



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 30/03/2026

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 12. 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) a A/(H1).

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

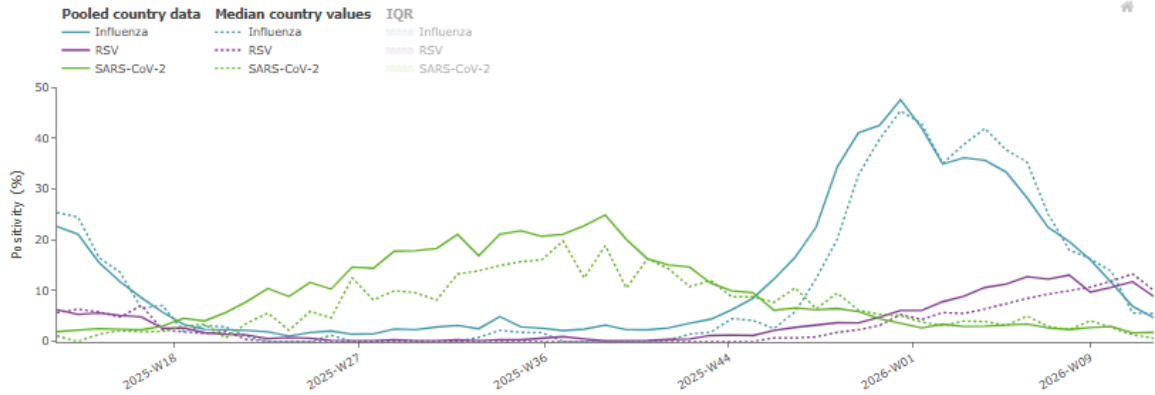
Cirkulace viru SARS-CoV-2 zůstává nízká ve všech věkových skupinách a nízký je i související počet hospitalizovaných. V rámci sekvenace dominuje varianta a BA.3.x (Cikáda).

Z variant odvozených od XFG se 5 variant umístilo mezi top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: XFG, XFG.3, XFG.3.4.1, XFG.5.1, XFG.14.1.1). 7 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

a)

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

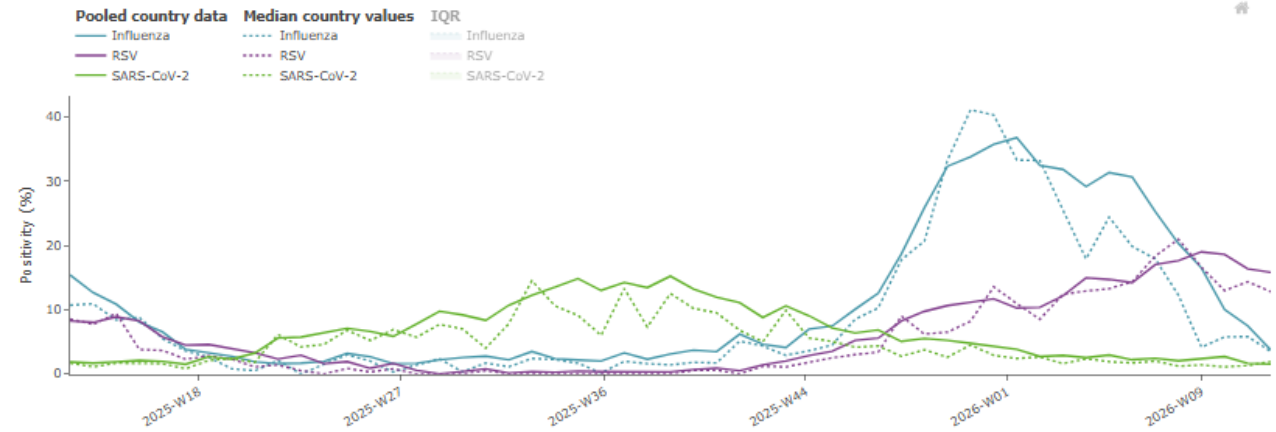
Figure Table



b)

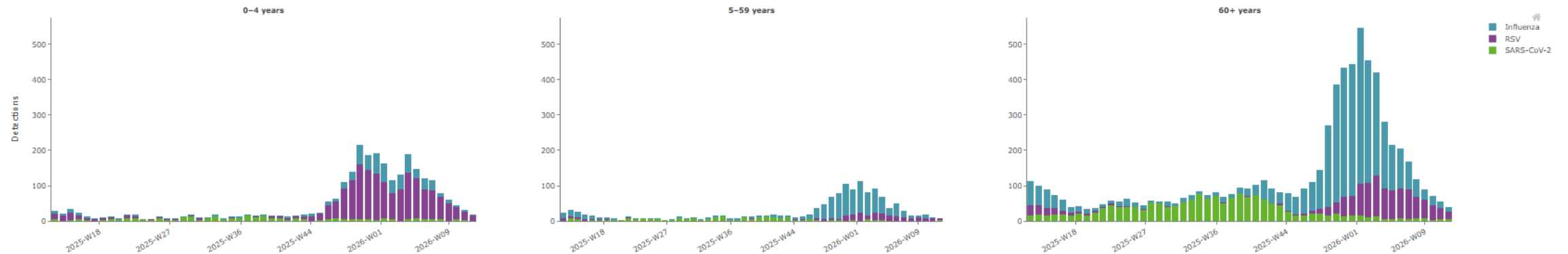
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

