



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 24/8/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Mgr. Jan Náhlovský, Alena Janypková, MUDr. Radomíra Limberková, RNDr. Helena Jiřincová

EU/EHP 33. KT

Aktivita respiračních virů ve většině zemí zůstává na mezisezónní úrovni, přičemž ve všech věkových skupinách byla hlášena nízká míra detekce a hospitalizací. V několika zemích začíná pomalu růst počet případů chřipky a SARS-CoV-2 u pacientů nad 65 let.

V sekvenačních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky (za poslední měsíc 295 sekvencí) 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 222 sekvencí nahraných v GISAID), narozdíl 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).

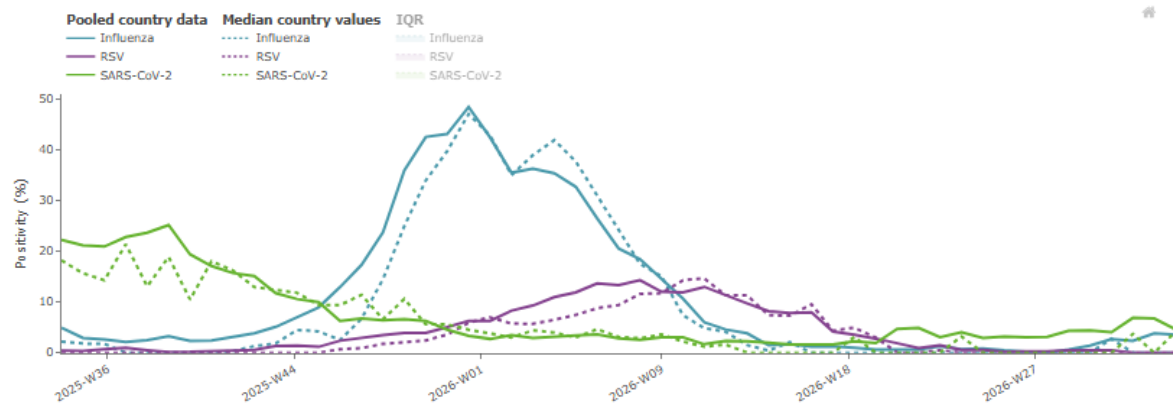
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 34. KT 2026

a)

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

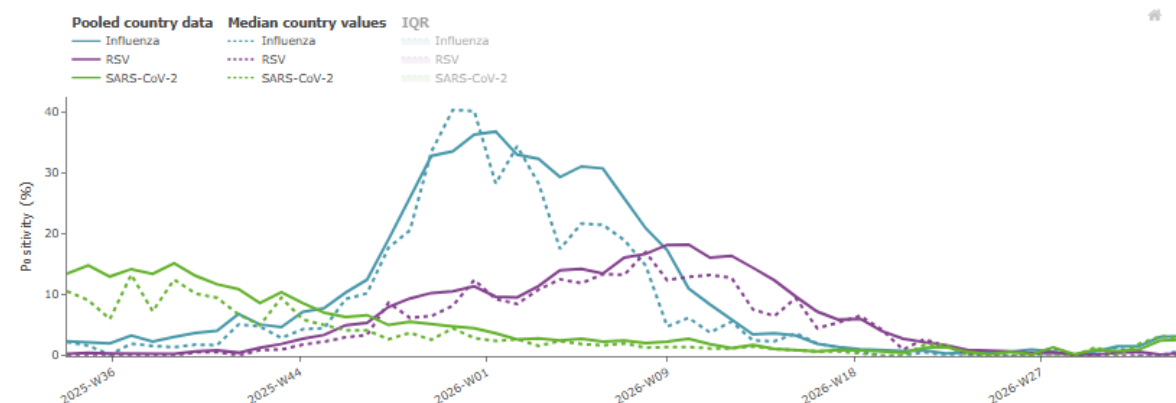
Figure Table



b)

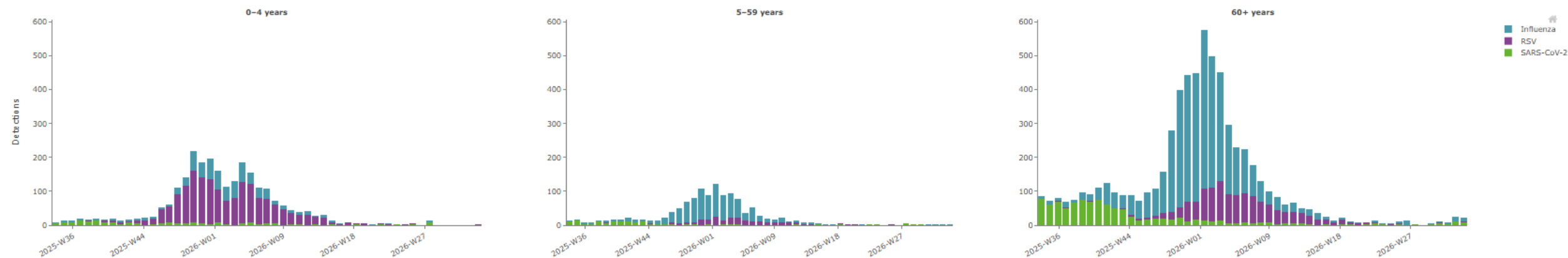
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

