



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 3/8/2026

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 30. 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 289 sekvenací) ze sledovaných variant převládá varianta XFG nad ostatními liniemi viru SARS-CoV-2. 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 (obě odvozené od JN.1). Varianta RW.1.1 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.

V Asii, která aktuálně patří k největším vkladatelům dat (za poslední měsíc 429 sekvenací), na rozdíl od zbytku světa, stále převládá linie NB.1.8.1. (Nimbus). Konkrétně v Asijském regionu dominuje varianta PQ.16.1.1 a její potomci SV.1, SV.2 a SV.2.1 (odvozeny od NB.1.8.1).

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

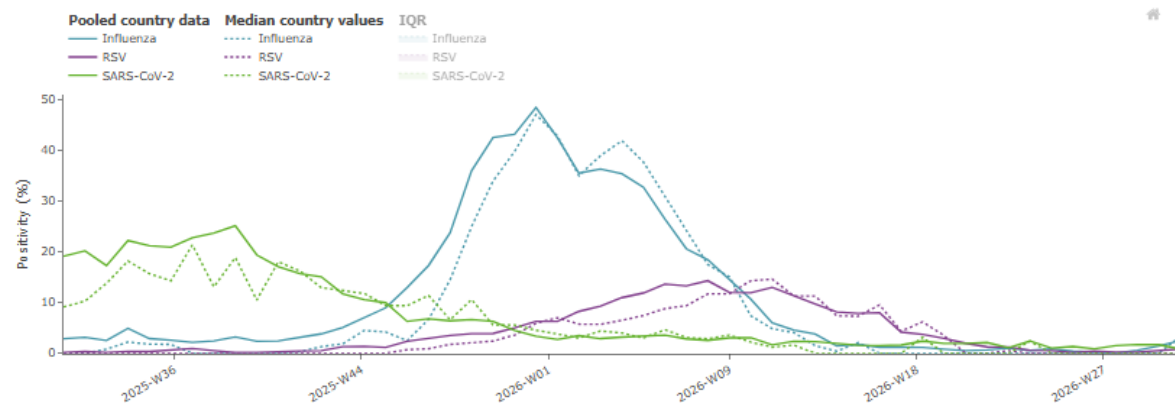
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 30. KT 2026

a)

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

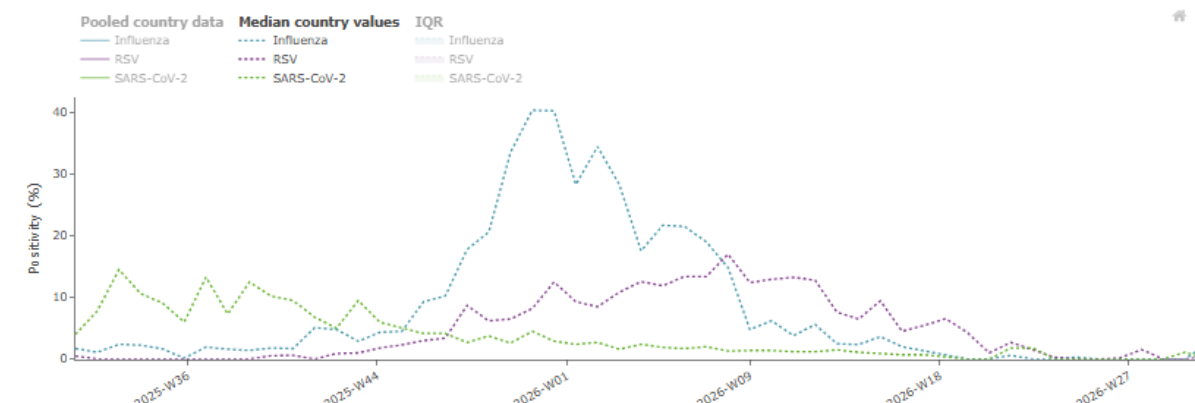
Figure Table



b)

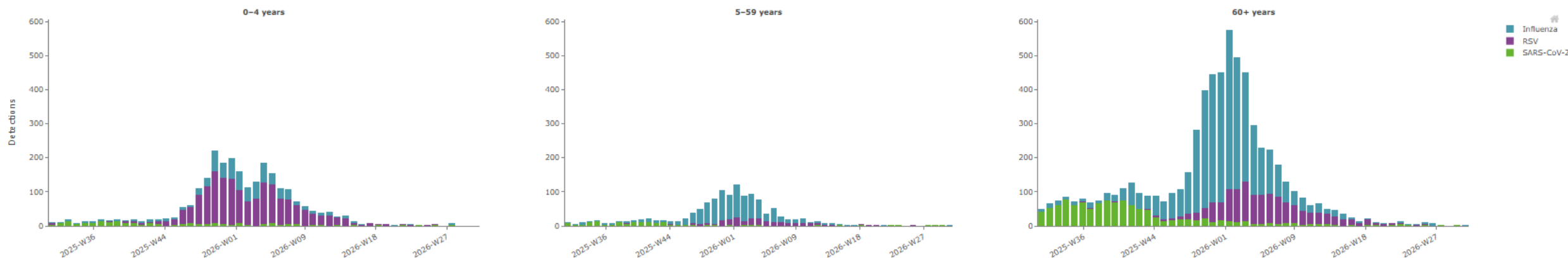
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