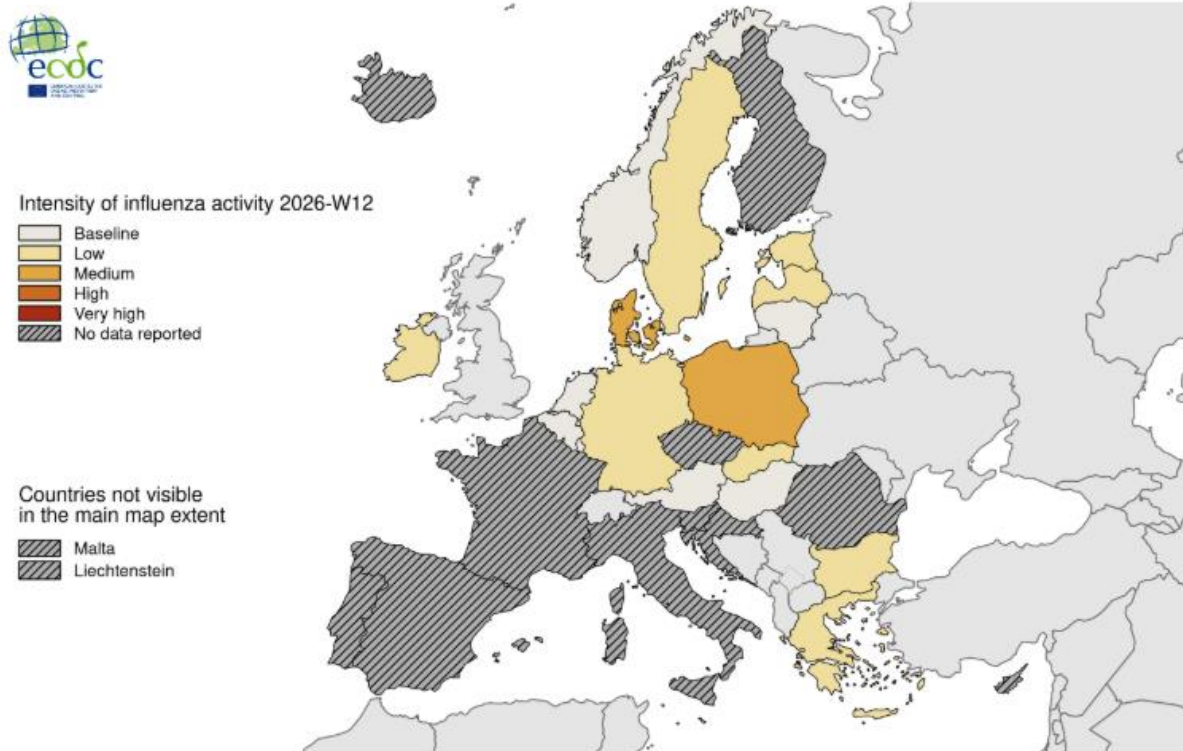
Weekly detections by age



Key indicators in week 12, 2026

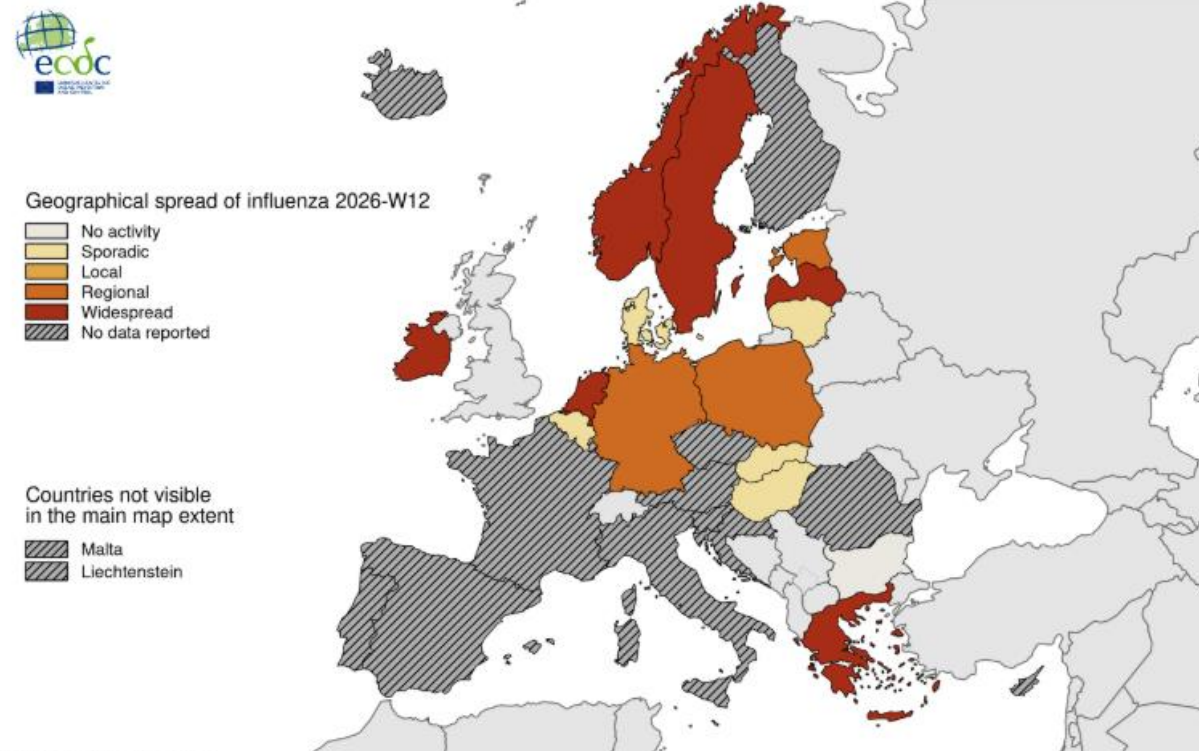
Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary	
		Week 12	Week 11		Value	
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	11 rates (6 MEM)	17 rates (9 MEM)	Distribution of country MEM categories	5 Baseline	1 Low
	ILI	15 rates (13 MEM)	21 rates (19 MEM)		12 Baseline	1 Low
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	16	21	Pooled (median; IQR)	4.7%	(5.5; 1.4–9.1%)
	RSV	15	19		8.9%	(10; 7–13%)
	SARS-CoV-2	15	19		1.8%	(0.7; 0–2%)
SARI rates in hospitals	SARI	10 rates (5 MEM)	12 rates (6 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline	1 Low
SARI test positivity in hospitals	Influenza	9	10	Pooled (median; IQR)	3.7%	(3.5; 2.9–5%)
	RSV	9	10		16%	(13; 7.2–23%)
	SARS-CoV-2	9	10		1.5%	(1.9; 0.2–2.1%)
Intensity (country-defined)	Influenza	17	23	Distribution of country qualitative categories	7 Baseline	8 Low 2 Medium
Geographic spread (country-defined)	Influenza	15	21	Distribution of country qualitative categories	1 No activity	5 Sporadic 3 Regional 6 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W12



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 26 March 2026.

