



# Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 13/04/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

## EU/EHP 14. KT

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

Cirkulace viru chřipky je nízká 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).

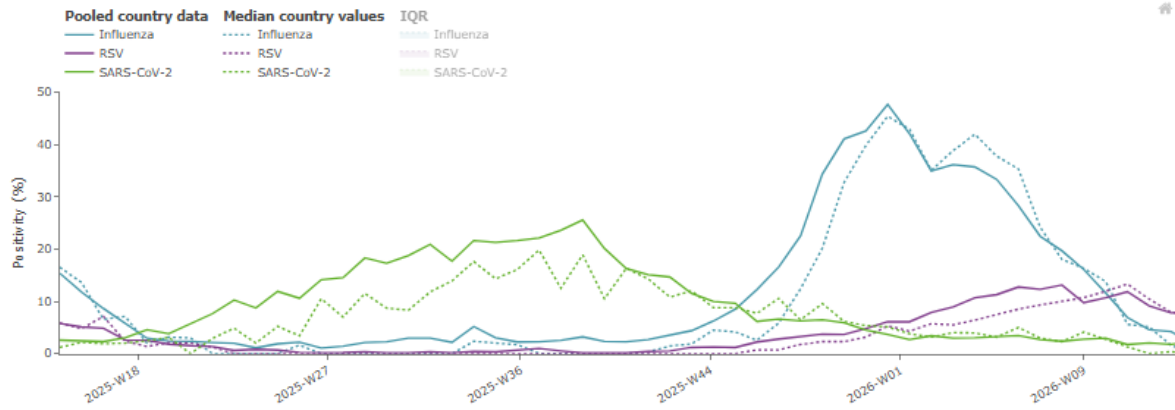
V Evropském regionu převládá varianta XFG (Stratus), za poslední měsíc bylo zachyceno 10 sekvenovaných vzorků varianty XFG. Z variant odvozených od XFG se 6 variant umístilo mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu XFG, XFG.3, XFG.3.3, XFG.3.4.1, XFG.14.1.1 a XFG.17.2.1). BA.3.2.x (Cikáda) - za poslední měsíc byl zachycen 1 sekvenovaný vzorek varianty BA.3.2. Z variant odvozených od BA.3.2.x se 10 variant umístilo mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: BA.3.2, BA.3.2.2, RE.2, RE.2.1.1, RE.2.2, RE.2.2.2, RE.2.2.4, RE.2.2.5, RE.2.2.6 a RE.2.3). Z variant odvozených od NB.1.8.1 (Nimbus) se 3 varianty umístili mezi top 20 nejčtenějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: PQ.17.11, PQ.39.1 a RC.9).

**Varianty BA.3.2, 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

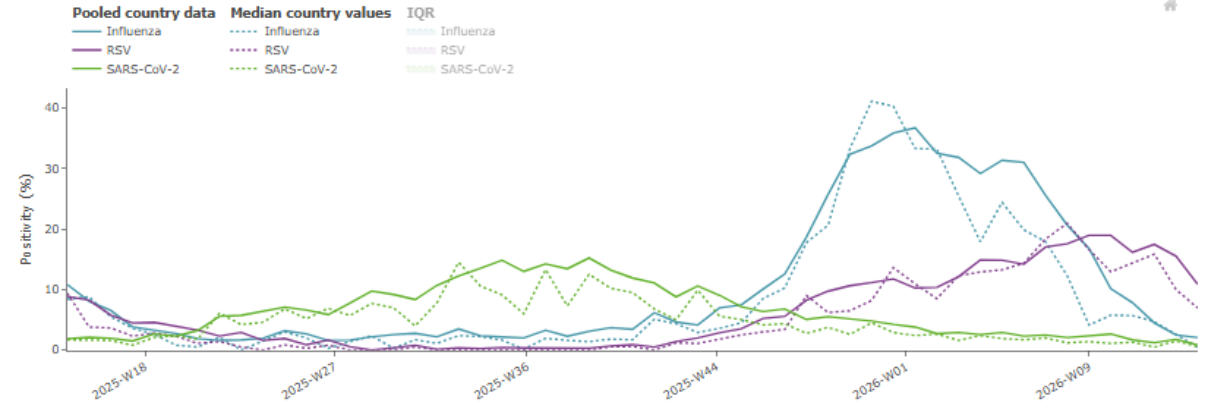
Figure Table



b)

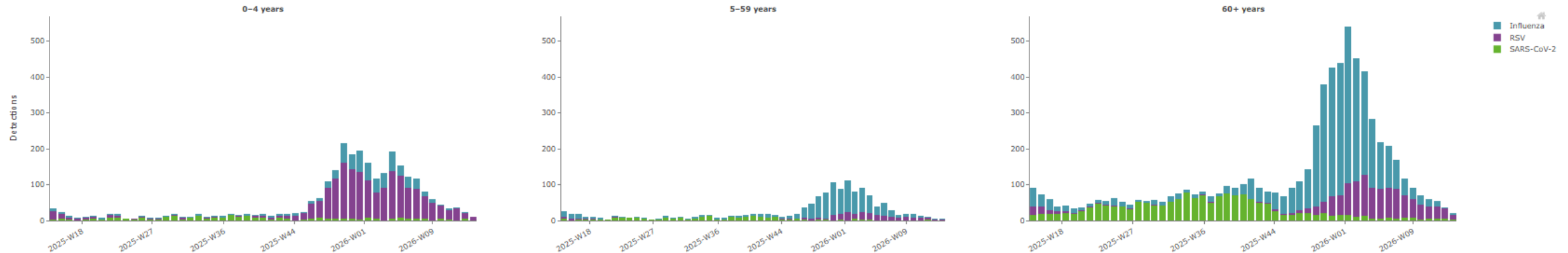
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



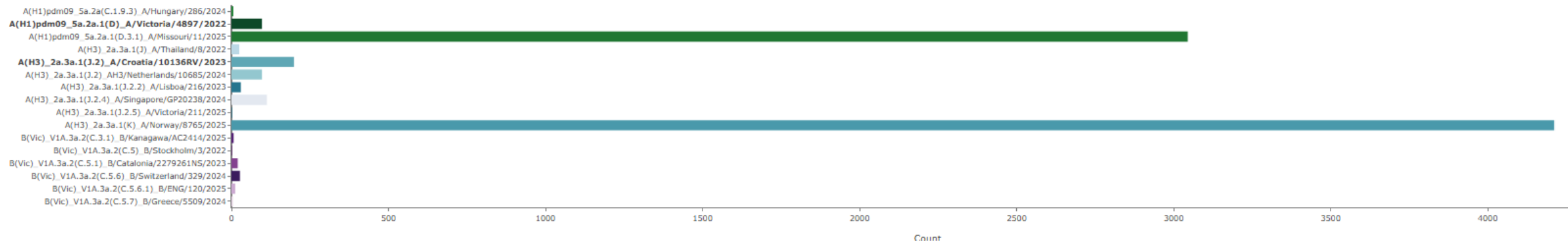
c)

