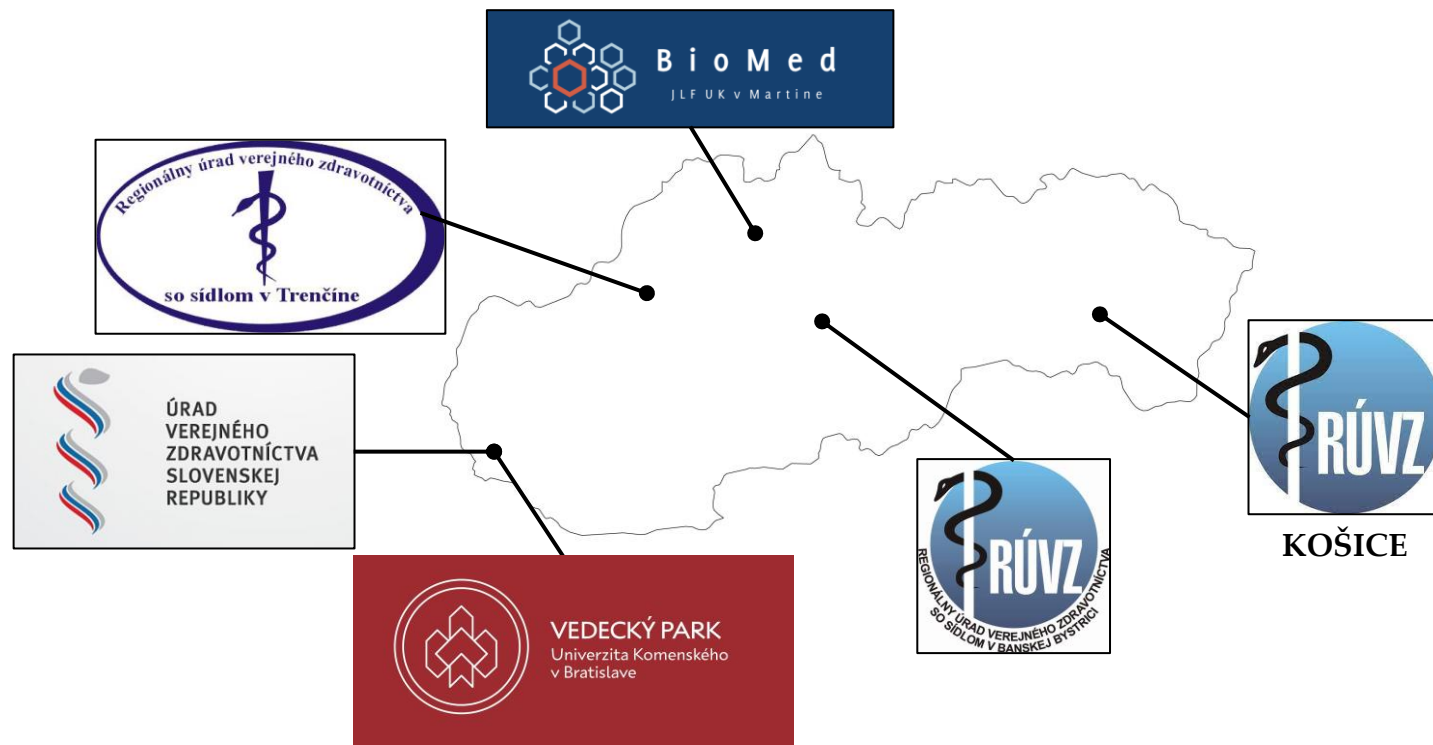
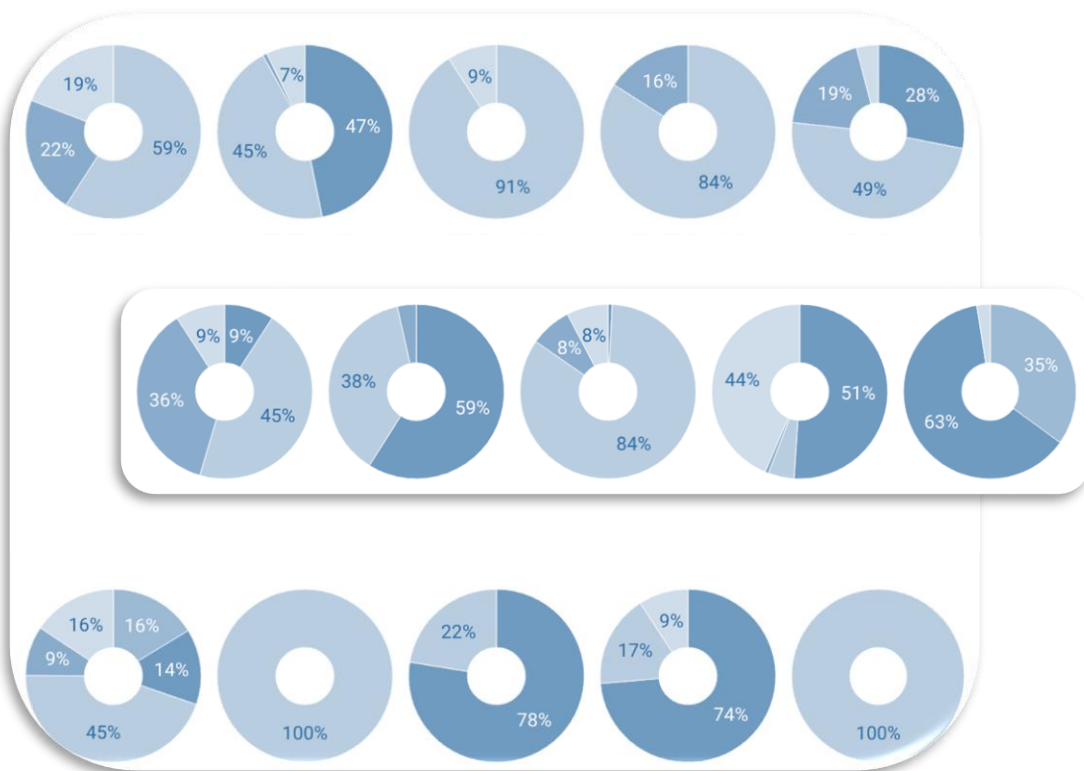


