



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 31/8/2026

NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění

Ing. Lucie Mrázková, Ph.D., Mgr. Jan Náhlavský, Alena Janypková, MUDr. Radomíra Limberková, RNDr. Helena Jiřincová

EU/EHP 34. 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 v primární i sekundární péči, zvýšená míra hospitalizace pro covid-19 je hlášena u pacientů nad 65 let.

V sekvenačních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky (za poslední měsíc 272 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 235 sekvencí 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). V datech z Asijského regionu byla zachycena linie PJ.2.

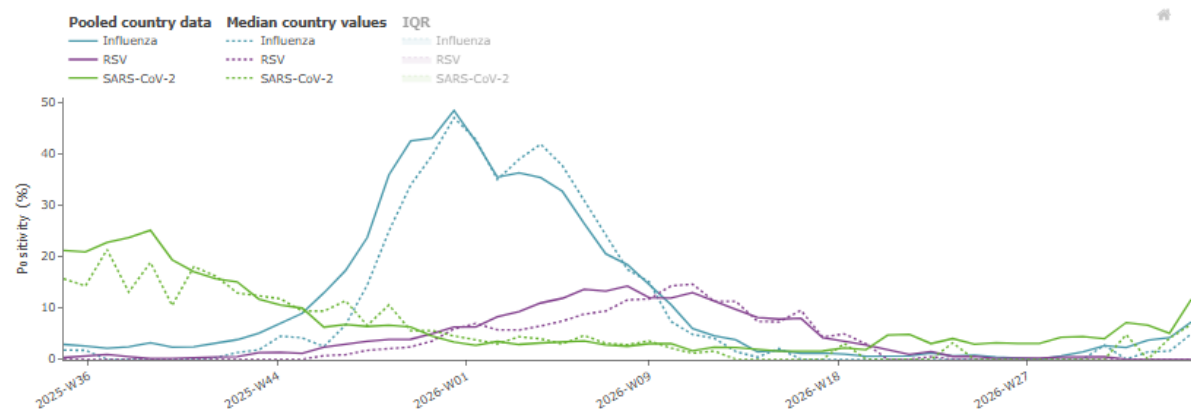
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno (viz strana 9).

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

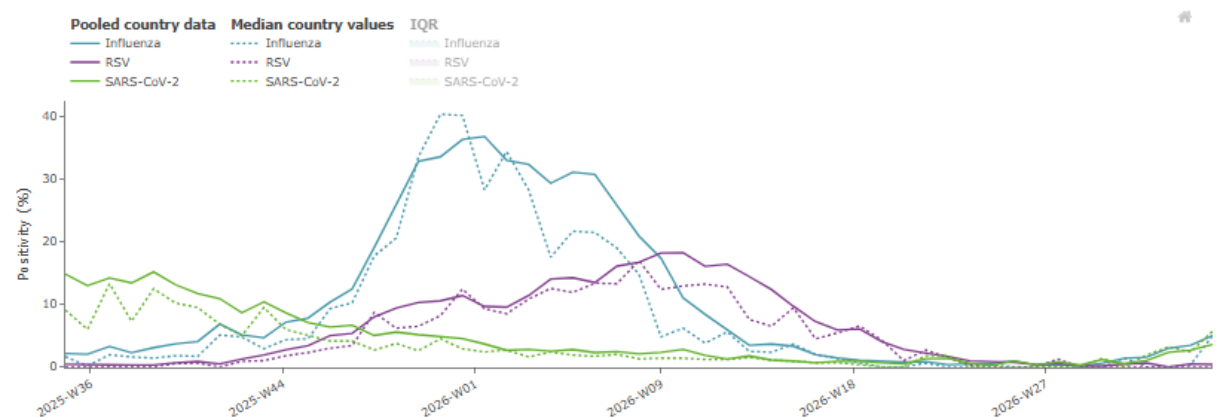
Figure Table



b)

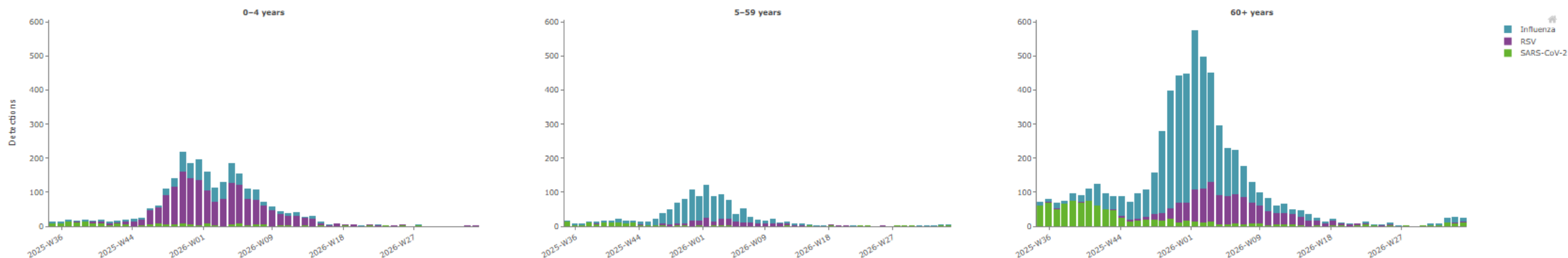
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

