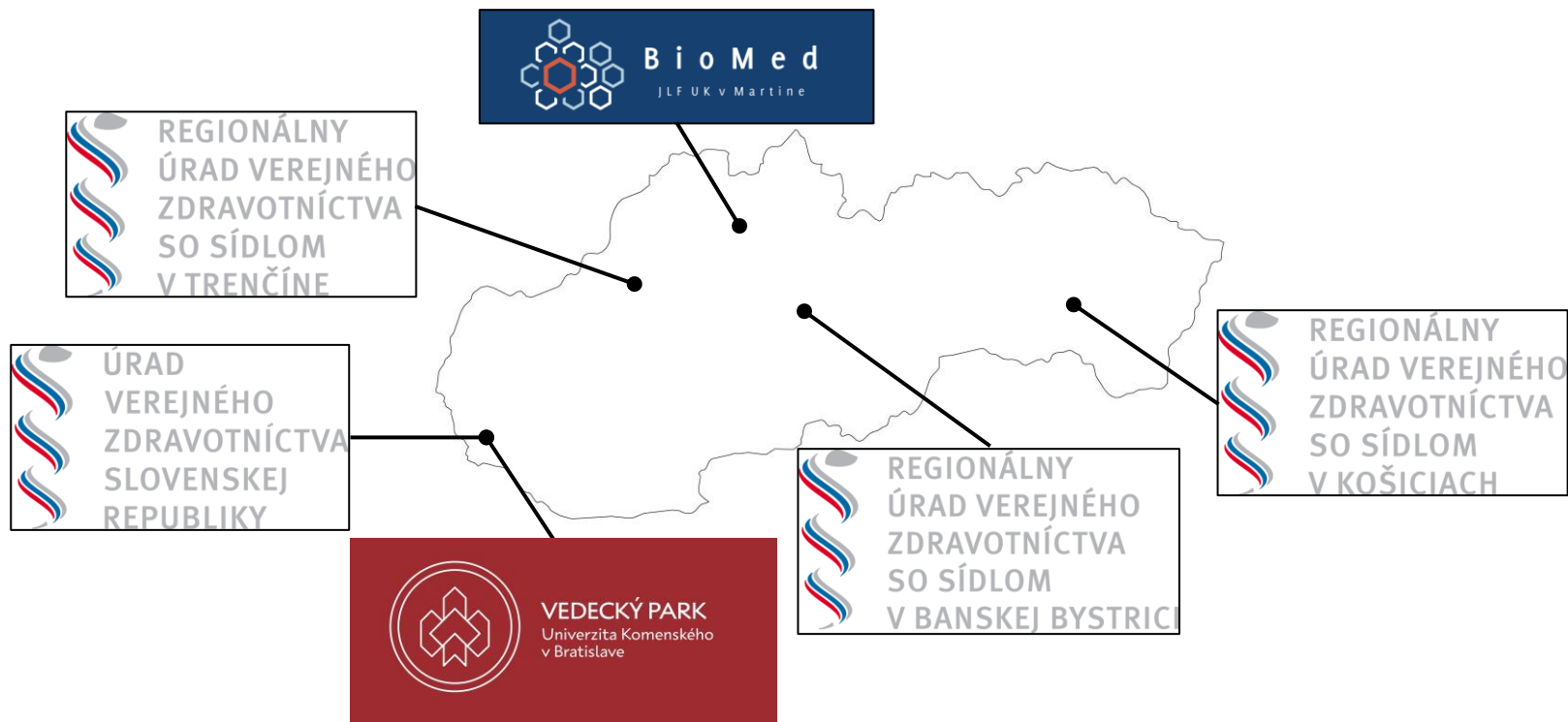
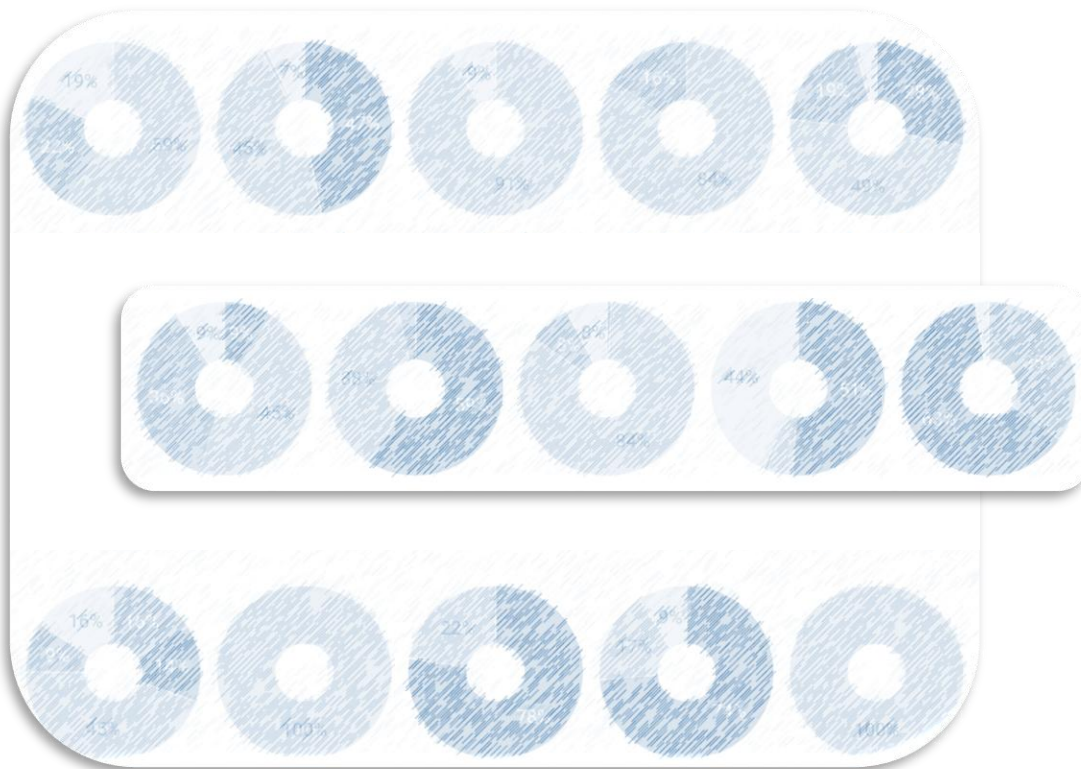


Monitorovacia správa o cirkulujúcich variantoch vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



