



Zpráva - virologická surveillance ARI/ILI včetně molekulární surveillance SARS-CoV-2 k 10/8/2026

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 31. 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 291 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. 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 může přispívat ke zvýšenému imunitnímu úniku této linie.

V Asii, (za poslední měsíc 282 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.

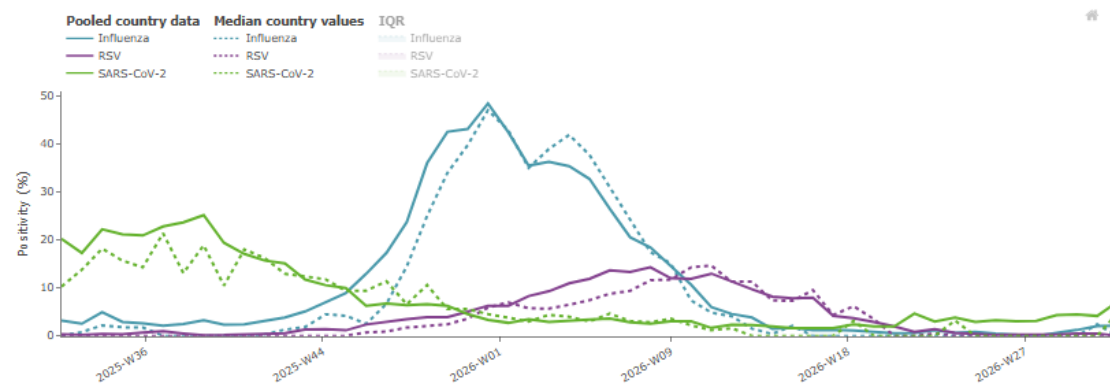
Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

EU/EEA virologická surveillance: porovnání sentinel surveillance (a), SARI surveillance (b) a detekce SARI podle věku (c) v 31. KT 2026

a)

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

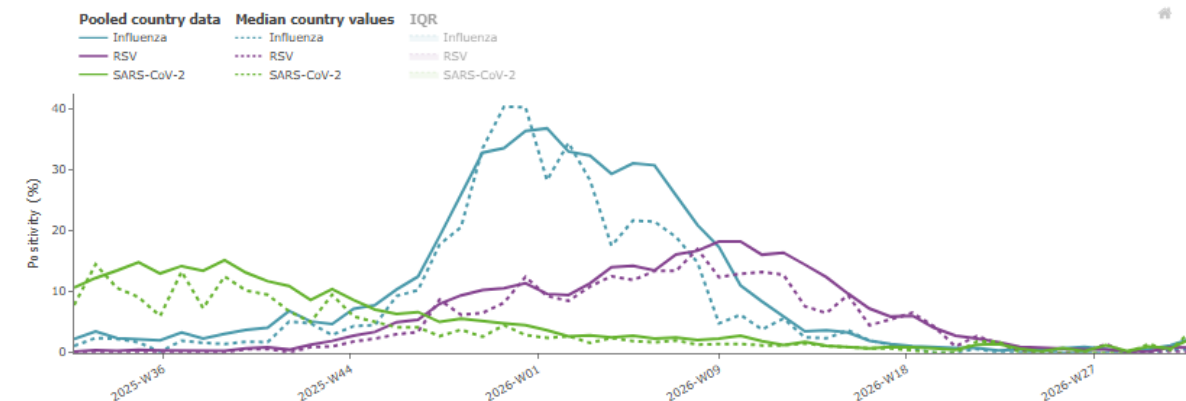
Figure Table



b)