Weekly detections by age



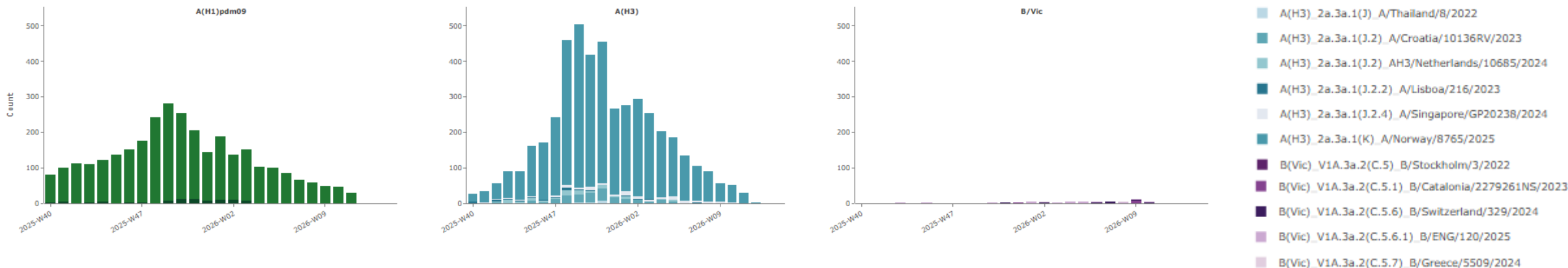
Cumulative influenza virus detections by genetic clade, 2025-W40 to 2026-W14

Barchart  Table



Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype

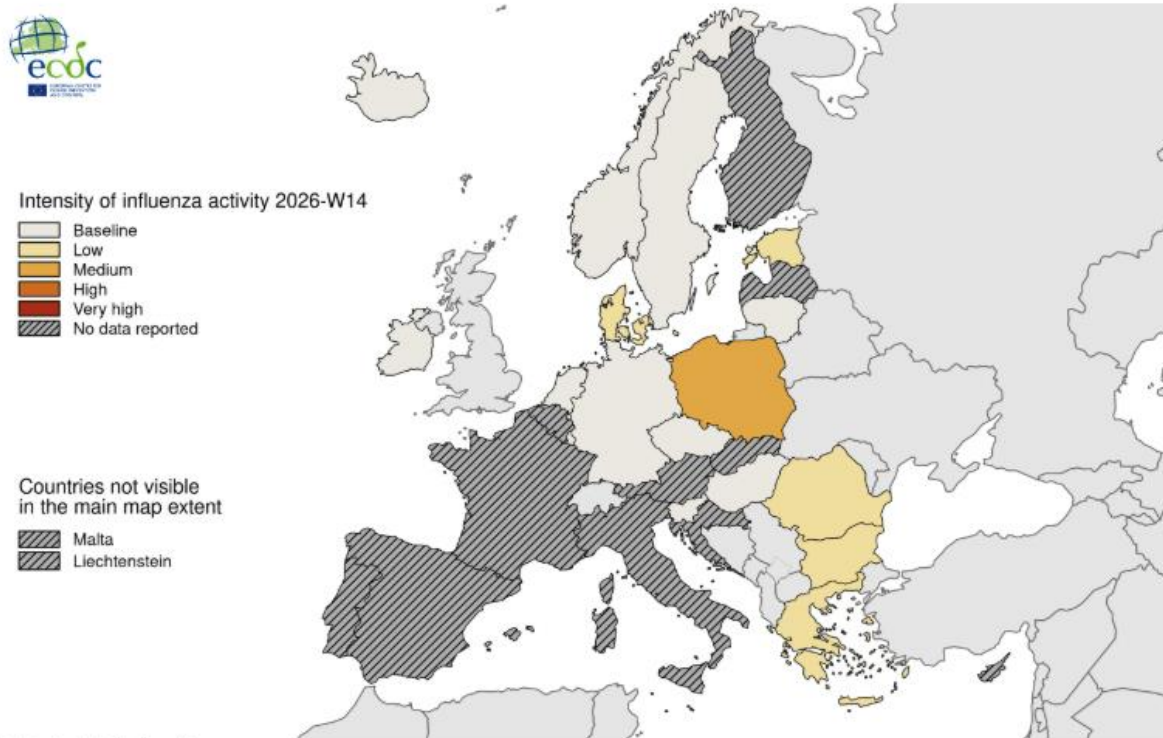
Count  Percentage



Key indicators in week 14, 2026

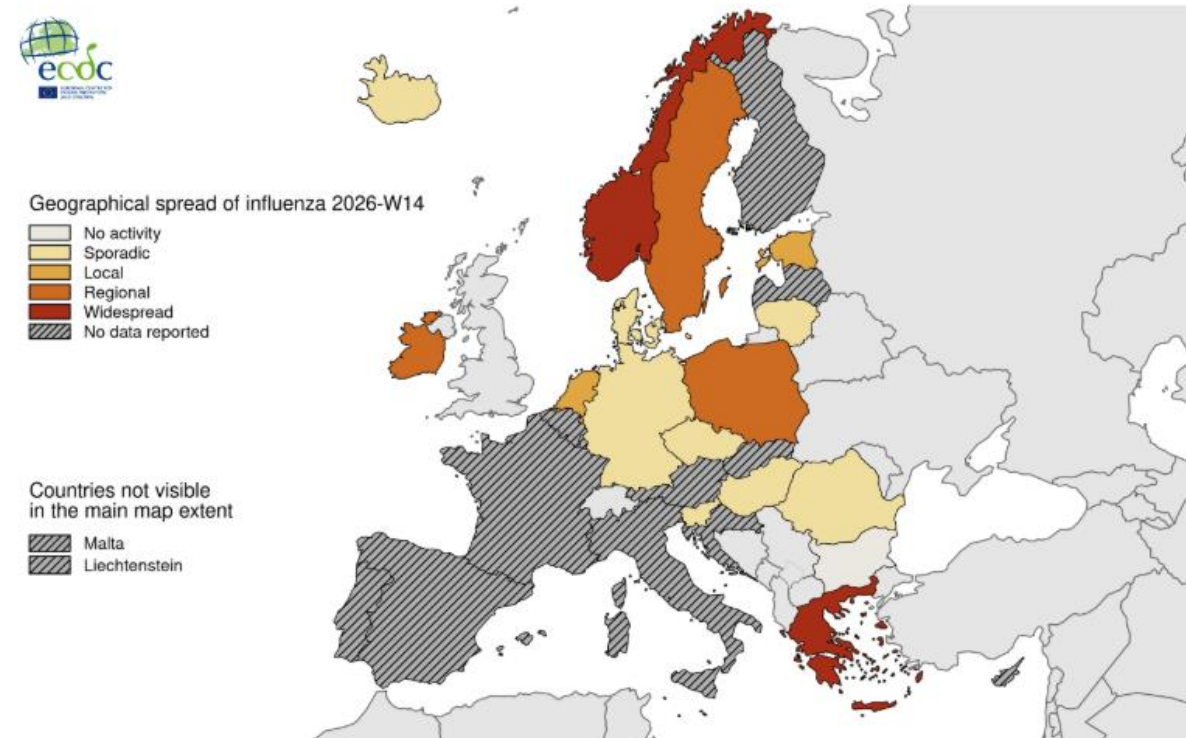
Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		Description	EU/EEA summary
		Week 14	Week 13		
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	13 rates (9 MEM)	18 rates (10 MEM)	Distribution of country MEM categories	9 Baseline
	ILI	15 rates (14 MEM)	22 rates (20 MEM)		13 Baseline 1 Low
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	13	20	Pooled (median; IQR)	2% (0; 0–2.8%)
	RSV	13	19		7.9% (7.4; 4.8–11%)
	SARS-CoV-2	13	18		2.3% (0; 0–2.3%)
SARI rates in hospitals	SARI	6 rates (4 MEM)	11 rates (5 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline
SARI test positivity in hospitals	Influenza	8	9	Pooled (median; IQR)	2.1% (0.4; 0–2.1%)
	RSV	8	9		11% (7; 5.9–13%)
	SARS-CoV-2	7	8		0.9% (0.6; 0–1.7%)
Intensity (country-defined)	Influenza	17	24	Distribution of country qualitative categories	11 Baseline 5 Low 1 Medium
Geographic spread (country-defined)	Influenza	16	22	Distribution of country qualitative categories	1 No activity 8 Sporadic 2 Local 3 Regional 2 Widespread

Intensity of influenza activity 2026-W14



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 9 April 2026.

