



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 07/04/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

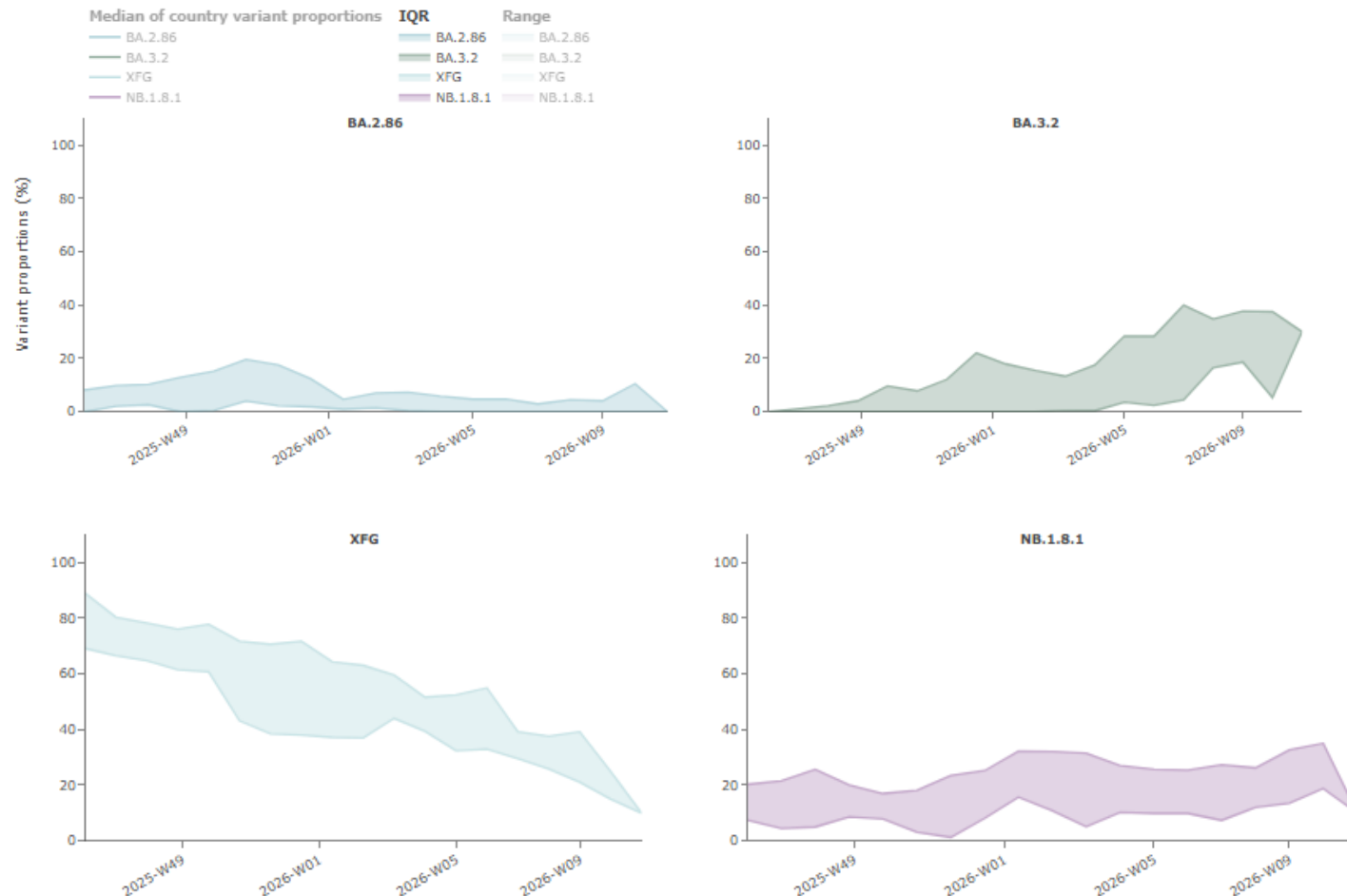
RNDr. Helena Jiřincová, Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., Alena Janypková, Ph.D., MUDr. Radomíra Limberková

EU/EHP 13. KT

ECDC vydá novou zprávu až 13. dubna, data za 13. KT nejsou dostupná.

