



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 29/6/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

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

EU/EHP 25. KT

Aktivita respiračních virů se ve všech zemích vrátila na mezisezónní úroveň, přičemž ve všech věkových skupinách byla hlášena nízká míra detekce a hospitalizací. To platí i pro hlavní sledovaná agens, SARS-CoV-2, RSV a viry chřipky typu A i B.

V důsledku přechodu ze systému TESSY na EPIPULSE dochází k některým nekonzistencím v datech, což vzhledem k sezóně zásadně neovlivňuje situaci v negativním smyslu.

V celosvětových sekvenačních datech převládá NB.1.8.1 nad BA.3.2 liniemi viru SARS-CoV-2, což je dáno především asymetrií v sekvenačních datech nahraných do GISAID.

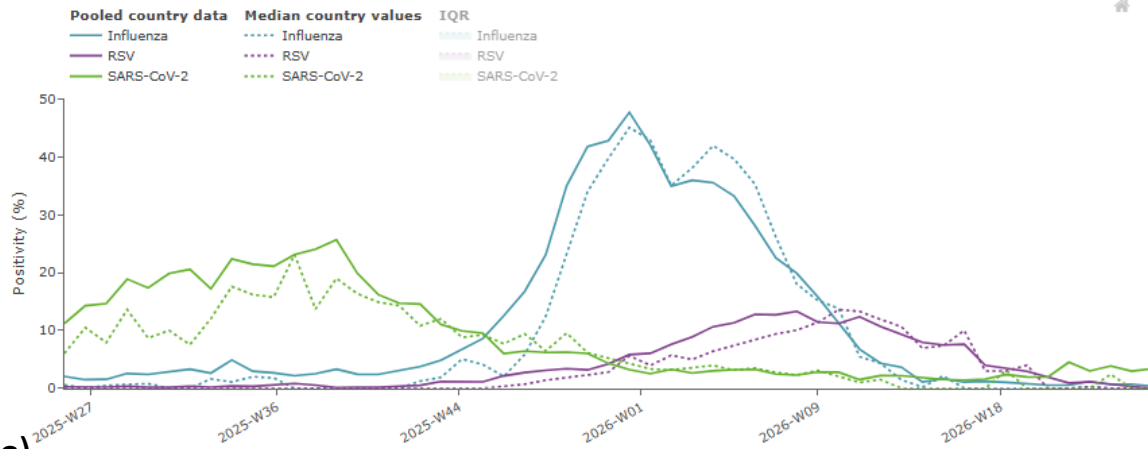
V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat, na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1.

Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

a)

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

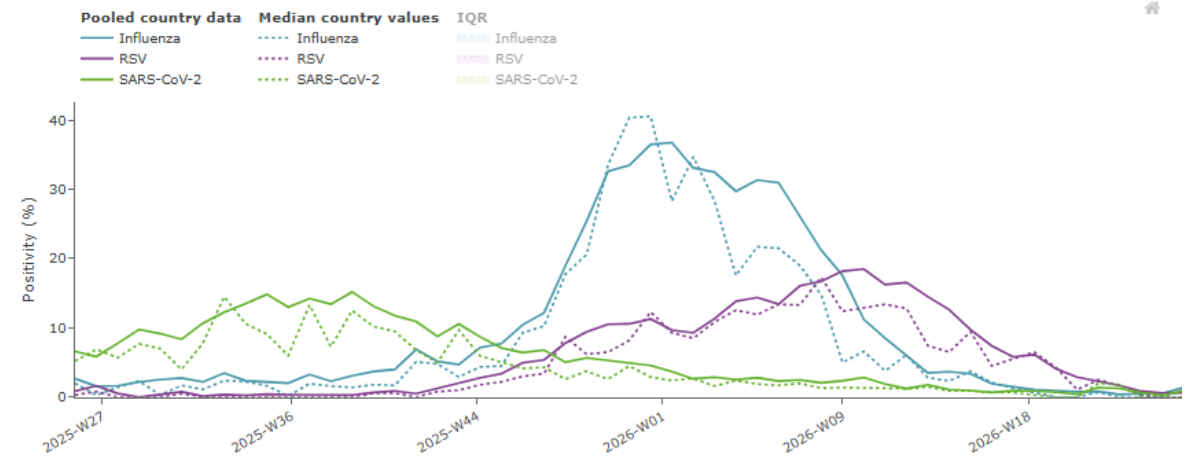
Figure Table



b)