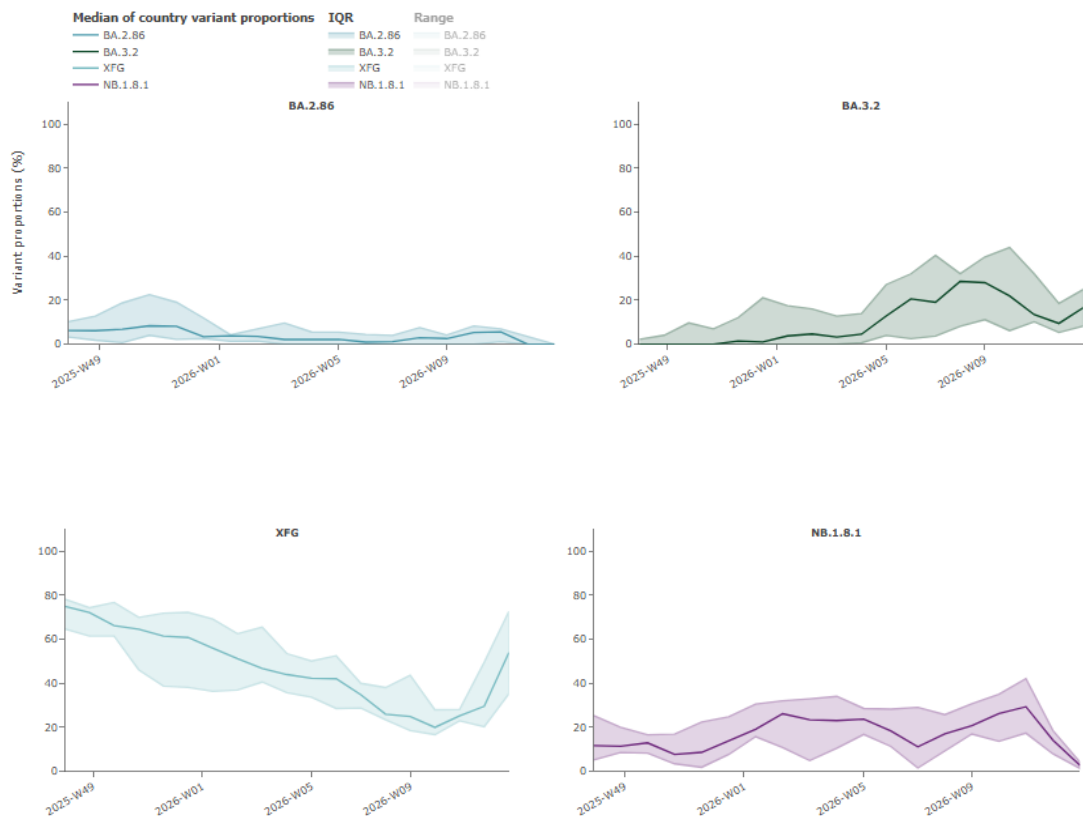
Geographical spread of influenza 2026-W14



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 9 April 2026.

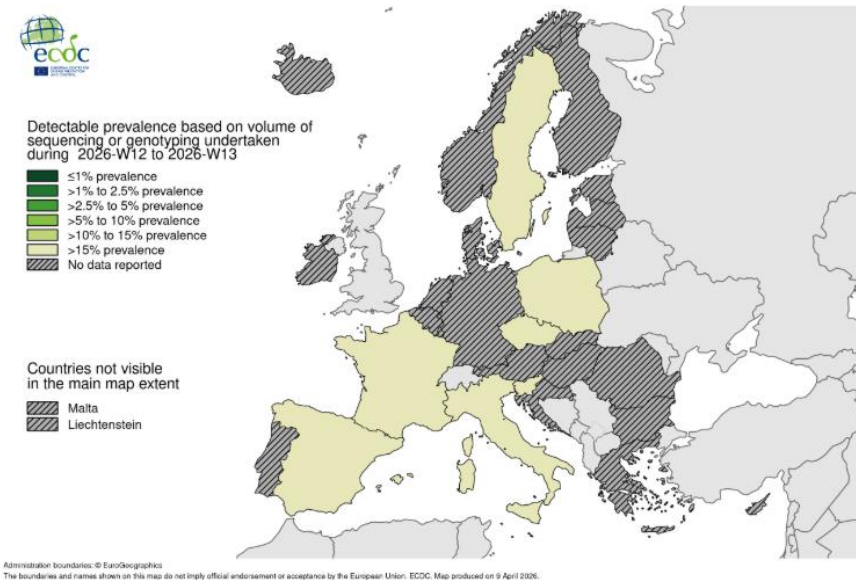
## Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

Distribution of 2-weekly country variant proportions



## Objem sekvenace v 12. a 13. týdnu 2026

Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W12 to 2026-W13



Administrative 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 9 April 2026.

Country ↓	Data source ↓	Sequencing or genotyping volume	
		n ↓	Detection threshold ↓
Czechia	GISAID	1	>30%
France	GISAID	7	>30%
Italy	GISAID	3	>30%
Poland	GISAID	23	>20% to 30%
Slovenia	GISAID	2	>30%
Spain	GISAID	18	>20% to 30%
Sweden	GISAID	1	>30%

Variant classification: BA.2.86 (VOI), BA.3.2 (VUM), XFG (VUM), NB.1.8.1 (VUM)

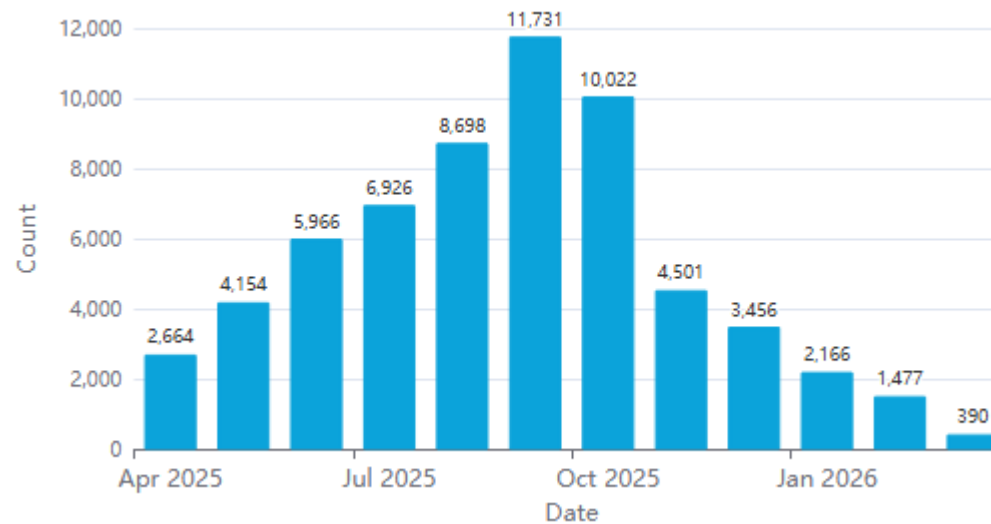
## Variants of Interest (VOI)