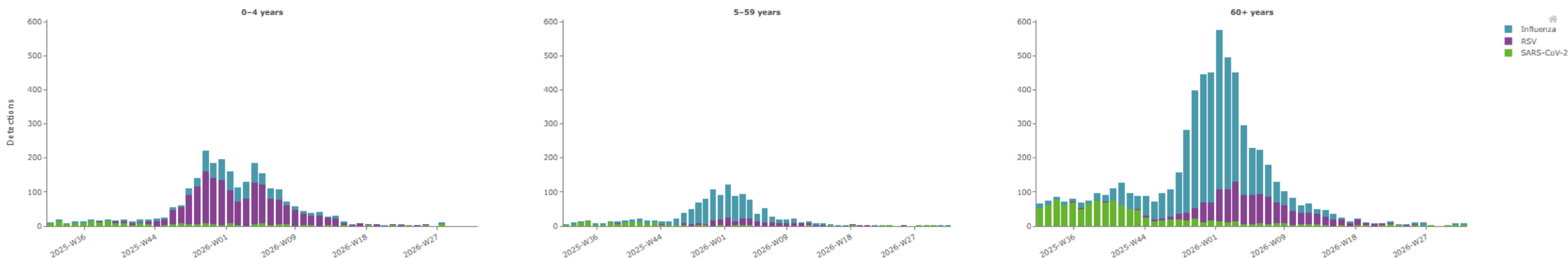
SARI virological surveillance in hospitals – weekly test positivity

Figure Table



c)

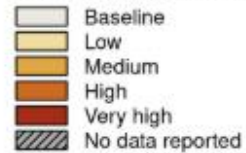
Weekly detections by age



Intensity of influenza activity 2026-W31



Intensity of influenza activity 2026-W31



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 6 August 2026.



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.

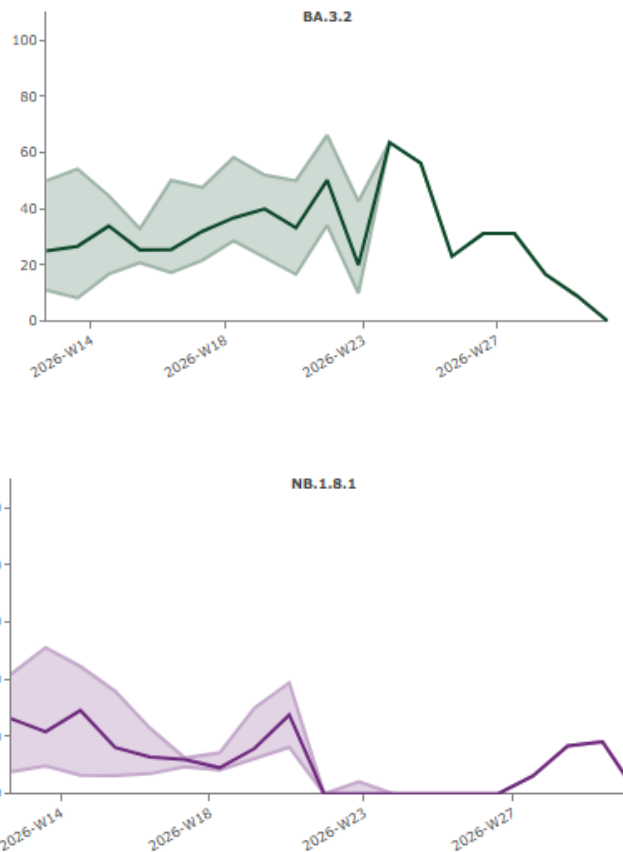
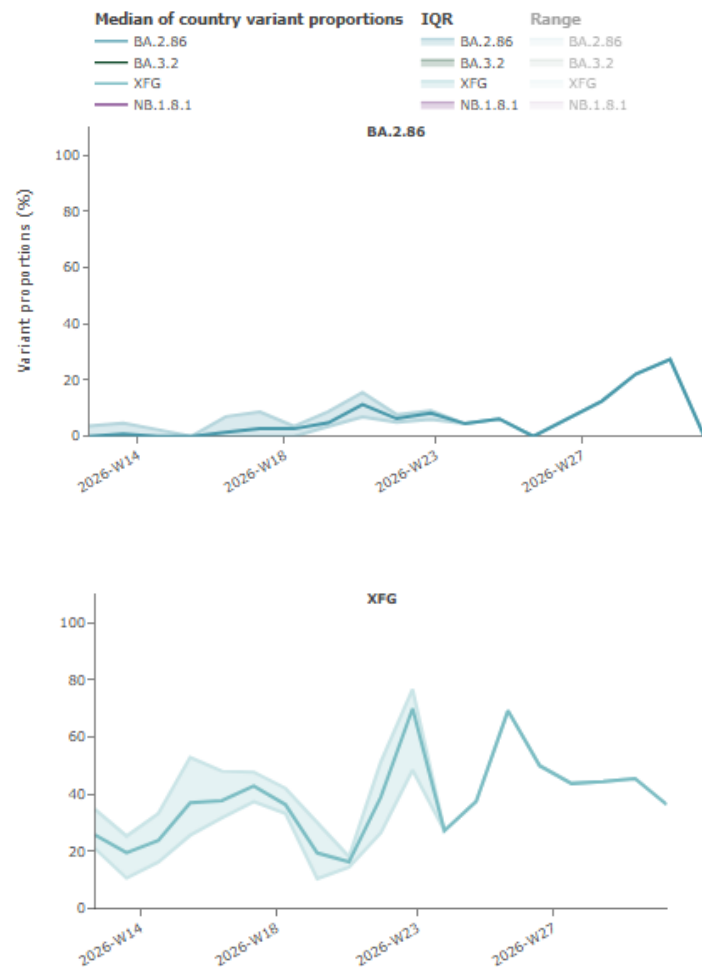
V segmentu **PA**, který je relevantní pro účinnost **Baloxaviru**, nebyly nalezeny žádné aminokyselinové změny spojené se sníženou citlivostí či rezistencí.