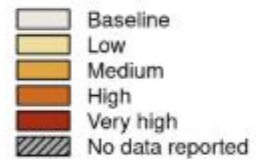
Weekly detections by age



Intensity of influenza activity 2026-W33



Intensity of influenza activity 2026-W33



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 (Tamiflu), tedy prakticky jedinému antivirotiku proti chřipce, které je běžně dostupné v ČR.

V segmentu **PA**, který je relevantní pro účinnost **baloxavir/marboxilu** (**Xofluza** - **cap dependentní endonukleáza**), nebyly nalezeny žádné aminokyselinové změny spojené se sníženou citlivostí či rezistencí. Tento lék v ČR není registrován.

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 32. a 33. týdnu 2026



Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W31 to 2026-W32



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W31 to 2026-W32



Countries not visible in the main map extent





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 24. 8. 2026

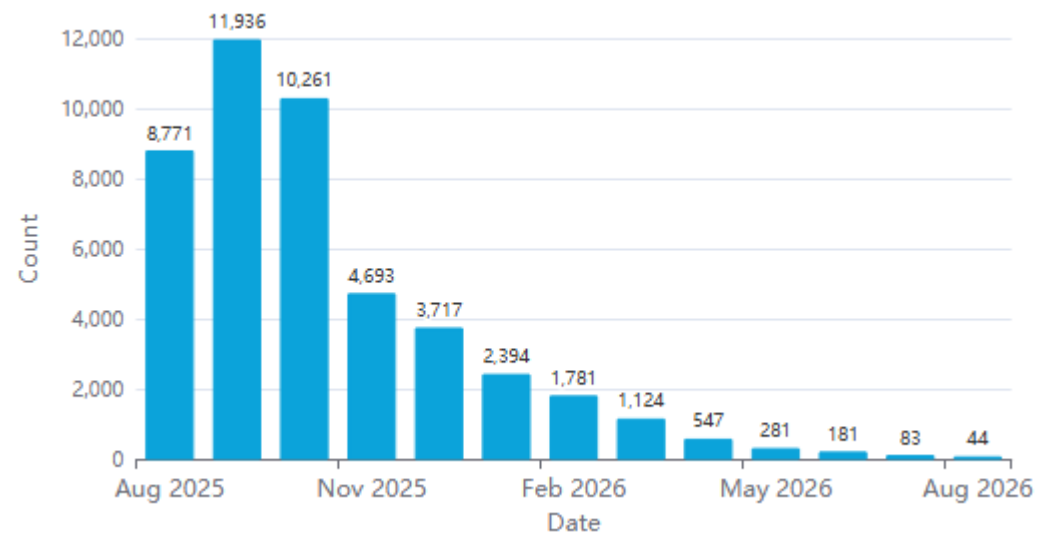
Variants of Interest (VOI)

