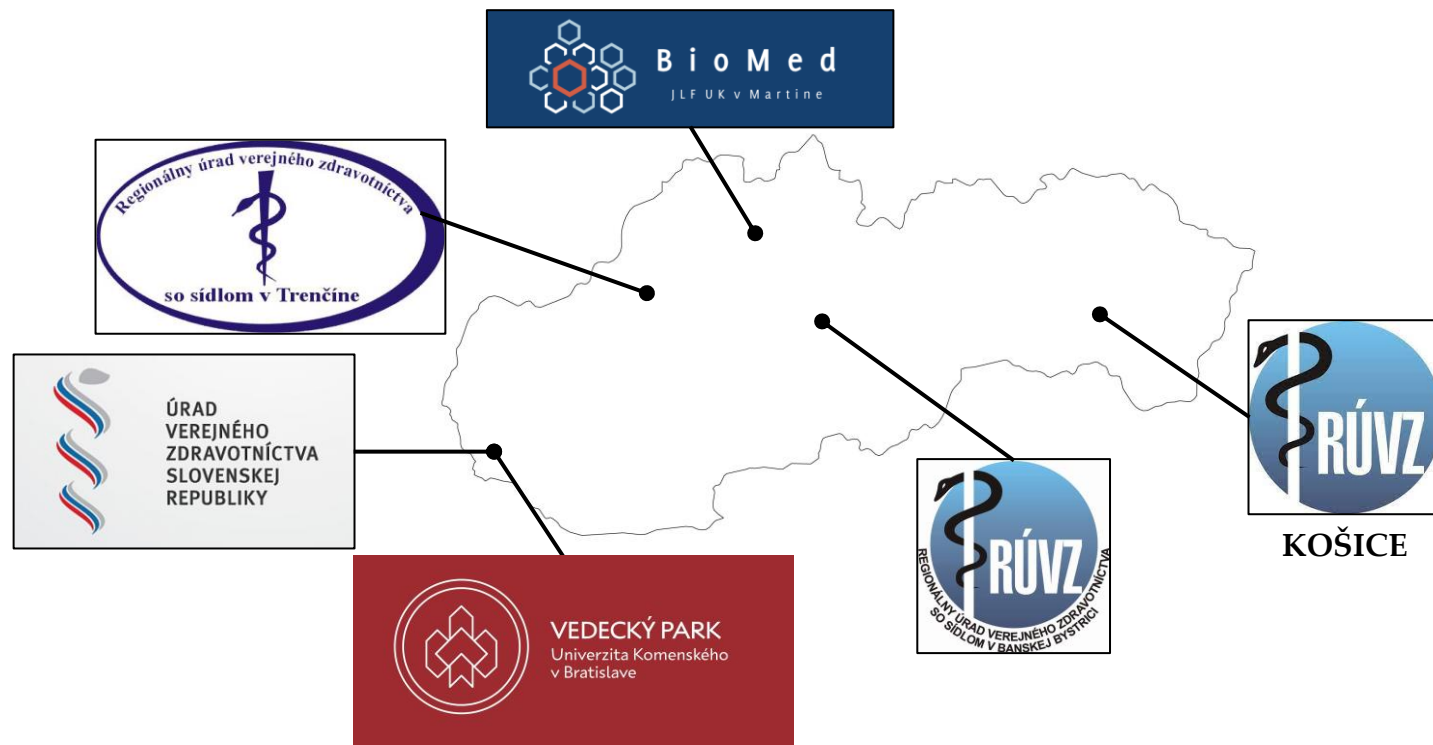
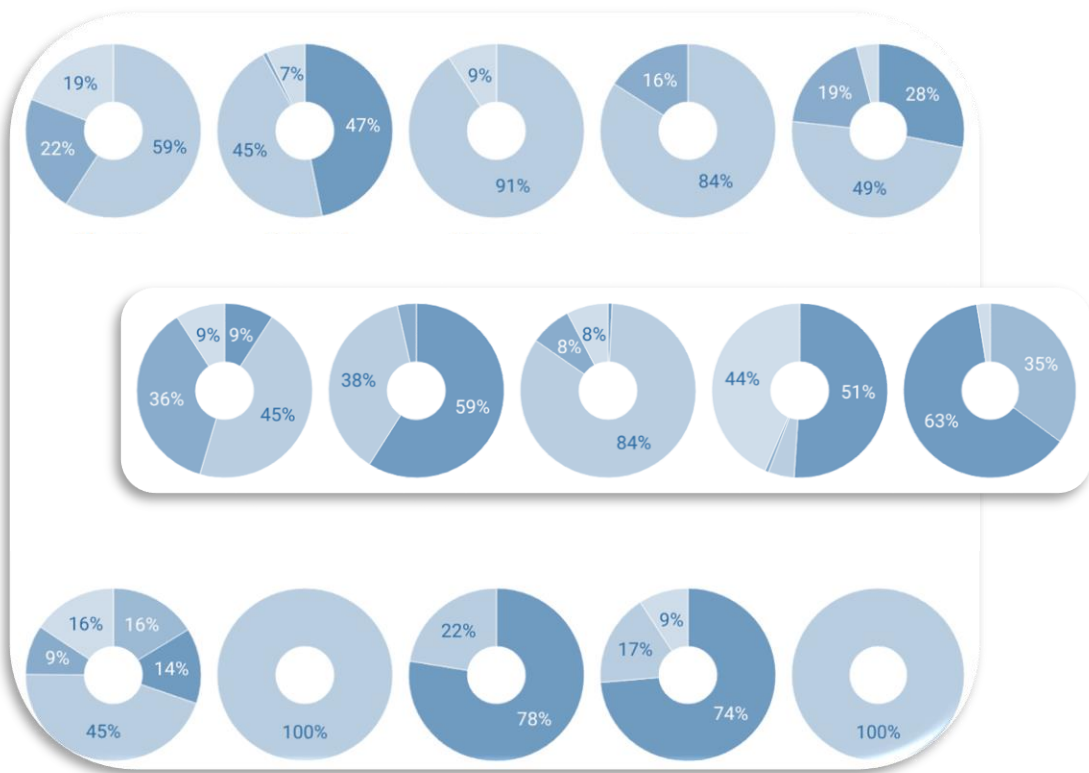


