



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 27/7/2026

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 29. 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 133 sekvenací) ze sledovaných variant převládá varianta XFG nad ostatními liniemi viru SARS-CoV-2.

V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat (za poslední měsíc 215 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).

Pro zvyšování dosahu publikovaných zpráv přidáváme rubriku vtip pro kalendářní týden.

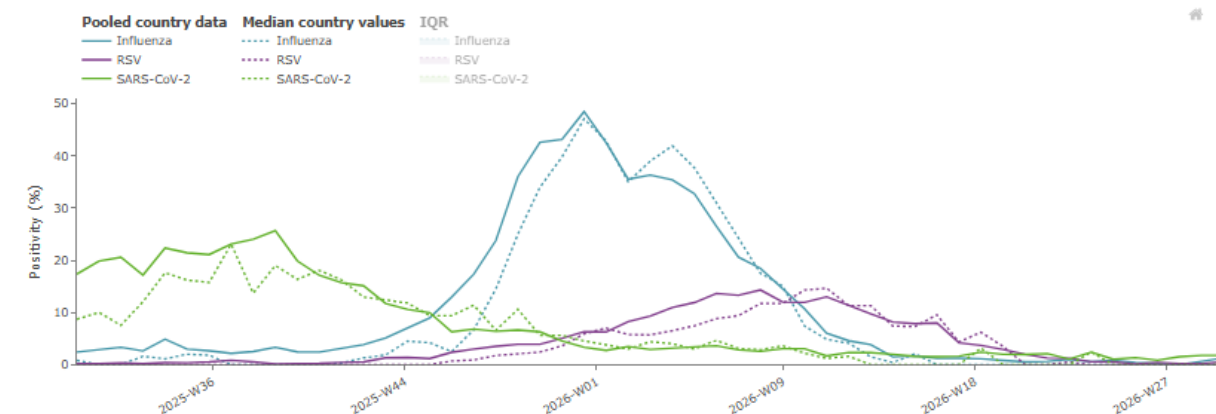
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 29. KT 2026

a)

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

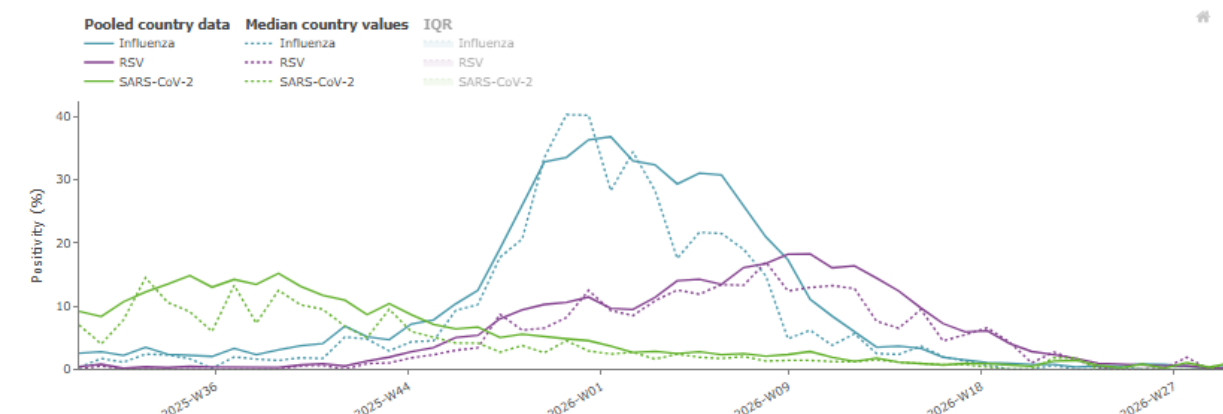
Figure Table



b)

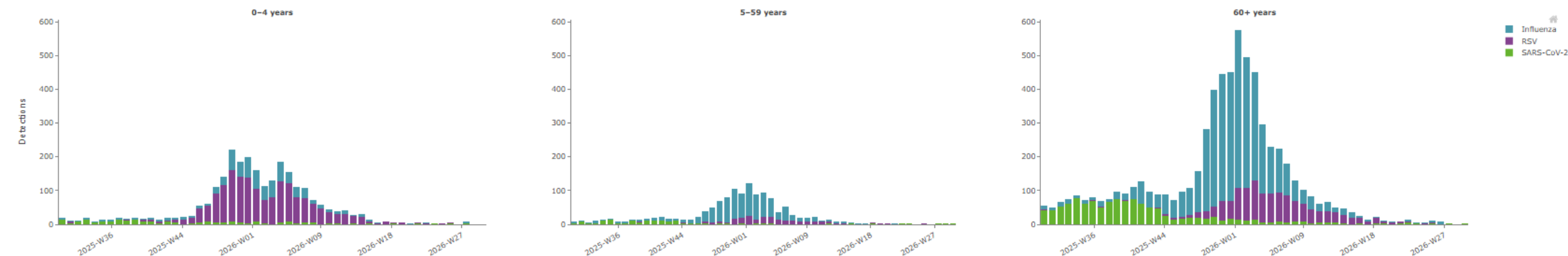
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