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

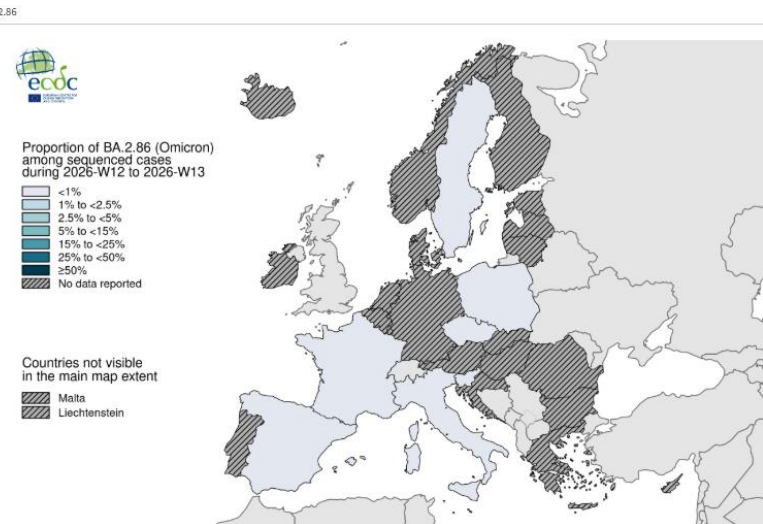
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

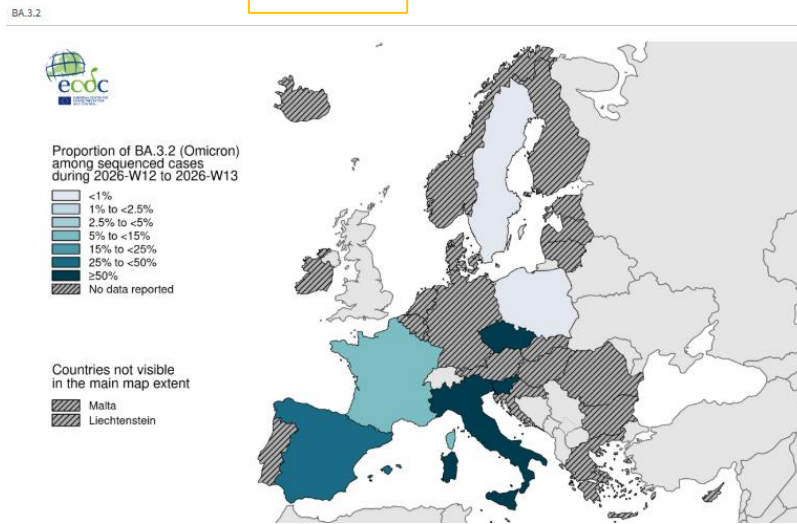


Distribuce sledovaných variant v Evropě v 12. týdnu - 13. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

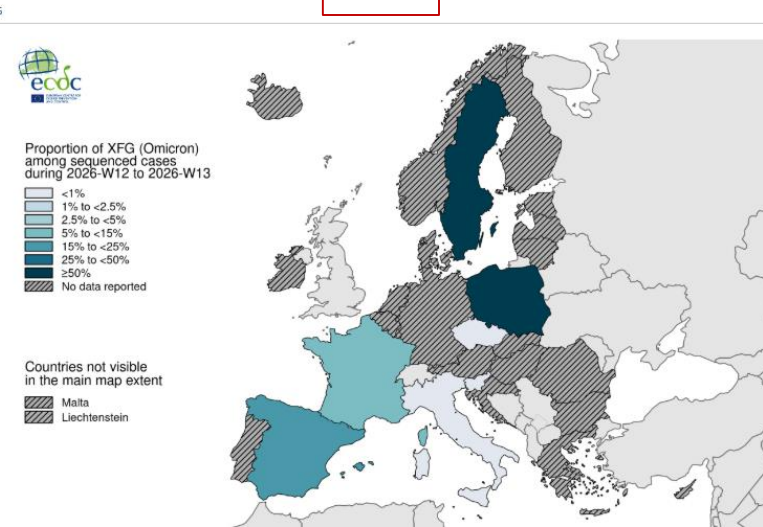
**BA.2.86**



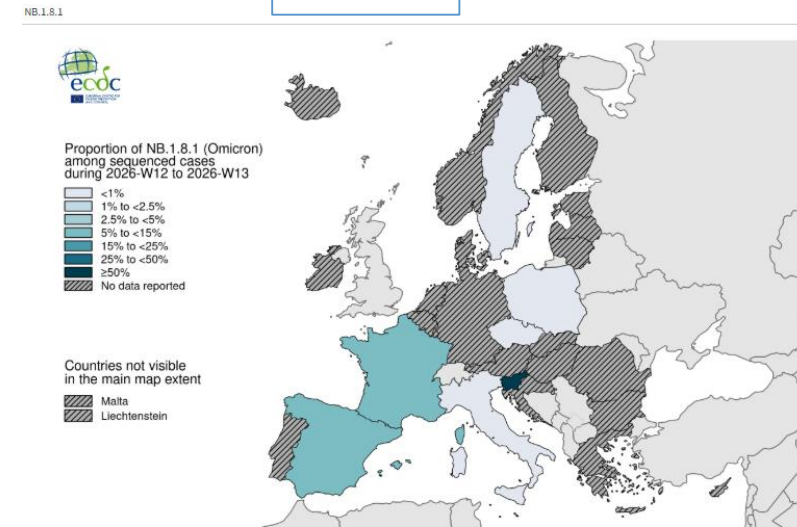
**BA.3.2**



**XFG**



**NB.1.8.1**



## Distribuce sekvenovaných variant

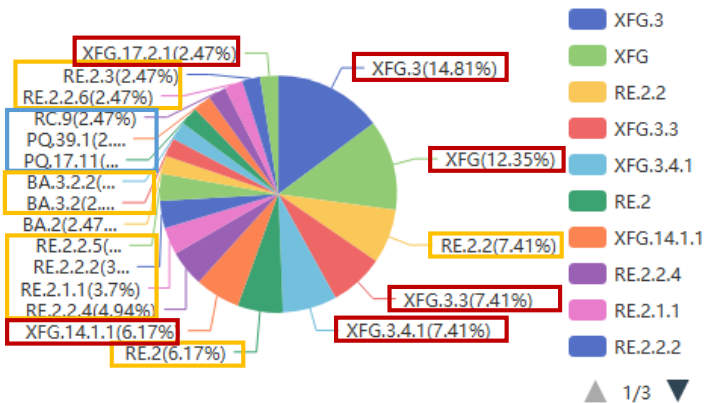
SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 12-13, 2026

Variant	Classification <sup>2</sup>	Reporting countries	Detections	Distribution (median and IQR)
BA.2.86	VOI	0	0	0%
XFG	VUM	2	24	54% (35-73%)
BA.3.2	VUM	1	6	17% (8-25%)
NB.1.8.1	VUM	1	1	3% (1-4%)