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



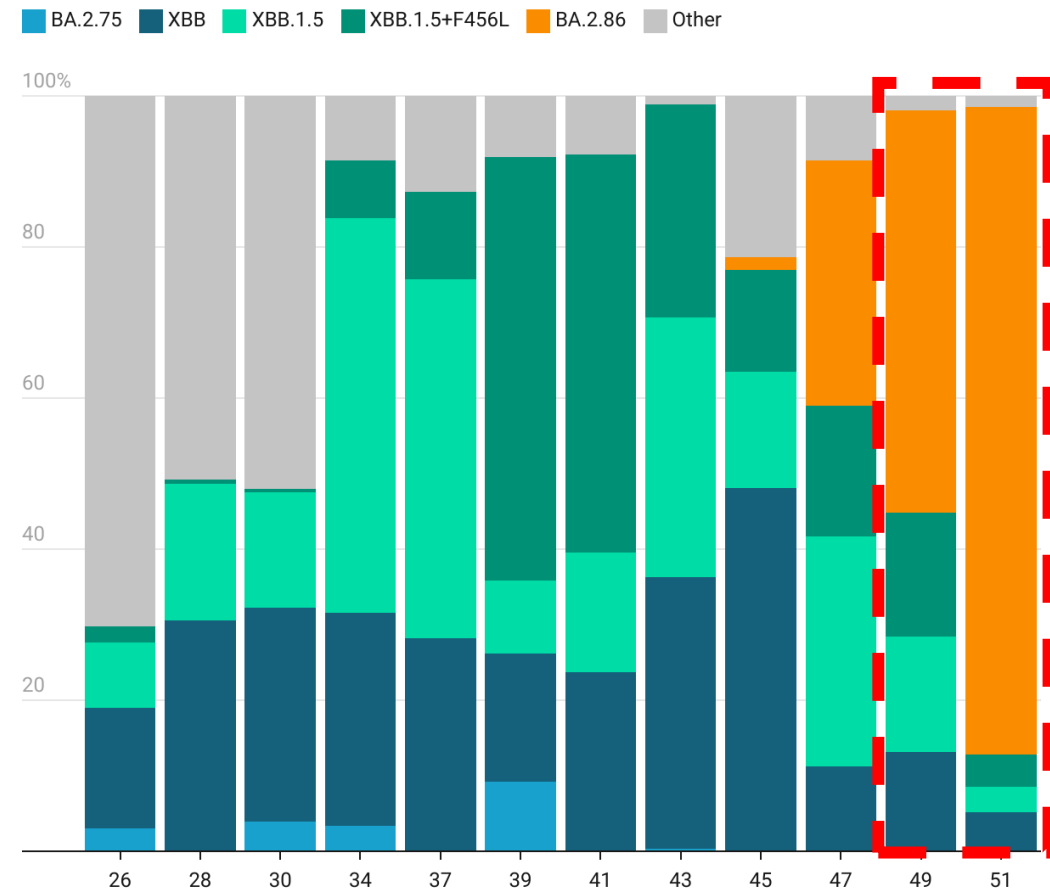
# Report variantov a línií vírusu SARS-CoV-2 zachytených v odpadových vodách



# Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR 48. - 51. týždeň (r. 2023)

- v sledovanom období boli zachytené genetické stopy vírusu SARS-CoV-2 zaradené k variantu Omikron
- v analyzovaných vzorkách bolo zo zvyškov genetického materiálu vírusu SARS-CoV-2 vypočítaný predpokladaný podiel línií: BA.2.86 – 69,2%; XBB.1.5-like+F456L – 10,3%; XBB.1.5 – 9,4%; XBB – 9,1%; Other\* – 1,7%; BA.2.75 – 0%

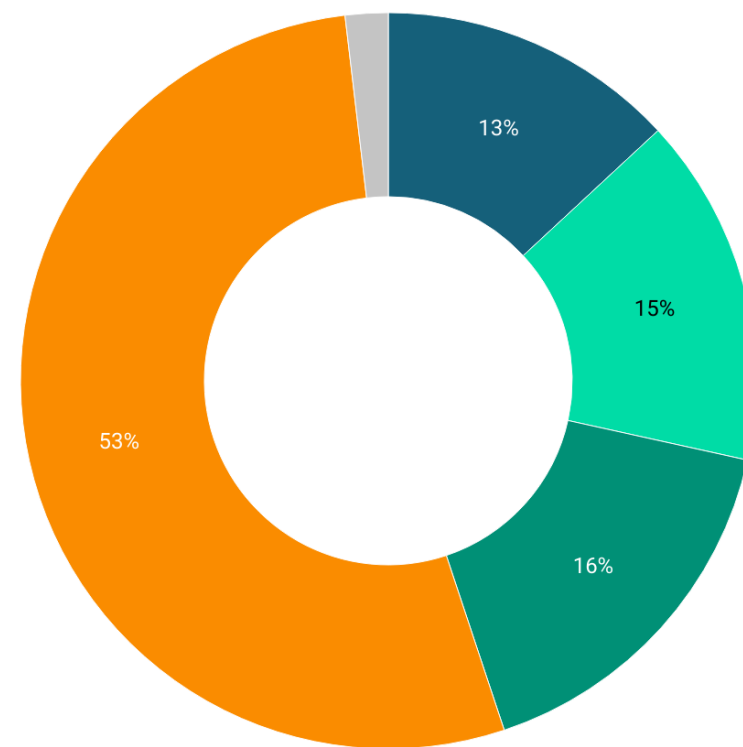
\*skupina OTHER predstavuje časť zachyteného genetického materiálu s nejednoznačným zaradením do niektorej línie



Created with Datawrapper

## Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 48.-49. týždni (r. 2023)

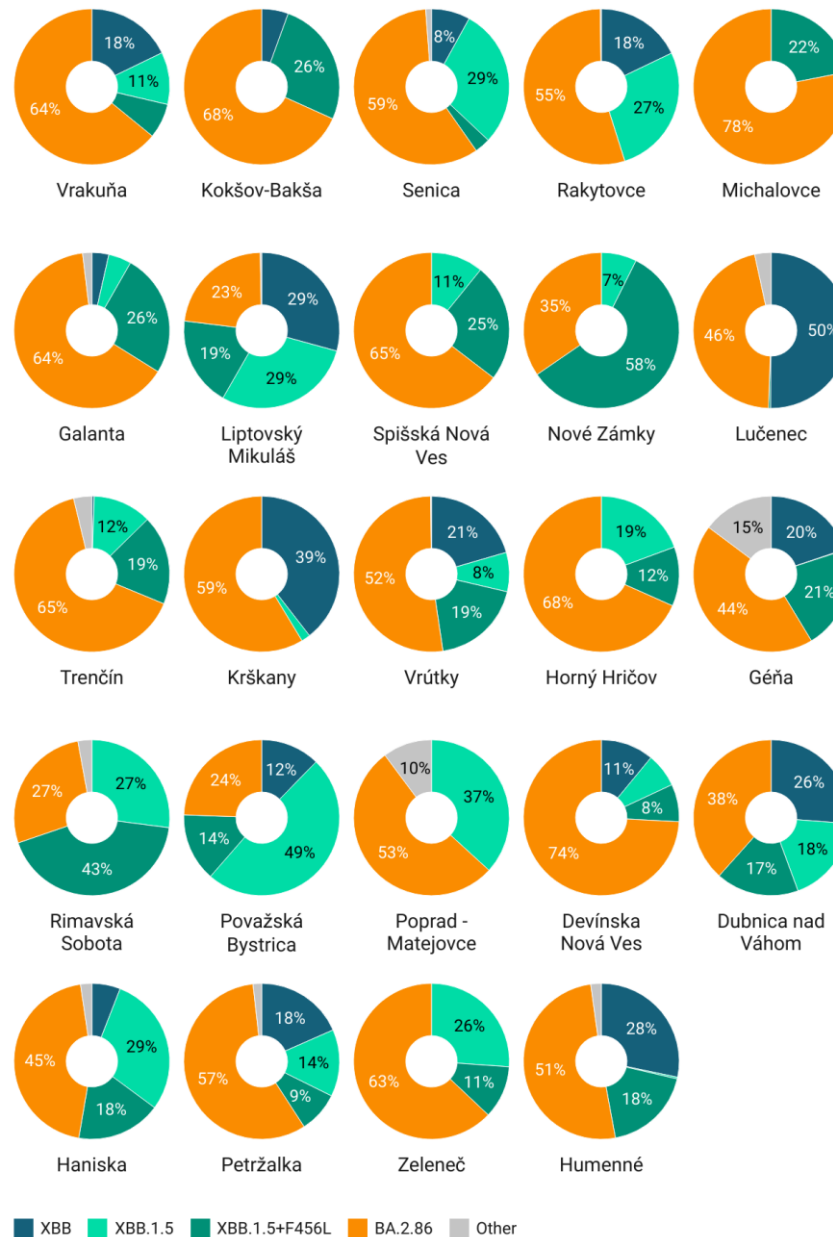
- v sledovanom období (27.11. - 6.12. 2023) bolo odobratých 24 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 24 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 100% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách najviac zastupená línia BA.2.86



