



Folkhälsomyndigheten

Virologisk säsongssammanfattning 2025-2026 & övervakning framåt

Neus Latorre-Margalef

Enheten för laborativ virus- och
vaccinövervakning, Avd. Mikrobiologi



Agenda

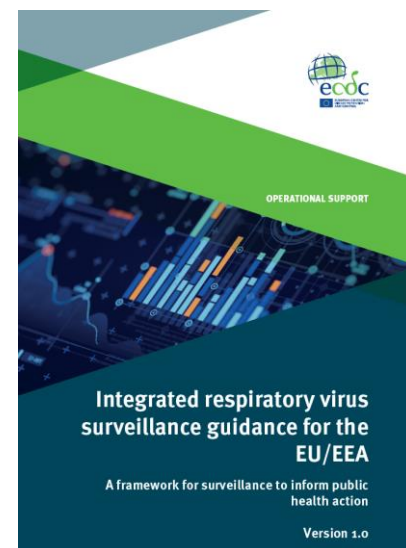
- Övervakning
 - Sammanfattning vintersäsongen 2025-2026 och framåtblick
 - Influenta
 - SARS-CoV-2 varianter
- RS-virus – Session 4: Utvärdering av första RS-säsongen med skydd till spädbarn (kl **12:25-13:00**)

Gemensamma mål för mikrobiologiska övervakningsprogram av luftvägsvirus

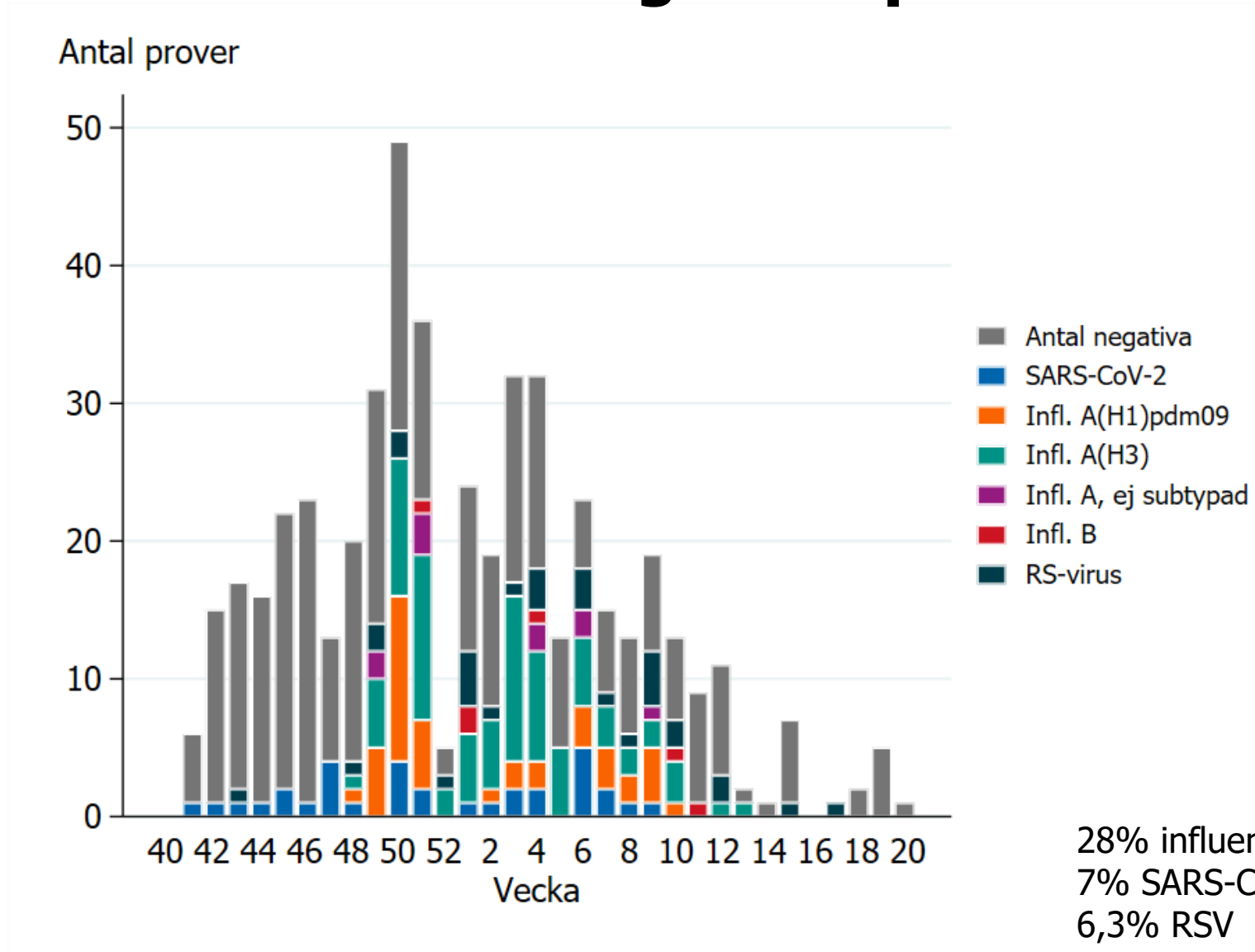
- Karakterisera virusstammar som cirkulerar i samhället inklusive nya varianter
- Följa virusförändringar över tid
- Bedöma om antiviraler, vacciner och antikroppsbehandlingar är effektiva
- Bidra till internationell rapportering av sekvensdata och bygga upp kunskap inför WHO rekommendationer om vaccininnehåll → NRL, NIC & CoViNet

 Arbete pågår för att integrera och harmonisera övervakningen

<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/guidance-integrated-respiratory-surveillance>