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

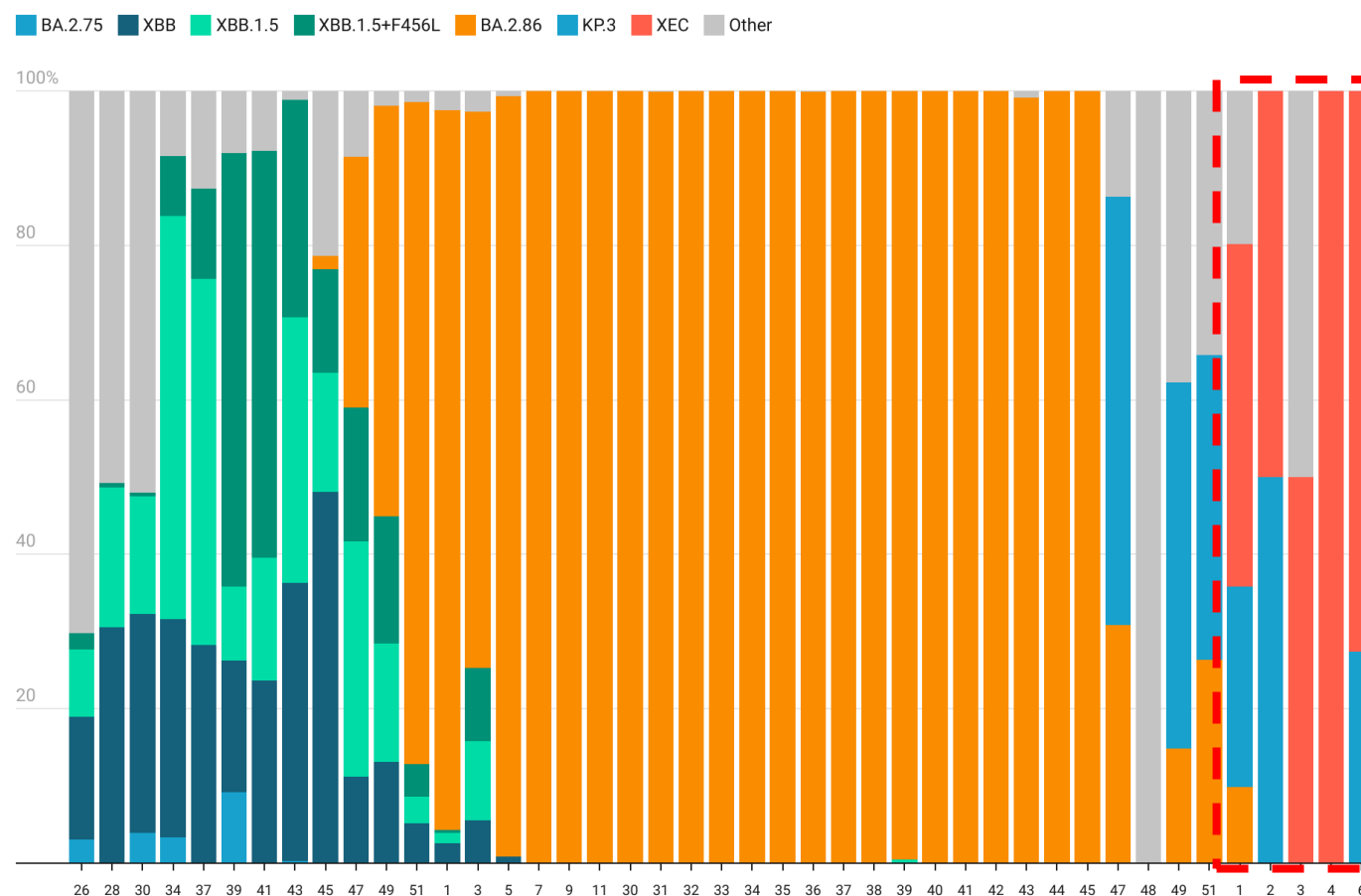


Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR

01. - 07. týždeň (r. 2025)

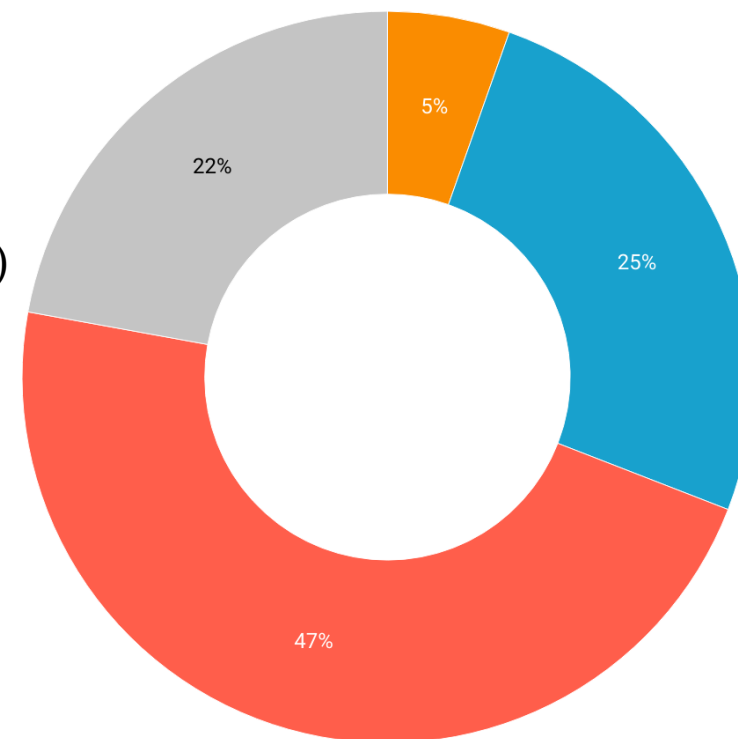
- v sledovanom období boli zachytené genetické stopy vírusu SARS-CoV-2 zaradené k variantu Omikron
- v analyzovaných vzorkách bolo zo zvyškov genetického materiálu vírusu SARS-CoV-2
vypočítaný predpokladaný podiel línií: XEC – 63,04%; KP.3 – 20,45%; Other* – 13,80%; BA.2.86 – 1,91%

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



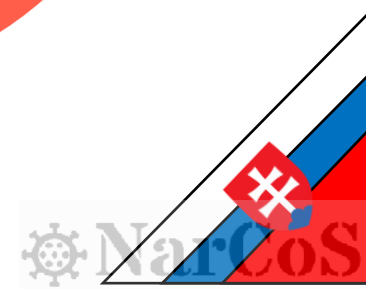
Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 01.-03. týždni (r. 2025)

- v sledovanom období (30.12.2024 - 19.01. 2025) bolo odobratých 35 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 9 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 25,7% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bol v analyzovaných vzorkách najviac zastupený rekombinant XEC (rekombinant línií KS.1.1a KP.3.3)

