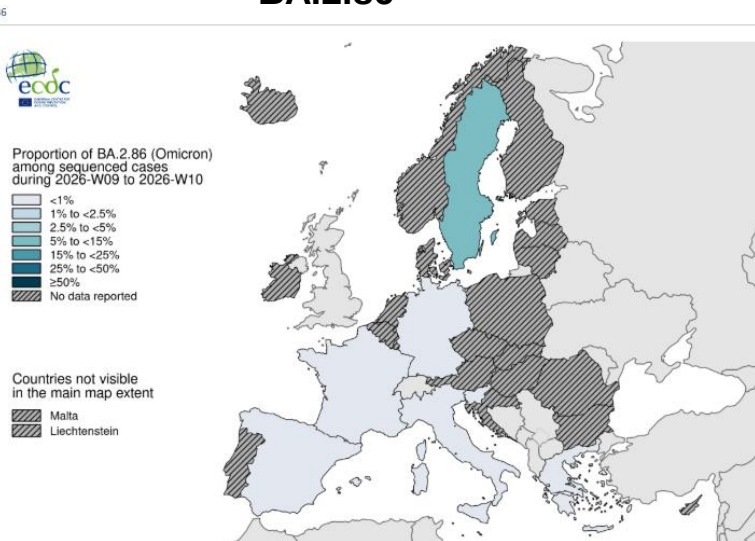
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

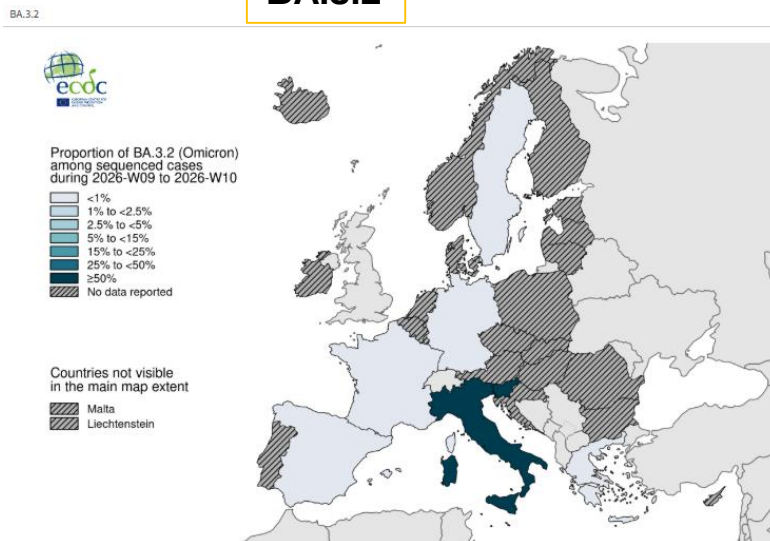


Distribuce sledovaných variant v Evropě v 9. týdnu - 10. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

