



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 13/7/2026

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 27. 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 sekvenačních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky (za posledních 6 týdnů 353 sekvenací) převládá varianta XFG nad ostatními liniemi viru SARS-CoV-2.

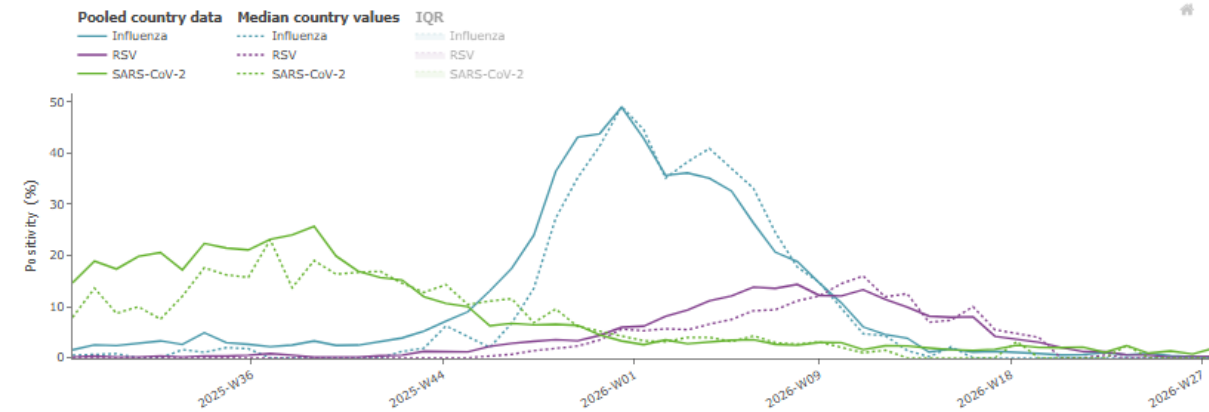
V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat (za posledních 6 týdnů 658 sekvenací), na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1.

Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

a)

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

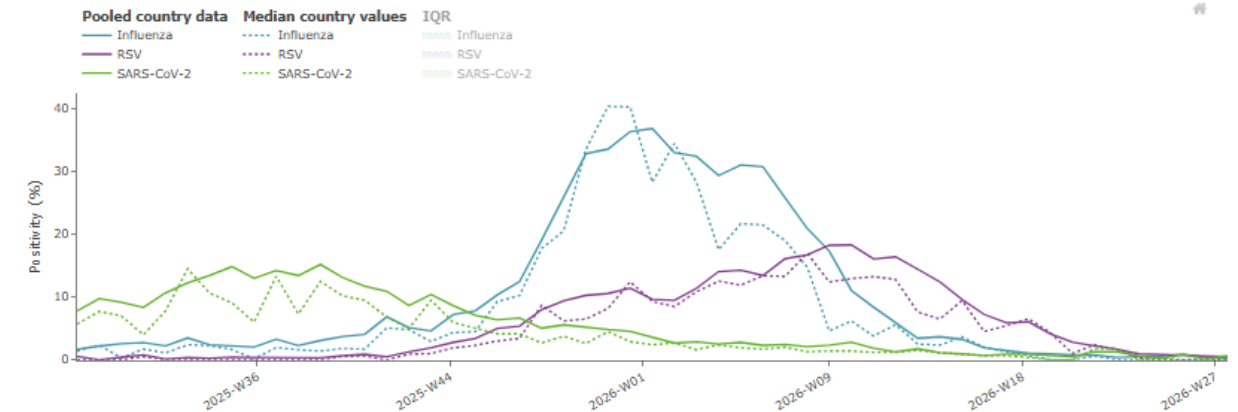
Figure Table



b)

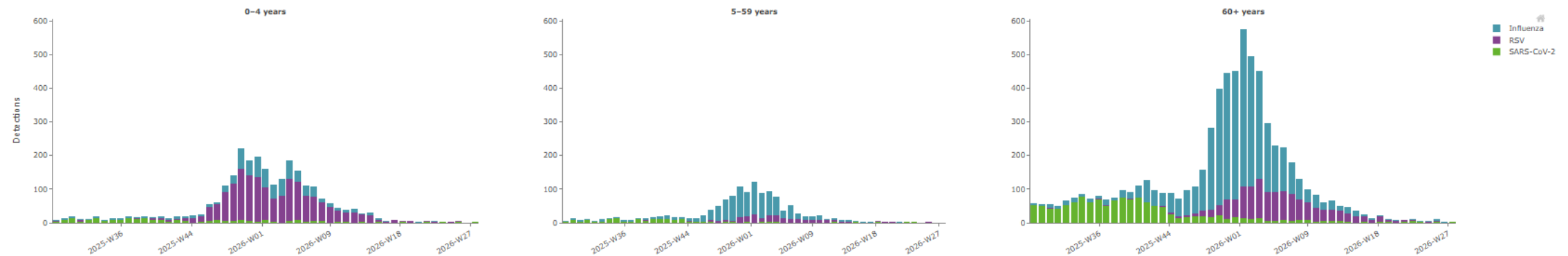
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