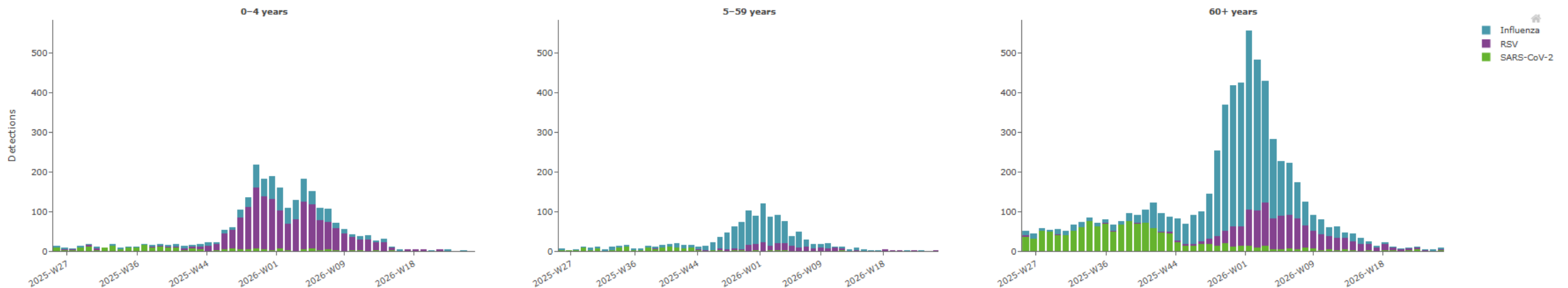
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



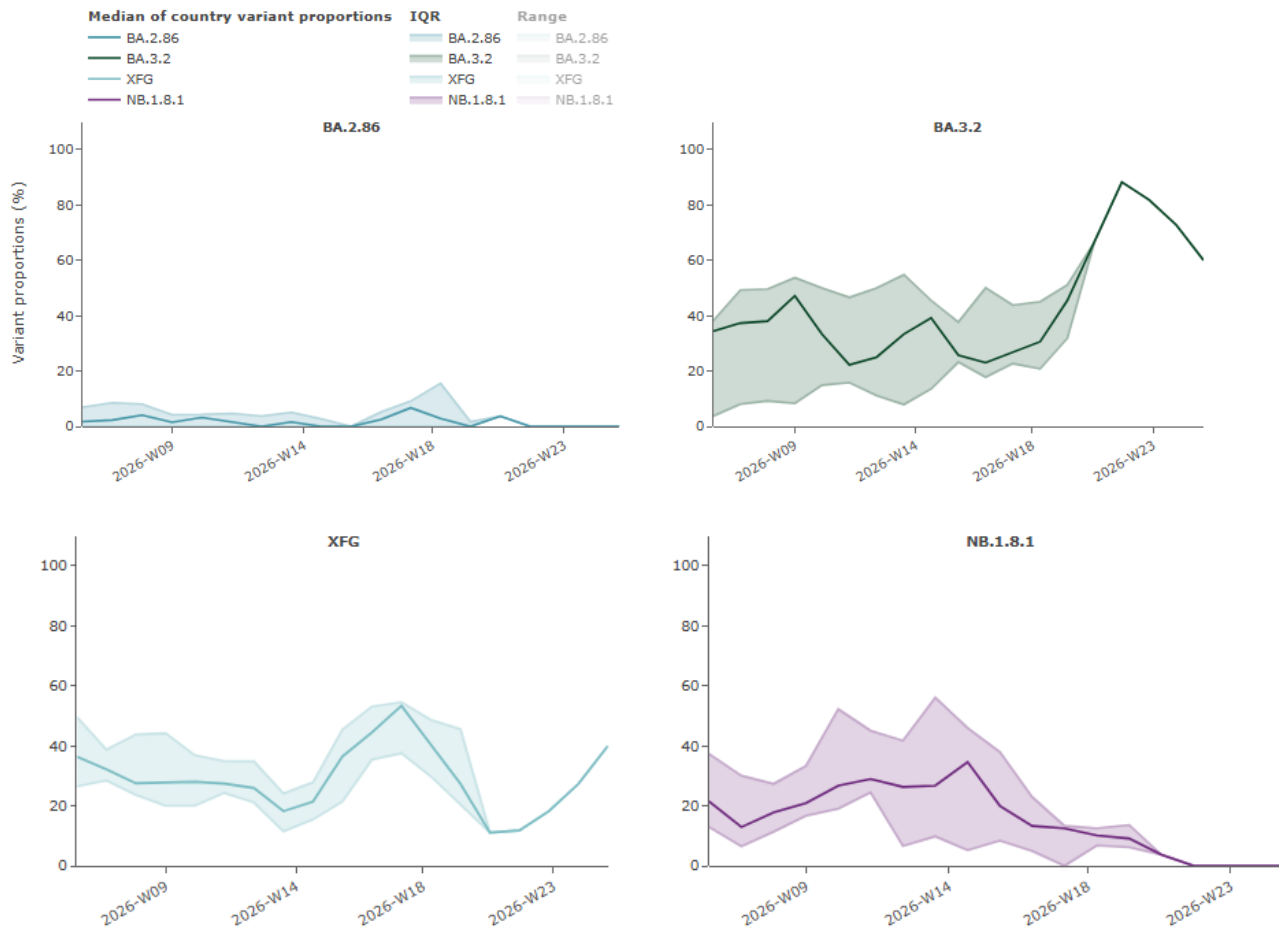
c)