Weekly detections by age



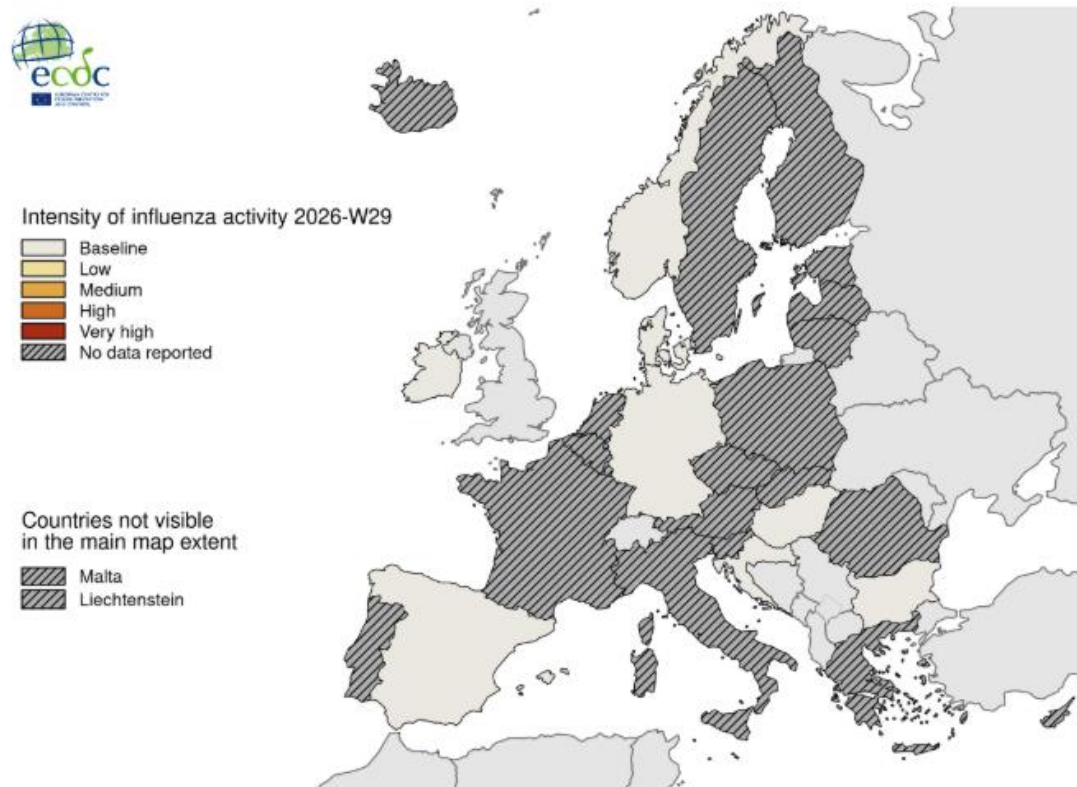


EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 28. a 29. KT 2026

Key indicators in week 29, 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 29	Week 28	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	12 rates (11 MEM)	12 rates (11 MEM)		10 Baseline 1 Medium
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	11	13	Pooled (median; IQR)	1.3% (0; 0–0%)
	RSV	11	11		0.5% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	11	12		1.8% (0; 0–1.2%)
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	7	8	Pooled (median; IQR)	0.4% (0; 0–0%)
	RSV	7	7		0.2% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	7	7		1% (1.1; 0–5%)
Intensity (country-defined)	Influenza	8	9	Distribution of country qualitative categories	8 Baseline

Intensity of influenza activity 2026-W29



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 23 July 2026.