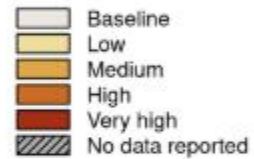
Weekly detections by age



Intensity of influenza activity 2026-W34



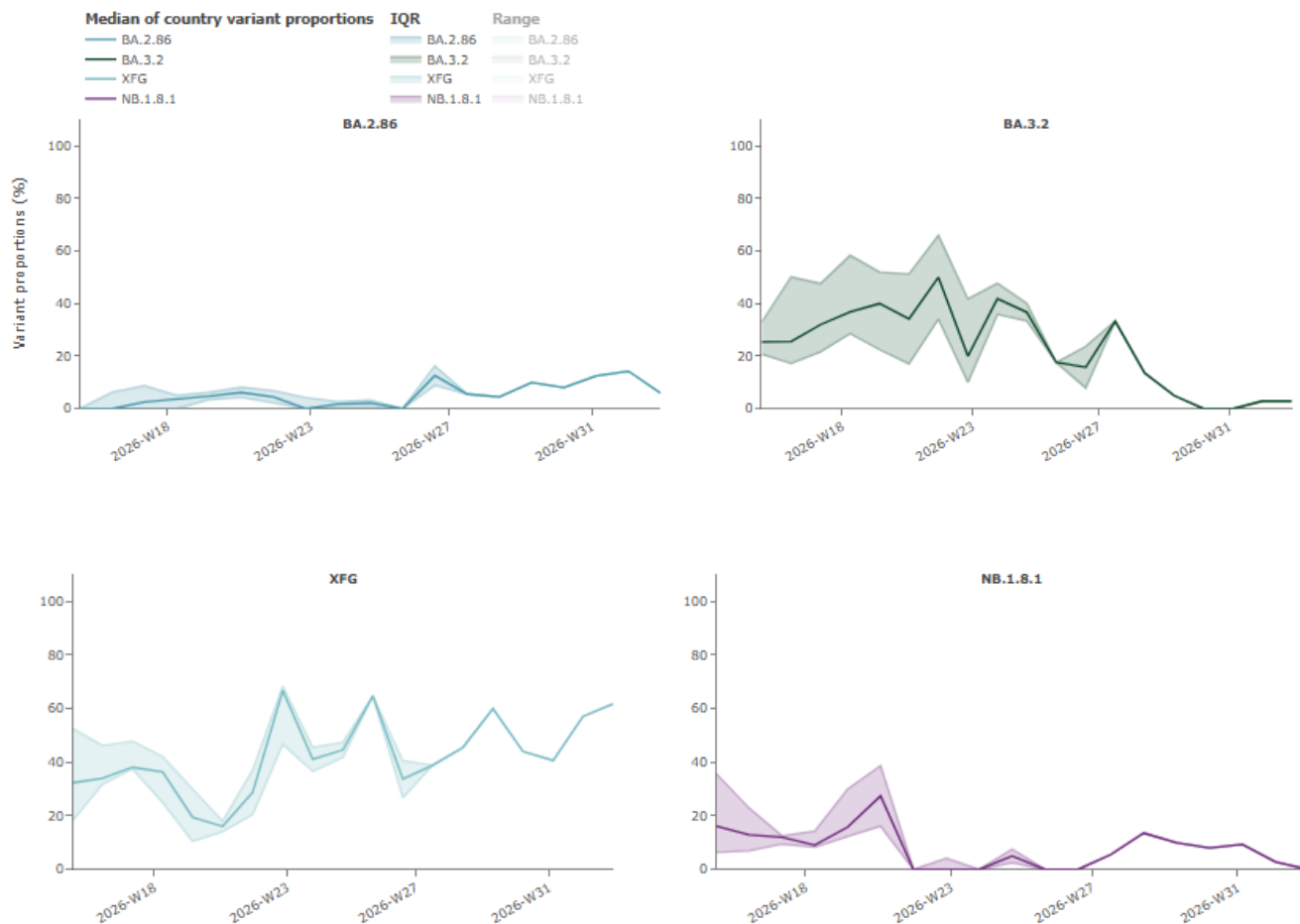
Intensity of influenza activity 2026-W34



Countries not visible in the main map extent



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-W32 to 2026-W33



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W32 to 2026-W33



Countries not visible in the main map extent





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 31. 8. 2026

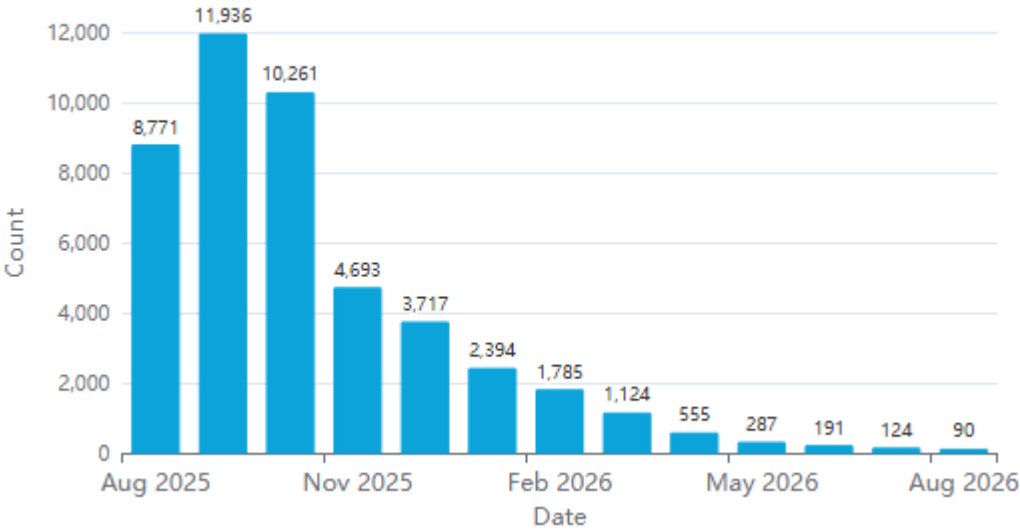
Variants of Interest (VOI)