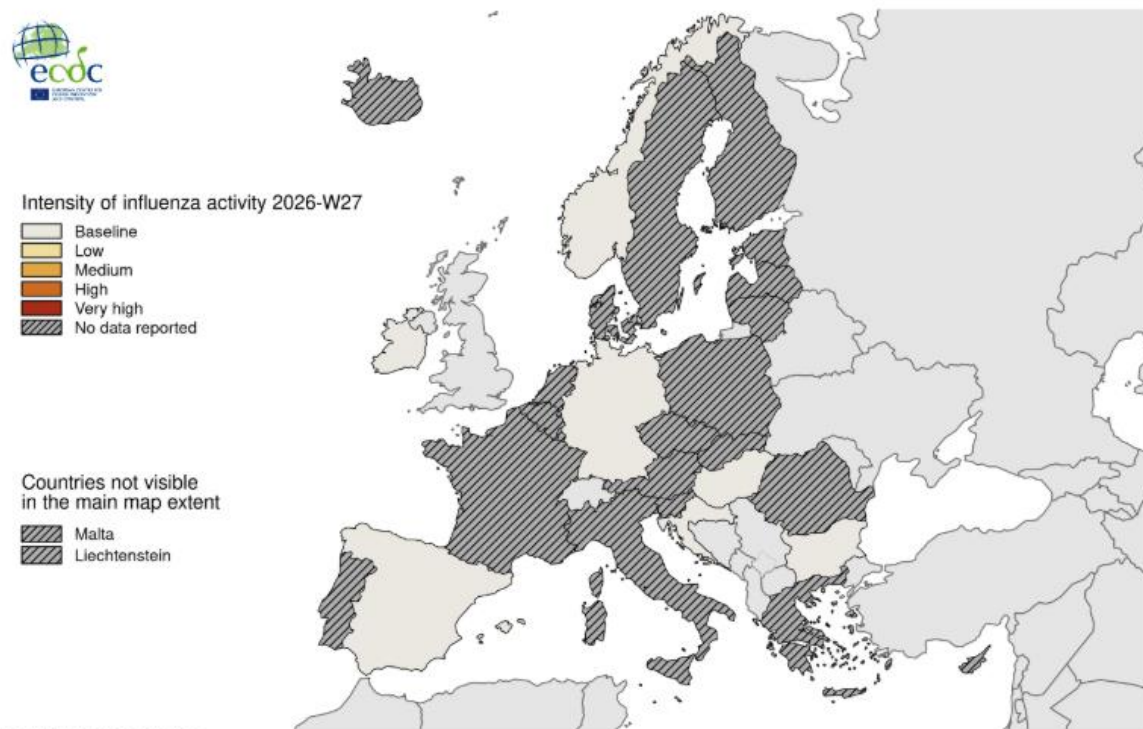
Weekly detections by age



Key indicators in week 27, 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 27	Week 26	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	10 rates (6 MEM)	11 rates (6 MEM)	Distribution of country MEM categories	6 Baseline
	ILI	12 rates (11 MEM)	12 rates (11 MEM)		10 Baseline 1 Low
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	12	14	Pooled (median; IQR)	0% (0; 0–0%)
	RSV	11	13		0.3% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	11	13		1.9% (0; 0–0.6%)
SARI rates in hospitals	SARI	8 rates (4 MEM)	10 rates (5 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline
SARI test positivity in hospitals	Influenza	6	8	Pooled (median; IQR)	0.3% (0; 0–0.3%)
	RSV	6	7		0.5% (0; 0–5.4%)
	SARS-CoV-2	6	7		0.6% (0; 0–1.4%)
Intensity (country-defined)	Influenza	7	10	Distribution of country qualitative categories	7 Baseline

Intensity of influenza activity 2026-W27



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 10 July 2026.

