



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 20/7/2026

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 28. 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 sekvenačních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky (za poslední měsíc 167 sekvenací) převládá varianta XFG nad ostatními liniemi viru SARS-CoV-2.

V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat (za poslední měsíc 333 sekvenací), na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1. (Nimbus). Konkrétně v Asijském regionu dominuje varianta PQ.16.1.1 (odvozena od NB.1.8.1).

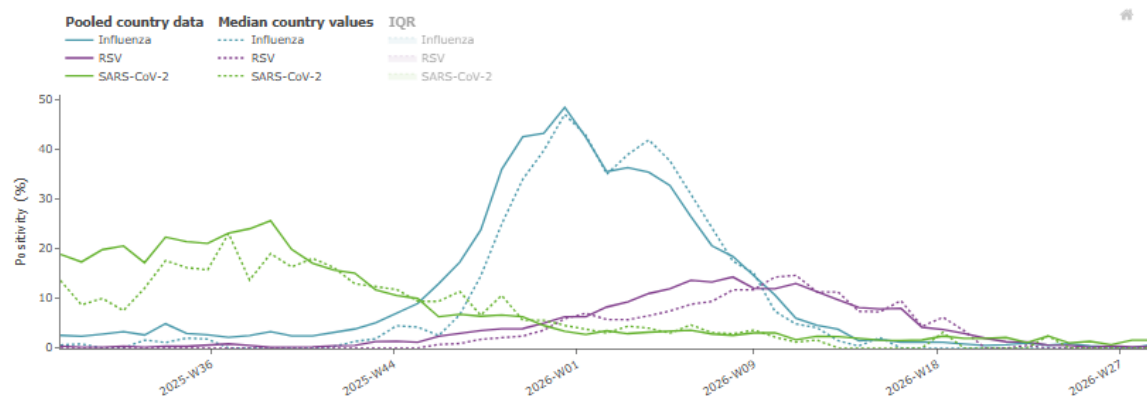
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 28. KT 2026

a)

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

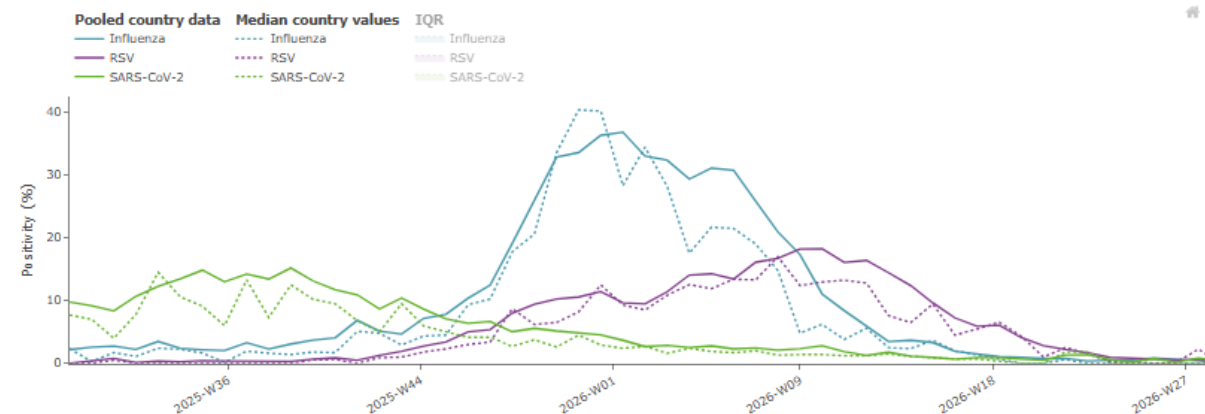
Figure Table



b)

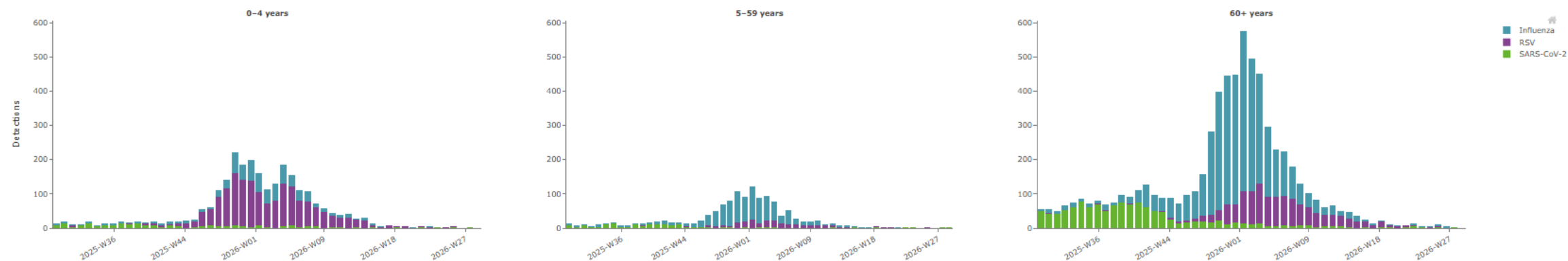
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