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

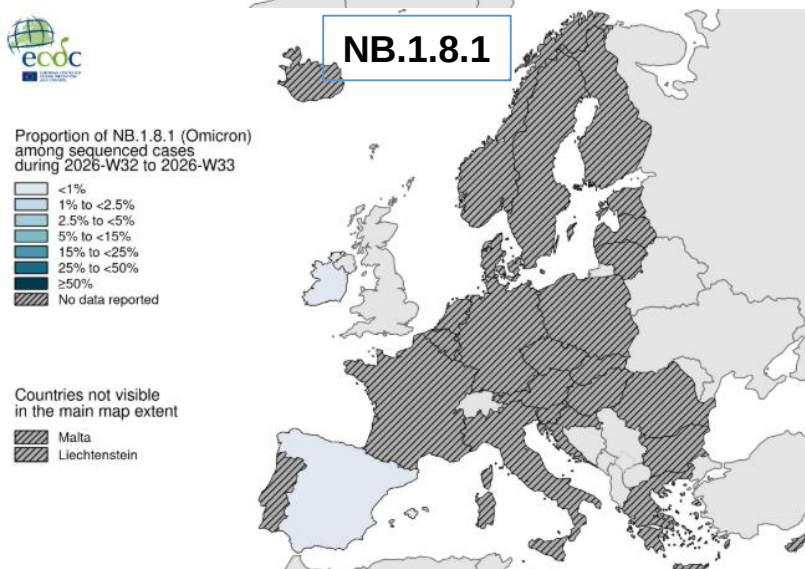
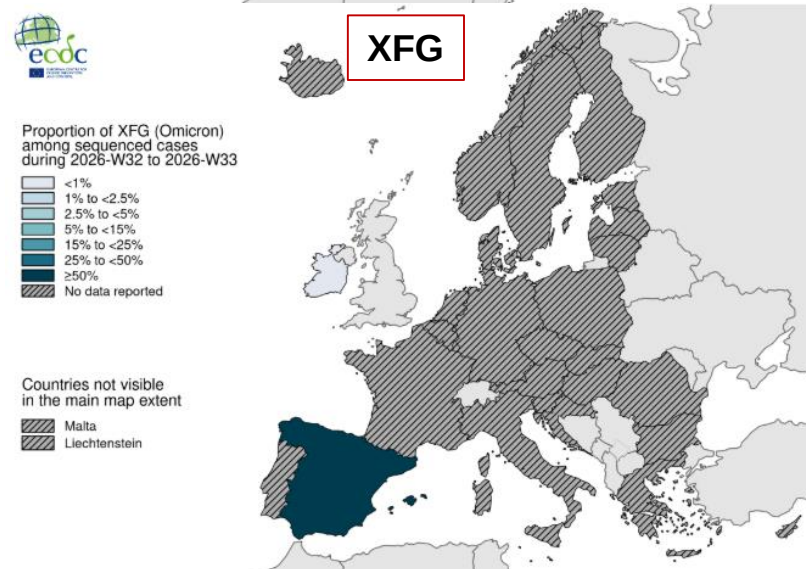
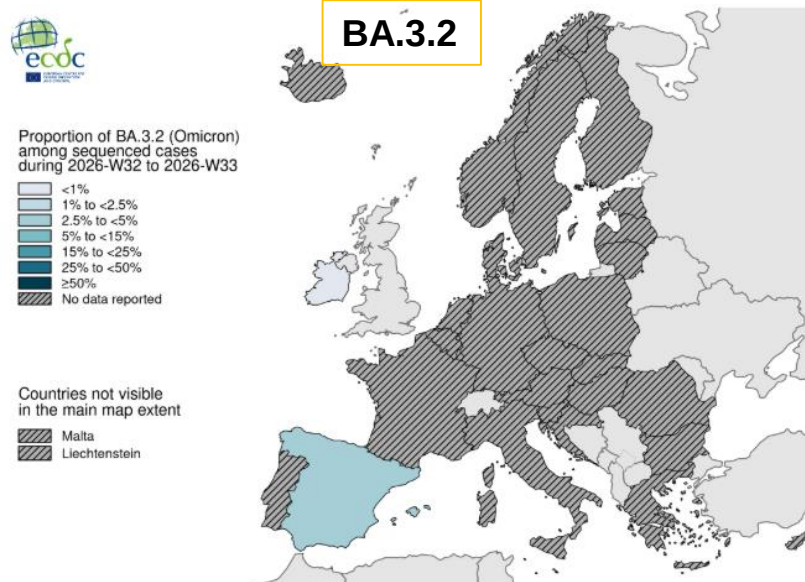
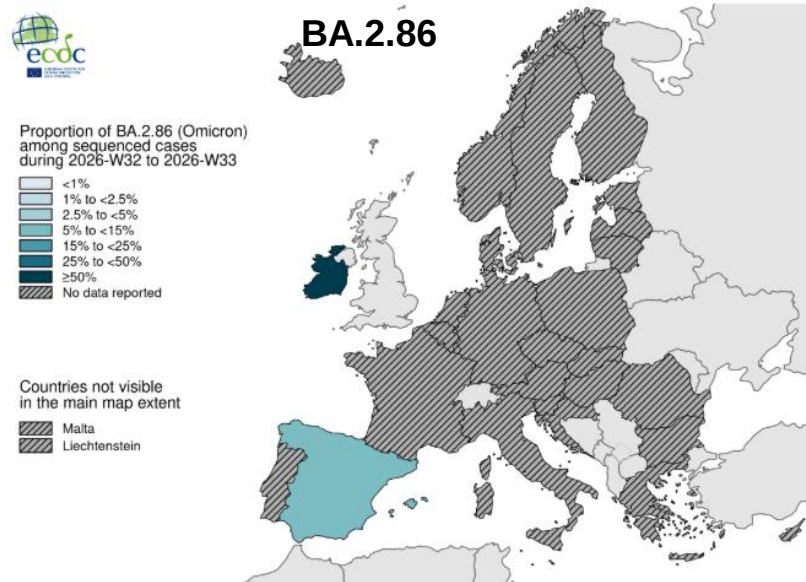
WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Impact on transmissibility	Impact on immunity	Impact on severity	Transmission in EU/EEA
Omicron	NB.1.8.1	n/a	G184S, A435S, K478I	n/a	No evidence	No evidence	No evidence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