Sentinelövervakning inom primärvården, 2025-2026



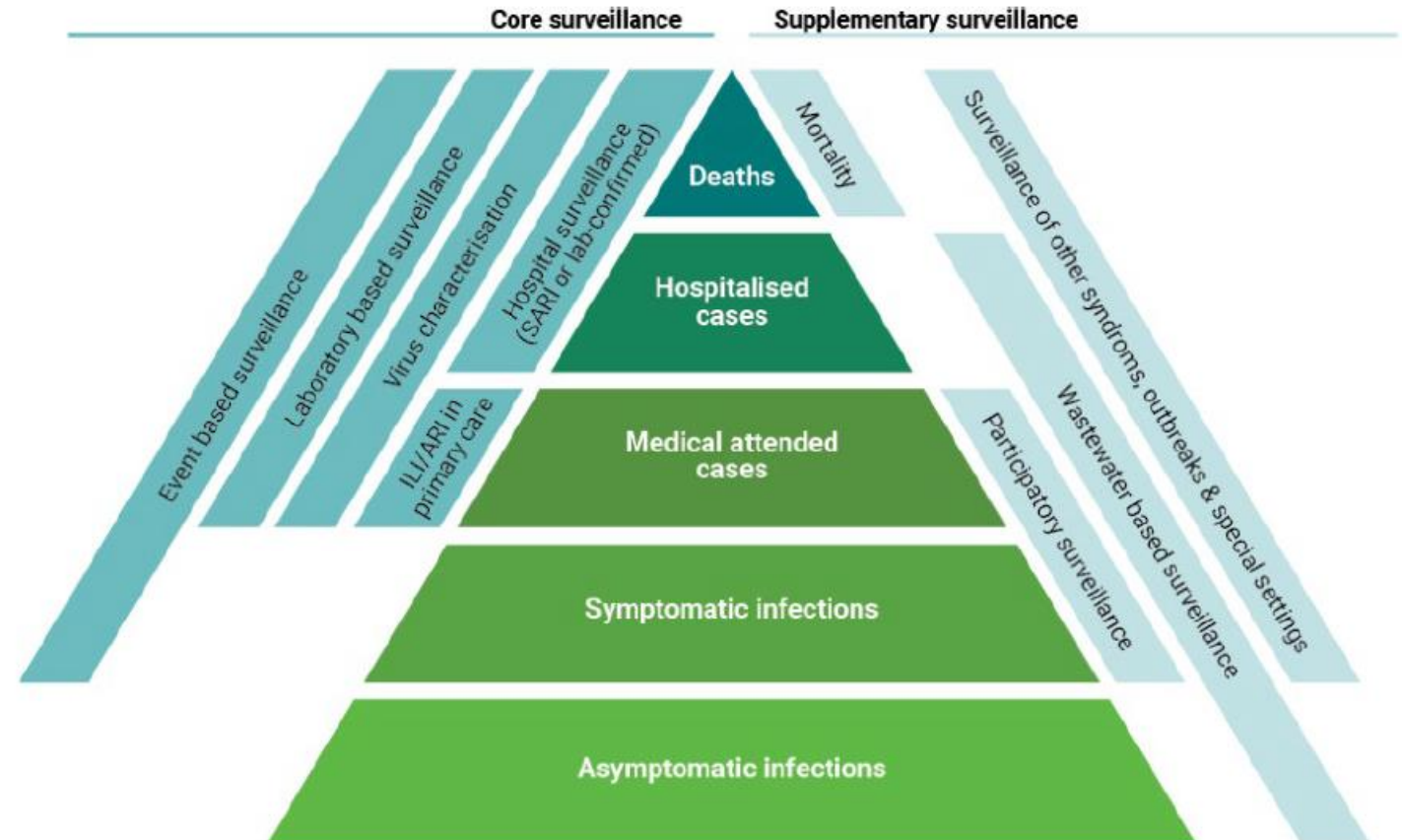
28% influensa: 67% A(H3), 34% A(H1)pdm09, 6 st B/Vic
7% SARS-CoV-2
6,3% RSV
Totalt positivitet 41,6%

[Lägesrapport om luftvägsvirus](#)

Representativitet

- Åldersgrupper
- Geografisk och temporal spridning
- Variation av svårighetsgrad
(sentinel vs. sjukhusvårdade och IVA fall)
- Genombrottsinfektioner

Figure 1. Surveillance pyramid with core and supplementary surveillance systems



Source: ECDC

Mer om övervakning i **Session 5: Pandemiberedskap och zoonotisk influensa, kl 14:00-14:50**

Report: Evaluation of the representativeness of Sweden's virological surveillance system for influenza during 2024-2025

Primary investigator: Kate Lillepold, EPIET Fellow, Public Health Agency of Sweden

Befolkning vs. Sminet fall

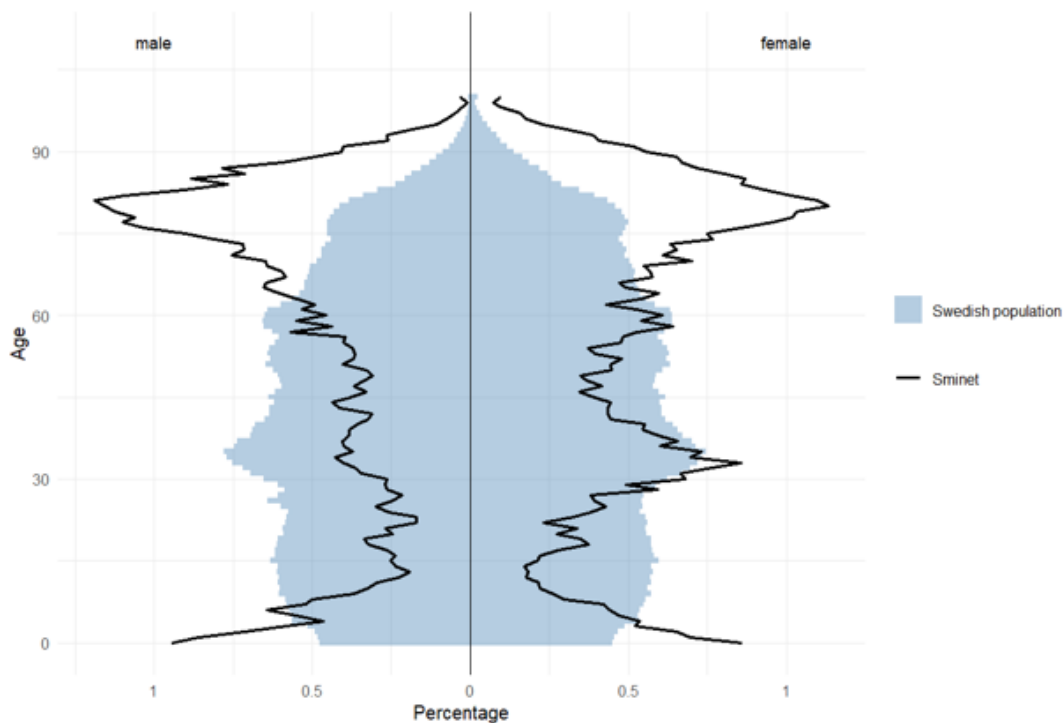
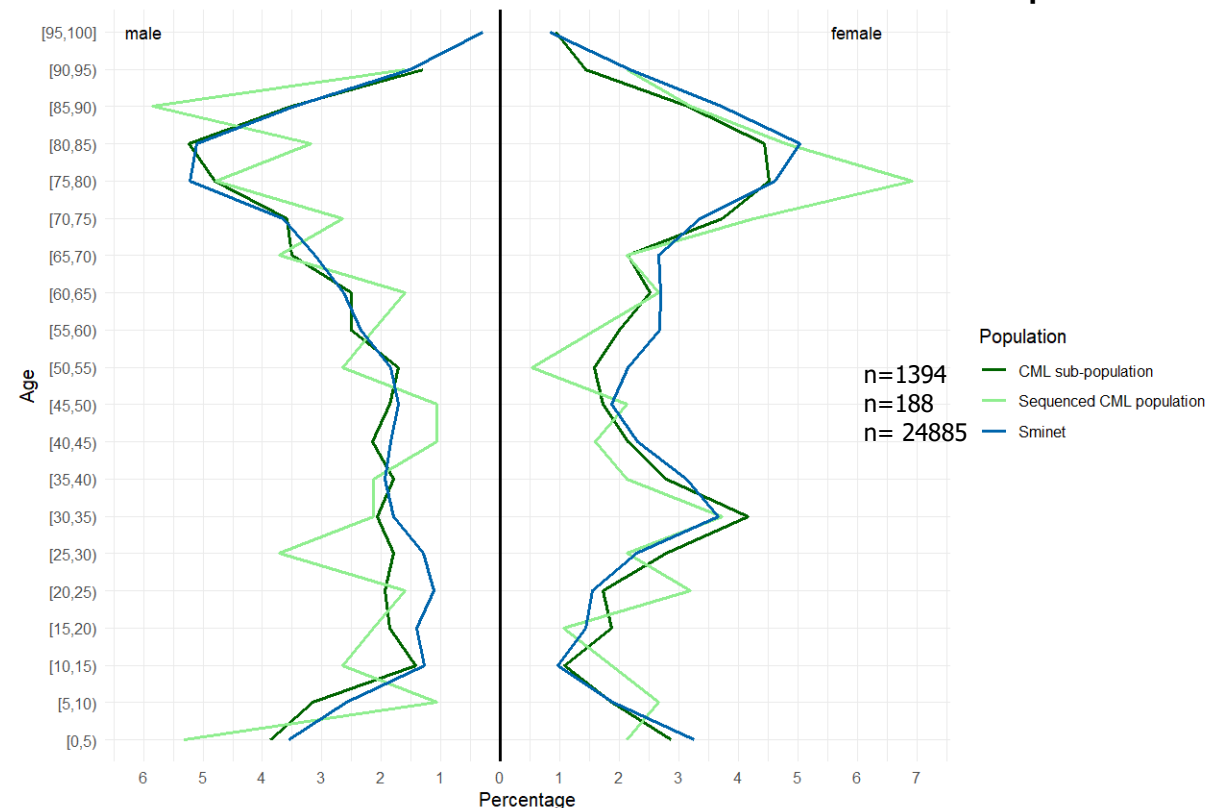


