



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 17/8/2026

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 32. 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 255 sekvenací) ze sledovaných variant převládá varianta XFG nad ostatními liniemi viru SARS-CoV-2. V Evropě a Severní Americe se v sekvenačních datech projevuje varianta RW.1.1.

V Asii (za poslední měsíc 276 sekvenací nahraných v GISAID), na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1. (Nimbus). Konkrétně v Asijském regionu dominují potomci varianty PQ.16.1.1: SV.1, SV.2, SV.2.1, SV.3, SV4 a SV4.2 (odvozeny od NB.1.8.1).

Pro zvyšování dosahu publikovaných zpráv jsme zavedli rubriku vtip pro kalendářní týden.

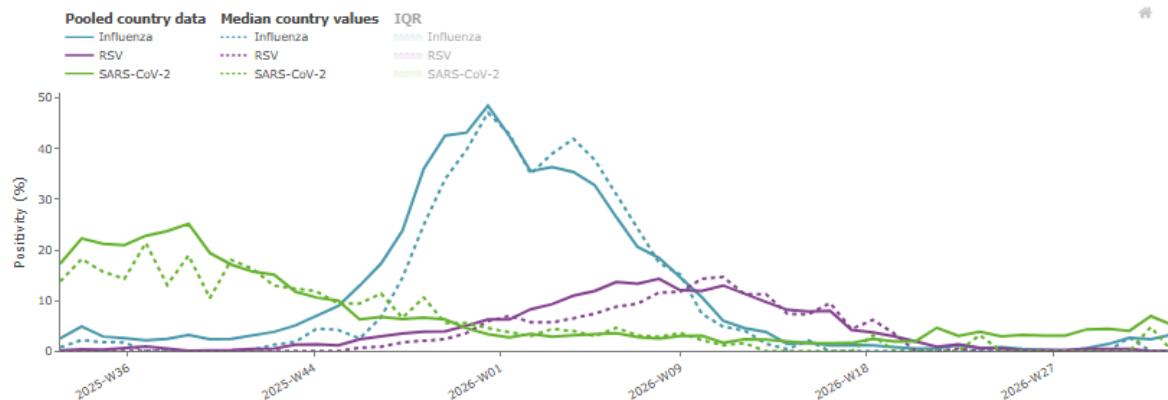
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 32. KT 2026

a)

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

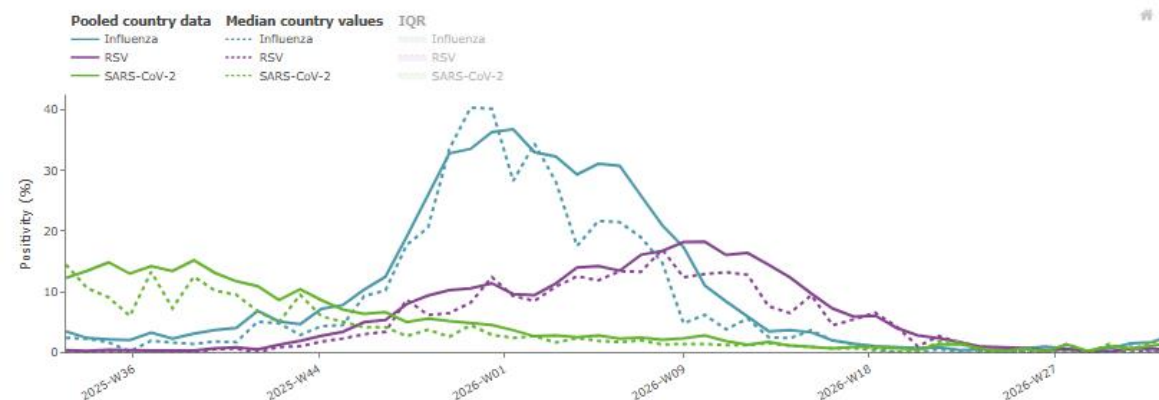
Figure Table



b)

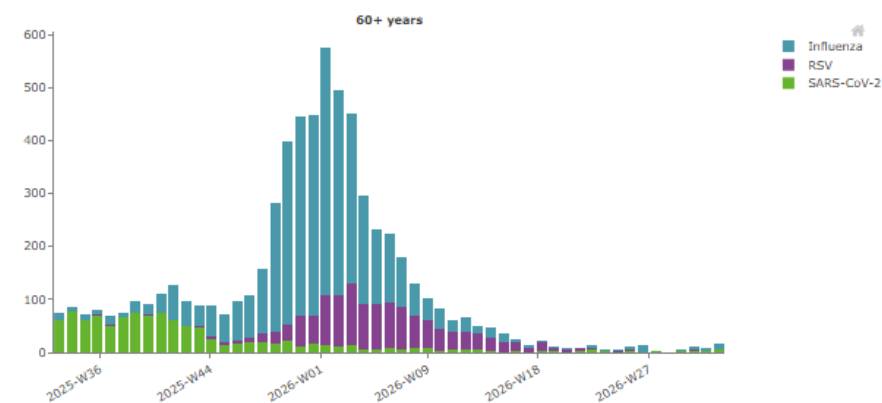
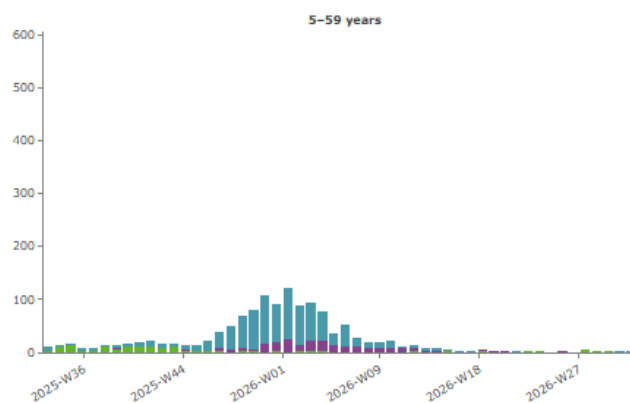
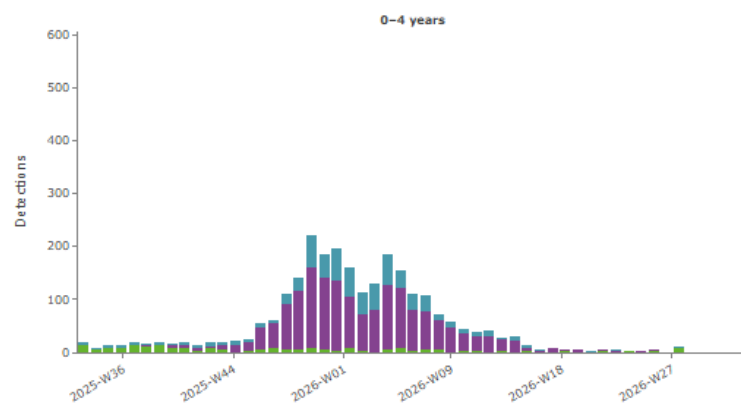
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

