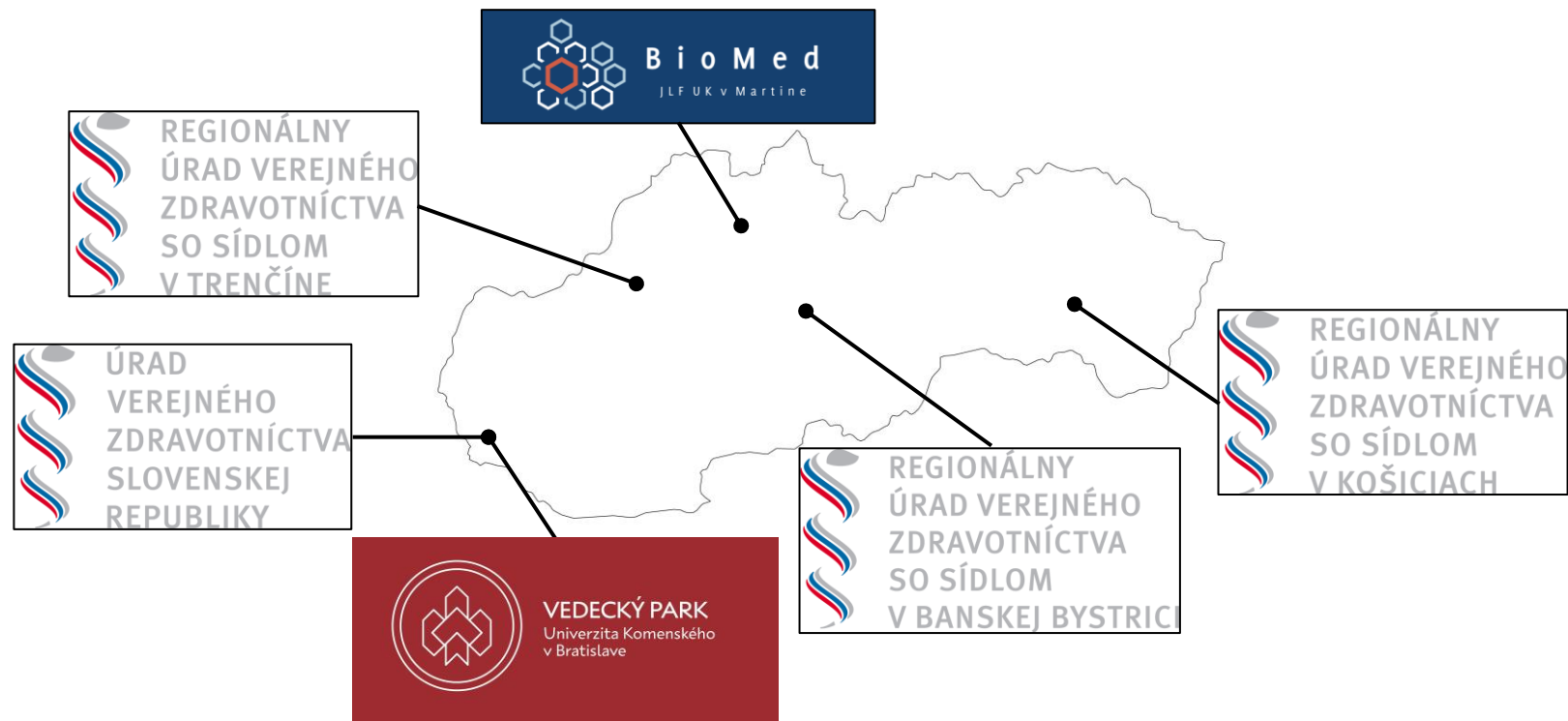
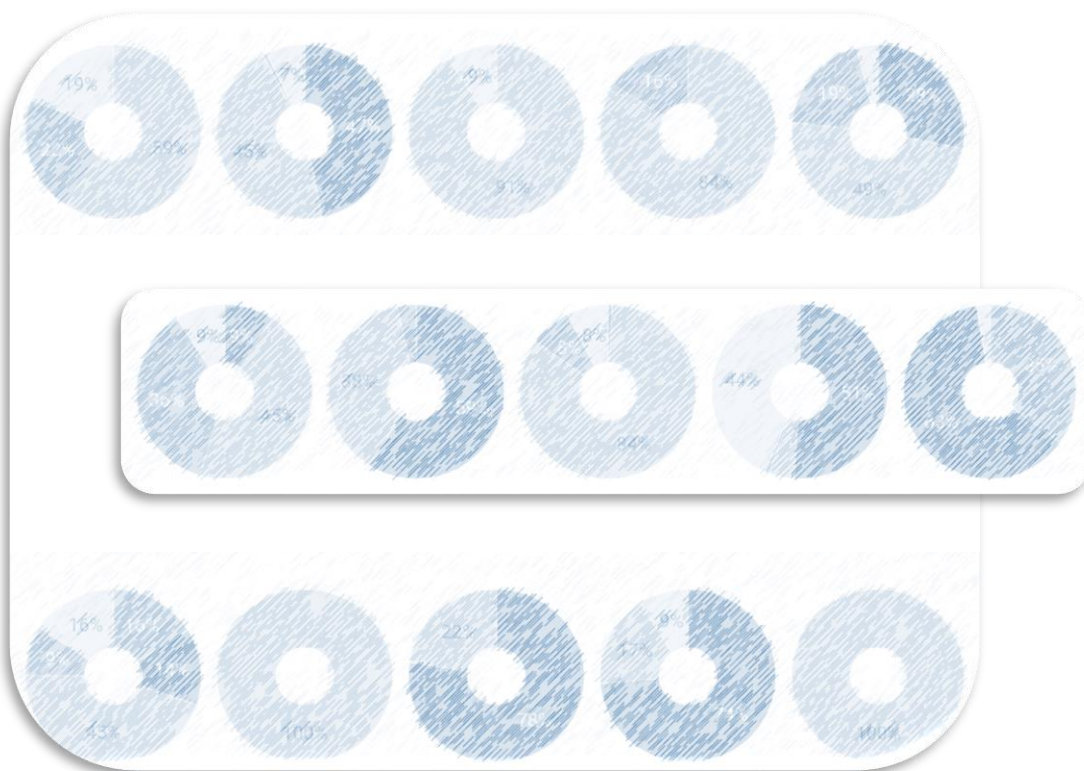


Monitorovacia správa o cirkulujúcich variantoch vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