Figure 2a. Comparison of age and sex distribution between the Swedish general population in blue (n= 10605481) and the Sminet population (n=24995). Values represent the percentage of the total population within each data source belonging to a given age–sex group. Male proportions are shown on the left and female proportions on the right.

Sminet fall vs. inskickade och sekvenserade prover



Ålder grupperad i 5 års kategorier, ≥ 95 grupperad
Värdena representerar andelen av den totala
populationen inom varje datakälla som tillhör en given ålders- och könsgupp.

Nyheter kring riktad insamlingsstrategi säsongen 2026-2027

Vilka influensaprover vill vi ha in för karakterisering? – **Kriterier för prover från vecka 40 från alla KML:**

- ✓ Influensa A/B från patienter där laboratoriet fått information om **svår sjukdom** och/eller vid **ovanlig sjukdomsbild** (till exempel IVA-vårdade, CNS-engagemang)
- ✓ Patienter med **vaccinationsgenombrott**
- ✓ Prover från **utbrott** inom vård och särskilda boenden
- ✓ Influensa A med ct-värde <33 som **inte kunnat subtypas** till A(H1)pdm09 eller A(H3) vid lokal subtypnings-PCR.

För att uppfylla **geografisk** och **temporal representativitet** – Vi kommer att kommunicera med några **utvalda KML**

- ✓ Vi önskar att ni löpande skickar **upp till 5 influensa A/B-positiva prover** per vecka (till oss inom det nationella mikrobiologiska övervakningsprogrammet)
- ✓ Gärna **starka** prover med minst 500 µl provmaterial



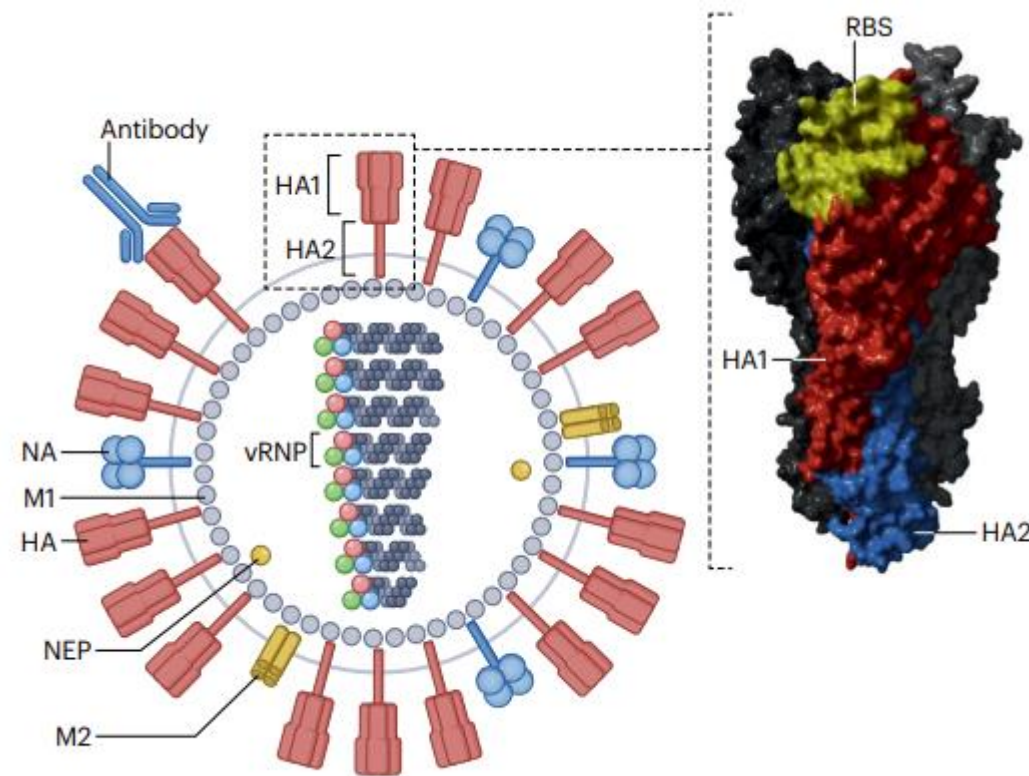


Folkhälsomyndigheten

Säsongssammanfattning 2025-2026 influensa i Sverige/Världen

Karakterisering av svenska influensastammar

- WHO-uppdrag som nationellt influensacenter (NIC) samt nationellt referenslab
Virologisk övervakning av cirkulerande influensastammar:
 - Rapportering till: ECDC, WHO, sekvensdata till GISAID
 - Isolat skickas till WHO:cc (samarbetscenter i London) för antigeniska och fenotypiska analyser (antiviral resistens)
- Prover från:
 - Kliniska mikrobiologiska laboratorier
 - Sentinelövervakning inom primärvården
- Sub- och linjetypning
- Sekvensering och isolering på FoHM
 - Genetiska grupper (**HA**)
 - Markörer för antiviral resistens (**M, NA, PA**)