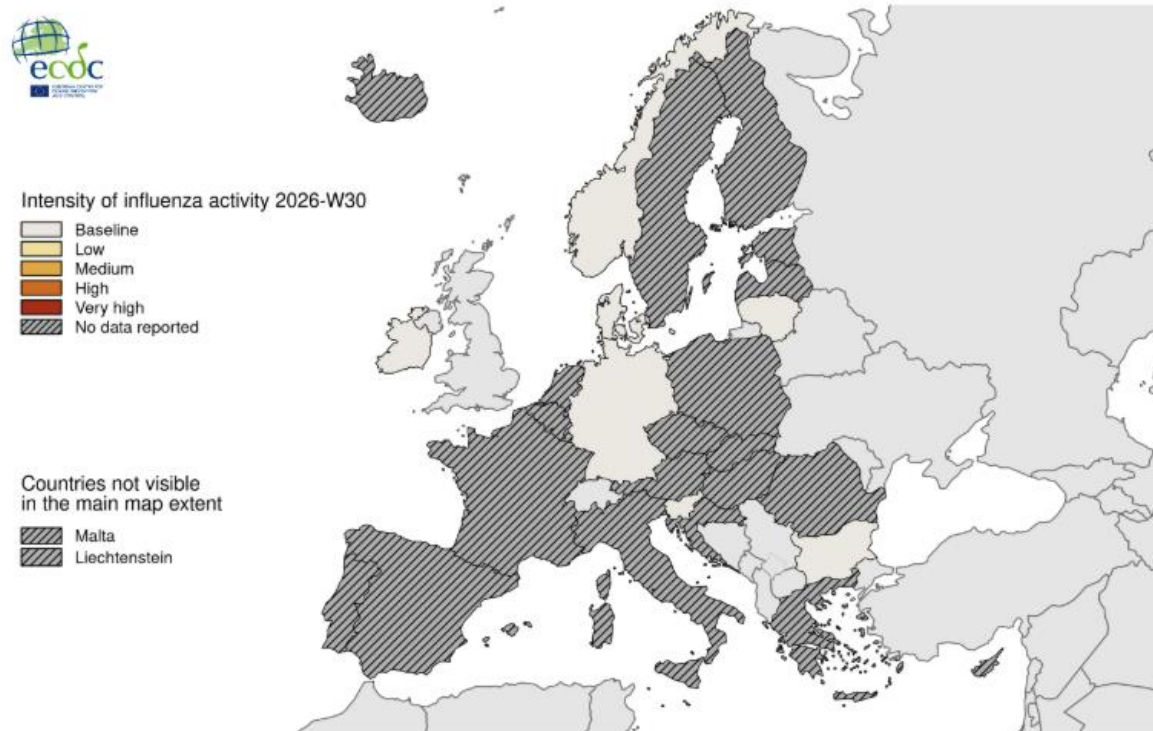
Weekly detections by age



EU/EEA klíčové indikátory ARI/ILI, SARI přehled v 29. a 30. KT 2026

Indicator	Syndrome or pathogen	Reporting countries		EU/EEA summary	
		Week 30	Week 29	Description	Value
ILI/ARI consultation rates in primary care	ARI	11 rates (8 MEM)	13 rates (8 MEM)	Distribution of country MEM categories	8 Baseline
	ILI	11 rates (10 MEM)	14 rates (13 MEM)		10 Baseline
ILI/ARI test positivity in primary care	Influenza	6	12	Pooled (median; IQR)	2.5% (3.4; 1.8–5.5%)
	RSV	6	12		0.8% (0; 0–0%)
	SARS-CoV-2	6	12		0.8% (0; 0–0%)
SARI rates in hospitals	SARI	6 rates (3 MEM)	9 rates (5 MEM)	Distribution of country MEM categories	3 Baseline
SARI test positivity in hospitals	Influenza	5	8	Pooled (median; IQR)	1.9% (2.4; 0.3–7%)
	RSV	5	7		1.3% (0.4; 0–1.8%)
	SARS-CoV-2	5	8		0.3% (0; 0–1.1%)
Intensity (country-defined)	Influenza	7	10	Distribution of country qualitative categories	7 Baseline

Intensity of influenza activity 2026-W30



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 30 July 2026.

Dominant influenza virus 2026-W30



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 30 July 2026.



Chřipková sezóna 2025/26 sekvenační data, antivirotické resistance

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.