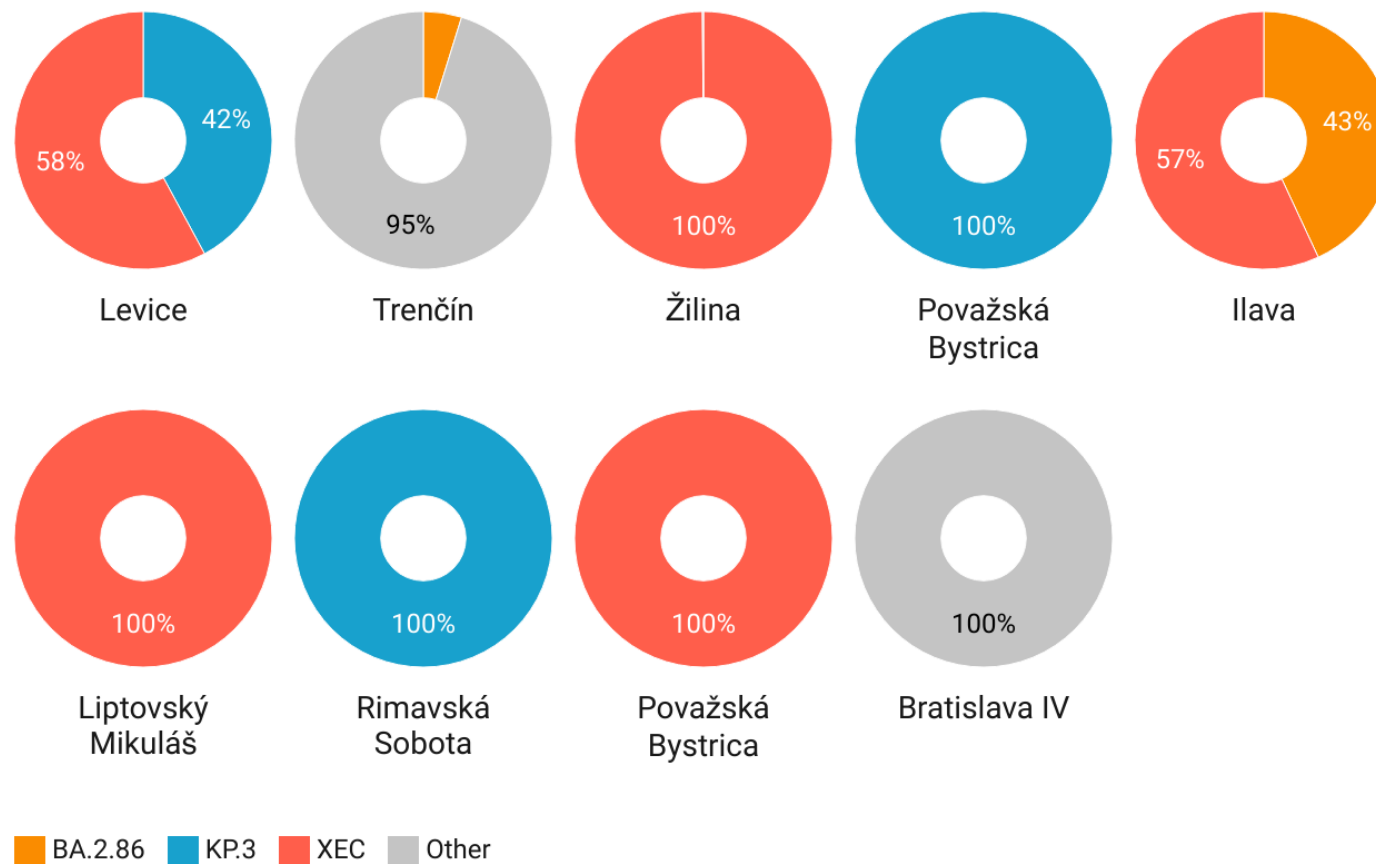


BA.2.86 KP.3 XEC Other

Created with Datawrapper



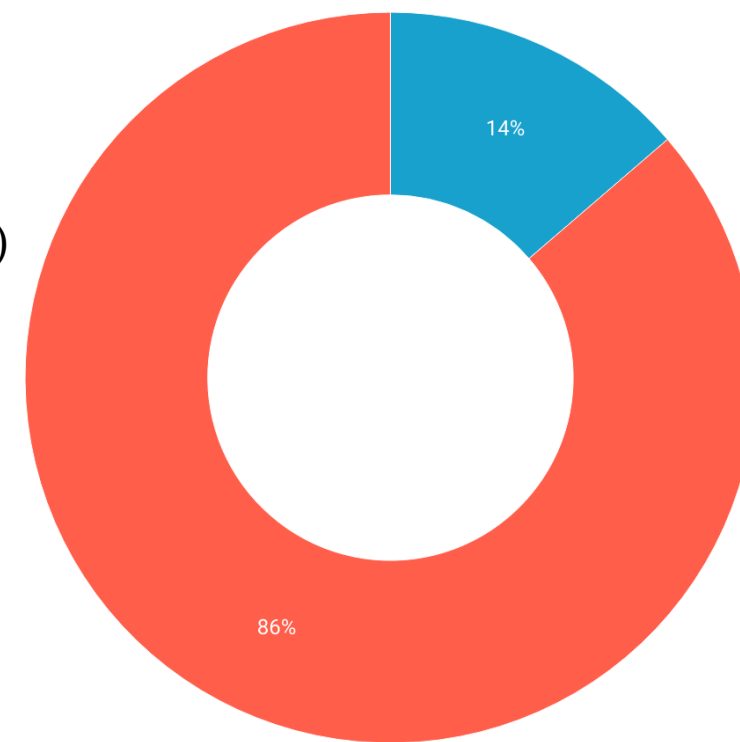
Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 01.-03. týždni (r. 2025) podľa odberného miesta



Created with Datawrapper

Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 04.-07. týždni (r. 2025)

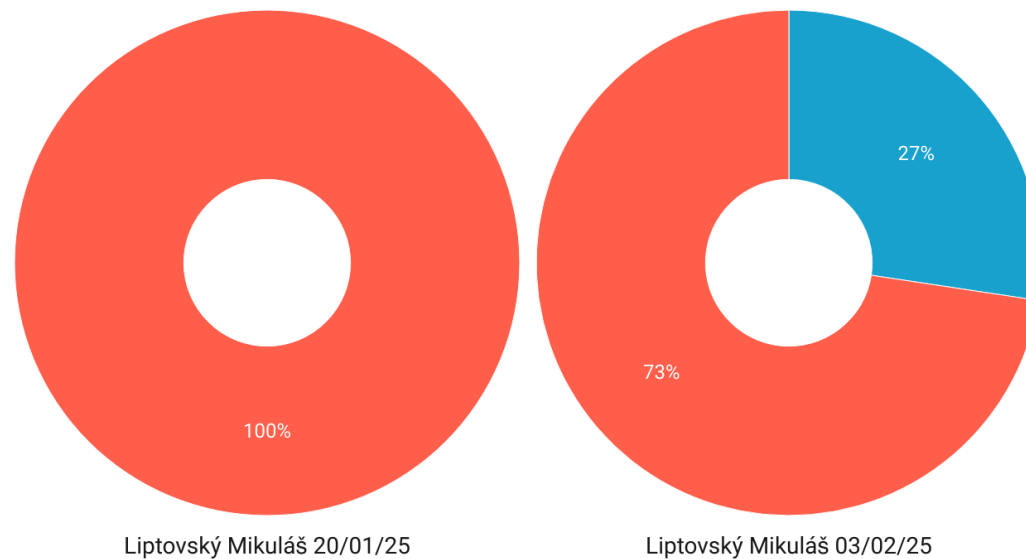
- v sledovanom období (20.01. - 16.02. 2025) bolo odobratých 20 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 2 vzorky úspešne osekvenované, čo predstavuje 10% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bol v analyzovaných vzorkách najviac zastupený rekombinant XEC (rekombinant línií KS.1.1a KP.3.3)