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 32. týdnu - 33. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)





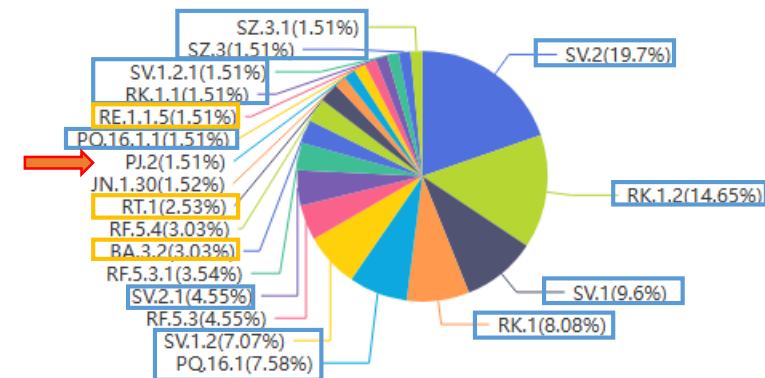
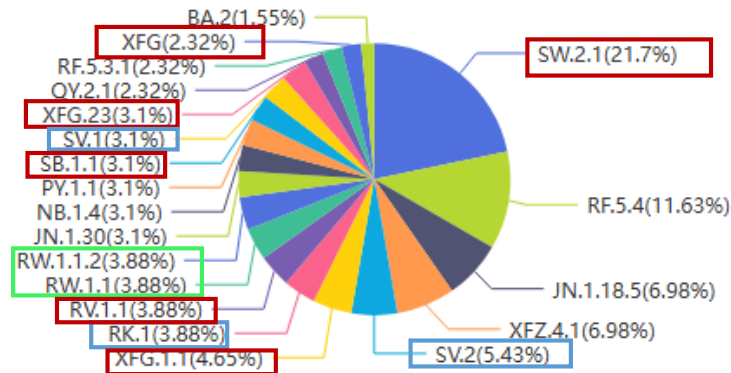
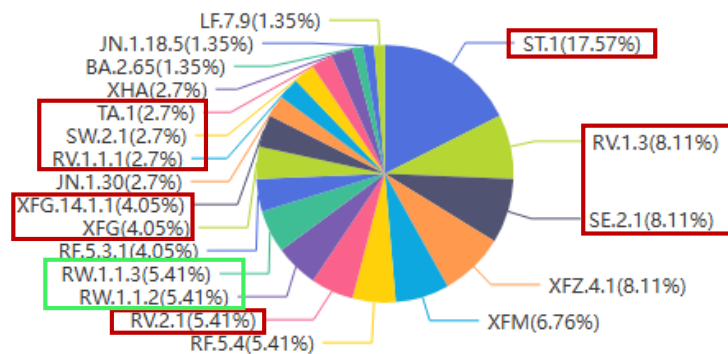
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě, Severní Americe a Asii k 31. 8. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	95	177	235