Weekly detections by age



EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 27. a 28. KT 2026

Key indicators in week 28, 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 28	Week 27	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	10 rates (6 MEM)	10 rates (6 MEM)	Distribution of country MEM categories	6 Baseline
	ILI	11 rates (10 MEM)	12 rates (11 MEM)		9 Baseline 1 Low
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	11	13	Pooled (median; IQR)	0.7% (0; 0–0.2%)
	RSV	9	12		0.3% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	10	12		1.6% (0; 0–0%)
SARI rates in hospitals	SARI	7 rates (4 MEM)	9 rates (5 MEM)	Distribution of country MEM categories	4 Baseline
SARI test positivity in hospitals	Influenza	5	7	Pooled (median; IQR)	0.2% (0; 0–0.1%)
	RSV	5	6		0% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	4	7		0.4% (0; 0–0.2%)
Intensity (country-defined)	Influenza	8	7	Distribution of country qualitative categories	8 Baseline

Intensity of influenza activity 2026-W28



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 16 July 2026.

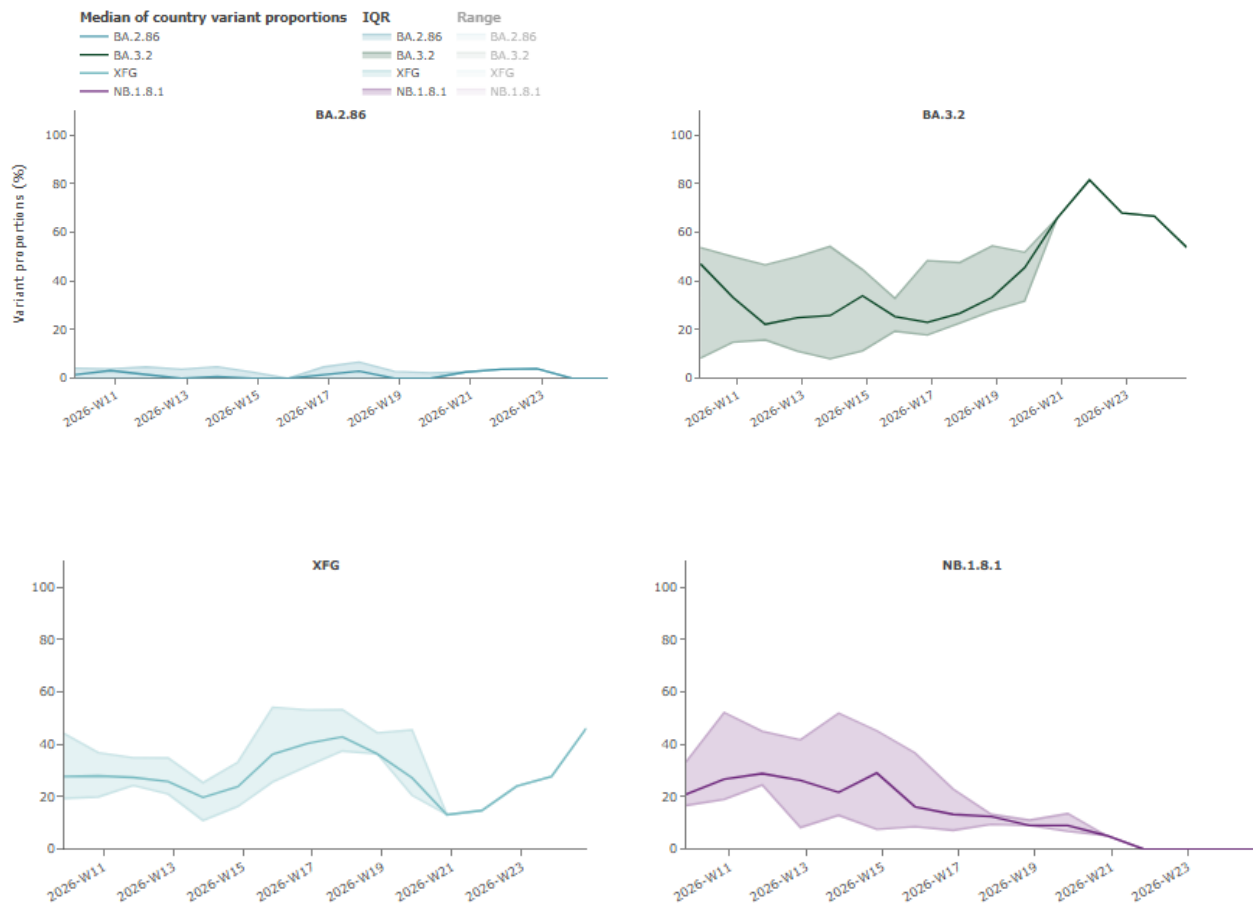
Dominant influenza virus 2026-W28



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 16 July 2026.