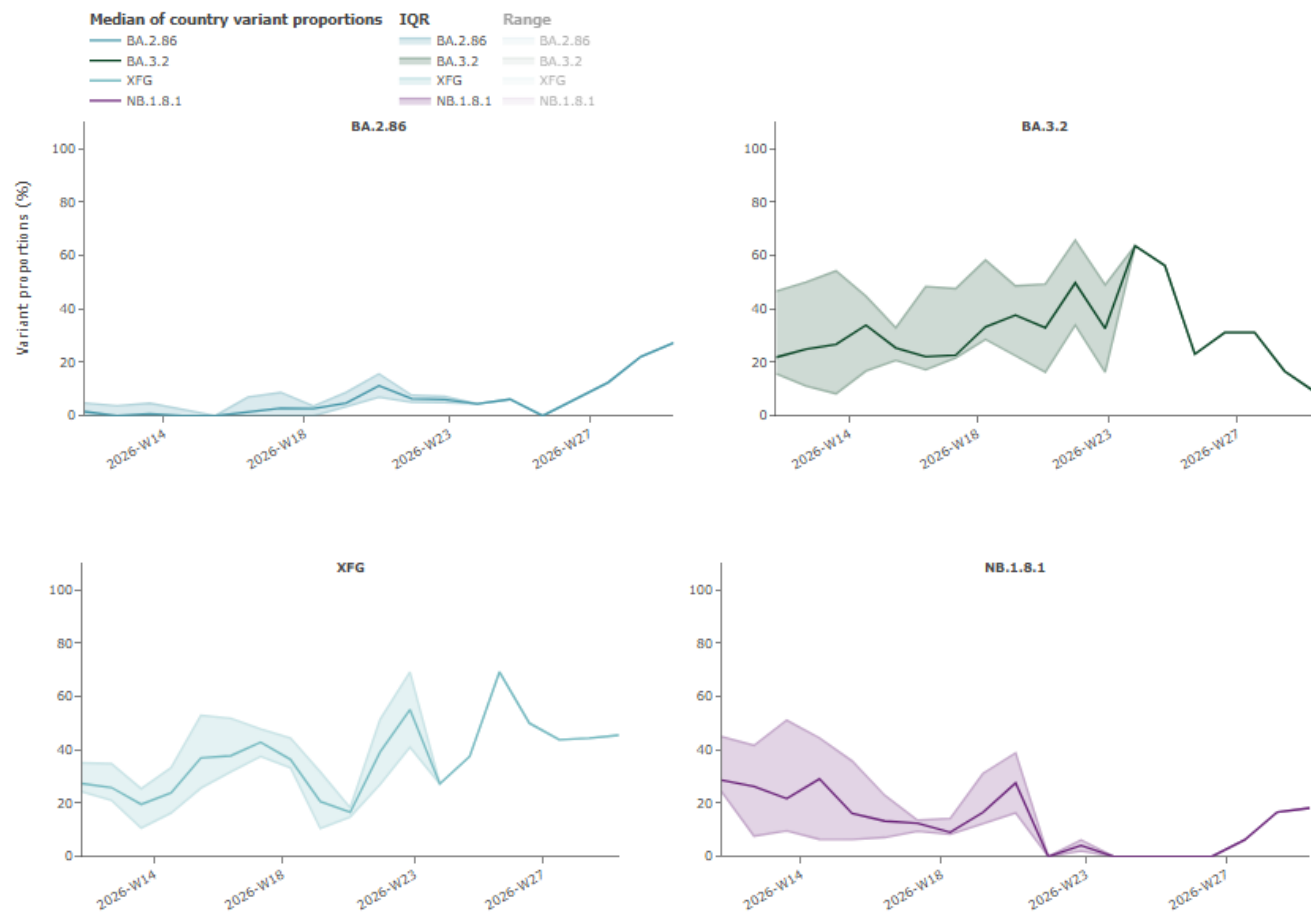
V segmentu **PA**, který je relevantní pro účinnost **Baloxaviru**, nebyly nalezeny žádné aminokyselinové změny spojené se sníženou citlivostí či rezistencí.

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)

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/>

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

Distribution of 2-weekly country variant proportions



Objem sekvenace v 28. a 29. týdnu 2026

Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W28 to 2026-W29



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W28 to 2026-W29



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 30 July 2026.





ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 3. 8. 2026

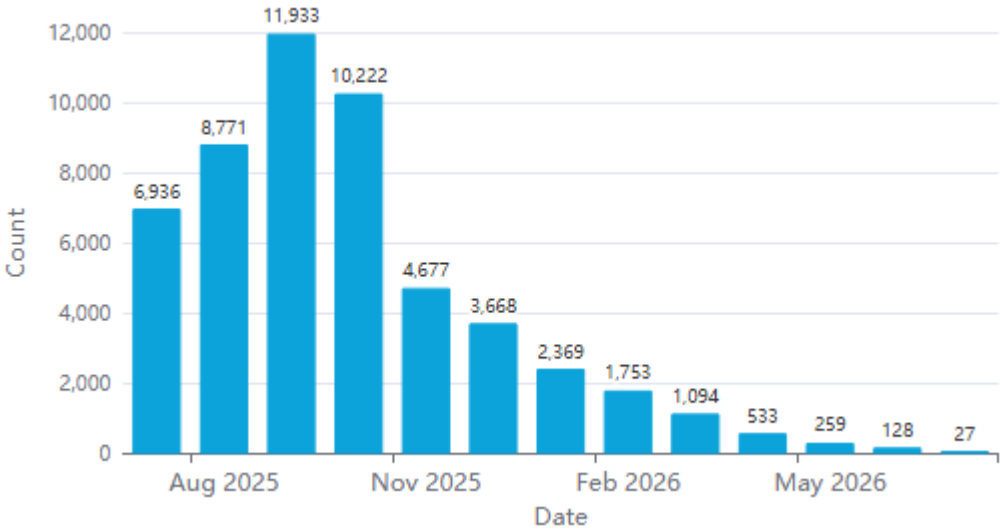
Variants of Interest (VOI)