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

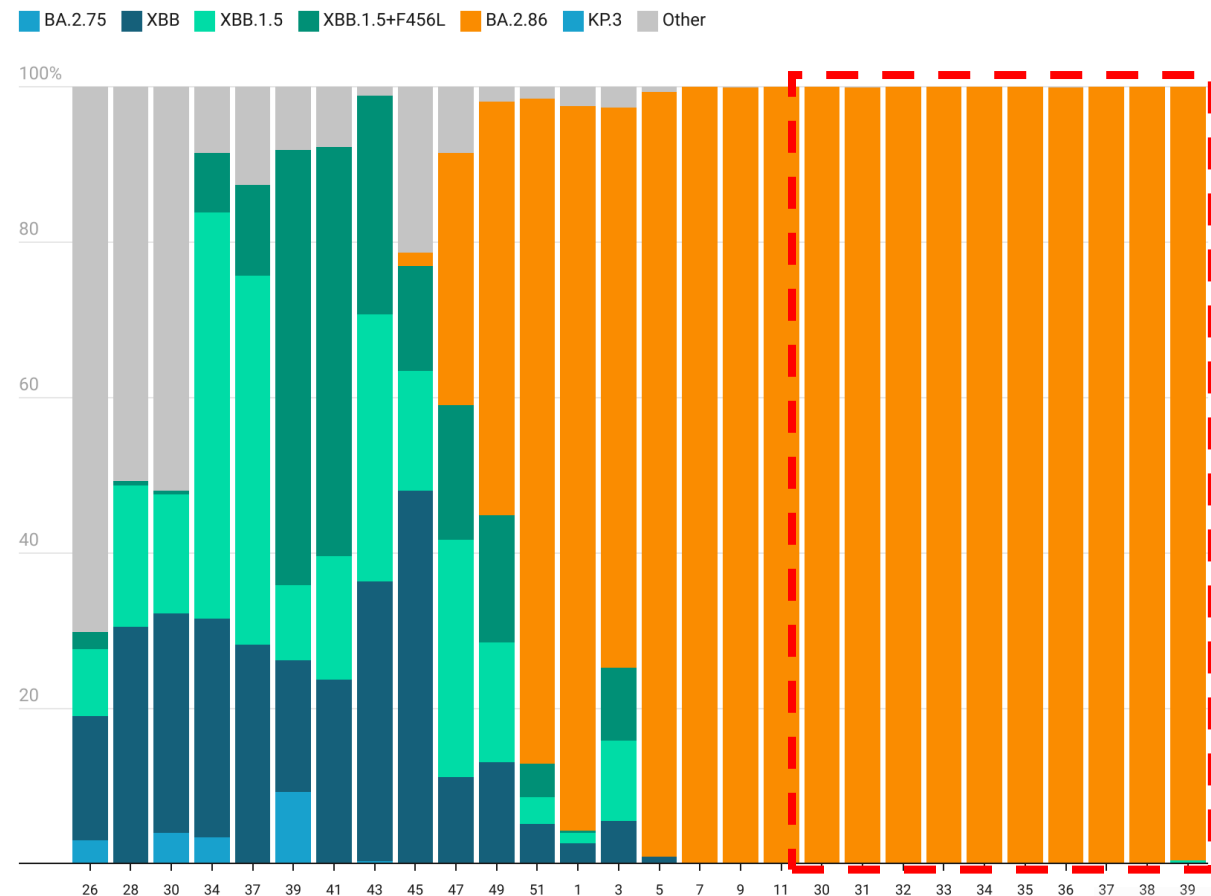


Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR 30. - 39. týždeň (r. 2024)

- 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 – 99,92%; XBB.1.5 – 0,05%; Other* – 0,01%

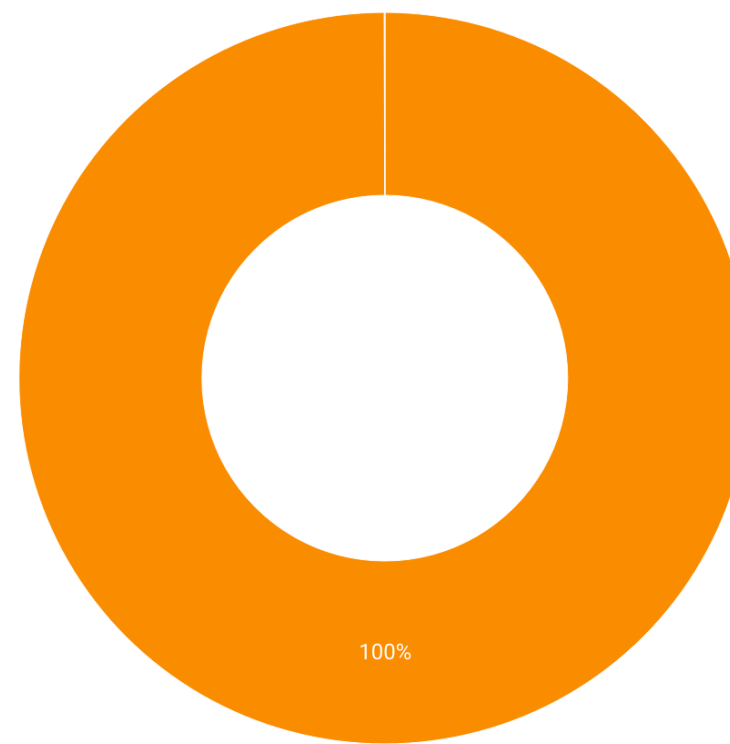
*skupina OTHER predstavuje časť zachyteného genetického materiálu

s nejednoznačným zaradením do niektorej línie



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 30.-31. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období (22.07. - 04.08. 2024) bolo odobratých 26 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 21 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 80,8% 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



BA.2.86 Other

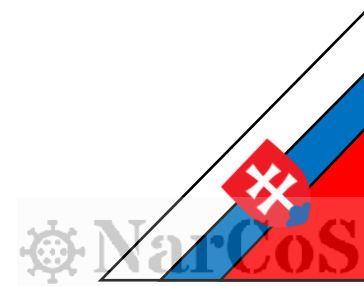
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 30.-31. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



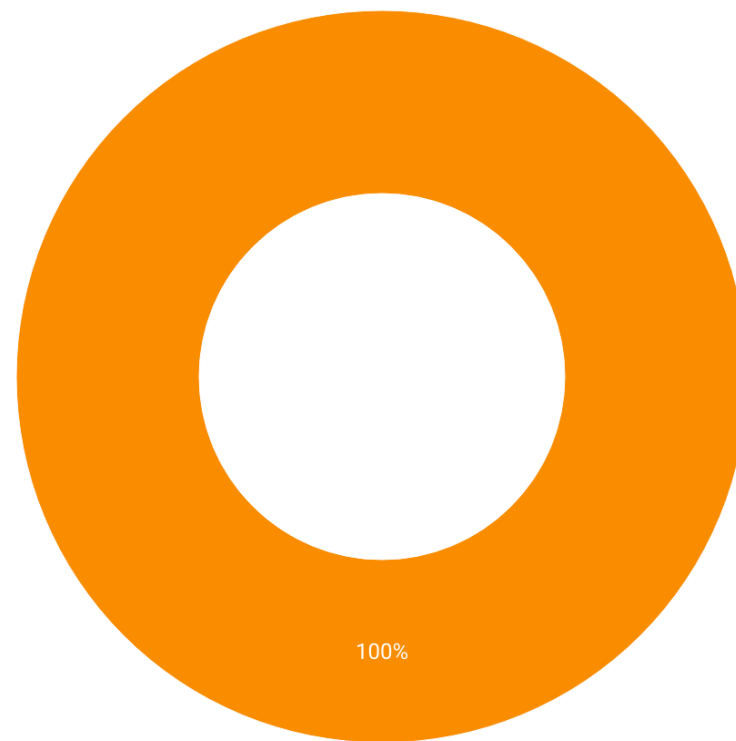
■ BA.2.86 ■ Other

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 32.-33. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období (05.08. - 18.08. 2024) bolo odobratých 23 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 20 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 87% 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



■ BA.2.86

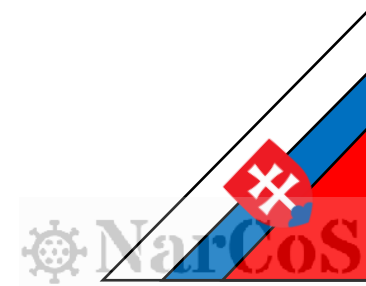
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 32.-33. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