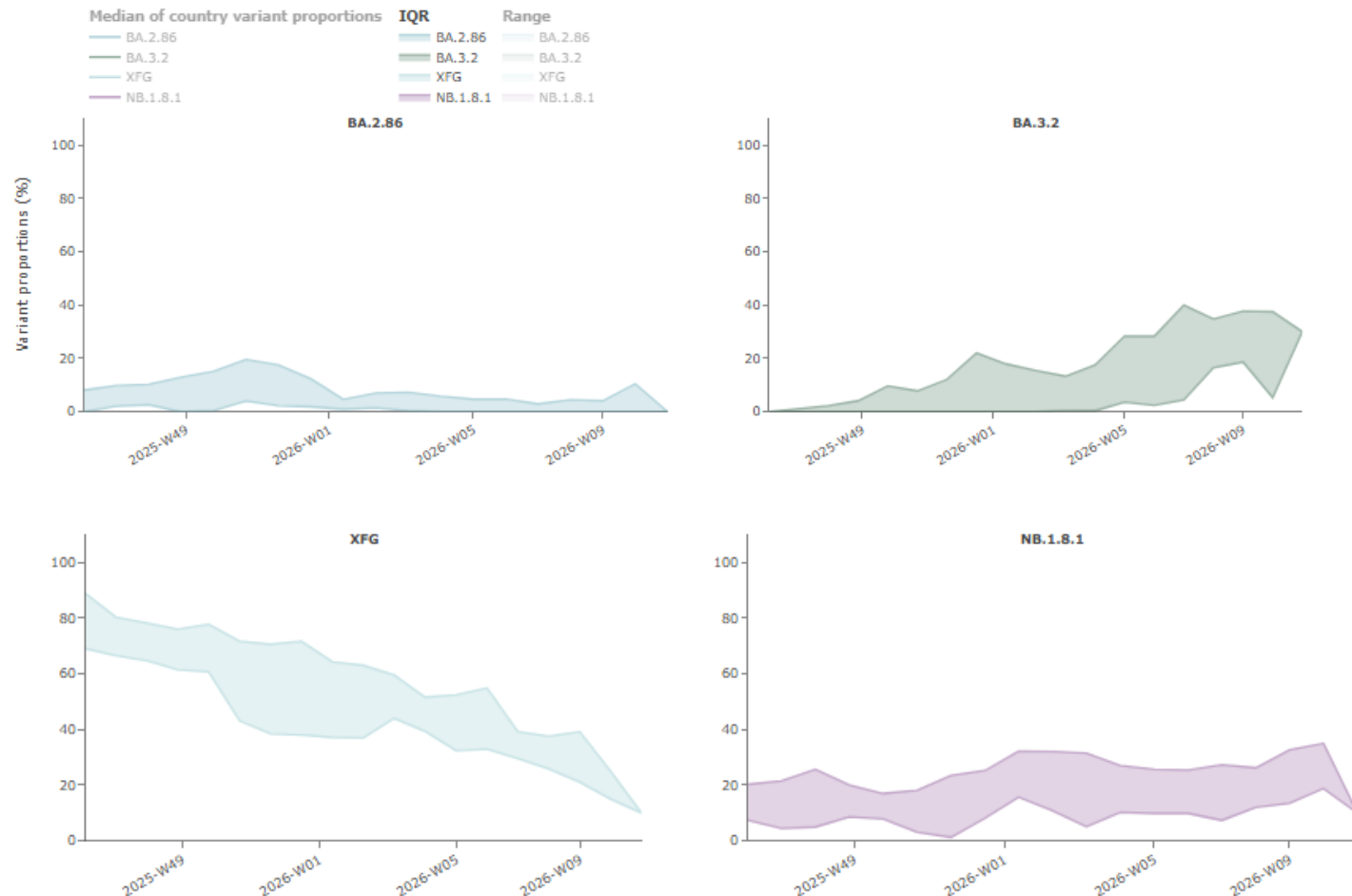
Geographical spread of influenza 2026-W12



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 26 March 2026.

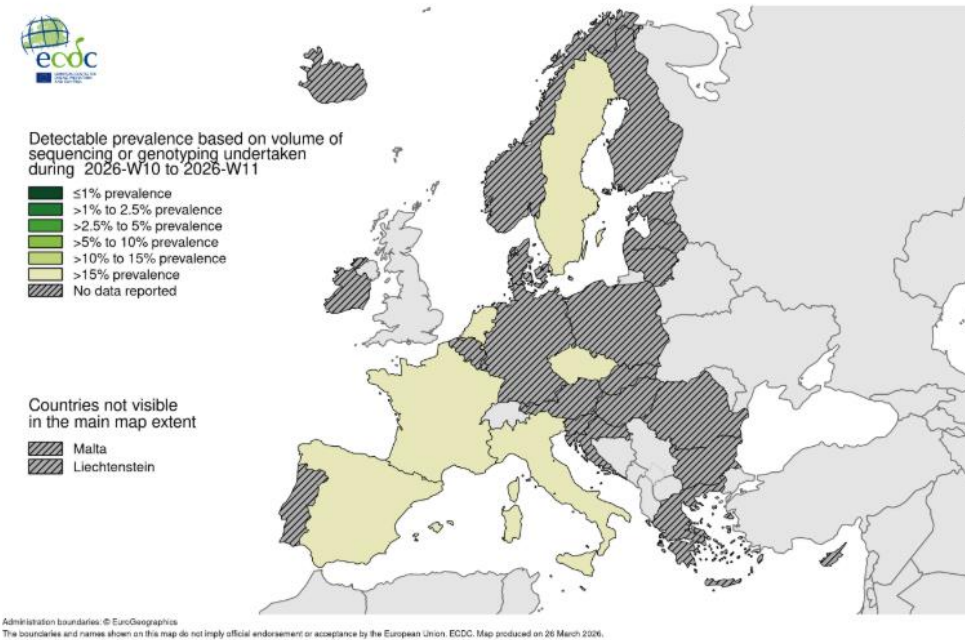
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