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

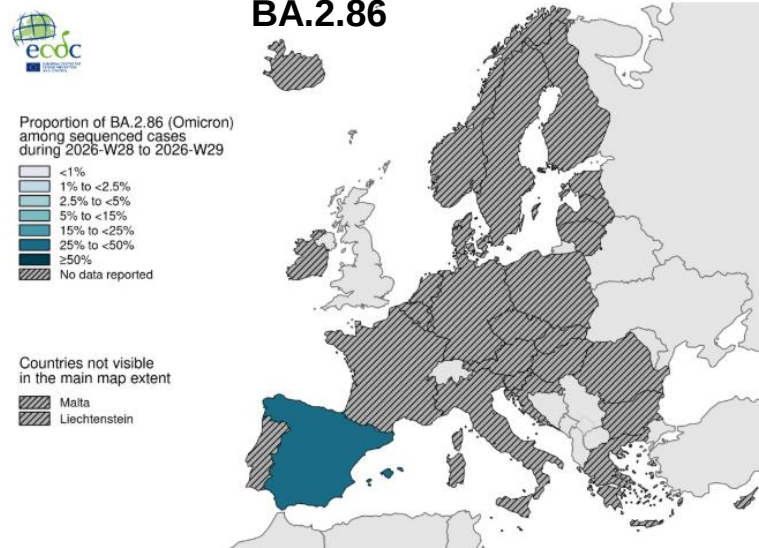
Počet sekvenací v GISAID pro WHO Evropský region



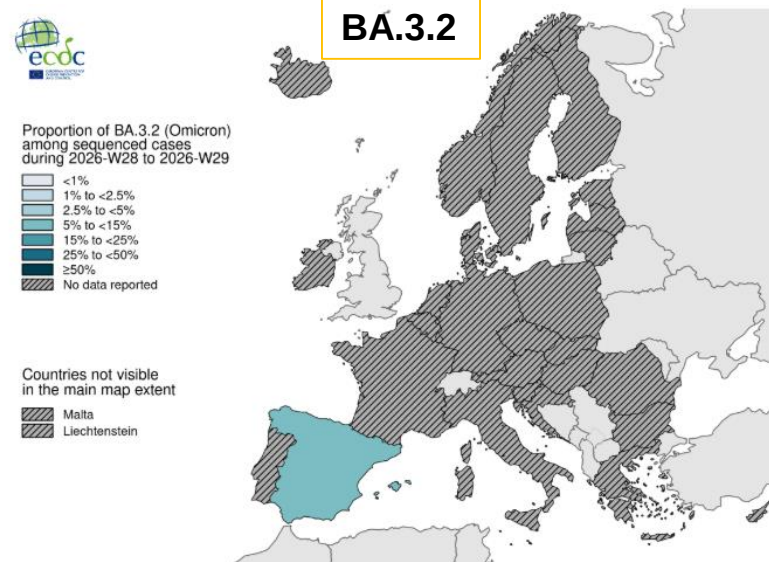
Zdroj: ERVISS. Dostupné z: <https://www.erviss.org>, GISAID dostupné na: <https://www.epicov.org/>
European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 26 June 2026 [online]. Stockholm: ECDC, 2026.
Dostupné na: <https://www.ecdc.europa.eu>

Distribuce sledovaných variant v Evropě v 28. týdnu - 29. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)

