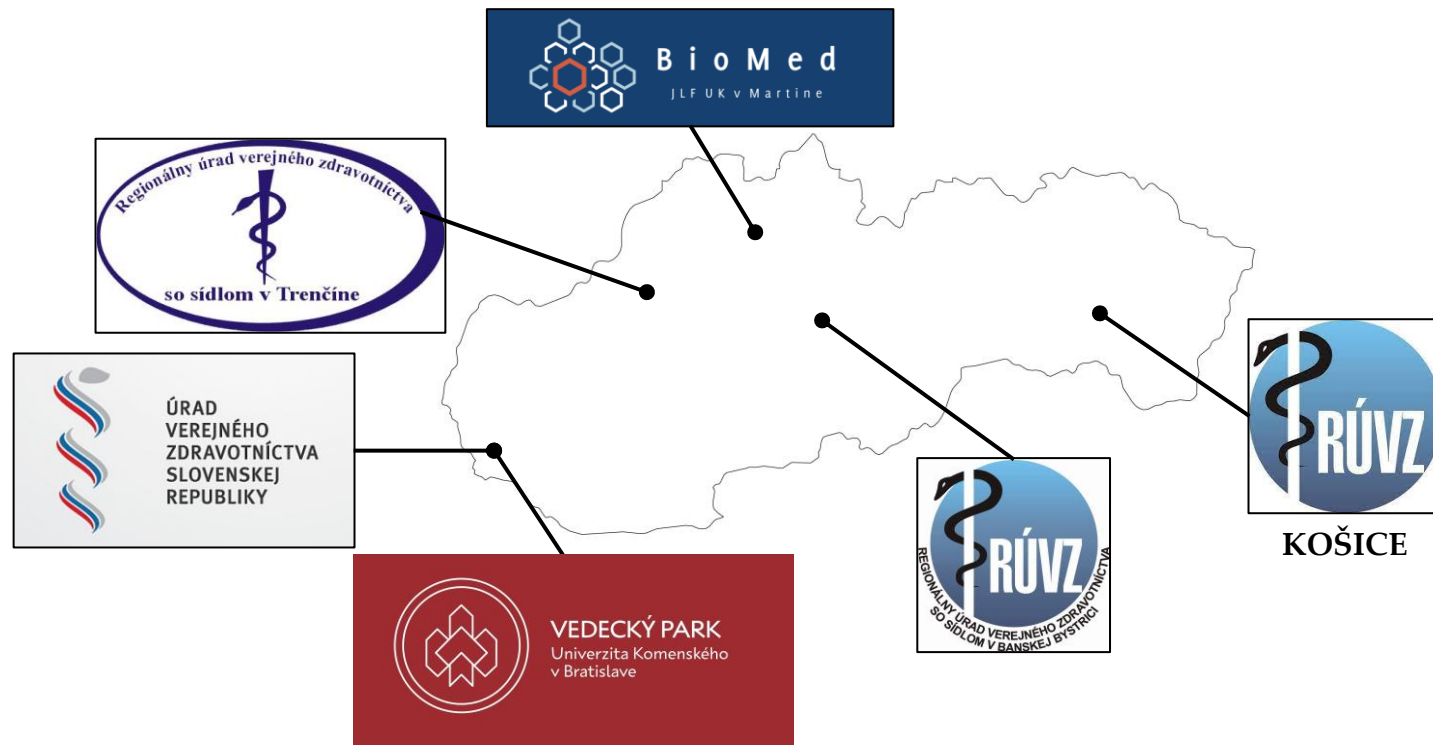


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

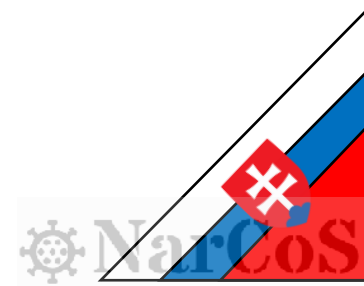
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE