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 29. a 30. týdnu 2026



Map of volume of sequencing or genotyping, 2026-W29 to 2026-W30



Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken during 2026-W29 to 2026-W30



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 6 August 2026.



ECDC: SARS-CoV-2 monitorované varianty a varianty zájmu k 10. 8. 2026

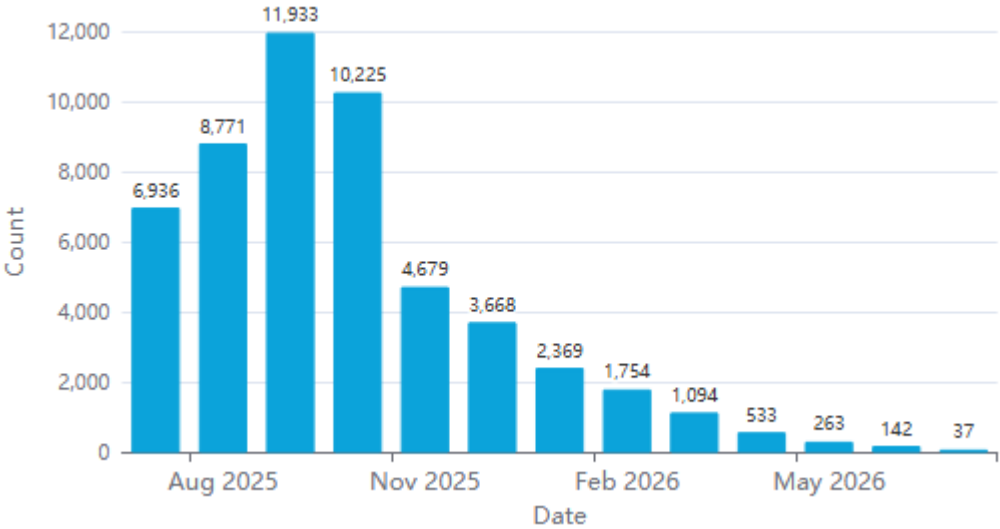
Variants of Interest (VOI)