Weekly detections by age



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

Distribution of 2-weekly country variant proportions

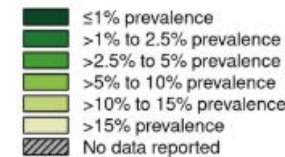


Objem sekvenace v 23. a 24. týdnu 2026

Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W23 to 2026-W24



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W23 to 2026-W24



Countries not visible in the main map extent



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 June 2026.

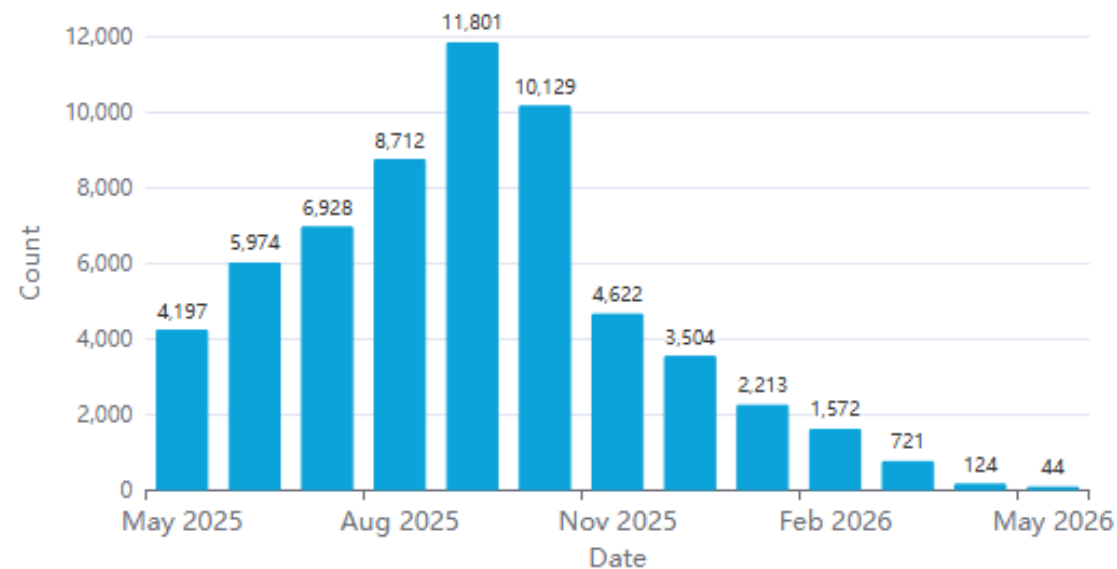
Variants of Interest (VOI)