Distribution of 2-weekly country variant proportions



Objem sekvenace v 10. a 11. týdnu 2026

Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W10 to 2026-W11



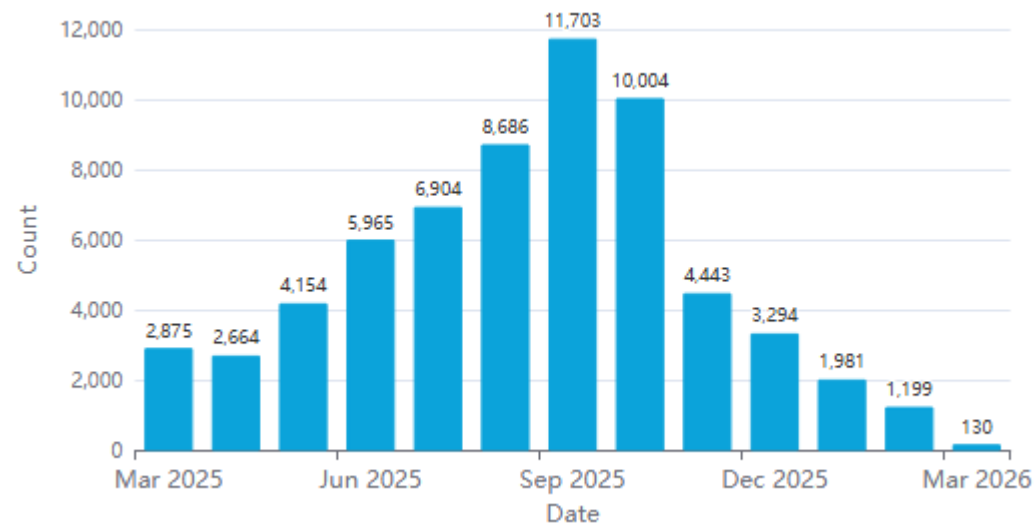
Variants of Interest (VOI)

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

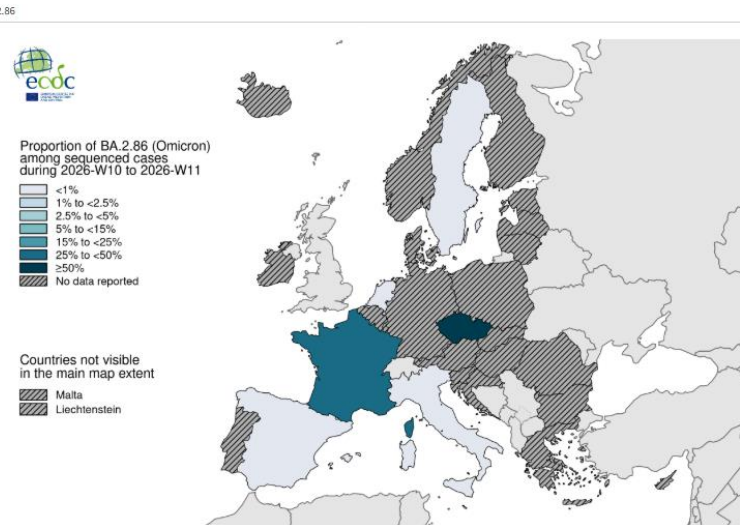
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

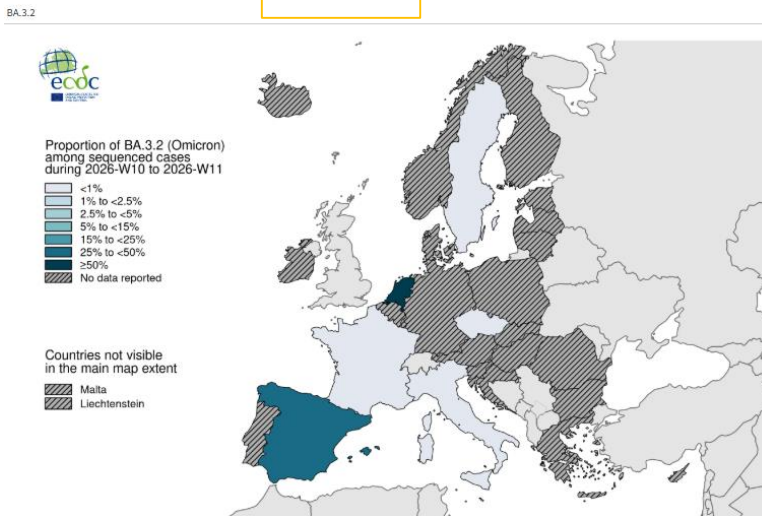


Distribuce sledovaných variant v Evropě v 9. týdnu - 10. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