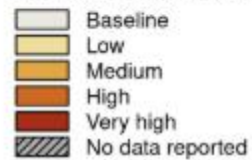
Weekly detections by age



Intensity of influenza activity 2026-W32



Intensity of influenza activity 2026-W32



Countries not visible in the main map extent





Chřipková sezóna 2025/26 sekvenační data, antivirotické rezistence

V chřipkové sezóně 2025/26 bylo vybráno a osekvenováno celkem 62 patientských vzorků. Z nich bylo 42 identifikováno jako virus **A/H3N2** a 20 jako **A/H1N1pdm09**.

V sekvenačních datech jsme vyhledávali aminokyselinové substituce spojené s rezistencí vůči antivirotikům **Oseltamivir**, **Zanamivir** a **Baloxavir**. U 9 sekvencí viru **A/H1N1pdm09** byla detekována mutace **NA:S247N** v segmentu neuraminidázy. U jednoho z těchto devíti vzorků byla navíc identifikována i mutace **NA:I223T** v segmentu neuraminidázy. Obě mutace vedou k velmi mírné rezistenci na oseltamivir, tedy prakticky jedinému antivirotiku proti chřipce, které je běžně dostupné v ČR.

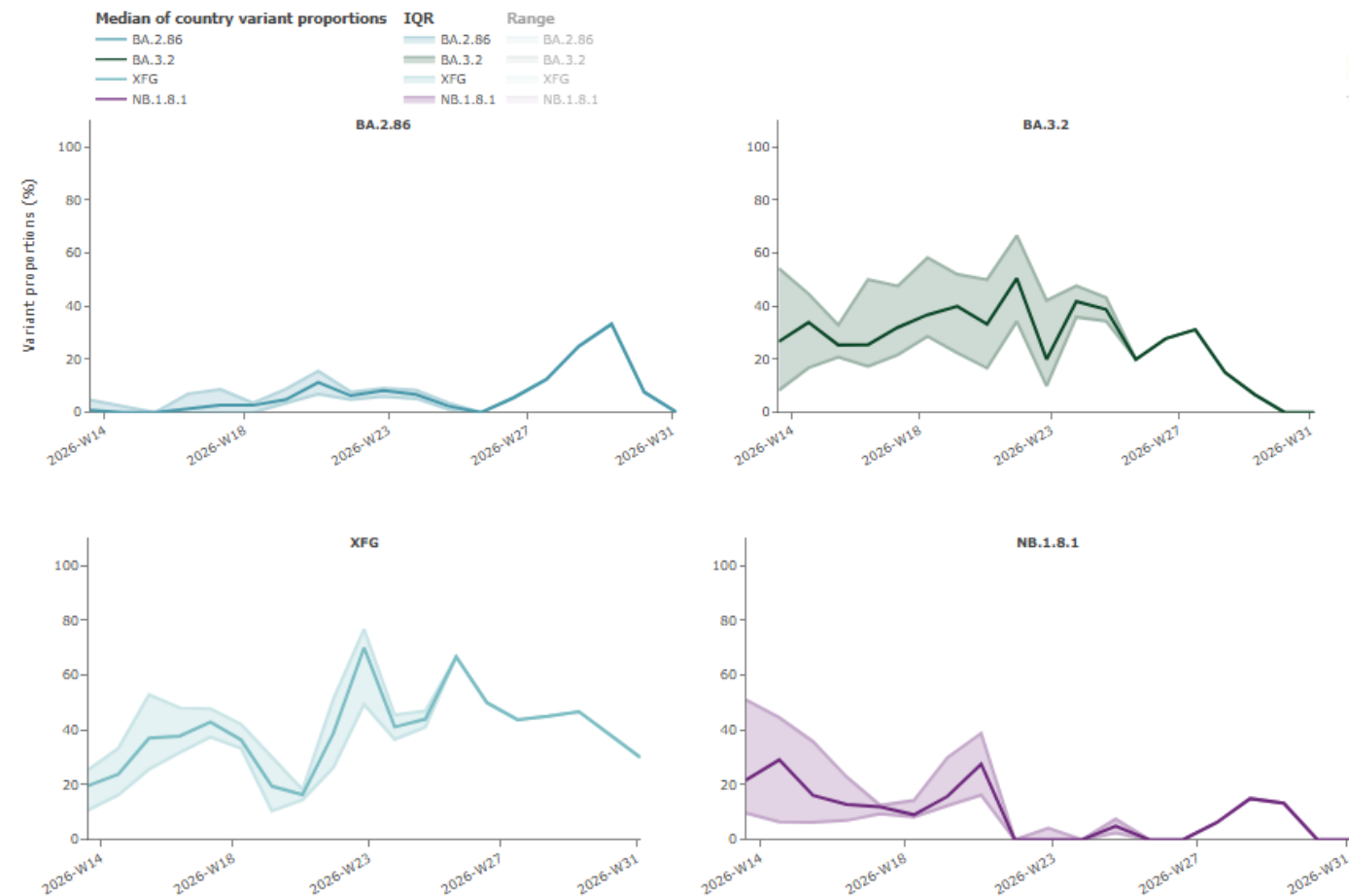
V segmentu **PA**, který je relevantní pro účinnost **Baloxaviru**, nebyly nalezeny žádné aminokyselinové změny spojené se sníženou citlivostí či rezistencí.