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

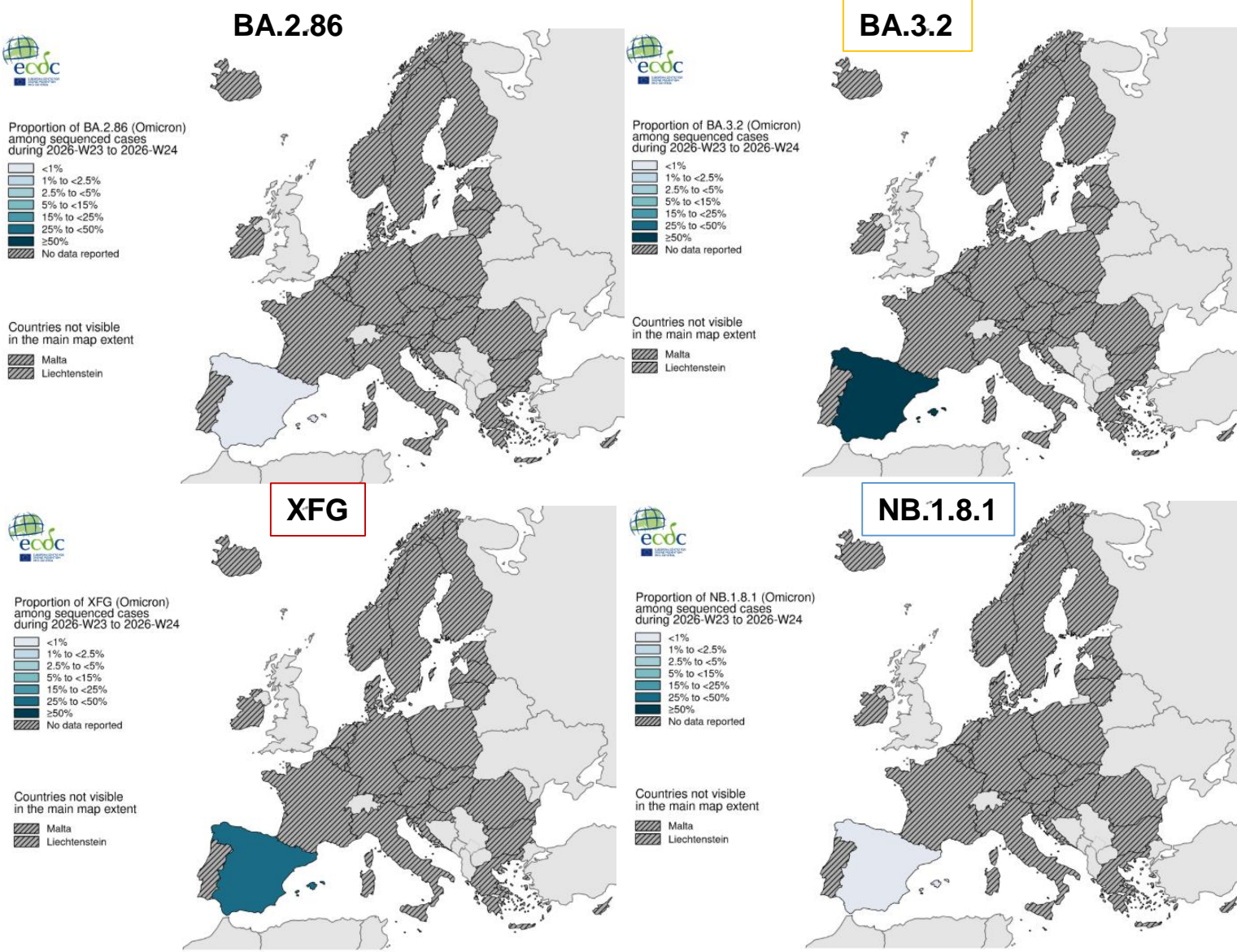
Variants under monitoring

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 23. týdnu - 24. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