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

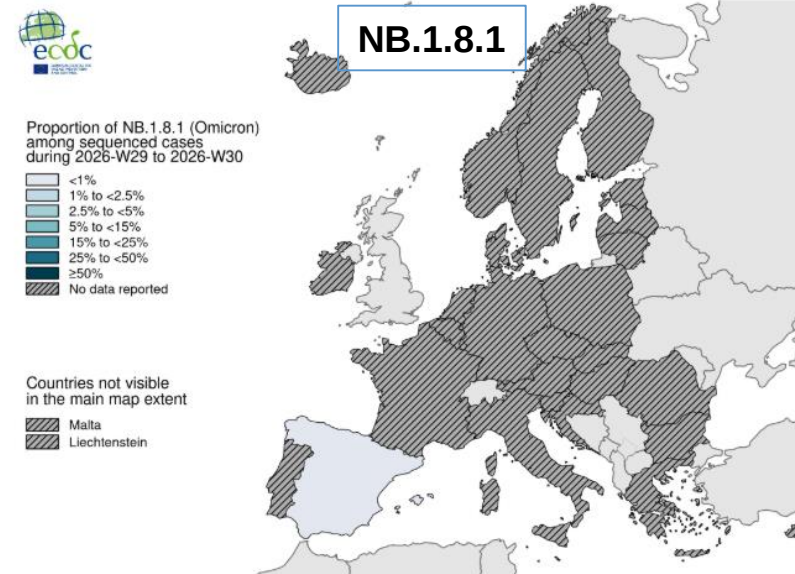
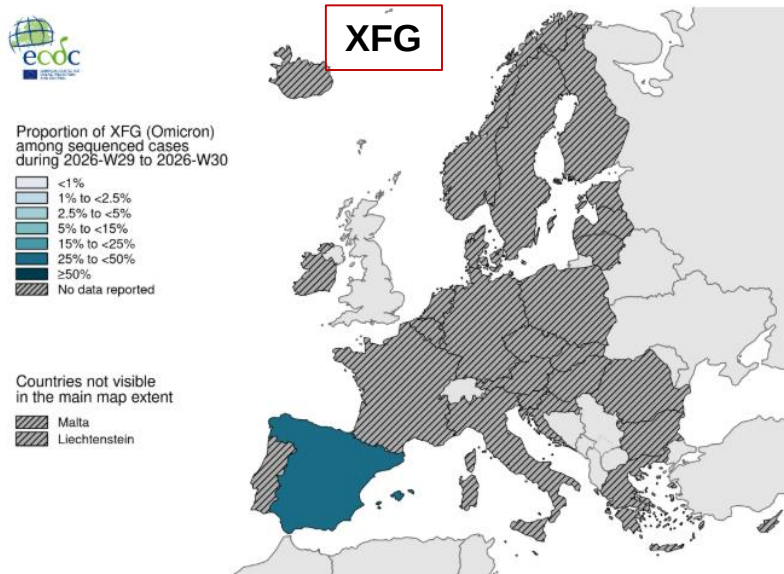
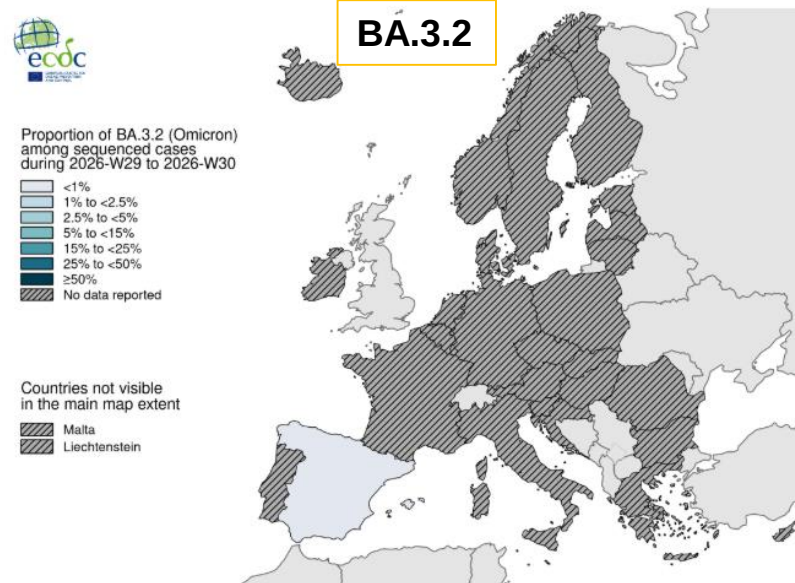
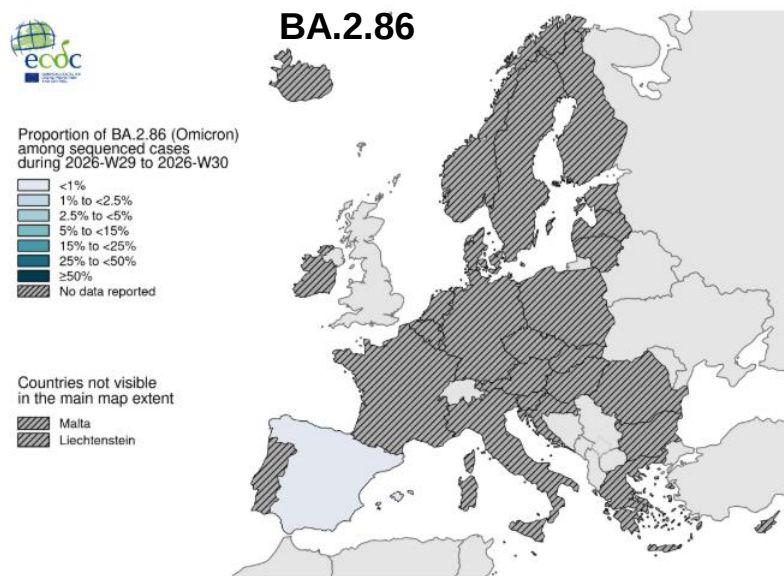
Variants under monitoring