Zdroje:
World Health Organization. *PA amino acid substitutions associated with baloxavir susceptibility in influenza viruses: WHO reference table, updated 28 November 2025* [online]. Geneva: WHO, 2025 [cit. 2026-08-03]. Dostupné z: <https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/>
World Health Organization. *Summary of neuraminidase amino acid substitutions associated with reduced inhibition by neuraminidase inhibitors (NAI)* [online]. Geneva: WHO, 2026 [cit. 2026-08-03]. Dostupné z: <https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/>

Type/subtype Comments	Amino acid substitution ^a	N2 numbering ^b	Susceptibility assessed by NA inhibition assays (IC ₅₀ fold change) ^c				Source of viruses/ selection with ^d	References
			Oseltamivir	Zanamivir	Peramivir	Lanamivir		
Type A								
A(H1N1)pdm09	S110F	110	NI/RI (9.8–10.5)	RI (17–18)	?	?	Sur	(1, 2)
	I117R	117	NI (1)	RI (10)	?	?	Sur	(3)
	E119A	119	NI/RI (6.3–17)	RI (17–90)	NI/RI (7–12)	RI (82)	Sur; RG	(4–6)
	E119D	119	RI (25–94)	HRI (583–2731)	HRI (104–402)	HRI (649–702)	Clin/Zan; RG	(5, 7, 8)
	E119G	119	NI (1–7)	HRI (113–1306)	RI/HRI (51–167)	HRI (112–327)	RG; Clin/Zan	(5, 8–10)
	E119V	119	RI (60)	HRI (571)	RI (25)	?	RG	(9)
	Q136H	136	NI (1)	NI (1)	NI (1)	NI (1)	Sur	(107)
Cell culture- selected	Q136K	136	NI (0.5–1)	RI/HRI (86–749)	HRI (143)	RI (42–45)	Sur; RG; in vitro	(4, 6, 11, 12)
Cell culture- selected	Q136R	136	NI (1)	HRI (200)	HRI (234)	RI (33)	Sur	(13)
	R152K	152	RI (18–43)	NI/RI (4–12)	NI (4–7)	RI (16)	RG	(5, 8)
	D199E	198	RI (16–26)	NI (7–8)	NI (3)	NI (3)	Sur; RG	(8, 14)
	D199G	198	RI (17)	NI (6)	NI (2)	NI (2)	Sur; in vitro; RG	(4, 9)
	D199V	198	NI (2)	NI (1)	NI (1)	NI (1)	Sur	(107)
	D199Y	198	RI (37)	RI (28)	NI (4)	NI (7)	Clin/Sur	(15)
	I223K	222	RI (12–39)	NI (5–6)	NI (1–4)	NI (4)	Clin/Sur; RG	(14, 16, 17)
	I223L	222	RI (11)	NI (2)	NI (1)	NI (1)	Clin/Sur	(18)
	I223M	222	RI (12)	NI (2)	NI (2)	NI (1)	Clin/Sur	(18)
	I223R	222	RI (13–58)	NI/RI (8–12)	NI/RI (5–11)	NI (2–5)	Clin/No; Clin/Ose/Zan; RG; Clin/Sur	(14, 16, 18–22)
	I223T	222	NI/RI (9–15)	NI (3)	NI (2)	NI (2)	Clin/Sur	(6, 14)
	I223V	222	NI (3–6)	NI (1–2)	NI (1–2)	NI (1)	RG; Clin/Sur	(4, 9, 23)
	S247G	246	RI (11–15)	NI (1)	NI (1–1.3)	NI (1–1.1)	Clin/Sur	(6, 14)
	S247N	246	NI (2.7–8)	NI (2–5)	NI (1–3)	NI (3)	Clin/Sur	(23–25)
	S247R	246	RI (36–37)	RI (51–54)	RI/HRI (94–115)	RI/HRI (90–122)	Clin/No	(3)
	H275Y	274	HRI (221–2846)	NI (0.5–6)	RI/HRI (50–751)	NI (0.8–4.9)	Clin/Ose; Clin/Sur; in vitro	(6, 26–35)
	R293K	292	RI (33)	NI (4)	NI (8)	?	RG	(5)
	N295S	294	RI/HRI (64–208)	NI (2–9)	NI/RI (3–12)	NI (3)	RG	(4, 5, 9, 13)

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

Objem sekvenace v 30. a 31. týdnu 2026



Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W30 to 2026-W31



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W30 to 2026-W31



Countries not visible in the main map extent





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 14. 8. 2026

Variants of Interest (VOI)

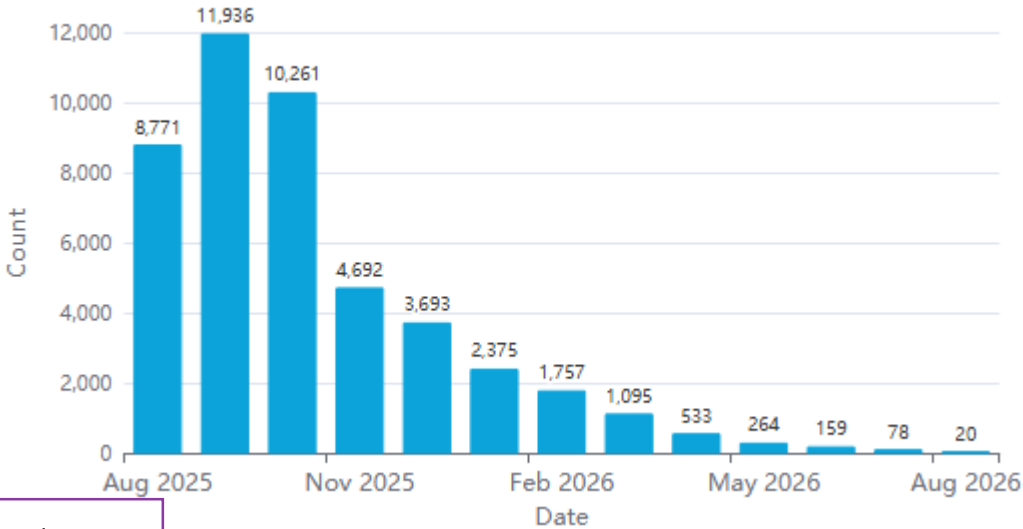
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	BA.2.86	n/a	I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, 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