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

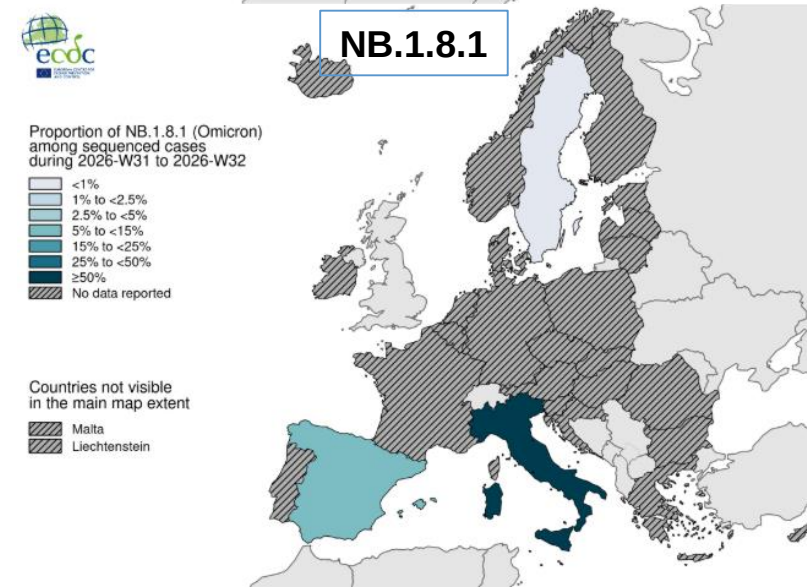
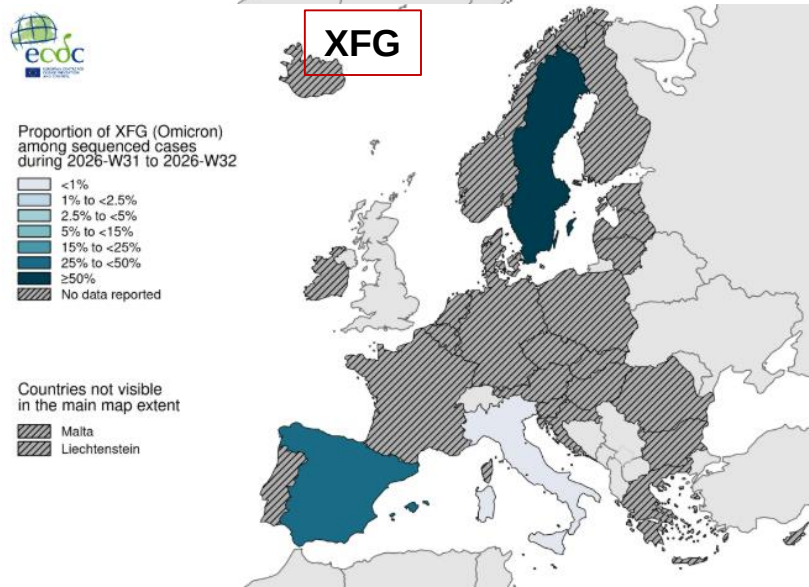
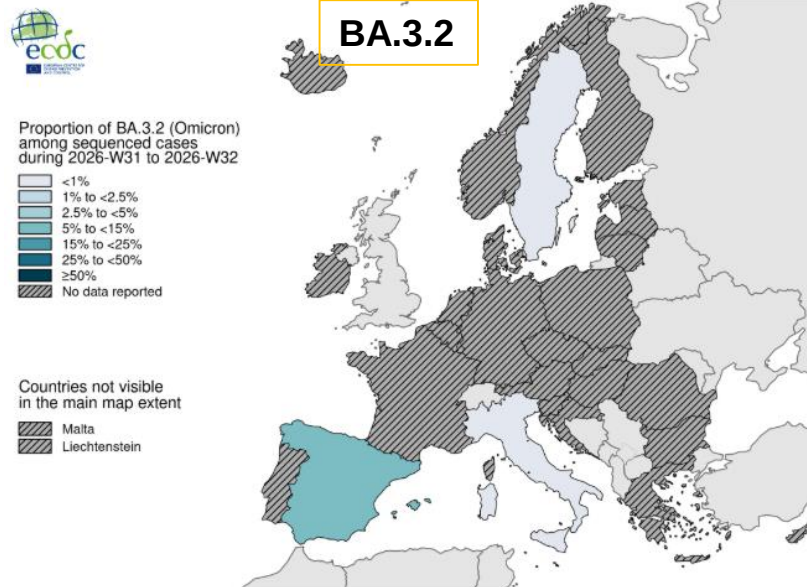
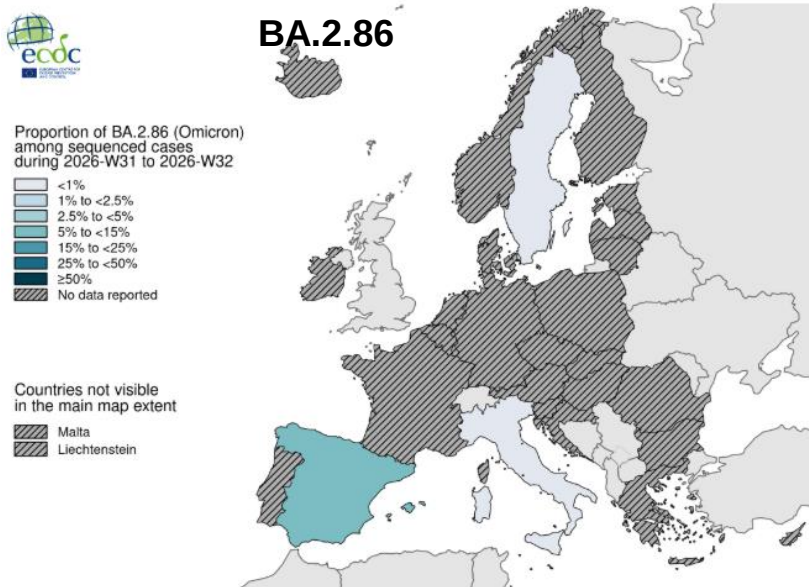
Variants under monitoring