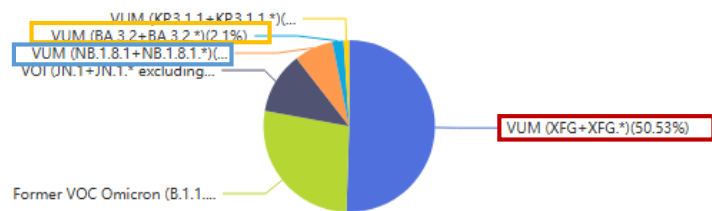
Evropa 31. 7. - 31. 8. 2026

Severní Amerika 31. 7. – 31. 8. 2026

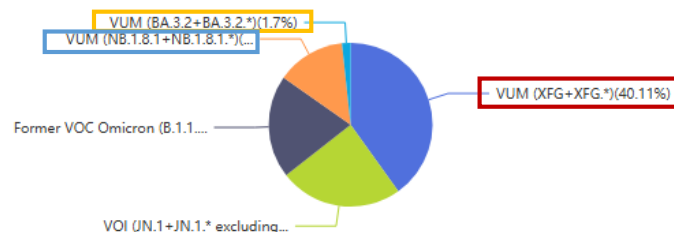
Asie 31. 7. - 31. 8. 2026



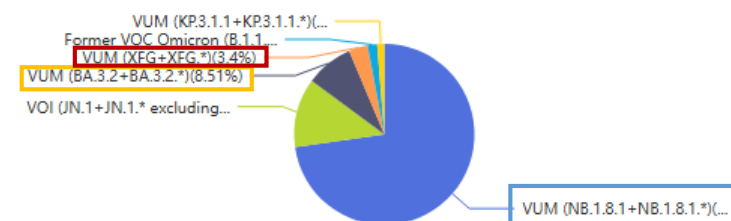
Evropa 31. 7. - 31. 8. 2026 (VUM)



Severní Amerika 31. 7. - 31. 8. 2026 (VUM)



Asie 31. 7. - 31. 8. 2026 (VUM)



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

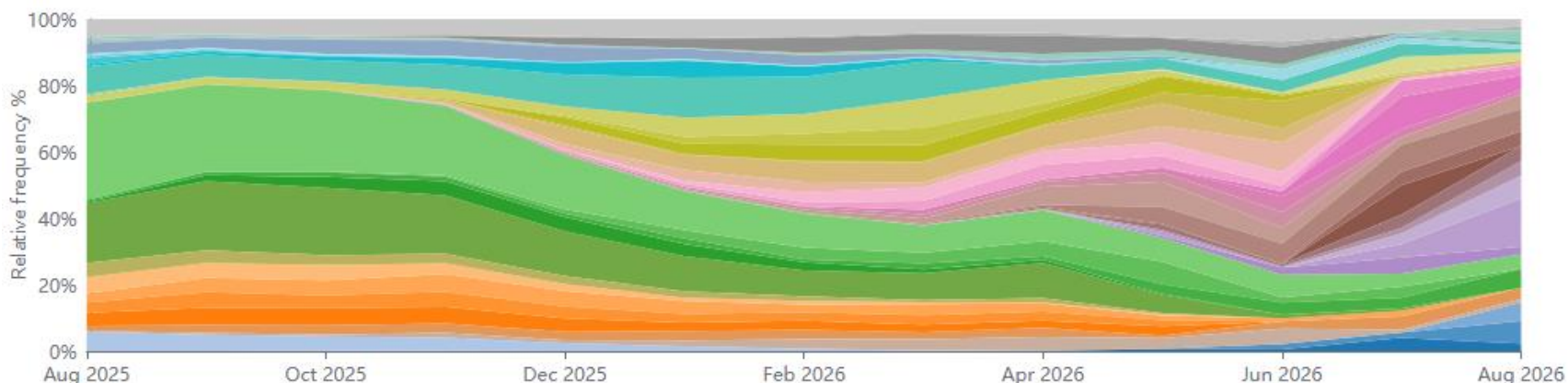
V Evropě a Severní Americe u sledovaných variant převládá linie XFG.x (Stratus), v Asii stále převládá NB.1.8.1.x. V Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenčních datech objevovat varianta RW.1.1.x. V Asijském regionu dominuje varianta PQ.16.1.1 a její potomci SV.x (tyto varianty jsou odvozeny od NB.1.8.1). V Asijských datech se objevila varianta PJ.2 (3 sekvenční) odvozena od MC.10.1.7.



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 poslední měsíc osekvenováno **95** vzorků SARS-CoV-2, převládá varianta XFG (Stratus). V Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenačních datech hojně objevovat varianta RW.1.1. Variantu RW.1.1 považujeme za zajímavou, protože 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. RW.1.1 není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, ve zprávách ji pro přehlednost značit **zeleně**.

Během evoluce pandemie byla tato mutace ve spike A435S dlouho vzácná, avšak v letech 2025 a 2026 se začala objevovat nezávisle na sobě (konvergentní evoluce) u několika úspěšných variant. Mutace automaticky nezajišťuje vyšší afinitu k ACE2, např. u XBB.1.5 docházelo k jejímu snížení, u nových variant (JN.1.1, KP.3.1.1) vede ke zvýšení afinity. Mutace je typická pro NB.1.8.1 (Nimbus).

DADONAITE, Bernadeta et al. Spike mutations that affect the function and antigenicity of recent KP.3.1.1-like SARS-CoV-2 variants. bioRxiv [online]. Publikováno 30. září 2025 [cit. 2026-08-31]. Dostupné z:

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2025.08.18.671001v2>. DOI: 10.1101/2025.08.18.671001. Preprint. [1, 2]