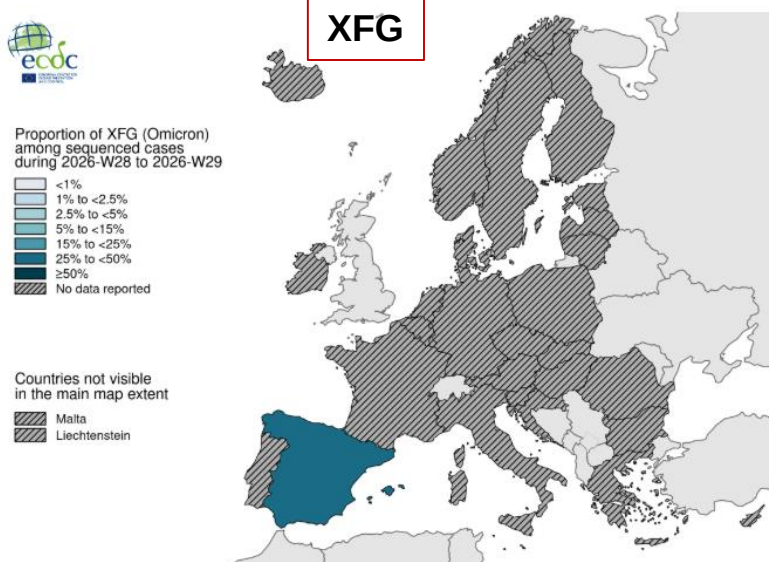
BA.2.86



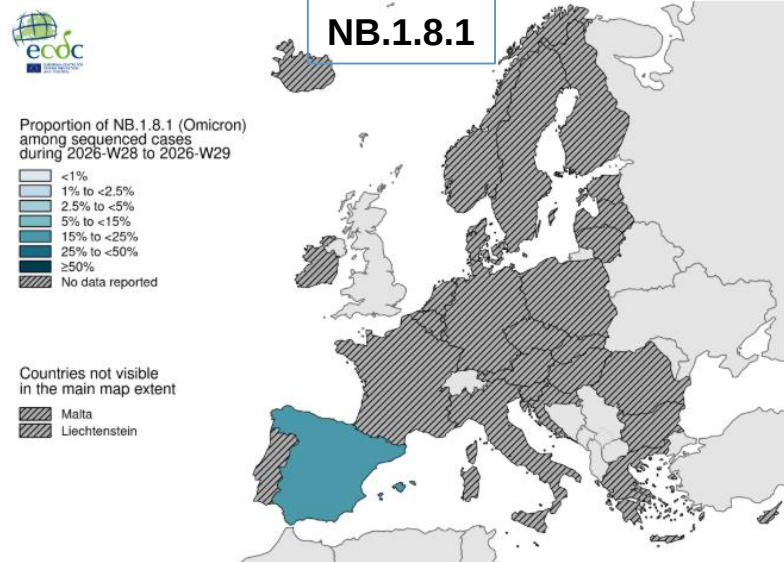
BA.3.2



XFG



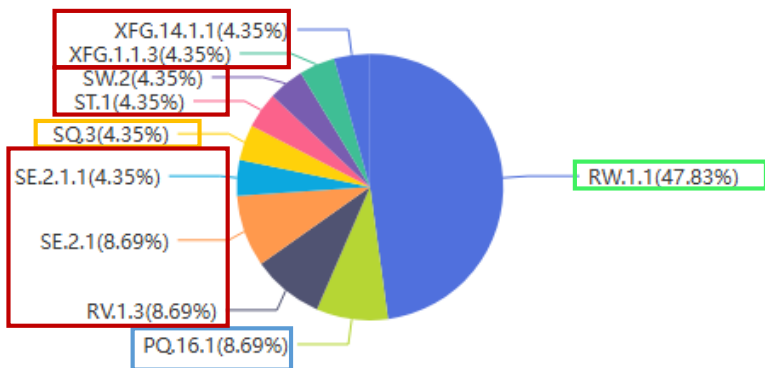
NB.1.8.1



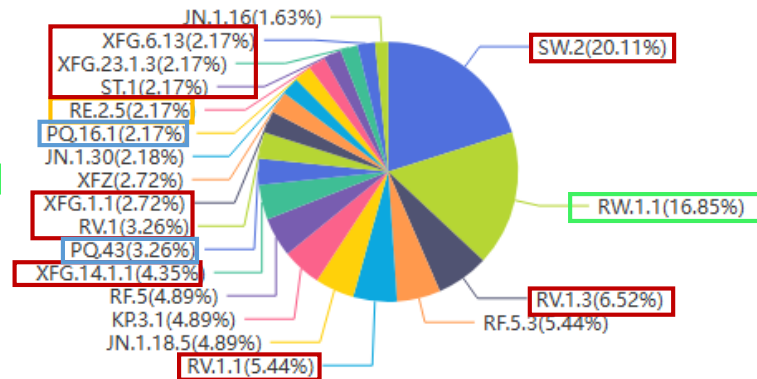
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 3. 8. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	23	266	429