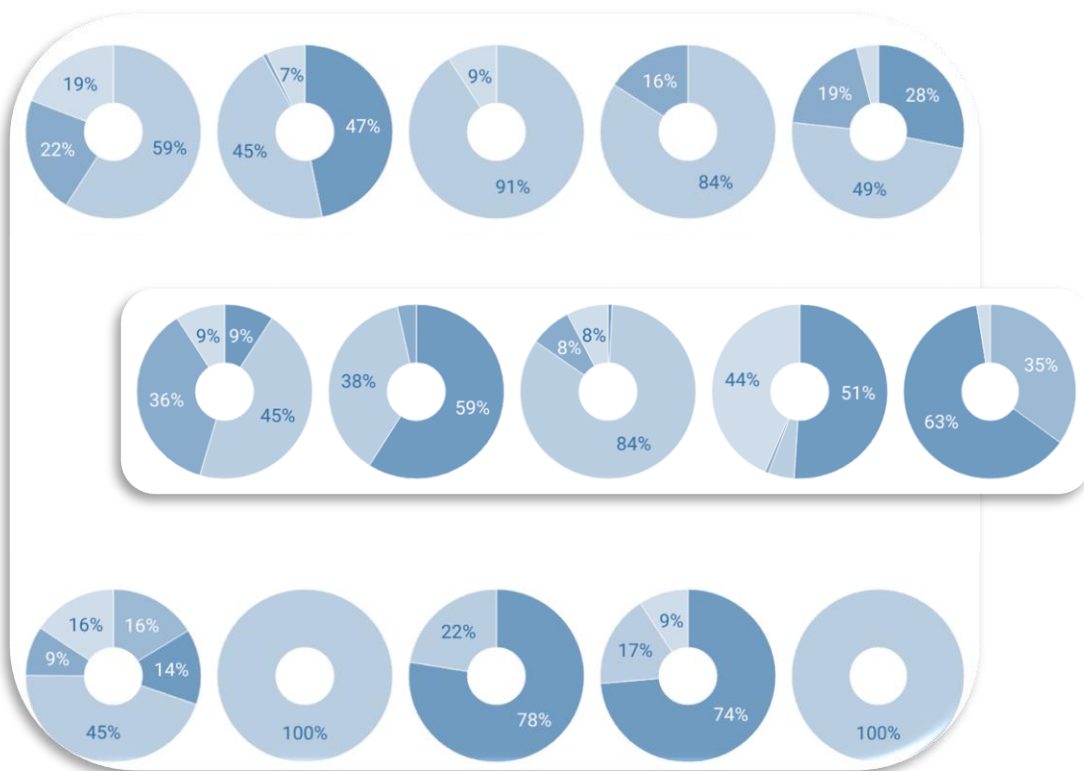
VEDECKÝ PARK  
Univerzita Komenského  
v Bratislave



MINISTERSTVO  
ŠKOLSTVA, VEDY,  
VÝSKUMU A ŠPORTU  
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



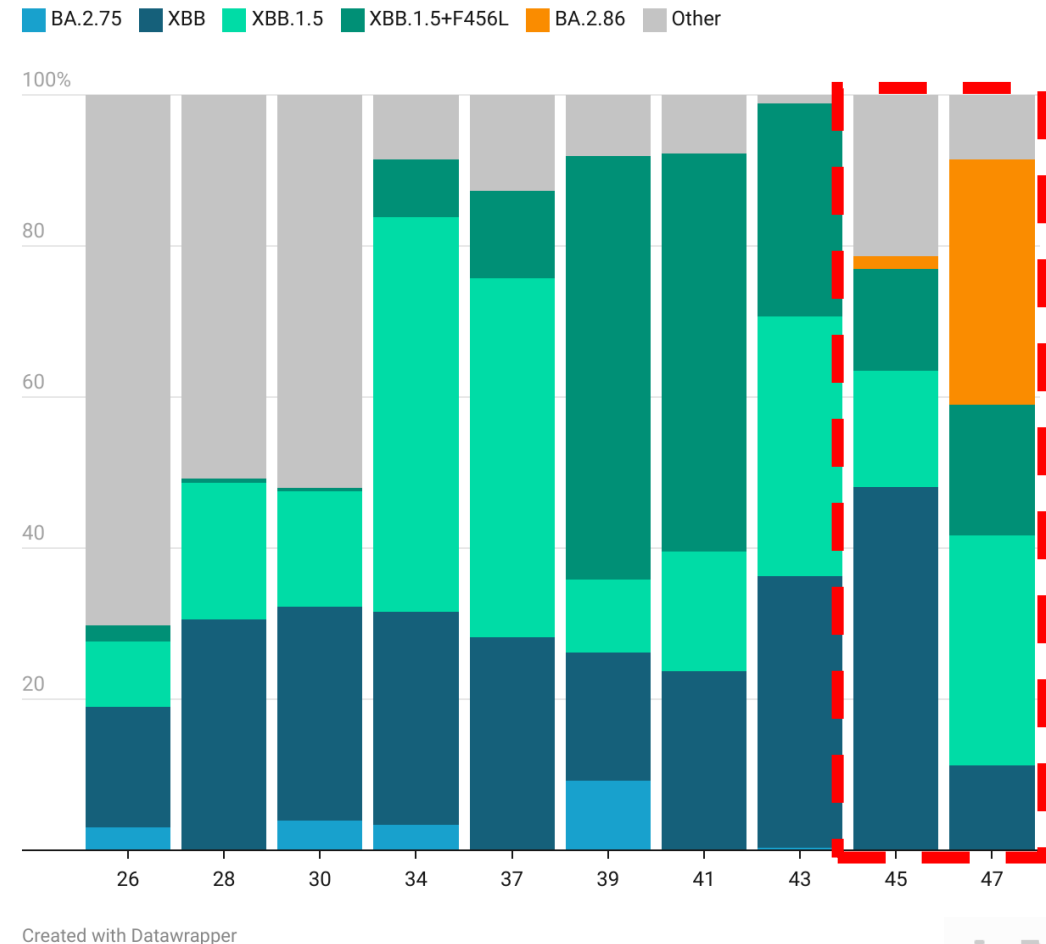
# Report variantů virusu SARS-CoV-2 zachytených v odpadových vodách



# Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR 44. - 47. týždeň (r. 2023)

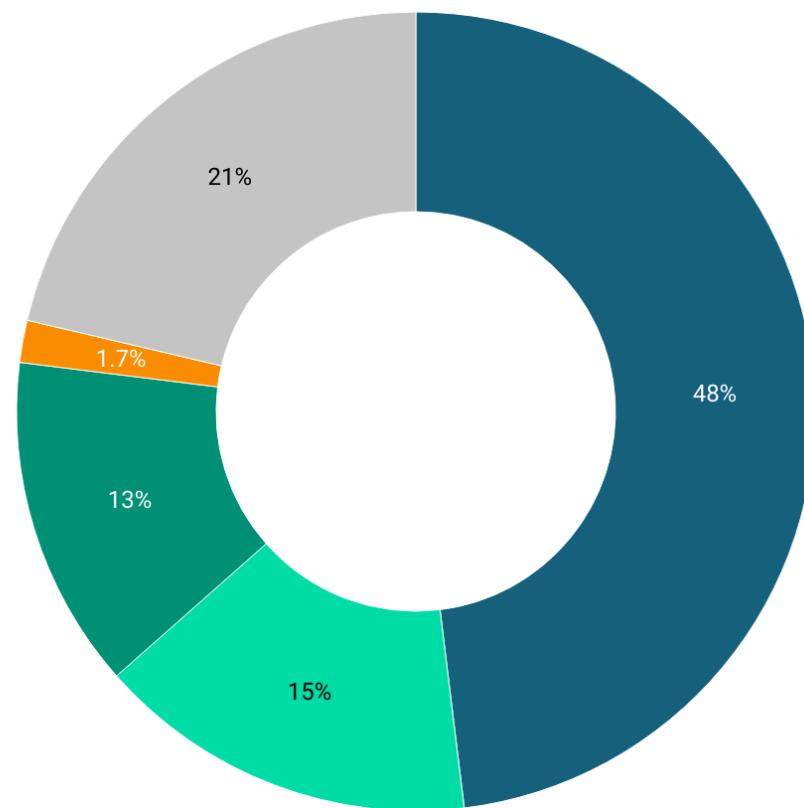
- v sledovanom období boli zachytené genetické stopy vírusu SARS-CoV-2 zaradené k variantu Omikron
- v analyzovaných vzorkách bolo zo zvyškov genetického materiálu vírusu SARS-CoV-2 vypočítaný predpokladaný podiel línií: XBB – 29,5%; XBB.1.5 – 22,8%; BA.2.86 – 17%; XBB.1.5-like+F456L – 15,3%; Other\* – 14,9%; BA.2.75 – 0%

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



## Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 sublínií v odpadových vodách SR v 44.-45. týždni (r. 2023)