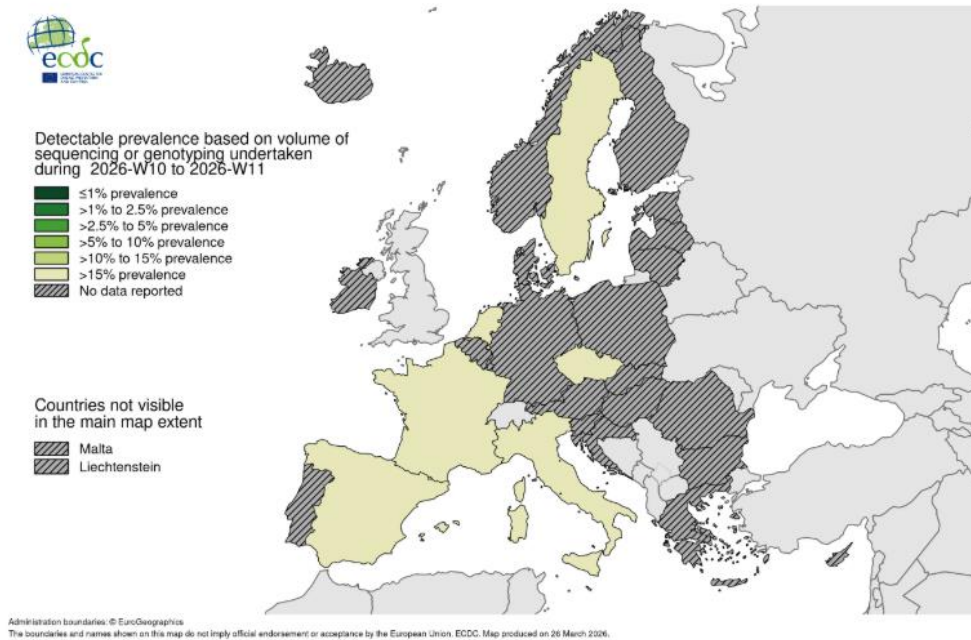
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

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



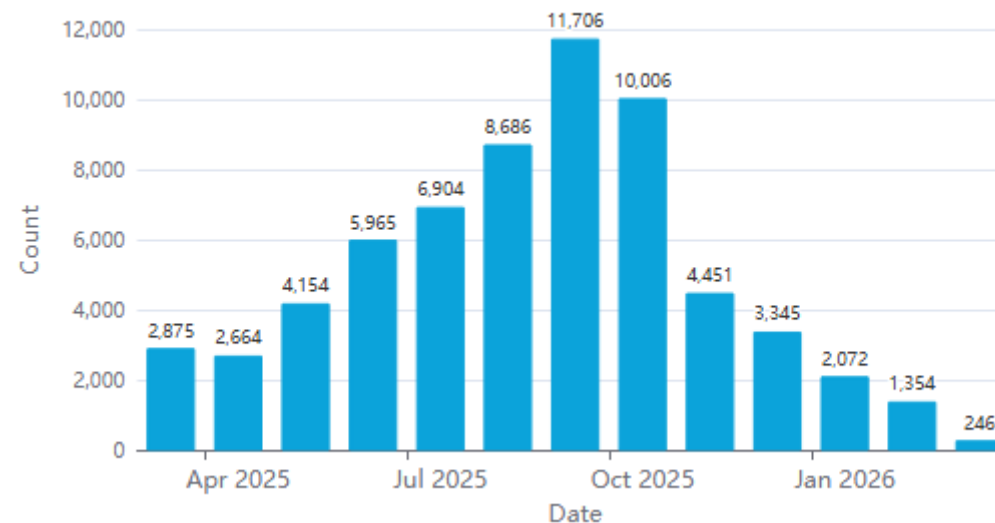
Variants of Interest (VOI)

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

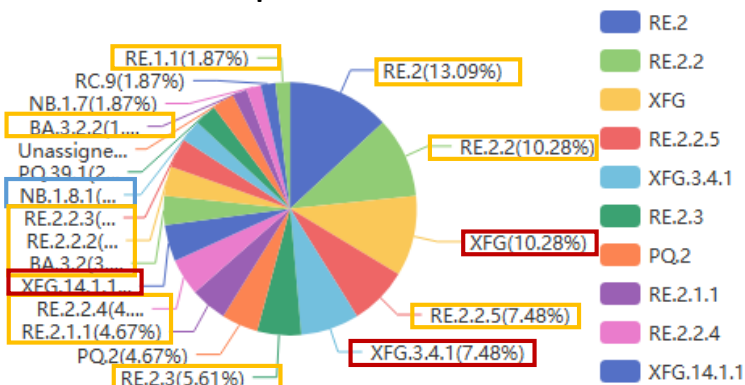
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