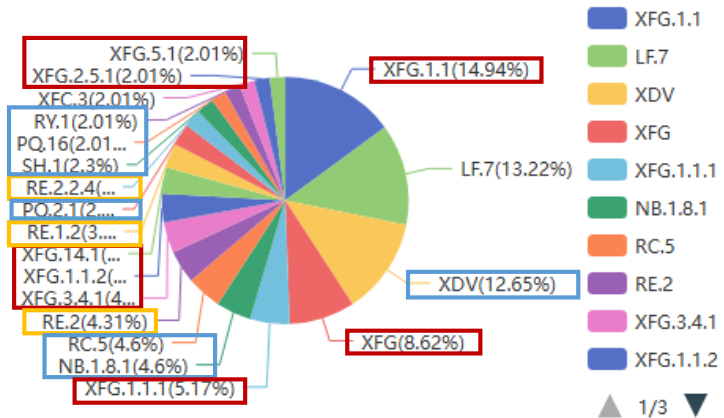
<sup>2</sup> Data are sorted by classification then median distribution. For information on SARS-CoV-2 variant classification visit [ECDC's variant page](#). Distributions are based on data from 2 countries submitting at least 10 sequences in the period.

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

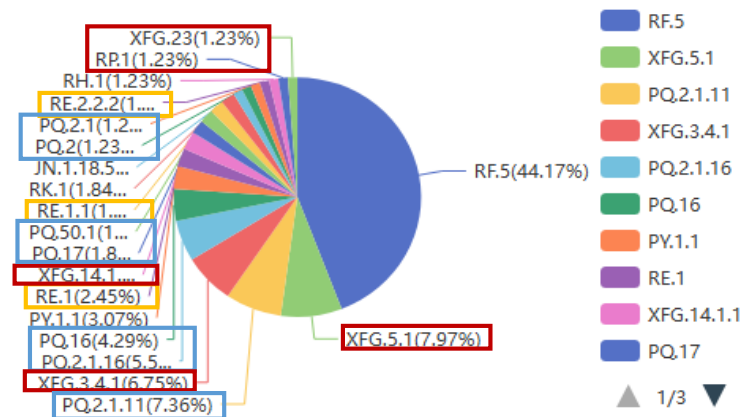
Evropa 17. 3. - 17. 4. 2026



Severní Amerika 17. 3. - 17. 4. 2026



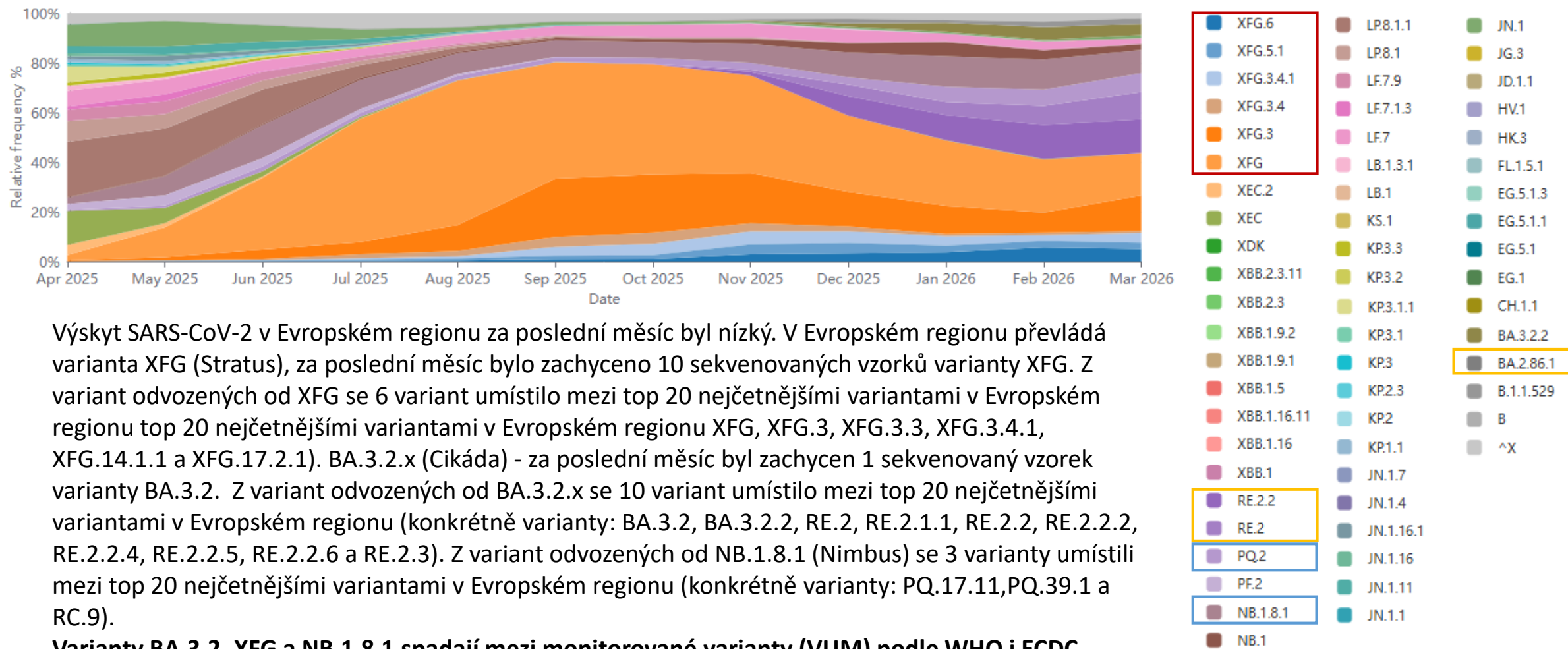
Asie 17. 3. - 17. 4. 2026



- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1 (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)

Varianta	Evropa	Severní Amerika	Asie
<b>Počet sekvenací</b>	<b>108</b>	<b>476</b>	<b>180</b>
<b>XFG</b>	<b>10</b>	<b>30</b>	<b>0</b>
<b>XFG.3</b>	<b>12</b>	<b>2</b>	<b>0</b>
<b>XFG.3.3</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>XFG.3.4.1</b>	<b>6</b>	<b>14</b>	<b>11</b>
<b>RE.2</b>	<b>5</b>	<b>15</b>	<b>0</b>
<b>RE.2.2</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>0</b>
<b>RE.2.2.4</b>	<b>4</b>	<b>8</b>	<b>0</b>
<b>NB.1.8.1</b>	<b>0</b>	<b>16</b>	<b>0</b>
<b>PQ.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>