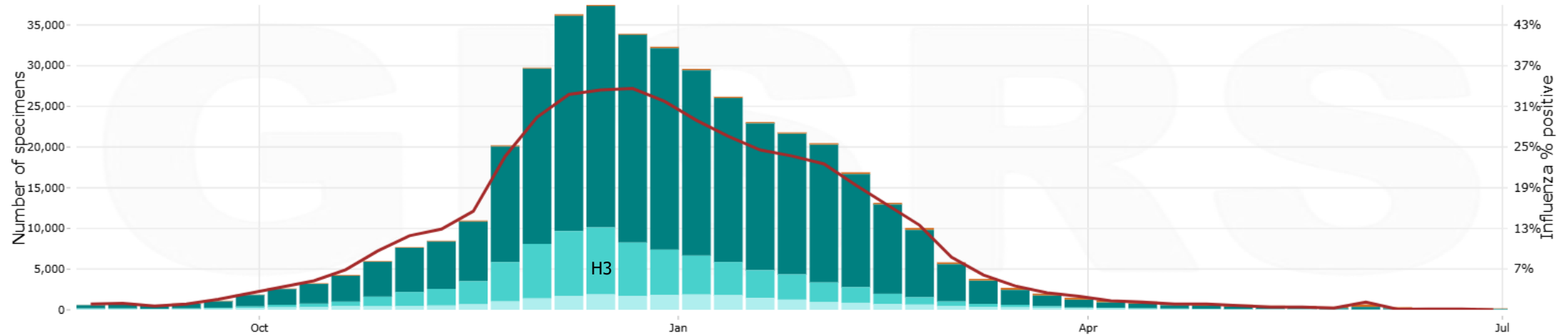


Han et al. 2023
Nature Reviews Microbiology

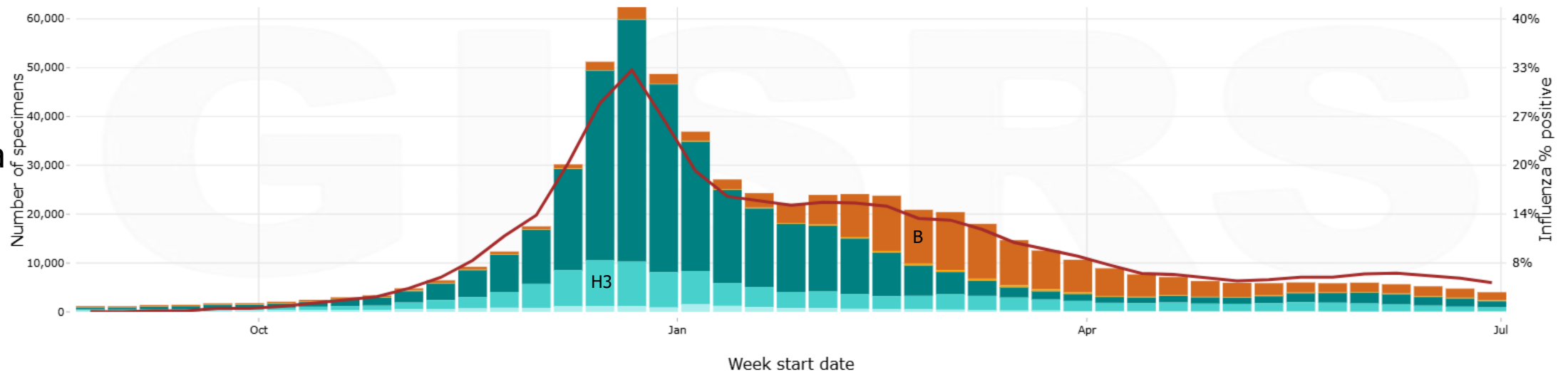
Säsongen på norra halvklotet

Globalt sett mest A(H3)pdm09 men även cirkulation av A(H1)pdm09 och B/Victoria i Nordamerika

Europa

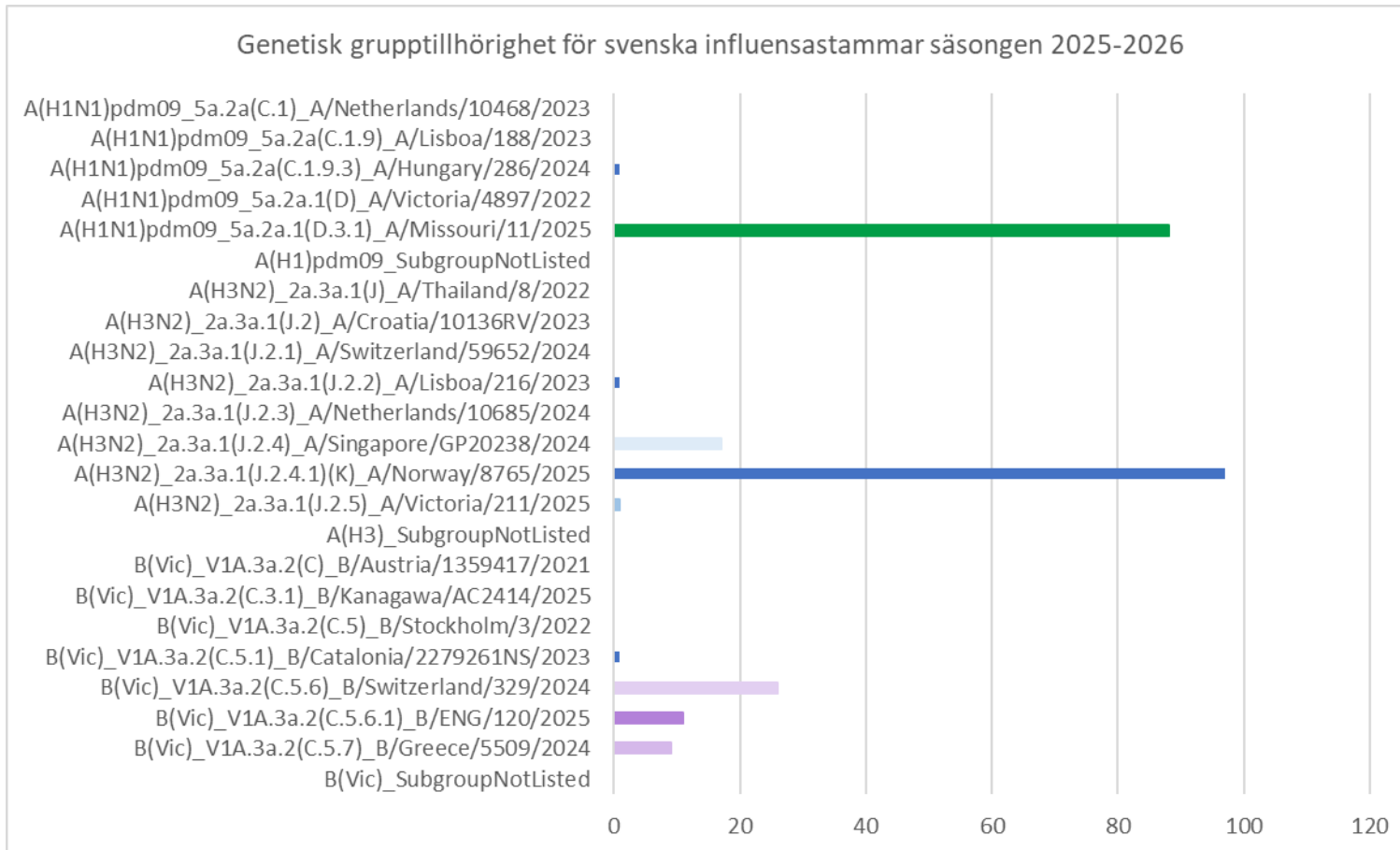


Nordamerika



Influenza subtypes B (lineage not determined) B (Yamagata) B (Victoria) A not subtyped A (H5) A (H3) A (H1N1)pdm09 Influenza percent positive

Genetiska grupper, Sverige 2025-2026



Cirkulerande stammar vs vaccinstammar
säsong 2025-2026:

A(H1N1)pdm09 – måttlig/delvis match

A(H3N2) – måttlig/delvis → Rekommenderad
vaccinstam för 2026-27 har uppdaterats till
K-varianten A/Darwin/1454/2025 (H3N2)-
like virus

B/Victoria – bra match men låg cirkulation

Antiviral resistens på låga nivåer. 7 av 251
virus med markörer för minskad känslighet
för NA-hämmare.