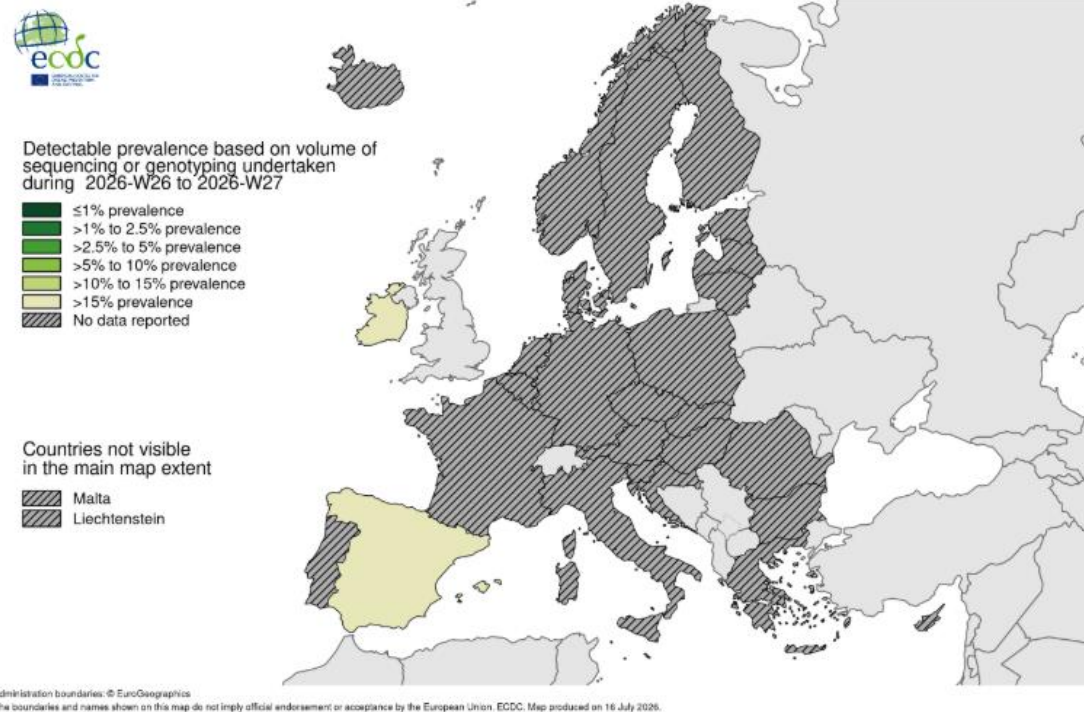
Distribuce sledovaných variant (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

Distribution of 2-weekly country variant proportions



Objem sekvenace v 26. a 27. týdnu 2026

Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W26 to 2026-W27





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 20. 7. 2026

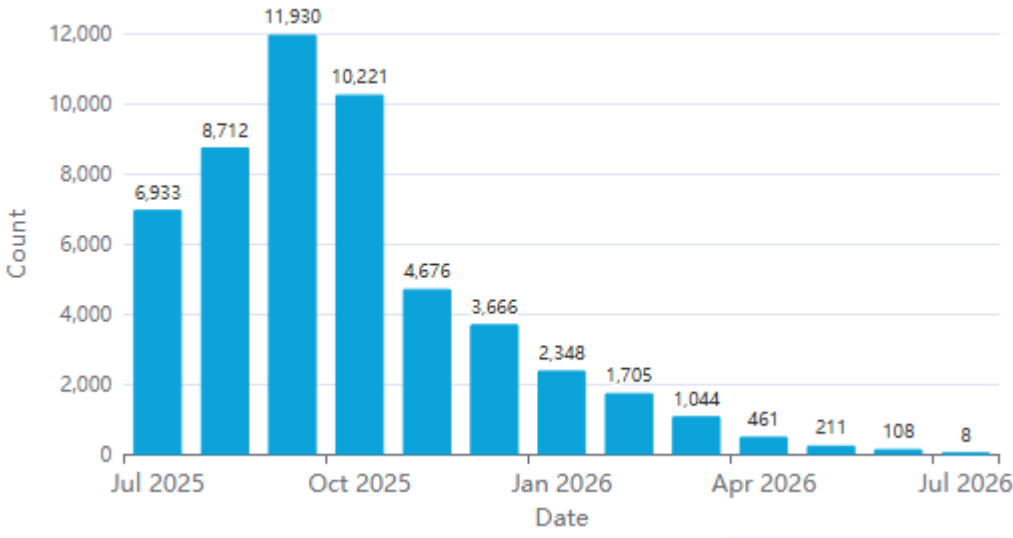
Variants of Interest (VOI)