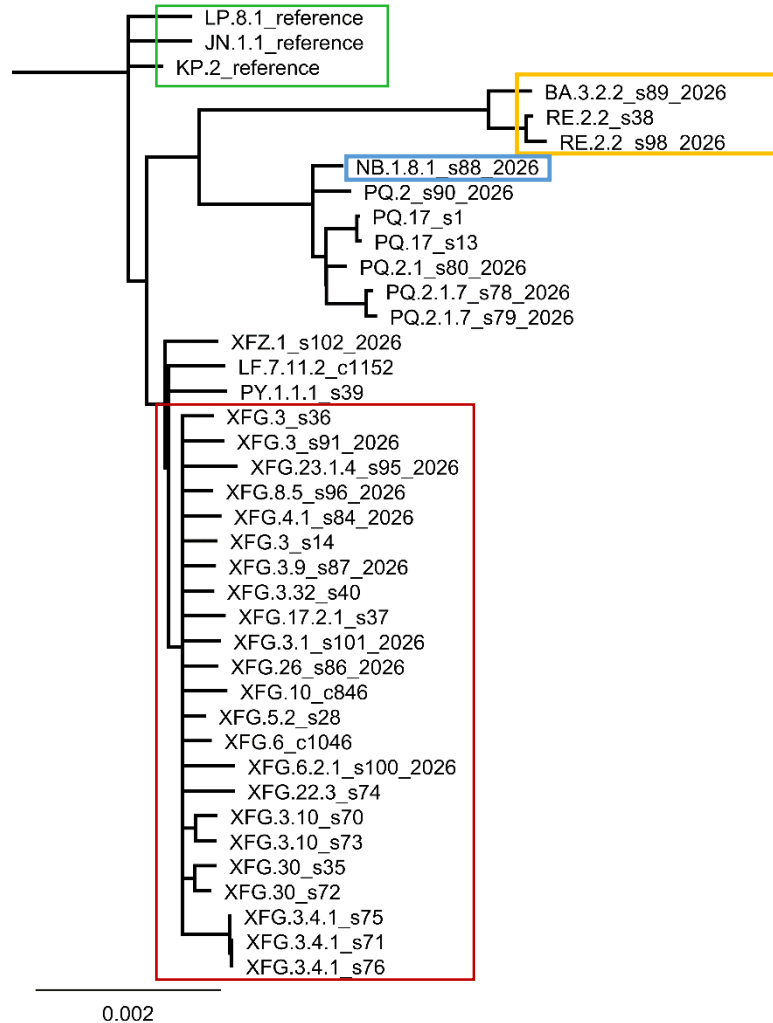
## Zastoupení variant SARS-CoV-2 v Evropě podle relativní frekvence v čase



Výskyt SARS-CoV-2 v Evropském regionu za poslední měsíc byl nízký. V Evropském regionu převládá varianta XFG (Stratus), za poslední měsíc bylo zachyceno 10 sekvenovaných vzorků varianty XFG. Z variant odvozených od XFG se 6 variant umístilo mezi top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu XFG, XFG.3, XFG.3.3, XFG.3.4.1, XFG.14.1.1 a XFG.17.2.1). BA.3.2.x (Cikáda) - za poslední měsíc byl zachycen 1 sekvenovaný vzorek varianty BA.3.2. Z variant odvozených od BA.3.2.x se 10 variant umístilo mezi top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: BA.3.2, BA.3.2.2, RE.2, RE.2.1.1, RE.2.2, RE.2.2.2, RE.2.2.4, RE.2.2.5, RE.2.2.6 a RE.2.3). Z variant odvozených od NB.1.8.1 (Nimbus) se 3 varianty umístili mezi top 20 nejčetnějšími variantami v Evropském regionu (konkrétně varianty: PQ.17.11, PQ.39.1 a RC.9).

**Variety BA.3.2, 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)



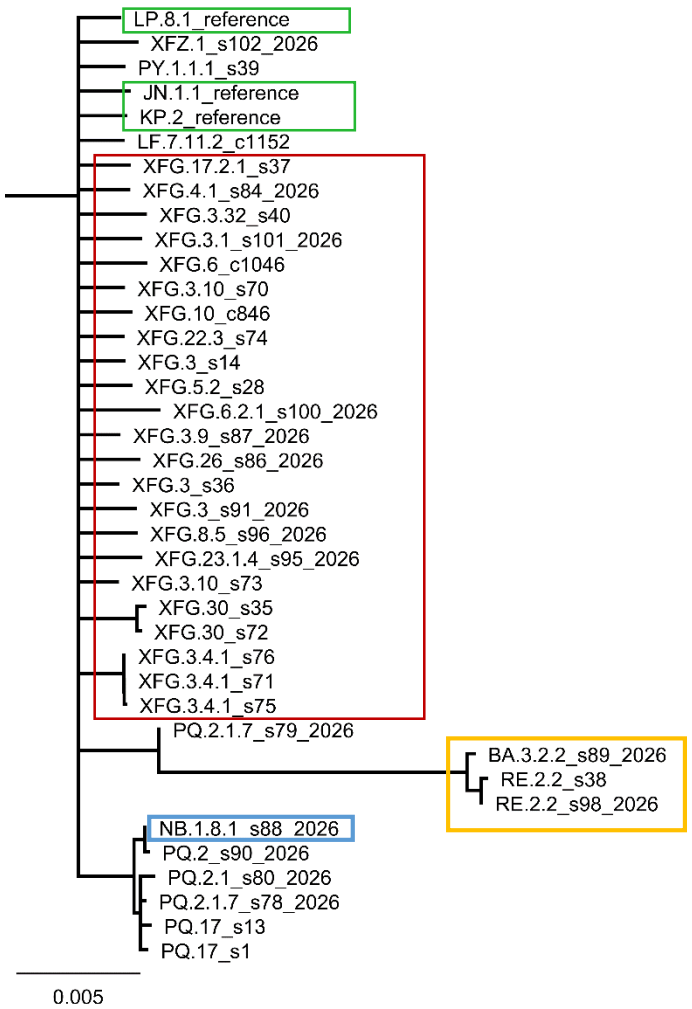
### Data odběru vzorků:

1. 1. – 19. 3. 2026

Ve 36 sekvenovaných vzorků s datem leden – březen 2026 byla zachycena 23 x varianta XFG.x (Stratus), a 2 x varianta RE.2.2 (Cikáda), 1 x varianta BA.3.2.2. (Cikáda) a 1 x vzorek varianta 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).

# 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 (36 vzorků + 3 vakcinální kmeny)

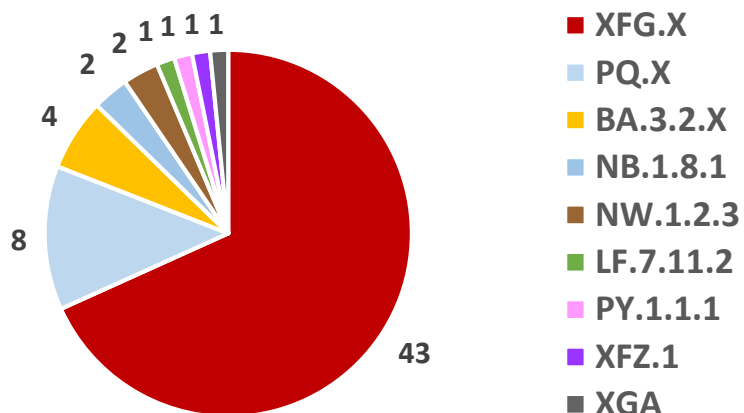


**Data odběru vzorků:**  
1. 1. – 19. 3. 2026

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.