Inga resistensmarkörer för baloxavir
påvisade i PA-generna hos analyserade
virus

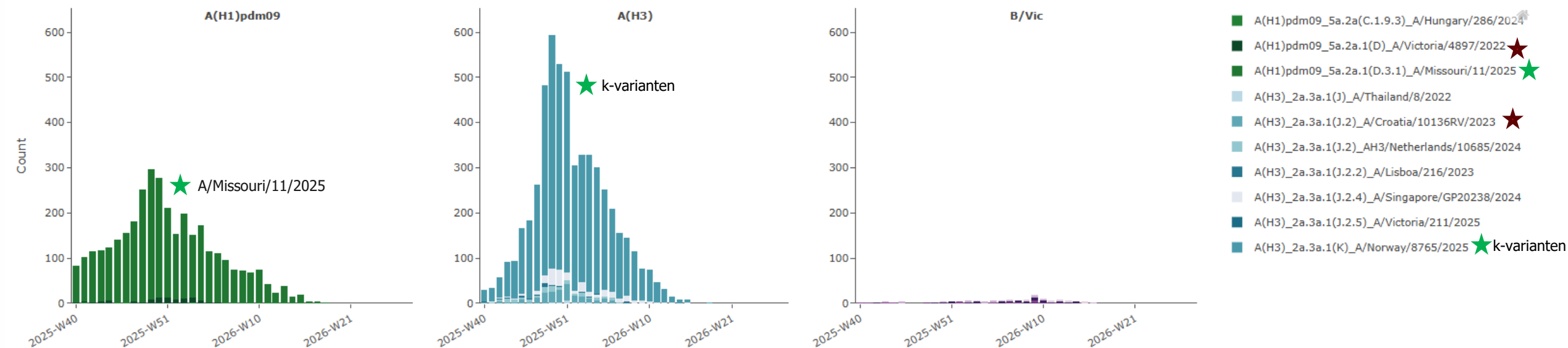
Läs mer i Influenza in Sweden!

Genetiska grupper bland cirkulerande influensavirus, Europa

v40-2025 t.o.m v36-2026

Weekly influenza virus detections by genetic clade and subtype

● Count ○ Percentage



★ Vaccinstammar 2025-26

B/Austria/1359417/2021-like virus_3a.2 (C)

★ Vaccinstammar 2026-27 [WHO Vaccine composition](#)

→ Alla stammar har bytts ut jämfört med vaccinet för NH 2025-2026

A/Missouri/11/2025 (H1N1)pdm09-like virus

A/Darwin/1454/2025 (H3N2)-like virus_2a.3a.1 (k-varianten)

B/Tokyo/EIS13-175/2025 (B/Vic)-like virus_3a.2 (C.5.6)

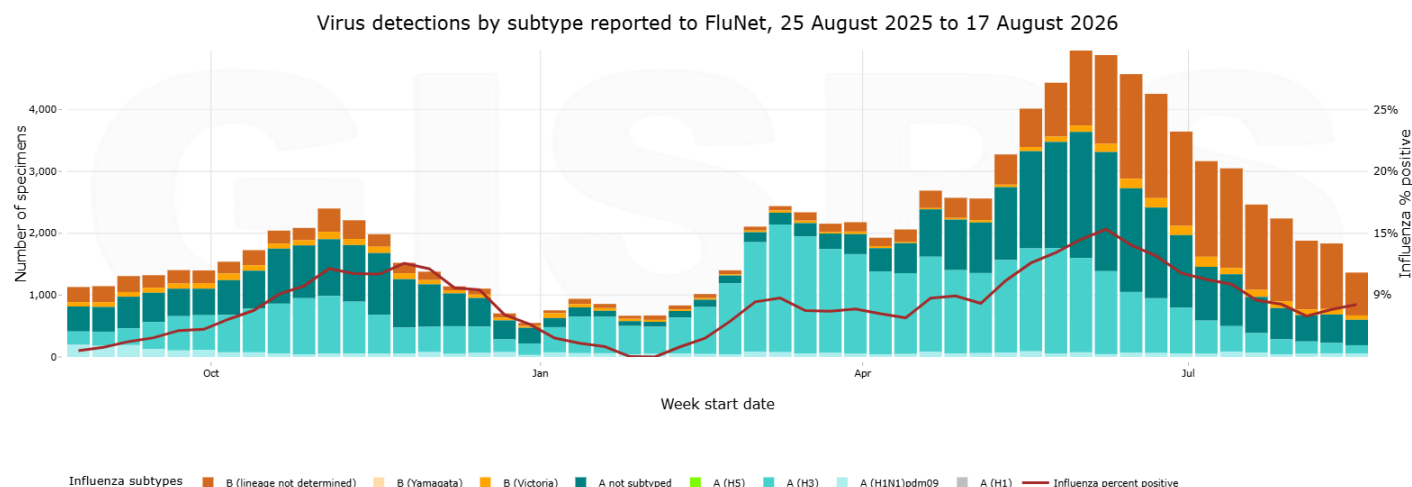
EU länder

<https://erviss.org/>

Säsongen på södra halvklotet

Globalt sett mest A(H3), K-varianten men även viss cirkulation av B/Victoria

- Sydamerika och tropiska Sydamerika: dominans av A(H3) och cirkulation av B/Victoria, Argentina dominans A(H3), Chile A(H3) och ganska mycket B/Vic, Centralamerika A(H3)
- Sydafrika: samcirkulation av A(H3) och A(H1)pdm09
- Oceanien/Australien: dominans av A(H3) (fortfarande ökande aktivitet)
- 2 av 3 vaccinstammar uppdaterade mellan säsongen 2026 södra halvklotet och hösten 2026-2027 norra halvklotet för bättre match mot cirkulerande virus
- WHO möte för vaccinval södra halvklotet 2026 hålls 21-25 sept 2026, Lyon, Frankrike
- Ingen bekräftad cirkulation av B/Yamagata