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

Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



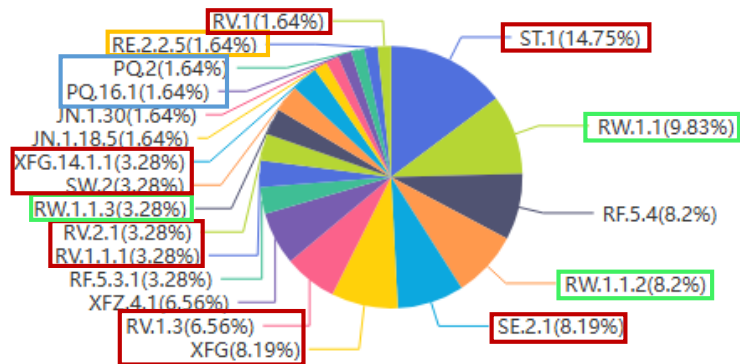
Distribuce sledovaných variant v Evropě v 29. týdnu - 30. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



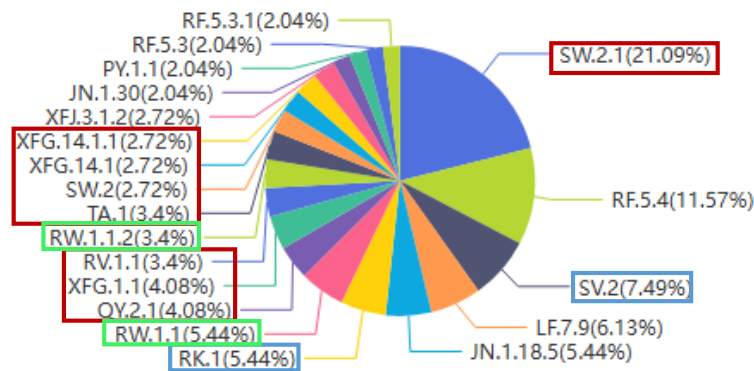
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 24. 8. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	67	228	222

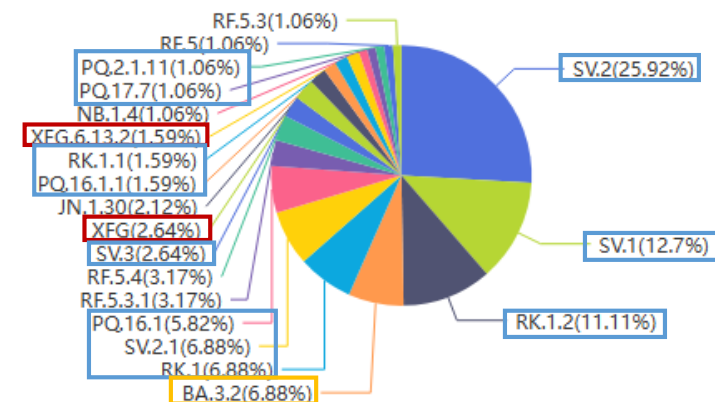
Evropa 24. 7. - 24. 8. 2026



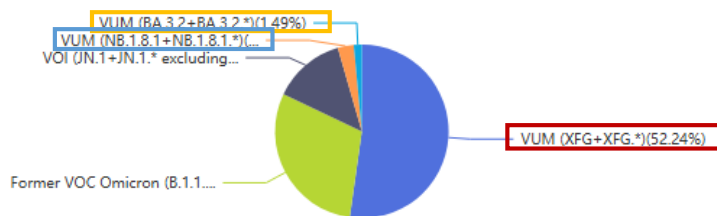
Severní Amerika 24. 7. – 24. 8. 2026



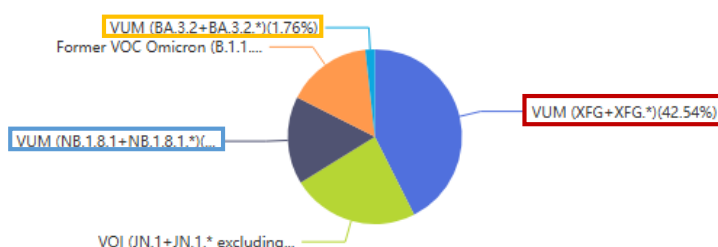
Asie 24. 7. - 24. 8. 2026



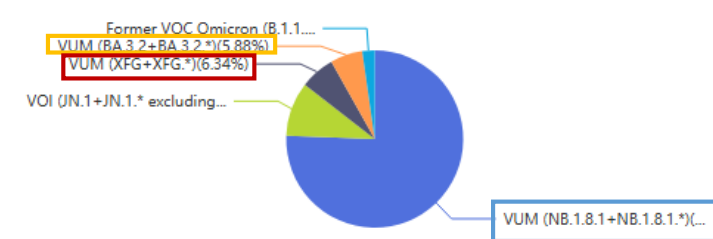
Evropa 24. 7. - 24. 8. 2026 (VUM)



Severní Amerika 24. 7. - 24. 8. 2026 (VUM)



Asie 24. 7. - 24. 8. 2026 (VUM)