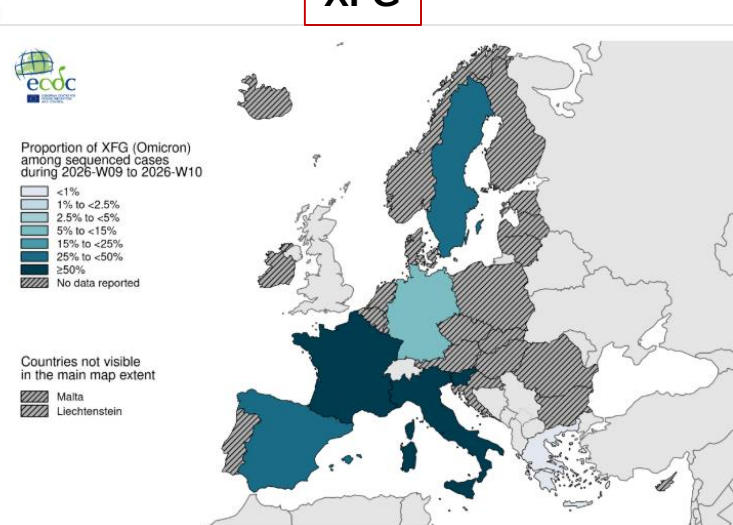
BA.2.86



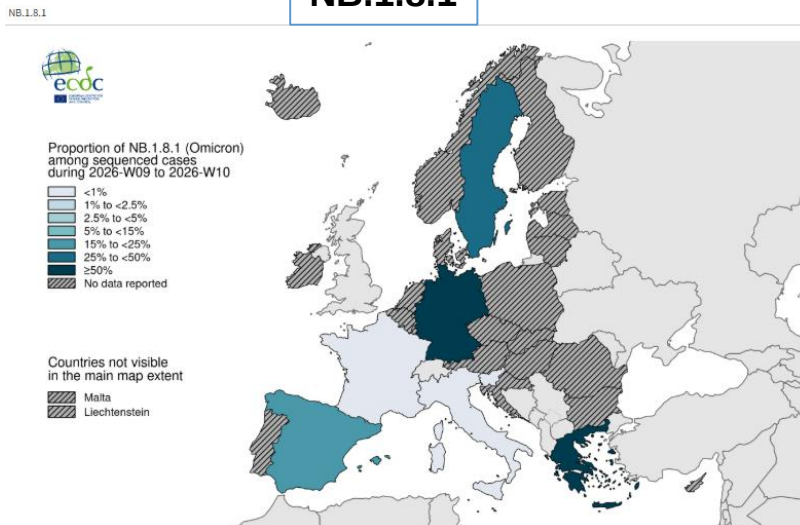
BA.3.2



XFG



NB.1.8.1



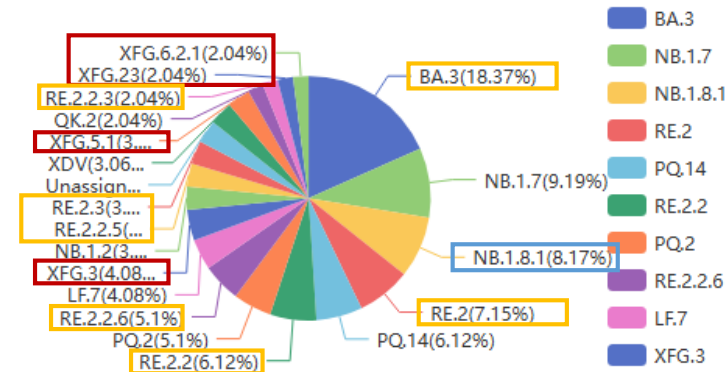
Distribuce sekvenovaných variant

SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 9-10, 2026

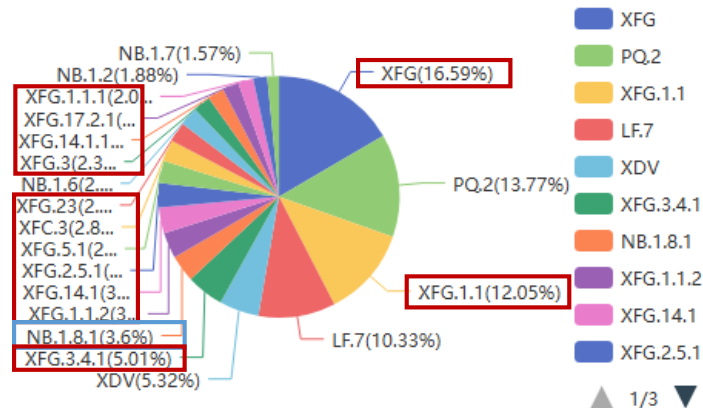
Variant	Classification ^a	Reporting countries	Detections	Distribution (median and IQR)
BA.2.86	VOI	0	0	0%
NB.1.8.1	VUM	1	12	92% (92-92%)
XFG	VUM	1	1	8% (8-8%)
BA.3.2	VUM	0	0	0%