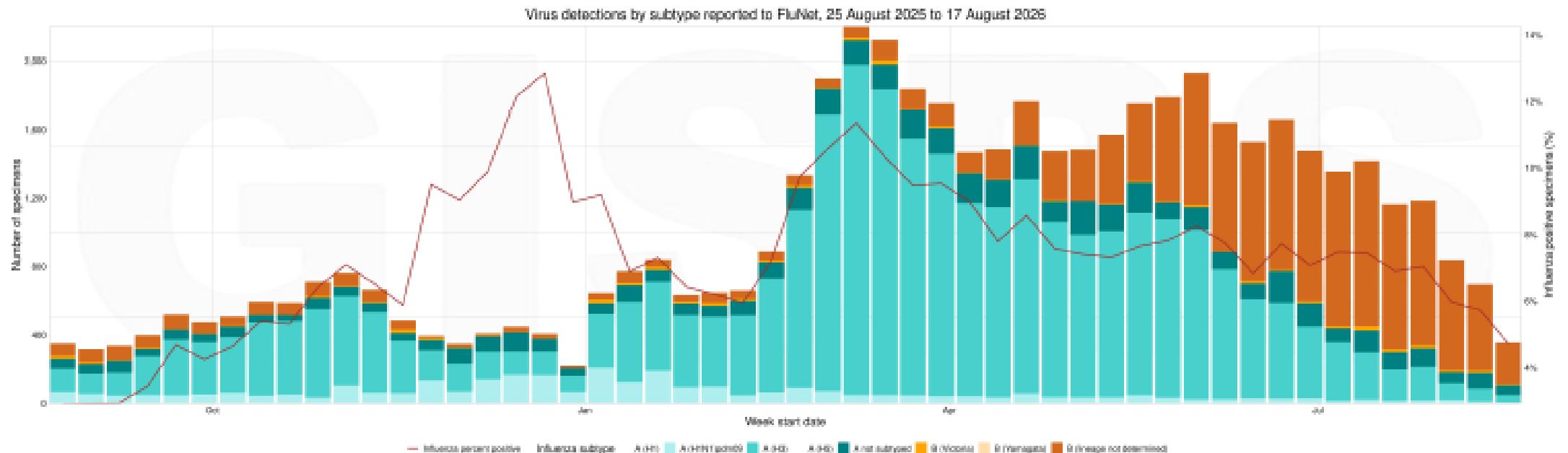


<https://worldhealthorg.shinyapps.io/flunetchart/>

Tropiska Sydamerika: dominans av A/H3 + B/Vic



INFLUENZA LABORATORY SURVEILLANCE INFORMATION

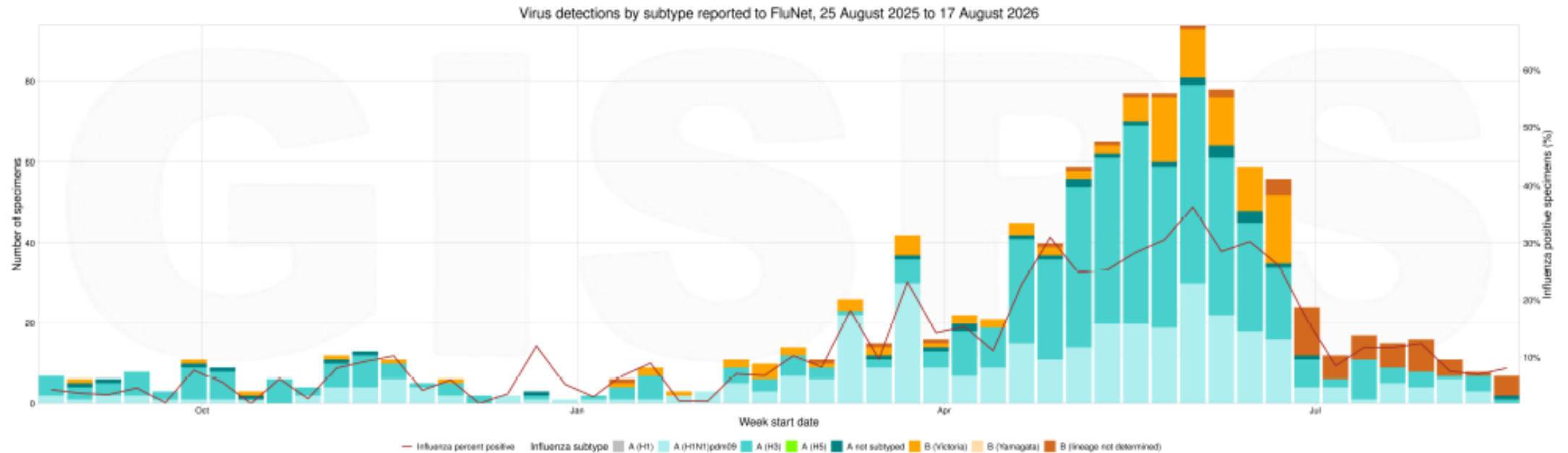


The chart above is displayed for Tropical South America in all sites for week start dates 25 August 2025 to 17 August 2026

Södra Afrika: samcirkulation av A/H3 och A/H1pdm09



INFLUENZA LABORATORY SURVEILLANCE INFORMATION



The chart above is displayed for Southern Africa in all sites for week start dates 25 August 2025 to 17 August 2026



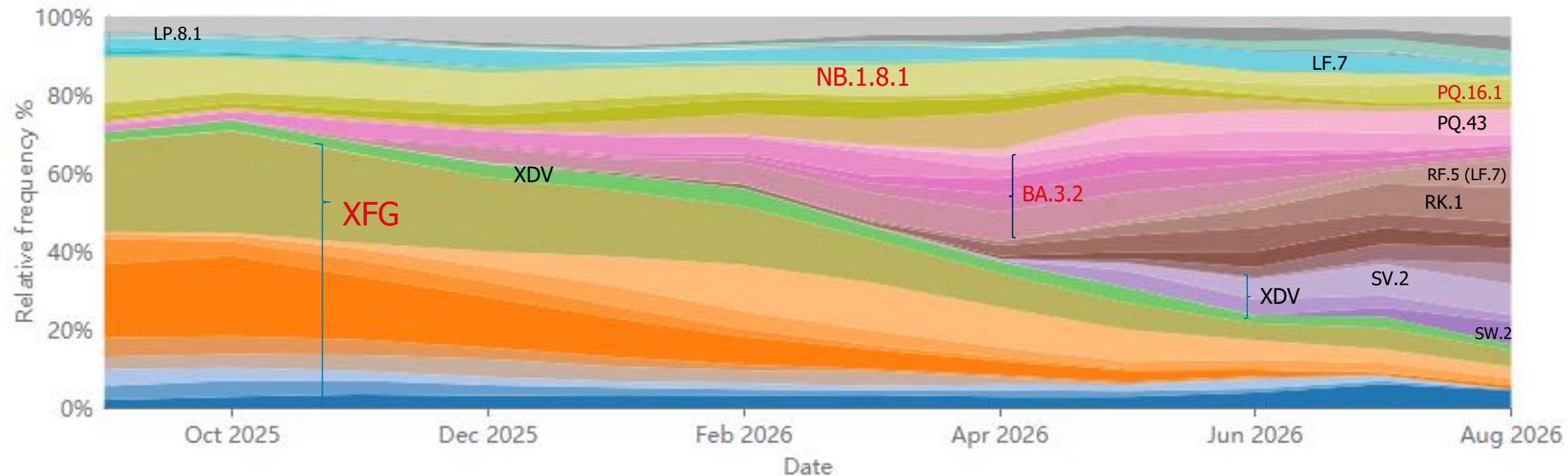
Folkhälsomyndigheten

Säsongssammanfattning 2025-2026

SARS-CoV-2 varianter

Utveckling inom omikronvarianten 2025-2026

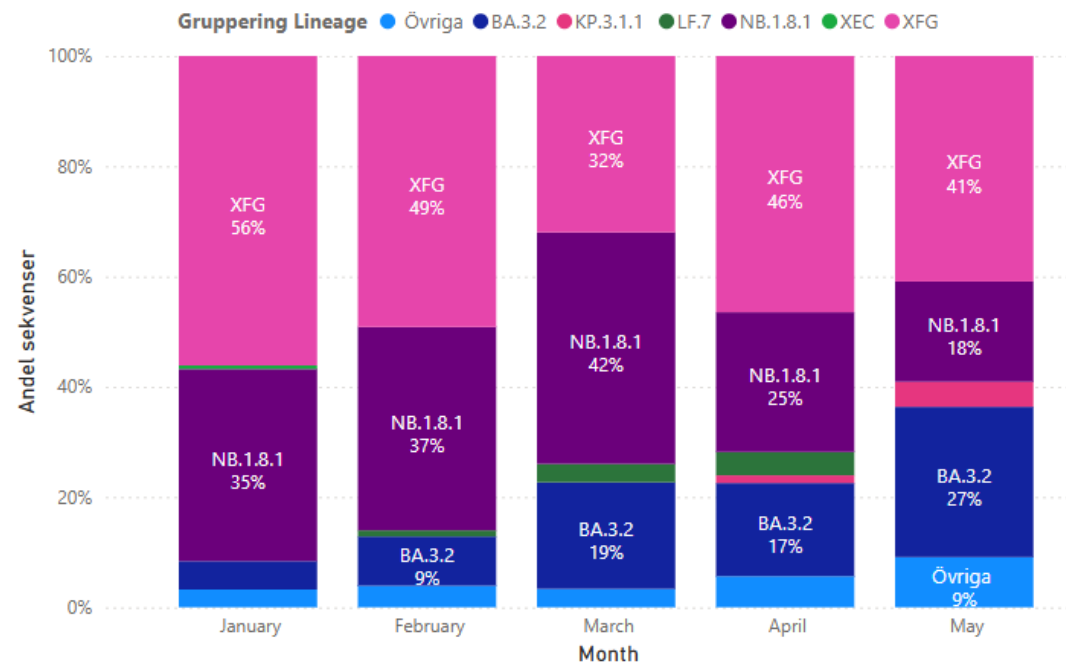
- Immunitet från vaccination och/eller infektion hos stora delar av världens befolkning
- Undervarianter med förmåga att undvika immunförsvaret framgångsrika genom utveckling av mutationer i spike-proteinet