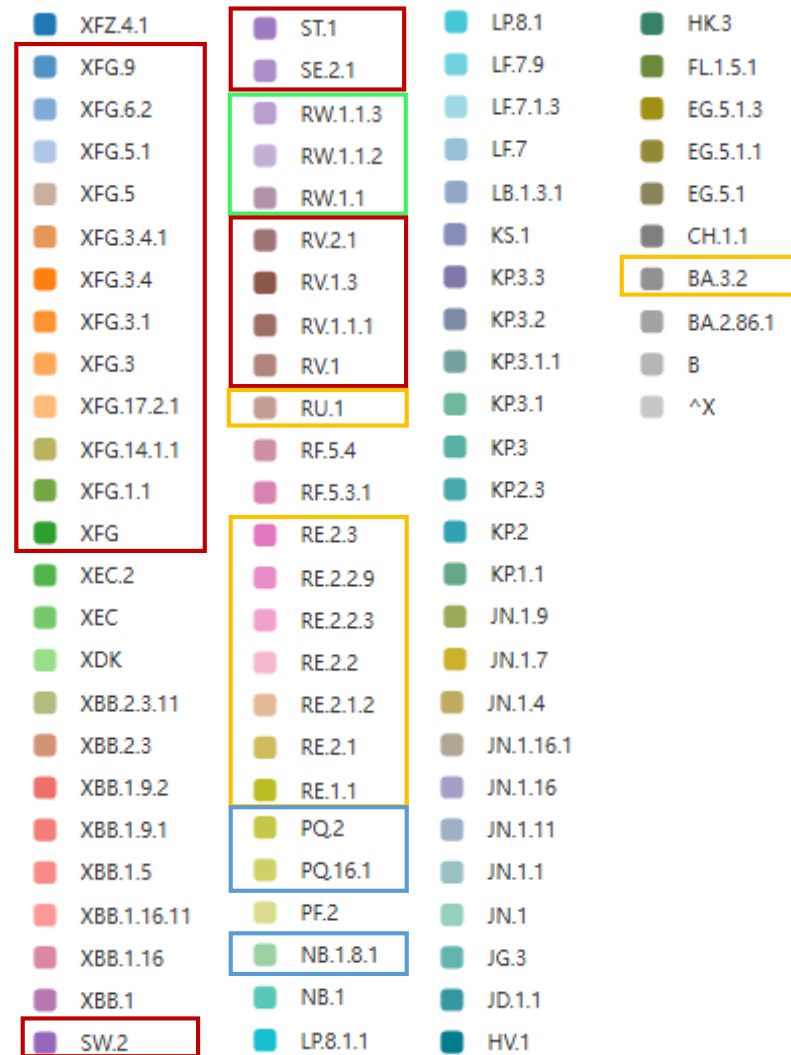
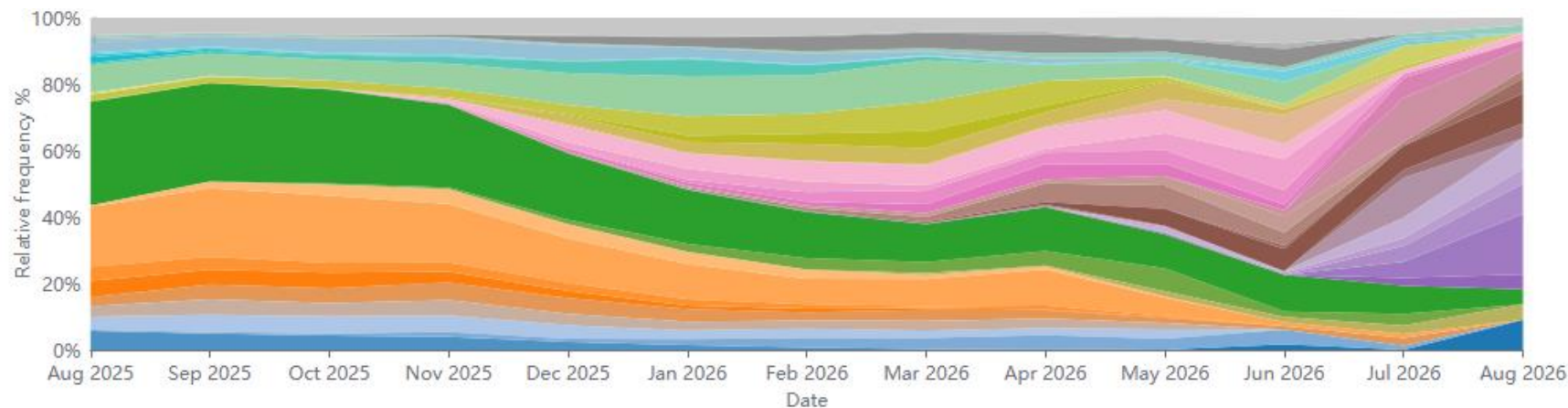


- BA.3.2.x (Cikáda)
- NB.1.8.1.x (Nimbus)
- XFG.x (Stratus)
- RW.1.1

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.).