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



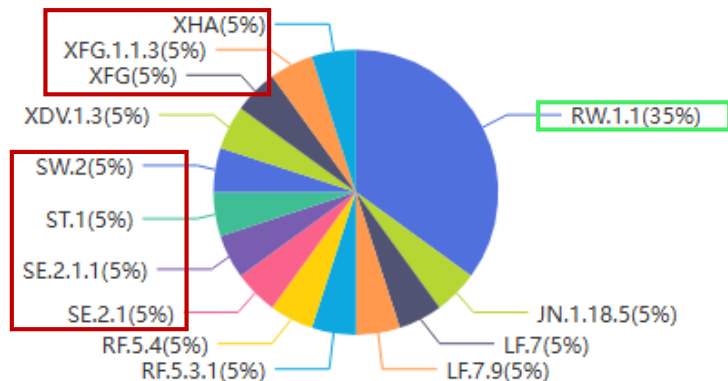
Distribuce sledovaných variant v Evropě v 29. týdnu - 30. týdnu (BA.2.86, BA.3.2, XFG, NB.1.8.1)



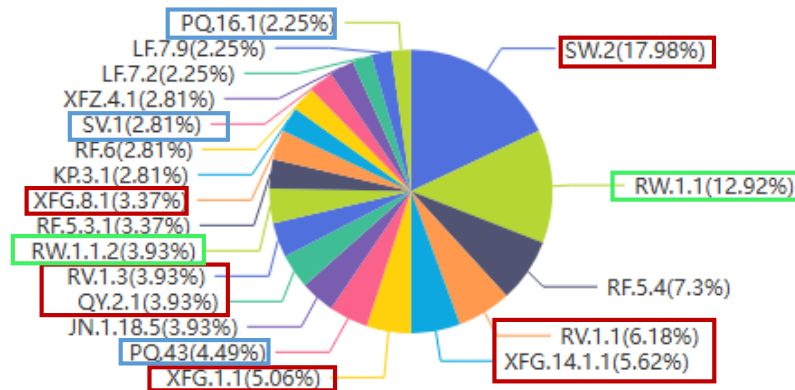
Distribuce variant SARS-CoV-2 v Evropě a Severní Americe k 10. 8. 2026