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

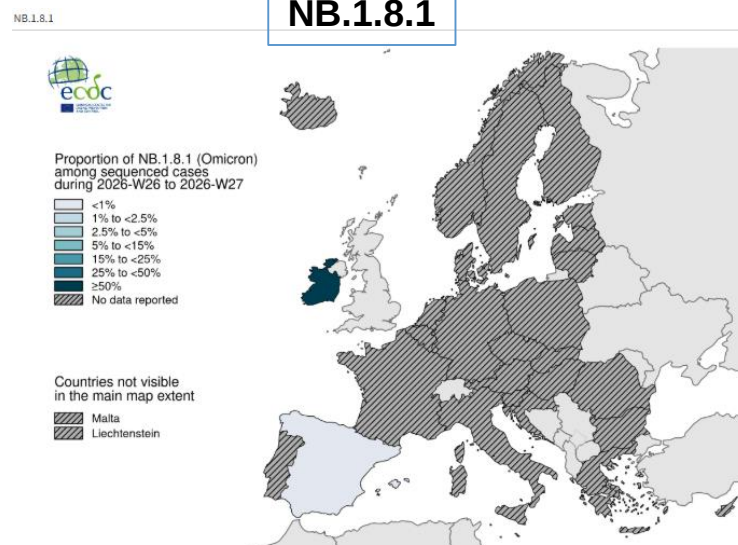
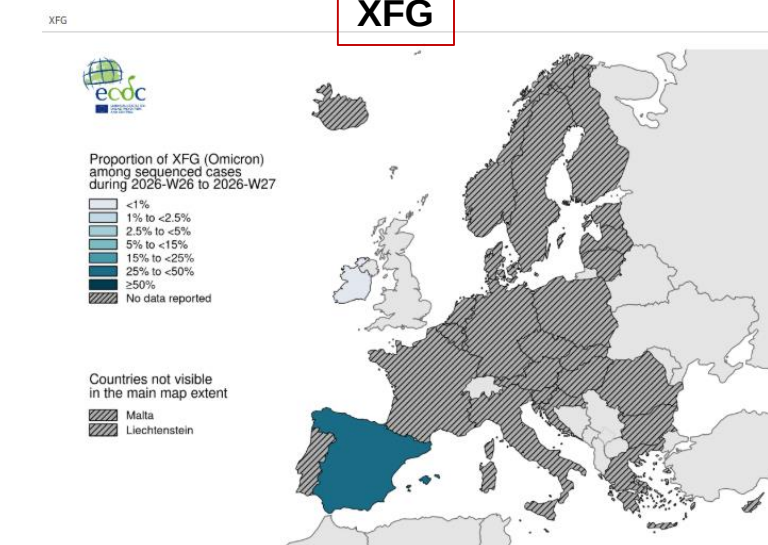
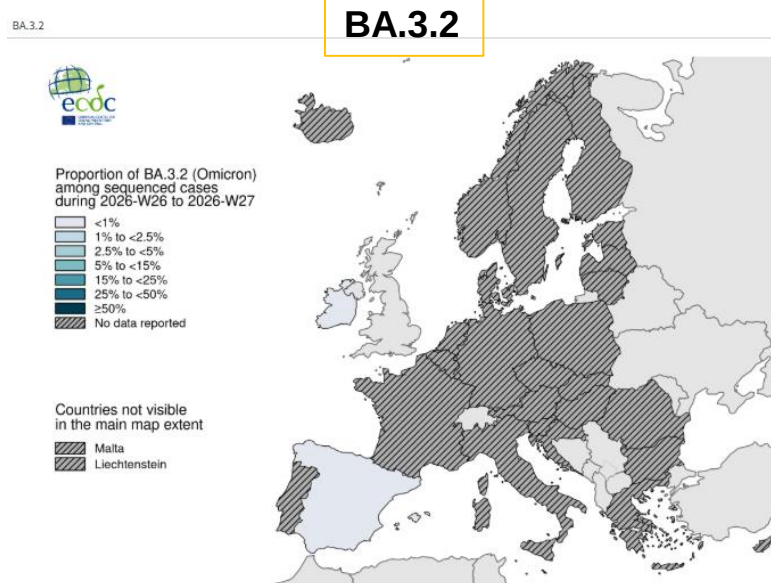
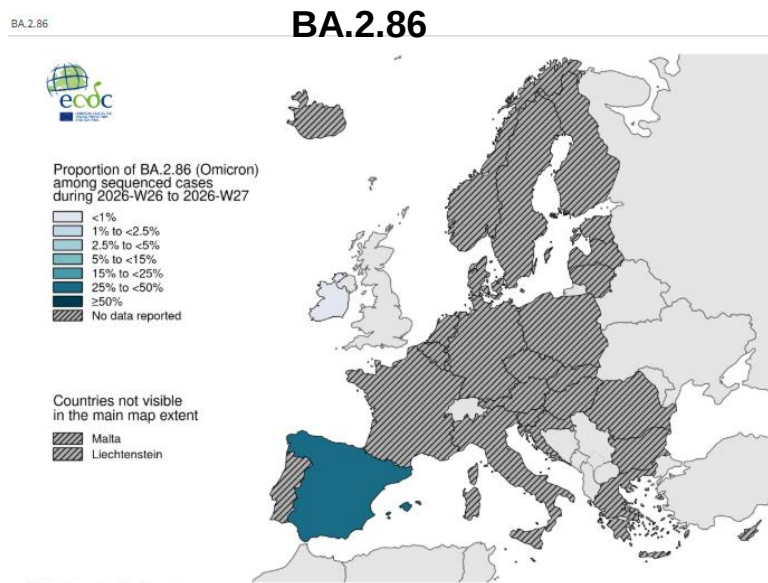
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