■ KP.3 ■ XEC

Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 04.-07. týždni (r. 2025) podľa odberného miesta

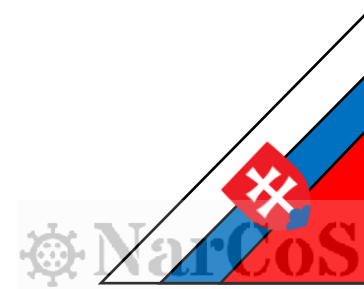


■ KP.3 ■ XEC

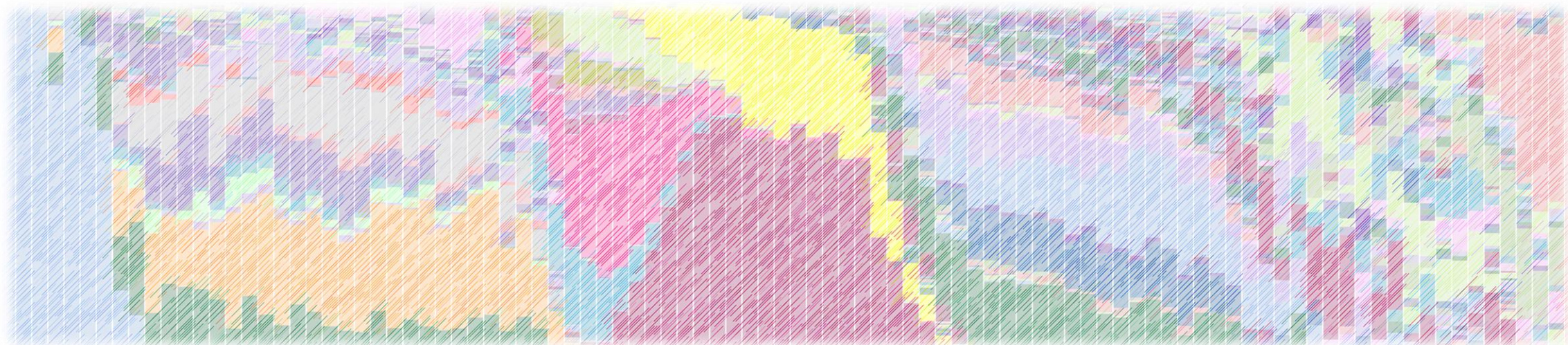
Created with Datawrapper

Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 08.-11. týždni (r. 2025)

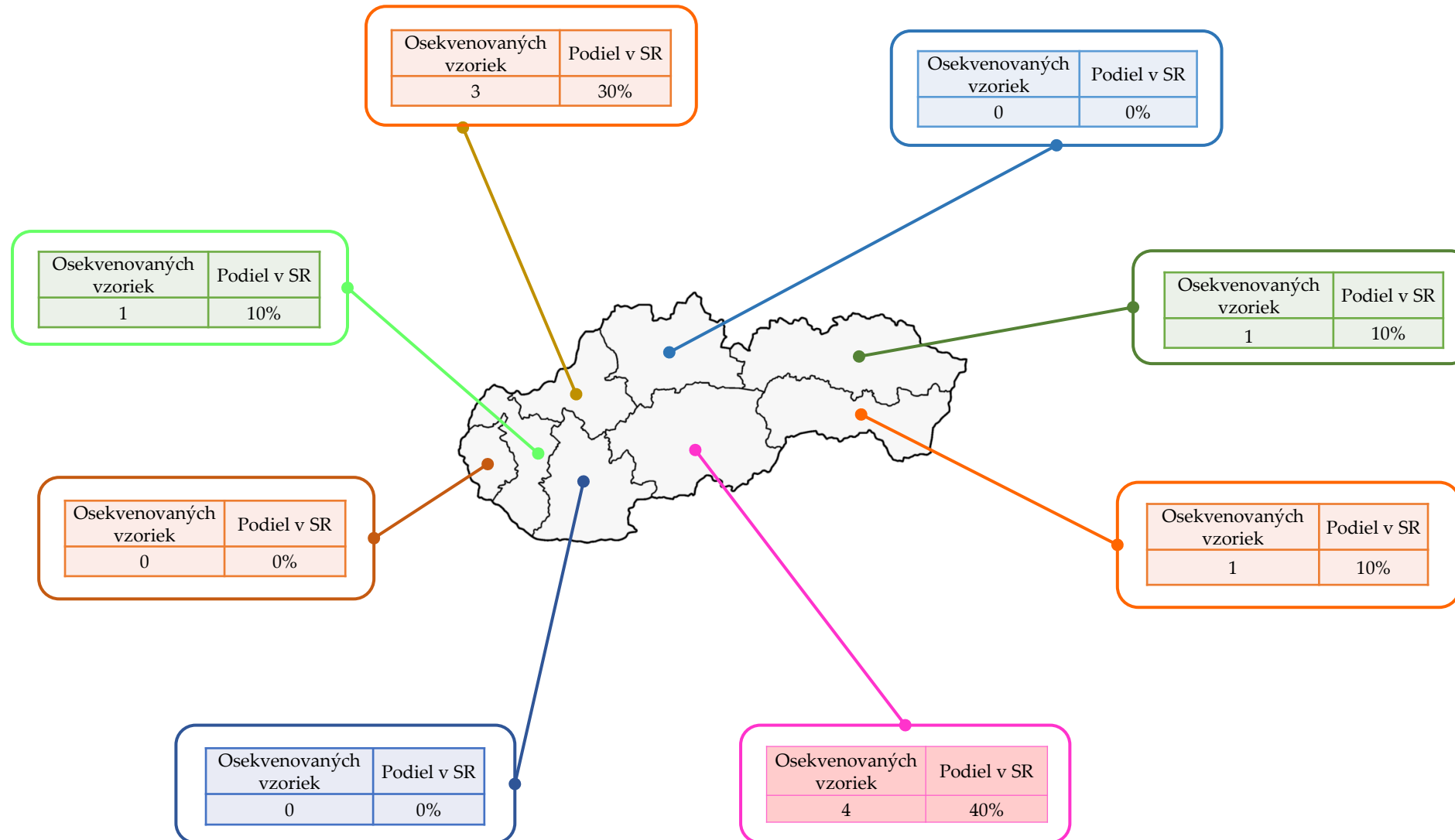
- v sledovanom období (17.02. - 16.03. 2025) bolo odobratých 12 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- všetky vzorky neprešli kontrolou kvality pre výpočet predpokladaného podielu línií SARS-CoV-2