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



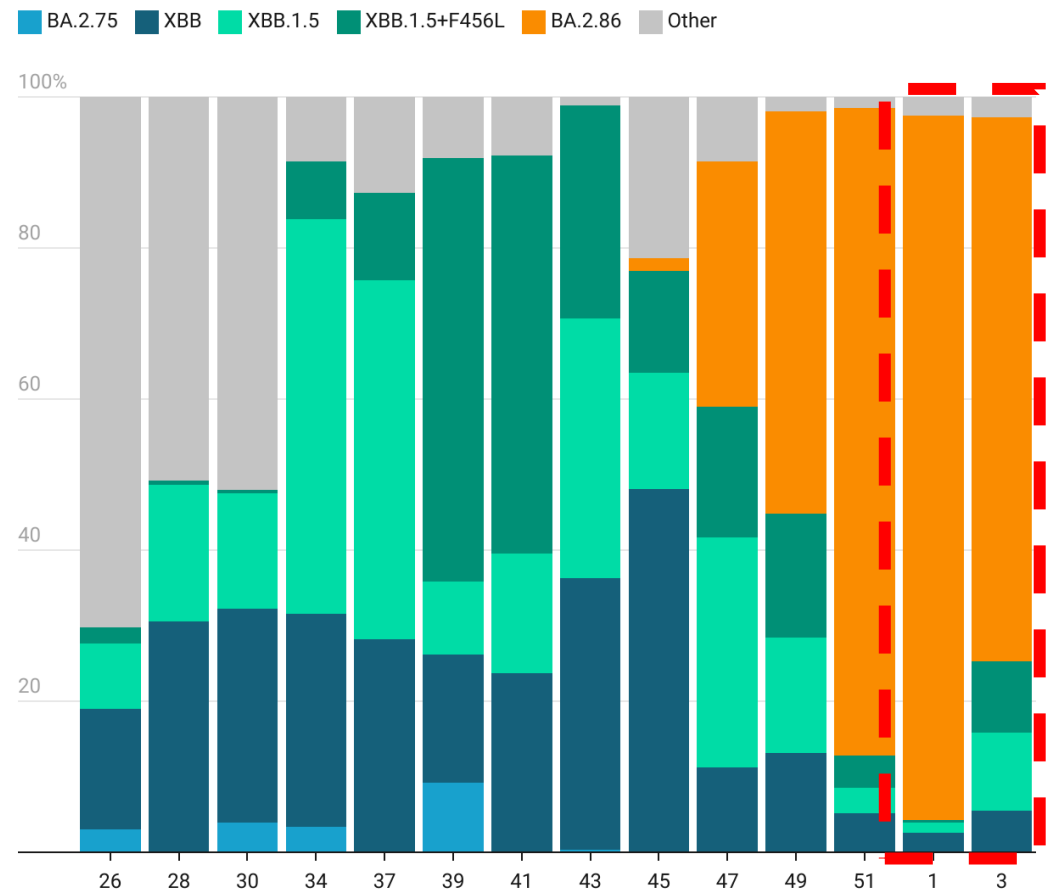
# Report variantov a líní vírusu SARS-CoV-2 zachytených v odpadových vodách



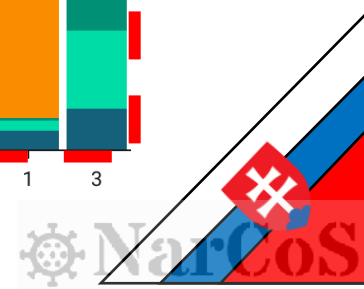
# Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR 1. - 3. týždeň (r. 2024)

- 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 – 82,5%; XBB.1.5 – 5,8%; XBB.1.5-like+F456L – 4,9%; XBB – 4,1%; Other\* – 2,6%; BA.2.75 – 0%

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

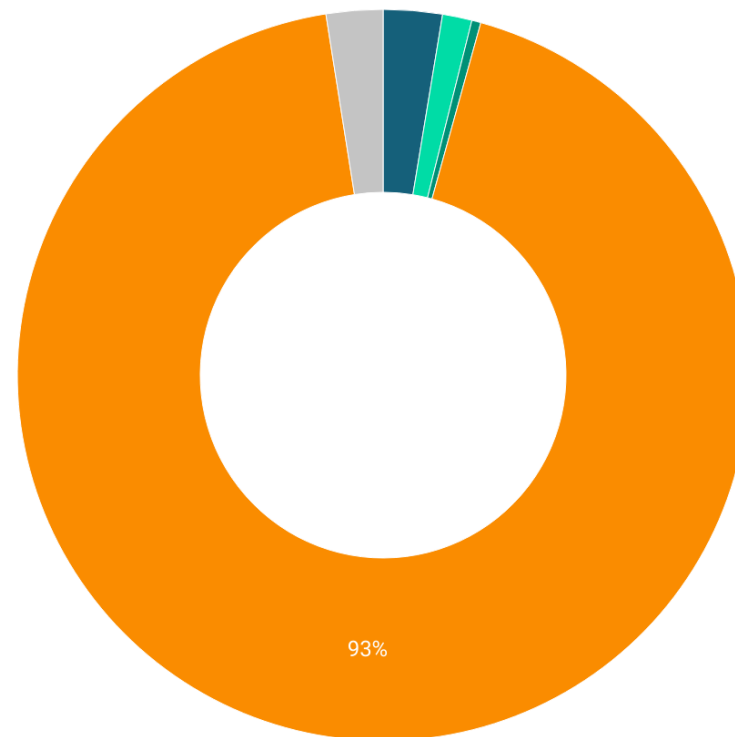


Created with Datawrapper



## Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 1.-2. týždni (r. 2024)