Dominant influenza virus 2026-W27

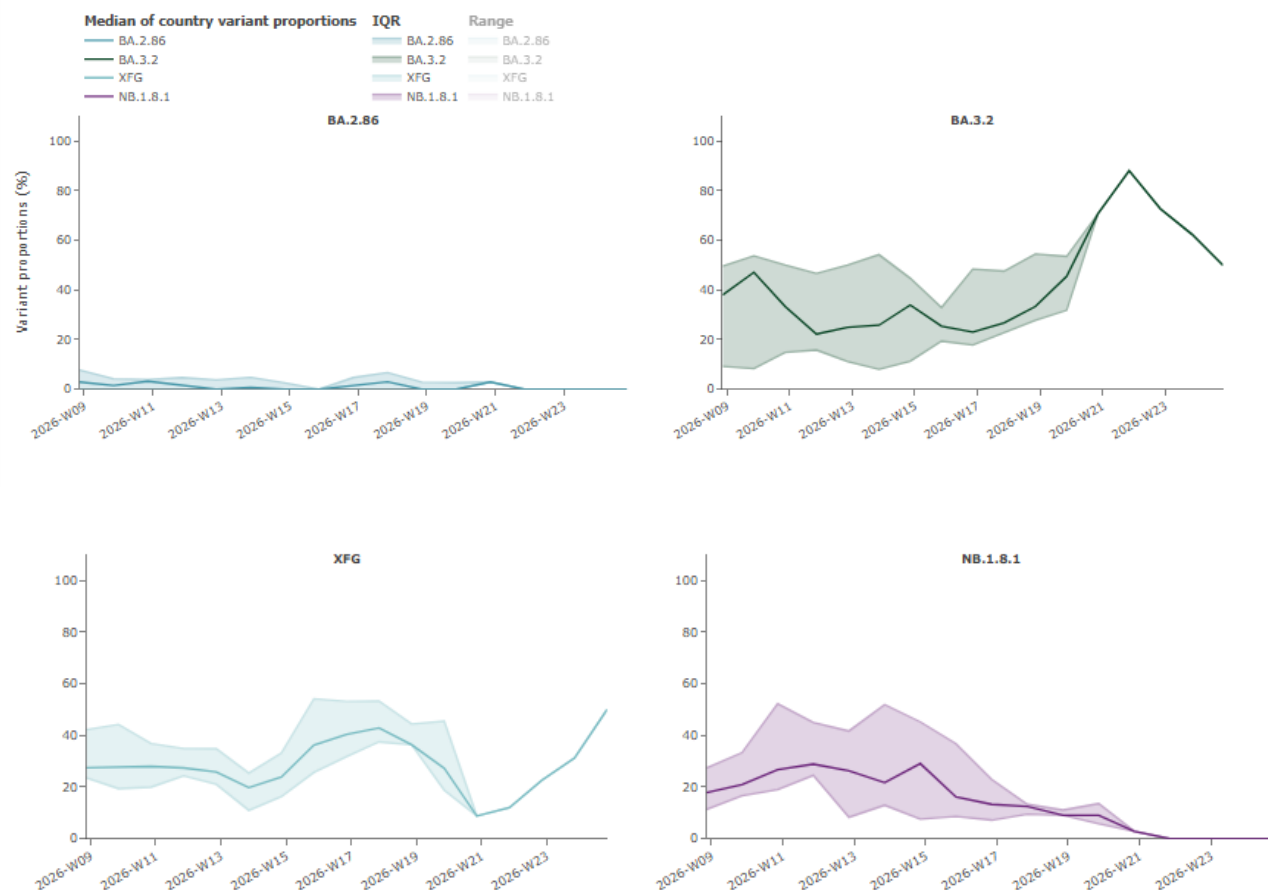


Administration boundaries: © EuroGeographics

The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. ECDC. Map produced on 10 July 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 25. a 26. týdnu 2026

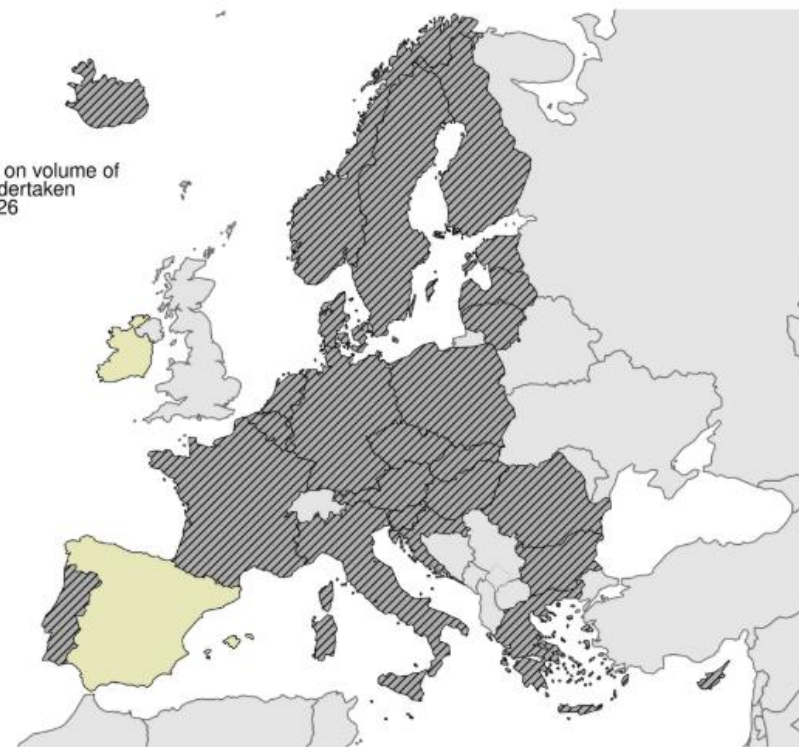
Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W25 to 2026-W26



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W25 to 2026-W26



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 10 July 2026.

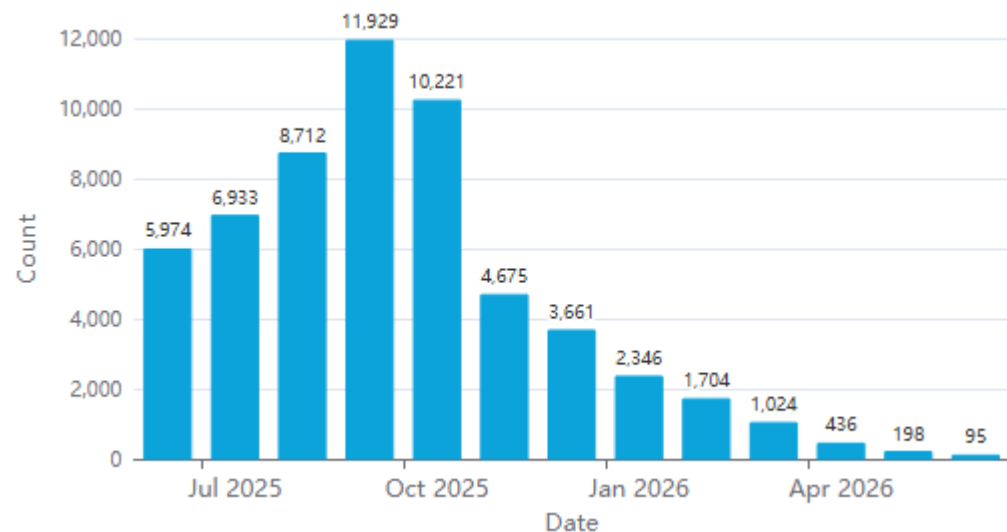
Variants of Interest (VOI)