Distribuce sekvenovaných variant

SARS-CoV-2 variant distribution, weeks 23–24, 2026

Variant	Classification ^a	Reporting countries	Detections	Distribution (median and IQR)
BA.2.86	VOI	0	0	0%
BA.3.2	VUM	1	6	60% (60–60%)
XFG	VUM	1	4	40% (40–40%)
NB.1.8.1	VUM	0	0	0%

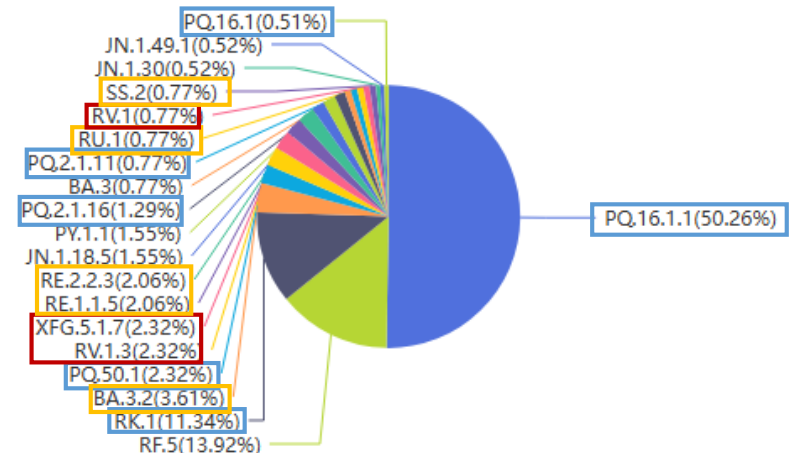
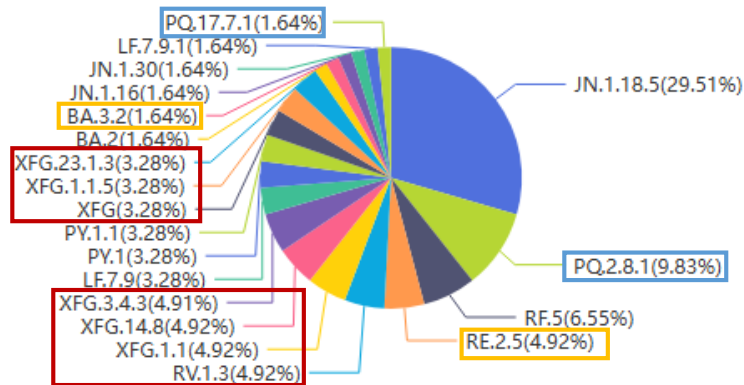
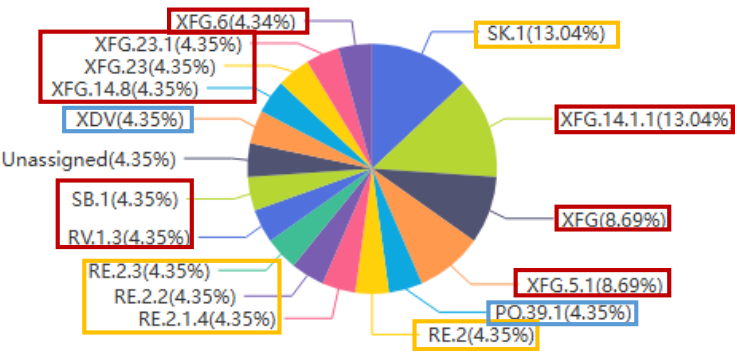
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 29. 6. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	22	77	419