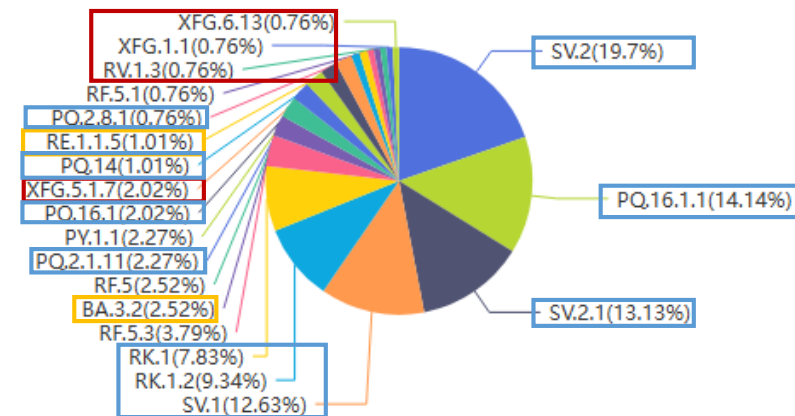
Evropa 3. 7. - 3. 8. 2026



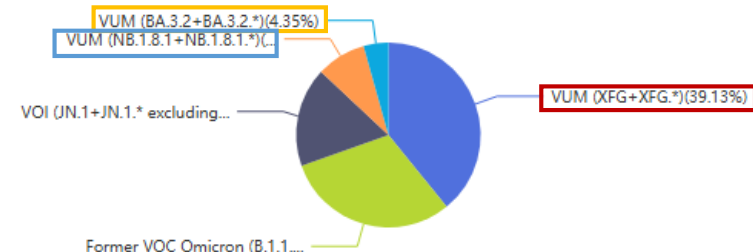
Severní Amerika 3. 7. - 3. 8. 2026



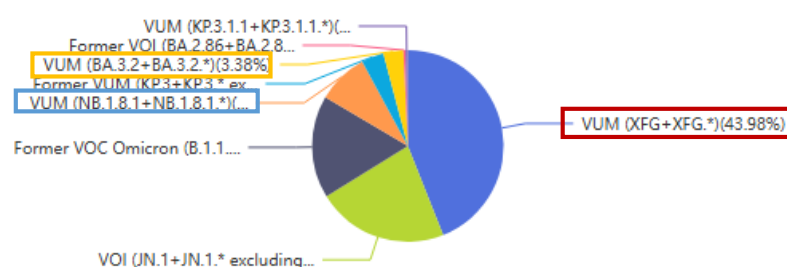
Asie 3. 7. - 3. 8. 2026



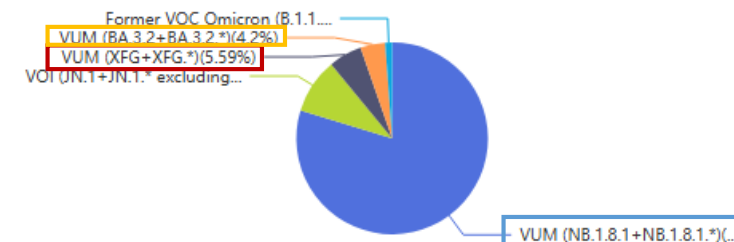
Evropa 3. 7. - 3. 8. 2026 (VUM)



Severní Amerika 3. 7. - 3. 8. 2026 (VUM)



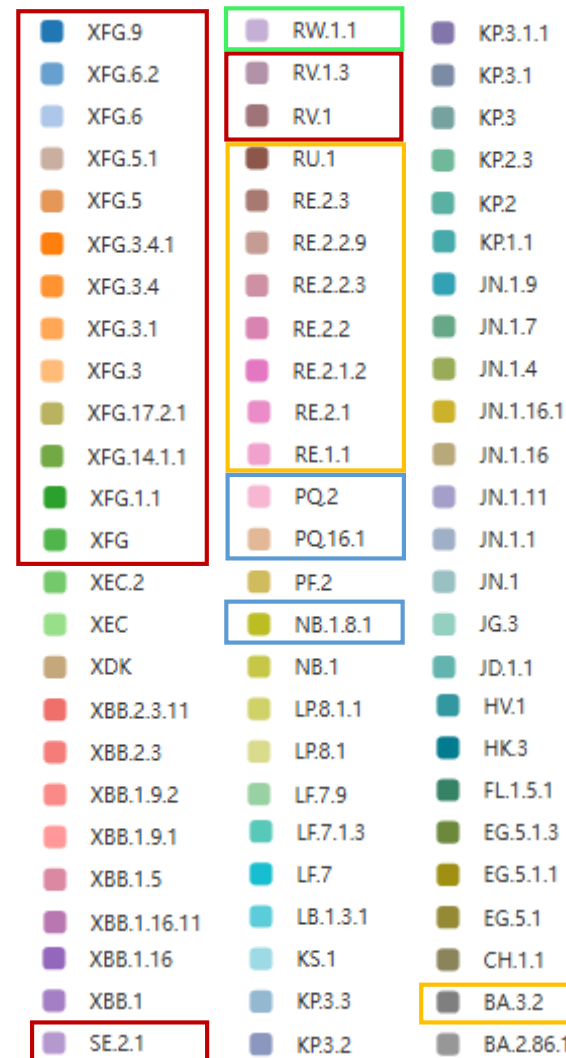
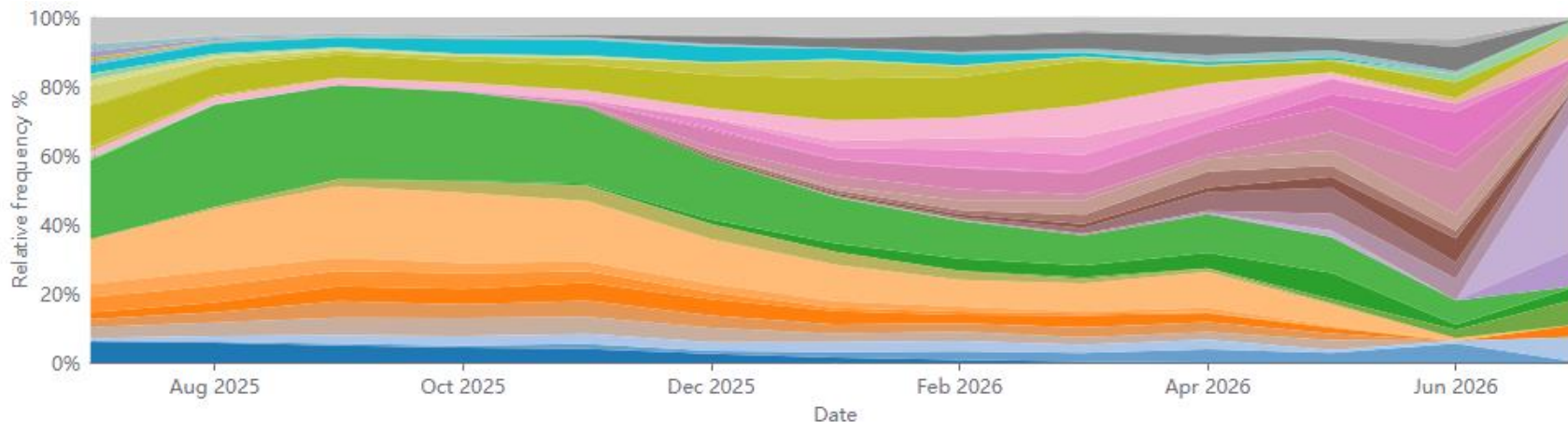
Asie 3. 7. - 3. 8. 2026 (VUM)



- 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 hojně objevovat varianta RW.1.1. V Asijském regionu dominuje varianta PQ.16.1.1 a její potomci SV.1, SV.2 a SV.2.1 (tyto varianty jsou odvozeny od NB.1.8.1.).