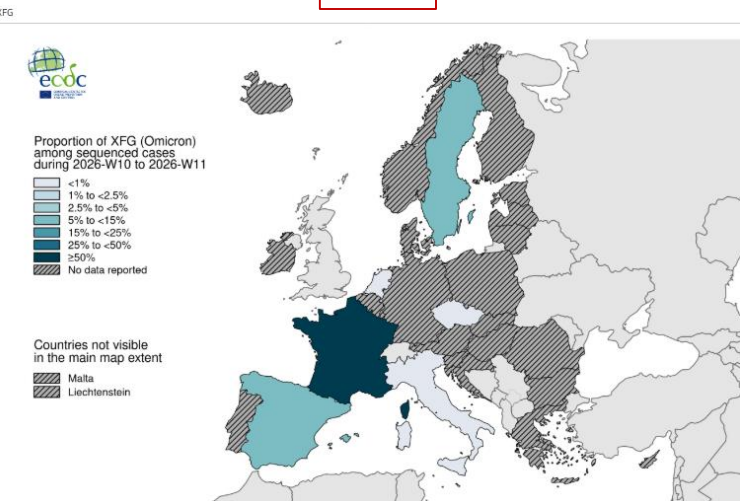
BA.2.86



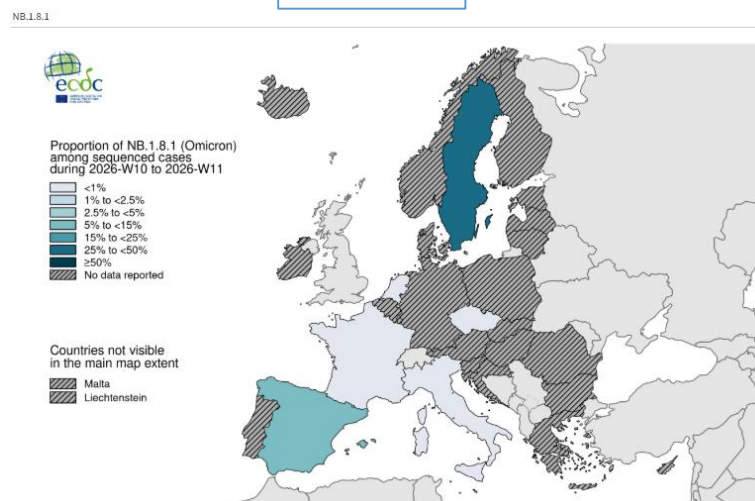
BA.3.2



XFG



NB.1.8.1



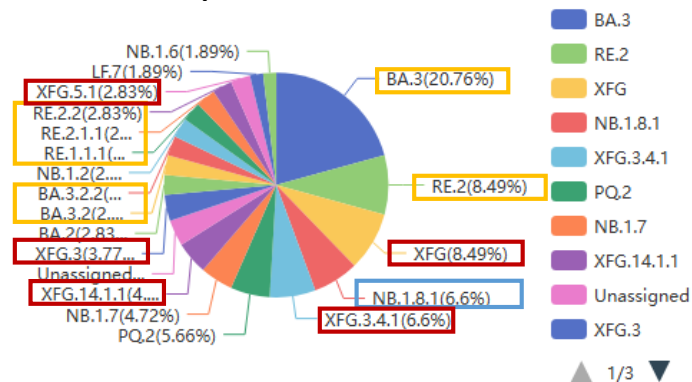
Distribuce sekvenovaných variant

SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 10 - 11, 2026

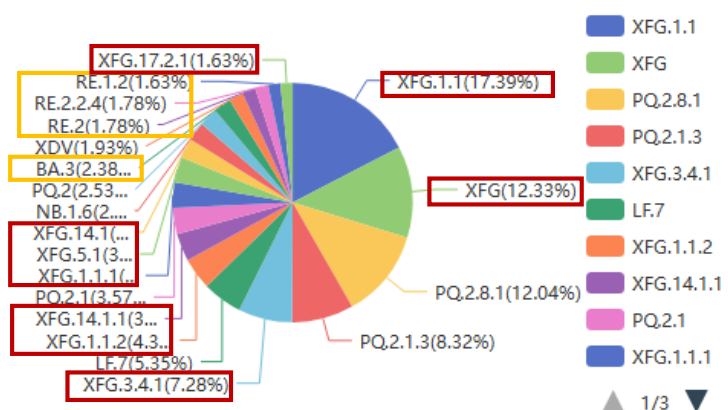
Variant	Classification ^a	Reporting countries	Detections	Distribution (median and IQR)
BA.2.86	VOI	0	0	0%
BA.3.2	VUM	1	3	30% (30-30%)
XFG	VUM	1	1	10% (10-10%)
NB.1.8.1	VUM	1	1	10% (10-10%)

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

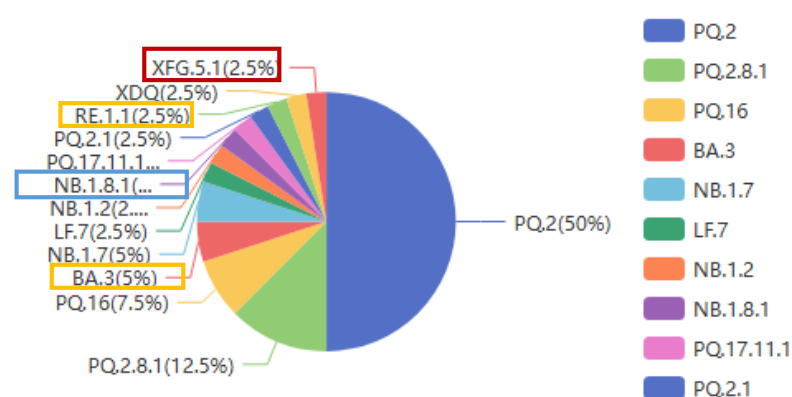
Evropa 28. 2. - 30. 3. 2026



Severní Amerika 28. 2. - 30. 3. 2026



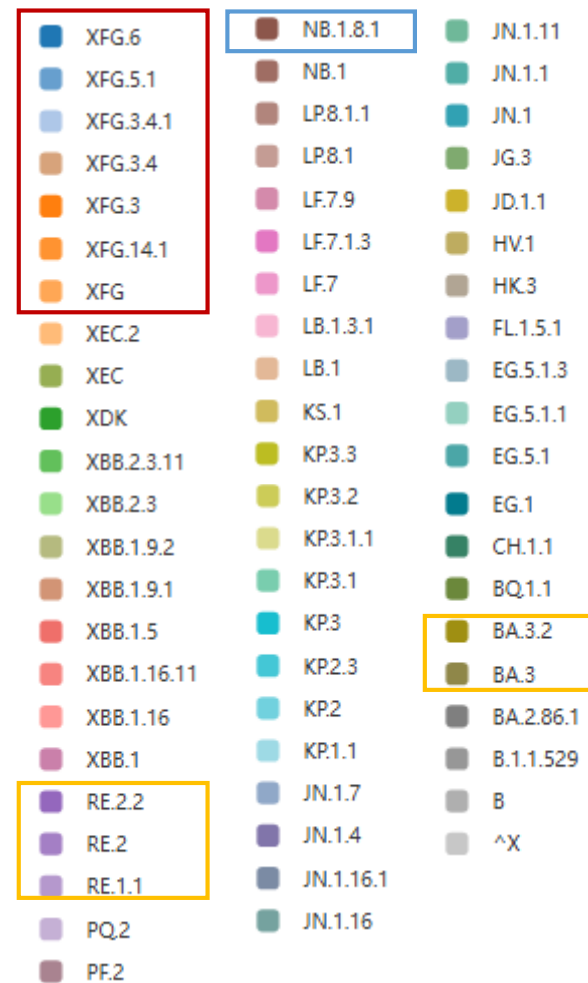
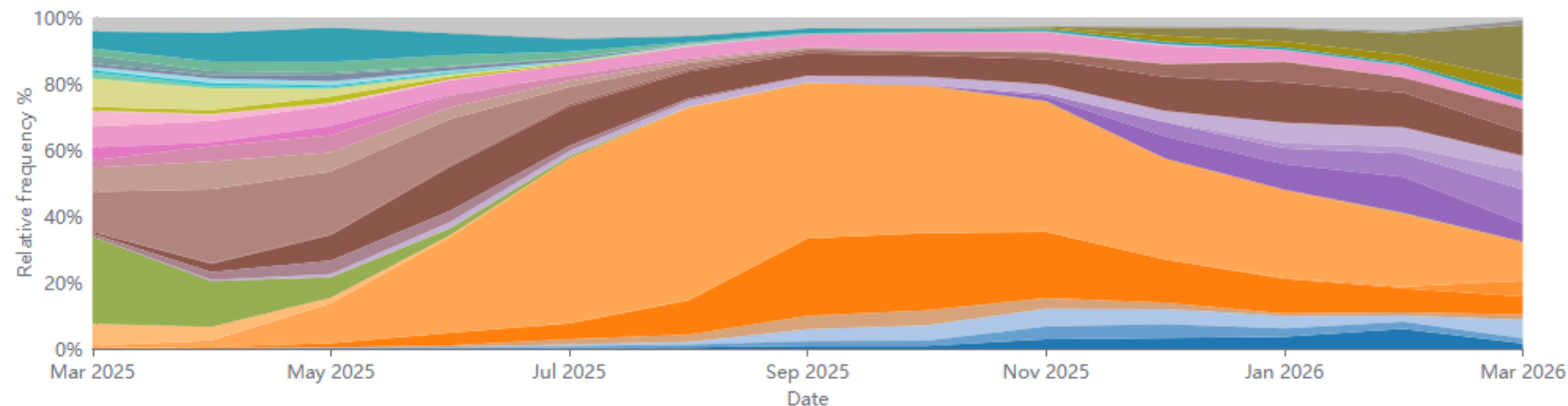
Asie 28. 2. - 30. 3. 2026