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

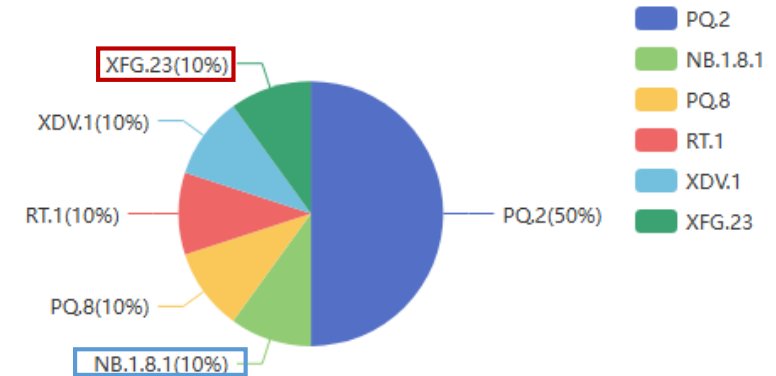
Evropa 23. 2. - 23. 3. 2026



Severní Amerika 23. 2. - 23. 3. 2026



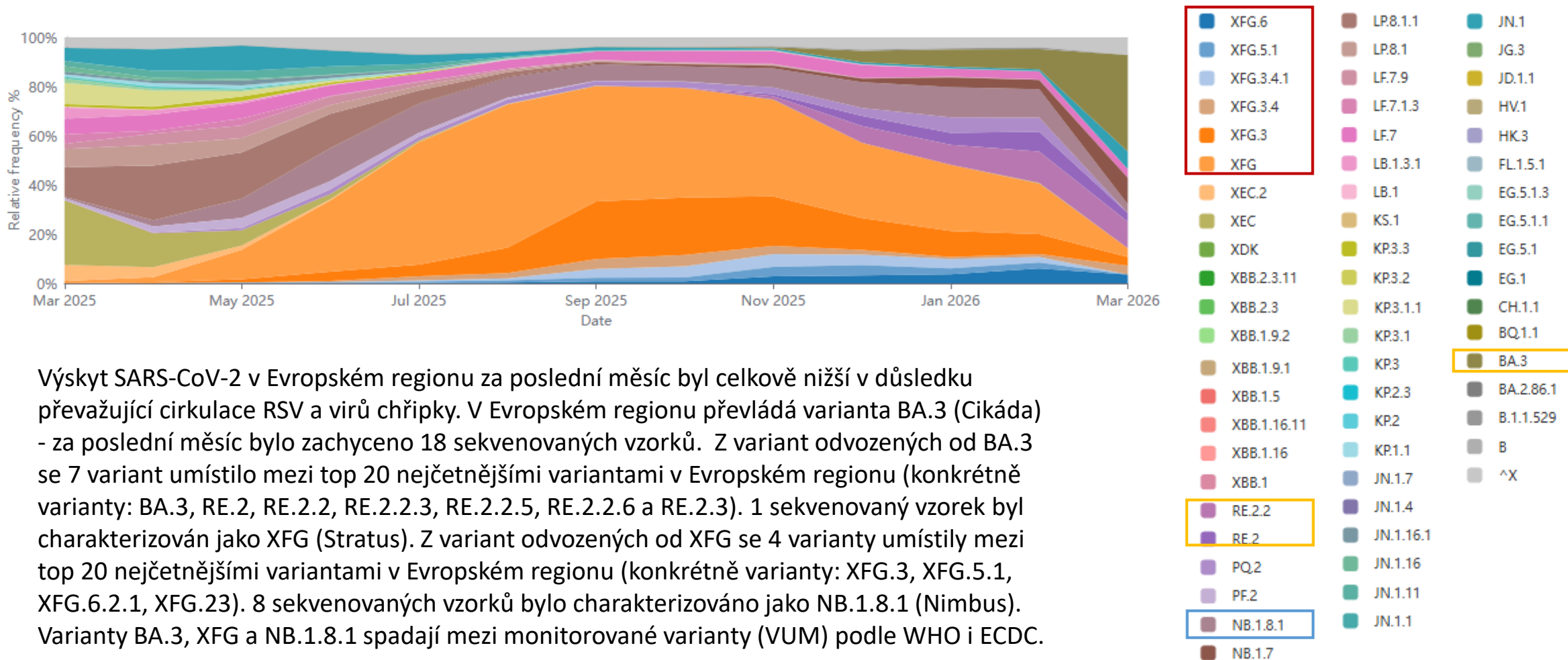
Asie 23. 2. - 23. 3. 2026



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

Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	117	861	10
XFG	1	106	0
XFG.1.1	1	77	0
XFG.3	3	15	0
NB.1.8.1	8	23	1
BA.3	18	7	0
RE.2	7	6	0
RE.2.2	6	0	0
RE.2.2.6	5	0	0
PQ.2	5	88	5