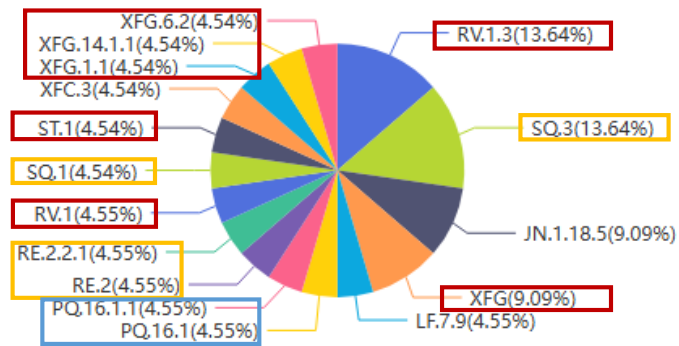
Distribuce sledovaných variant v Evropě v 26. týdnu - 27. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



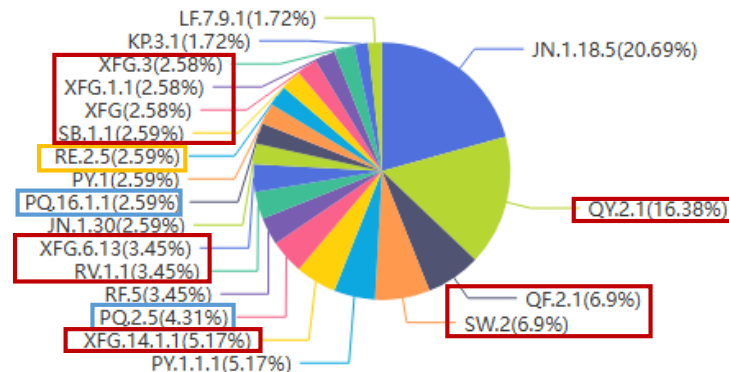
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 20. 7. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	20	147	333

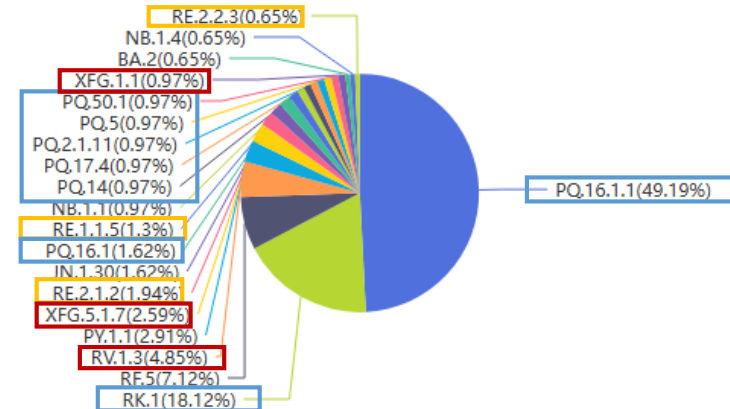
Evropa 20. 6. - 20. 7. 2026



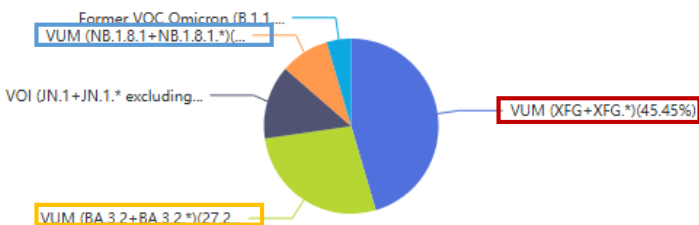
Severní Amerika 20. 6. – 20. 7. 2026



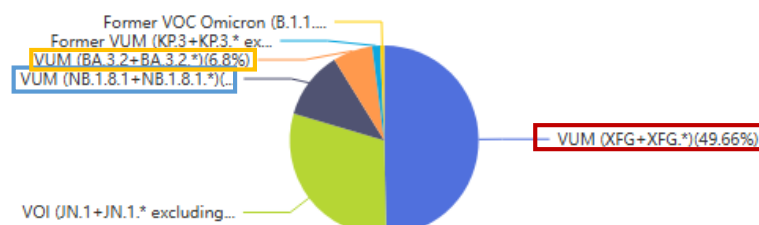
Asie 20. 6. - 20. 7. 2026



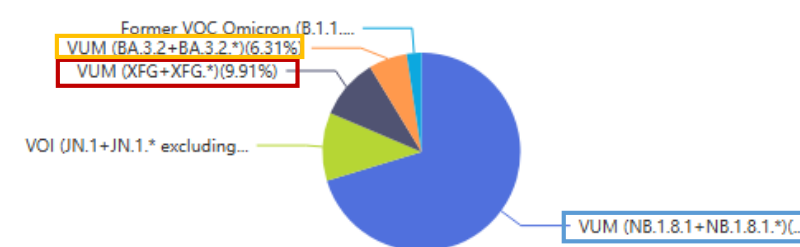
Evropa 20. 6. - 20. 7. 2026 (VUM)



Severní Amerika 20. 6. - 20. 7. 2026 (VUM)



Asie 20. 6. - 20. 7. 2026 (VUM)