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 67 vzorků SARS-CoV-2, převládá varianta XFG (Stratus). V Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenačních datech hojně objevovat varianta RW.1.1. Tato varianta je potomkem rekombinantní linie XFJ, která vznikla rekombinací linií LS.2.1.1 a LF.7.2. Variantu RW.1.1 považujeme zajímavou, ačkoliv není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, začínáme ji ve zprávách pro přehlednost značit zeleně.

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 C_T 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, ancestor 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 především ve Střední a Severní Americe.

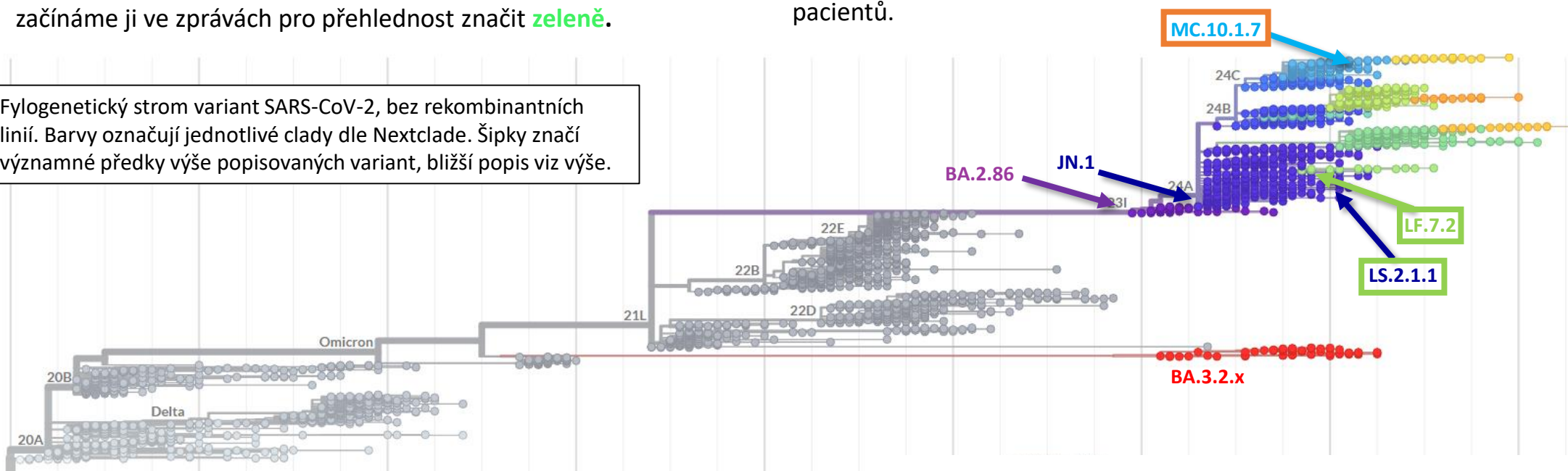
Konvergentně získala mutaci S:A435S, která je charakteristická také pro varianty NB.1.8.1 a BA.3.2 a může přispívat ke zvýšenému imunitnímu úniku této linie. Variantu RW.1.1 považujeme zajímavou, ačkoliv (zatím) není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, začínáme ji ve zprávách pro přehlednost značit **zeleně**.