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



Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v SR podľa krajov od 01.01. do 30.04.2025 (1. – 18. týždeň/2025)

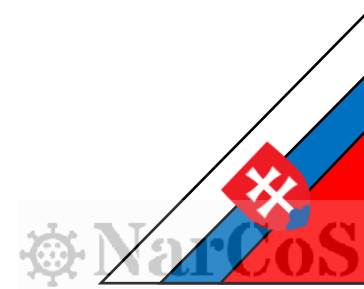


Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (1. – 18. týždeň/2025)

- v sledovanom období (01.01. – 30.04. 2025) zachytených 315 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 10 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 10 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 100% úspešnosť**
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 3,18%
- vloženie 10 genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID v sledovanom období
- v sledovanom období bol v analyzovaných vzorkách zastupený rekombinant XEC (rekombinant línií KS.1. a KP.3.3)
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (60%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

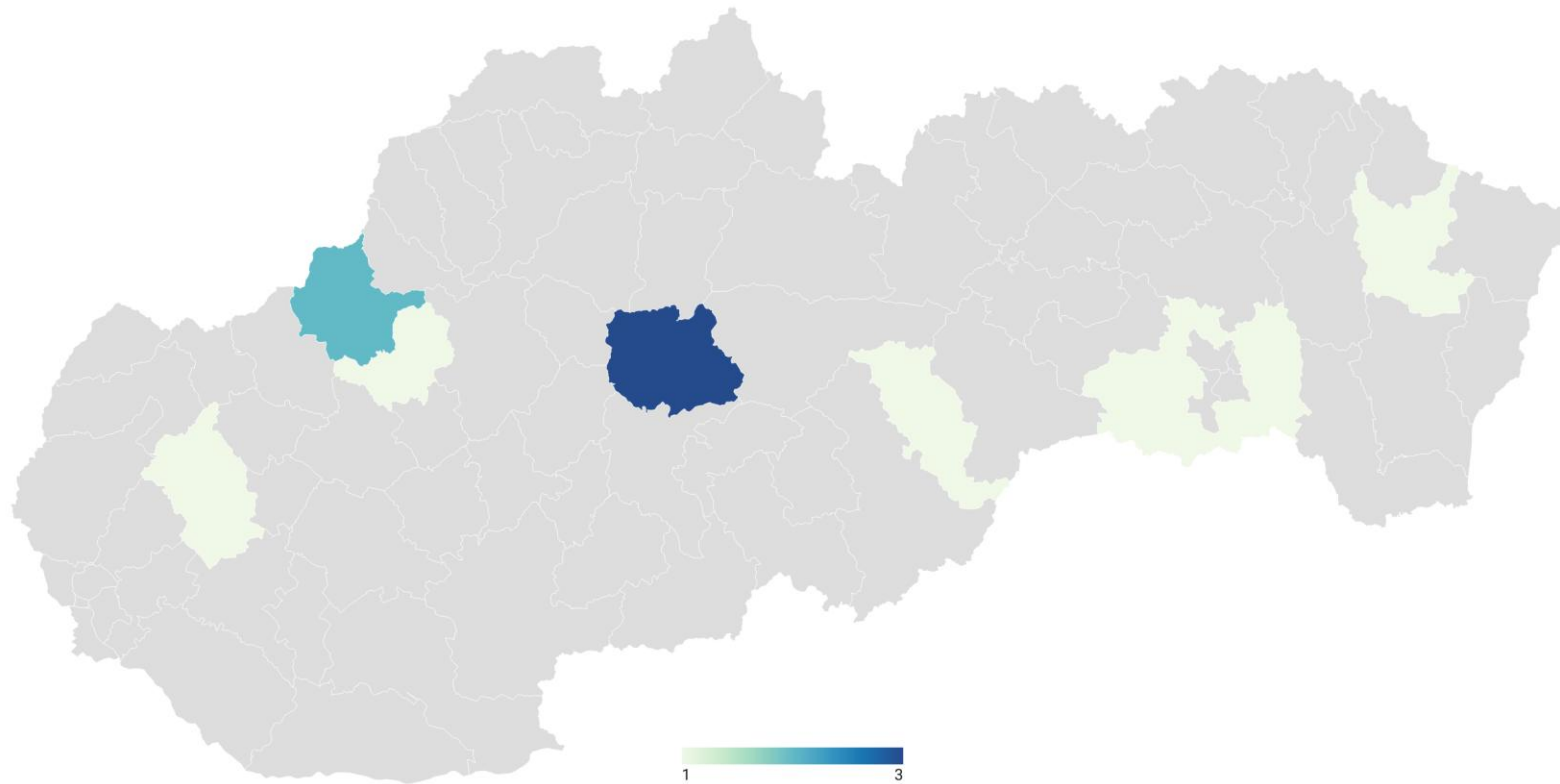
* zdroj: Svetová zdravotnícka organizácia

** sekvencie genómov s kompletnými metadátami

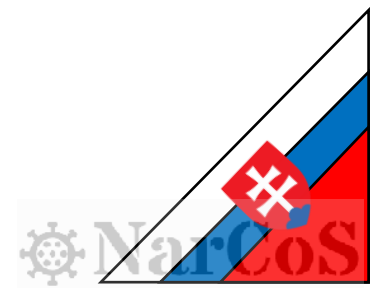


Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v SR podľa okresov od 01.01. do 30.04.2025 (1. – 18. týždeň/2025)

- najväčšie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresu Banská Bystrica