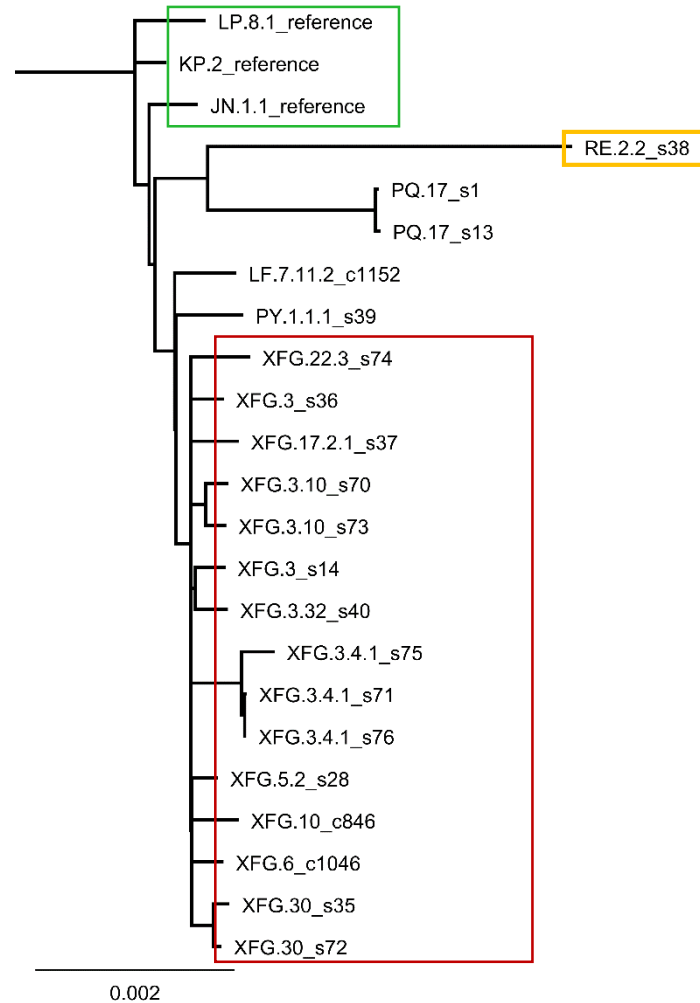
Zastoupení variant SARS-CoV-2 v Evropě podle relativní frekvence v čase



Výskyt SARS-CoV-2 v Evropském regionu za poslední měsíc byl celkově nižší v důsledku převažující cirkulace RSV a virů chřipky. V Evropském regionu převládá varianta BA.3 (Cikáda) - za poslední měsíc bylo zachyceno 18 sekvenovaných vzorků. Z variant odvozených od BA.3 se 7 variant umístilo mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: BA.3, RE.2, RE.2.2, RE.2.2.3, RE.2.2.5, RE.2.2.6 a RE.2.3). 1 sekvenovaný vzorek byl charakterizován jako XFG (Stratus). Z variant odvozených od XFG se 4 varianty umístily mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: XFG.3, XFG.5.1, XFG.6.2.1, XFG.23). 8 sekvenovaných vzorků bylo charakterizováno jako NB.1.8.1 (Nimbus). Varianty BA.3, XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty (VUM) podle WHO i ECDC.