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



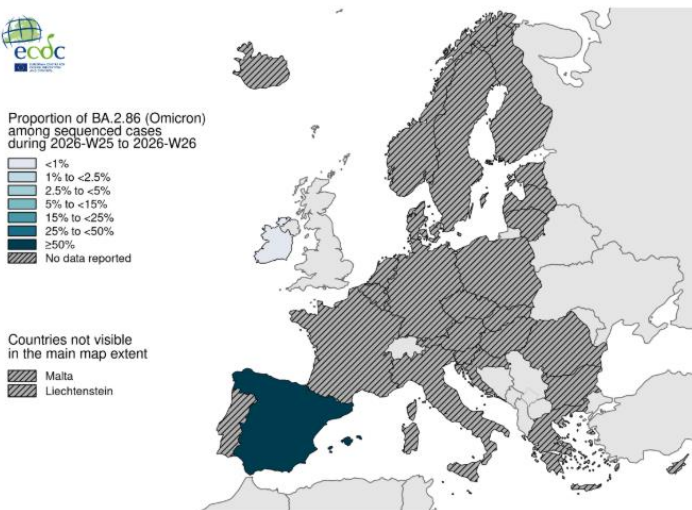
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: <https://www.erviss.org>, GISAID dostupné na: <https://www.epicov.org/>

European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 26 June 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026.

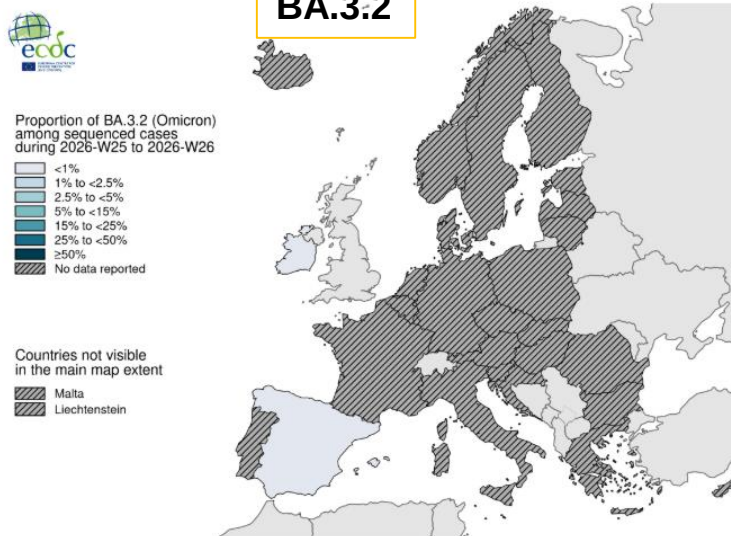
Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 25. týdnu - 26. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