Kontinent	Evropa	Severní Amerika	Asie
Počet sekvenací	20	271	282

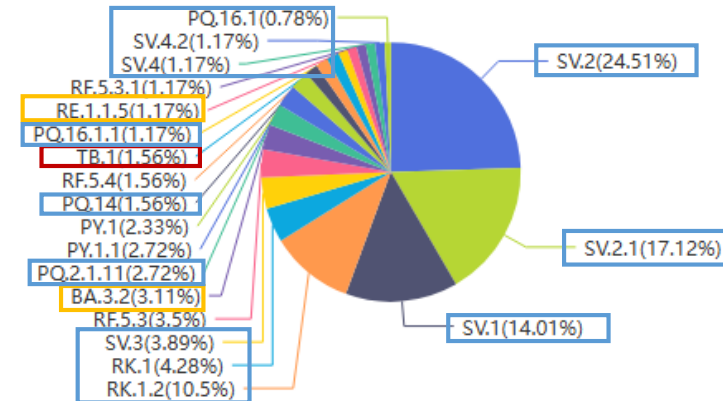
Evropa 10. 7. - 10. 8. 2026



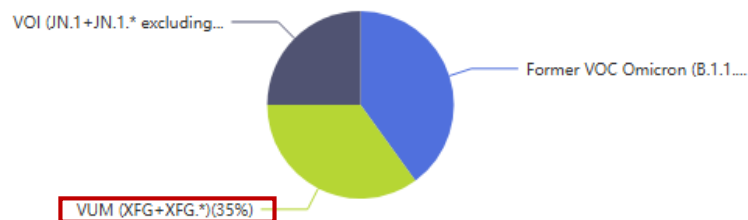
Severní Amerika 10. 7. – 10. 8. 2026



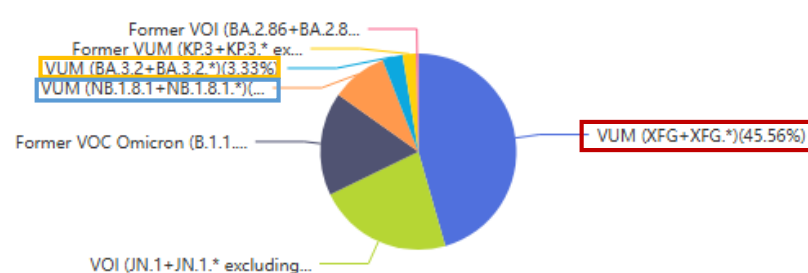
Asie 10. 7. - 10. 8. 2026



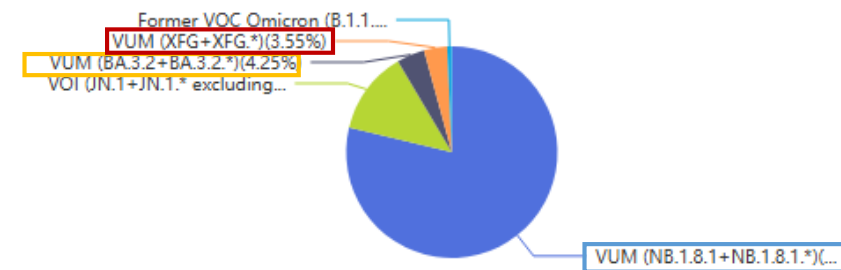
Evropa 10. 7. - 10. 8. 2026 (VUM)



Severní Amerika 10. 7. - 10. 8. 2026 (VUM)



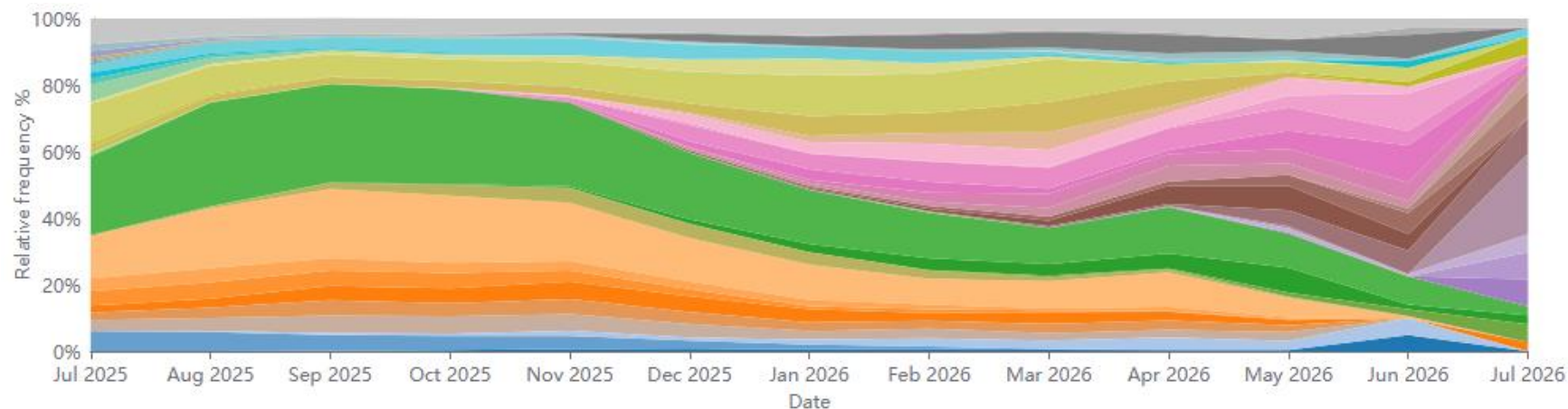
Asie 10. 7. - 10. 8. 2026 (VUM)