■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ BA.2.86 ■ Other

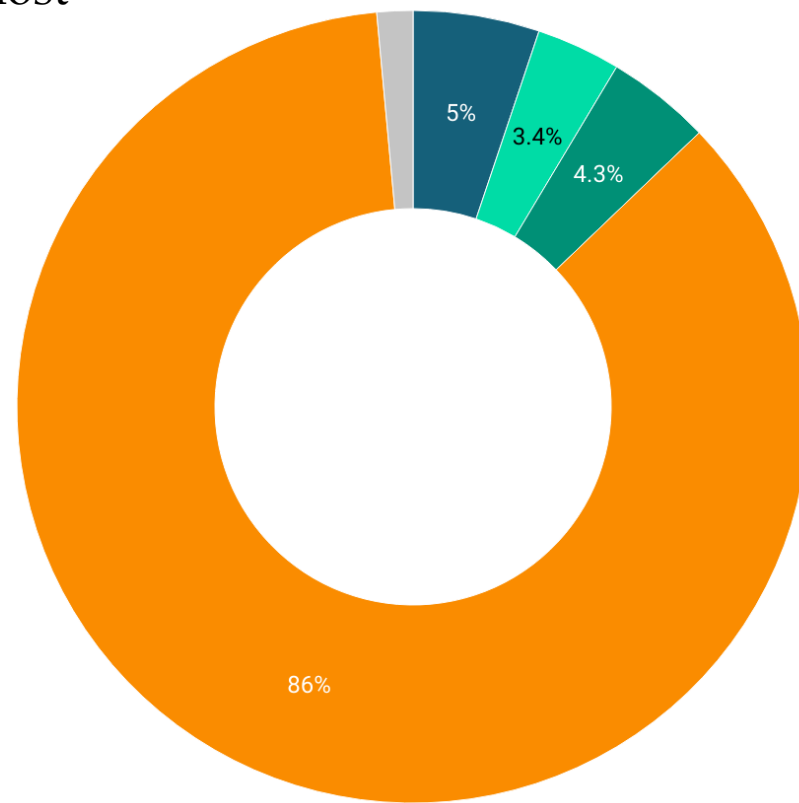
Created with Datawrapper

# Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 48.-49. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta



## Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 50.-51. týždni (r. 2023)

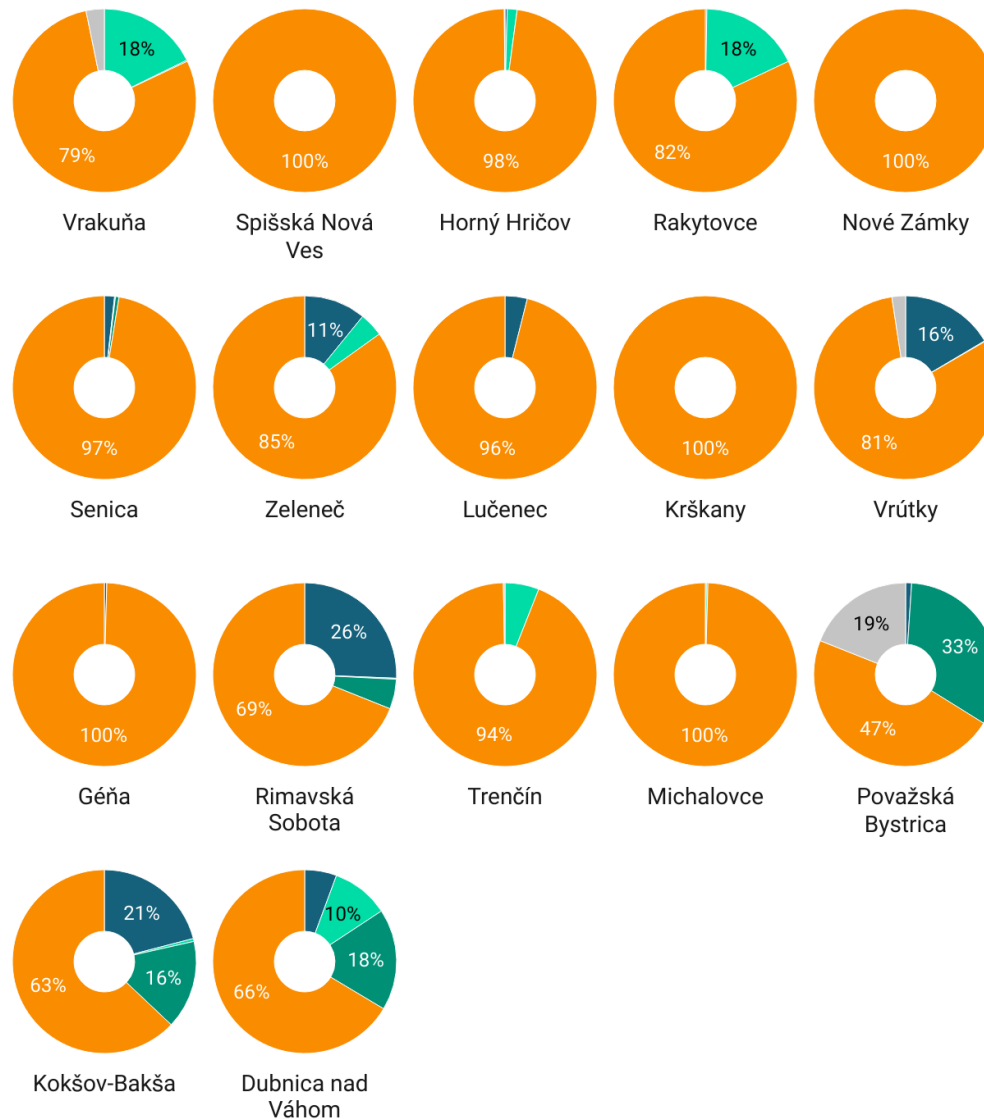
- v sledovanom období (11.12. - 20.12. 2023) bolo odobratých 18 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 17 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 94,4% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách najviac zastupená línia BA.2.86