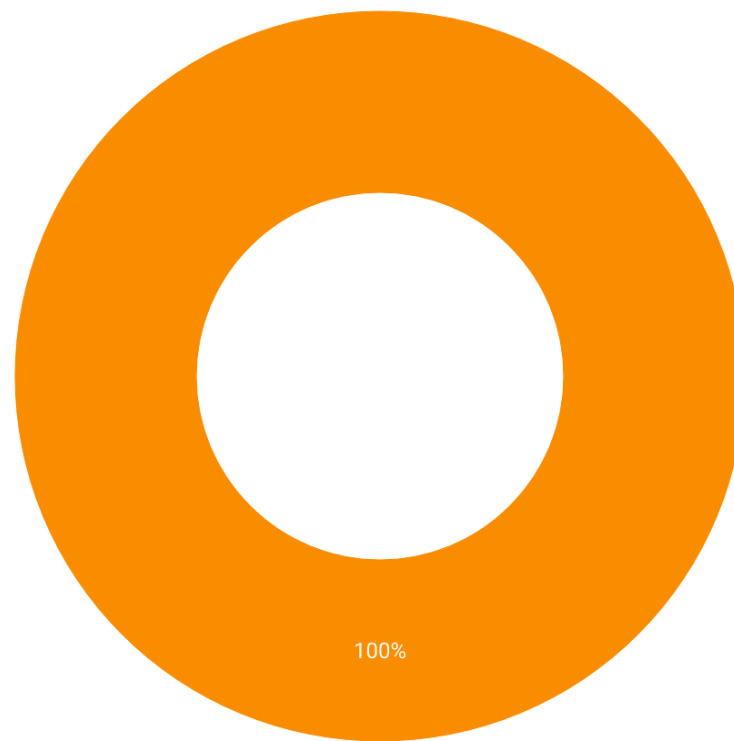
BA.2.86

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 34.-35. týždni (r. 2024)

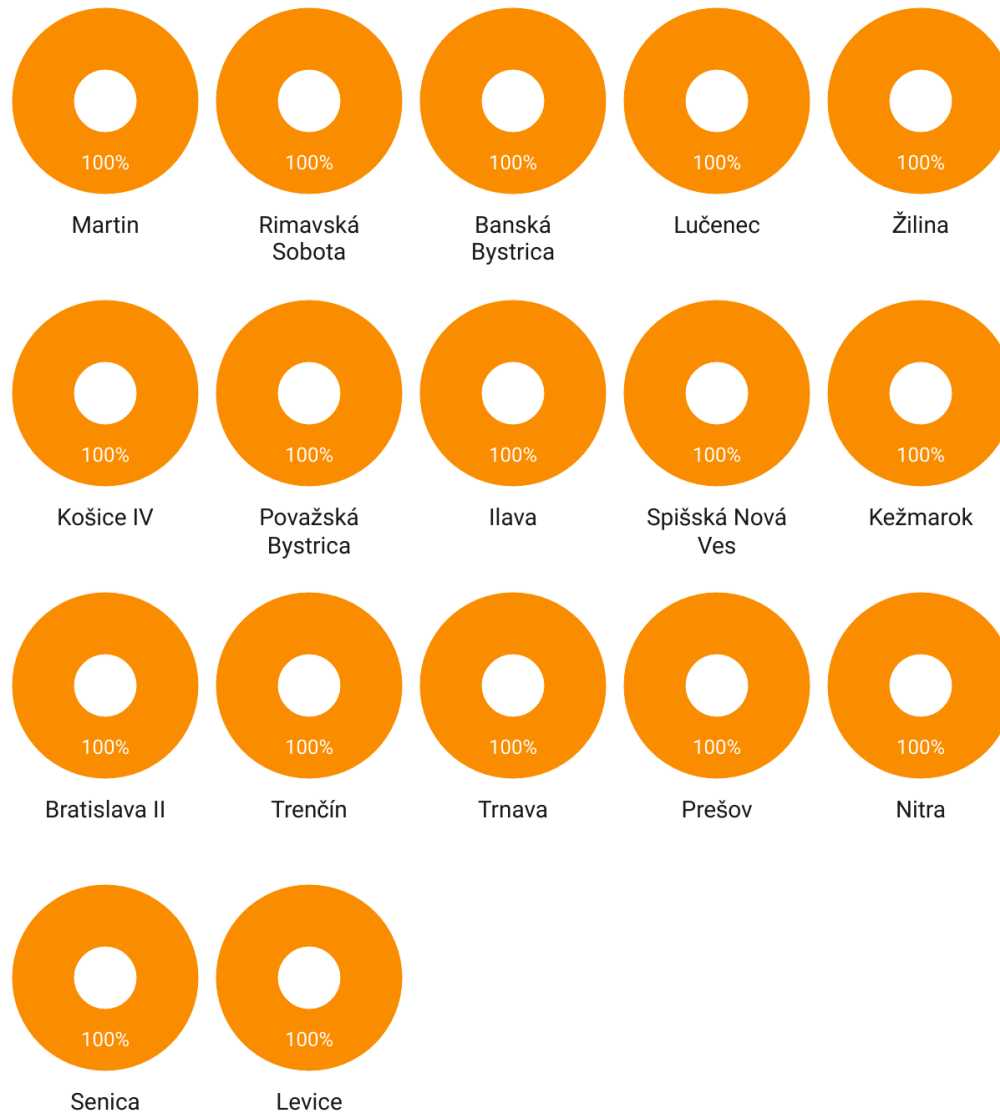
- v sledovanom období (19.08. - 01.09. 2024) bolo odobratých 22 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 17 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 77,3% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách najviac zastupená línia BA.2.86



BA.2.86

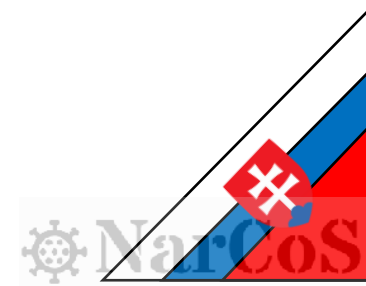
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 34.-35. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



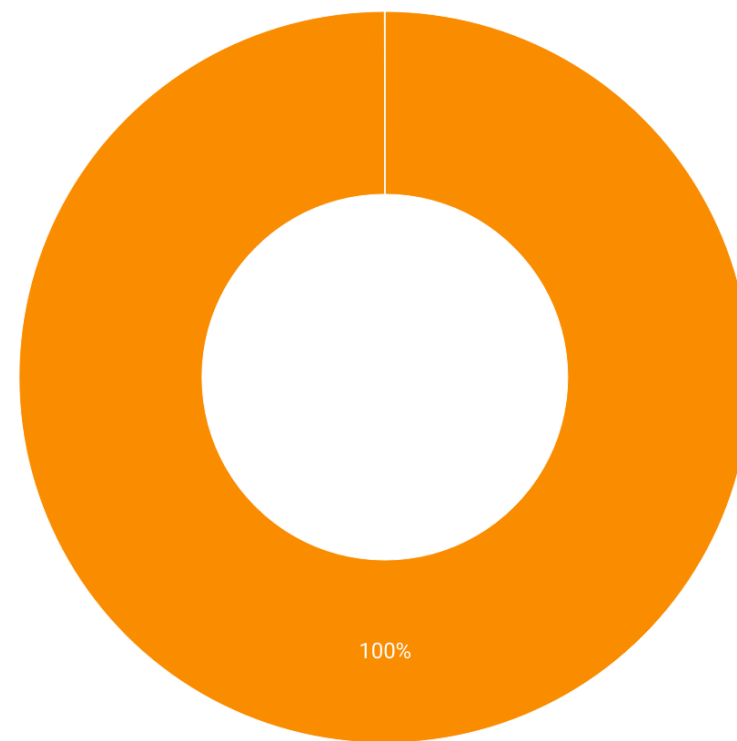
BA.2.86

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 36.-37. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období (02.09. - 15.09. 2024) bolo odobratých 24 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 17 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 70,8% 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