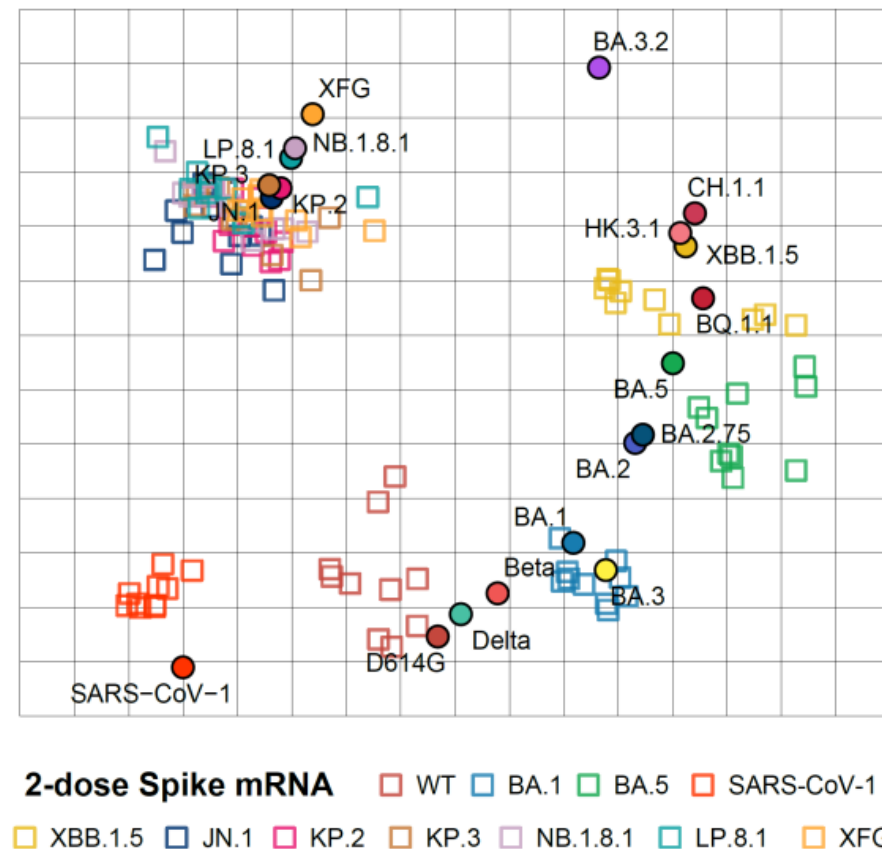
Variety BA.3.2, XFG a NB.1.8.1 spadají mezi monitorované variety (VUM) podle WHO i ECDC.

Prosíme všechna spolupracující pracoviště o poskytnutí pozitivních vzorků SARS-CoV-2 s C_T pod 30.

XHA	XBB.1.16	NB.1.8.1	JG.3
XFZ.4.1	XBB.1	NB.1	JD.1.1
XFM	TA.1	LP.8.1.1	HV.1
XFG.9	ST.1	LP.8.1	HK.3
XFG.6.2	SE.2.1	LF.7.9	FL.1.5.1
XFG.6	RW.1.1.3	LF.7.1.3	EG.5.1.3
XFG.5.1	RW.1.1.2	LF.7	EG.5.1.1
XFG.5	RW.1.1	LB.1.3.1	EG.5.1
XFG.3.4.1	RV.2.1	KS.1	CH.1.1
XFG.3.4	RV.1.3	KP.3.3	BA.3.2
XFG.3.1	RV.1	KP.3.2	BA.2.86.1
XFG.3	RU.1	KP.3.1.1	B
XFG.17.2.1	RK.1	KP.3.1	^X
XFG.14	RF.5.4	KP.3	
XFG.1.1	RF.5.3.1	KP.2.3	
XFG	RE.2.3	KP.2	
XEC.2	RE.2.2.9	KP.1.1	
XEC	RE.2.2.3	JN.1.9	
XDK	RE.2.2	JN.1.7	
XBB.2.3.11	RE.2.1.2	JN.1.4	
XBB.2.3	RE.2.1	JN.1.16.1	
XBB.1.9.2	RE.1.1	JN.1.16	
XBB.1.9.1	PQ.2	JN.1.11	
XBB.1.5	PQ.16.1.1	JN.1.1	
XBB.1.16.11	PF.2	JN.1	

Antigenní charakteristika cirkulujících variant ve vztahu k virusneutralizační aktivitě antisér připravených proti vakcinálním kmenům SARS-CoV-2

Doporučení pro složení vakcíny proti covid-19 se pro sezónu 2026/27 nemění, základem jsou kmeny odvozené od BA.2.86, respektive JN.1.1, případně nově XFG (tedy LP.8.1 pro Comirnaty), viz [Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines Annex TAG-CO-VAC 14052026 final](#)



SVĚTOVÁ ZDRAVOTNICKÁ ORGANIZACE. Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines [online]. 16. květen 2026 [cit. 2026-08-31]. Dostupné z: <https://www.who.int/news/item/16-05-2026-statement-on-the-antigen-composition-of-covid-19-vaccines>

EVROPSKÁ LÉKOVÁ AGENTURA. *ETF recommends updating COVID-19 vaccines to target XFG variant* [online]. Amsterdam: EMA, 29. květen 2026 [cit. 2026-08-31]. Dostupné z: <https://www.ema.europa.eu/en/news/etf-recommends-updating-covid-19-vaccines-target-xfg-variant>

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 vtip, 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 virová onemocnění.