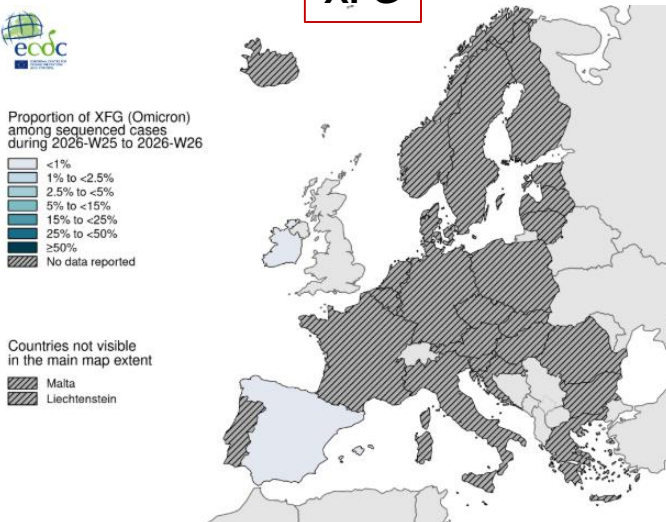
BA.2.86



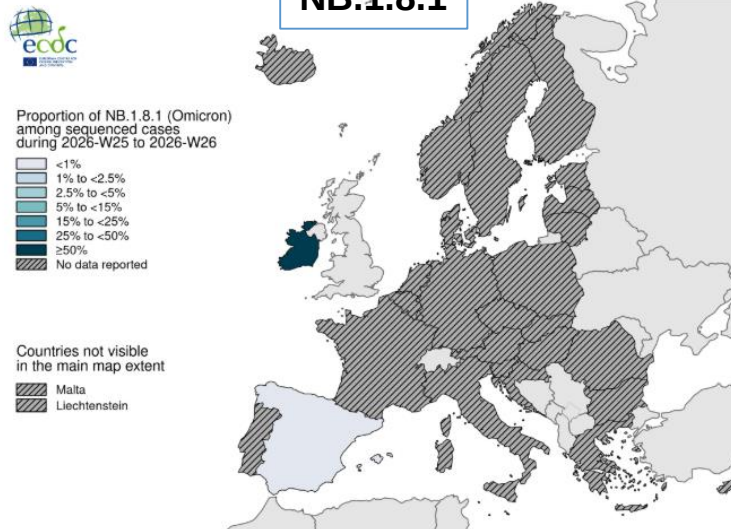
BA.3.2



XFG



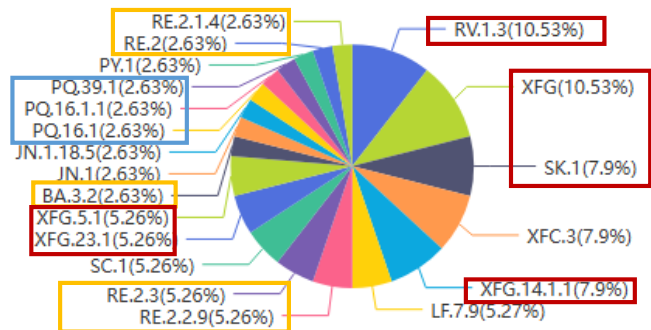
NB.1.8.1



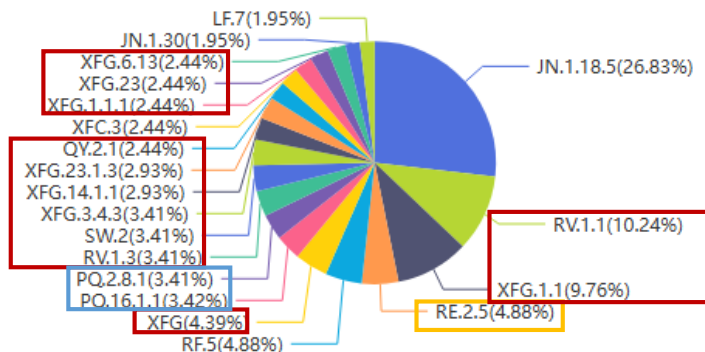
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 13. 7. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	49	304	658

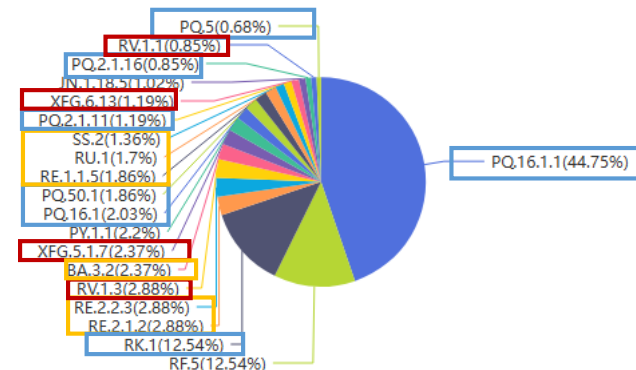
Evropa 29. 5. - 13. 7. 2026



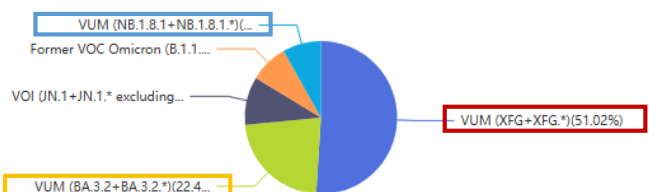
Severní Amerika 29. 5. – 13. 7. 2026



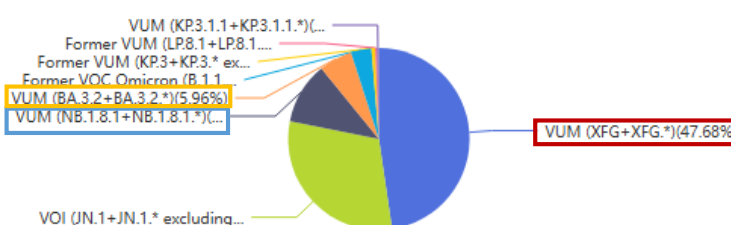
Asie 29. 5. - 13. 7. 2026



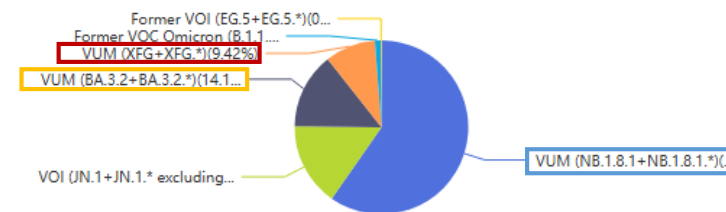
Evropa 29. 5. - 13. 7. 2026 (VUM)



Severní Amerika 29. 5. - 13. 7. 2026 (VUM)