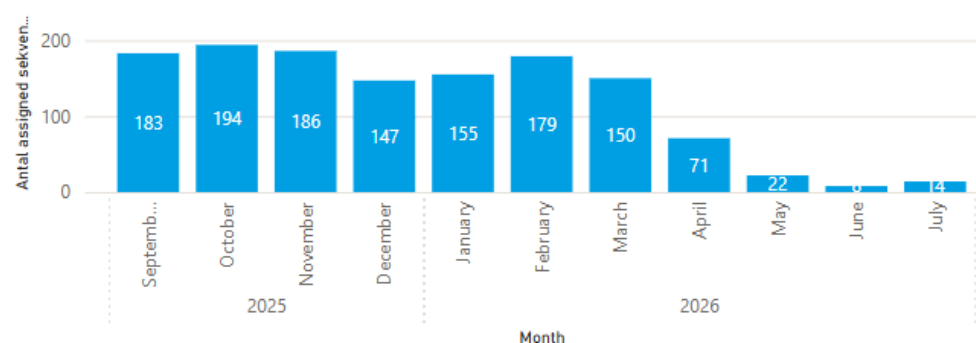
Global, GISAID tom augusti 2026, **VUM**

SARS-CoV-2 virusvarianter 2026, Sverige

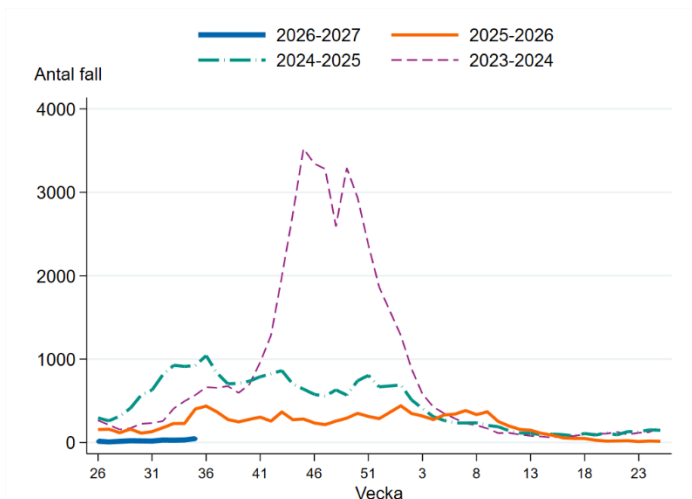
Andel sekvenser per grupperade lineages per månad



Assigned sekvenser per månad



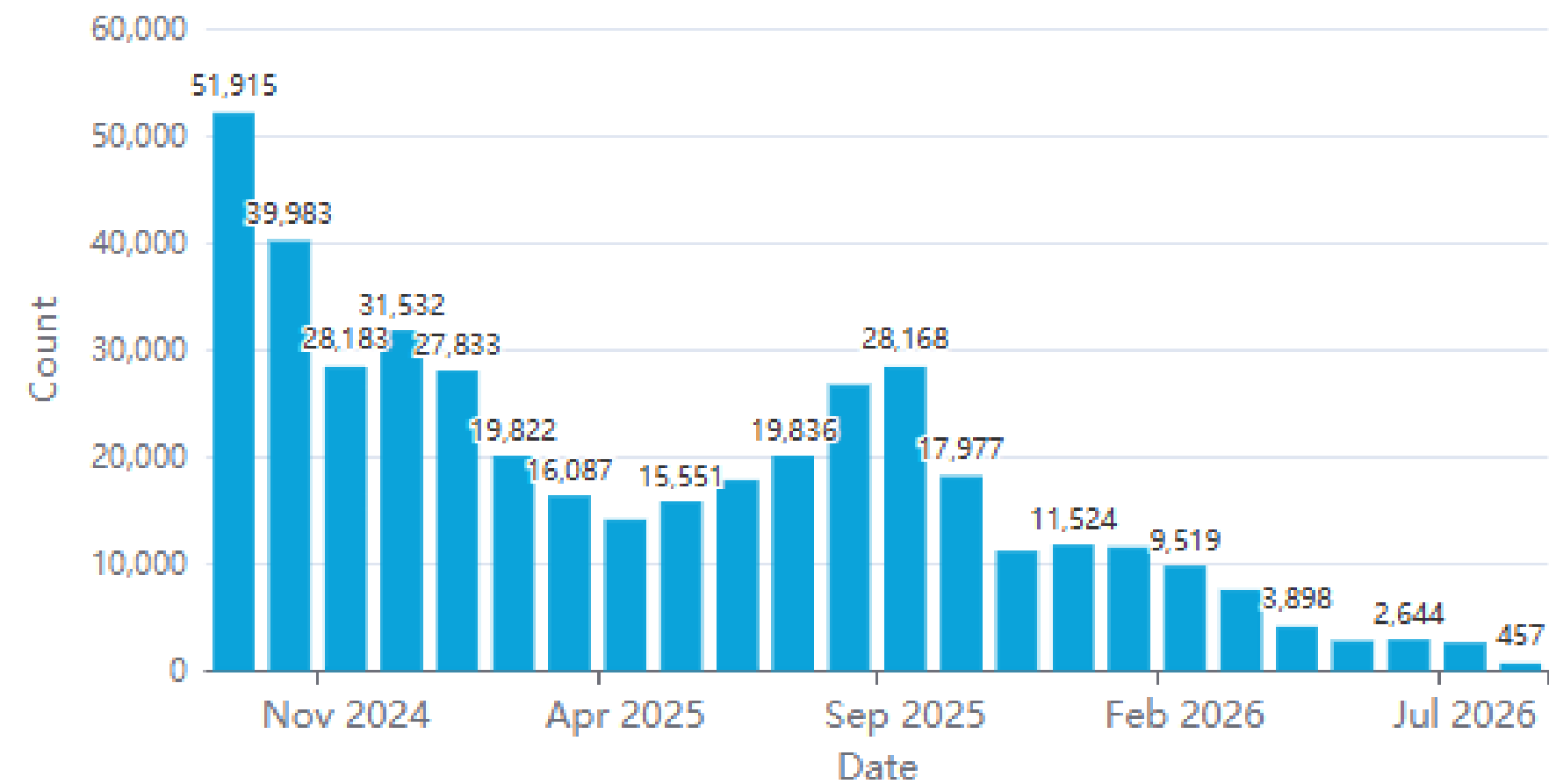
- Ersättning för 210 sekvenser/provtagningsmånad (10 sekvenser/region)



- Låg smittspridning, utebliven vintervåg
- Undergrupper inom JN.1-varianter cirkulerade under vintern
 - NB.1.8.1 (XDV rekombinant mellan JN.1 och XBB)
 - XFG (rekombinant mellan LF.7 och LP.8.1)
- Under våren tillkom BA.3.2 (VUM dec 2025) och undervarianter
- PQ.16.1.1: ny VUM (Variant Under Monitoring) juli 2026: rapporterat från Singapore, en detektion i Sverige

Liknande trender i avloppsvatten.