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



V Evropském regionu bylo za posledním měsíc osekvenováno 23 vzorků SARS-CoV-2, což nesplňuje hranici ani pro baseline monitoring, přesto v Evropském 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 (obě odvozené od JN.1). Varianta RW.1.1 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 není sledovanou variantou podle WHO ani ECDC, začínáme ji ve zprávách pro přehlednost značit zeleně.

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

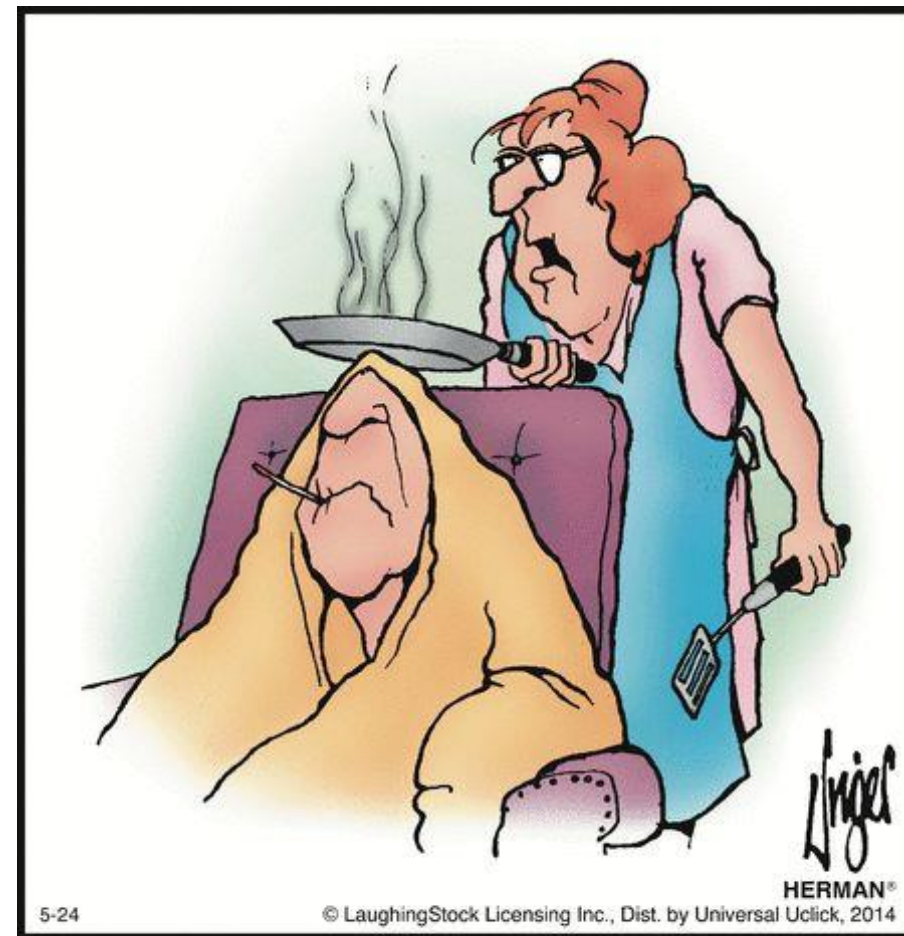
Nárůst zachytů SARS-CoV-2 očekáváme po 32. KT.

Dobrý den, vážení čtenáři,
rozhodli jsme se zavést 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. Já i moji kolegové budeme rádi, pokud se na této rubrice budete podílet.

Pokud narazíte na tematicky vhodný, korektní 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).

Těšíme se na vaše podněty.

S pozdravem a přáním pěkného dne tým NRL pro chřipku a nechřipková respirační onemocnění.



“You’ve DEFINITELY got the flu.”