PJ.2.1

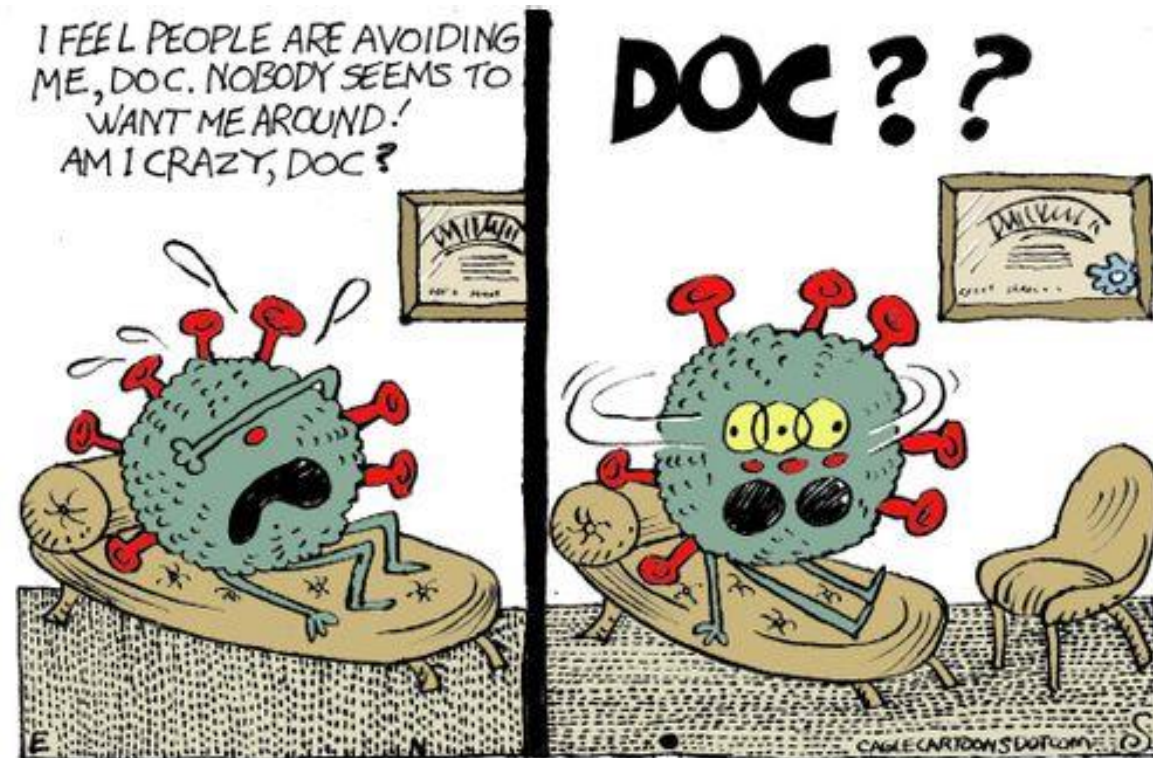
Varianta PJ.2.1 je odvozena od MC.10.1.7, jež také spadá do větve JN.1 (KP.3.1.1), a má stejnou ancestrální linii **BA.2.86**. První sekvence této varianty byla nalezena v srpnu minulého roku a dále se sporadicky objevovala během letošní zimy v Ontariu v Kanadě. Tamtéž začala být opětovně nalézána v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

Tato varianta se řadí ke kryptickým, tedy se pravděpodobně 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 variant SARS-CoV-2, bez rekombinantních linií. Barvy označují jednotlivé clady dle Nextclade. Šipky značí významné předky výše popisovaných variant, bližší popis viz výše.



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.



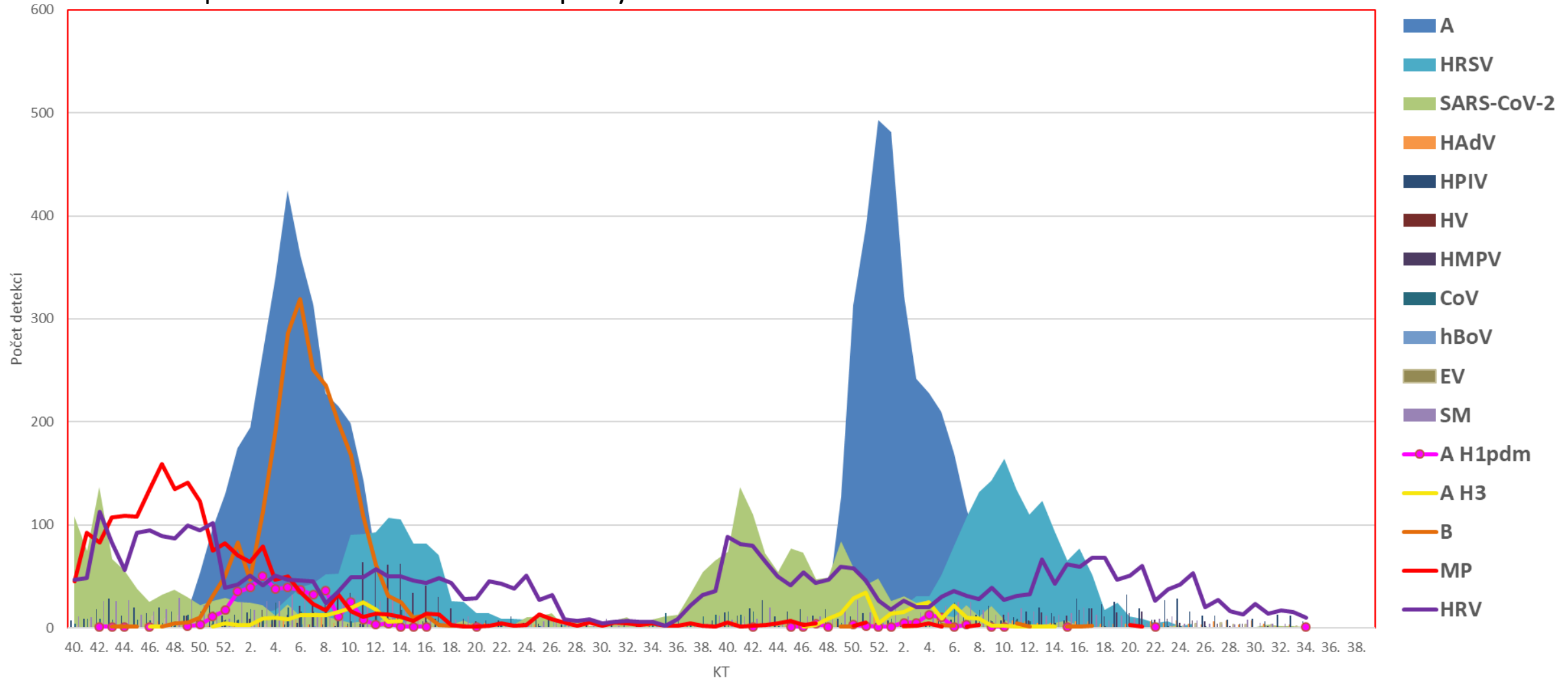
- I v létě cirkulují některé z respiračních virů.
- V posledních 6 týdnech byly sporadicky zachyceny viry chřipky A. Vždy v nonsentinel surveillance, 34. KT byl prvním týdnem, kdy byla potvrzena chřipka A/H1N1pdm v sentinel surveillance. Výsledky subtypizace non-sentinelových detekcí zatím nejsou z technických důvodů k dispozici.
- V rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy, adenoviry 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.