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

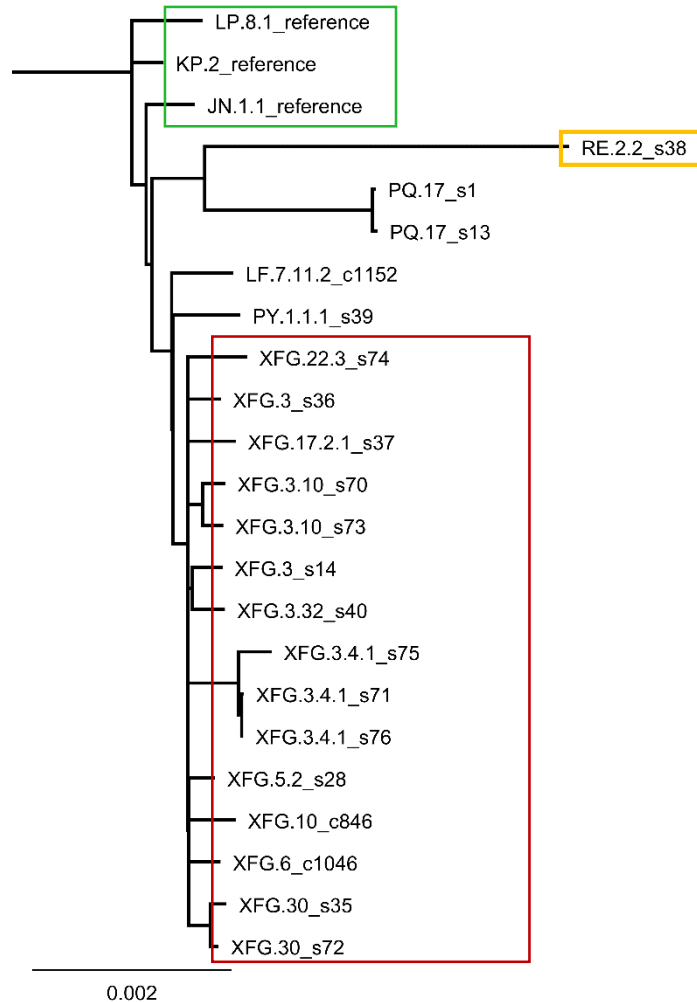
Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	145	981	40
XFG	9	83	0
XFG.1.1	1	117	0
XFG.3	4	11	0
NB.1.8.1	7	9	1
BA.3	22	16	2
BA.3.2	3	0	0
BA.3.2.2	3	1	0
RE.2	9	12	0
PQ.2	6	17	20

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.x (Cikáda) - za poslední měsíc bylo zachyceno 22 sekvenovaných vzorků varianty BA.3. Z variant odvozených od BA.3.x se 7 variant umístilo mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: BA.3, BA.3.2, BA.3.2.2, RE.1.1.1, RE.2, RE.2.1.1 a RE.2.2). 9 sekvenovaných vzorků bylo charakterizováno jako XFG (Stratus). Z variant odvozených od XFG se 5 variant umístilo mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: XFG, XFG.3, XFG.3.4.1, XFG.5.1, XFG.14.1.1). 7 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.

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

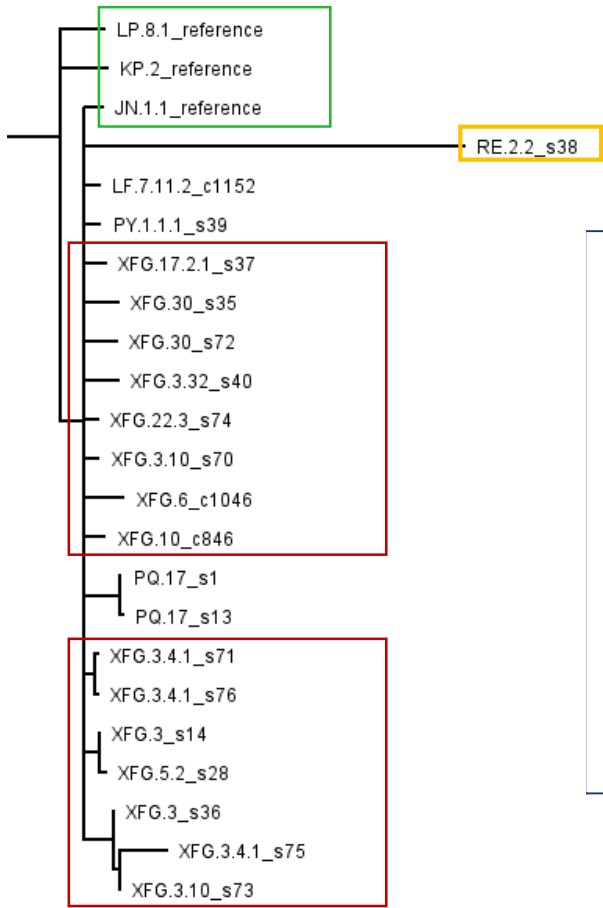


Data odběru vzorků:

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.3.2 - 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 (1 vzorek).