Evropa 29. 5. - 29. 6. 2026

Severní Amerika 29. 5. - 29. 6. 2026

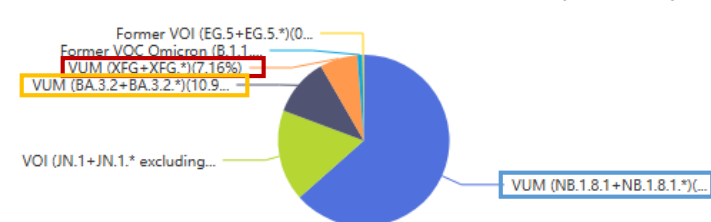
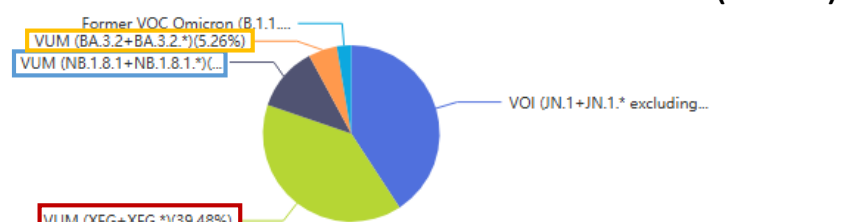
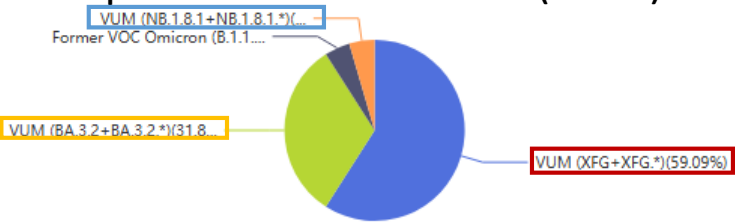
Asie 29. 5. - 29. 6. 2026



Evropa 29. 5. - 29. 6. 2026 (VUM)

Severní Amerika 29. 5. - 29. 6. 2026 (VUM)

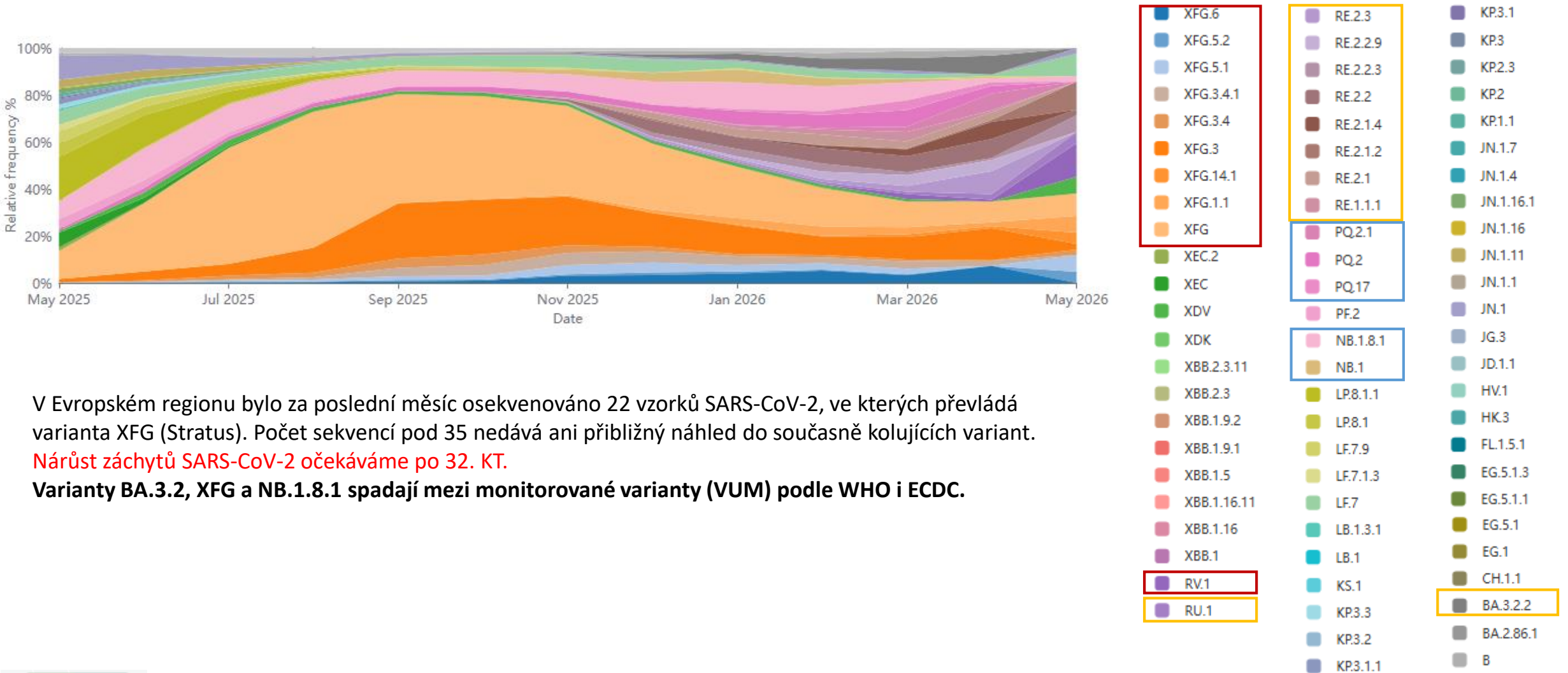
Asie 29. 5. - 29. 6. 2026 (VUM)