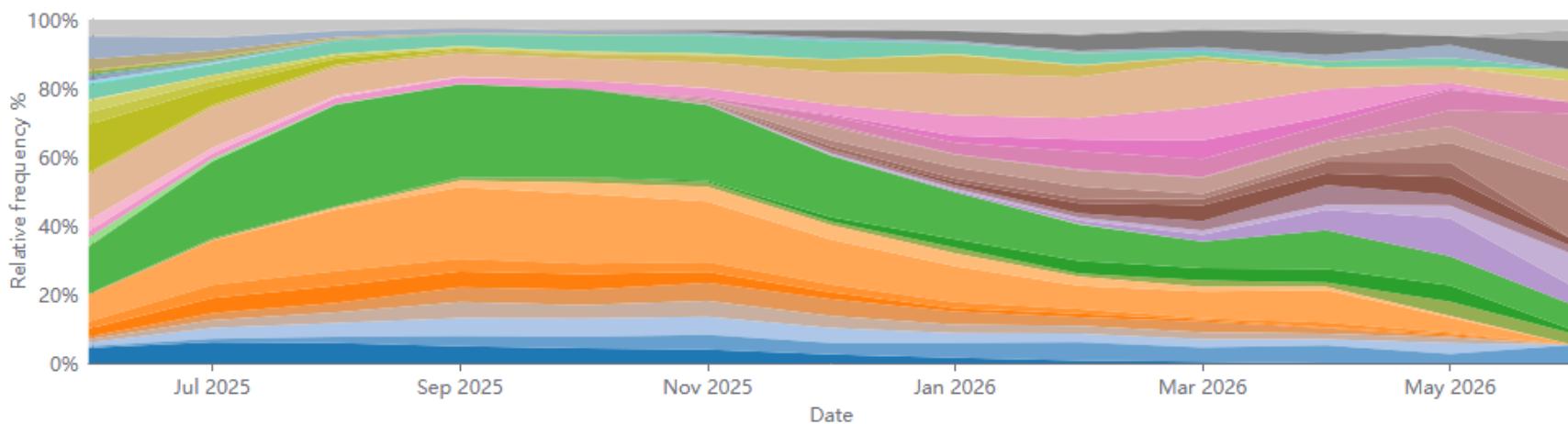
Asie 29. 5. - 13. 7. 2026 (VUM)



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

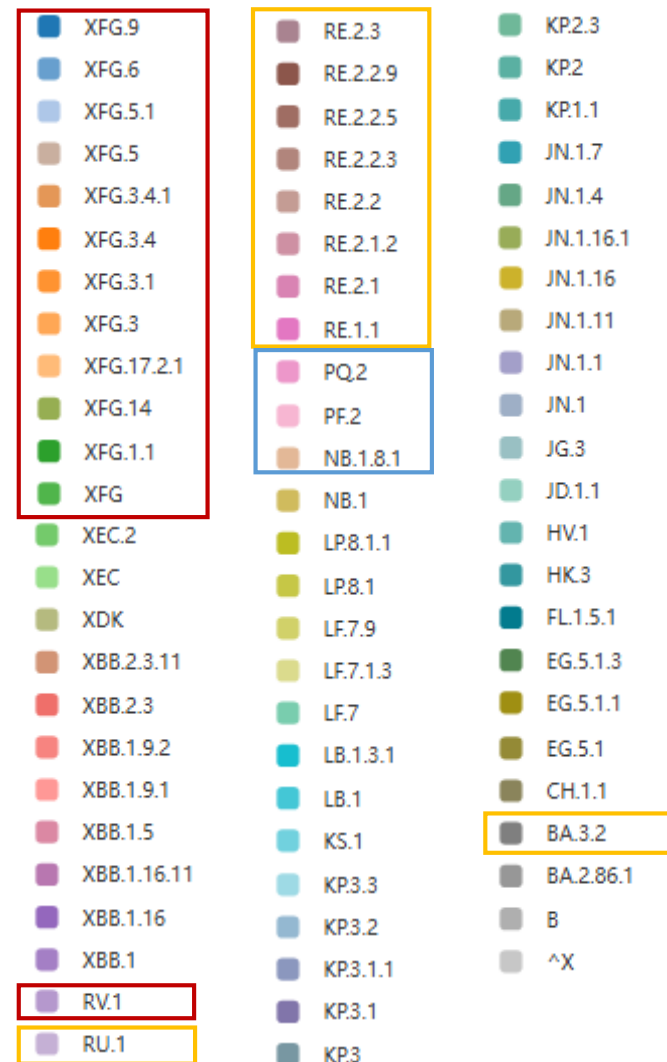
V Evropě a Severní Americe převládá linie XFG.x (Stratus). V Asii stále převládá NB.1.8.1.x s minoritním výskytem BA.3.2.x a XFG.x. Vzhledem k vysokým příspěvkům sekvenací z Asie v současné době v databázi GISAID převládá varianta NB.1.8.1, která na ostatních kontinentech není tolik rozšířena.

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



V Evropském regionu bylo za posledních 6 týdnů osekvenováno 49 vzorků SARS-CoV-2, ve kterých převládá varianta XFG (Stratus). **Nárůst záchytů SARS-CoV-2 očekáváme po 32. KT.**

Varianty BA.3.2, XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované varianty (VUM) podle WHO i ECDC.