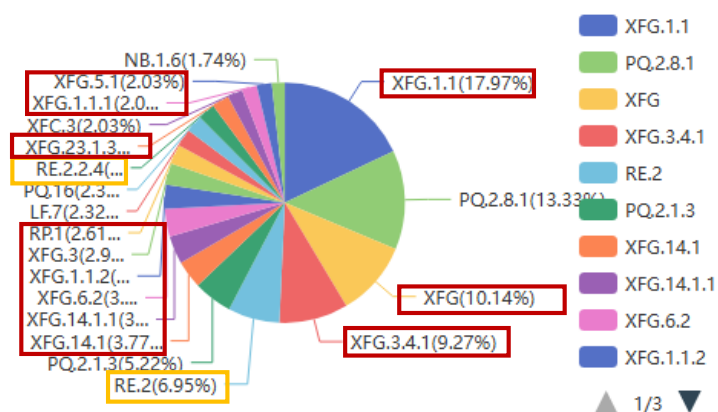


Procentuální zastoupení v rámci 20 nejčetnějších variant SARS-CoV-2

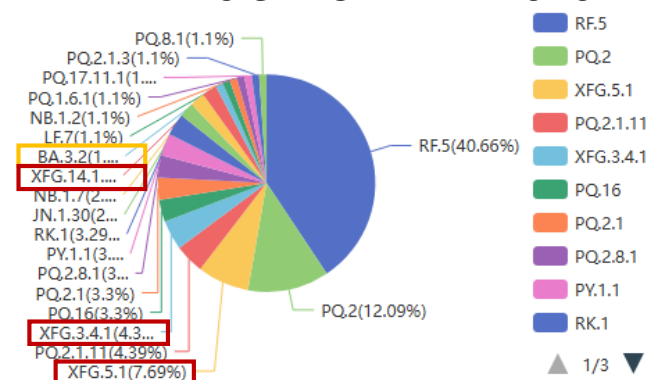
Evropa 7.3. - 7. 4. 2026



Severní Amerika 7. 3. - 7. 4. 2026



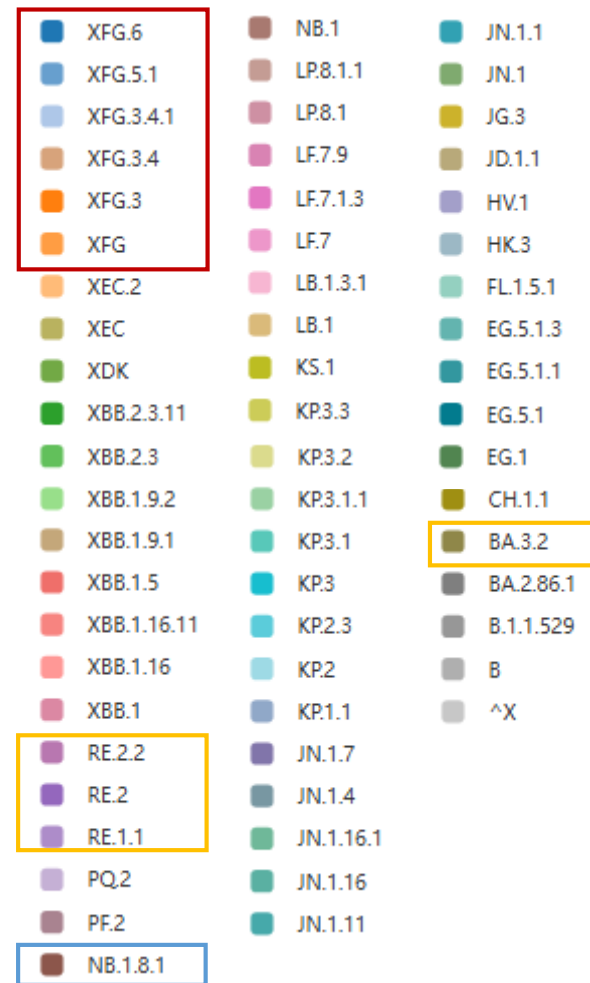
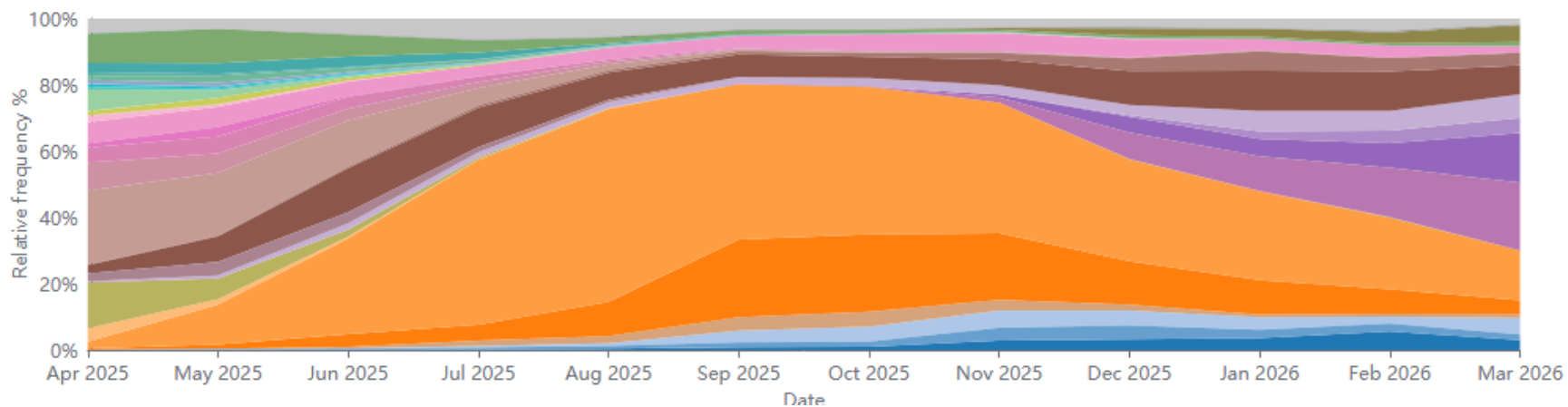
Asie 7. 3. - 7. 4. 2026