■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ BA.2.86 ■ Other

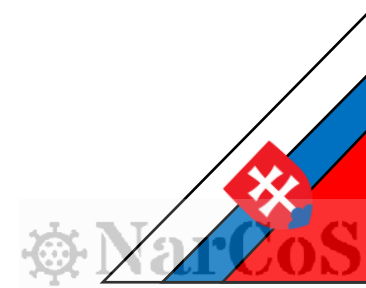
Created with Datawrapper

# Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 50.-51. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta

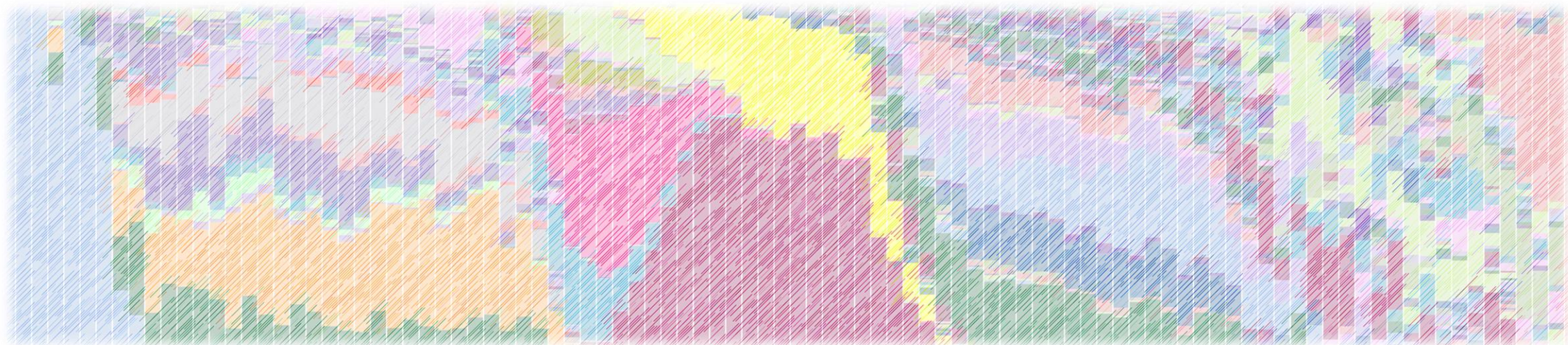


■ XBB 
 ■ XBB.1.5 
 ■ XBB.1.5+F456L 
 ■ BA.2.86 
 ■ Other

Created with Datawrapper



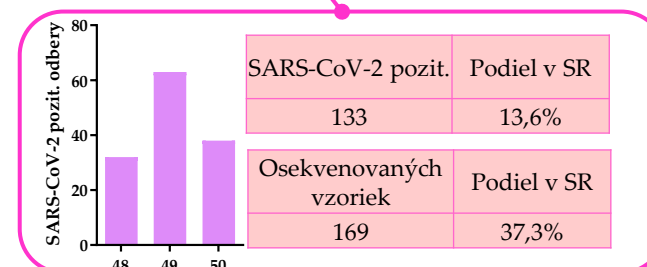
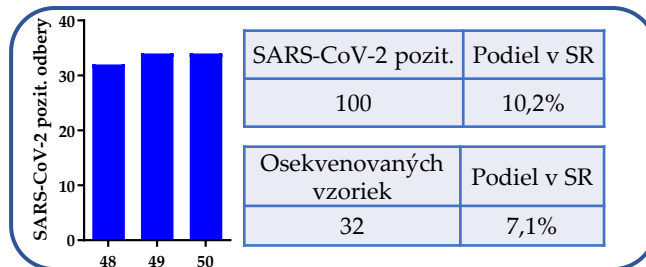
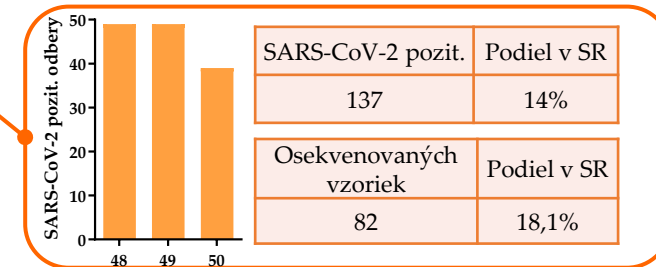
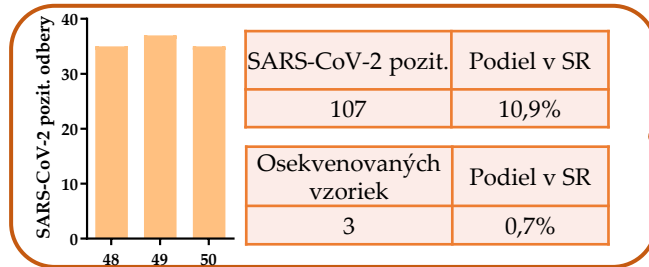
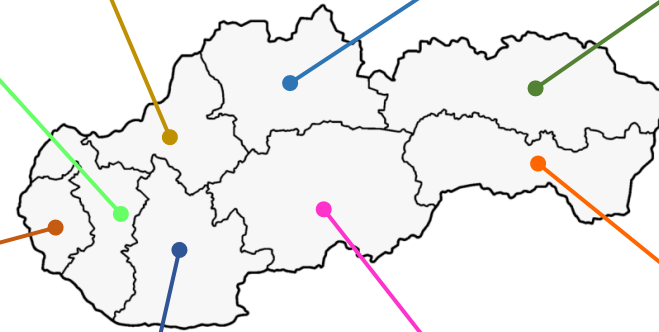
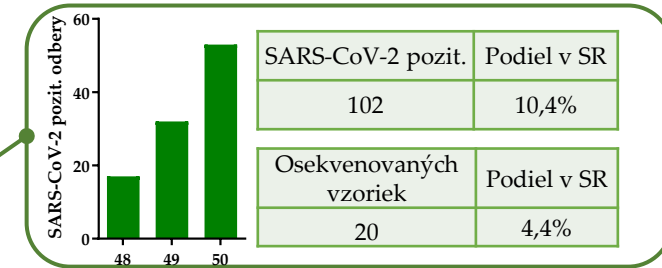
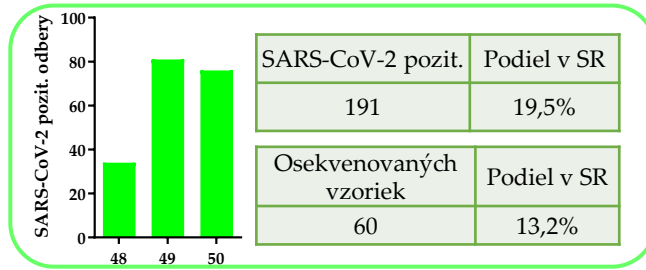
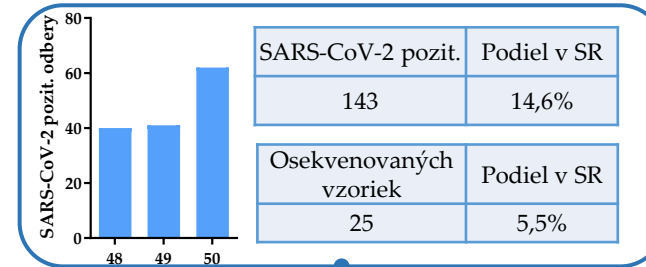
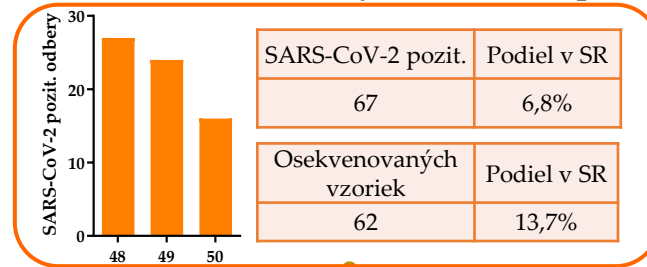
# Report cirkulujúcich variantov a línií vírusu SARS-CoV-2 zachytených v klinických izolátoch





# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 48. – 52. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa krajov

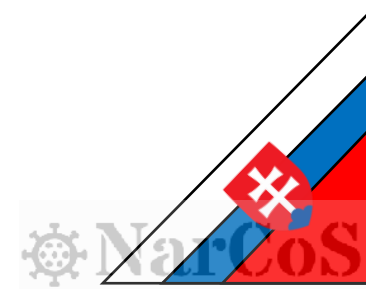
(51. – 52. týždeň – dáta o pozitívnych vzorkách nedostupné)



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (48. – 52. týždeň/2023)

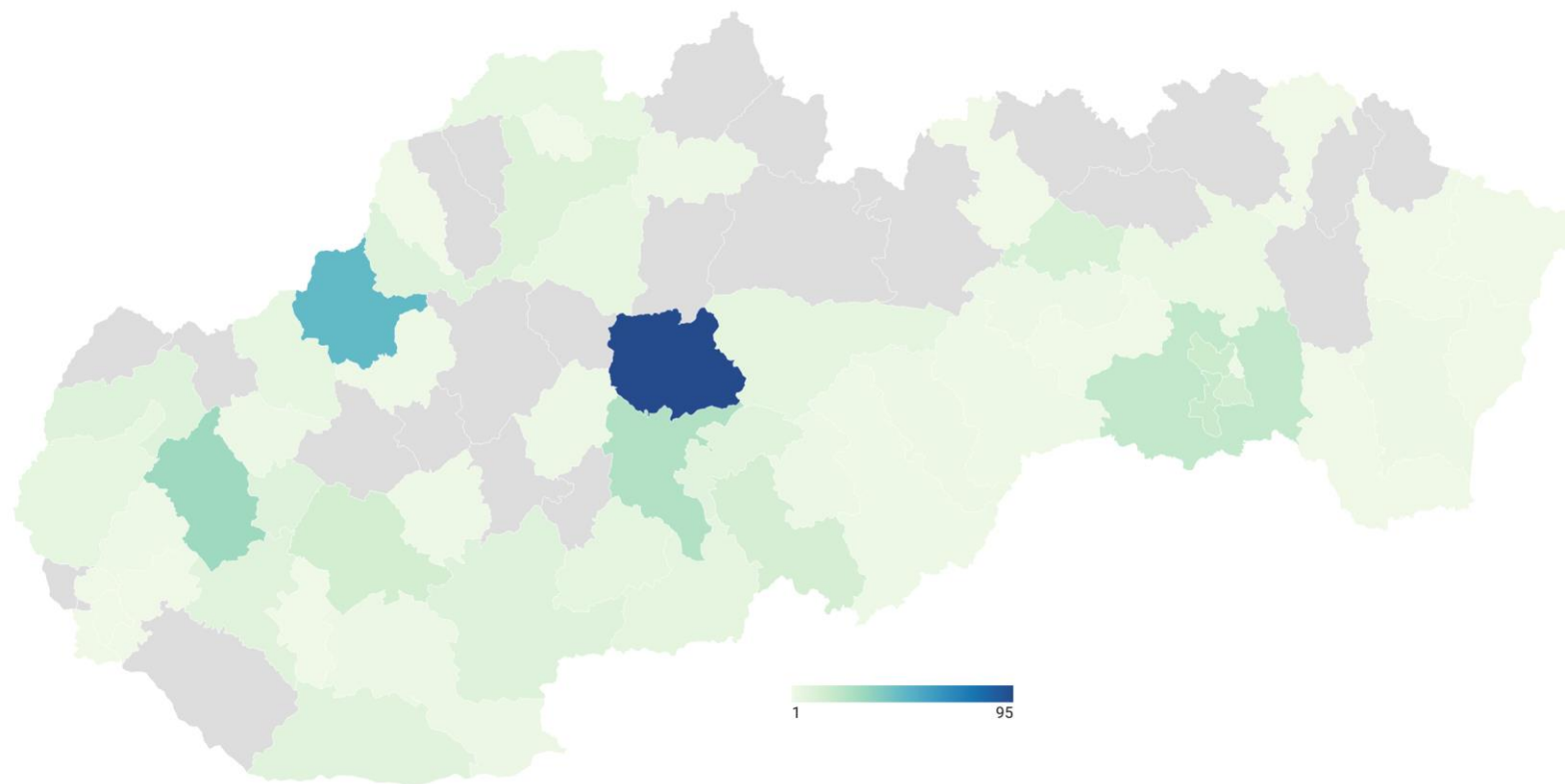
- v sledovanom období (27.11. - 31.12. 2023) zachytených 980 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek \*§
- 470 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 453 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 96,4% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 46,2% §
- vloženie 415 (91,6% z 453 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách najviac zastupená línia BA.2.86
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (60,7%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR  
§ 51. – 52. týždeň – dáta o pozitívnych vzorkách nedostupné



# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 48. – 52. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa okresov

- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Banská Bystrica, Trenčín a Trnava