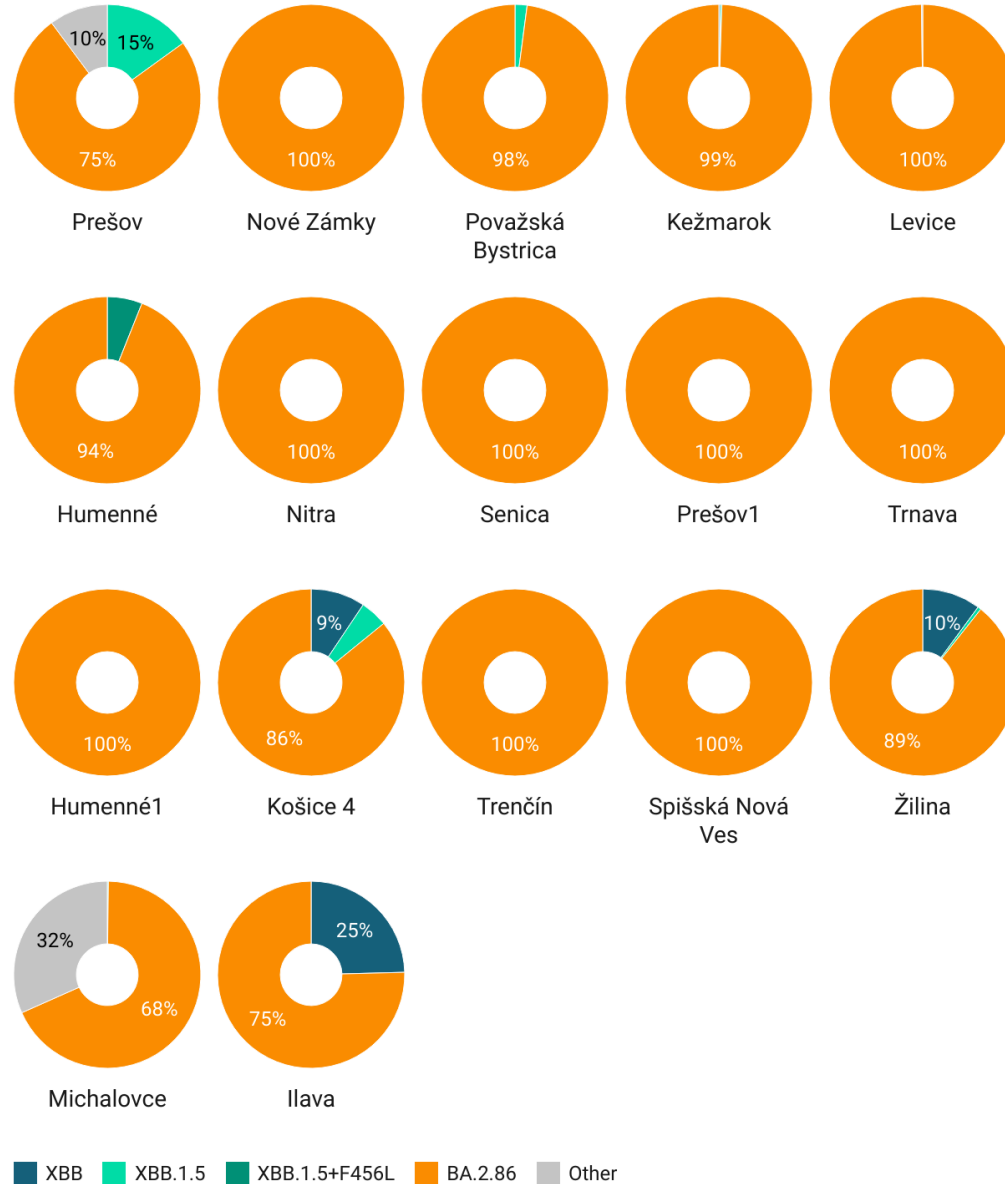
- v sledovanom období (02.01. - 09.01. 2024) bolo odobratých 17 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 17 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 100% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách najviac zastupená línia BA.2.86



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

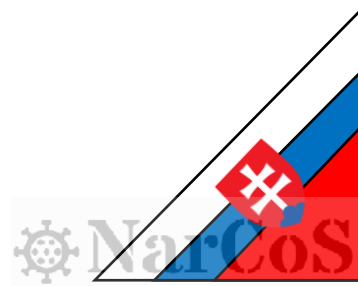
Created with Datawrapper

# Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 1.-2. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



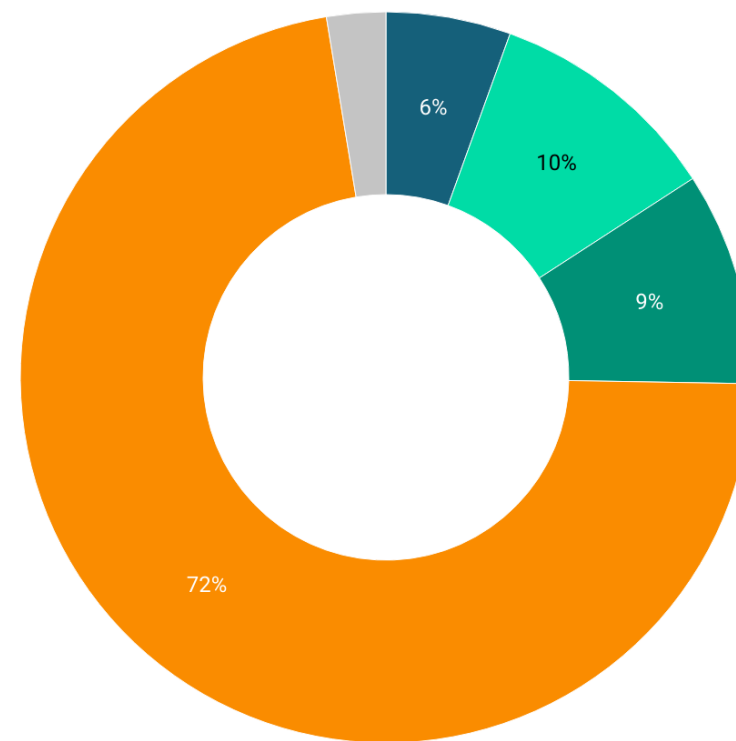
■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ BA.2.86 ■ Other

Created with Datawrapper



## Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 2.-3. týždni (r. 2024)

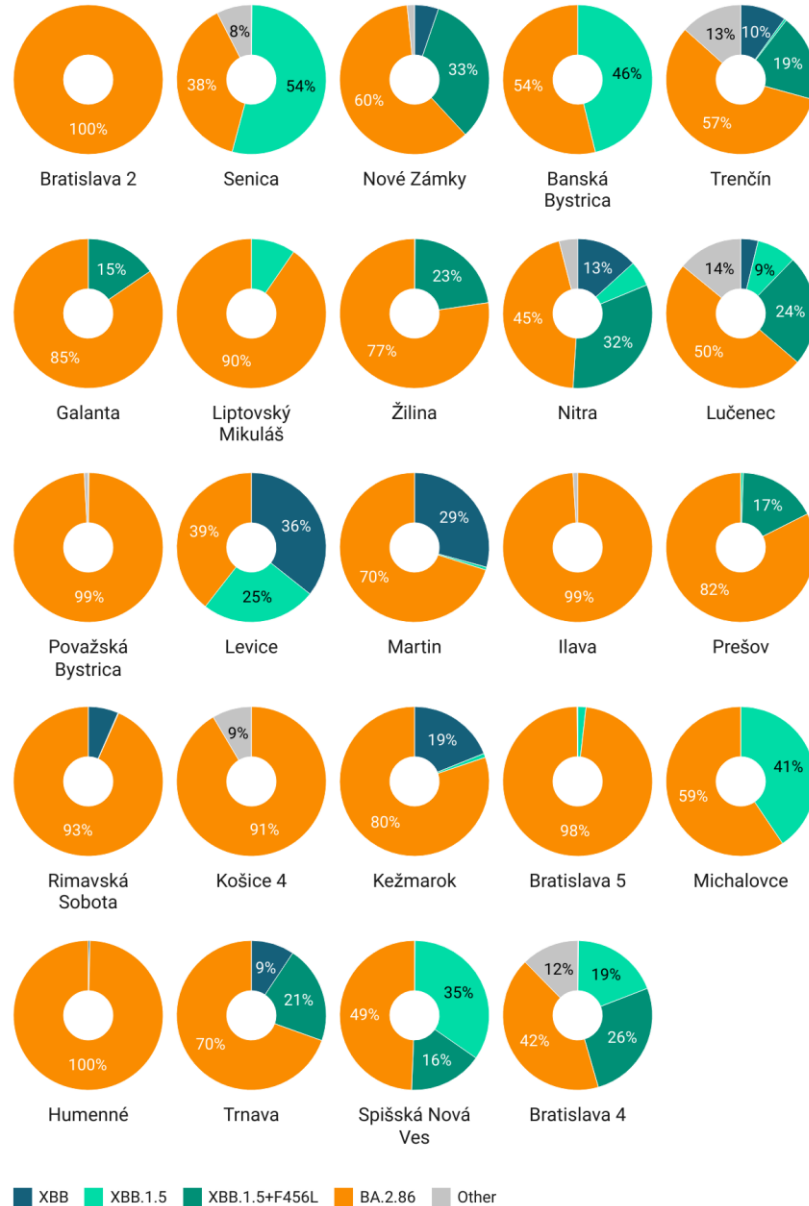
- v sledovanom období (08.01. - 18.01. 2024) bolo odobratých 24 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 24 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 100% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách najviac zastupená línia BA.2.86