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		31.	podíl	32.	podíl	33.	podíl	34.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	2	5,1%	1	2,4%	1	2,8%	1	4,2%	3361
	A H ₁ pdm		0,0%		0,0%		0,0%	1	4,2%	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	4	10,3%	2	4,9%	3	8,3%	2	8,3%	241
	HPIV	6	15,4%	13	31,7%	12	33,3%	6	25,0%	638
	HV		0,0%	1	2,4%		0,0%		0,0%	38
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV	2	5,1%		0,0%		0,0%		0,0%	238
	CoV	1	2,6%		0,0%	1	2,8%		0,0%	249
	HRV	14	35,9%	17	41,5%	15	41,7%	10	41,7%	1977
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV	3	7,7%	1	2,4%	2	5,6%	1	4,2%	56
	SARS-CoV-2	3	7,7%	2	4,9%	2	5,6%	1	4,2%	1321
	SM	4	10,3%	4	9,8%		0,0%	2	8,3%	554
	pozitivní	39	10,5%	41	10,2%	36	9,5%	24	7,9%	10642
	negativní	332		361		344		281		40483
Celkový počet vyšetření:		371		402		380		305		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



309

*Positive events



26,231

Hotline reports

As of **4pm AEST, 23 August 2026**, Australia has 309 positive events of H5 bird flu in wildlife.

- **10** in Western Australia (WA)
- **194** in South Australia (SA)
- **11** in New South Wales (NSW)
- **1** in Queensland (QLD)
- **86** in Victoria (VIC)
- **7** in Tasmania (TAS)

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 animal 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.



Dne 23. srpna 2026 potvrdily australské úřady první případ vysoce patogenní ptačí chřipky H5N1 (HPAI) u lachtana novozélandského (*Arctocephalus forsteri*), který byl nalezen mrtvý bez viditelných zranění poblíž Beachportu v Jižní Austrálii, přibližně 310 km jižně od Adelaide. Federální ministr zemědělství uvedl, že úmrtí lachtana zřejmě nesouvisí s jinými nemocnými nebo uhynulými mořskými savci a že nakažené zvíře bylo součástí populace odhadované na přibližně 100 000 lachtanů ve vodách Jižní Austrálie. Ptačí chřipka zatím nebyla potvrzena v chovech drůbeže ani u hospodářsky významných savců. Riziko pro člověka je stále nízké.

Zdroj: <https://www.agriculture.gov.au/>



Australian Government

EU/EHP 33. KT

- Aktivita respiračních virů ve většině zemí zůstává na mezisezónní úrovni, přičemž ve všech věkových skupinách byla hlášena nízká míra detekce a hospitalizací. V několika zemích začíná pomalu růst počet případů chřipky a SARS-CoV-2 u pacientů na 65 let.
- V sekvenačních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky (za poslední měsíc 295 sekvencí) 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. Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 34. KT

- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně a současně neumožňuje aktualizaci dat s vyšší výpovědní hodnotou.
- V posledních 6 týdnech opakovaně sporadicky detekujeme viry chřipky A v nonsentinel surveillance, ve 34. KT byla potvrzena detekce viru chřipky A/H1N1pdm v sentinel surveillance.
- V rámci sentinel a nonsentinel surveillance respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy, ADV 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 A/H5N2 2.3.4.4b

- V Austrálii byl poprvé potvrzen úhyn lachtana (*Arctocephalus forsteri*) na ptačí chřipku, jedná se zatím o jednoho jedince z cca 100 000ové populace na jižním pobřeží.

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.