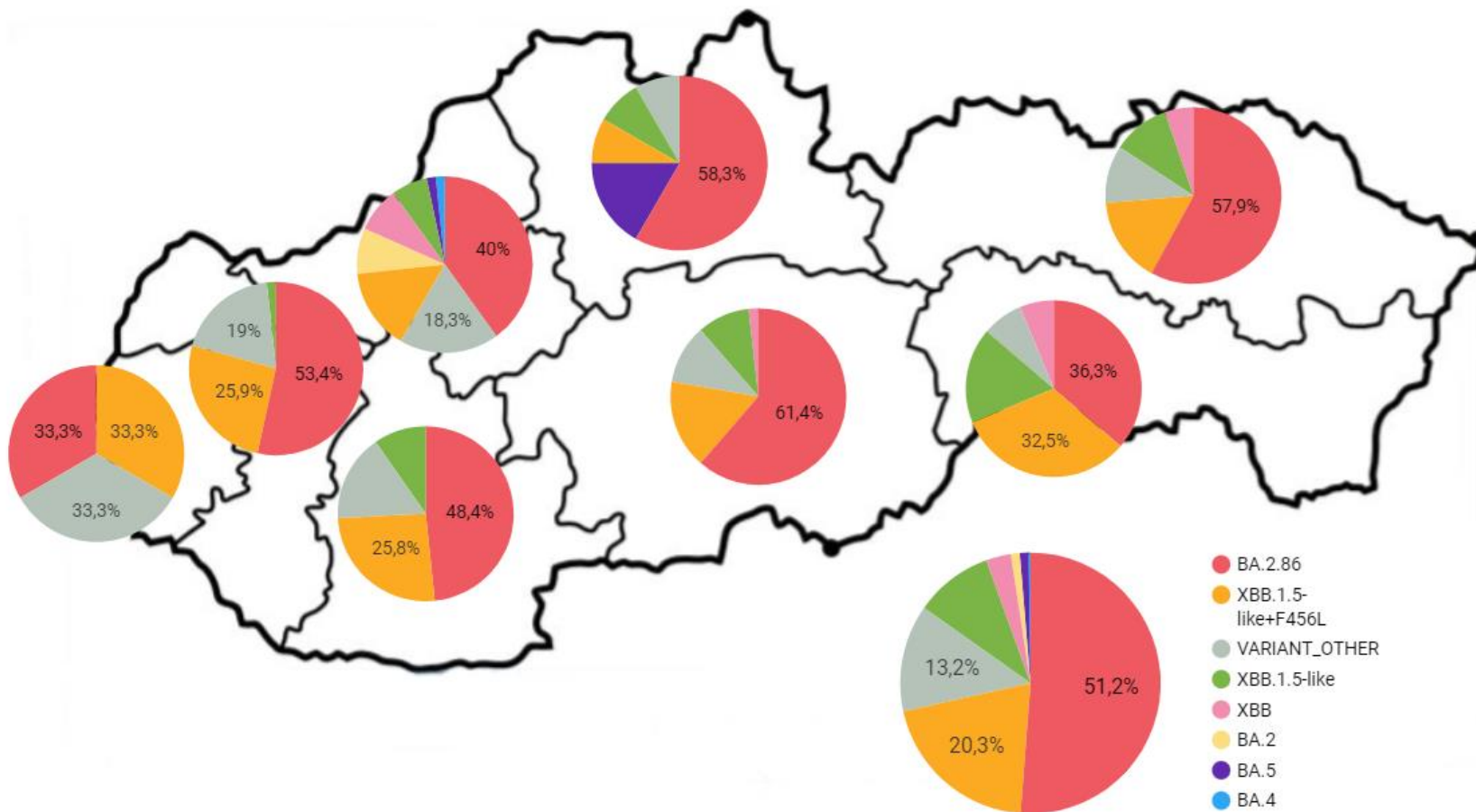


Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 48. – 52. týždni (r. 2023)

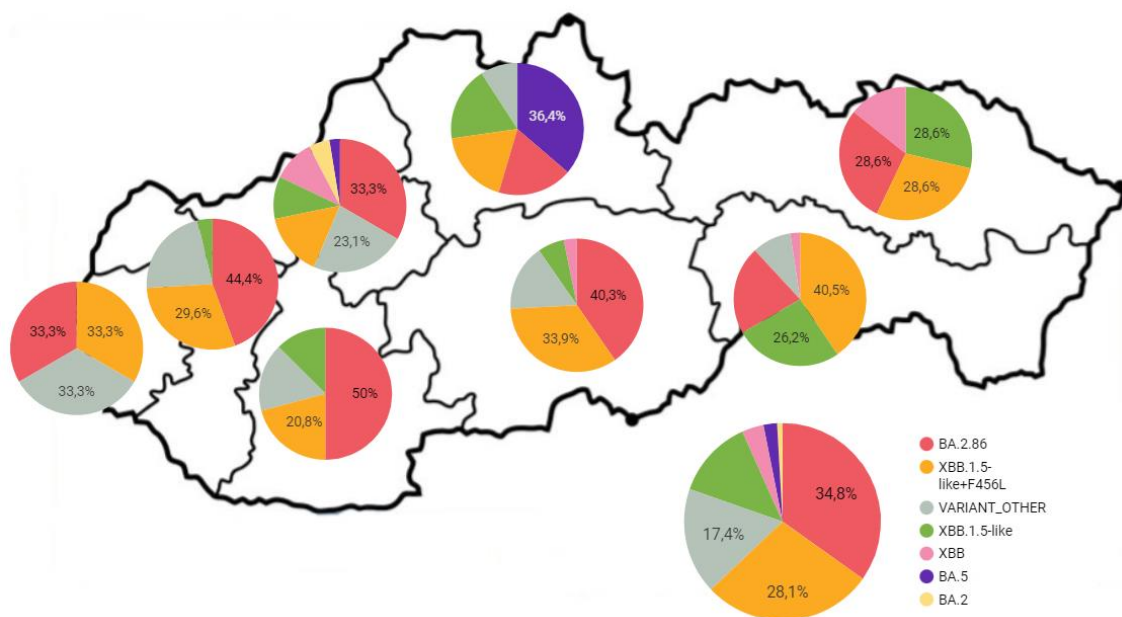
- z geografického pohľadu je rozšírenie línií v krajoch rozdielne
- línia BA.2.86 a rekombinant XBB.1.5-like+F456L sú detegované vo všetkých krajoch a majú väčšinový podiel spomedzi všetkých zachytených línií v sledovanom období
- línia BA.2.86 bola zastúpená v 51,2%