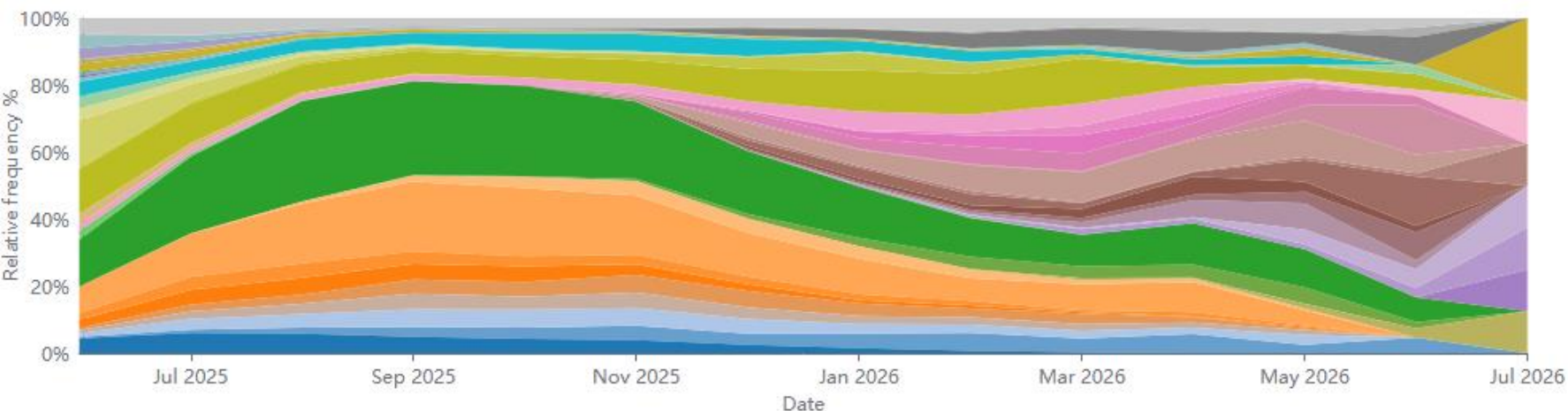


- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)

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.

Výsledky sekvenace SARS-CoV-2 v Evropě, červen 2025 - červenec 2026

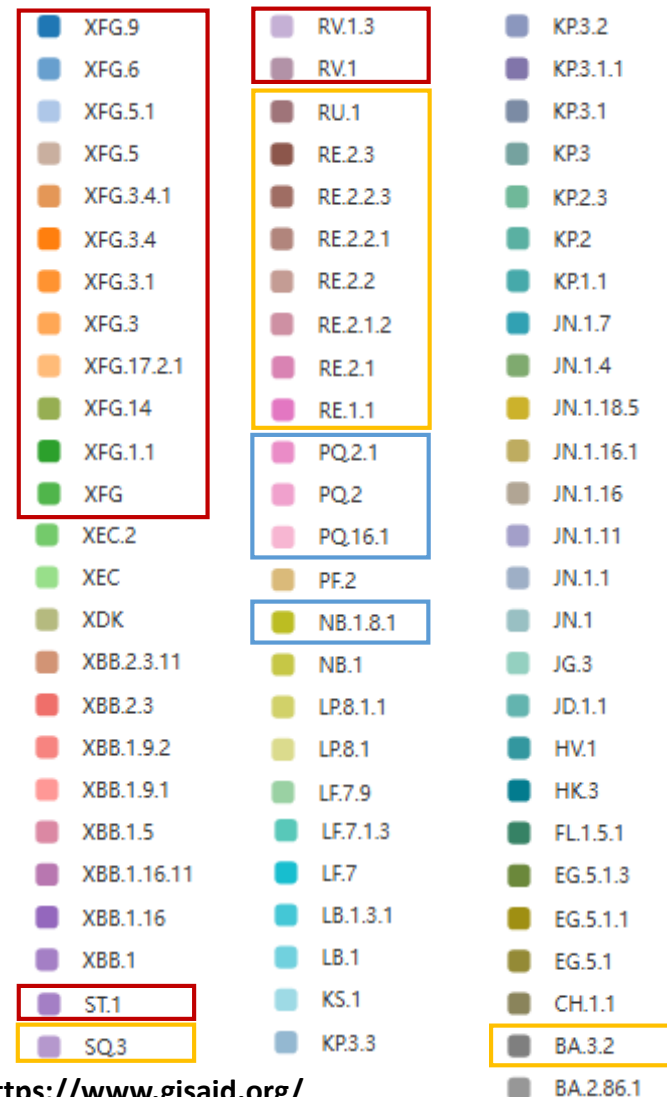
Zastoupení variant SARS-CoV-2 v Evropě podle relativní frekvence v čase



V Evropském regionu bylo za posledním měsícem osekvenováno 20 vzorků SARS-CoV-2, což nesplňuje hranici ani pro baseline monitoring, přesto v Evropském převládá varianta XFG (Stratus). Kvůli nízkému počtu dat proto je nutné brát tyto výsledky s rezervou.

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.