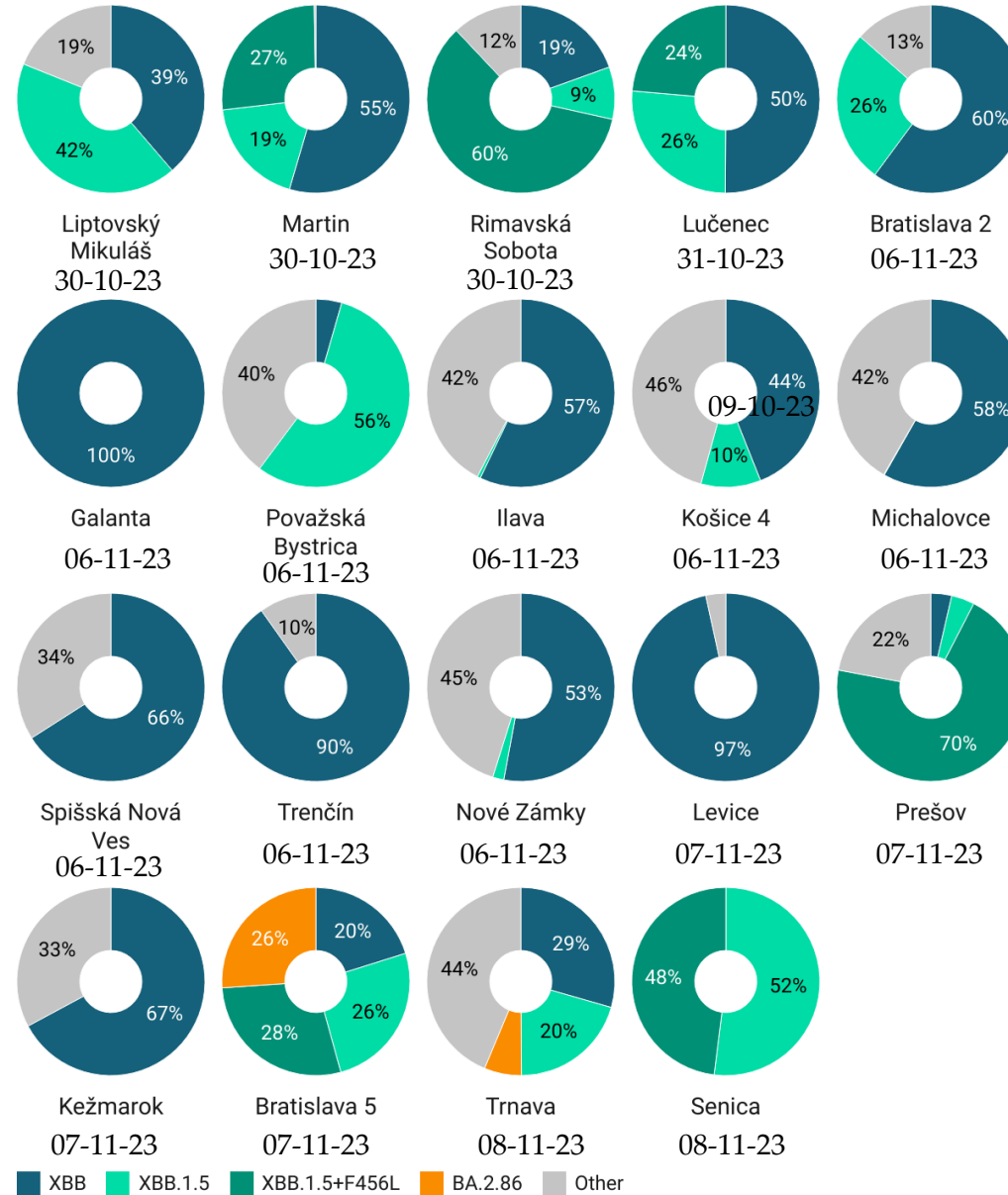
- v sledovanom období (30.10. - 8.11. 2023) bolo odobratých 22 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 19 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 86,4% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel sublínií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené XBB sublínie