BA.2.86 Other

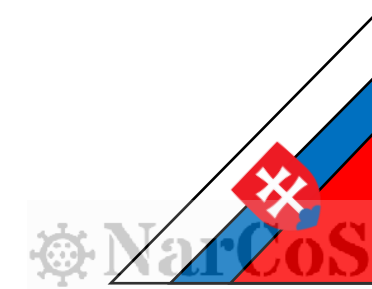
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 36.-37. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



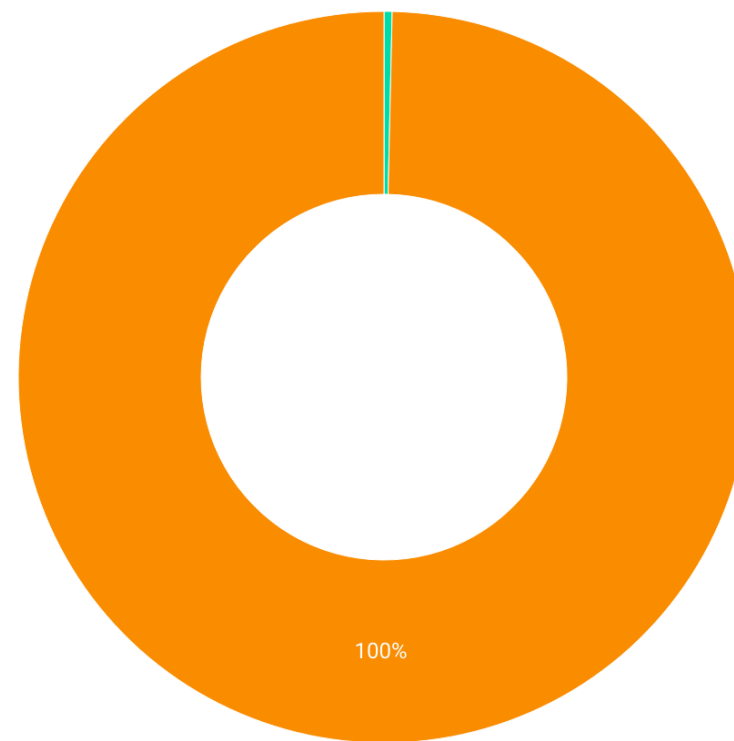
BA.2.86 Other

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 38.-39. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období (16.09. - 29.09. 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.1.5 BA.2.86

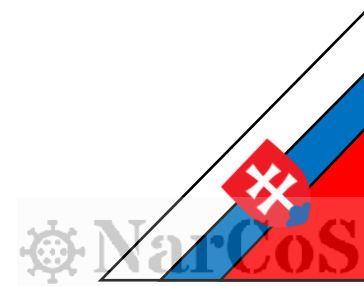
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 38.-39. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta

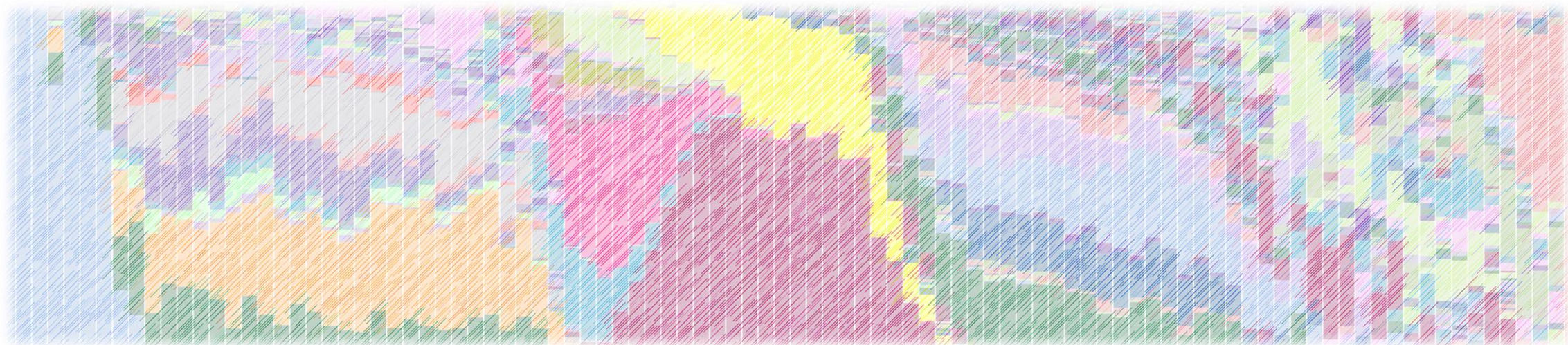


XBB.1.5 BA.2.86

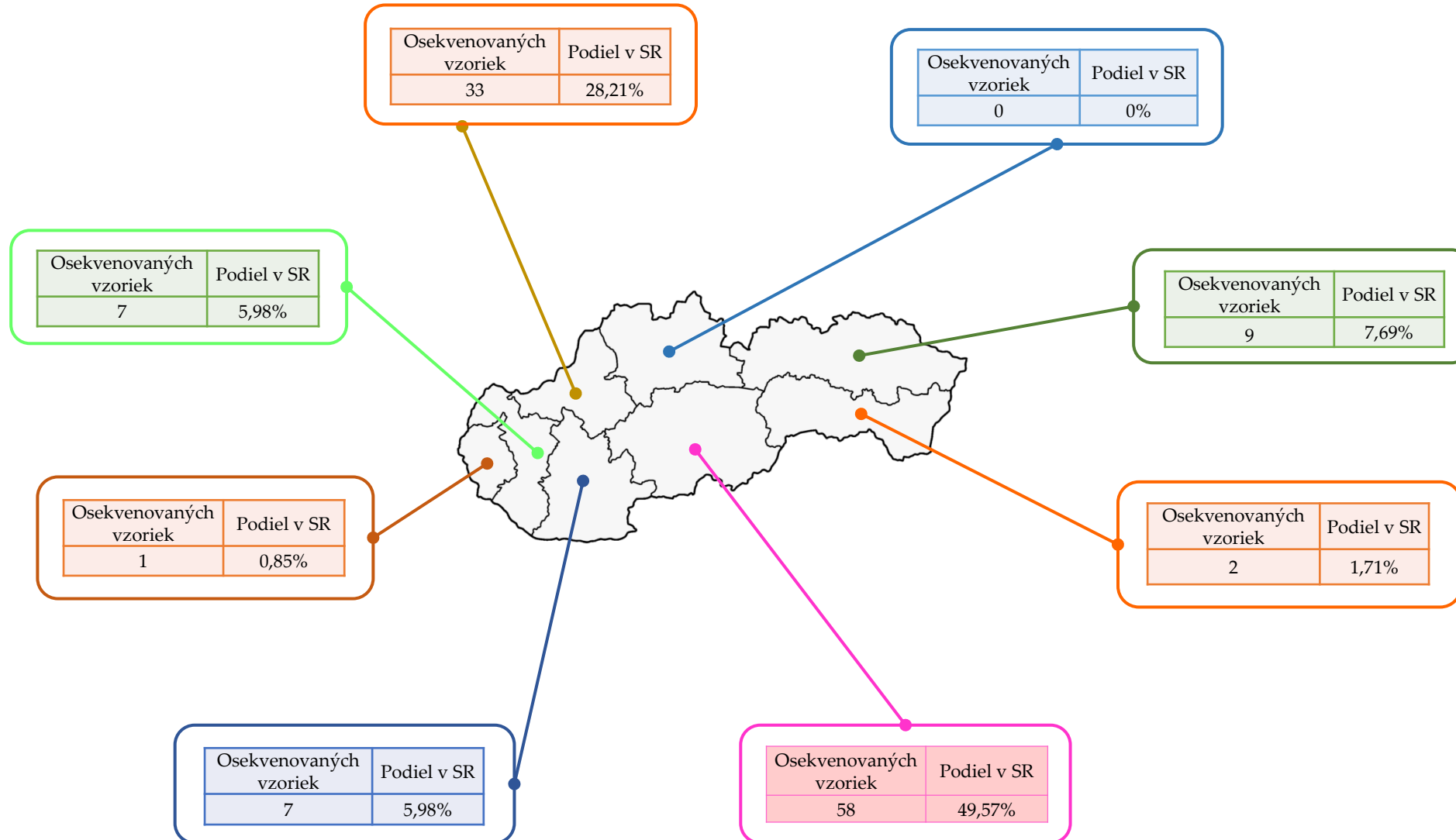
Created with Datawrapper



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



Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v SR podľa krajov od 01.10. do 03.11.2024 (40. – 44. týždeň/2024)