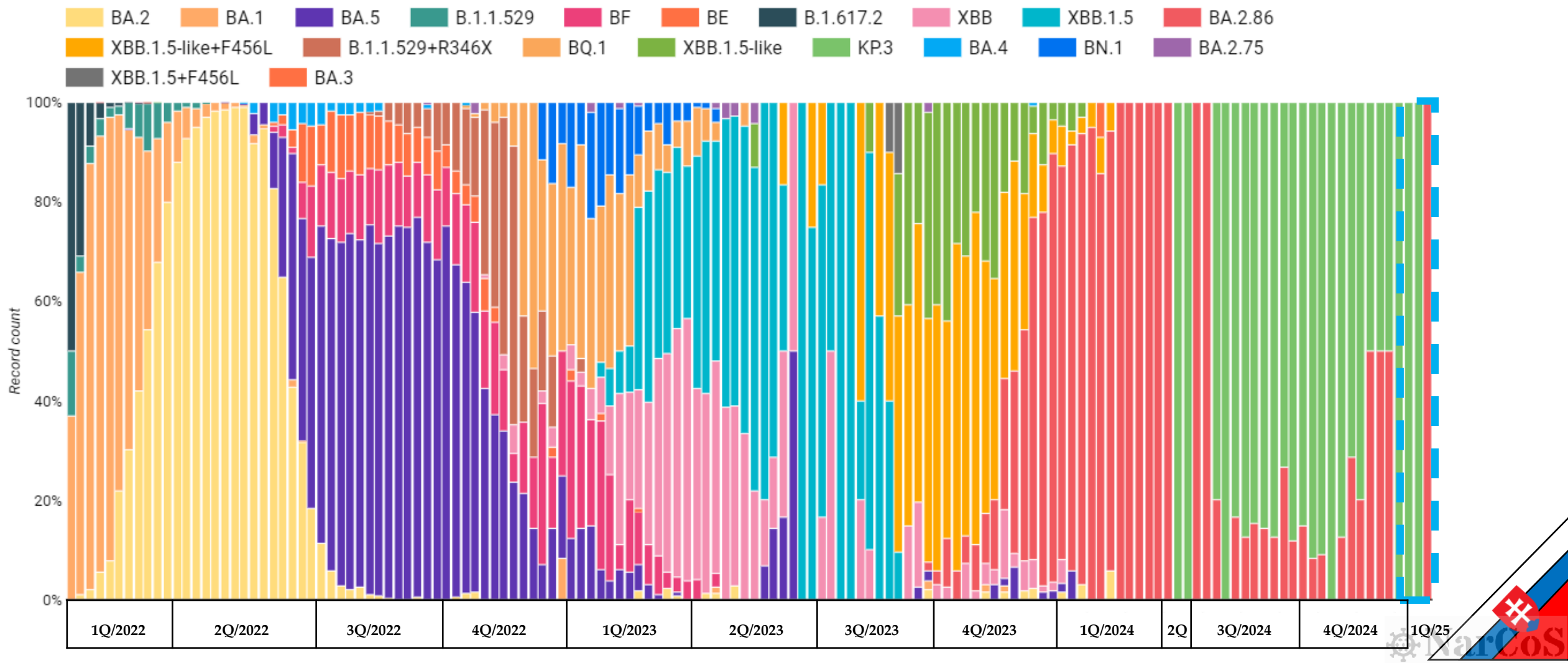


Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper



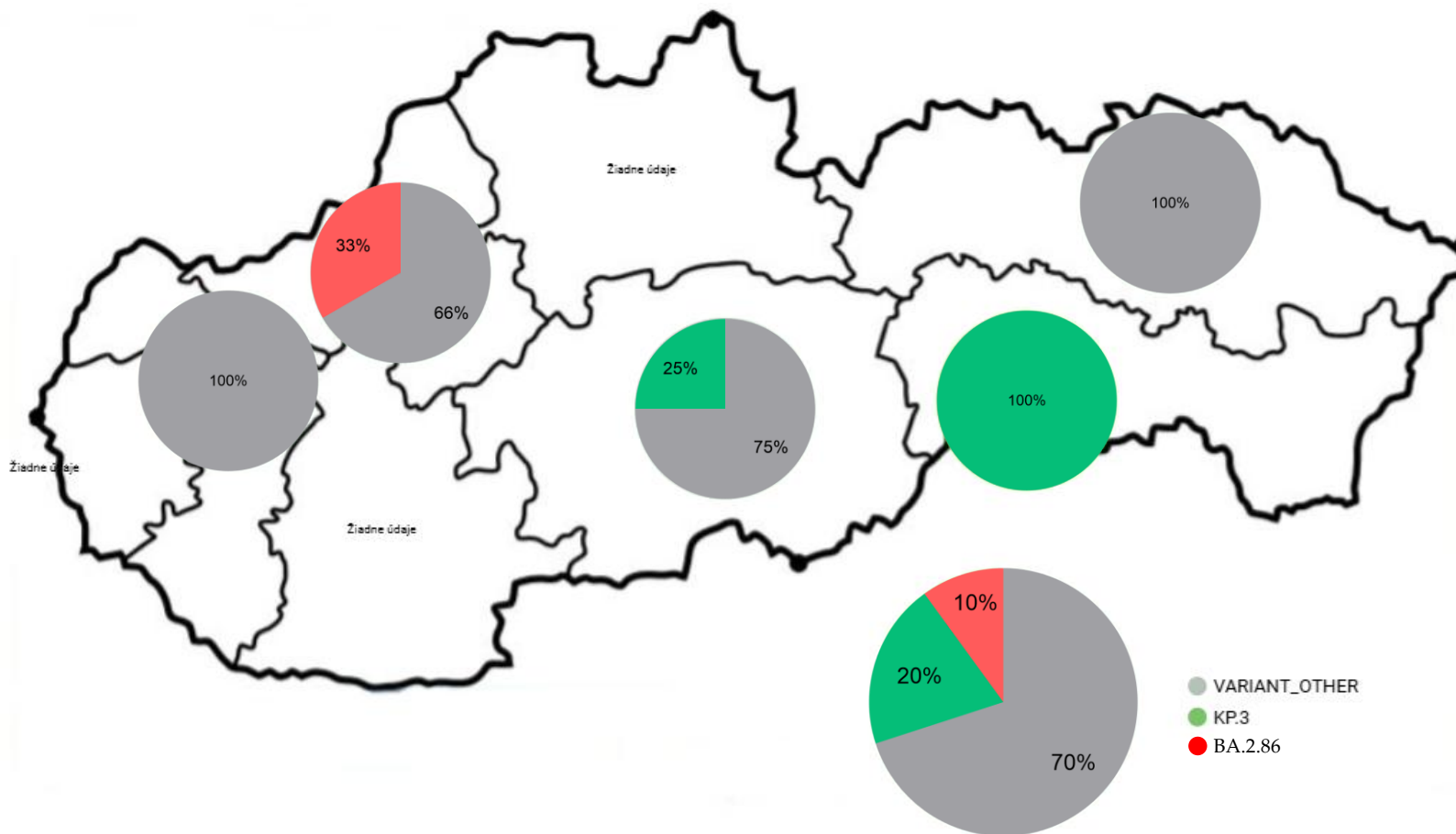
Kumulatívny prehľad zachytených variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel línií: VARIANT_OTHER*-70% (n=7); KP.3- 20% (n=2); BA.2.86– 10% (n=1)
- *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 01.01. do 30.04.2025 (1. – 18. týždeň/2025)