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

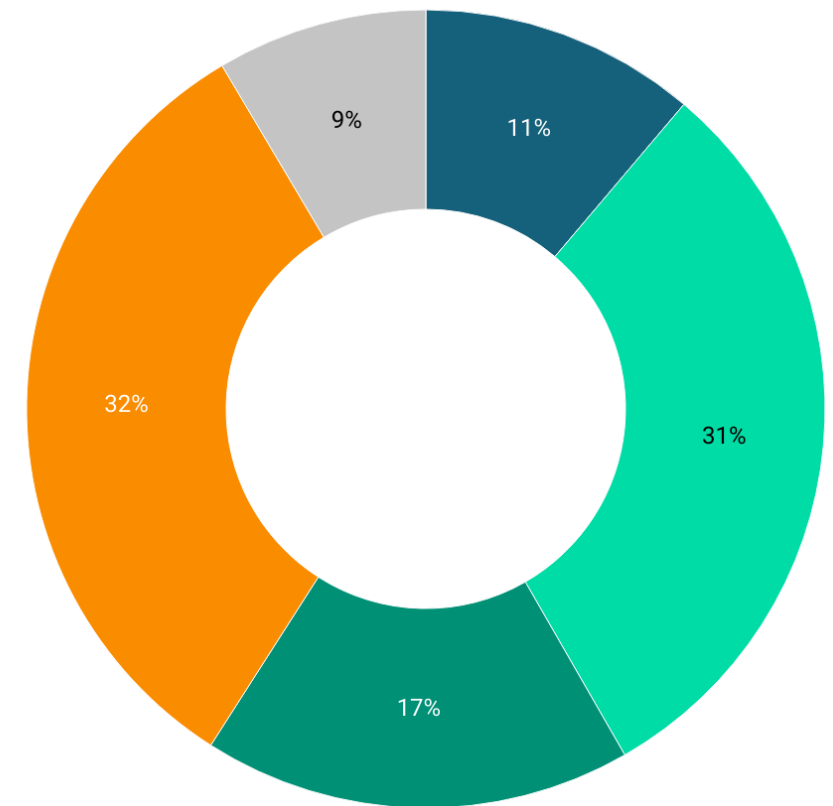
Created with Datawrapper

# Prehľad zastúpenia sublínií SARS-CoV-2 v 44.-45. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta



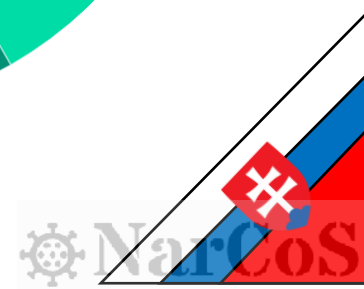
# Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 sublínií v odpadových vodách SR v 46.-47. týždni (r. 2023)

- v sledovanom období (13.11. - 23.11. 2023) bolo odobratých 24 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 23 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 95,8% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel sublínií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené BA.2.86 a XBB1.5 sublínie