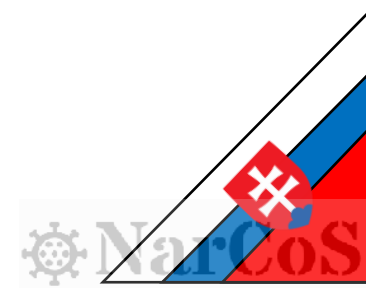


Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (40. – 44. týždeň/2024)

- v sledovanom období (01.10. – 03.11. 2024) zachytených 3 608 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 122 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 91 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 74,6% úspešnosť**
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 2,52%
- vloženie 117 genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID v sledovanom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách zastupená línia KP.3
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (72,5%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

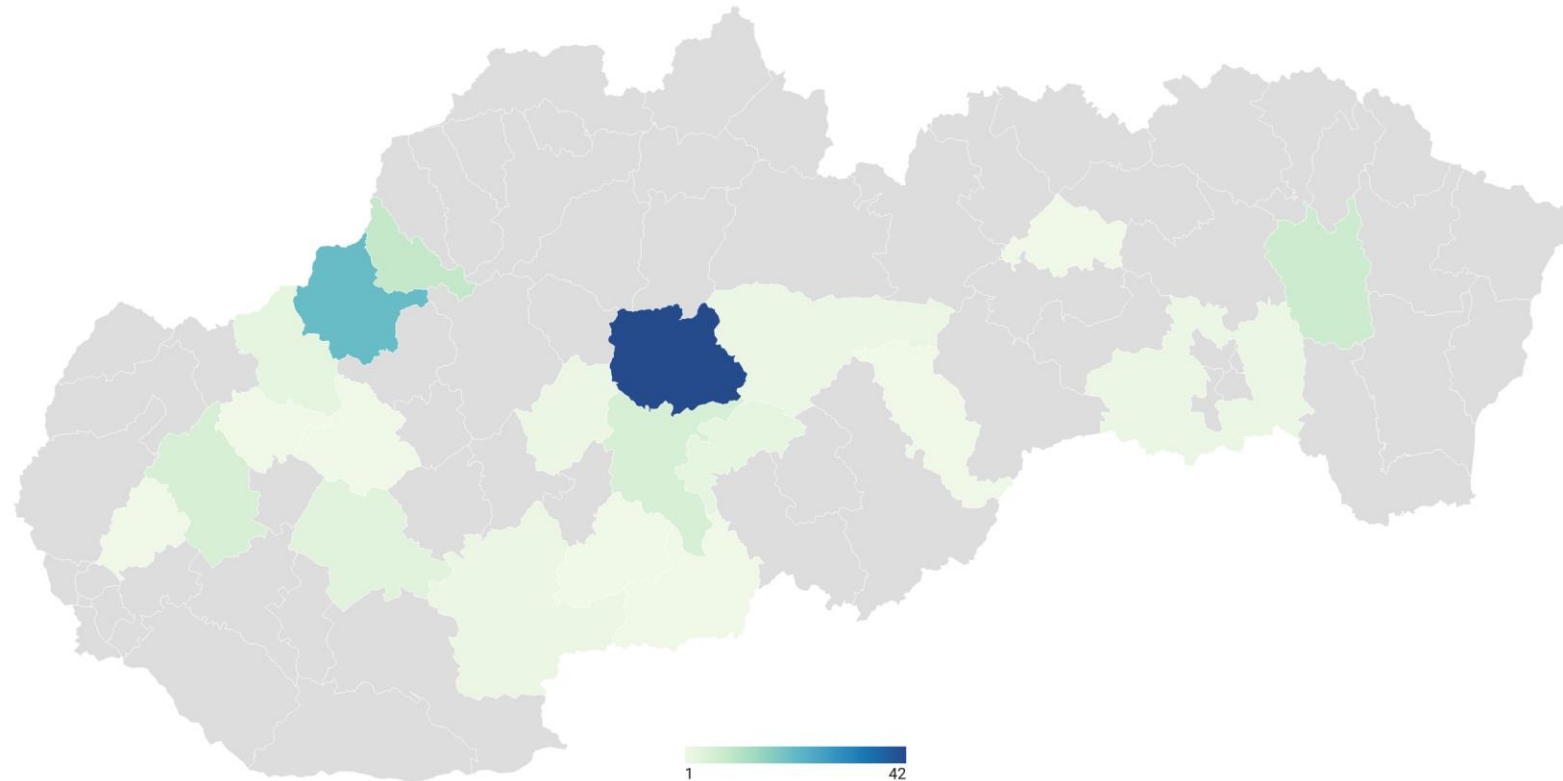
* zdroj: Svetová zdravotnícka organizácia

** sekvencie genómov s kompletnými metadátami



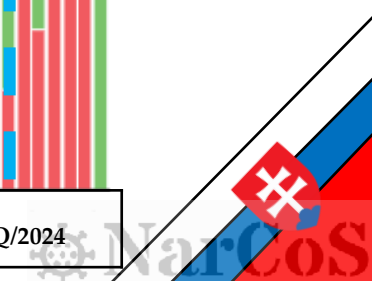
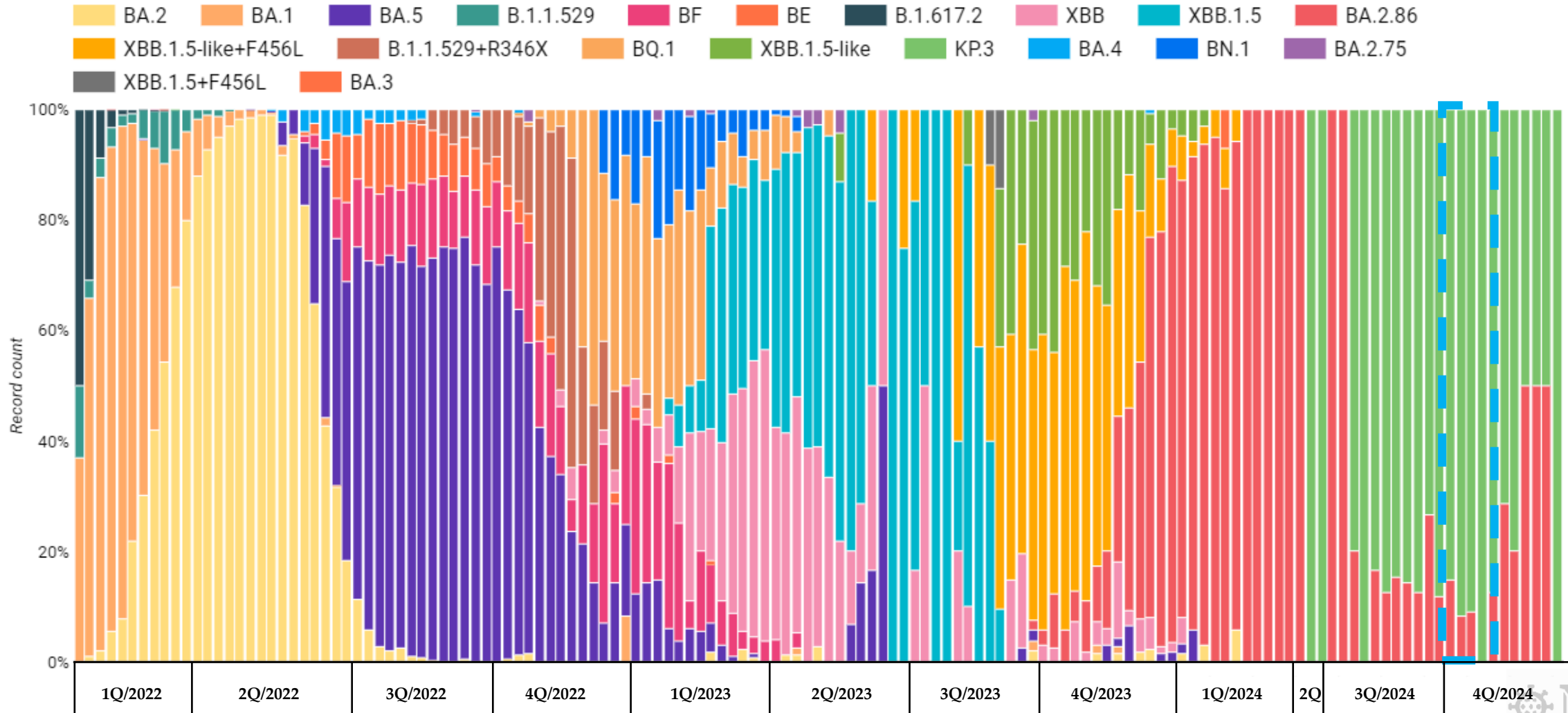
Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v SR podľa okresov od 01.10. do 03.11.2024 (40. – 44. týždeň/2024)