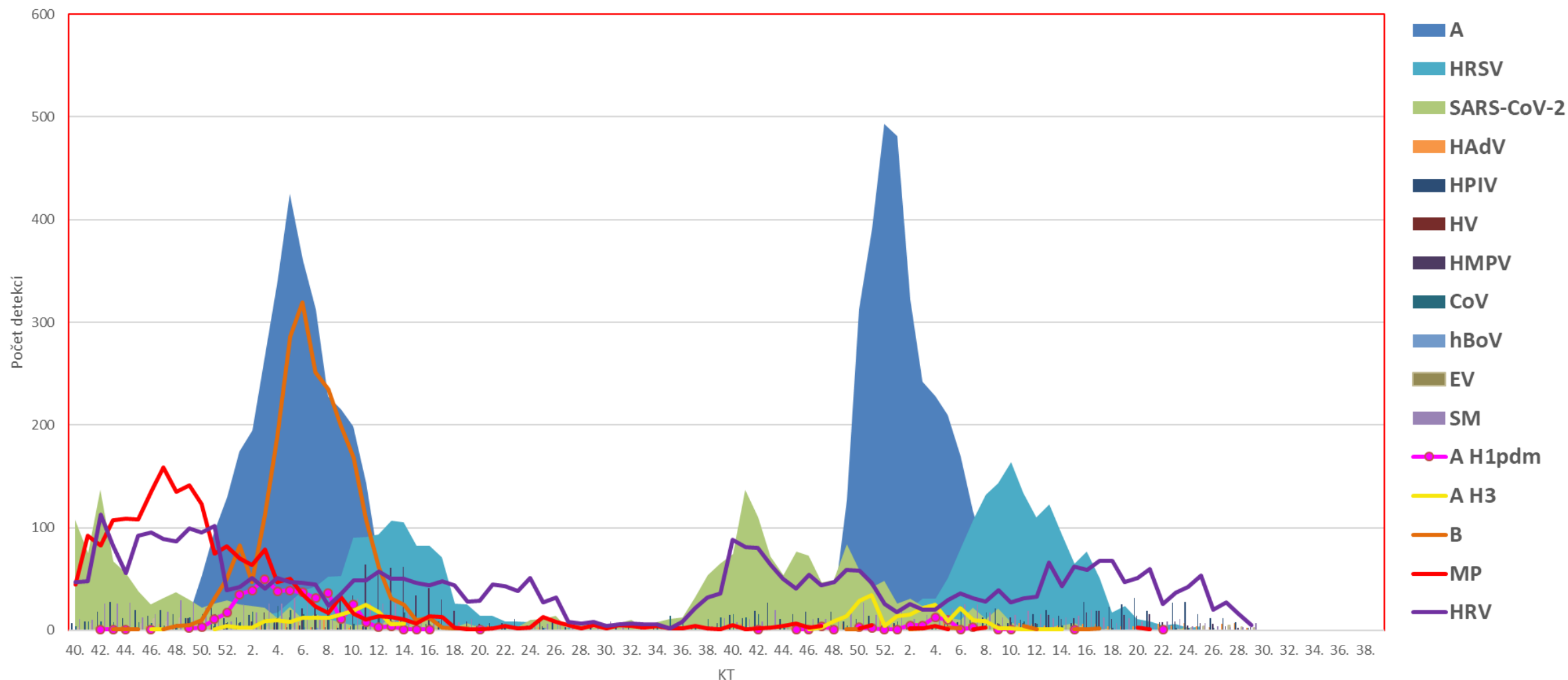
I v létě cirkulují některé z respiračních virů.
V posledním týdnu detekujeme adenoviry (9,1 %), viry parainfluenzy (9,1 %), metapneumoviry (13,6 %), rhinoviry (22,7 %) a enteroviry (9,1 %).
V jednom případě evidujeme virový zápal plic jako důsledek infekce HMPV muže staršího 50let.

Virologická surveillace – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		26.	podíl	27.	podíl	28.	podíl	29.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	3356
	A H ₁ pdm		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	56
	A H ₃		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	230
	B		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	24
	HRSV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	1568
	HAdV	3	6,4%	6	10,0%	7	17,9%	2	9,1%	229
	HPIV	12	25,5 %	12	20,0%	8	20,5%	2	9,1%	617
	HV		0,0%		0,0%		0,0%	1	4,5%	37
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV	6	12,8 %	4	6,7%	2	5,1%	3	13,6%	234
	CoV	2	4,3%	1	1,7%		0,0%		0,0%	247
	HRV	20	42,6 %	27	45,0%	16	41,0%	5	22,7%	1925
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV		0,0%	5	8,3%	3	7,7%	2	9,1%	51
	SARS-CoV-2		0,0%	2	3,3%		0,0%		0,0%	1315
	SM	4	8,5%	3	5,0%	3	7,7%	7	31,8%	542
	pozitivní	47	12,9 %	60	14,8%	39	13,4%	22	8,9%	10522
	negativní	317		346		252		226		39380
Celkový počet vyšetření:		364		406		291		248		49902