- 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.1, SV.2, SV.2.1, SV.3, SV4 a SV4.2 (tyto varianty jsou odvozeny od NB.1.8.1).

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



Varianty BA.3.2, XFG a NB.1.8.1 spadajú medzi monitorované varianty (VUM) podľa 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.

- | | | | |
|-------------|----------|-----------|-----------|
| XFZ | SE.2.1 | LB.1.3.1 | EG.5.1 |
| XFG.9 | RW.1.1.2 | KS.1 | CH.1.1 |
| XFG.6.2 | RW.1.1 | KP.3.3 | BA.3.2 |
| XFG.5.1 | RV.1.3 | KP.3.2 | BA.2.86.1 |
| XFG.5 | RV.1 | KP.3.1.1 | B |
| XFG.3.4.1 | RU.1 | KP.3.1 | ^X |
| XFG.3.4 | RF.5.4 | KP.3 | |
| XFG.3.1 | RF.5.3.1 | KP.2.3 | |
| XFG.3 | RE.2.3 | KP.2 | |
| XFG.17.2.1 | RE.2.2.9 | KP.1.1 | |
| XFG.14.1.1 | RE.2.2.3 | JN.1.9 | |
| XFG.1.1 | RE.2.2 | JN.1.7 | |
| XFG | RE.2.1.2 | JN.1.4 | |
| XEC.2 | RE.2.1 | JN.1.16.1 | |
| XEC | RE.1.1 | JN.1.16 | |
| XDK | PQ.2 | JN.1.11 | |
| XBB.2.3.11 | PQ.16.1 | JN.1.1 | |
| XBB.2.3 | PF.2 | JN.1 | |
| XBB.1.9.2 | NB.1.8.1 | JG.3 | |
| XBB.1.9.1 | NB.1 | JD.1.1 | |
| XBB.1.5 | LP.8.1.1 | HV.1 | |
| XBB.1.16.11 | LP.8.1 | HK.3 | |
| XBB.1.16 | LF.7.9 | FL.1.5.1 | |
| XBB.1 | LF.7.1.3 | EG.5.1.3 | |
| ST.1 | LF.7 | EG.5.1.1 | |

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.