Celogenomová fylogenetická analýza u variant SARS-CoV-2 v ČR

Dendrogram – celogenomová fylogenetická analýza podle 93% podobnosti zakotvená k LP.1.8.1 (20 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)



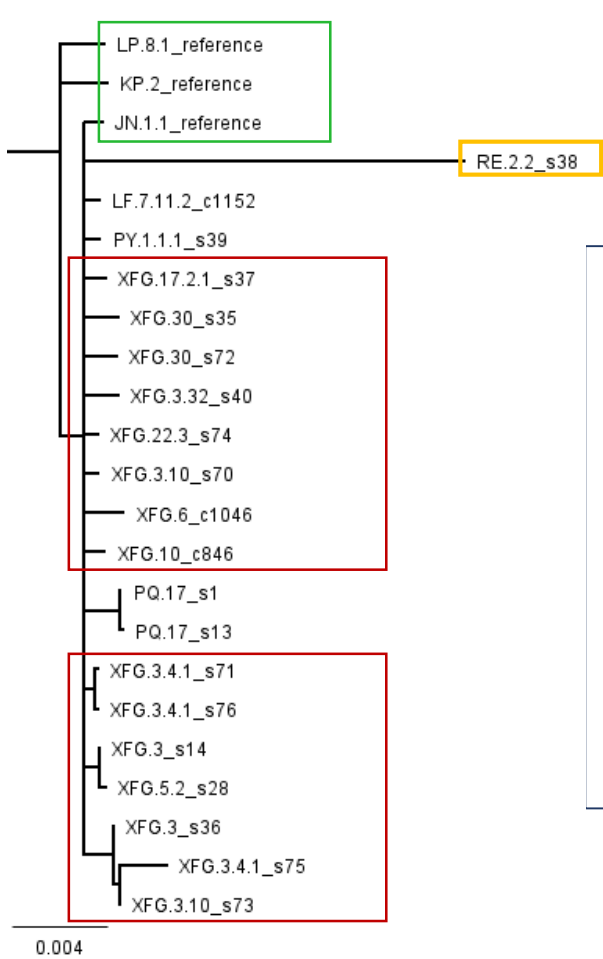
Data odběru vzorků:

1.1. – 2.3. 2026

V sekvenacích 20 vzorků s datem leden – březen 2026 bylo zachyceno 75% varianty XFG.x (Stratus) a 5% varianty RE.2.2 (varianta odvozená od BA.3 - Cikáda). Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: PQ.17 (2 vzorky tj. 10%), PY.1.1.1 (1 vzorek) a LF.7.11.2 (12 vzorek).

Fylogenetická analýza Spike proteinu u variant SARS-CoV-2 v ČR

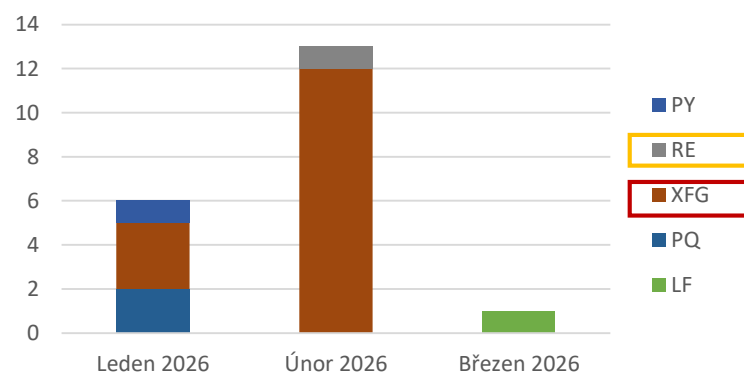
Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93% podobnosti zakotvená k LP.1.8.1 (20 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)



Data odběru vzorků:
1.1. – 2.3. 2026

V sekvenacích 20 vzorků s datem leden – březen 2026 bylo zachyceno 75% varianty XFG.x (Stratus) a 5% varianty RE.2.2 (varianta odvozená od BA.3 - Cikáda). Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: PQ.17 (2 vzorky tj. 10%), PY.1.1.1 (1 vzorek) a LF.7.11.2 (12 vzorek). Ze zakotveného dendrogramu pro Spike protein je patrné, že varianta RE.2.2 (Cikáda) je ve spike proteinu velice vzdálena od vakcinálních kmenů i od současně kolujících variant (Stratus), a proto má tato varianta vyšší riziko imunitního úniku než varianta XFG, která má již mírné riziko imunitního úniku podle WHO.