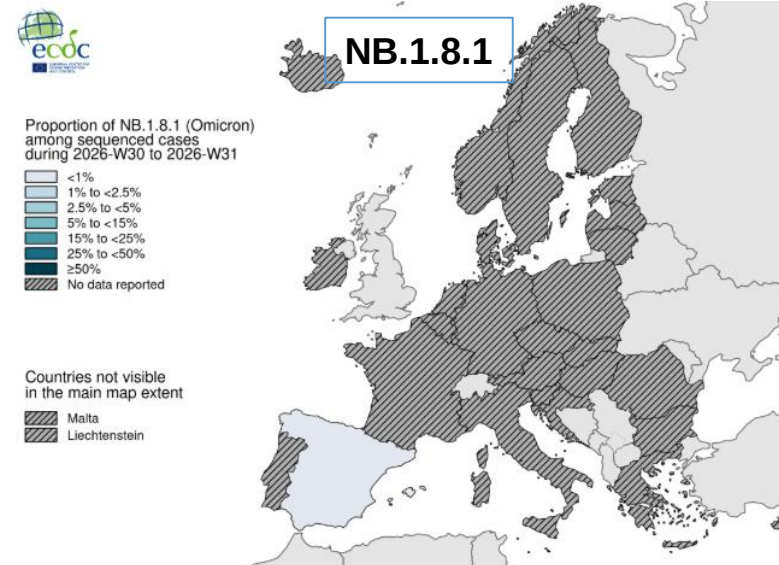
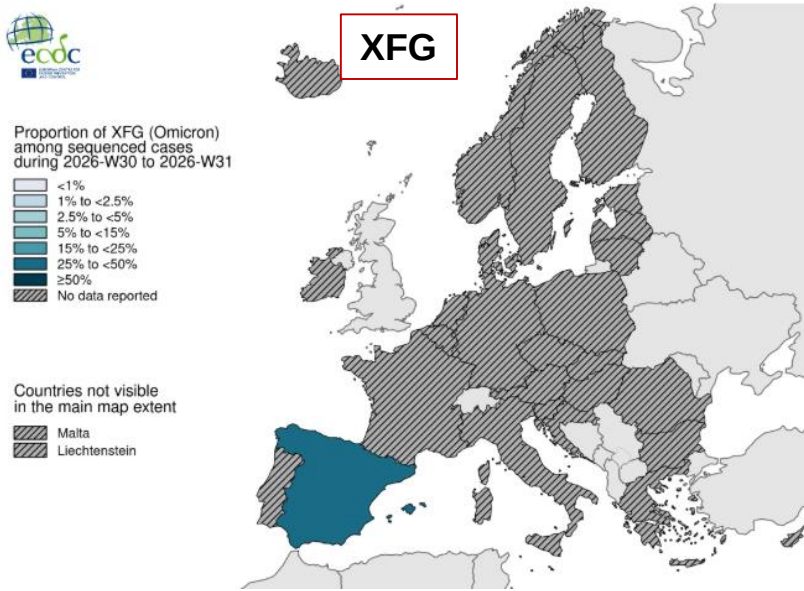
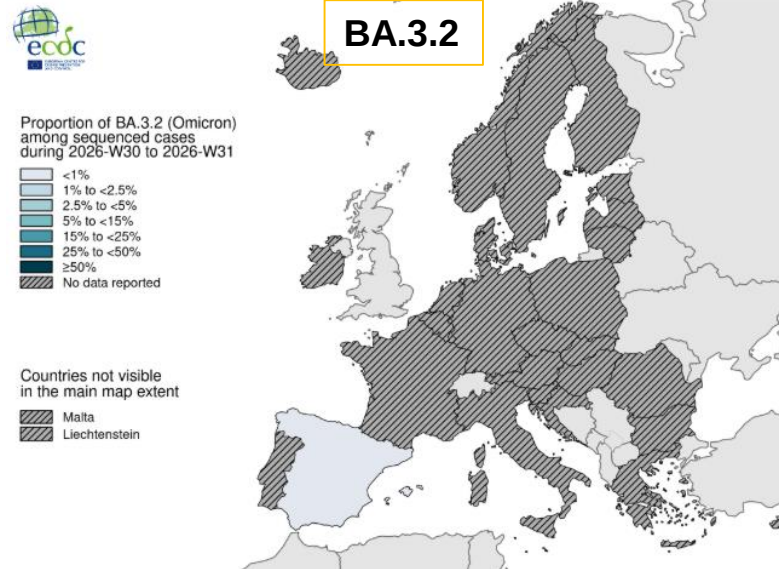
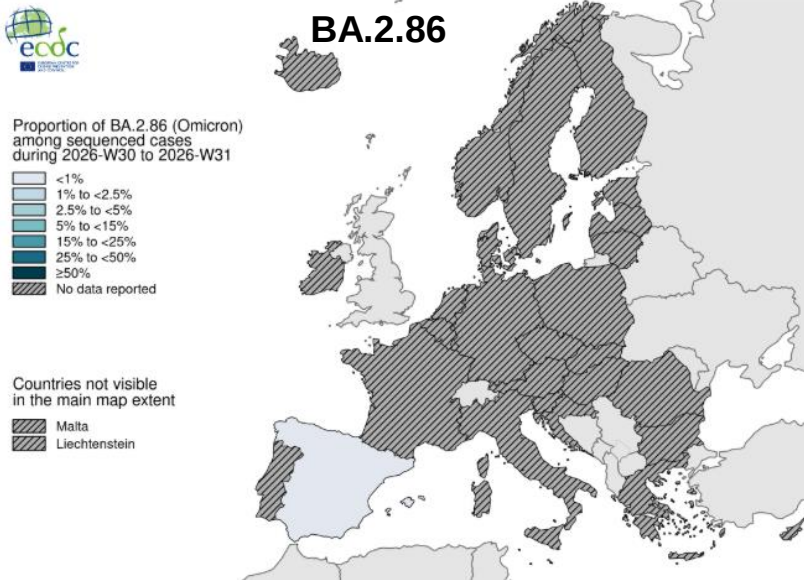
Odvozeny od BA.2.86

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 30. týdnu - 31. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



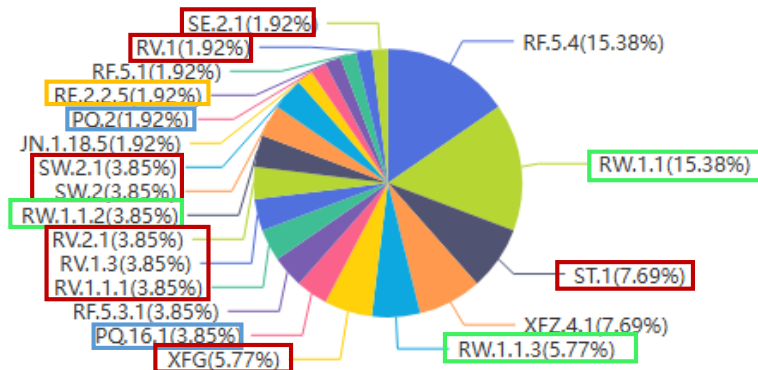
Detekce variant závisí na sekvenční aktivitě země – lze předpokládat, že španělská data budou odpovídat i cirkulaci v celé Evropě.