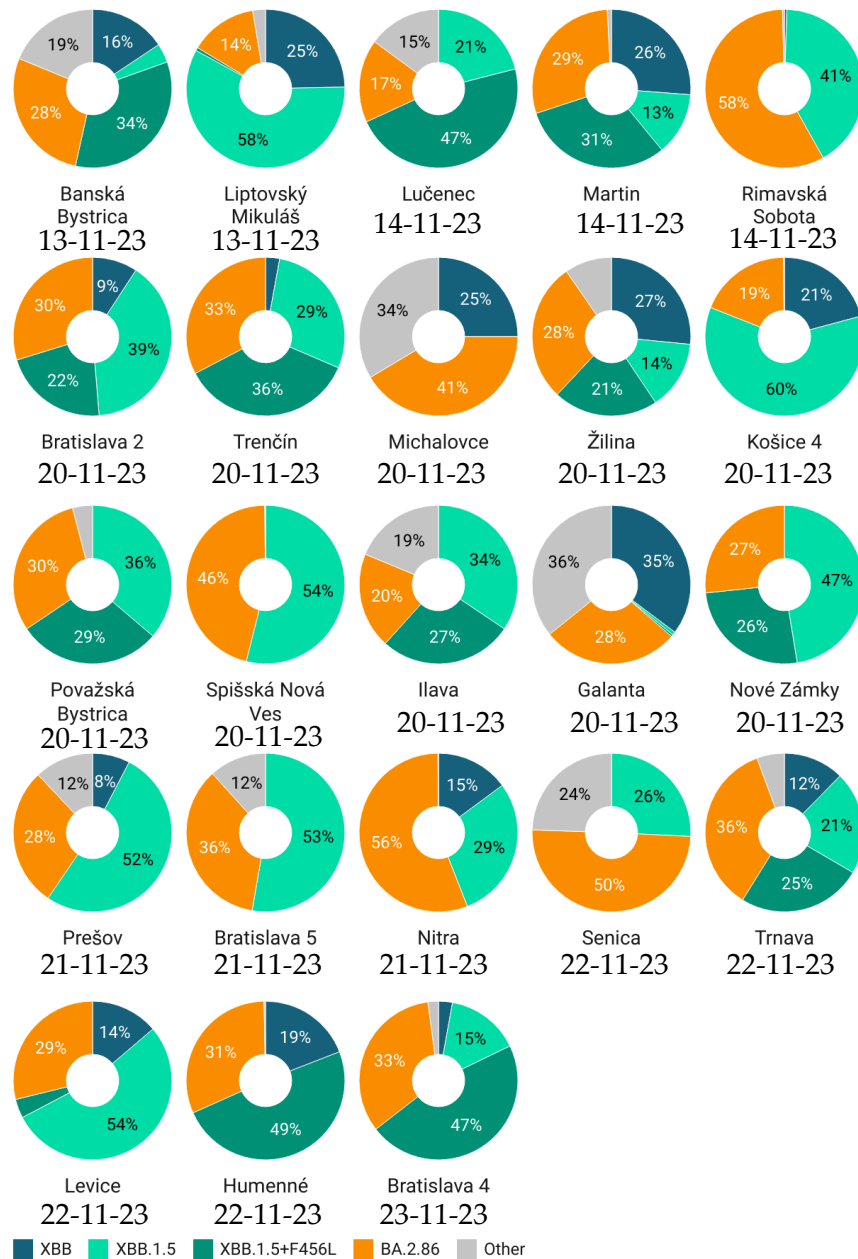


■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ BA.2.86 ■ Other

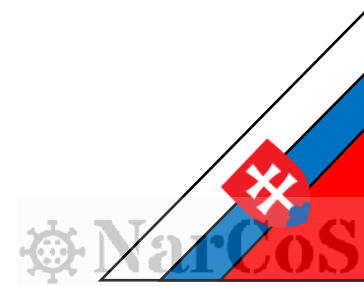
Created with Datawrapper



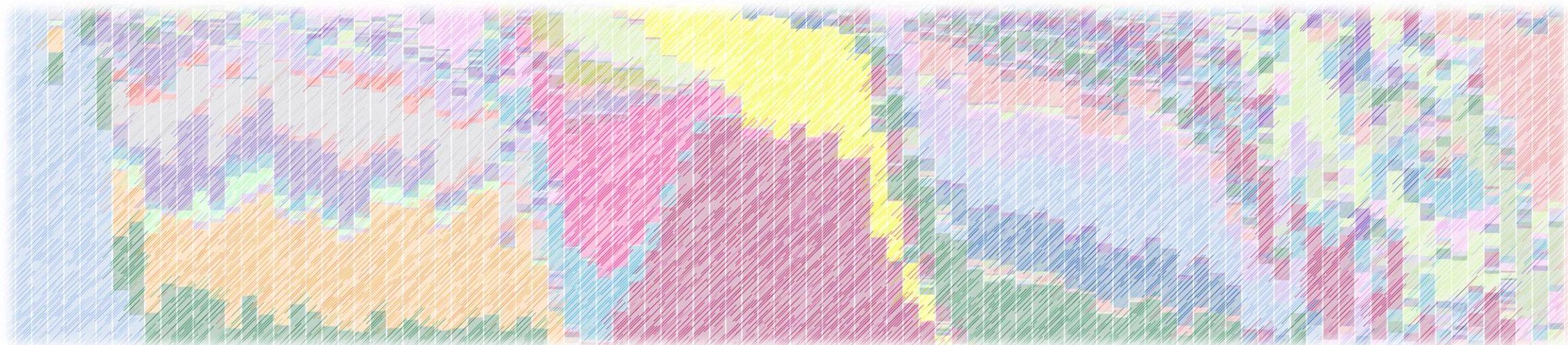
# Prehľad zastúpenia sublínií SARS-CoV-2 v 46.-47. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta