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

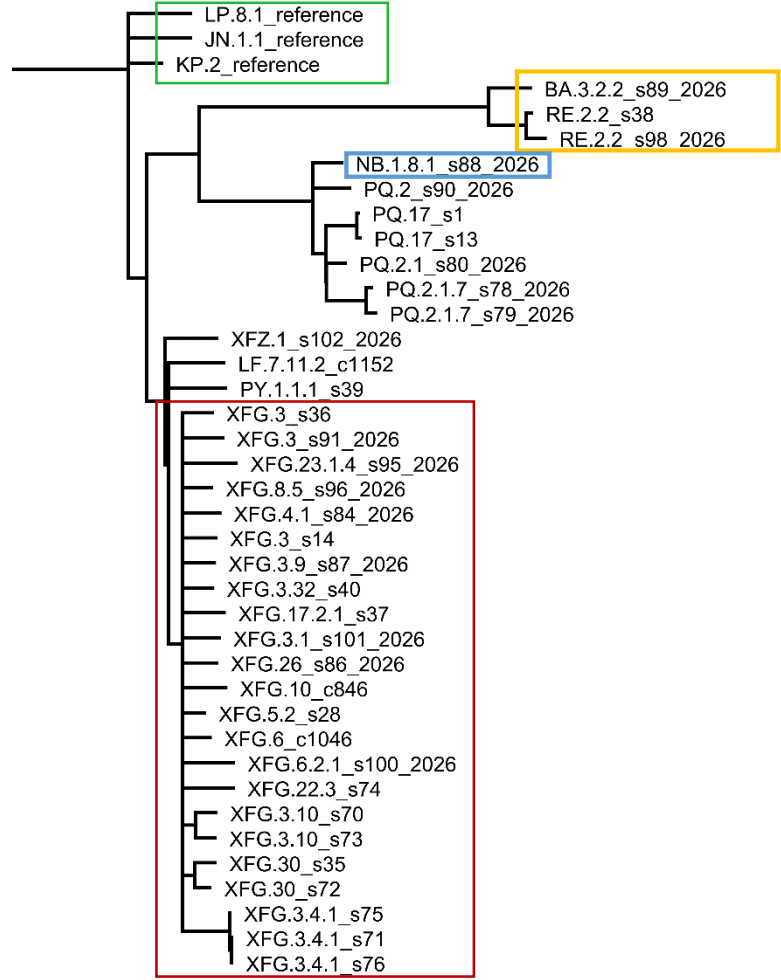
Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	144	522	98
XFG	11	35	0
XFG.3.4.1	8	32	4
NB.1.8.1	3	0	0
BA.3.2	4	1	1
RE.2	14	24	0
RE.2.2	11	1	0
RE.2.2.5	8	0	0
RE.2.3	6	0	0
PQ.2	5	2	11

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



Výskyt SARS-CoV-2 v Evropském regionu za poslední měsíc je celkově nižší, nárůst očekáváme během sezóny (srpen – říjen). V Evropském regionu převládá varianta BA.3.2.x (Cikáda) - za poslední měsíc bylo zachyceno 14 sekvenovaných vzorků varianty RE.2 (BA.3.2.2.2). Z variant odvozených od BA.3.2.x se 11 variant umístilo mezi top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: BA.3.2, BA.3.2.2, RE.1.1, RE.2, RE.2.1.1 RE.2.2, RE.2.2.2, RE.2.2.3, RE.2.2.4, RE.2.2.5 a RE.2.3). 11 sekvenovaných vzorků bylo charakterizováno jako XFG (Stratus). Z variant odvozených od XFG se 3 varianty umístily mezi top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: XFG, XFG.3.4.1, XFG.14.1.1). 3 sekvenované vzorky byly charakterizovány 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 (36 vzorků + 3 vakcinální kmeny)