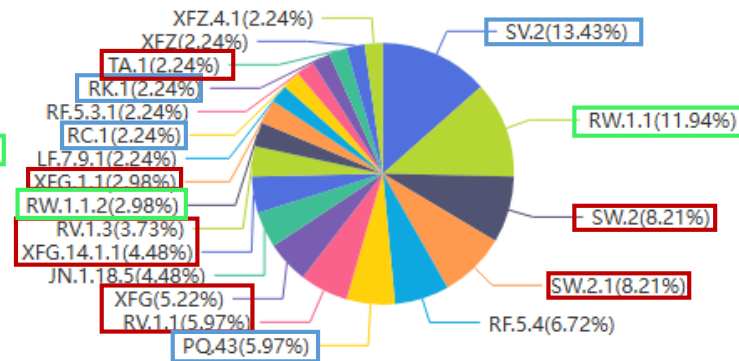
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 17. 8. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	59	196	276

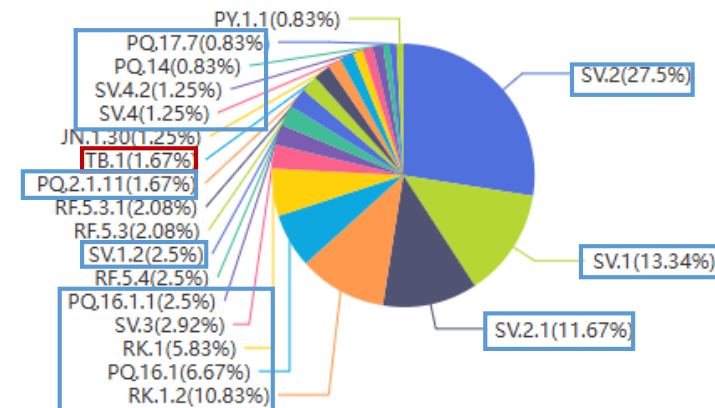
Evropa 17. 7. - 17. 8. 2026



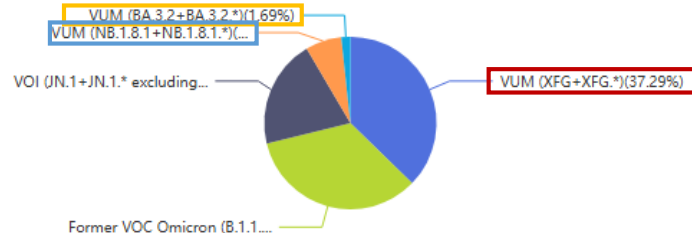
Severní Amerika 17. 7. – 17. 8. 2026



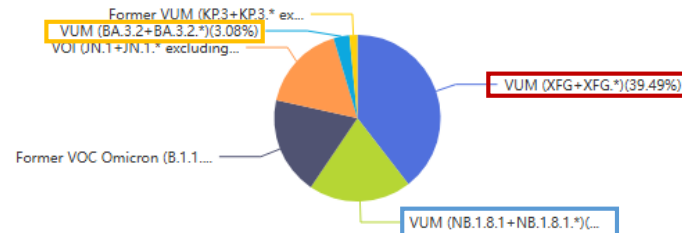
Asie 17. 7. - 17. 8. 2026



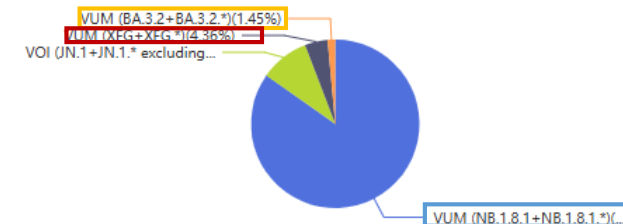
Evropa 17. 7. - 17. 8. 2026 (VUM)



Severní Amerika 17. 7. - 17. 8. 2026 (VUM)



Asie 17. 7. - 17. 8. 2026 (VUM)



- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)
- RW.1.1

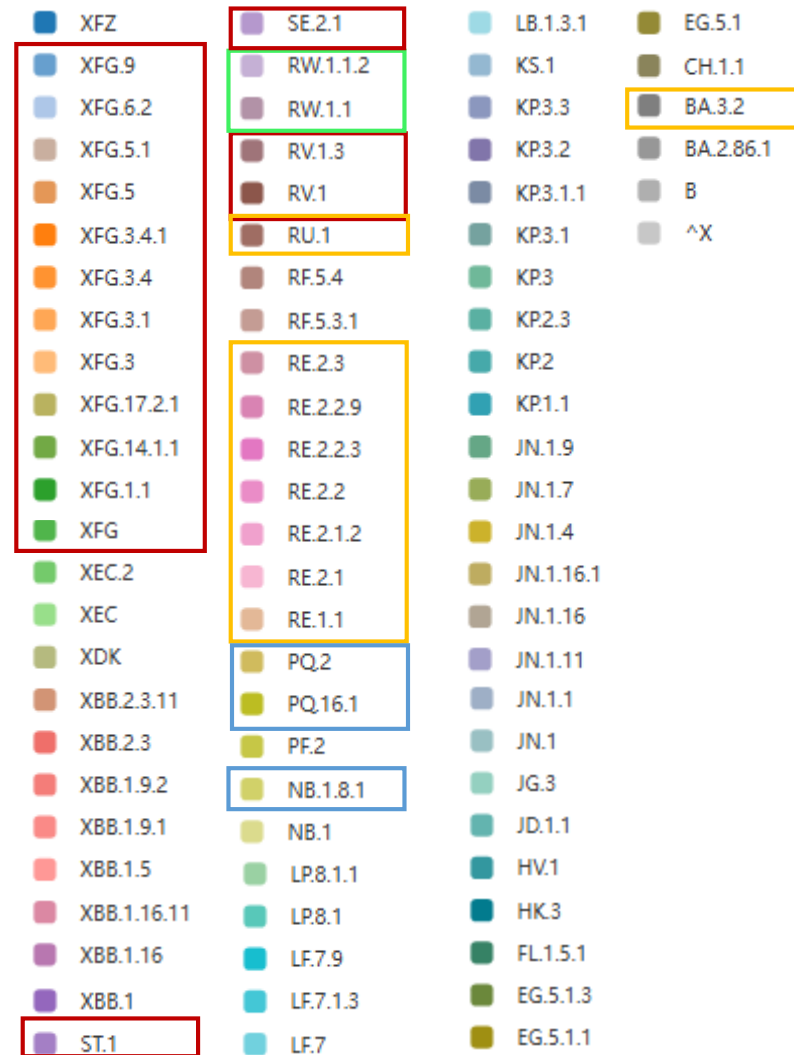
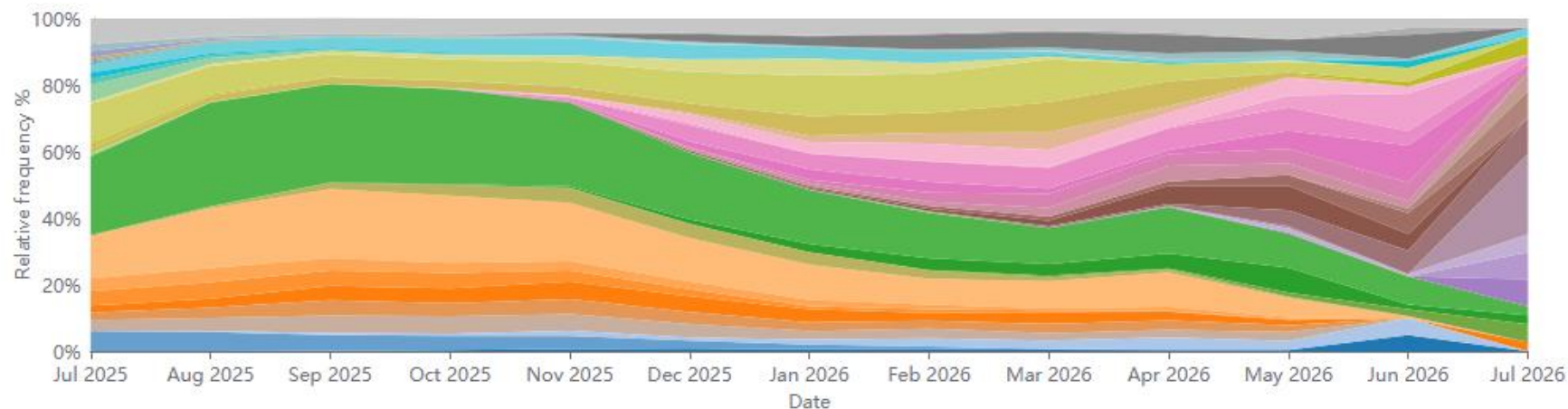
V Evropě a Severní Americe u sledovaných variant převládá linie XFG.x (Stratus), v Asii stále převládá NB.1.8.1.x. V Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenčních datech objevovat varianta RW.1.1 (značíme zeleně). V Asijském regionu dominuje varianta PQ.16.1.1 a její potomci SV.x (tyto varianty jsou odvozeny od NB.1.8.1.).
Varianty odvozeny od BA.2.86.