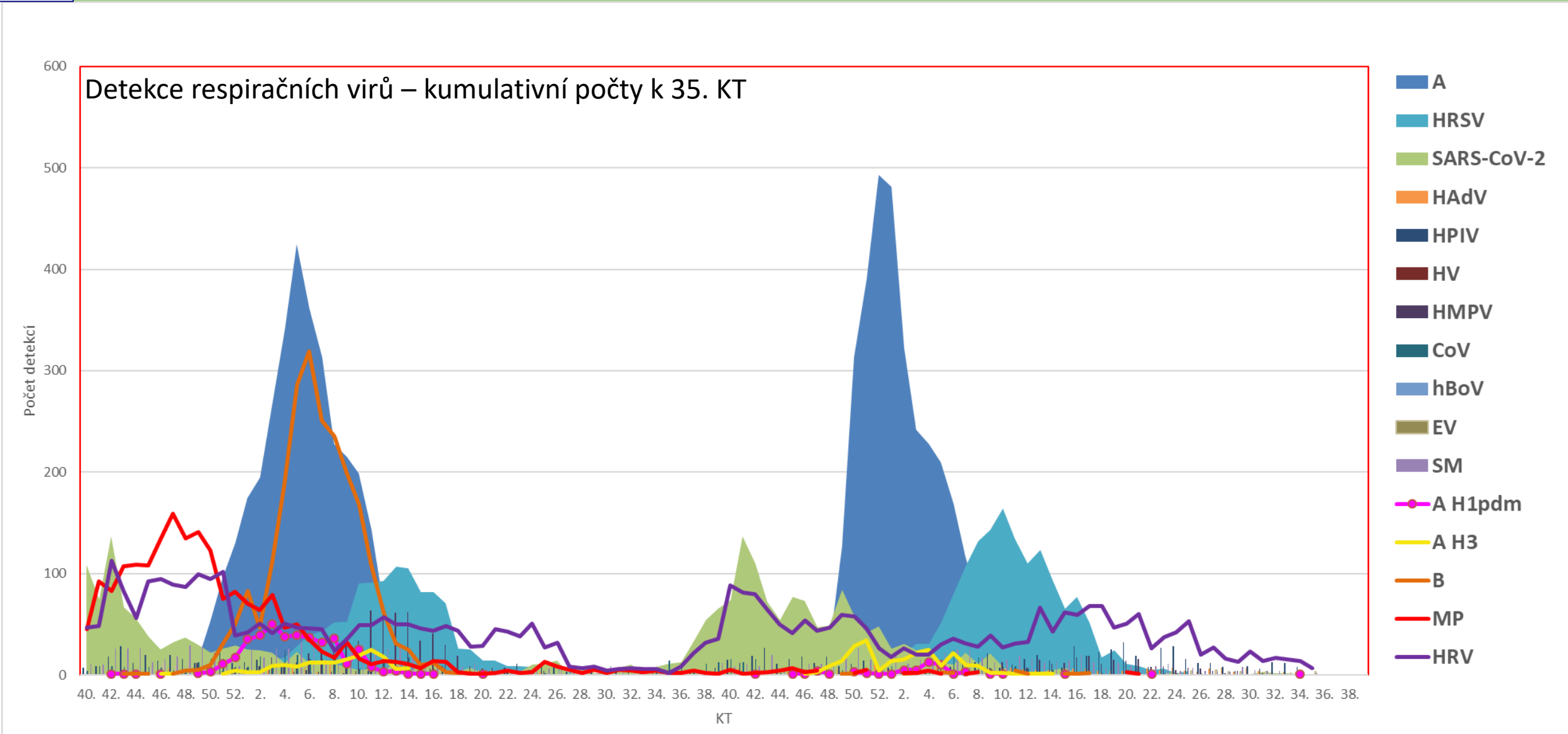


- I v létě cirkulují některé z respiračních patogenů.
- V posledních 7 týdnech byly sporadicky zachyceny viry chřipky A. Vždy v nonsentinel surveillance, 34. KT byl prvním týdnem, kdy byla potvrzena chřipka A/H1N1pdm v sentinel surveillance, i v 35. KT potvrzujeme záchyt stejného subtypu v sentinel surveillance. 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.
- Nelze pominout sporadické detekce *Mycoplasma pneumoniae*. Také v tomto případě nelze predikovat, zda se jedná o možnou nastupující epidemickou vlnu.
- Počty detekovaných respiračních virů odpovídají mimo sezónnímu výskytu, s ohledem na nízké počty pozitivních záchytů nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů. Časná detekce viru chřipky zatím nelze vysvětlit teoreticky možným častějším nástupem chřipky nebo zavedením celoroční surveillance v některých zemích EU/EHP včetně ČR.

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		32.	podíl	33.	podíl	34.	podíl	35.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	1	2,4%	1	2,8%	1	3,1%	1	3,1%	3361
	A H ₁ pdm		0,0%		0,0%	1	3,1%	1	3,1%	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	2	4,9%	3	8,3%	3	9,4%	3	9,4%	241
	HPIV	13	31,7%	12	33,3%	8	25,0%	8	25,0%	638
	HV	1	2,4%		0,0%		0,0%		0,0%	38
	MP		0,0%		0,0%	1	3,1%	1	3,1%	65
	HMPV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	238
	CoV		0,0%	1	2,8%		0,0%		0,0%	249
	HRV	17	41,5%	15	41,7%	14	43,8%	14	43,8%	1977
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV	1	2,4%	2	5,6%	1	3,1%	1	3,1%	56
	SARS-CoV-2	2	4,9%	2	5,6%	1	3,1%	1	3,1%	1321
	SM	4	9,8%		0,0%	2	6,3%	2	6,3%	554
	pozitivní	41	10,2%	36	9,5%	32	9,1%	32	9,1%	10642
	negativní	361		344		318		318		40483
Celkový počet vyšetření:		402		380		350		350		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; E Enterovirus; SM - Smíšená infekce



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

V souvislosti se vstupem viru do nové lokality (Austrálie, Nový Zéland) byl kromě dalšího šíření zaznamenán fatální přenos na kytovce (delfín). Riziko pro člověka je stále nízké.