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

V Evropě převládá linie XFG.x (Stratus) společně s BA.3.2.x (Cikáda). V Severní Americe pravděpodobně nebyly některé linie v GISAID určeny správně. Analýza v Nextclade určila 30 vzorků jako XFG.x, 13 NB.1.8.1.x (Nimbus), 4 BA.3.2.x, 16 jako rekombinantní kmen XFG, 13 jako nerekombinantní potomky LF.7 a 1 XFG. V Asii stále převládá NB.1.8.1.x s minoritním výskytem BA.3.2.x a XFG.x.

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



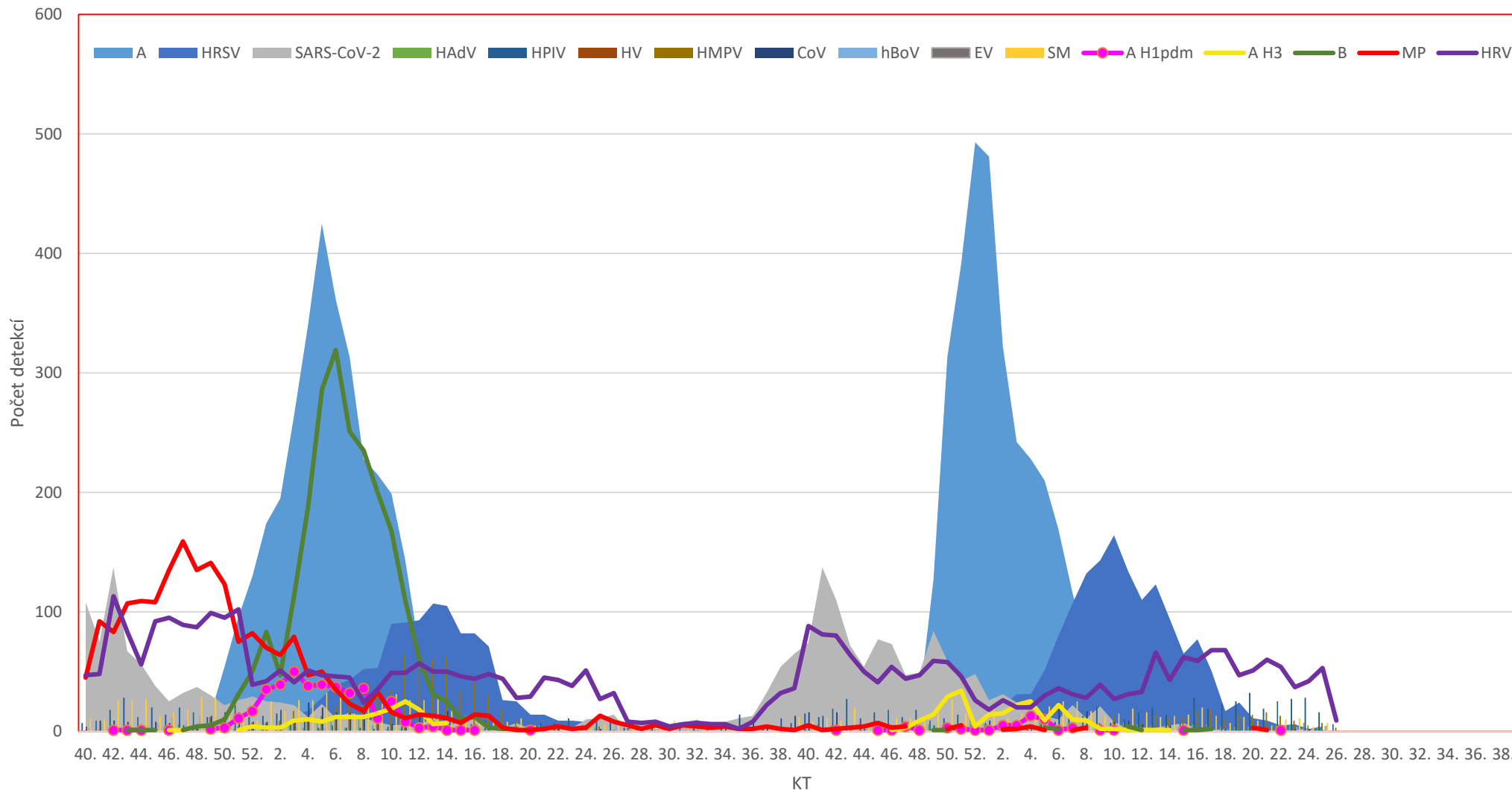
Virologická surveillace – data za 4 poslední KT