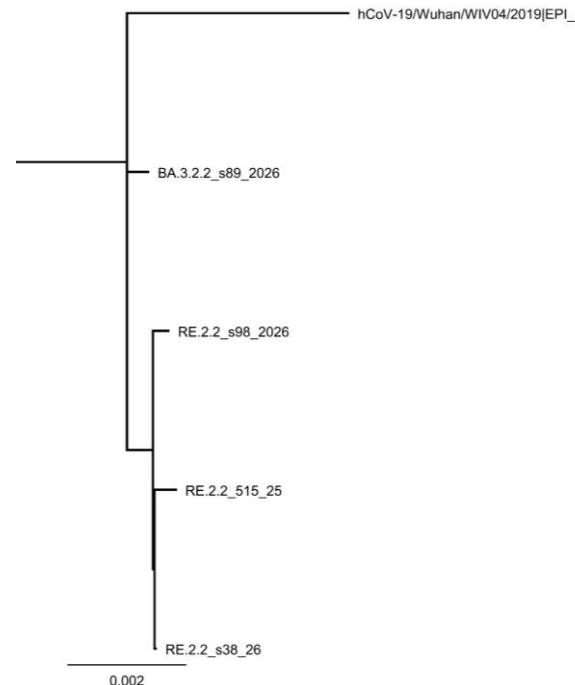
## BA.3.2.x (Cikáda) v ČR

### Společné významné mutace ve Spike proteinu u všech zachycených sekvencí (z celkem 64 mutací)

Receptor binding domain (RBD)	Mimo RBD – stabilizace vazby na ACE2	Furin cleavage site
I326V, A348P, S373P, N440R, V445A, L452V, S477N	E554D, E553D, H625R, N641K, V642G, E654K	N679R, A688D

## Zastoupení variant SARS-CoV-2 v ČR

Od 1.12. 2025 – 13. 4. 2026 bylo osekvenováno 64 klinických vzorků SARS-CoV-2. V tomto období bylo zachyceno 67 % variant odvozených od XFG (**Stratus**), 7 % variant odvozených od BA.3.2 (**Cikáda**) a 15 % variant odvozených od NB.1.8.1 (**Nimbus**). Tyto varianty patří mezi monitorované varianty podle WHO a ECDC.



Dendrogram zachycených sekvencí BA.3.2.x: celogenomová fylogenetická analýza podle 93% podobnosti zakotvená k referenčnímu kmeni Wuhan-Hu-1/2019

## Společné mutace

Porovnání vzorků zachycených v ČR od 8. 12. 2025 – 19. 3. 2026. Tyto mutace ve Spike proteinu byly shodné u všech zachycených sekvencí.

Společné významné mutace ve Spike proteinu u všech zachycených sekvencí (celkem detekováno 64 mutací)

Receptor binding domain (RBD)	Mimo RBD	Furin cleavage site
I326V, A348P, S373P, N440R, V445A	E554D, H625R, N641K, V642G, E654K N679R, A688D	

Společné významné mutace ve Spike proteinu u všech zachycených sekvencí (výběr z celkového počtu 64 mutací Spike proteinu oproti Wuhan-Hu-1/2019)

Mutace	Lokalizace	Známy / předpokládaný biologický efekt
I326V	RBD (N-část)	Strukturální změna, může ovlivnit stabilitu RBD-down konformace
A348P	RBD	Prolin zvyšuje rigiditu → změna lokální struktury, možný vliv na epitopy
S373P	RBD	Stabilizuje RBD-down stav, přispívá k imunitnímu úniku (Omikron)
N440R	RBD	Únik před třídou 3 protilátek, mění elektrostatiku RBD
V445A	RBD	Úniková mutace, snižuje účinnost některých monoklonálních protilátek
L452W	RBD	Pozice 452 je klíčová; V varianta může ovlivnit fúzi a imunitní únik, tato pozice je známa z dřívějších variant s jinou AA substitucí
E554D	S1	Konzervativní změna, ale v antigenní oblasti; možný vliv na stabilitu
H625R	S1/S2	V blízkosti fúzní oblasti; může ovlivnit dynamiku S1/S2
N641K	S1/S2	Zvyšuje stabilitu spike triméru, prefúzní konformace
V642G	S1/S2	Zvyšuje flexibilitu v oblasti S1/S2, může ovlivnit štěpení
E654K	S1/S2	Mění náboj poblíž furin cleavage site → může zvyšovat štěpení
N679R	Furin cleavage site	Zvyšuje efektivitu furinového štěpení → vyšší infekčnost a fúze

## Rozdílné mutace

Porovnání vzorků zachycených v ČR od 8. 12. 2025 – 19. 3. 2026. Tyto mutace ve Spike proteinu se u sekvenovaných vzorků lišily, ačkoliv jsou známé a popsány v literatuře.

Mutace, ve kterých se zachycené sekvence liší ve Spike proteinu

RE.2.2_s98_26	
BA.3.2.2_s89_26	S:K417N,S:G496S,S:Q498R,S:N501Y
RE.2.2_s38_26	S:G496S,S:Q498R
RE.2.2_515_25	S:R403K,S:D405N,S:R408S,S:K417N,S:G496S,S:Q498R,S:N501Y

Mutace, ve kterých se zachycené sekvence liší ve Spike proteinu

Mutace	Lokalizace	Známy biologický efekt
K417N	RBD (RBM)	Silný únik před třídou 1 protilátek; typické pro Beta a BA.1; mírně snižuje ACE2 vazbu
G496S	RBD	Únik před třídou 3 protilátek; mění lokální strukturu; typické pro BA.1
Q498R	RBD (ACE2 interface)	Výrazně zvyšuje vazbu na ACE2 (synergie s N501Y); zvyšuje infekčnost
N501Y	RBD (ACE2 interface)	Jedna z nejznámějších mutací – silně zvyšuje vazbu na ACE2; zvyšuje přenosnost
R403K	RBD (blízko RBM)	Mění náboj v kritické oblasti; může ovlivnit interakci s ACE2 a protilátkami
D405N	RBD	Únik před některými třídami protilátek; strukturální změna v RBD jádru
R408S	RBD	Úniková mutace; mění elektrostatiku v blízkosti ACE2 vazebného místa

- V 15. KT jsme detekovali pouze 1 vzorek obsahující virus chřipky A/H1pdm 2009. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A tak klesl na mimosezónní úroveň (1 %). U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B byl zachycen v jednom vzorku (1% incidence).
- Od 36. KT bylo v surveillanci detekováno celkem 3 631 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypováno pouze 285 vzorků. V 55 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 230 případech subtyp A/H3. Chřipka typu B cirkulovala minoritně a byla detekována pouze v 20 případech.
- Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 44,4 %. Jeho cirkulace zůstává vysoká, i když pozorujeme mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru. Pozdní cirkulace není zcela typická, ale je pravděpodobně důsledkem pozdního nástupu epidemické vlny tohoto viru.
- Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 4 % podílu pozitivních detekcí.
- Dalšími majoritně cirkulujícími respiračními viry jsou rhinoviry (17,2 %). Zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (4 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává mírně zvýšený (3 %).
- 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