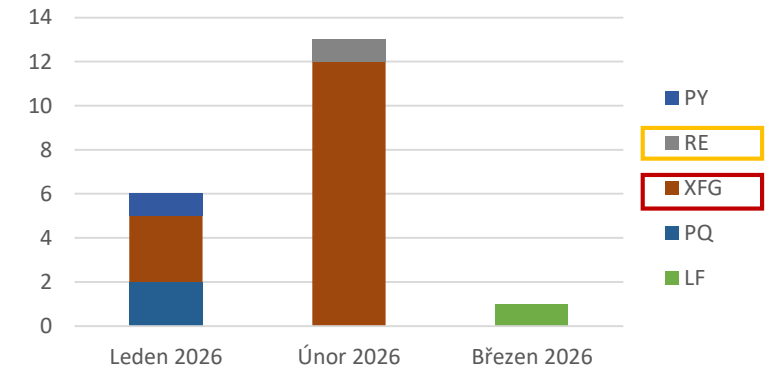
Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93 % podobnosti zakotvená k LP.1.8.1 (20 vzorků + 3 **vakcinální kmeny**)



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.3.2 - 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 (1 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.

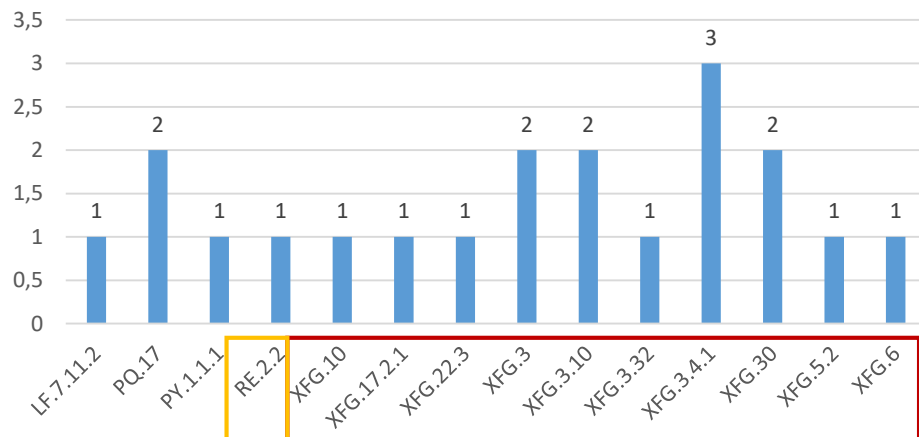
Zastoupení SARS-CoV-2 variant v ČR v roce 2026



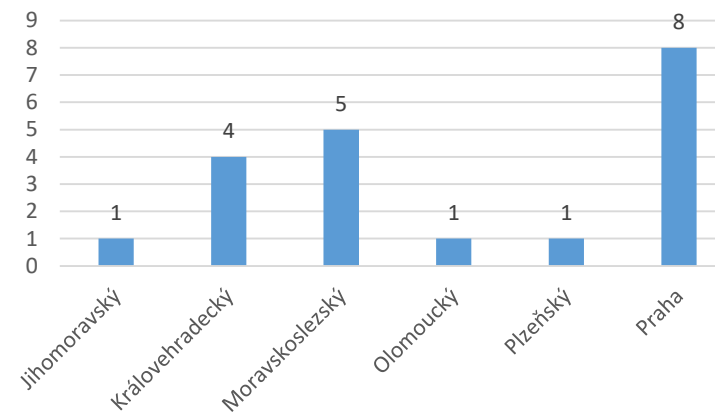
0.004

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 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.

- Ve 13. KT nadále klesá detekce virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl pod 5 % (3,9 %). U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B nebyl zachycen.
- Od 36. KT bylo v surveillanci detekováno celkem 3 623 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. Chřipka typu B cirkulovala minoritně a byla detekována pouze v 119 případech.
- Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 50,9 %. Již čtvrtým týdnem pozorujeme mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 0,9 % podílu pozitivních detekcí.
- Vzestupnou tendenci pozorujeme u rhinovirů (23,7 %). Zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (7,8 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává zvýšený (6 %).
- Celkový počet hlášených detekcí v non-sentinelové surveillanci 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.