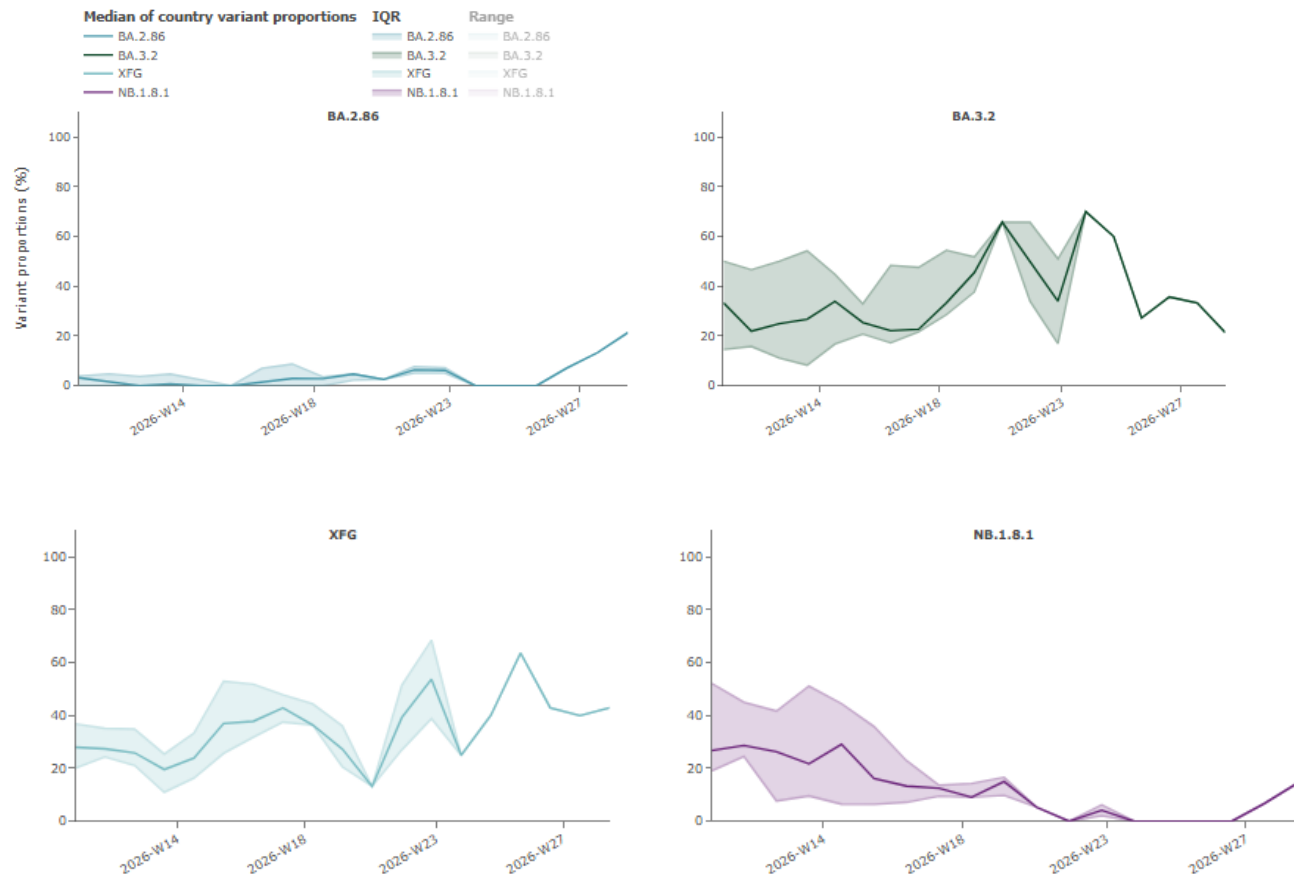
Dominant influenza virus 2026-W29



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 23 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 27. a 28. týdnu 2026

Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W27 to 2026-W28



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W27 to 2026-W28



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 23 July 2026.



ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 27. 7. 2026

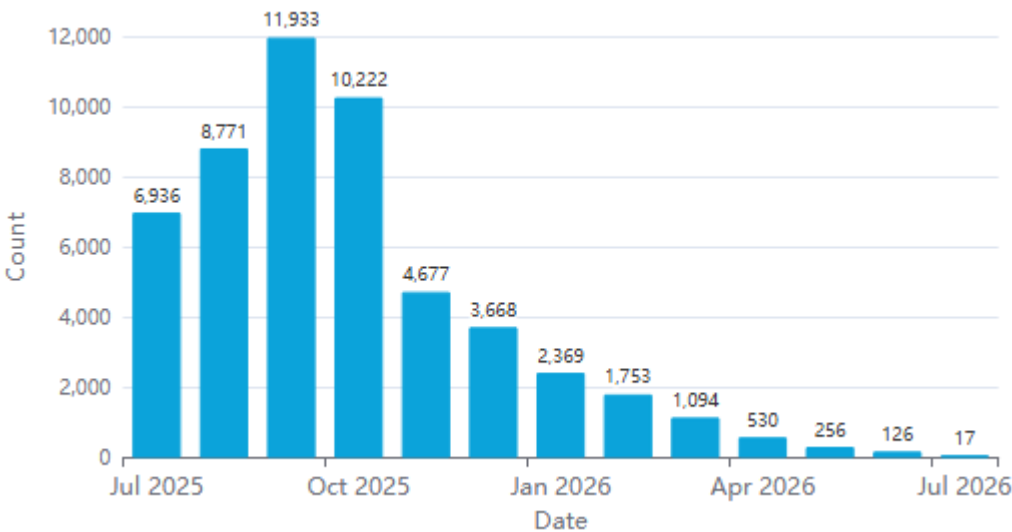
Variants of Interest (VOI)