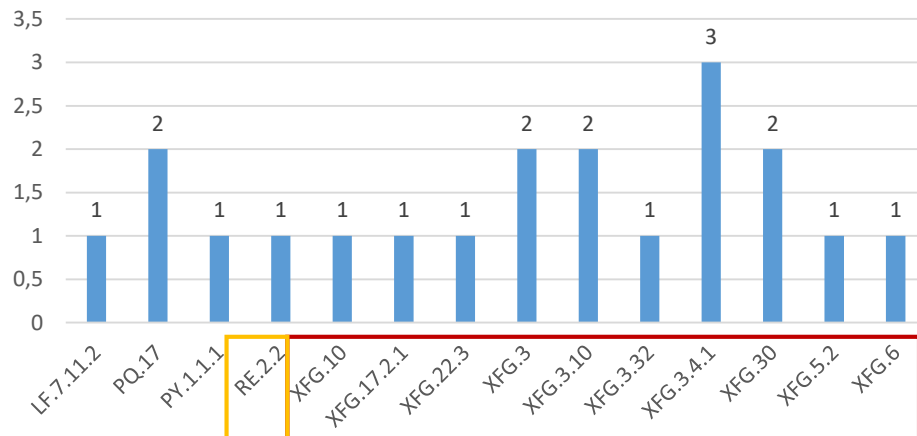
Zastoupení SARS-CoV-2 variant v ČR v roce 2026



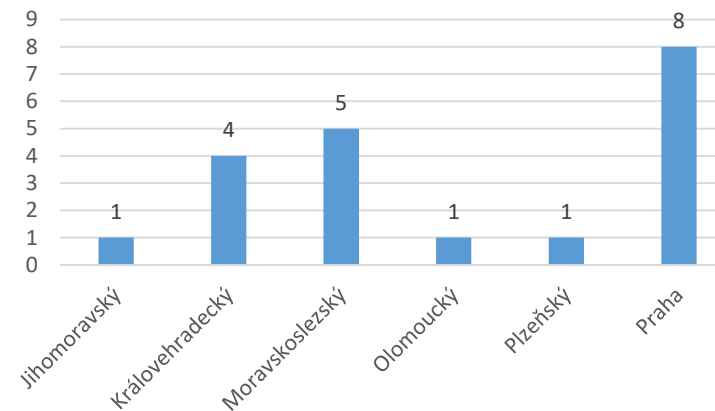
Výsledky sekvenování SARS-CoV-2 v ČR, leden- březen 2026

Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR

Zastoupení variant sekvenovaných vzorků v ČR
s datem odběru 2. 1. - 2. 3. 2026



Zastoupení sekvenovaných vzorků v krajích



V roce 2026 bylo zatím osekvenováno 20 klinických vzorků SARS-CoV-2, přičemž lednové datum odběru mělo 6 vzorků, únorové é 13 vzorků a jeden vzorek byl odebrán v březnu. Od začátku roku 2026 bylo detekováno 75 % variant odvozených od XFG (Stratus) a 5 % variant odvozených od BA.3 (Cikáda). Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle WHO a ECDC. V příští zprávě bude publikována fylogenetická analýza všech vzorků sekvenovaných v tomto roce.

ARI/ILI: sentinel/nonsentinel virologická surveillance v ČR, 12. KT 2026

- Ve 12. KT nadále klesá detekce virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl pod 5 % (3,7 %). U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B byl detekován v jednom případě.
- Od 36. KT bylo v surveillance detekováno celkem 3 613 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypováno pouze 281 vzorků. V 54 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 227 případech subtyp A/H3.
- Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 52,2 %. Již druhým týdnem pozorujeme mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 1,2% podíl pozitivních detekcí.
- Vzestupnou tendenci pozorujeme u rhinovirů, jejichž podíl nyní činí 16,8 %, zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (8,1 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává zvýšený (4,2 %).
- Celkový počet hlášených detekcí v non-sentinelové surveillance se v posledním týdnu významně snížil oproti vrcholu chřipkové epidemie i v porovnání s předchozími 4 týdny, proto dochází i k poklesu absolutních hodnot v grafu na následující straně.
- V pilotní analýze surveillance SARS-CoV-2 v odpadních vodách z 10/3/2026 odebraných v Praze byl detekován RSV A i RSV B. Vzorky byly poskytnuty v rámci spolupráce s Laboratoří hygieny půd a odpadů, SZÚ.