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

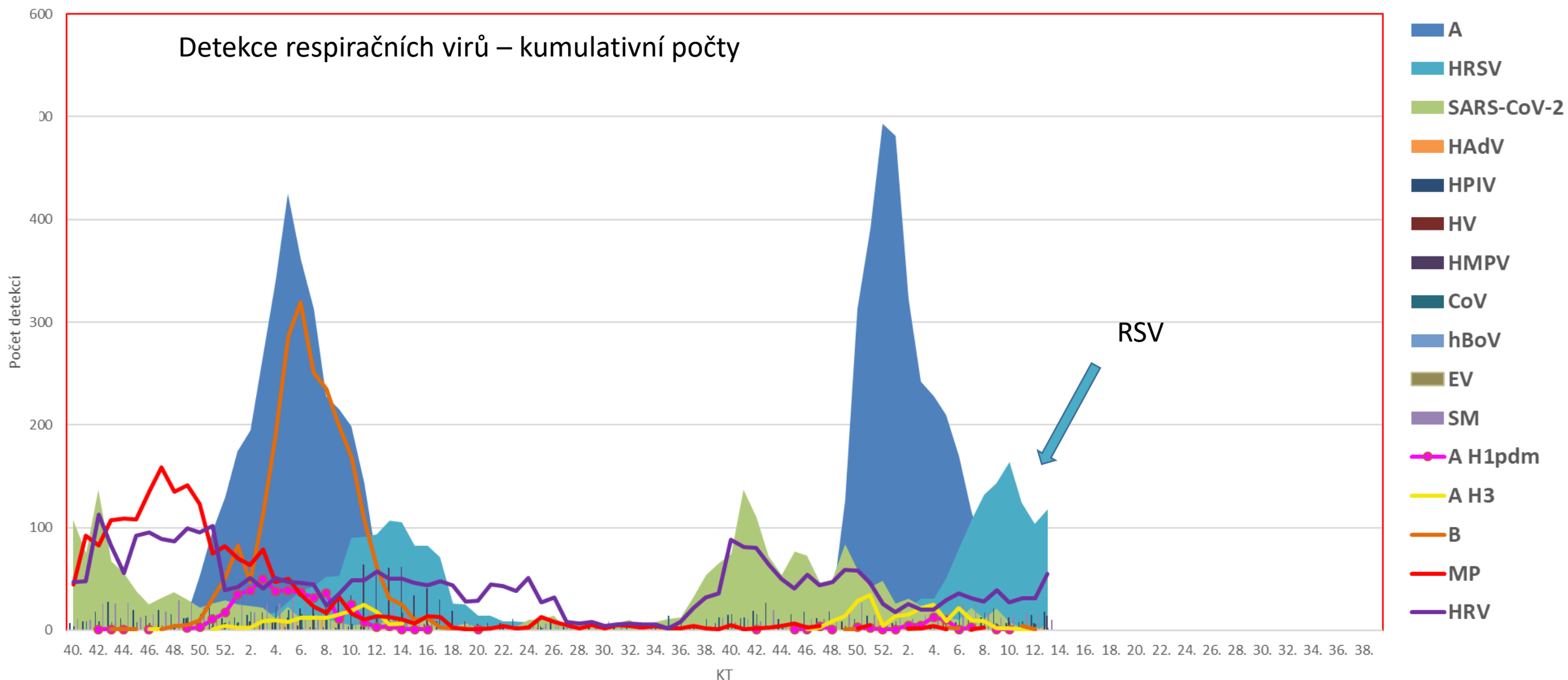
Virologická surveillace – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		10.	Podíl	11.	Podíl	12.	Podíl	13.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	19	7,0%	13	5,9%	5	2,6%	9	3,9%	3341
	A H ₁ pdm	1	0,4%		0,0%		0,0%		0,0%	54
	A H ₃	2	0,7%	1	0,5%	1	0,5%		0,0%	228
	B		0,0%	4	1,8%	1	0,5%		0,0%	19
	HRSV	164	60,7%	124	56,4%	104	53,6%	118	50,9%	1182
	HAdV	3	1,1%	5	2,3%	5	2,6%	4	1,7%	150
	HPIV	7	2,6%	8	3,6%	15	7,7%	18	7,8%	332
	HV	1	0,4%	1	0,5%		0,0%		0,0%	28
	MP	1	0,4%		0,0%	1	0,5%		0,0%	60
	HMPV	13	4,8%	5	2,3%	7	3,6%	14	6,0%	72
	CoV	8	3,0%	9	4,1%	6	3,1%	2	0,9%	217
	HRV	27	10,0%	31	14,1%	31	16,0%	55	23,7%	1228
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	13
	EV	1	0,4%		0,0%		0,0%		0,0%	34
	SARS-CoV-2	8	3,0%	2	0,9%	2	1,0%	2	0,9%	1289
	SM	15	5,6%	17	7,7%	16	8,2%	10	4,3%	397
	pozitivní	270		220		194	18,7%	232	22,2%	8644
	negativní	937		808		842		812		30920
Celkový počet vyšetření:		1207		1028		1036		1044		39564

Virologická surveillace – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		10.	Podíl	11.	Podíl	12.	Podíl	13.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	22	8,1%	14	6,4%	6	3,1%	9	3,9%	3623
	B	0	0,0%	4	1,8%	1	0,5%	0	0,0%	19
	Celkem	22	0,08148	18	0,082	7	0,0361	9	3,9%	3642

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

V italském regionu Lombardie byl hlášen případ infekce virem ptačí chřipky A(H9N2) u vracejícího se cestovatele z neevropské země, kde byl virus dříve identifikován u ptáků. Jedná se o první případ infekce ptačí chřipky A(H9N2) u člověka hlášený v EU/EHP.

Pacient má souběžná zdravotní onemocnění a v současné době je v nemocniční izolaci, kde je léčen. Italské orgány veřejného zdraví provedly preventivně trasování kontaktů, aby identifikovaly a kontrolovaly možný další přenos, a zahájily několik epidemiologických a mikrobiologických vyšetřování.

Od roku 1998 do 27. února 2026 bylo na celém světě hlášeno 195 případů infekce virem A(H9N2) u lidí v 10 zemích Asie a Afriky. Pouze dvě infekce byly fatální. Nikdy nebyly hlášeny žádné klastry infekcí virem lidské chřipky A(H9N2) ani zdokumentované případy přenosu z osoby na osobu.

Nejpravděpodobnějším zdrojem infekce lidí virem ptačí chřipky byl přímý kontakt s nakaženými ptáky nebo kontaminovaným prostředím.

Sporadické případy ptačí chřipky u lidí nejsou v oblastech, kde virus cirkuluje u ptáků, neočekávané.



Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 13. KT 2026 a EU/EHP 12. KT

EU/EHP 12. 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) a A(H1).

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). Z variant odvozených od XFG se 5 variant umístilo mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: XFG, XFG.3, XFG.3.4.1, XFG.5.1, XFG.14.1.1). 7 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.

Virologická surveillance ČR 13. KT

Ve 13. KT nadále klesá detekce virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl pod 5 % (3,9 %). U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B nebyl zachycen.

Od 36. KT bylo v surveillance detekováno celkem 3 623 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. Chřipka typu B cirkulovala minoritně a byla detekována pouze v 119 případech.

Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 50,9 %. Již čtvrtým týdnem pozorujeme mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 0,9 % podílu pozitivních detekcí.

Vzestupnou tendenci pozorujeme u rhinovirů (23,7 %). Zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (7,8 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává zvýšený (6 %).

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 vyšetřených vzorků.

První případ importu ptačí chřipky A/H9N2: V italském regionu Lombardie byl hlášen případ infekce virem ptačí chřipky A(H9N2) u vracejícího se cestovatele z neevropské země, kde byl virus dříve identifikován u ptáků. Jedná se o první případ infekce ptačí chřipky A(H9N2) u člověka hlášený v EU/EHP.

Rádi bychom poděkovali spolupracujícím nemocnicím a laboratořím, které ve zrychleném režimu poslaly na naši aktuální výzvu mimosezónní vzorky SARS-CoV-2 (Zejména: FN Olomouc, MIKU-MED s.r.o., CODUM s.r.o., Skymed s.r.o., FNKV, Karlovarská krajská nemocnice, VFN, Nemocnice Jihlava, FN Motol, ON Náchod, FN Ostrava, Slezská nemocnice v Opavě, FN Plzeň). Také bychom rádi poděkovali všem, kteří vzorky do NRL pravidelně posílají.

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