- VARIANT_OTHER (rekombinant XEC) bola detekovaná v 70% vzoriek

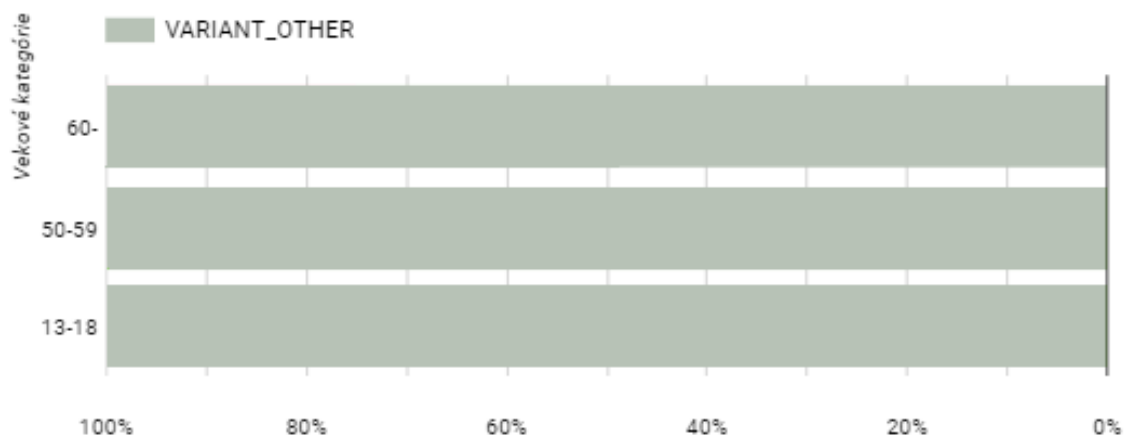


Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

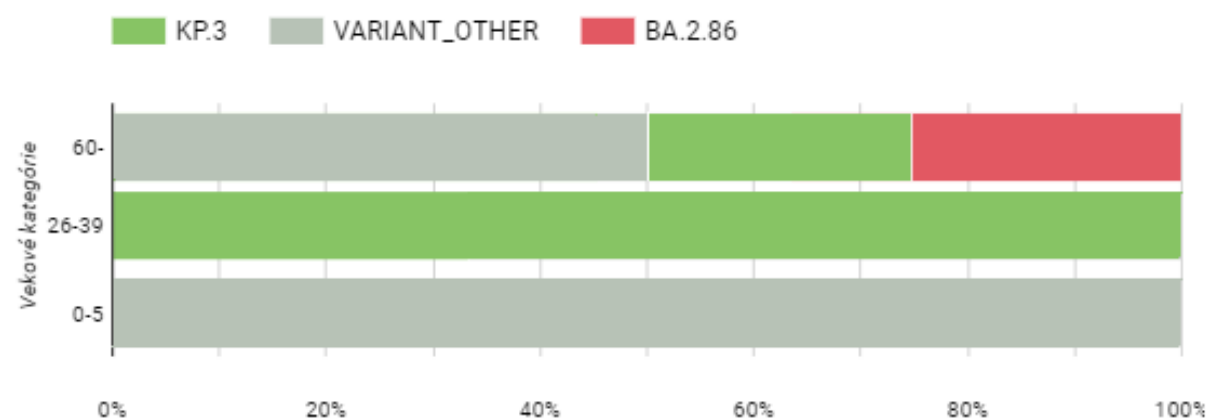
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 40% izolovaných vzoriek od žien a 60% od mužov
- najviac vyhodnotených vzoriek: veková kategória 60+ (ženy n=2; 20% a muži n=4; 40%)

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

ŽENY

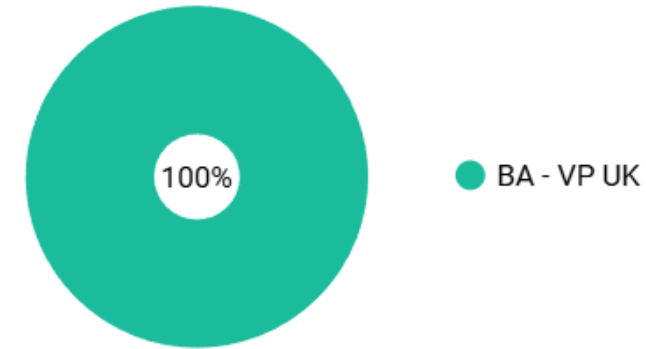


MUŽI

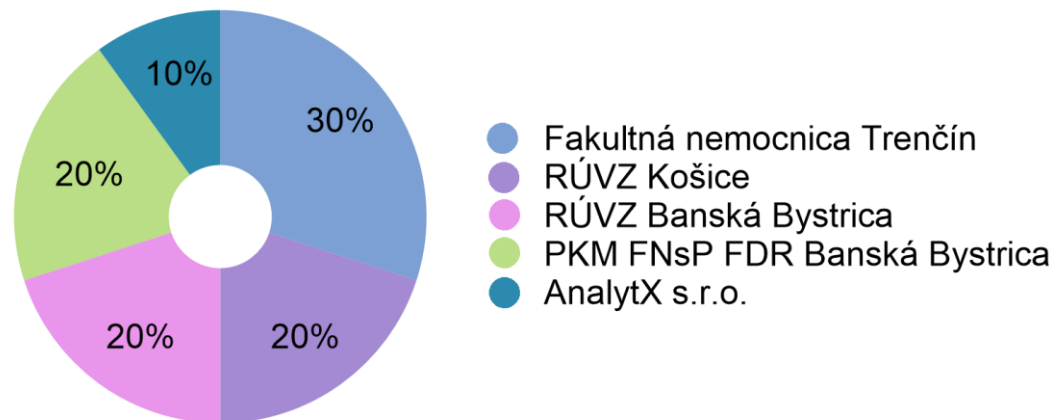


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek od 01.01. do 30.04.2025 (1. – 18. týždeň/2025)

- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 100% Univerzitný Vedecký park UK Bratislava