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

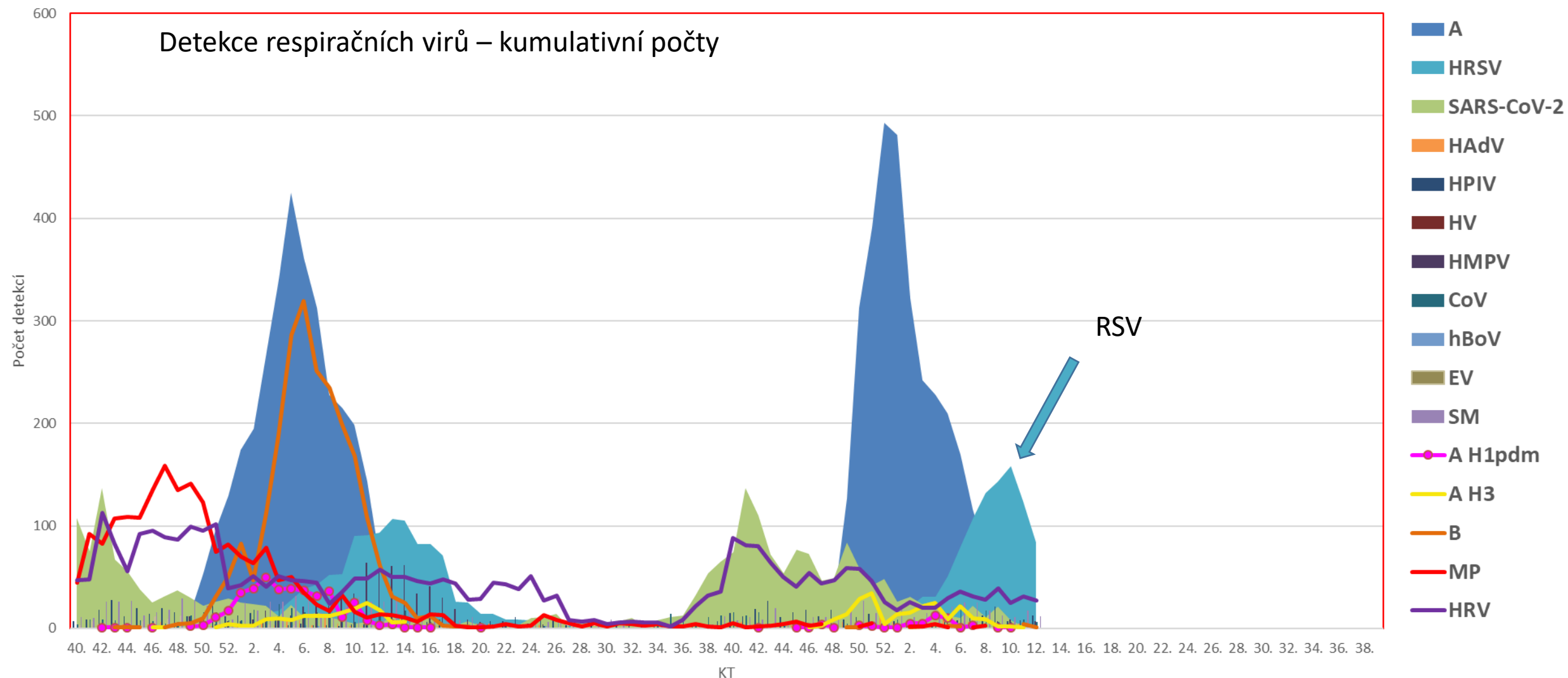
Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		9.	Podíl	10.	Podíl	11.	Podíl	12.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	53	16,7%	19	7,5%	13	5,9%	5	3,1%	3332
	A H ₁ pdm	1	0,3%	1	0,4%		0,0%		0,0%	54
	A H ₃	2	0,6%	2	0,8%	1	0,5%		0,0%	227
	B	2	0,6%		0,0%	4	1,8%	1	0,6%	19
	HRSV	143	45,1%	158	62,7%	124	56,4%	84	52,2%	1038
	HAdV	5	1,6%	3	1,2%	5	2,3%	4	2,5%	145
	HPIV	21	6,6%	7	2,8%	8	3,6%	13	8,1%	312
	HV	1	0,3%	1	0,4%	1	0,5%		0,0%	28
	MP		0,0%	1	0,4%		0,0%		0,0%	59
	HMPV	7	2,2%	9	3,6%	5	2,3%	7	4,3%	54
	CoV	6	1,9%	6	2,4%	9	4,1%	6	3,7%	213
	HRV	39	12,3%	25	9,9%	31	14,1%	27	16,8%	1167
	hBoV	2	0,6%		0,0%		0,0%		0,0%	13
	EV	1	0,3%	1	0,4%		0,0%		0,0%	34
	SARS-CoV-2	21	6,6%	8	3,2%	2	0,9%	2	1,2%	1287
	SM	13	4,1%	11	4,4%	17	7,7%	12	7,5%	379
	pozitivní	317	22,5%	252	20,9%	220	21,4%	161	18,3%	8361
	negativní	1089		955		808		721		30005
Celkový počet vyšetření:		1406		1207		1028		882		38366