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

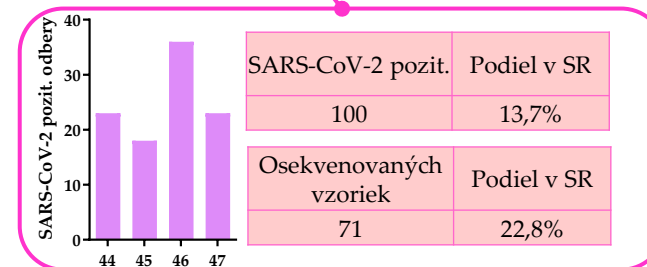
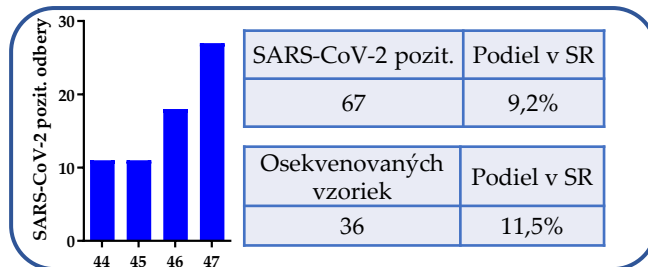
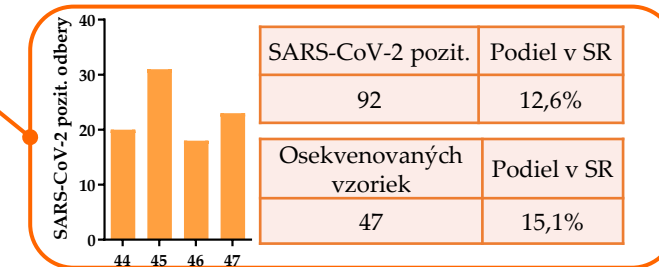
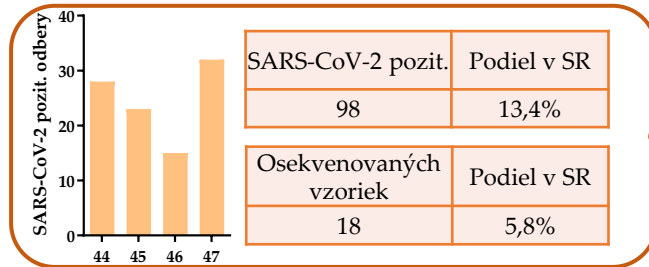
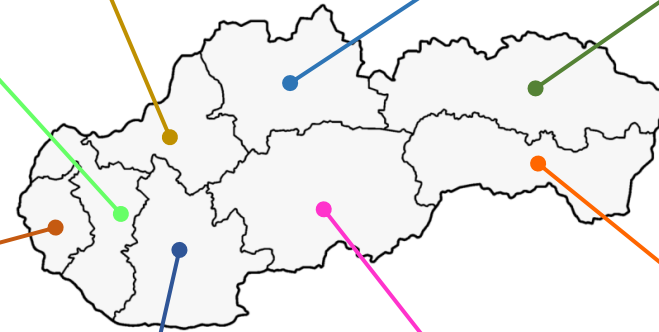
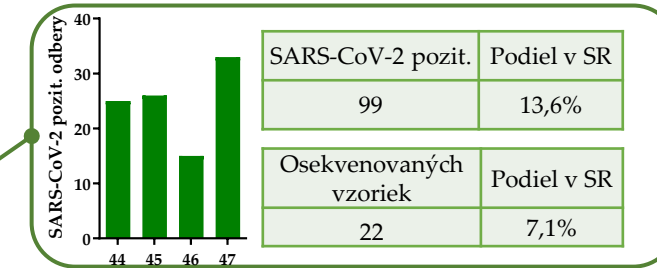
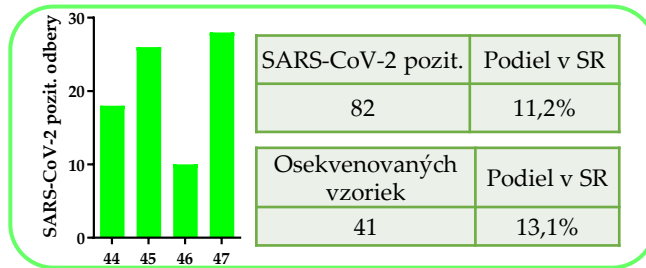
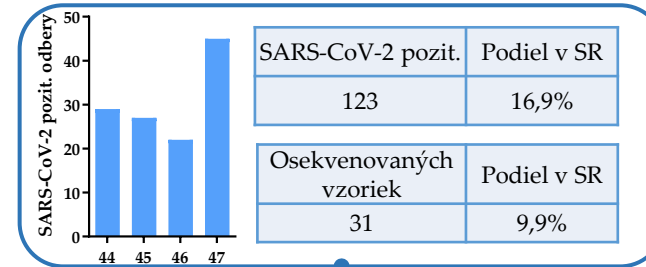
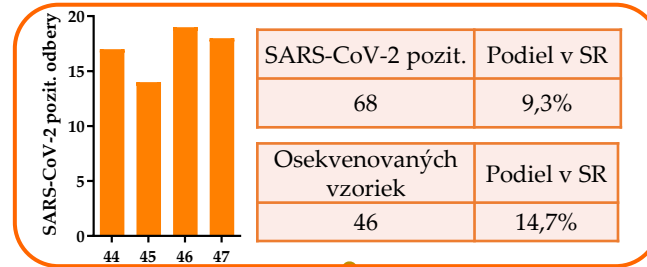


# Report cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 zachytených v klinických izolátoch





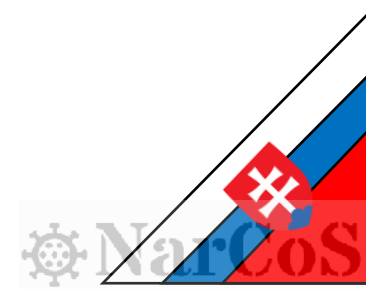
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 44. – 47. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (44. – 47. týždeň/2023)