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

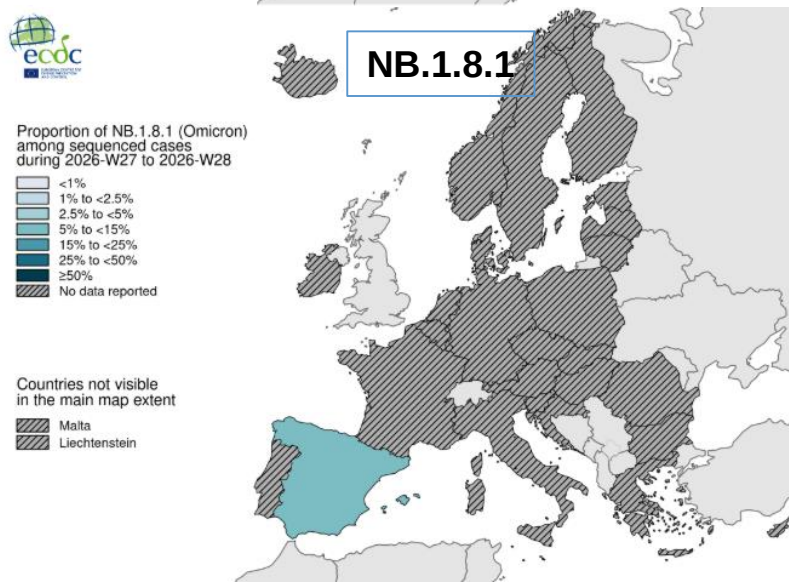
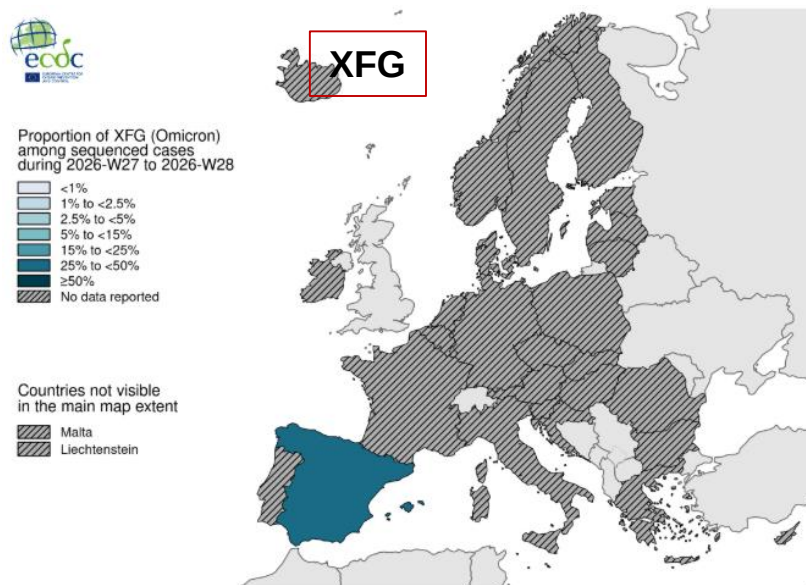
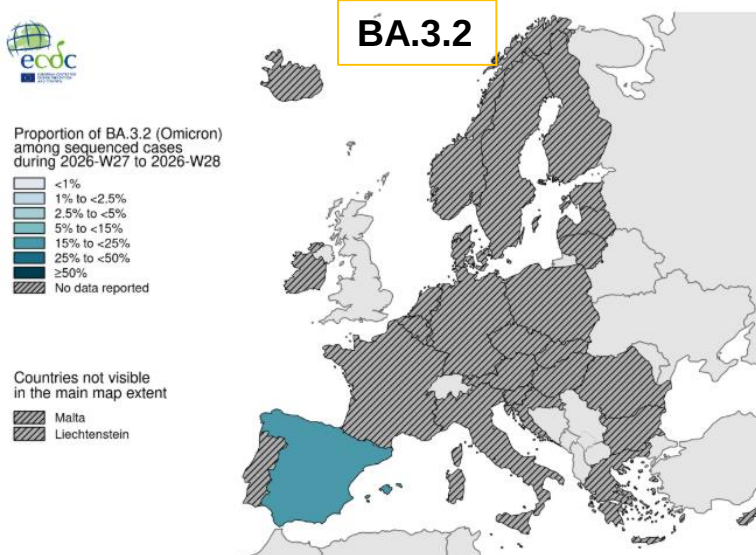
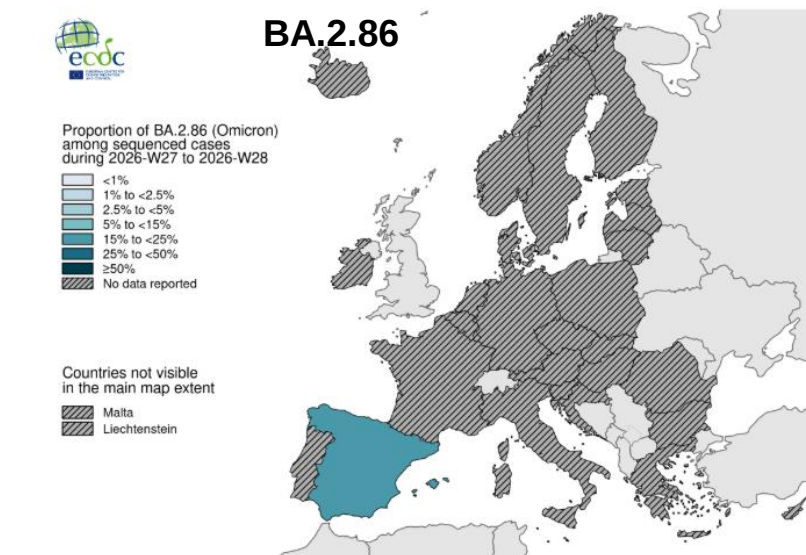
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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