Zdroj: GISAID. EpiCoV™ Database: SARS-CoV-2 genome sequences [online]. München: GISAID, 2008. Dostupné z: <https://www.gisaid.org/>

Výsledky sekvenace SARS-CoV-2 v Evropě, srpen 2025 - srpen 2026

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



V Evropském regionu bylo za posledním měsíc osekvenováno 59 vzorků SARS-CoV-2, mezi nimiž převládá varianta XFG (Stratus). V Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenačních datech hojně objevovat varianta RW.1.1 a zdá se, že linie BA.3.2 (Cikáda) je naopak celosvětově na ústupu.

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

Sekvenace SARS-CoV-2 začnou probíhat až se naakumuluje dostatek vzorků pro naplnění kapacity sekvenátoru, Proto prosím všechna spolupracující pracoviště o poskytnutí pozitivních vzorků SARS-CoV-2 s CT pod 30.

Linie RW.1.1 a PJ.2.1

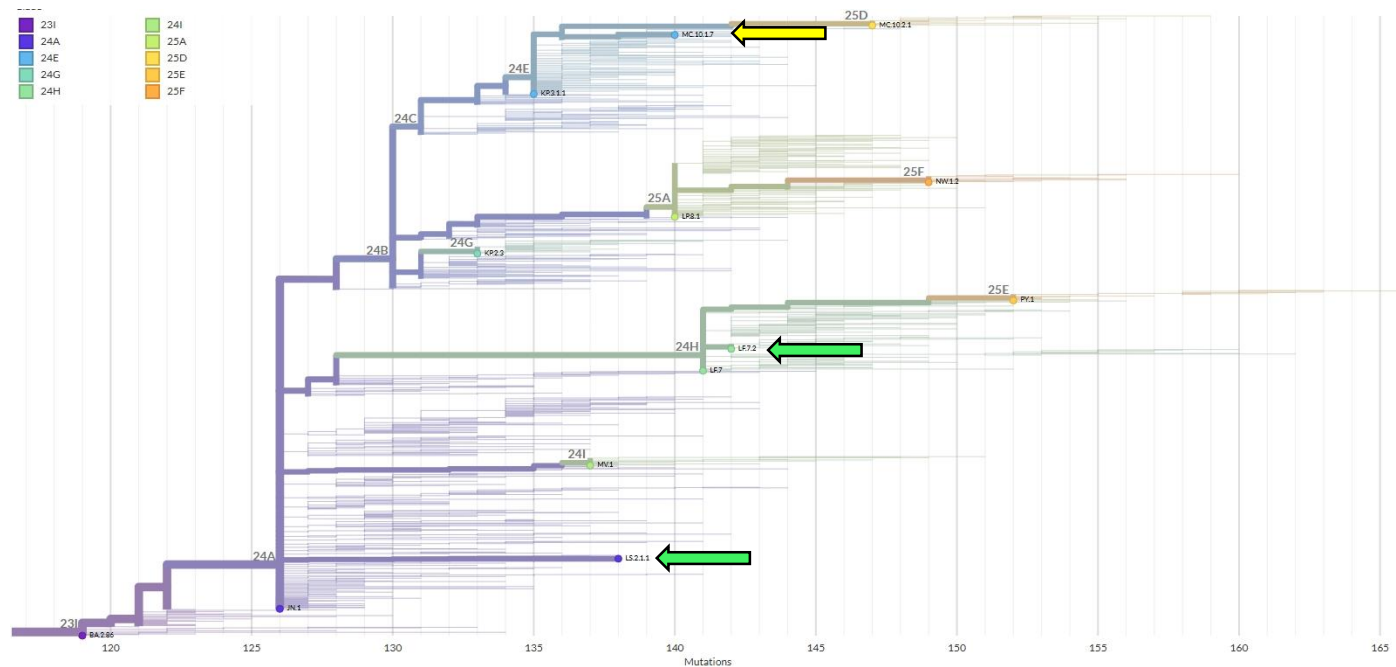
RW.1.1

Varianta RW.1.1 spadá do rekombinantní linie XFJ, která vznikla rekombinací linií LS.2.1.1 a LF.7.2 (obě odvozené od JN.1, pancestor BA.2.86) a byla popsána v dubnu minulého roku. Samotná linie RW.1.1 byla formálně popsána v březnu 2026 a od té doby je nalézána hlavně ve Střední a Severní Americe. Konvergentně získala mutaci S:A435S, která je charakteristická také pro varianty NB.1.8.1 a BA.3.2 a může přispívat ke zvýšenému imunitnímu úniku této linie. Variantu RW.1.1 považujeme zajímavou, ačkoliv (zatím) není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, začínáme ji ve zprávách pro přehlednost značit **zeleně**.