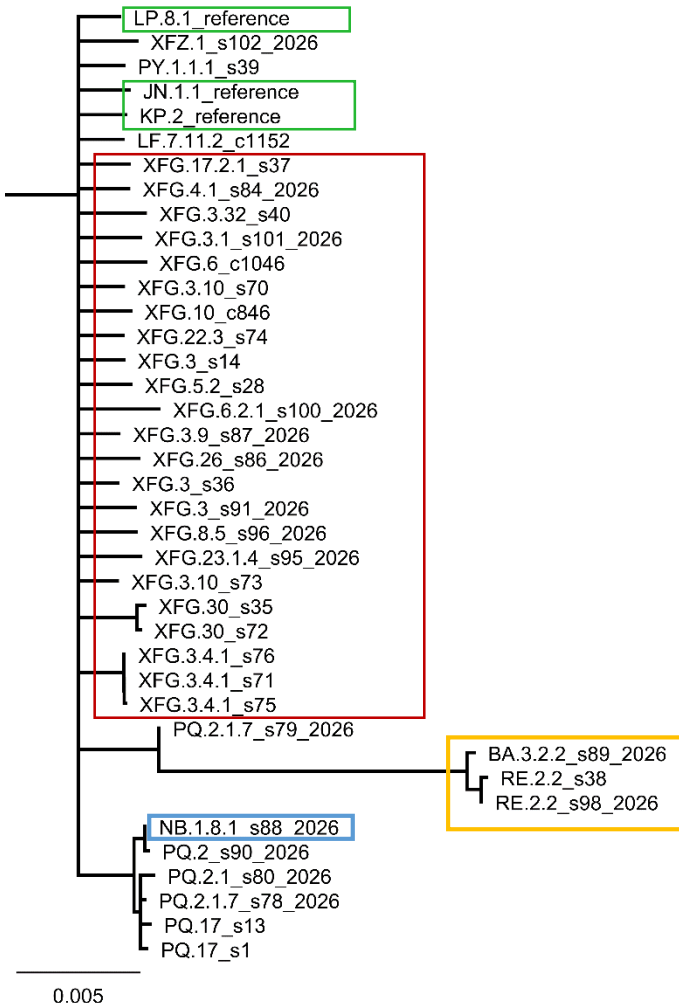


Data odběru vzorků:
1. 1. – 19. 3. 2026

V sekvenacích 36 vzorků s datem leden – březen 2026 bylo zachyceno 23 vzorků varianty XFG.x (Stratus), 2 vzorky varianty RE.2.2 (Cikáda), 1 vzorek varianty BA.3.2.2. (Cikáda) a 1 vzorek varianty NB.1.8.1 (Nimbus) a dalších 6 vzorků odvozených od NB.1.8.1. (PQ.2 - 1 vzorek, PQ.2.1 - 1 vzorek, PQ.2.1.7 - 2 vzorky, PQ.17 - 2 vzorky). Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: PY.1.1.1 (1 vzorek), LF.7.11.2 (1 vzorek) a XFZ.1 (1 vzorek).

0.002

Dendrogram – fylogenetická analýza Spike proteinu podle 93 % podobnosti zakotvená k LP.1.8.1 (36 vzorků + 3 vakcinální kmeny)



Data odběru vzorků:

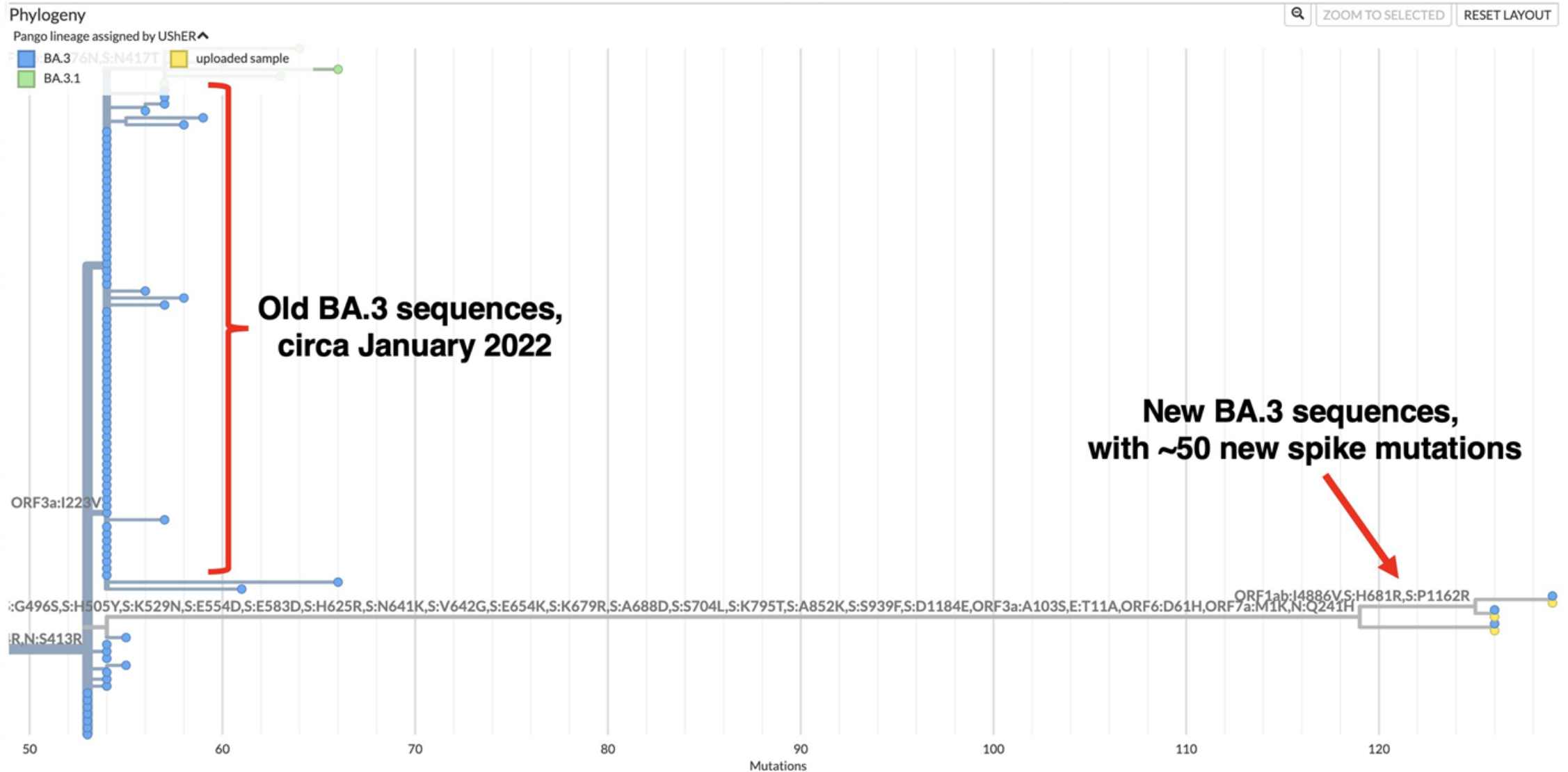
1. 1. – 19. 3. 2026

V sekvenacích 36 vzorků s datem leden – březen 2026 bylo zachyceno 64 % varianty XFG.x (Stratus), 8 % varianty BA.3.2.x (Cikáda) a 3 % varianty NB.1.8.1. Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle ECDC a WHO. Mimo tyto varianty byly detekovány varianty: PQ.2 (1 vzorek), PQ.2.1 (1 vzorek), PQ.2.1.7 (2 vzorky), PQ.17 (2 vzorky), PY.1.1.1 (1 vzorek), LF.7.11.2 (1 vzorek) a XFZ.1 (1 vzorek).

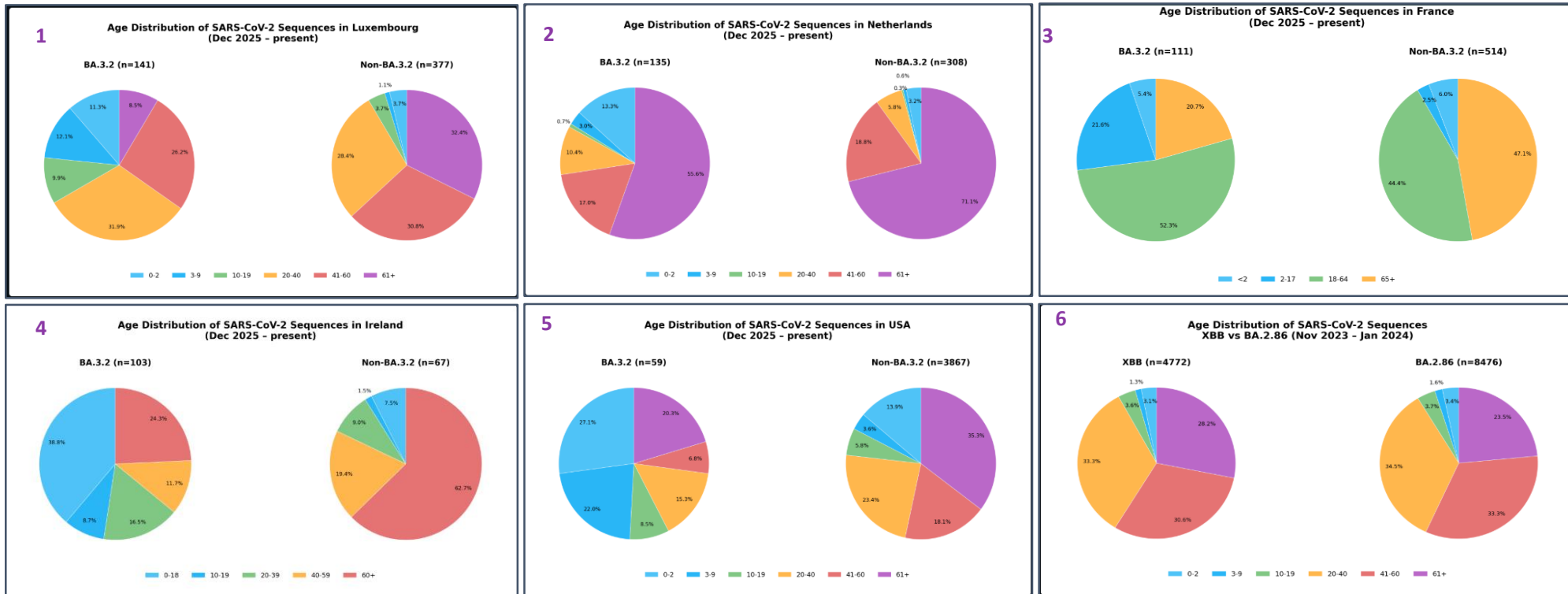
Ze zakotveného dendrogramu pro Spike protein je patrné, že varianta Cikáda je ve Spike proteinu relativně vzdálena od vakcinálních kmenů i od současně kolujících variant (Stratus), a proto má tato varianta vyšší riziko imunitního úniku než varianta XFG, která má již mírné riziko imunitního úniku podle WHO.