- najväčšie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresu Banská Bystrica a Trenčín



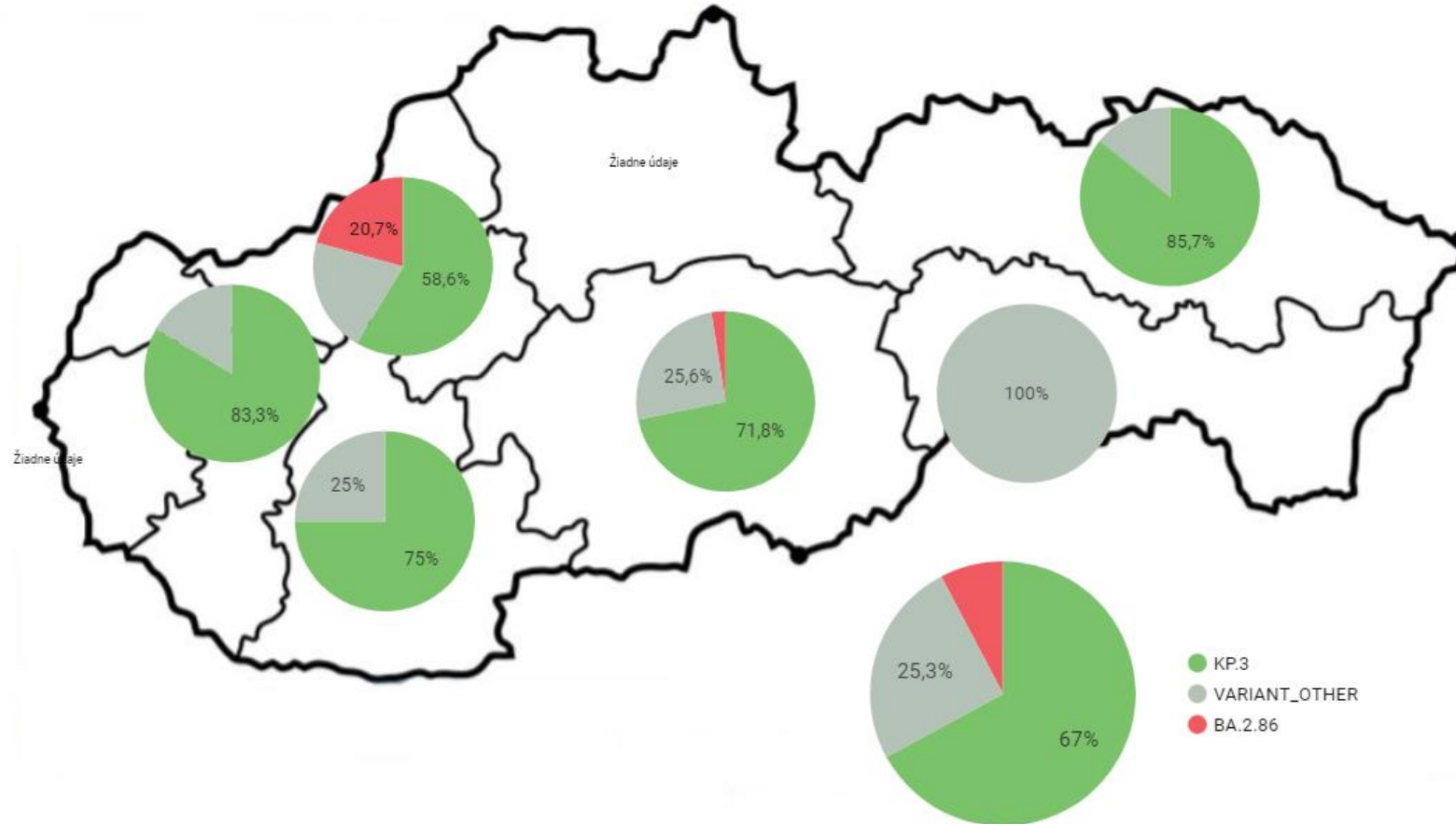
Kumulatívny prehľad zachytených variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel línií: KP.3- 67% (n=61); VARIANT_OTHER*-25,3% (n=23); BA.2.86– 7,7% (n=7)
- *skupina VARIANT_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov od 01.10. do 03.11.2024 (40. – 44. týždeň/2024)

- línia KP.3 bola detekovaná v Trnavskom, Nitrianskom, Trenčianskom, Banskobystrickom a Prešovskom kraji
- línia KP.3 bola detekovaná v 67% vzoriek