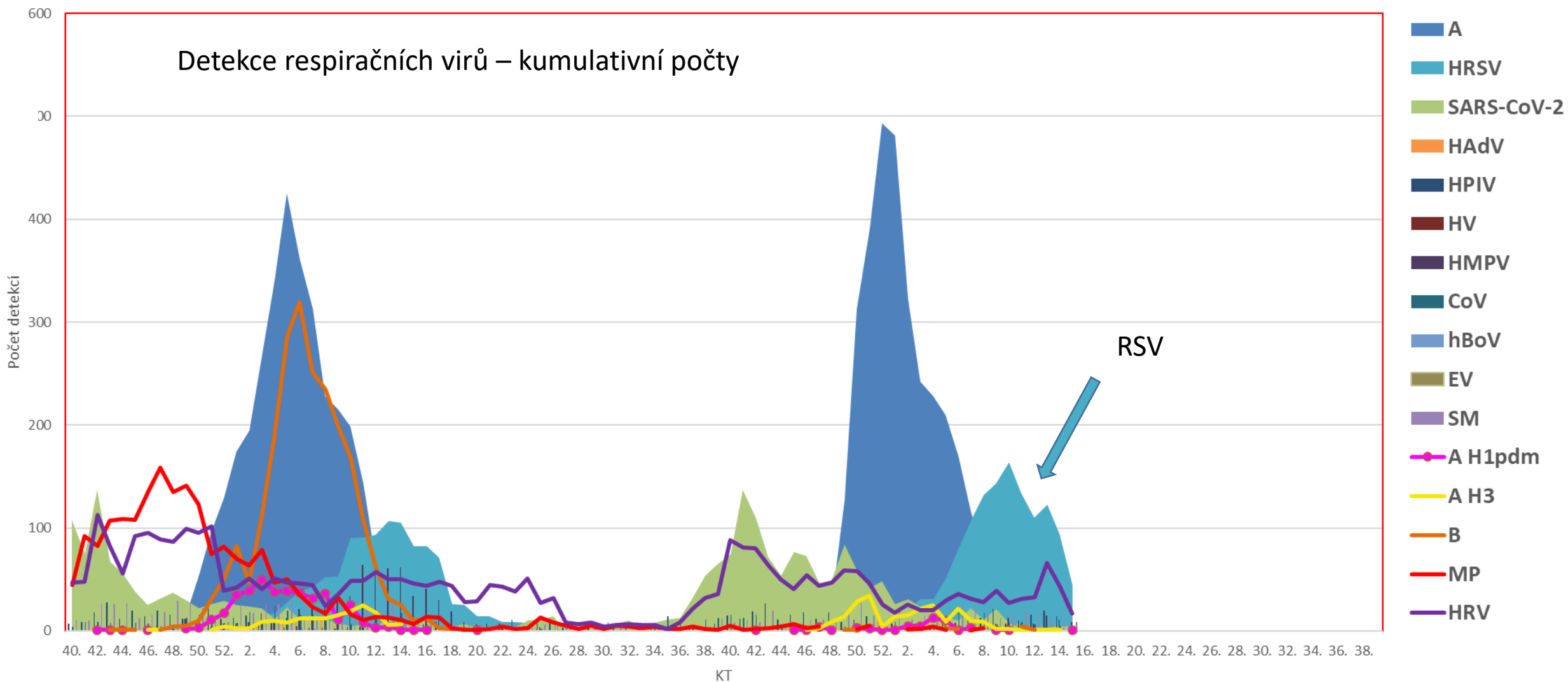
## Virologická surveillace – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		12.	Podíl	13.	Podíl	14.	Podíl	15.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	5	2,4%	9	3,5%	5	2,5%		0,0%	3346
	A H <sub>1</sub> pdm		0,0%		0,0%		0,0%	1	1,0%	55
	A H <sub>3</sub>	1	0,5%	1	0,4%	1	0,5%		0,0%	230
	B	1	0,5%		0,0%		0,0%	1	1,0%	20
	HRSV	110	53,7%	123	48,0%	94	47,2%	44	44,4%	1341
	HAdV	6	2,9%	5	2,0%	5	2,5%	3	3,0%	162
	HPIV	16	7,8%	20	7,8%	14	7,0%	4	4,0%	355
	HV		0,0%		0,0%	3	1,5%	2	2,0%	33
	MP	1	0,5%		0,0%		0,0%		0,0%	60
	HMPV	7	3,4%	15	5,9%	11	5,5%	9	9,1%	95
	CoV	6	2,9%	2	0,8%	5	2,5%	3	3,0%	225
	HRV	33	16,1%	66	25,8%	43	21,6%	17	17,2%	1301
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%	2	2,0%	15
	EV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	34
	SARS-CoV-2	3	1,5%	3	1,2%	5	2,5%	4	4,0%	1300
	SM	16	7,8%	12	4,7%	13	6,5%	9	9,1%	423
	pozitivní	205		256		199	23,5%	99	19,1%	8995
	negativní	899		921		647		418		32228
Celkový počet vyšetření:		1104		1177		846		517		41223

## Virologická surveillace – detekce viru chřipky za čtyři poslední KT

Kalendářní týden (KT)		12.	Podíl	13.	Podíl	14.	Podíl	15.	podíl	Kumulativně od 36.KT
	A bez další subtypizace	6	2,9%	10	3,9%	6	3,0%	1	1,0%	3631
	B	1	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,0%	20
	Celkem	7	0,03415	10	0,039	6	0,0302	2	2,0%	3651

## 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 15. KT 2026 a EU/EHP 14. KT

## EU/EHP 14. KT

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

Cirkulace viru chřipky je nízká 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 BA.3.x (Cikáda).

V Evropském regionu převládá varianta XFG (Stratus). Vzhledem k malému počtu sekvenovaných vzorků nelze predikovat, zda nově se objevující varianta Cikáda (Ba.3.2.\*, RE.\*) se stane majoritně cirkulující variantou očekávané podzimní epidemické vlny. Vzhledem k její velké antigenní odlišnosti od variant cirkulujících v posledních 3 letech bychom mohli očekávat doporučení pro změnu vakcínálních kmenů. Na jejich predikci je v této době brzy. Virus cirkuluje celoročně, ale epidemické maximum můžeme opět očekávat v září až říjnu. Proto je případnou vakcinaci vhodné odložit na srpen až září a verdikt o případném novém složení vakcíny.

## Virologická surveillance ČR 15. KT

V 15. KT jsme detekovali pouze 1 vzorek obsahující virus chřipky A/H1pdm 2009. Podíl pozitivních detekcí viru chřipky typu A tak klesl na mimosezónní úroveň (1 %). U subtypovaných vzorků stále mírně převažuje A/H3 nad A/H1pdm. Virus chřipky typu B byl zachycen v jednom vzorku (1% incidence).

Od 36. KT bylo v surveillance detekováno celkem 3 631 případů chřipky typu A, z tohoto počtu bylo subtypováno pouze 285 vzorků. V 55 případech byl určen subtyp A/H1pdm, v 230 případech subtyp A/H3. Chřipka typu B cirkulovala minoritně a byla detekována pouze ve 20 případech.

Dominantně cirkulujícím respiračním virem je i nadále respirační syncytiální virus (RSV), kdy podíl pozitivních představuje 44,4 %. Jeho cirkulace zůstává vysoká, i když pozorujeme mírný sestupný trend v cirkulaci tohoto viru. Pozdní cirkulace není zcela typická, ale je pravděpodobně důsledkem pozdního nástupu epidemické vlny tohoto viru.

Podíl detekcí SARS-CoV-2 je nízký a představuje 4 % podílu pozitivních detekcí.

Dalšími majoritně cirkulujícími respiračními viry jsou rhinoviry (17,2 %). Zvýšenou míru cirkulace detekujeme u virů parainfluenzy (4 %). Podíl detekcí metapneumoviru (HMPV) zůstává mírně zvýšený (3 %).

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.

**Rádi bychom poděkovali spolupracujícím nemocnicím a laboratořím, které do NRL pravidelně posílají pozitivní vzorky.**

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