V příští zprávě 13. 4. 2026 uvedeme výpis mutací Spike proteinu vzhledem k aktuálnímu vakcinálnímu kmenu.

Evoluce BA.3.2 od ledna 2022



Porovnání věkové distribuce sekvenovaných vzorků BA.3.2 a BA.2.86



BA.3.2: graf 1 – 5, BA.2.86: graf 6

Data z 5 zemí ukazují vyšší míru cirkulace SARS-CoV-2 varianty Cikáda u dětí a mladistvých, bias vylučuje shoda u 5 zemí s různým systémem zdravotního dozoru a sekvenační strategií. Příčiny nejsou zatím známy. Jednou z příčin může být hypotetická imunitní naivita nebo svoji roli může hrát delece ORF7/8, kterou jsme pozorovali u varianty GW.5.1.1 a která vykazovala analogický věkový profil.

- Ve 14. KT nadále klesá detekce virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl pod 5 % (3,4 %). 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 284 vzorků. V 54 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 230 případech subtyp A/H3. Chřipka typu B cirkulovala minoritně a byla detekována pouze v 19 případech.
- Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 48,3%. Nadále pozorujeme velmi mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 2 % podílu pozitivních detekcí.
- Vzestupnou tendenci pozorujeme u rhinovirů (24,5 %). Zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (6,1 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává zvýšený (6,1 %).
- Celkový počet hlášených detekcí v non-sentinelové surveillanci se v posledním týdnu významně snížil v důsledku velikonočních svátků 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