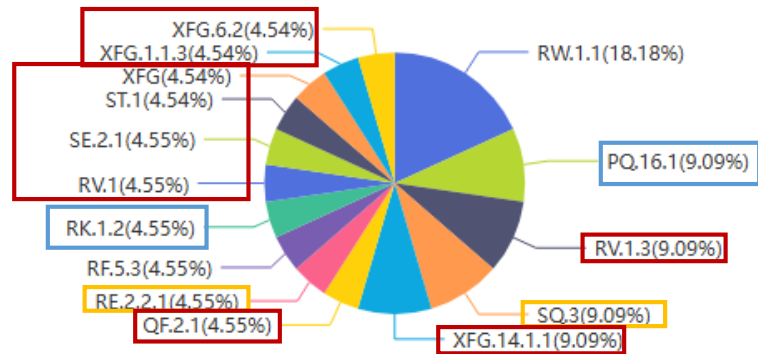
Distribuce sledovaných variant v Evropě v 27. týdnu - 28. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



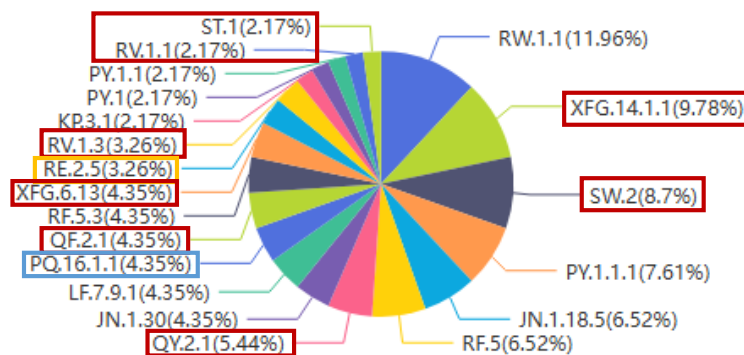
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 27. 7. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	22	111	215