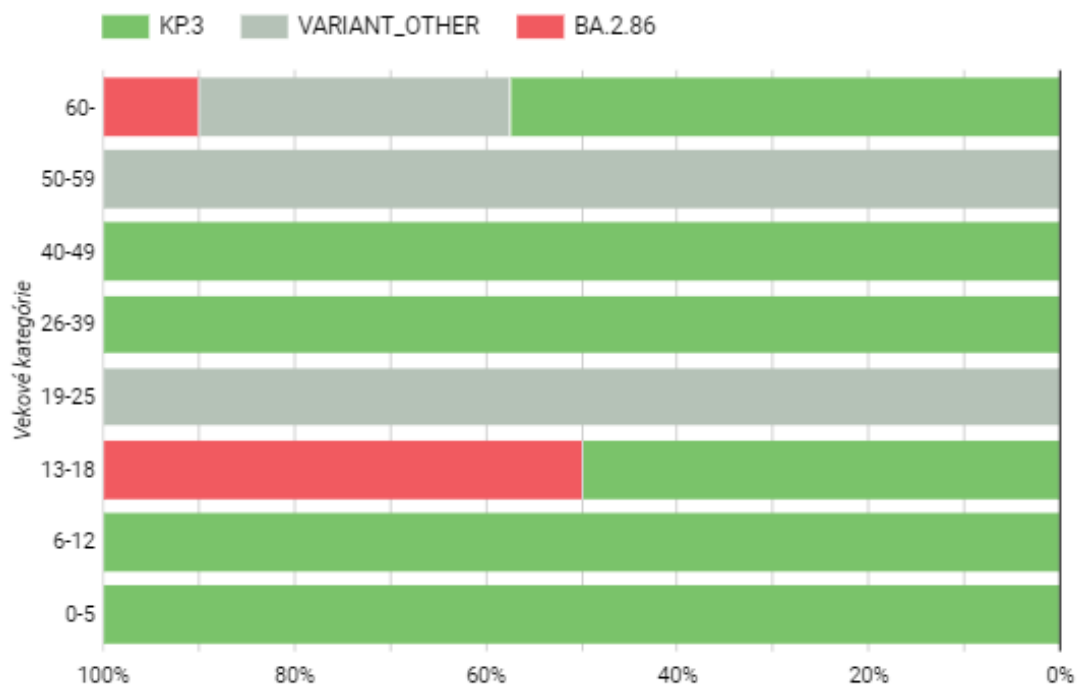


Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

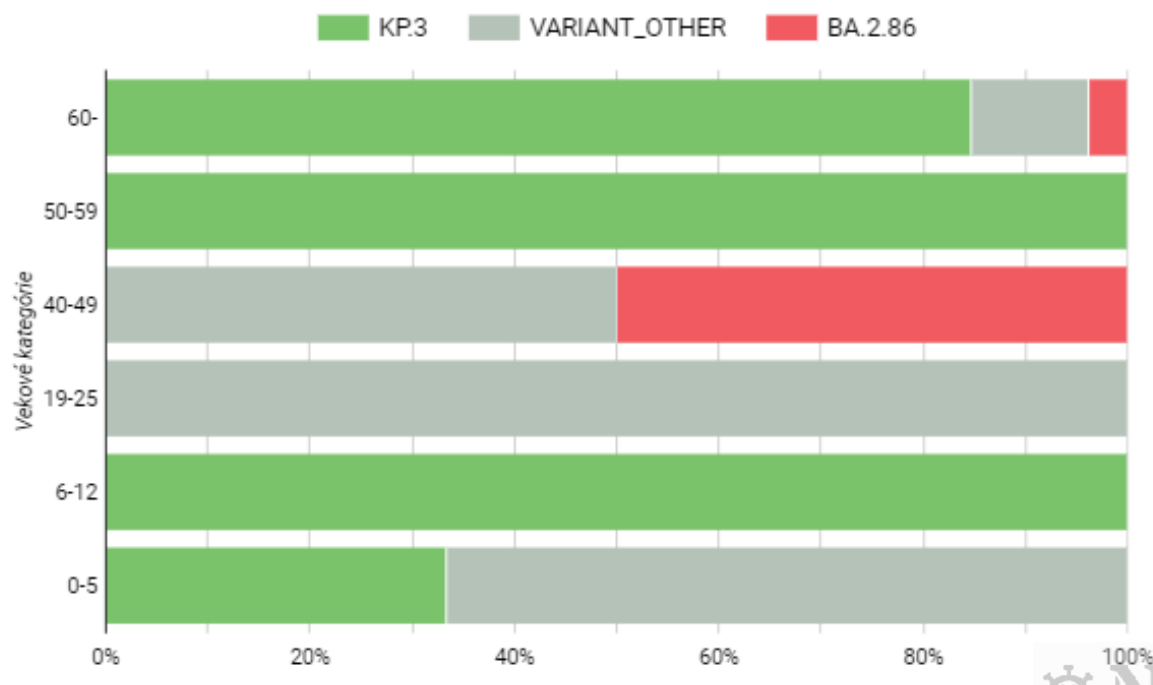
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 61,54% izolovaných vzoriek od žien a 38,46% od mužov
- najviac vyhodnotených vzoriek: veková kategória 60+ (ženy n=40; 43,96% a muži n=26; 28,57%)

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

ŽENY

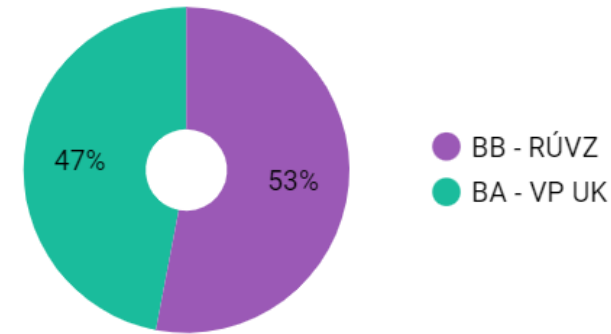


MUŽI

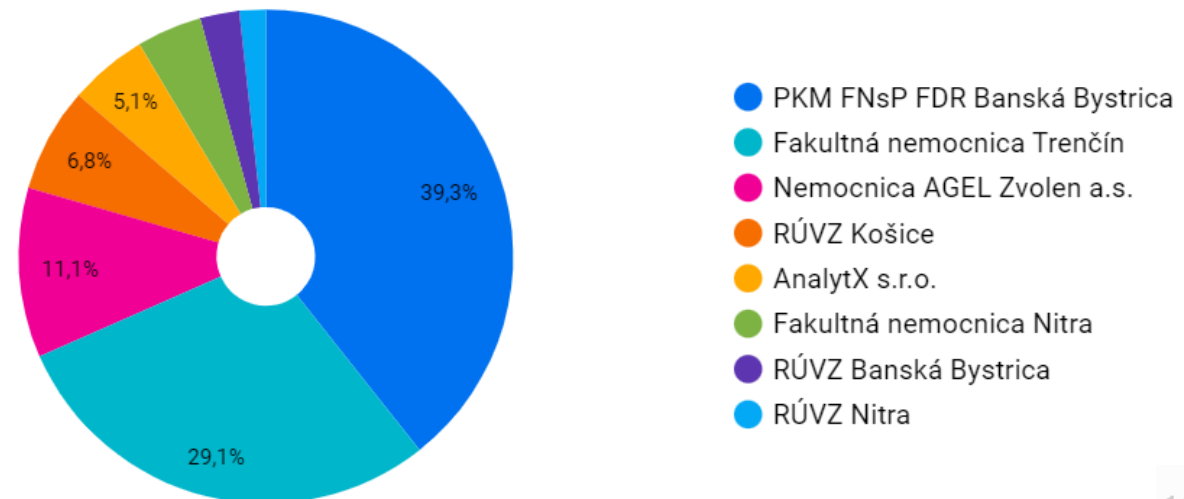


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek od 01.10. do 03.11.2024 (40. – 44. týždeň/2024)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 53% Regionálny Úrad verejného zdravotníctva Banskej Bystrica
- 47% Univerzitný Vedecký park UK Bratislava