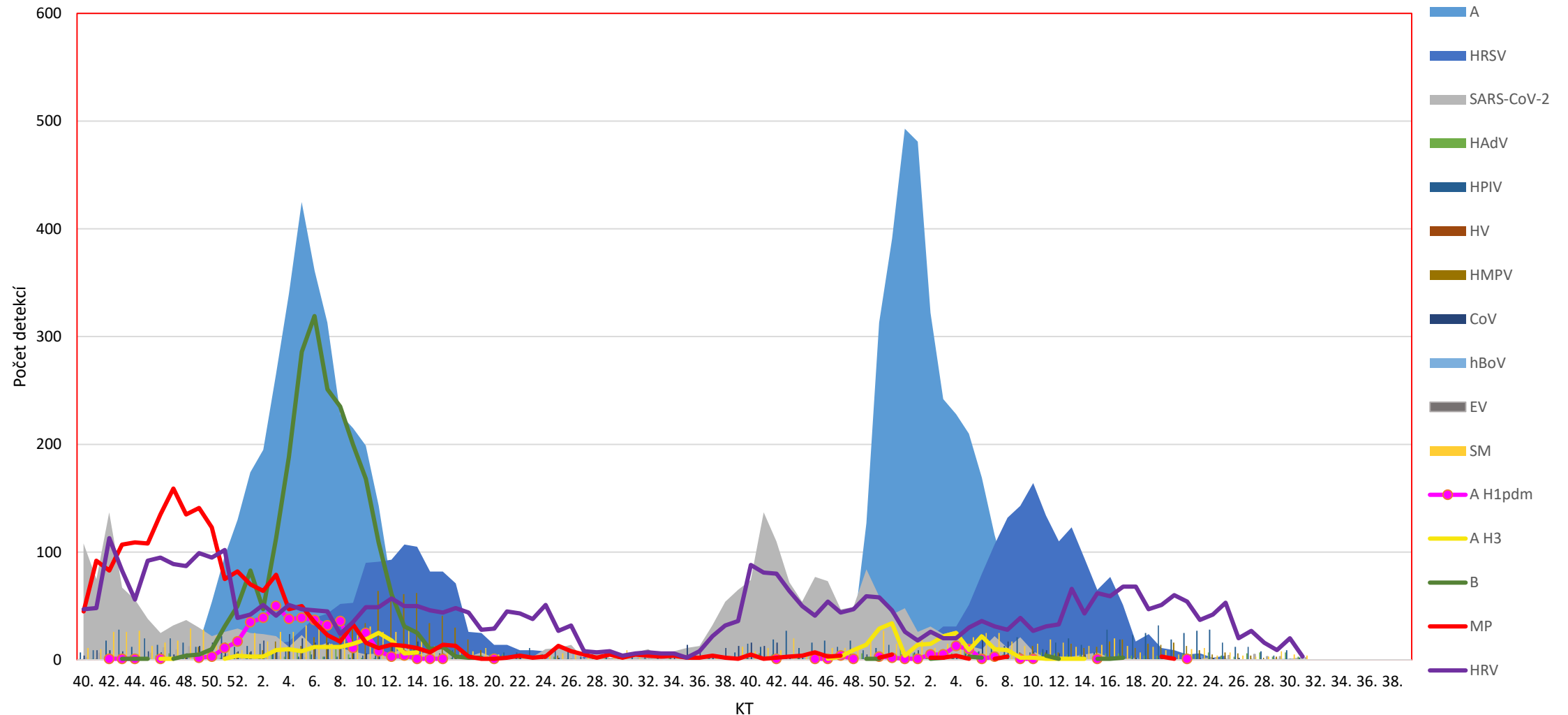
- I v létě cirkulují některé z respiračních virů.
- V posledním třech týdnech byly sporadicky zachyceny viry chřipky A.
- Byly zachyceny rhinoviry, adenoviry, enteroviry, viry parainfluenzy, sezónní koronavirus a SARS-CoV-2.
- Počty detekovaných respiračních virů odpovídají mimosezónnímu výskytu, s ohledem na nízké počty pozitivních záchytů nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů.

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		28.	podíl	29.	podíl	30.	podíl	31.	podíl	Kumulativně od 40.KT
Detekce viru	A		0,0%	1	3,1%	1	2,2%	1	5,2%	3358
	A H1pdm		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	56
	A H3		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	229
	B		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	23
	HRSV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	1567
	HAdV	7	17,9%	3	9,4%	7	15,5%	3	15,8%	234
	HPIV	8	20,5%	4	12,5%	9	20,0%	2	10,5%	621
	HV		0,0%	1	3,1%		0,0%		0,0%	38
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	56
	HMPV	2	5,1%	3	9,4%	1	2,2%		4,0%	239
	CoV		0,0%		0,0%	1	2,2%	1	5,2%	211
	HRV	16	41,0%	9	28,1%	20	44,4%	3	15,8%	1882
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	25
	EV	3	7,7%	3	9,4%		0,0%	2	10,5%	54
	SARS-CoV-2		0,0%		0,0%	1	2,2%	3	15,8%	1155
	SM	3	7,7%	8	25,0%	5	11,1%	4	21,0%	534
	pozitivní	39	13,4%	32	8,3%	45	13,7%	19	8,9%	10292
	negativní	252		352		284		193		37964
Celkový počet vyšetření:		291		384		329		212		48256

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 31. 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

EU/EHP 30. 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, NB.1.8.1 a BA.3.2 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. Přesto v Evropě a Severní Americe se začíná v sekvenačních datech hojně objevovat varianta RW.1.1. Varianta RW.1.1 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.
- Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 31. KT

- Celkový počet hlášených detekcí je nízký, což odpovídá sezóně a současně neumožňuje aktualizaci dat s vyšší výpovědní hodnotou.
- V posledním třech týdnech byly sporadicky zachyceny viry chřipky A.
- Během 31. KT byly zachyceny rhinoviry, adenoviry, enteroviry, viry parainfluenzy, sezónní koronavirus a SARS-CoV-2. S ohledem na nízké počty pozitivních záchytů nelze hovořit o dominanci žádného ze sledovaných patogenů.

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.