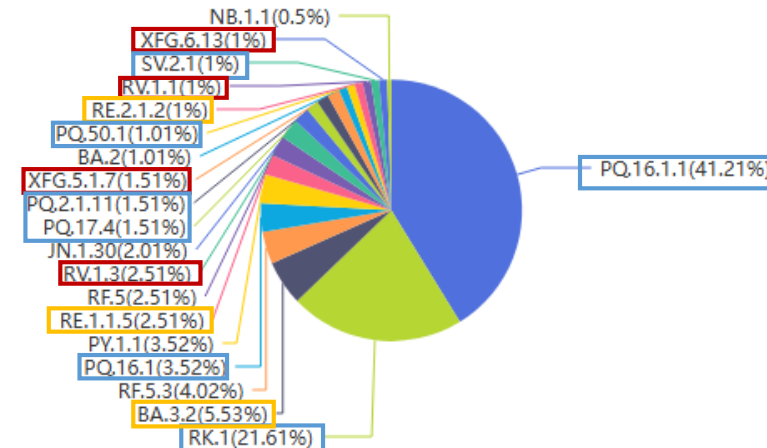
Evropa 27. 6. - 27. 7. 2026



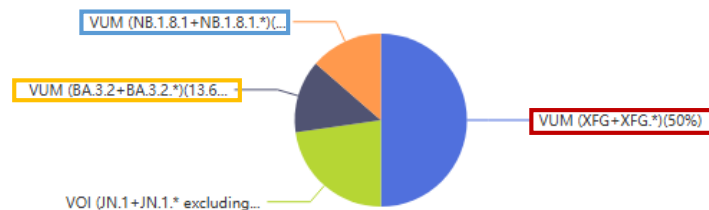
Severní Amerika 27. 6. – 27. 7. 2026



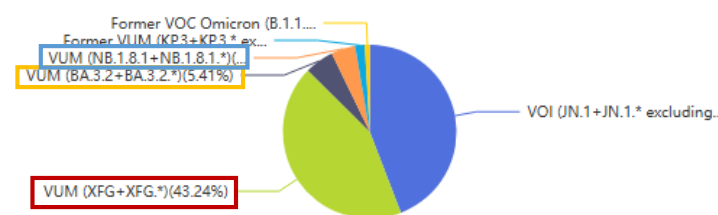
Asie 27. 6. - 27. 7. 2026



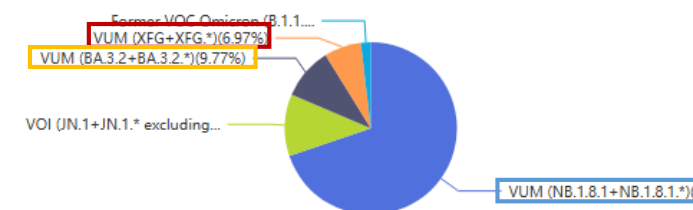
Evropa 27. 6. - 27. 7. 2026 (VUM)



Severní Amerika 27. 6. - 27. 7. 2026 (VUM)



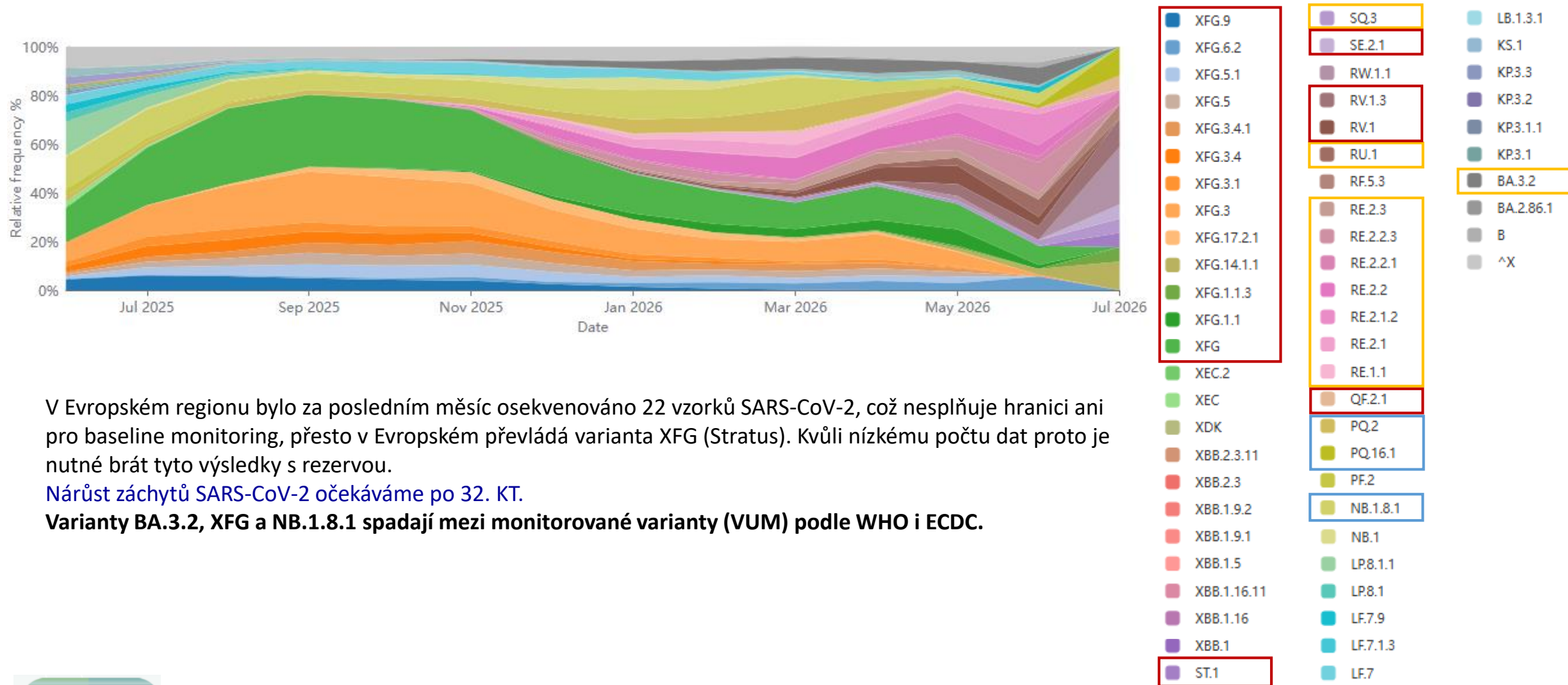
Asie 27. 6. - 27. 7. 2026 (VUM)



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

V Evropě a Severní Americe u sledovaných variant 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 posledním měsíc osekvenováno 22 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.