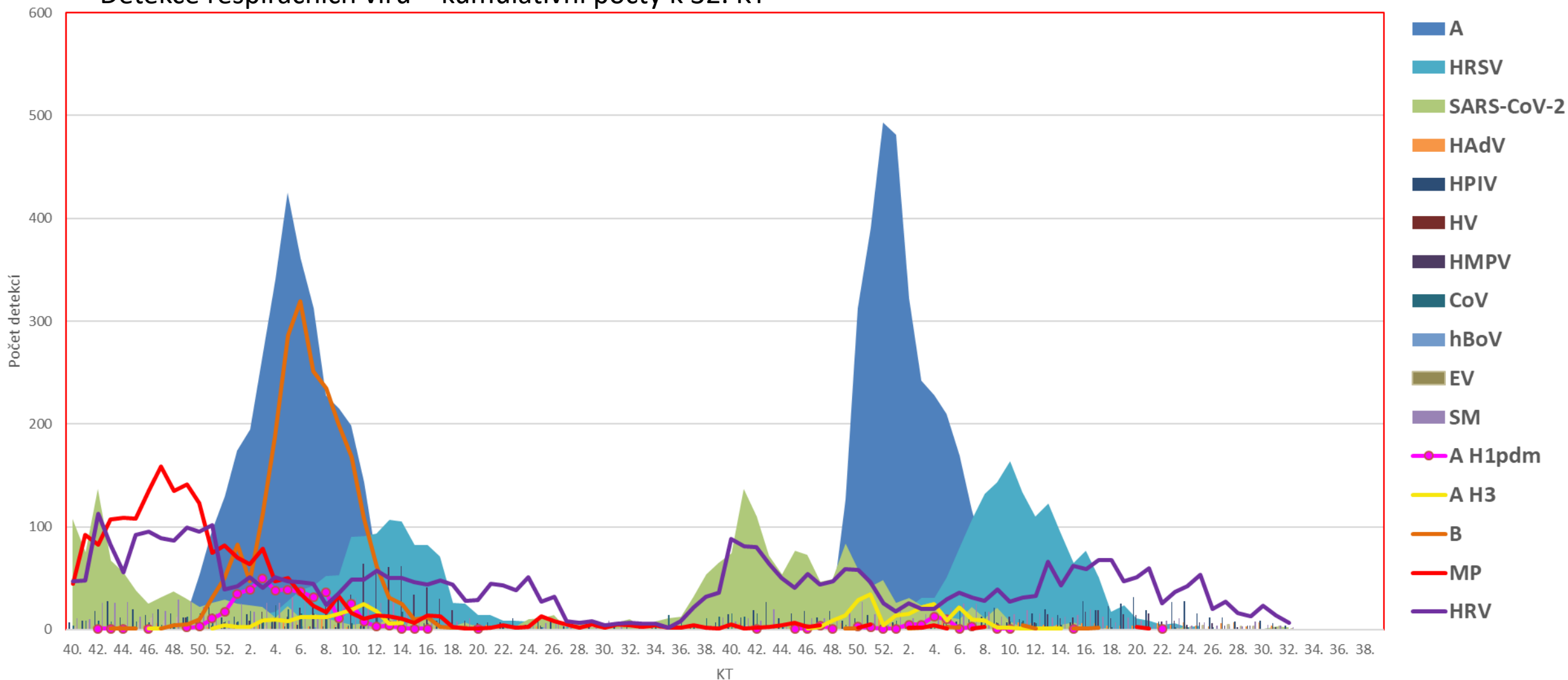
- I v létě cirkulují některé z respiračních virů.
- V posledním týdnech byly sporadicky zachyceny viry chřipky A.
- V rámci sentinelové a nonsentinelové surveillance respiračních virů byly zachyceny rhinoviry, enteroviry, viry parainfluenzy a SARS-CoV-2.
- Počty detekovaných respiračních virů odpovídají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

Virologická surveillance – data za 4 poslední KT

Kalendářní týden (KT)		29.	podíl	30.	podíl	31.	podíl	32.	podíl	Kumulativně od 36.KT
Detekce viru	A	1	2,7%	1	2,1%	2	5,1%	1	5,6%	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	3	8,1%	7	14,6%	4	10,3%		0,0%	241
	HPIV	4	10,8%	9	18,8%	6	15,4%	4	22,2%	638
	HV	1	2,7%		0,0%		0,0%	1	5,6%	38
	MP		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	65
	HMPV	4	10,8%	1	2,1%	2	5,1%		0,0%	238
	CoV		0,0%	1	2,1%	1	2,6%		0,0%	249
	HRV	13	35,1%	23	47,9%	14	35,9%	7	38,9%	1977
	hBoV		0,0%		0,0%		0,0%		0,0%	26
	EV	3	8,1%		0,0%	3	7,7%	1	5,6%	56
	SARS-CoV-2		0,0%	1	2,1%	3	7,7%	2	11,1%	1321
	SM	8	21,6%	5	10,4%	4	10,3%	2	11,1%	554
	pozitivní	37	8,4%	48	12,3%	39	10,5%	18	6,6%	10642
	negativní	403		341		332		253		40483
Celkový počet vyšetření:		440		389		371		271		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

EU/EHP 31. 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 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 sekvenačních datech objevovat varianta RW.1.1. V Asijském regionu dominuje varianta PQ.16.1.1 a její potomci SV.1, SV.2, SV.2.1, SV.3, SV4 a SV4.2 (tyto varianty jsou odvozeny od NB.1.8.1).
- Složení vakcíny proti covid-19 zůstává zatím nezměněno.

Virologická surveillance ČR 32. 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.

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.