- Dominantně cirkulujícími respiračními viry jsou nyní rinoviry (47,4 %), viry parainfluenzy (31,6 %) a metapneumoviry (15,8 %).
- Absence RSV může být dána zpožděním hlášení z některých nemocnic.
- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně.

Kalendářní týden (KT)		23.	podíl	24.	podíl	25.	podíl	26.	podíl	Kumulativně od 40.KT
Detekce viru	A	1	1,0%	1	1,0%	1	1,1%		0,0%	3355
	A H ₁ pdm		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	56
	A H ₃		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	229
	B		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	23
	HRSV	6	5,8%	2	2,1%	4	4,4%		0,0%	1567
	HAdV	5	4,8%	7	7,2%	4	4,4%		0,0%	2205
	HPIV	27	26 %	28	28,9 %	16	17,6 %	6	31,6 %	590
	HV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	37
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	56
	HMPV	9	8,7%	5	5,2%	7	7,7%	3	15,8 %	226
	CoV	2	1,9%	2	2,1%	1	1,1%		0,0%	206
	HRV	37	35,6 %	42	43,3 %	47	51,6 %	9	47,4 %	1796
	hBoV	4	3,8%	1	1,0%	1	1,1%		0,0%	25
	EV	1	1,0%	2	2,1%	3	3,3%		0,0%	41
	SARS-CoV-2	1	1,0%	3	3,1%		0,0%		0,0%	1149
	SM	11	10,6 %	4	4,1%	7	7,7%	1	8,3%	508
	negativní	517		469		454		216		38440
Celkový počet vyšetření:		621		566		545		235		46505

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 - Smišená infekce

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 26. KT 2026 a EU/EHP 25. KT

EU/EHP 25. KT

- Aktivita respiračních virů se ve všech zemích vrátila na mezisezónní úroveň, přičemž ve všech věkových skupinách byla hlášena nízká míra detekce a hospitalizací. To platí i pro hlavní sledovaná agens, SARS-CoV-2, RSV a viry chřipky typu A i B.
- V důsledku přechodu ze systému TESSY na EPIPULSE dochází k některým nekonzistencím v datech, což vzhledem k sezóně zásadně neovlivňuje situaci v negativním smyslu.
- V celosvětových sekvenačních datech převládá NB.1.8.1 nad BA.3.2 liniemi viru SARS-CoV-2, což je dáno především asymetrií v sekvenačních datech nahraných do GISAID.
- V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat, na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1.
- Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 26. KT

- Dominantně cirkulujícími respiračními viry jsou nyní rhinoviry (47,4 %), viry parainfluenzy (31,6 %) a metapneumoviry (15,8 %).
- Absence RSV může být dána zpožděním hlášení z některých nemocnic.
- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně.
- Vzhledem k probíhajícím dovoleným v NRL bude další hlášení z laboratoří zpracováno do zprávy 20. 7. 2026.

Komentář k epidemické situaci

Epidemiologický souhrn byl ukončen v 10. KT a bude součástí zprávy pouze v mimořádných situacích. Data o nemocnosti nadále uvádíme na webu SZÚ.