PJ.2.1

Varianta PJ.2.1 je odvozena od MC.10.1.7, jež také spadá do větve JN.1 (KP.3.1.1), respektive **BA.2.86**. První sekvence této varianty byla nalezena v srpnu minulého roku a dále se sporadicky objevovala během letošní zimy v Ontariu v Kanadě. Tamtéž začala být opětovně nalézána v červnu letošního roku a následně se začala objevovat v sekvencích odpadních vod na různých místech USA včetně New Yorku.

Tato varianta se řadí pravděpodobně ke kryptickým, tedy se vyvíjela v chronicky nemocném pacientovi a nese známky saltatorní (skokové) evoluce. Obsahuje velké množství mutací, z nichž některé jsou typické pro sekvence z chronicky nemocných pacientů.



Fylogenetický strom větve BA.2.86. Zelenými šipkami jsou vyznačeny linie, jejichž rekombinací vznikla XFJ, jež se následně vyvinula v RW.1.1. Žlutá šipka ukazuje na linii MC.10.1.7, z níž se skokovou evolucí vyvinula PJ.2.1.

Zdroje:

https://nextstrain.org/nextclade/nextstrain/sars-cov-2/wuhan-hu-1/orfs?f=Nextclade_pango=BA.2.86,JN.1,KP.2.3,KP.3.1.1,LF.7,LF.7.2,LP.8.1,LS.2.1.1,MC.10.2.1,MV.1,NW.1.2,PY.1,MC.10.1.7&label=clade:23I
https://www.reddit.com/r/ZeroCovidCommunity/comments/1vosqyg/sarscov2_variants_global/
https://www.reddit.com/r/ZeroCovidCommunity/comments/1vcj4u0/sarscov2_variants_global/
<https://github.com/sars-cov-2-variants/lineage-proposals/issues/3235>
<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/3237>

Dobrý den, vážení čtenáři,
Zavedli jsme novou rubriku vtip pro kalendářní týden, která má za cíl zpříjemnit čtení našich pravidelných týdenních zpráv a zároveň podpořit jejich dosah. Pro vás, kteří nás sledujete dlouhodobě, chceme doplnit seriózní odborné informace o jeden korektní, tematický vtip z oblasti epidemiologie, virologie či příbuzných oborů. Budeme rádi, pokud se na této rubrice budete podílet. Pokud narazíte na tematicky vhodný, který by se hodil k publikaci v našich zprávách, budeme velmi rádi, když nám jej zašlete — buď přímo mně (lucie.mrazkova@szu.gov.cz), nebo kterémukoli z mých spoluautorů (jmeno.prijmeni@szu.gov.cz), do předmětu prosím uveďte vtip. Těšíme se na vaše podněty. S pozdravem a přáním pěkného dne tým NRL pro chřipku a nechřipková respirační onemocnění.



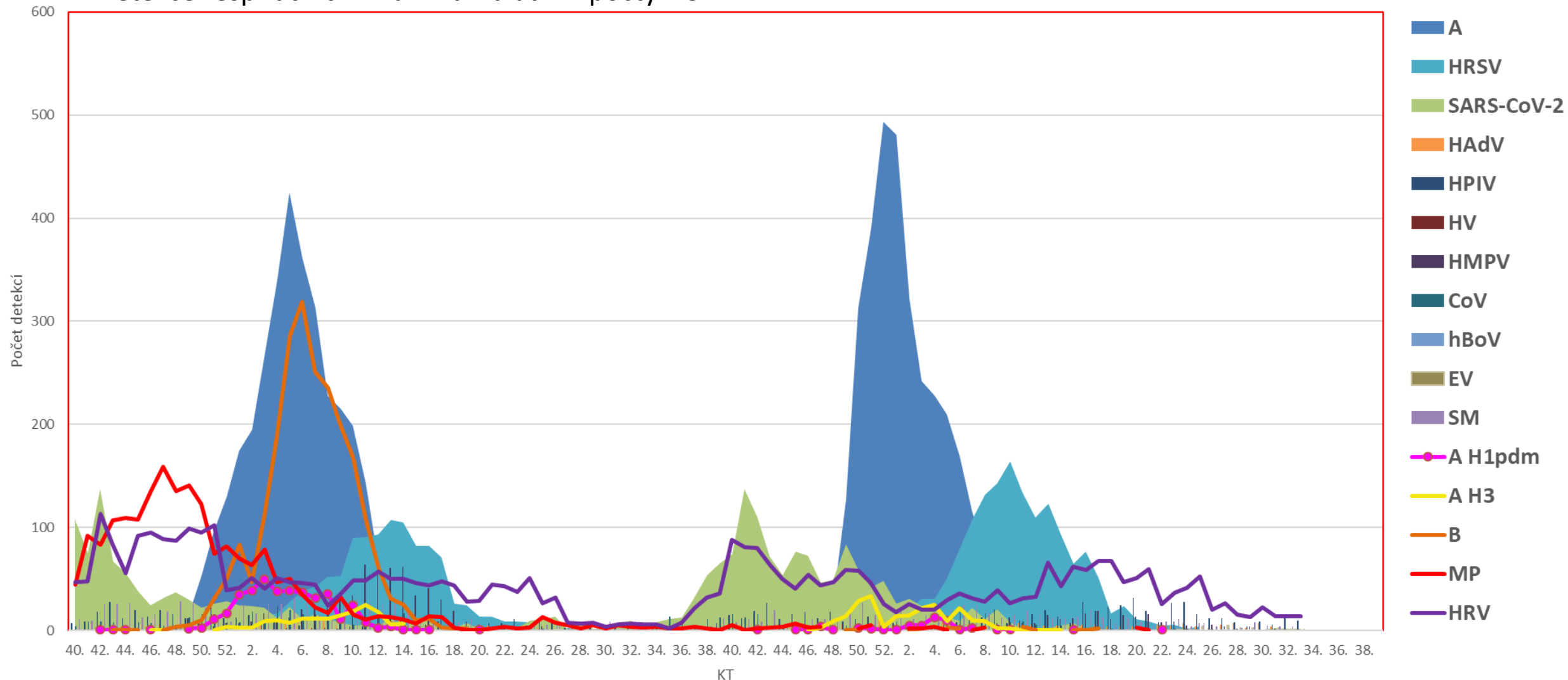
- I v létě cirkulují některé z respiračních virů.
- V posledním týdnech jsou sporadicky zachyceny viry chřipky A, detekce hlásí FN Motol.
- V rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy a SARS-CoV-2. S mírnou převahou cirkulují po celé léto viry parainfluenzy a rhinoviry
- Počty detekovaných respiračních virů odpovídají mimosezónnímu výskytu, s ohledem na nízké počty pozitivních záchytů nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů.