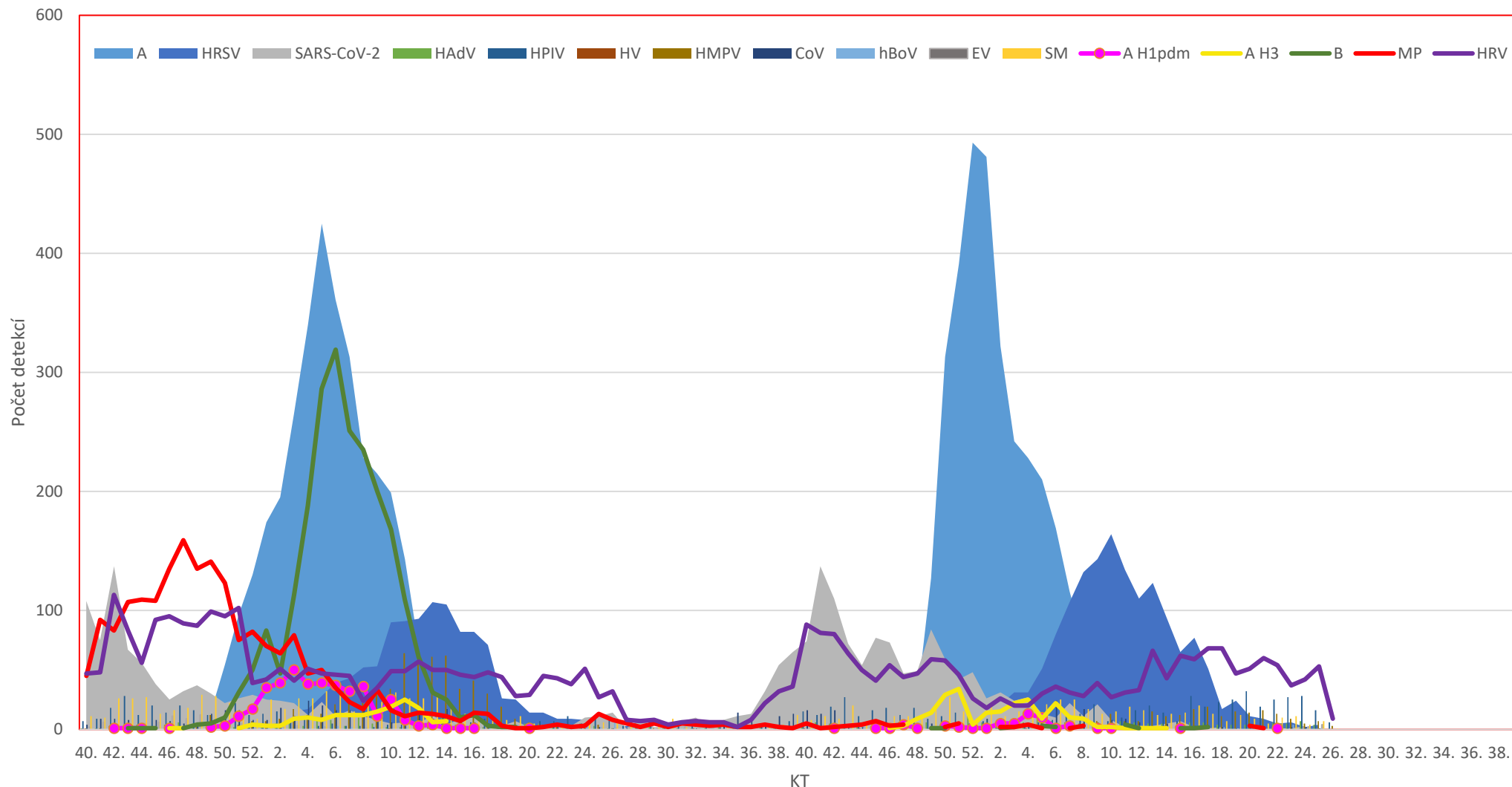
Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

- Malý počet vzorků neumožňuje aktualizovat data.

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 - Smíšená infekce

Detekce respiračních virů – kumulativní počty k 26. KT, malý počet vzorků neumožňuje aktualizovat data.



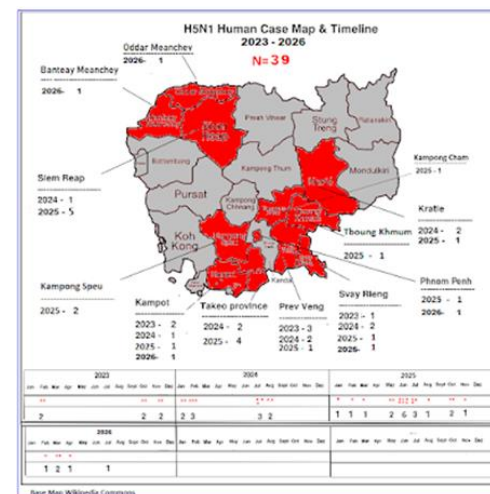
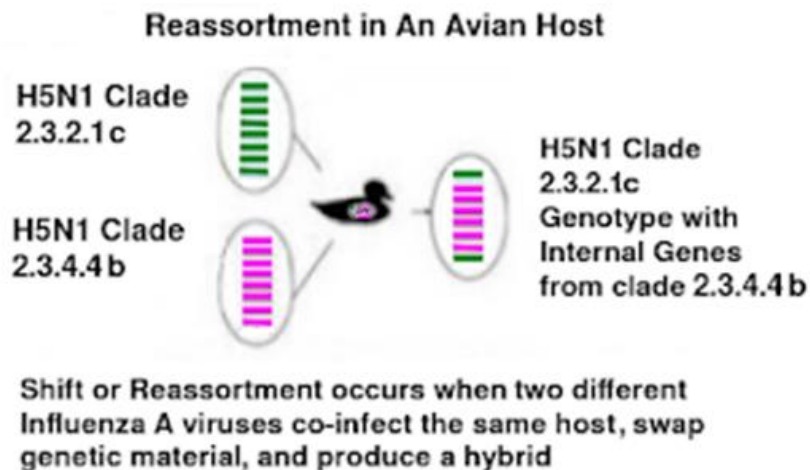
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