Cyanide and Happiness © Explosm.net

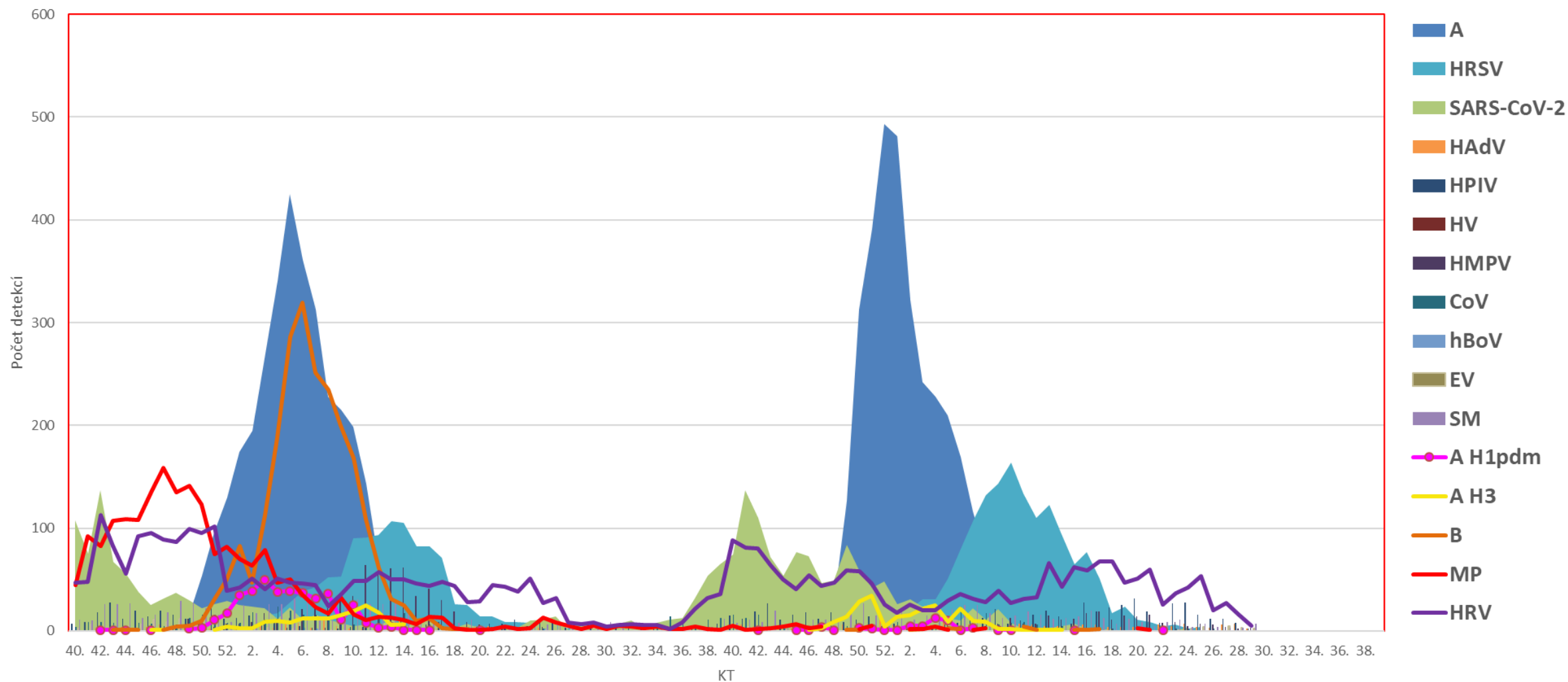
- I v létě cirkulují některé z respiračních virů.
- V posledním týdnu detekujeme nejčastěji rhinoviry, adenoviry, viry parainfluenzy, ojediněle metapneumoviry a SARS-CoV-2.
- Za 29. KT dohlásila laboratoř FN Motol jednu detekci chřipky typu A.