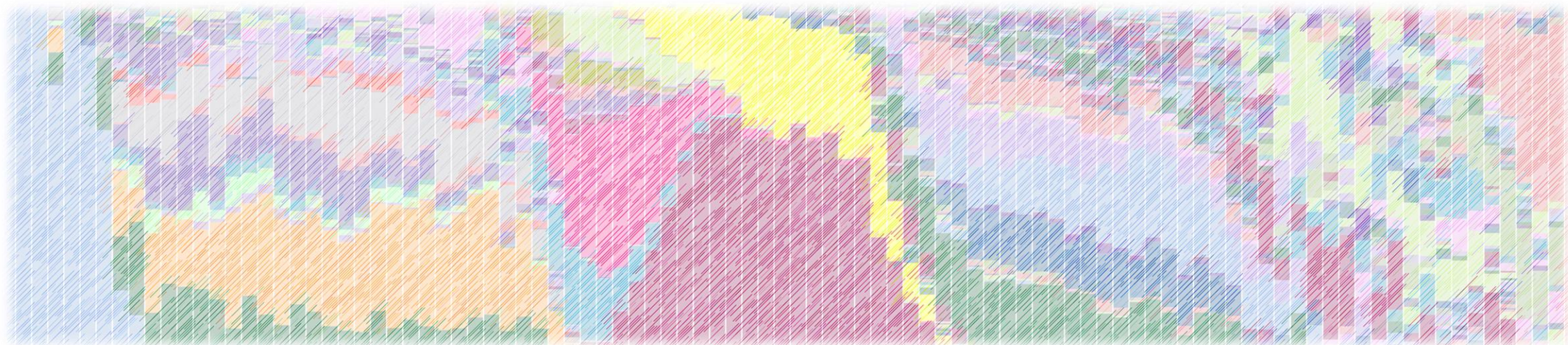
■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ BA.2.86 ■ Other

Created with Datawrapper

# Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 2.-3. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta

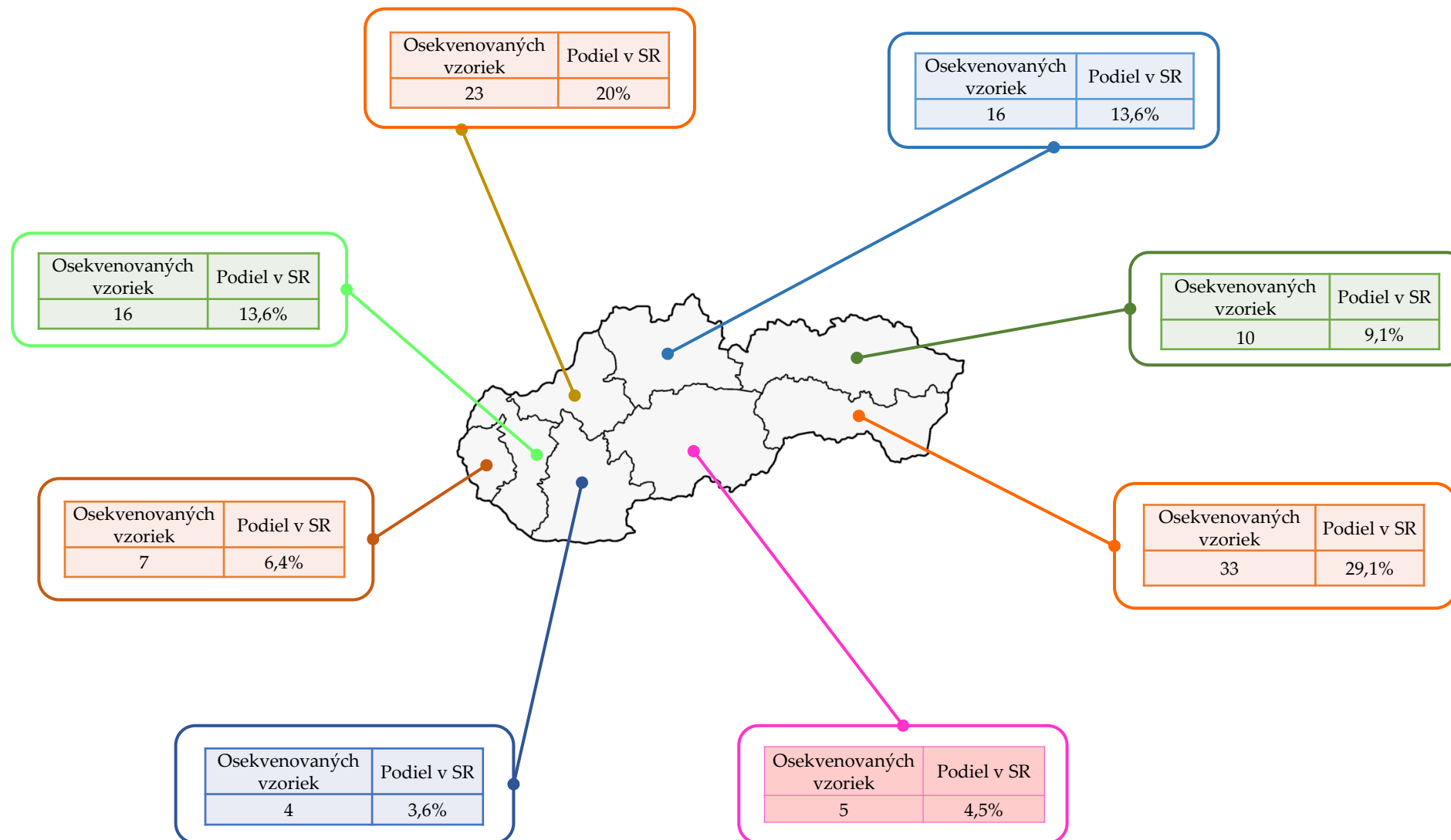


# Report cirkulujúcich variantov a línií vírusu SARS-CoV-2 zachytených v klinických izolátoch



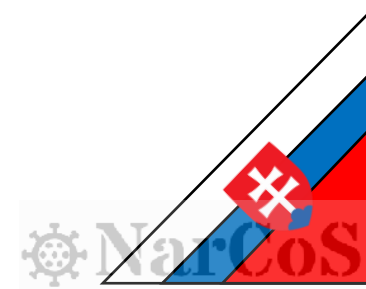


# Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v 1. – 4. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa krajov