H5N1 – humánní případy

- Kambodža potvrzuje svůj 5. případ lidské nákazy virem H5N1 v roce 2026: 9 měsíční holčičku z Phnompenhu. Zdroj je zatím neznámý. Virus patří do reassortantní linie kladu 2.3.2.1e, která cirkuluje od roku 2023. Tato reassortanta je zodpovědná za většinu recentních případů onemocnění člověka v tomto geografickém pásmu.
- H5N1 2.3.4.4e obsahuje adaptační mutace na savce (např. PB2 L89V, M1 N30D/T215A, NS1 P42S/D92E, HA V226I), avšak žádný z nich nespadá do kategorie ‚varovných signálů‘ (např. PB2 E627K/D701N, HA Q226L/G228S atd.).

Období	Počet případů	Počet úmrtí	Smrtnost (CFR)
Od roku 2026	5	1	20,0 %
Od roku 2023	39	16	41,0 %
Od roku 2004	95	53	55,8 % *

* Poznámka: Zkratka CFR (Case Fatality Rate) označuje míru smrtnosti neboli podíl zemřelých z celkového počtu nakažených.



- Zdroje: <https://afludiary.blogspot.com/2026/07/cambodian-moh-announces-5th-human-h5n1.html>
- Koirala, P., Maharjan, M., Chapagain, S., Sharma, B. K., Settypalli, T. B. K., Lamien, C. E., & Dundon, W. G. (2025). Zoonotic Implications of the Co-Circulation of Clade 2.3.4.4b and 2.3.2.1a H5N1 Avian Influenza Viruses in Nepal in 2023. *Viruses*, 17(11), 1481. <https://doi.org/10.3390/v17111481>

Vysoce patogenní kmen ptačí chřipky H5N1 (klad 2.3.4.4b) oficiálně dorazil na australskou pevninu v **červnu 2026**. Tímto záchytem Austrálie ztratila svůj status posledního kontinentu, který byl před touto globální nákazou chráněn. K dnešnímu dni (**13-7- 2026**) situace vykazuje následující vývoj:

Počet případů: Úřady evidují **13 potvrzených záchytů** u divoce žijících ptáků.

Geografické rozšíření: Případy jsou hlášeny ze tří států – 7 v Západní Austrálii, 5 v Jižní Austrálii a 1 v Novém Jižním Walesu.

Zlomový nález u místních druhů: Zatímco první červnové případy se týkaly výhradně migrujících subantarktických ptáků (chaluha antarktická a buřňák obrovský), 10. července 2026 potvrdila hlavní veterinární lékařka Dr. Beth Cookson **první přenos na nemigrujícího australského mořského ptáka** – nákaza byla zjištěna u rybáka chocholatého (*Greater crested tern*) poblíž města **Robe** v Jižní Austrálii. To podle ekologů znamená začátek nové fáze šíření viru přímo v australském ekosystému

Financování: Australská vláda vyčlenila 113 milionů AUD na posílení biologické bezpečnosti a monitorovacích systémů.

Hlášení: Pro veřejnost platí přísný zákaz dotýkat se uhynulých zvířat. Jakékoli podezřelé úhyny ptáků či savců musí občané hlásit na nepřetržitou linku *Emergency Animal Disease Hotline* (1800 675 888).

Oficiální přehled: Nejnovější statistiky a zprávy o vývoji situace v reálném čase zveřejňuje [Australské ministerstvo zemědělství, rybolovu a lesnictví \(DAFF\)](https://www.agriculture.gov.au/campaigns/birdflu) (viz <https://www.agriculture.gov.au/campaigns/birdflu>).

Detaily o dopadech na divokou přírodu monitoruje nezisková organizace [BirdLife Australia](https://www.birdlife.org.au) (<https://www.birdlife.org.au>).

EU/EHP 27. 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 sekvenčních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky převládá varianta XFG nad ostatními liniemi viru SARS-CoV-2.
- V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat, na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1.
- V této souvislosti je třeba vzít v úvahu, že celosvětově nižší počet sekvenčních dat neumožňuje vytvořit kvalitní základ pro předpověď vývoje zastoupení variant SARS-CoV-2.
- Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 28. KT

- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně, ale současně neumožňuje aktualizaci dat s vyšší výpovědní hodnotou.
- Vzhledem k probíhajícím dovoleným v NRL bude další hlášení z laboratoří zpracováno do zprávy 20. 7. 2026.

H5N1:

- V Kambodži byl detekován další případ humánního onemocnění virem H5N1, kladu 2.3.4.4e. Jedná se o 9 měsíčního kojence. Zdroj nákazy není známý.
- H5N1 2.3.4.4b je od června detekován ve 3 státech Austrálie, a to i u nemigrujících ptáků, což implikuje šíření viru na tomto kontinentu.

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.