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

Teoretické vysvětlení, proč viry H5N1 2.3.4.4b, genotypu B.3.13 a D.1.1 způsobují většinou mírná onemocnění respirační nebo konjunktivitidy, zatímco tyto viry zůstávají vysoce smrtelné v tradičních modelech na fretkách:

Při použití fyziologicky relevantního kultivačního systému na rozhraní vzduch-kapalina (ALI), který zahrnuje usazovací aerosolovou komoru, se ukázalo, že zatímco přímá tekutá inokulace vede k efektivní replikaci, aerosolizované kmeny H5N1 vykazují významný deficit ve své schopnosti infikovat lidský respirační epitel. Naproti tomu stejný virus H5N1 zůstává pro fretky vysoce patogenní a smrtelný bez ohledu na způsob inokulace a vykazuje systémové šíření do mozku a dalších orgánů.

Toto lze vysvětlit sníženou enzymatickou aktivitou neuraminidázy (NA) a narušenou aktivitou polymerázy v důsledku nesouhry se savčím kofaktorem ANP32A. V souhrnu tyto výsledky naznačují, že běžně používané savčí modely mohou nadhodnocovat současné riziko lidské pandemie.

Je možné, že podobné práce povedou k přehodnocení stanovení pandemického rizika, nicméně jsou plně v souladu s doposud známými fakty – všechny pandemické kmeny vznikly nikoli samotným přímým přenosem z ptačí říše, ale přenosem doprovázeným reassortmentem.

GAY, L. Claire, Dikshya REGMI, Flavio CARGNIN FACCIN, Ignacio SCANAROTTI, Alison MARK, C. Joaquín CÁCERES, Teresa MEJIAS, Maria CORKRAN, Margaret A. SCULL, Rafael MEDINA, Adolfo GARCIA-SASTRE a Daniel R. PEREZ. Impaired neuraminidase and polymerase activities correspond with limited aerosol infectivity of B3.13 and D1.1 H5N1 lineages in human respiratory cultures. bioRxiv [online]. Publikováno 25. srpna 2026 [cit. 2026-08-31]. Dostupné z: <https://www.biorxiv.org/content/10.64898/2026.08.18.745466v1>. DOI: 10.64898/2026.08.18.745466. Preprint.

Klinické údaje o infekci virem Bundibugyo (BDBV) jsou omezené a neexistuje žádná schválená léčba specifická pro tento virus. V preprintu vyšla kazuistika popisující průběh infekce a onemocnění u zdravého devětatřicetiletého zdravotnického pracovníka, který se nakazil infekcí BDBV během práce v provincii Ituri v Demokratické republice Kongo (DRK) a byl převezen k léčbě do Německa, kde mu byla poskytnuta experimentální léčba MBP134, povolená FDA pro nouzové použití (eIND). MBP134 je testovaná kombinace dvou monoklonálních protilátek, která byla podána společně s remdesivirem a podpůrnou péčí. Koncentrace virové RNA byly nejvyšší ve výtěrech z orofaryngu a v plazmě. Pacientovo sérum vykazovalo neutralizační aktivitu proti současnému kmeni epidemie BDBV i proti jiným orthoebolavirům. Byly detekovány protilátky vyvolané virem BDBV, které nebylo možné připsat přípravku MBP134 ani předchozí vakcinaci, což poskytuje důkaz o endogenní humorální imunitě po kombinované antivirové léčbě. Pacient se zotavil a byl propuštěn 22. den po nástupu symptomů.

Zdroj: **UHRIG, Alexander et al.** A case of Bundibugyo virus disease treated with monoclonal antibodies and remdesivir. *Nature Medicine* [online]. Publikováno 24. srpna 2026 [cit. 2026-08-31]. Dostupné z: <https://www.nature.com/articles/s41591-026-04663-5>. DOI: 10.1038/s41591-026-04663-5.



Závěr - Virologická surveillance ARI/ILI v ČR 35. KT 2026 a EU/EHP 34. KT

EU/EHP 34. 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 v primární i sekundární péči, zvýšená míra hospitalizace pro covid-19 je hlášena u pacientů nad 65 let.
 - V sekvenačních datech nahraných do GISAID z Evropy a Severní Ameriky (za poslední měsíc 272 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 (bližší informace na straně 9).**

Virologická surveillance ČR 35. KT

- V posledních 7 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. Také v 35. KT potvrzujeme záchyt stejného subtypu 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.
- Nelze pominout sporadické detekce *Mycoplasma pneumoniae*. Také v tomto případě nelze predikovat, zda se jedná o možnou nastupující epidemickou vlnu.
- Počty detekovaných respiračních virů odpovídají mimosezónnímu výskytu, s ohledem na nízké počty pozitivních záchytů nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů. Časně detekce viru chřipky zatím nelze vysvětlit teoreticky možným častějším nástupem chřipky nebo zavedením celoroční surveillance v některých zemích EU/EHP včetně ČR.

Virus eboly Bundibugyo (BDBV) – virová RNA byla prokázána v horních cestách dýchacích ve vyšší koncentraci než v krevních tekutinách (Str. 14).

A/H5N1: V Austrálii byl poprvé potvrzen úhyn delfína na ptačí chřipku, která se přes snahy o včasnou vakcinaci některých ohrožených druhů, šíří mezi volně žijícími ptáky.

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, v tomto týdnu budou aktualizována po vyřešení technických problémů.