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		30.	podíl	31.	podíl	32.	podíl	33.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	1	2,1%	2	5,1%	1	2,7%	1	3,4%	3361
	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	7	14,6%	4	10,3%	1	2,7%	1	3,4%	241
	HPIV	9	18,8%	6	15,4%	13	35,1%	10	34,5%	638
	HV		0,0%		0,0%	1	2,7%		0,0%	38
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV	1	2,1%	2	5,1%		0,0%		0,0%	238
	CoV	1	2,1%	1	2,6%		0,0%		0,0%	249
	HRV	23	47,9%	14	35,9%	14	37,8%	14	48,3%	1977
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV		0,0%	3	7,7%	1	2,7%	1	3,4%	56
	SARS-CoV-2	1	2,1%	3	7,7%	2	5,4%	2	6,9%	1321
	SM	5	10,4%	4	10,3%	4	10,8%		0,0%	554
	pozitivní	48	12,3%	39	10,5%	37	10,2%	29	8,8%	10642
	negativní	341		332		326		299		40483
Celkový počet vyšetření:		389		371		363		328		51125

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 32. 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

Event data

Data updated 16/08/2026 1600 AEST
Published 17/08/2026



239

*Positive events

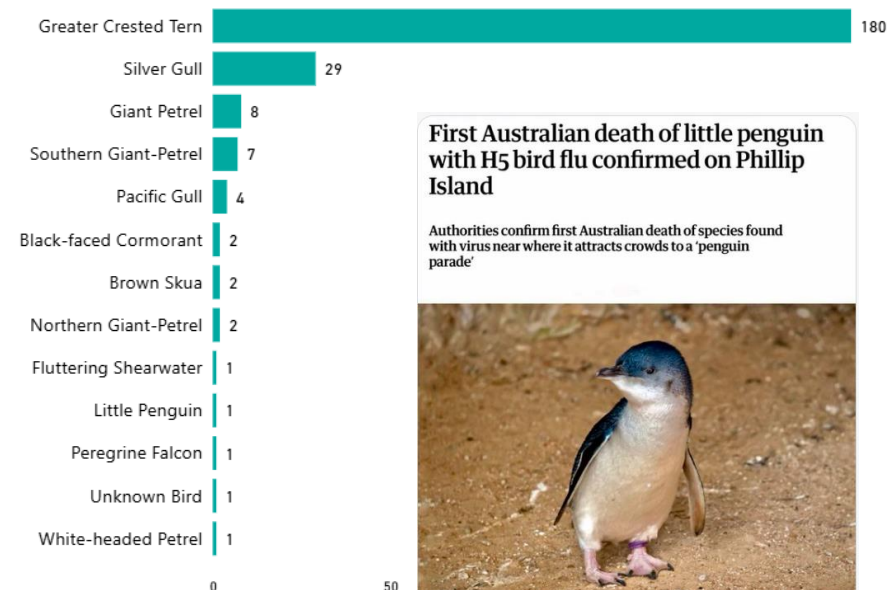


21,265

Hotline reports

As of **4pm AEST, 16 August 2026**, Australia has 239 confirmed events of H5 bird flu in wild birds.

- **10** in Western Australia (WA)
- **169** in South Australia (SA)
- **4** in New South Wales (NSW)
- **1** in Queensland (QLD)
- **53** in Victoria (VIC)
- **2** in Tasmania (TAS)



First Australian death of little penguin with H5 bird flu confirmed on Phillip Island

Authorities confirm first Australian death of species found with virus near where it attracts crowds to a 'penguin parade'



As H5 bird flu is confirmed in more locations and species in Australia it will not be necessary to continue testing all species in known areas of transmission, or to test every bird involved in an investigation. Reporting will be targeted to provide a clear picture of the national H5 bird flu situation in wildlife in Australia and key developments.

Přes snahu o co nejčasnější vakcinaci tučňáků nejmenších (*Eudyptula minor*) byly nalezeny uhynulé kusy na ostrově státu Victoria (Phillip Island).

Zdroje: https://www.agriculture.gov.au/campaigns/birdflu/latest-data#event_data
<https://www.theguardian.com/world/2026/aug/15/little-penguin-found-dead-with-h5-bird-flu-on-victorias-phillip-island>



From abc.net.au

EU/EHP 32. 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 ČR cirkulují celé léto rhinoviry a viry parainfluenzy, sporadicky detekujeme SARS-CoV-2 a chřipku typu A (pouze v nonsentinel surveillance – FN Motol).
- Většinově cirkulují varianty odvozené pro BA.2.86, varianty odvozené od BA.3.2 (cikáda) jsou detekovány minoritně.
- Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 33. KT

- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně a současně neumožňuje aktualizaci dat s vyšší výpovědní hodnotou.
- V posledních týdnech opakovaně sporadicky detekujeme viry chřipky A v nonsentinel surveillance.
- V rámci sentinel a nonsentinel surveillance respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy a SARS-CoV-2. Počty detekovaných respiračních virů odpovídají mimosezónnímu výskytu, s ohledem na nízké počty pozitivních záchytů nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů.
- **Ptačí chřipka H5N1:**
- USA a Kanada zvažují vakcinaci drůbeže, USA vytvářejí strategické zásoby veterinární i humánní vakcíny. Austrálie vakcinuje ohrožené volně žijící ptáky a ptáky chované v zajetí. Přes rychlé zahájení vakcinace, se začaly objevovat úhyny tučňáka nejmenšího na Filipově ostrově (Viktorie).

Epidemiologická surveillance ČR

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