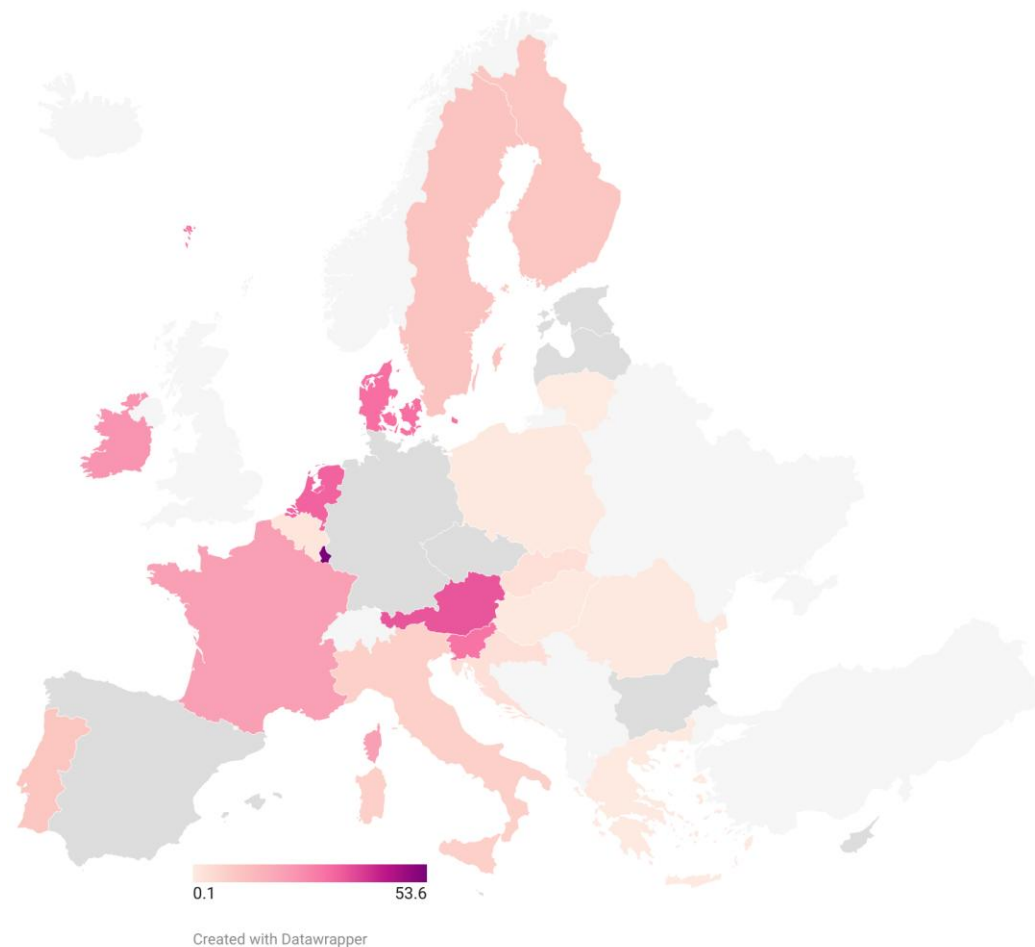
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ (obdobie: 01.01. – 30.04.2025)

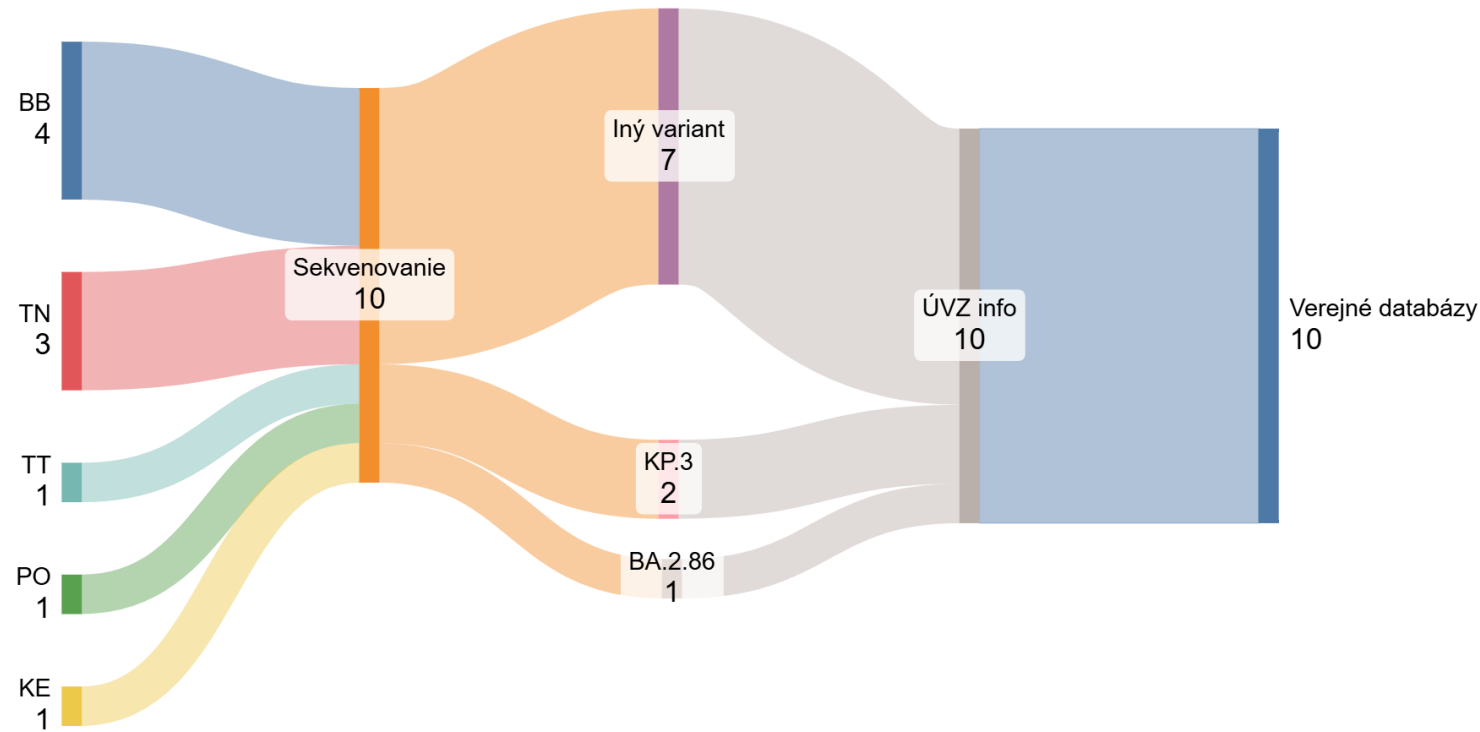
- v sledovanom období bolo do databázy GISAID uložených 10 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- za sledované obdobie bolo sekvenových 3,2% pozitívne detegovaných vzoriek v Slovenskej republike
(Nemecko, Španielsko, Lotyšsko, Bulharsko, Česko, Estónsko, Cyprus a Malta – nedostupné alebo nekompletné dáta)

Štát	%	Štát	%
Luxembursko	53.6	Taliansko	7.45
Rakúsko	35.1	Chorvátsko	3.31
Holandsko	33.0	Slovensko	3.17
Dánsko	30.9	Belgicko	1.59
Slovinsko	30.0	Poľsko	0.82
Írsko	23.6	Maďarsko	0.75
Francúzsko	21.3	Rumunsko	0.64
Švédsko	11.1	Grécko	0.40
Portugalsko	10.4	Litva	0.10
Fínsko	10.3		



- 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 (01.01. – 30.04.2025)



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.
- monitorovaciú 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