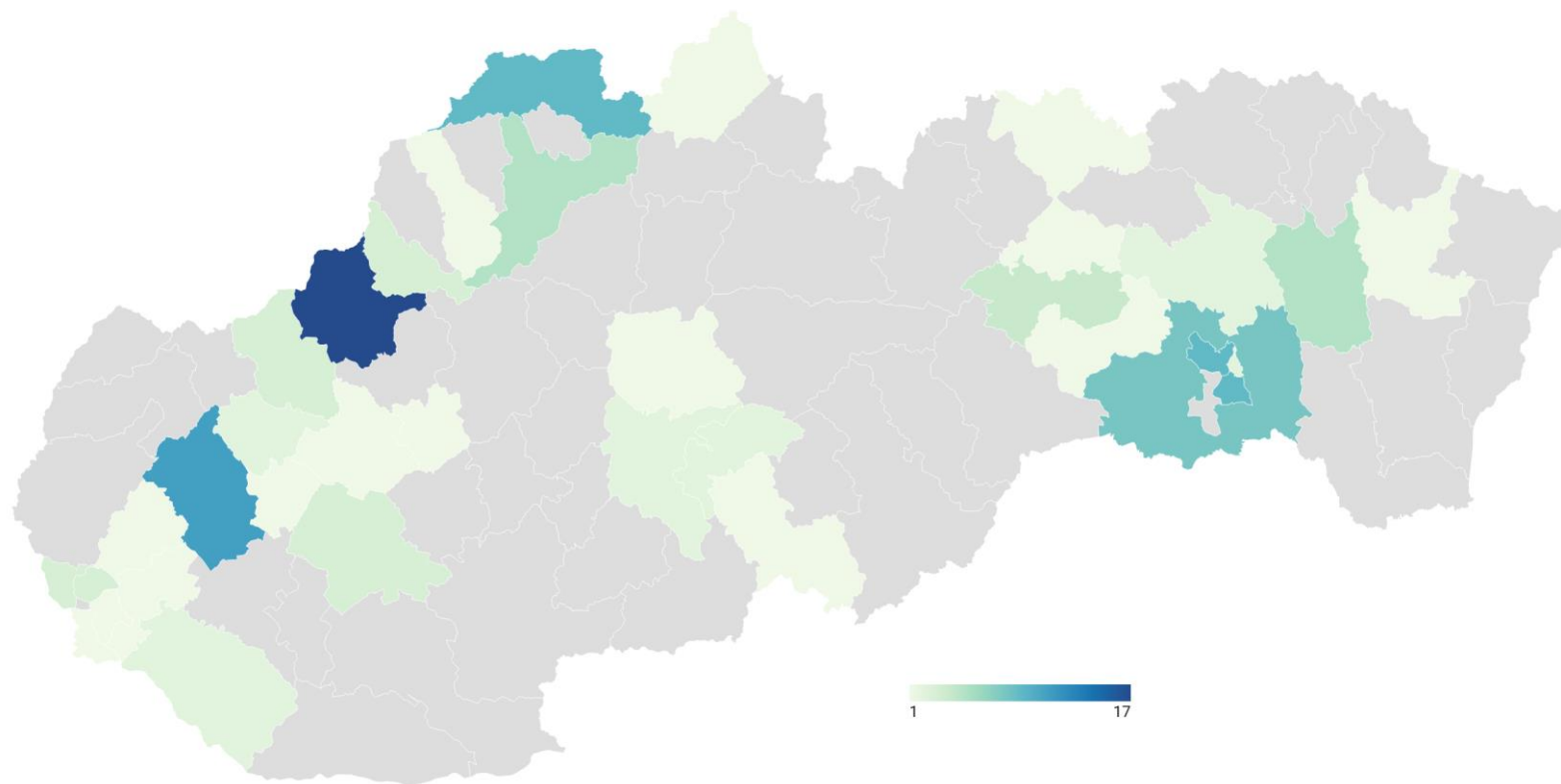
## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (1. – 4. týždeň/2024)

- 119 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 114 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 95,8% úspešnosť
- vloženie 99 (86,8% z 114 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+ (72,8%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ



# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 1. – 4. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa okresov

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

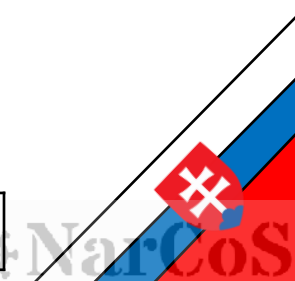
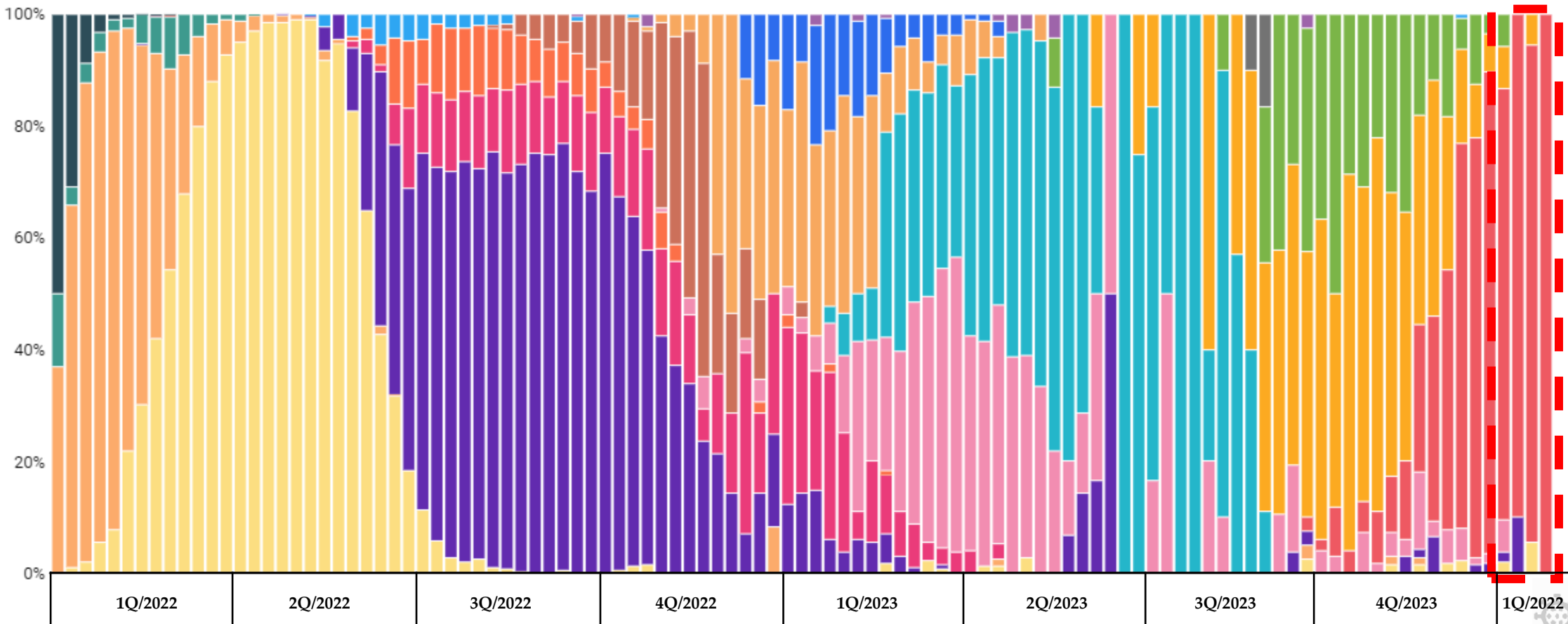


Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

# Kumulatívny prehľad zachytených variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

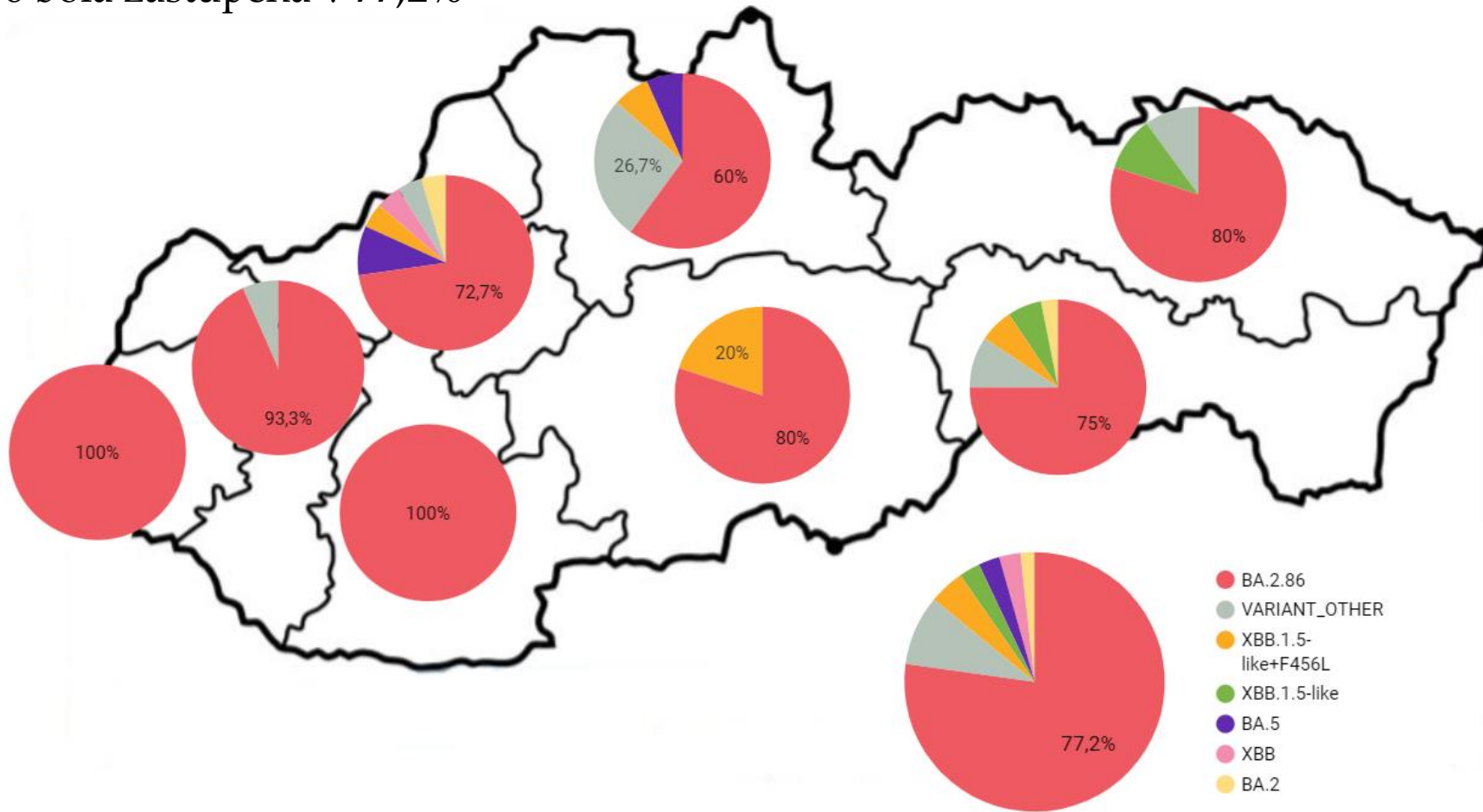
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel línií: BA.2.86– 77,2% (n=88); VARIANT\_OTHER\* – 8,8% (n=10); XBB.1.5-like+F456L – 4,4% (n=5); XBB.1.5-like – 2,6% (n=3); XBB – 2,6% (n=3); BA.5 – 2,6% (n=3); BA.2 – 1,8% (n=2)

\*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje línie nezaradené v TESSy nomenklatúre



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 1. – 4. týždni (r. 2024)

- z geografického pohľadu je rozšírenie línií v krajoch rozdielne
- línia BA.2.86 je detekovaná vo všetkých krajoch a má väčšinový podiel spomedzi všetkých zachytených línií v sledovanom období
- línia BA.2.86 bola zastúpená v 77,2%