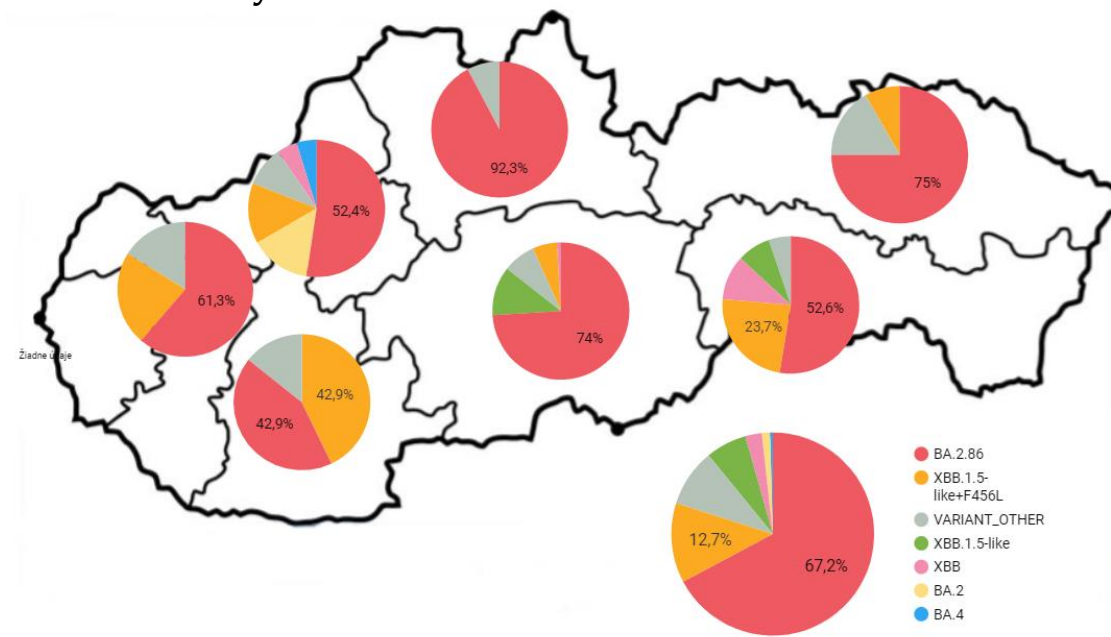
# Prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

48.-49. týždeň \*



50.-52. týždeň \*

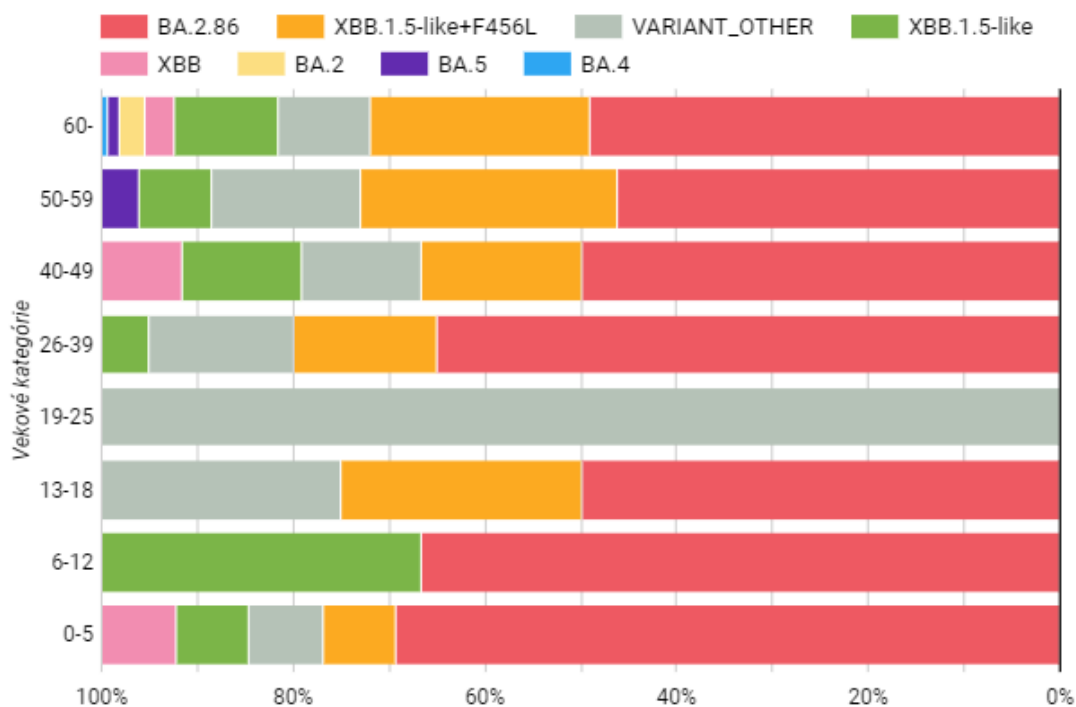


# Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

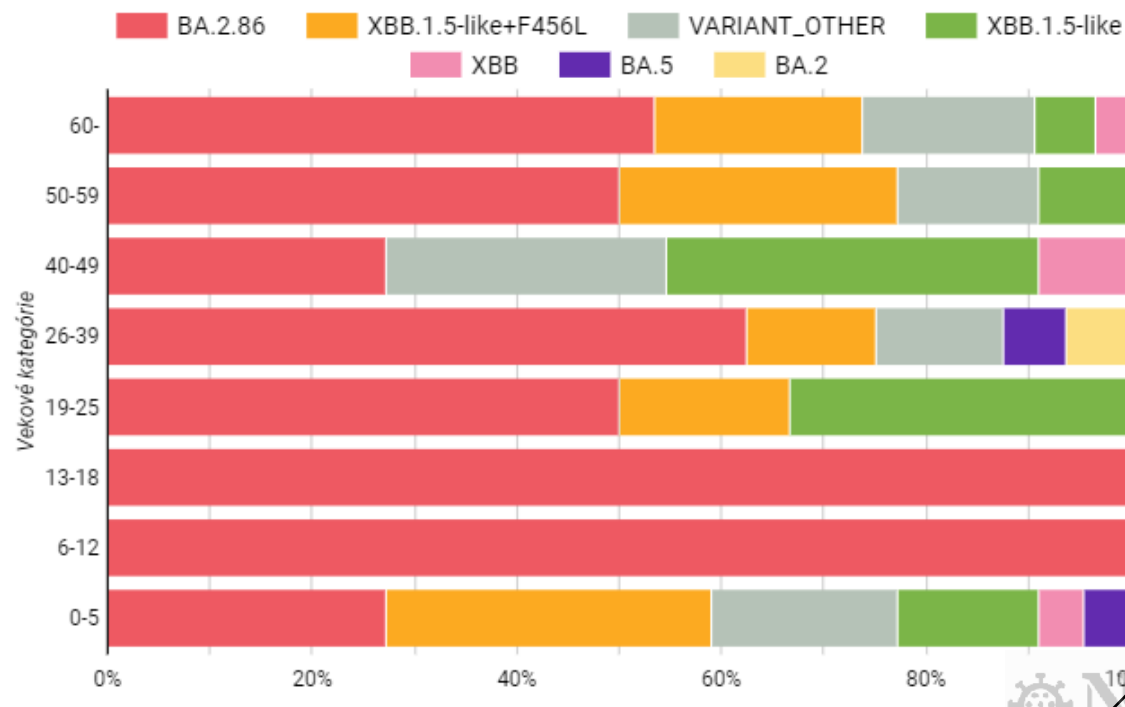
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 55,4% izolovaných vzoriek od žien a 44,6% od mužov
- u oboch pohlaví tvorila väčšinu línia BA.2.86
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=157; 34,7% a muži n=118; 26,1%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	157	26	24	20	1	4	6	13
muži	118	22	11	16	6	6	1	22