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		27.	podíl	28.	podíl	29.	podíl	30.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A		0,0%		0,0%	1	3,1%		0,0%	3357
	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	6	10,0%	7	17,9%	3	9,4%	5	20,0%	235
	HPIV	12	20,0%	8	20,5%	4	12,5%	4	16,0%	623
	HV		0,0%		0,0%	1	3,1%		0,0%	37
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV	4	6,7%	2	5,1%	3	9,4%	1	4,0%	235
	CoV	1	1,7%		0,0%		0,0%		0,0%	247
	HRV	27	45,0%	16	41,0%	9	28,1%	10	40,0%	1939
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV	5	8,3%	3	7,7%	3	9,4%		0,0%	52
	SARS-CoV-2	2	3,3%		0,0%		0,0%	1	4,0%	1316
	SM	3	5,0%	3	7,7%	8	25,0%	4	16,0%	547
	pozitivní	60	14,8%	39	13,4%	32	8,3%	25	10,7%	10557
	negativní	346		252		352		209		39715
Celkový počet vyšetření:		406		291		384		234		50272

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 30. KT

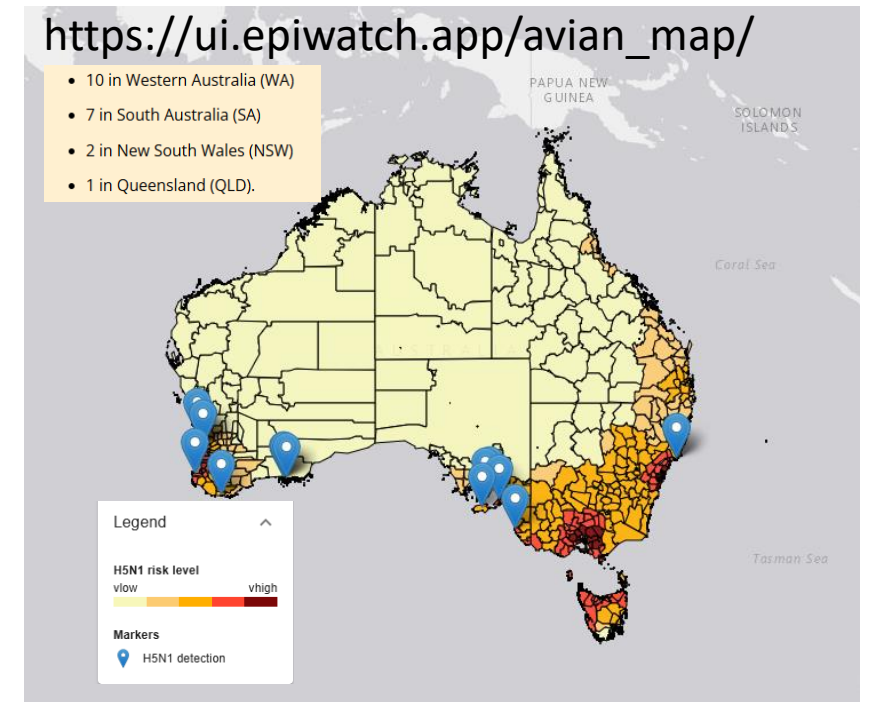


Legenda: A – Influenza A; B – Influenza B; HRSV - Respirační syncytiální virus; HAdV – Adenovirus; HPIV – Parainfluenza; HV - Herpetické viry; MP – Mycoplasma; HMPV – Metapneumovirus; CoV – Coronavirus; HRV – Rhinovirus; hBoV – Bocavirus; EV – Enterovirus; SM - Smíšená infekce

Vysoce patogenní subtyp ptačí chřipky H5N1 (klad 2.3.4.4b) je stále v popředí zájmu v Austrálii. Zvyšuje se počet detekcí i migrujících vodních ptáků, včetně těch, kteří migrují pouze v rámci australského kontinentu. Aktuálně je potvrzeno 20 detekcí z různých míst jižní Austrálie (viz mapka). Nejčastějším postiženým lokálním druhem je rybák chocholatý (*Thalasseus bergii*) – viz obrázek.

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 ochrany v rámci One Health. Nedílnou součástí je posílení finančních fondů k ochraně biodiverzity. V rámci opatření (biosecurity) existuje i prediktivní mapa rizika šíření.

Zdroj: <https://www.agriculture.gov.au/campaigns/birdflu>
<https://www.birdflutracker.org/>





Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 30. KT 2026 a EU/EHP 29. KT

EU/EHP 29. 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 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 30. KT

- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně, ale současně neumožňuje aktualizaci dat s vyšší výpovědní hodnotou.
- I v létě cirkulují některé respirační viry. V posledním týdnu detekujeme nejčastěji rhinoviry, adenoviry, viry parainfluenzy, ojediněle metapneumoviry a SARS-CoV-2. Za 29. KT dohlásila laboratoř FN Motol jednu detekci chřipky typu A.

H5N1:

- V Austrálii se nadále šíří virus ptačí chřipky, a to mezi migrujícími vodními ptáky včetně těch, kteří migrují pouze v rámci australského kontinentu. Virus byl potvrzen ve 4 státech. K nejpostiženějším druhům patří rybák chocholatý.

Poznámka: Přidáváme rubriku vtip pro kalendářní týden.