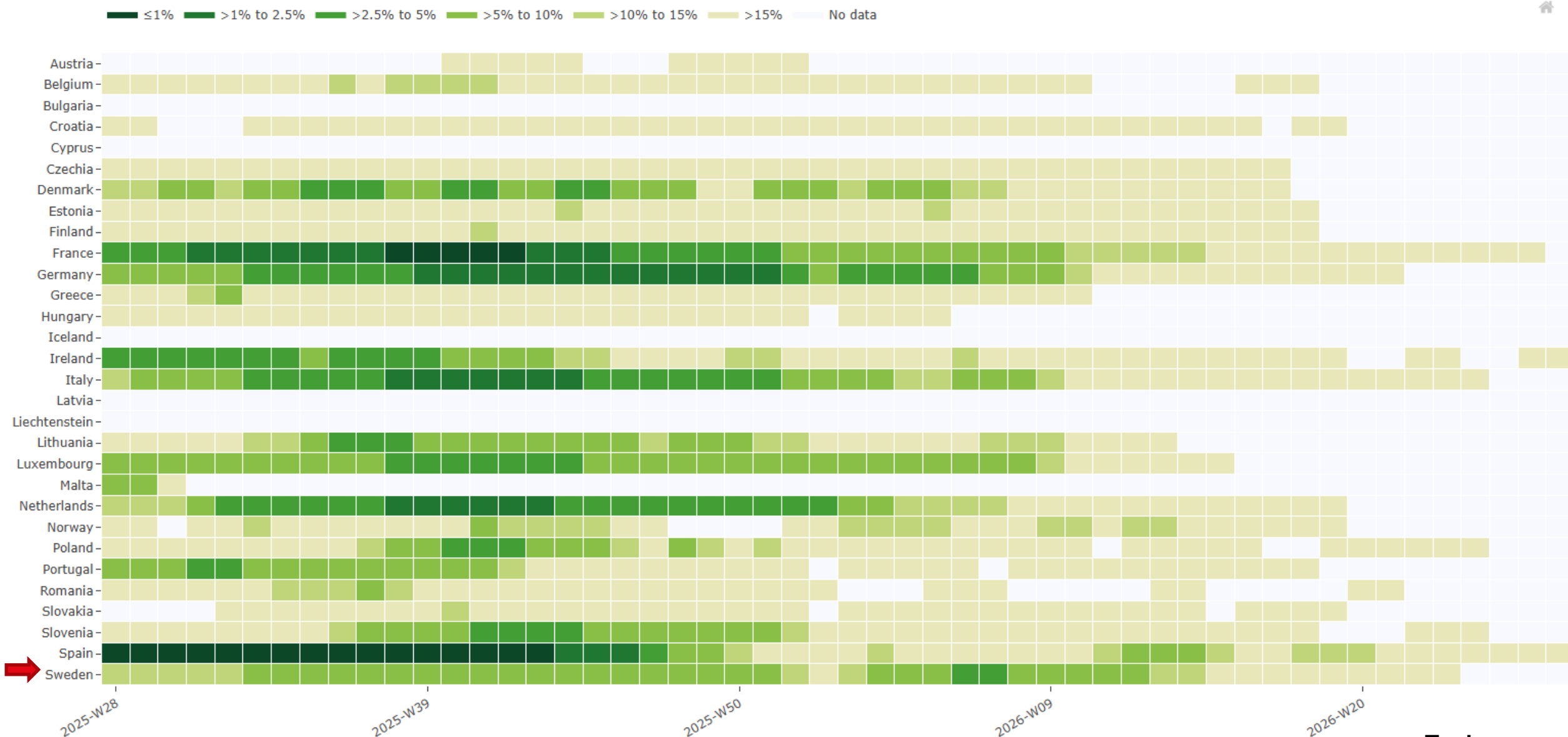
Globala data



Global, GISAID snapshot 28 augusti 2026

ERVISS- EU Dashboard 2025-26

Detectable prevalence based on volume of sequencing or genotyping undertaken by country



Vaccinrekommendationer WHO & EMA maj 2026

- WHO TAG-CO-VAC rekommenderade **LP.8.1**, även **XFG** eller **NB.1.8.1** antigener visade robust och bred reaktivitet mot cirkulerande varianter
- [EMA](#) rekommenderade uppdatering till **XFG** inför säsong 2026-27
- WHO's Initial Risk Evaluation for [PQ.16.1.1](#): Among individuals with prior Omicron exposure similar neutralizing antibody titers against the two variants NB.1.8.1 and PQ.16.1.1.

[Health Topics](#) ▾[Countries](#) ▾[Newsroom](#) ▾[Emergencies](#) ▾[Home](#) / [News](#) / Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines

Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines

16 May 2026 | Statement | Reading time: 7 min (1943 words)

Key points:

- The WHO [Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine Composition](#) (TAG-CO-VAC) held its twice-yearly decision-making meeting in May 2026 to review the evolution of SARS-CoV-2, the effectiveness of currently approved COVID-19 vaccines and the implications for COVID-19 vaccine antigen composition.
- The objective of any update to COVID-19 vaccine antigen composition is to enhance vaccine-induced immune responses to circulating SARS-CoV-2 variants, when needed.
- Following this meeting, the TAG-CO-VAC advises vaccine manufacturers that **monovalent LP.8.1** is the recommended vaccine antigen.
- Other antigens (e.g. XFG, NB.1.8.1) or other approaches that demonstrate broad and robust neutralizing antibody responses or efficacy against currently circulating SARS-CoV-2 variants could also be used.
- Vaccination remains an important public health countermeasure against COVID-19 and vaccination should not be delayed in anticipation of access to vaccines with an updated antigen composition. As per the [March 2026 WHO Strategic Advisory Group of Experts on Immunization \(SAGE\) recommendations](#), Member States should consider routine COVID-19 vaccination of groups at highest risk of severe COVID-19 disease.

WHO, [länk](#)



Folkhälsomyndigheten

Avdelningen för mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten:

- Influensa och sentinel-teamet & NIC: Anna-Lena Hansen, Nora Nid, Neus Latorre-Margalef, Tove Samuelsson Hagey, Dorina Ujvari, Viktor Persson, Martina Wahllöf
- SARS-CoV-2 variantövervakning teamet & CoViNet: Neus Latorre-Margalef, Elin Mover, Dorina Ujvari, Viktor Persson, Maïke Sperk, Martina Wahllöf & Enheten för beredskaps- och smittskyddsdiagnostik (MI-BS)
- NGS-teamet, samordnas av Maria Lind Karlberg
- Bioinformatik-teamet, samordnas av Oskar Karlsson Lindsjö
- GENSAM, samordnas av Carlo Berg



Stort tack till:

Sentinelprovtagarna

Mikrobiologiska laboratorierna



Folkhälsomyndigheten