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 29. KT



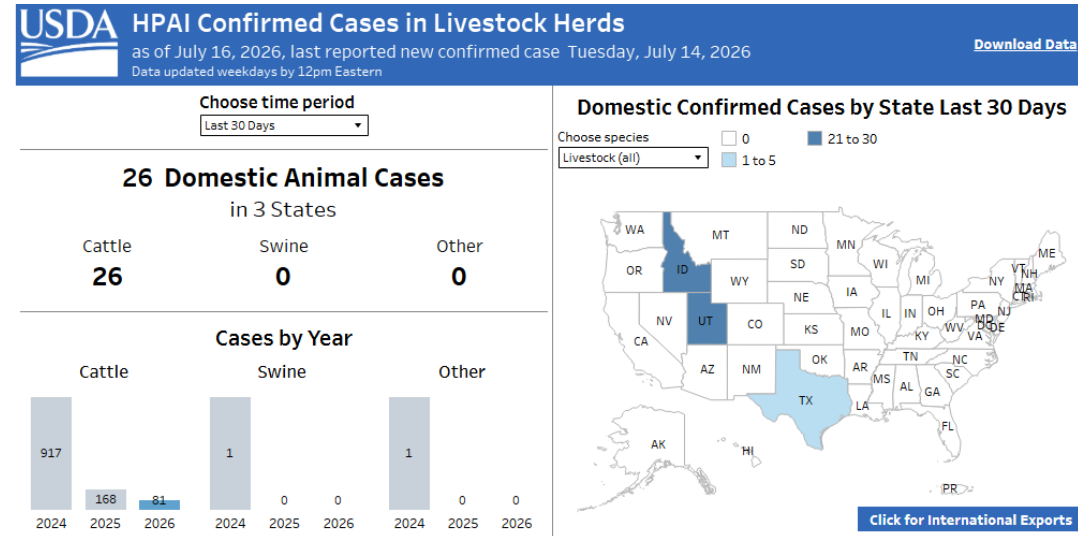
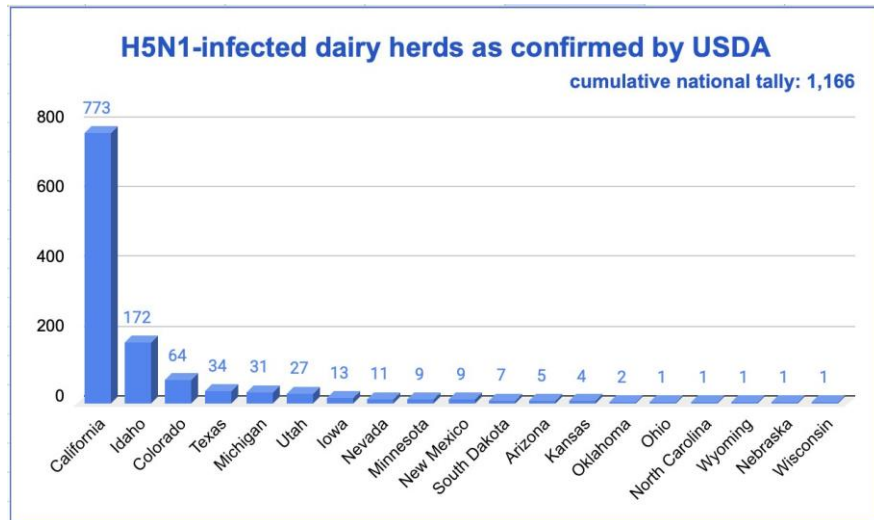
Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Vysoce patogenní subtyp ptačí chřipky H5N1 (klad 2.3.4.4b) hlásí Nový Zéland. Nález potvrzen u migrujících vodních ptáků (chaluha subantarktická) na pláži Wellington. Současně se vyšetřuje mládě uhynulé velryby a na pobřeží Austrálie (plejtvák obsrovní) na možnou přítomnost viru H5N1.

Pro specifickou faunu Austrálie a Nového Zélandu představuje virus ptačí chřipky A/H5N1 novou a neznámou hrozbu, proto vlády těchto zemí věnují velkou pozornost nálezům a současně se snaží o maximální zlepšení biosecurity principů. Nedílnou součástí je posílení finančních fondů k ochraně biodiverzity,

Zdroj: The Guardian (<https://www.theguardian.com/world/2026/jul/16/new-zealand-first-h5n1-bird-flu-case>)

V USA stále cirkuluje A/H5N1 B.3.13 a D.1.1 ve stádech dojných krav.



Zdroj: <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/hpai-confirmed-cases-livestock>

EU/EHP 28. 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 sekvenačních datech nahraných do GISAID stále evidujeme varianty BA.3.2, XFG a NB.1.8.1 spadající mezi monitorované (VUM) podle WHO i ECDC. Vzhledem k malému počtu sekvenačních dat nelze hovořit o dominující variantě ani predikovat případné rozšíření nové varianty.
- Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 29. KT

- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně, ale současně neumožňuje aktualizaci dat s vyšší výpovědní hodnotou.
- I v létě cirkulují některé z respiračních virů. posledním týdnem detekujeme adenoviry (9,1 %), viry parainfluenzy (9,1 %), metapneumoviry (13,6 %), rhinoviry (22,7 %) a enteroviry (9,1 %). V jednom případě evidujeme virový zápal plic jako důsledek infekce HMPV muže staršího 50let.

H5N1:

- Vysoce patogenní subtyp ptačí chřipky H5N1 (klad 2.3.4.4b) hlásí Nový Zéland. Nález potvrzen u migrujících vodních ptáků (chaluha subantarktická) na pláži Wellington. Současně se vyšetřuje mládě uhynulé velryby a na pobřeží Austrálie (plejtvák obrovský) na možnou přítomnost viru H5N1.
- V USA stále cirkuluje A/H5N1 B.3.13 a D.1.1 ve stádech dojných krav.