## ŽENY

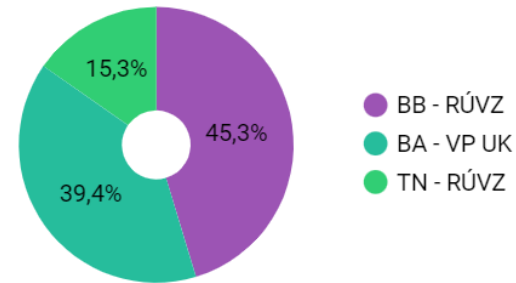


## MUŽI



# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 48. – 52. týždni (r. 2023)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 45,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica  
- 39,4% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava  
- 15,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín



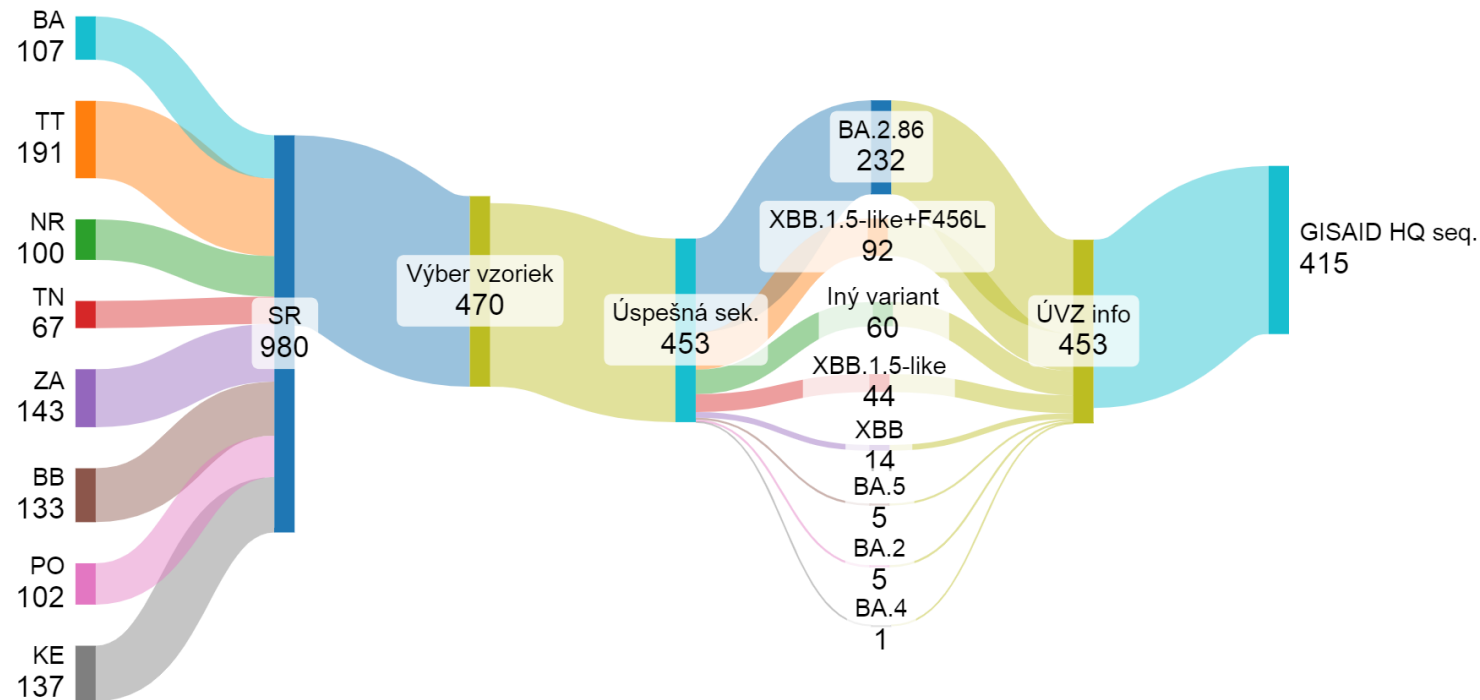
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek





- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spracovaných dát o variantoch a líniách vírusu SARS-CoV-2 sú zdieľané s epidemiologickým konzíliom Slovenskej republiky a zároveň nahrávané do medzinárodných genomických databáz GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) a ENA (European Nucleotide Archive)

### OD ODBERU KU GENOMICKEJ DATABÁZE (27.11. – 31.12.2023)



## Realizácia a poďakovanie pri príprave monitorovacej správy

- pravidelný národný genomický prieskum klinických vzoriek COVID-19 je realizovaný v rámci úloh Pracovnej skupiny pre sekvenovanie Pandemickej komisie SR Ministerstva zdravotníctva a koordinovaný Úradom verejného zdravotníctva SR
- spracovalo CVTI SR a Vedecký park UK v Bratislave za využitia informačného systému NarCoS (Národné COVID-19 sekvenovanie), ktorý vyvinul tím na Vedeckom parku UK v Bratislave
- Financovanie Národného COVID-19 sekvenovania:
  - Vláda Slovenskej republiky v spolupráci s Úradom verejného zdravotníctva Slovenskej republiky
  - Ministerstvo školstva, výskumu, vývoja a mládeže Slovenskej republiky
  - Pangenomika pre personalizovaný klinický manažment infikovaných osôb na základe identifikovaného virálneho genómu a ľudského exómu (kód ITMS:313011ATL7) - Operačný program Integrovaná infraštruktúra spolufinancovaný zo zdrojov Európskeho fondu regionálneho rozvoja
  - Horizontálna IKT podpora a centrálna infraštruktúra pre inštitúcie výskumu a vývoja (DC VaV II) - kód: NFP313010F988
  - PANGAIA projekt H2020-MSCA-RISE-2019 (Grant ID: 872539) financované v rámci programu H2020-EU.1.3.3.
- monitorovaciú správu pripravil: Peter Radvák
- vývojový tím informačného systému NarCoS: Tomáš Szemes, Jaroslav Budiš, Tomáš Sládeček, Miroslav Böhmer, Jozef Sitarčík, Michaela Gažiová
- Experimentálna a organizačná časť spracovania vzoriek: Tatiana Sedláčková, Diana Rusňáková, Edita Staroňová, Anna Kaliňáková, Maďarová Lucia, Beňová Kristína, Onderková Zuzana, Halašová Erika