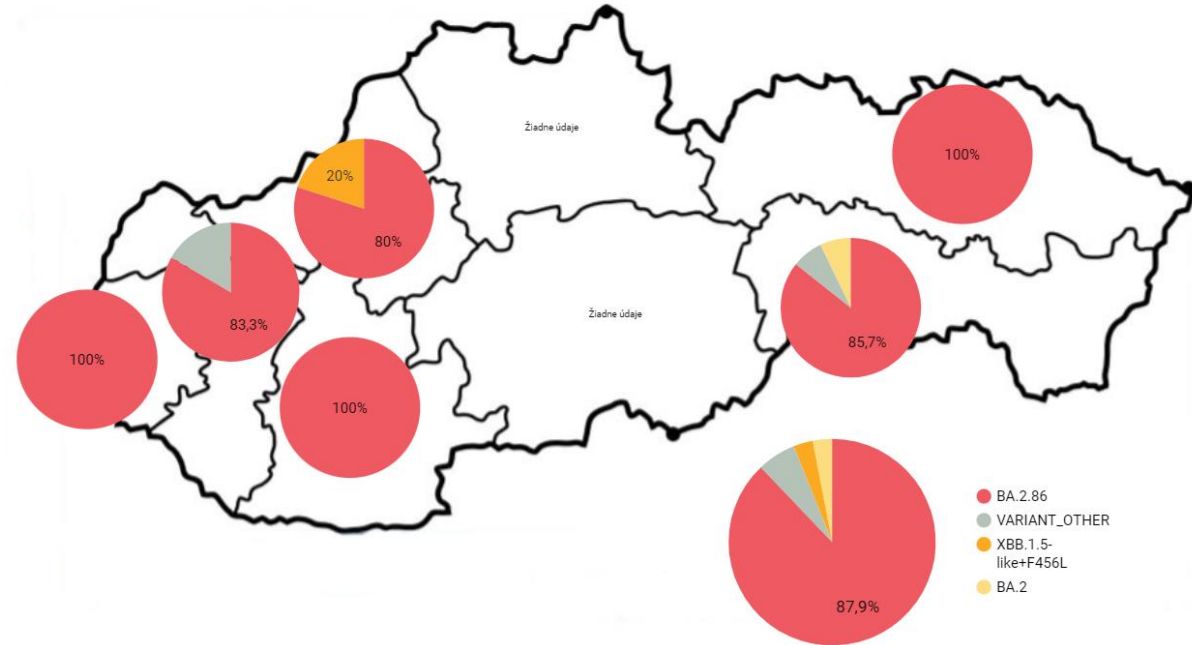
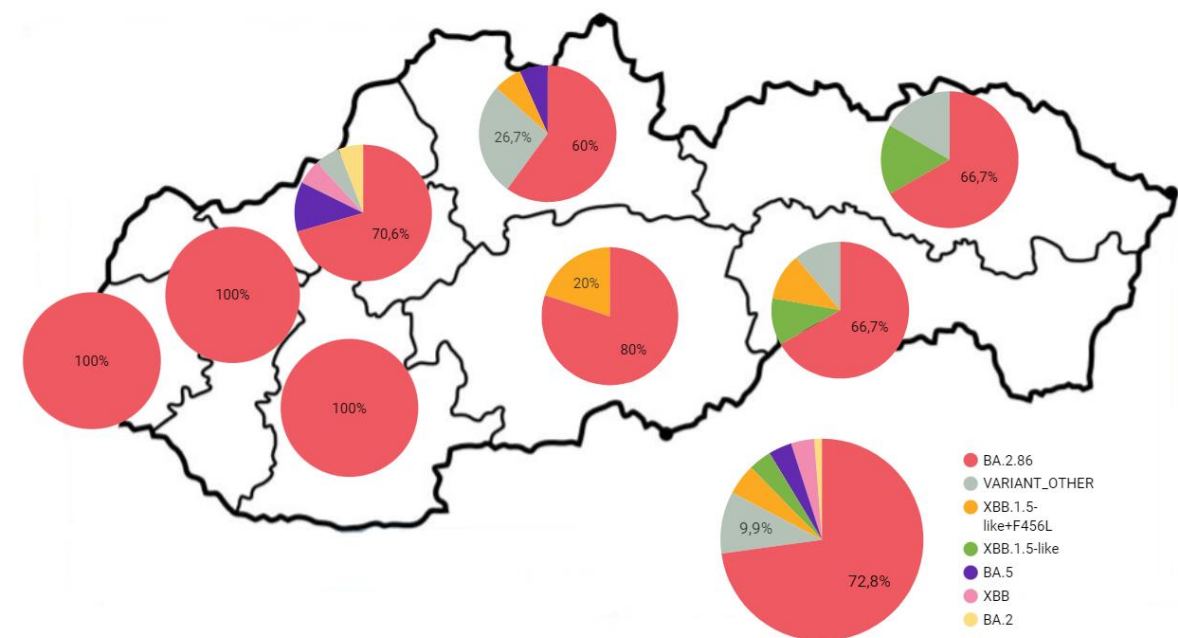


# Prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

1.-2. týždeň \*

3.-4. týždeň \*

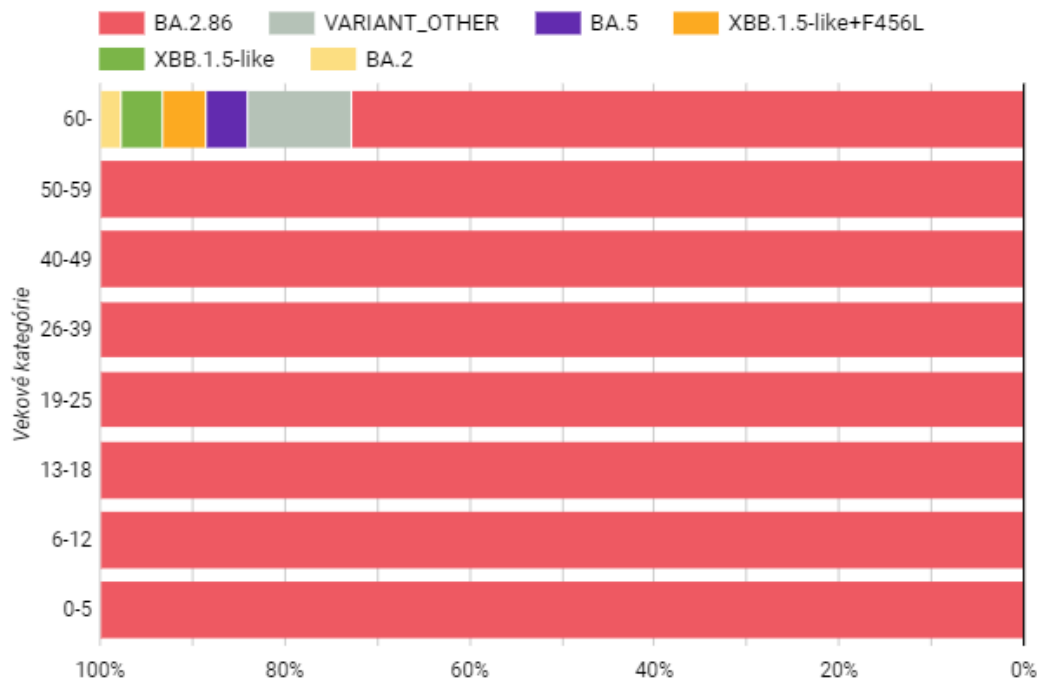


# Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

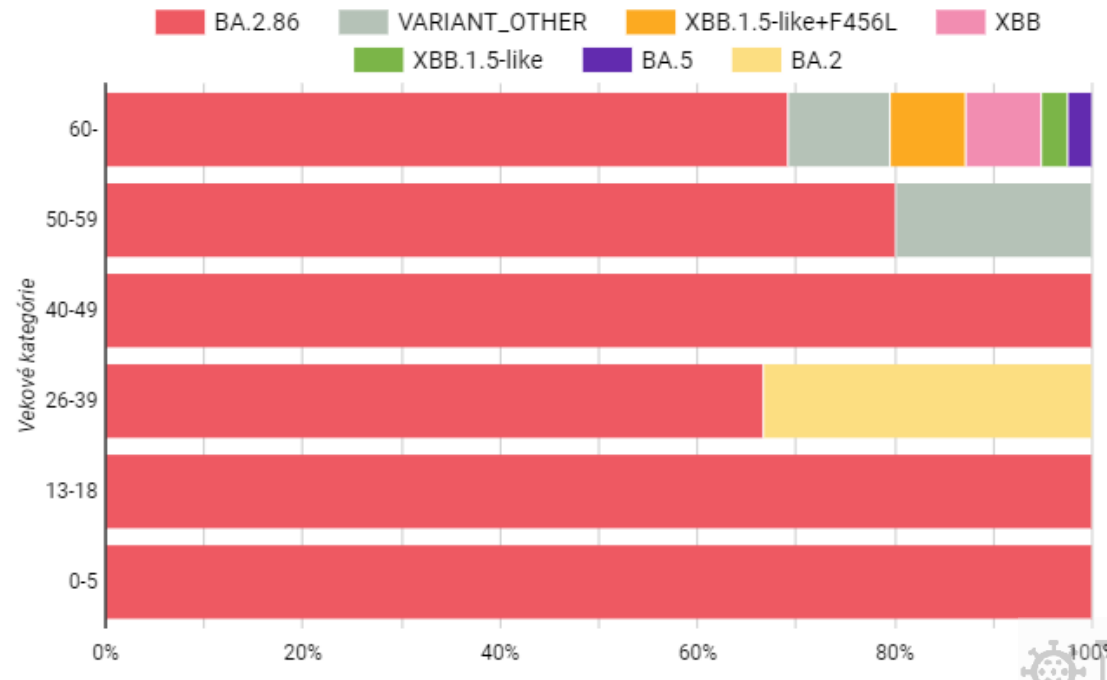
- o súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 51,8% izolovaných vzoriek od žien a 48,2% od mužov
- o u oboch pohlaví tvorila väčšinu línia BA.2.86
- o najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=44; 38,6% a muži n=39; 34,2%)

| Veková kat. | 60- | 50-59 | 40-49 | 26-39 | 19-25 | 13-18 | 6-12 | 0-5 |
|-------------|-----|-------|-------|-------|-------|-------|------|-----|
| ženy        | 44  | 3     | 3     | 1     | 2     | 1     | 1    | 4   |
| muži        | 39  | 5     | 4     | 3     | 0     | 3     | 0    | 1   |

## ŽENY

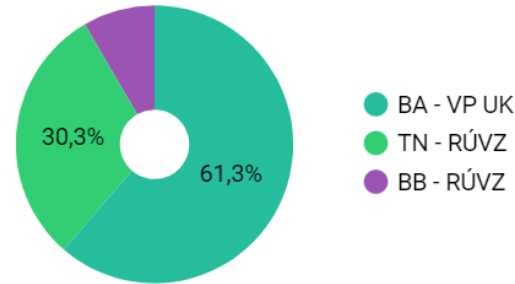


## MUŽI



# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 1. – 4. týždni (r. 2024)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 61,3% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava  
- 30,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín  
- 8,4% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica



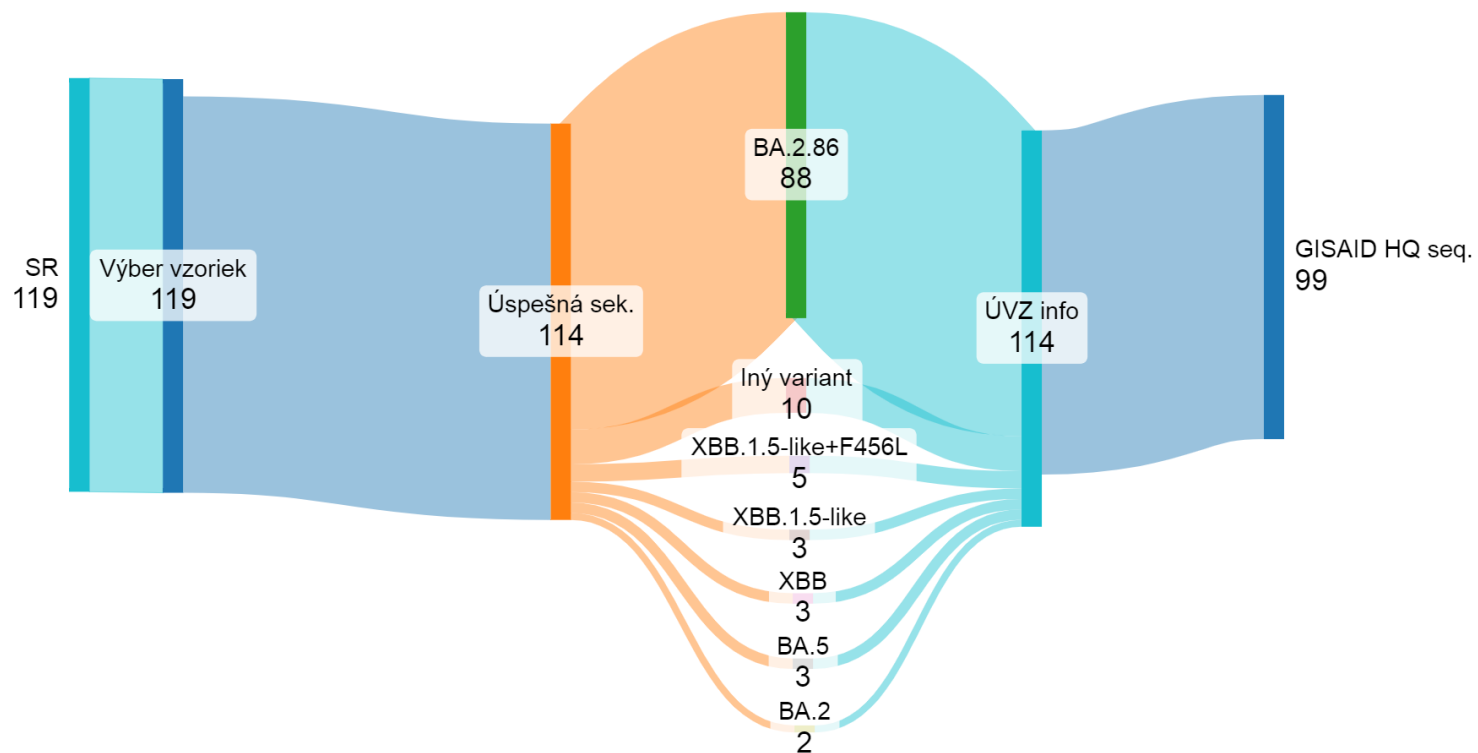
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek





- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spracovaných dát o variantoch a líniah 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 (01.01. – 28.01.2024)



## 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.
- monitorovaciu 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