Virologická surveillance – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		9.	Podíl	10.	Podíl	11.	Podíl	12.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	56	17,7%	22	8,7%	14	6,4%	5	3,1%	3613
	B	2	0,6%	0	0,0%	4	1,8%	1	0,6%	2
	Celkem	58	0,183	22	0,087	18	0,0818	6	3,7%	3615

Detekce respiračních virů – kumulativní počty



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 12. KT 2026 a EU/EHP 11. KT

EU/EHP 11. KT

Počet pacientů v primární péči s příznaky respiračního onemocnění se ve většině zemí navrátil k normálu.

Cirkulace viru chřipky nadále klesá ve všech zemích EU/EHP. Stejně tak klesá počet hospitalizovaných osob, většina hospitalizovaných osob pro onemocnění chřipkou je starší 65 let. Dominantním subtypem je nadále A(H3).

Cirkulace respiračního syncytiálního viru (RSV) zůstává stále zvýšená, přičemž většinu hospitalizovaných představují děti do 5 let.

Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a nízký je i související počet hospitalizovaných. V rámci sekvenace nově dominuje varianta a BA.3.x (Cikáda). EuroMOMO (Evropský monitoring úmrtnosti) EuroMOMO hlásilo úmrtnost ze všech příčin na očekávané úrovni ve všech věkových skupinách.

Virologická surveillance ČR 12. KT

V 12. KT nadále klesá detekce virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl pod 5 % (3,7 %). U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B byl detekován v jednom případě.

Od 36. KT bylo v surveillance detekováno celkem 3 613 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypováno pouze 281 vzorků. V 54 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 227 případech subtyp A/H3.

Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 52,2 %. Již druhým týdnem pozorujeme mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 1,2% podíl pozitivních detekcí.

Vzestupnou tendenci pozorujeme u rhinovirů, jejichž podíl nyní činí 16,8 %, zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (8,1 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává zvýšený (4,2 %).

Celkový počet hlášených detekcí v non-sentinelové surveillance se v posledním týdnu významně snížil oproti vrcholu chřipkové epidemie i v porovnání s předchozími 4 týdny, proto dochází i k poklesu absolutních hodnot.

Odpadní vody:

V pilotní analýze surveillance SARS-CoV-2 v odpadních vodách z 10/3/2026 odebraných v Praze byl detekován RSV A i RSV B. Vzorky byly poskytnuty v rámci spolupráce s Laboratoří hygieny půd a odpadů, SZÚ.

Komentář k epidemické situaci byl ukončen a bude součástí zprávy pouze v mimořádných situacích. Data o nemocnosti nadále uvádíme na webu SZÚ.