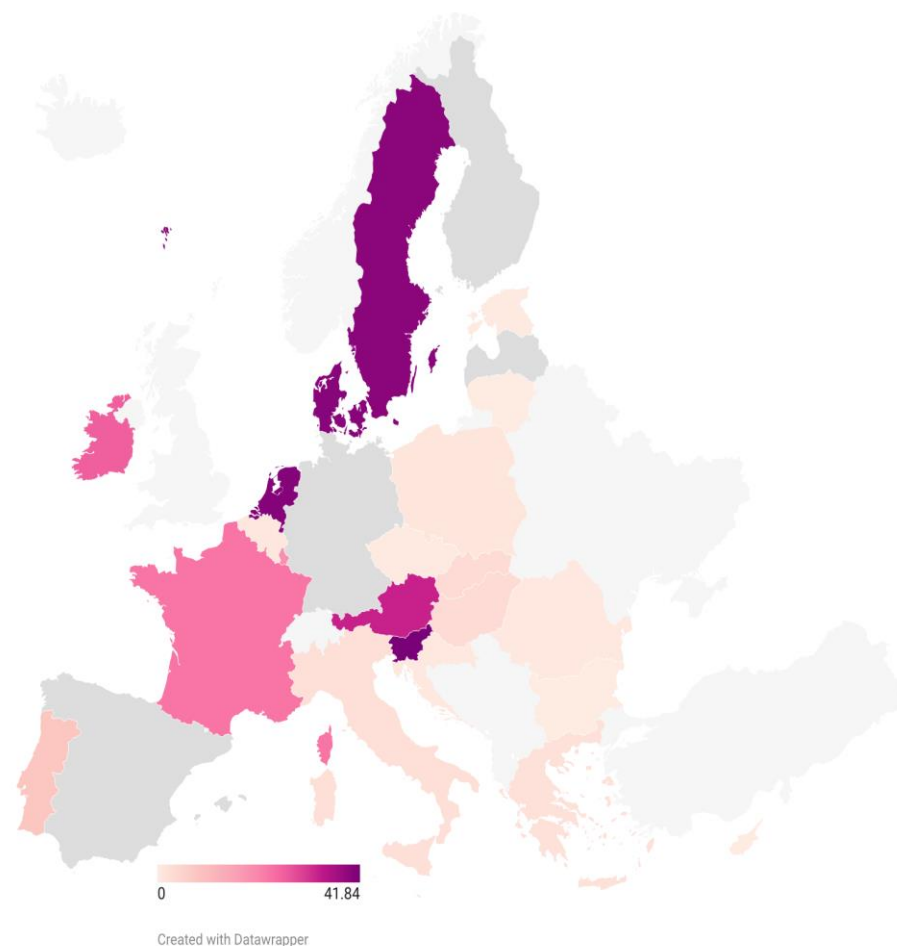
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ (obdobie: 01.10. – 03.11.2024)

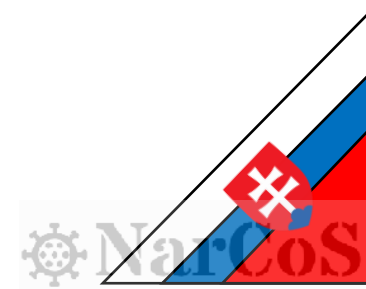
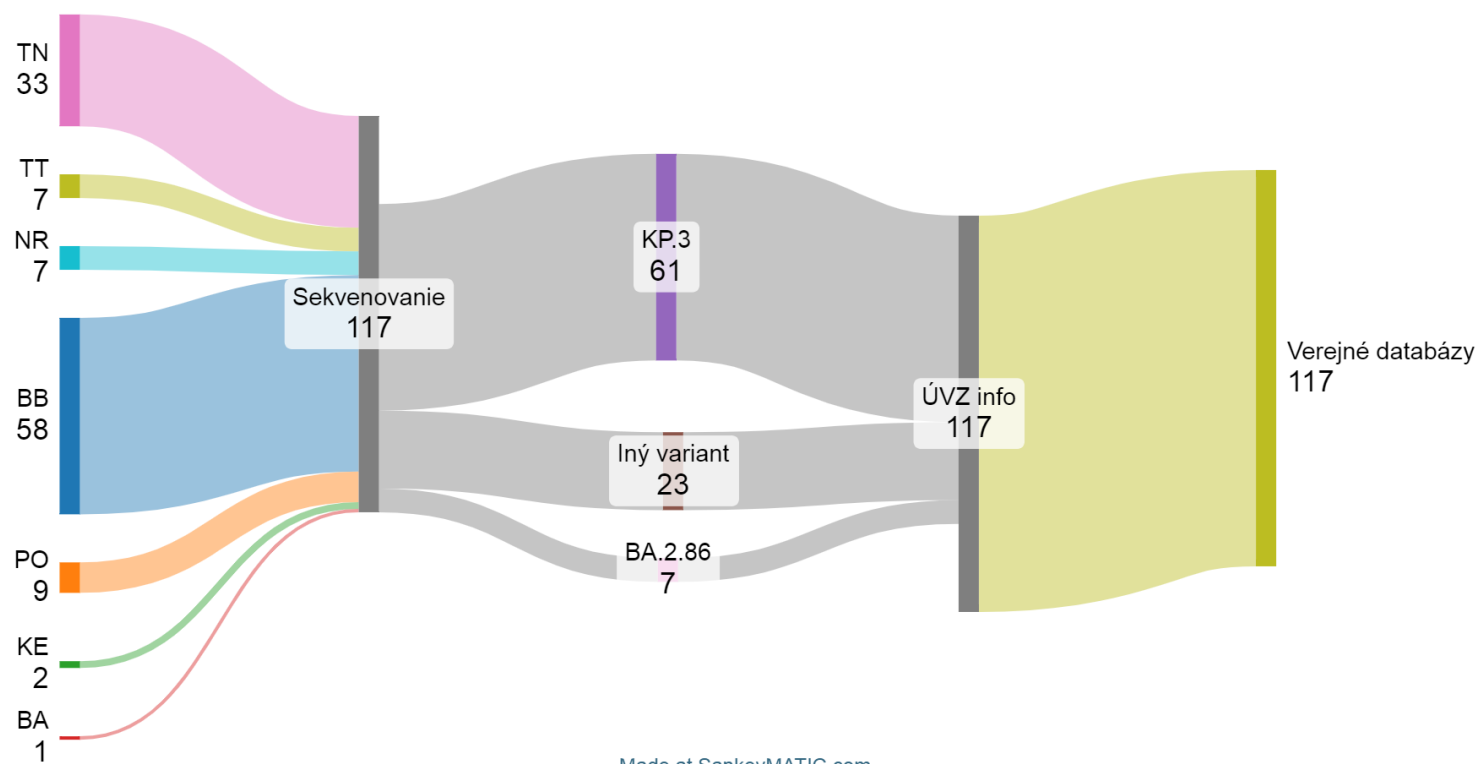
- v sledovanom období bolo do databázy GISAID uložených 118 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- za sledované obdobie bolo sekvenovaných 3,27% pozitívne detegovaných vzoriek v Slovenskej republike (Fínsko, Nemecko, Španielsko, Litva, Lotyšsko, Cyprus a Malta – nedostupné alebo nekompletné dáta)

Štát	%	Štát	%
Slovinsko	41.84	Slovensko	3.27
Holandsko	40.49	Taliansko	2.32
Dánsko	40.14	Grécko	2.14
Švédsko	39.87	Poľsko	1.21
Rakúsko	33.03	Belgicko	0.90
Írsko	26.25	Rumunsko	0.61
Francúzsko	23.24	Chorvátsko	0.56
Luxembursko	19.12	Česko	0.28
Portugalsko	8.22	Estónsko	0.26
Maďarsko	3.5	Bulharsko	0.03



- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spracovaných dát o variantoch a líniiach 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 (01.10. – 03.11.2024)



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
- pravidelný národný genomický prieskum vzoriek odpadových vôd zabezpečuje NRC pre mikrobiológiu životného prostredia ÚVZ SR, v spolupráci s RÚVZ Nitra, RÚVZ Trenčín, RÚVZ Banská Bystrica, RÚVZ Prešov, RÚVZ Košice a vybranými ČOV
- spracovalo ÚVZ SR, CVTI SR a VP 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
 - Podpora účasti SR v Európskom výskumnom priestore II (SK4ERA II) - kód: NFP401101DVH7
 - 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, Oliver Kubička
- Experimentálna a organizačná časť spracovania vzoriek: Tatiana Sedláčková, Diana Rusňáková, Edita Staroňová, Anna Kaliňáková, Maďarová Lucia, Beňová Kristína, Onderková Zuzana, Halašová Erika