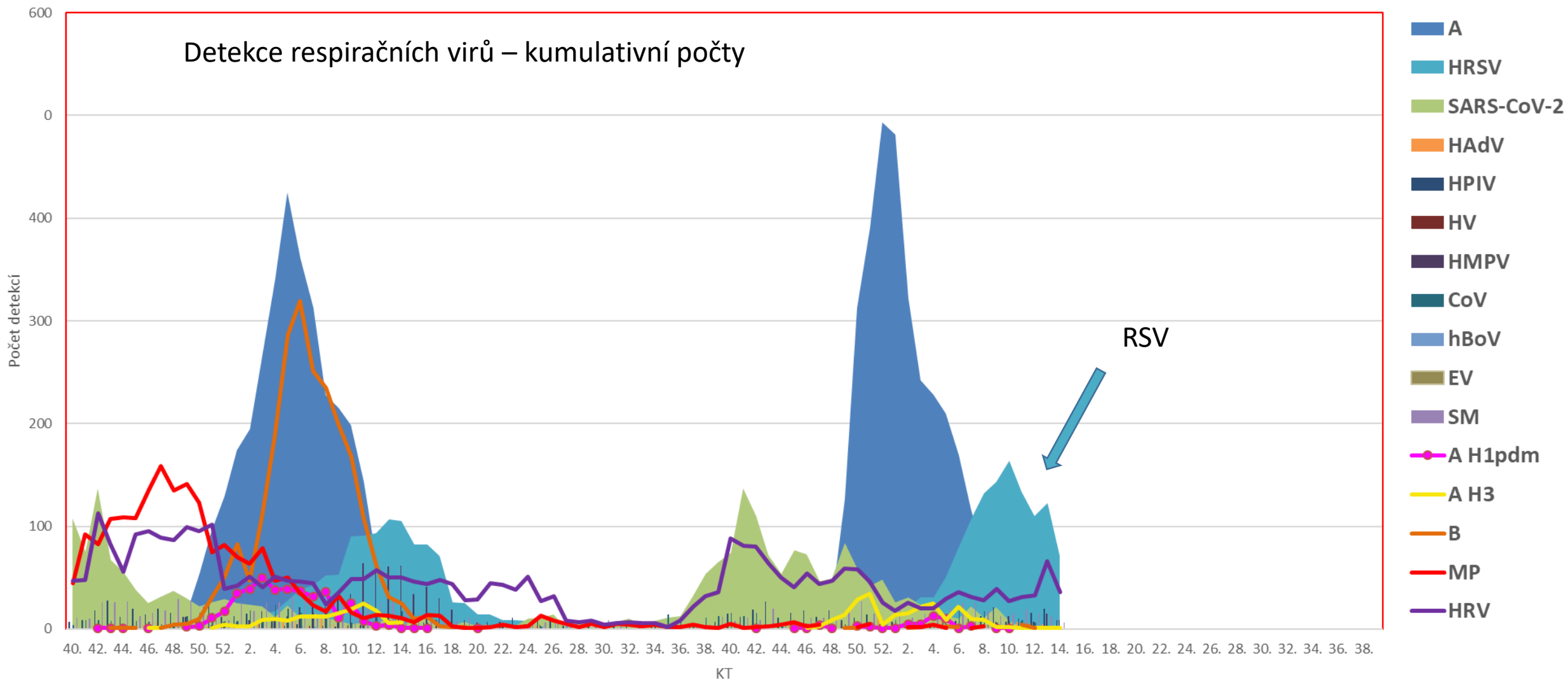
Virologická surveillace – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		11.	Podíl	12.	Podíl	13.	Podíl	14.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	13	5,5%	5	2,4%	9	3,5%	4	2,7%	3345
	A H ₁ pdm		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	54
	A H ₃	1	0,4%	1	0,5%	1	0,4%	1	0,7%	230
	B	4	1,7%	1	0,5%		0,0%		0,0%	19
	HRSV	134	56,3%	110	53,7%	123	48,0%	71	48,3%	1274
	HAdV	7	2,9%	6	2,9%	5	2,0%	2	1,4%	156
	HPIV	10	4,2%	16	7,8%	20	7,8%	9	6,1%	346
	HV	1	0,4%		0,0%		0,0%	3	2,0%	31
	MP		0,0%	1	0,5%		0,0%		0,0%	60
	HMPV	7	2,9%	7	3,4%	15	5,9%	9	6,1%	84
	CoV	9	3,8%	6	2,9%	2	0,8%	2	1,4%	219
	HRV	31	13,0%	33	16,1%	66	25,8%	36	24,5%	1277
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	13
	EV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	34
	SARS-CoV-2	2	0,8%	3	1,5%	3	1,2%	4	2,7%	1295
	SM	19	8,0%	16	7,8%	12	4,7%	6	4,1%	407
	pozitivní	238		205		256	21,8%	147	26,4%	8844
	negativní	885		899		921		410		31573
Celkový počet vyšetření:		1123		1104		1177		557		40417

Virologická surveillace – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		11.	Podíl	12.	Podíl	13.	Podíl	14.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	14	5,9%	6	2,9%	10	3,9%	5	3,4%	3629
	B	4	1,7%	1	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	19
	Celkem	18	0,07563	7	0,034	10	0,0391	5	3,4%	3648

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 14. KT 2026 a EU/EHP 13. KT

EU/EHP 13. KT

ECDC neuvádí aktuální data.

Virologická surveillance ČR 14. KT

Ve 14. KT nadále klesá detekce virů chřipky typu A. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A klesl pod 5 % (3,4 %). 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 284 vzorků. V 54 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 230 případech subtyp A/H3. Chřipka typu B cirkulovala minoritně a byla detekována pouze v 19 případech.

Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 48,3%. Nadále pozorujeme velmi mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru.

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

Vzestupnou tendenci pozorujeme u rhinovirů (24,5 %). Zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (6,1 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává zvýšený (6,1 %).

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

SARS-CoV-2 varianta Cikáda (Ba.3.2.x) je aktuálně cirkulující v zemích Evropy a ČR, v důsledku antigenní odlišnosti spike lépe uniká virus neutralizačním protilátkám a vykazuje nižší afinitu k vazbě na ACE2 receptor. Podle dostupných sekvenčních dat se v porovnání s předchozími variantami více uplatňuje u dětí a mladistvých než předchozí varianty.

Rádi bychom poděkovali všem, kteří vzorky pozitivní na SARS-COV-2, RSV a influenzu do NRL pravidelně posílají i mimo respirační sezónu.

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