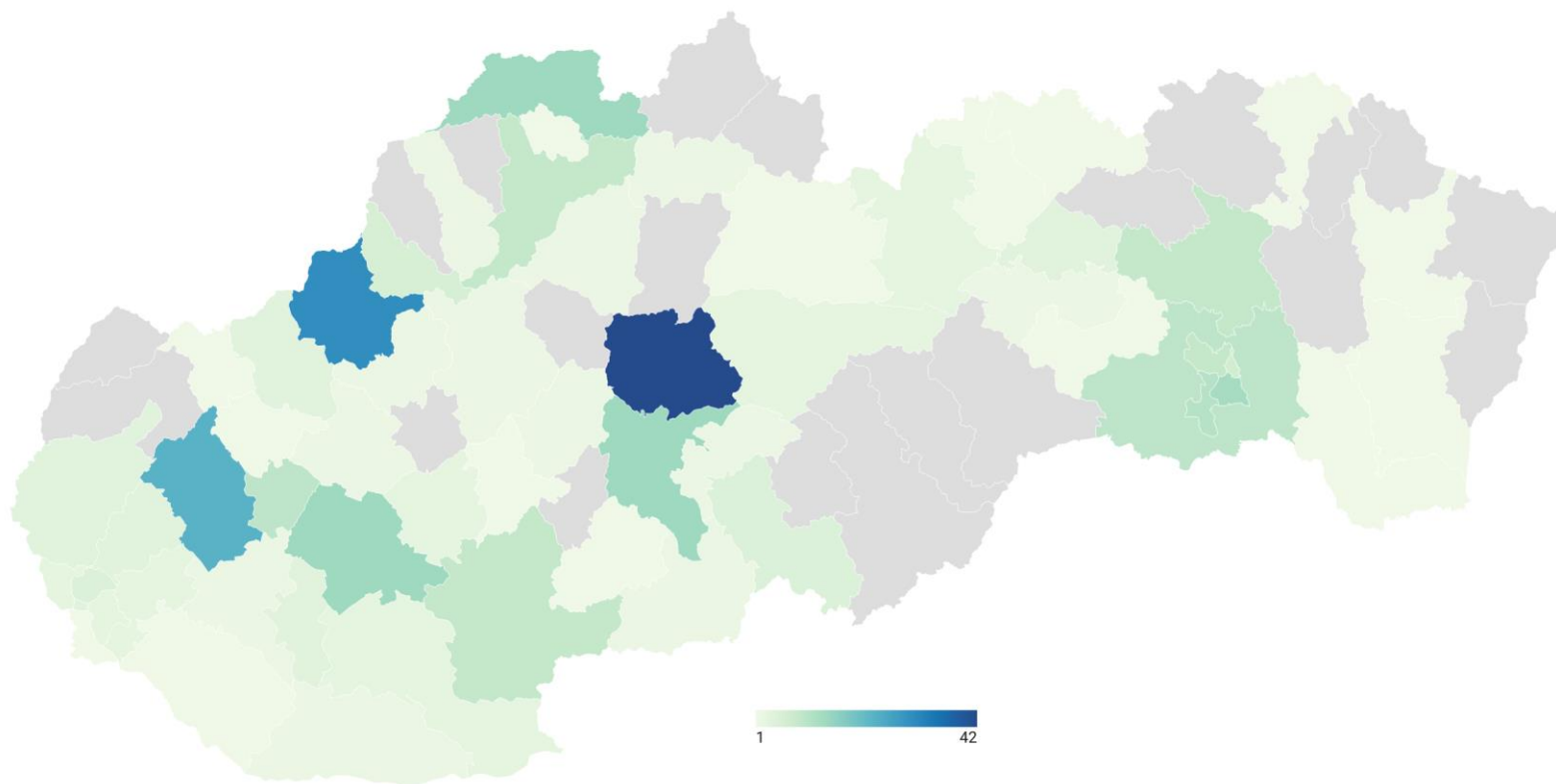
- v sledovanom období (30.10. - 26.11. 2023) zachytených 729 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- počet pozitívnych vzoriek v 47. týždni roka (n=229) stúpol o 34% oproti 44. týždňu (n=171)
- 324 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 312 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 96,3% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 42,8%
- vloženie 288 (92,3% z 312 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené XBB.1.5-like+F456L sublinie
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (69,6%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 44. – 47. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa okresov

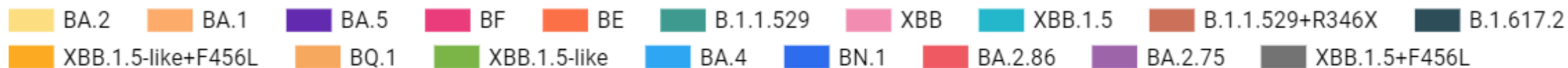
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Banská Bystrica, Trenčín a Trnava



Map data: ZBGIS® · Created with Datawrapper

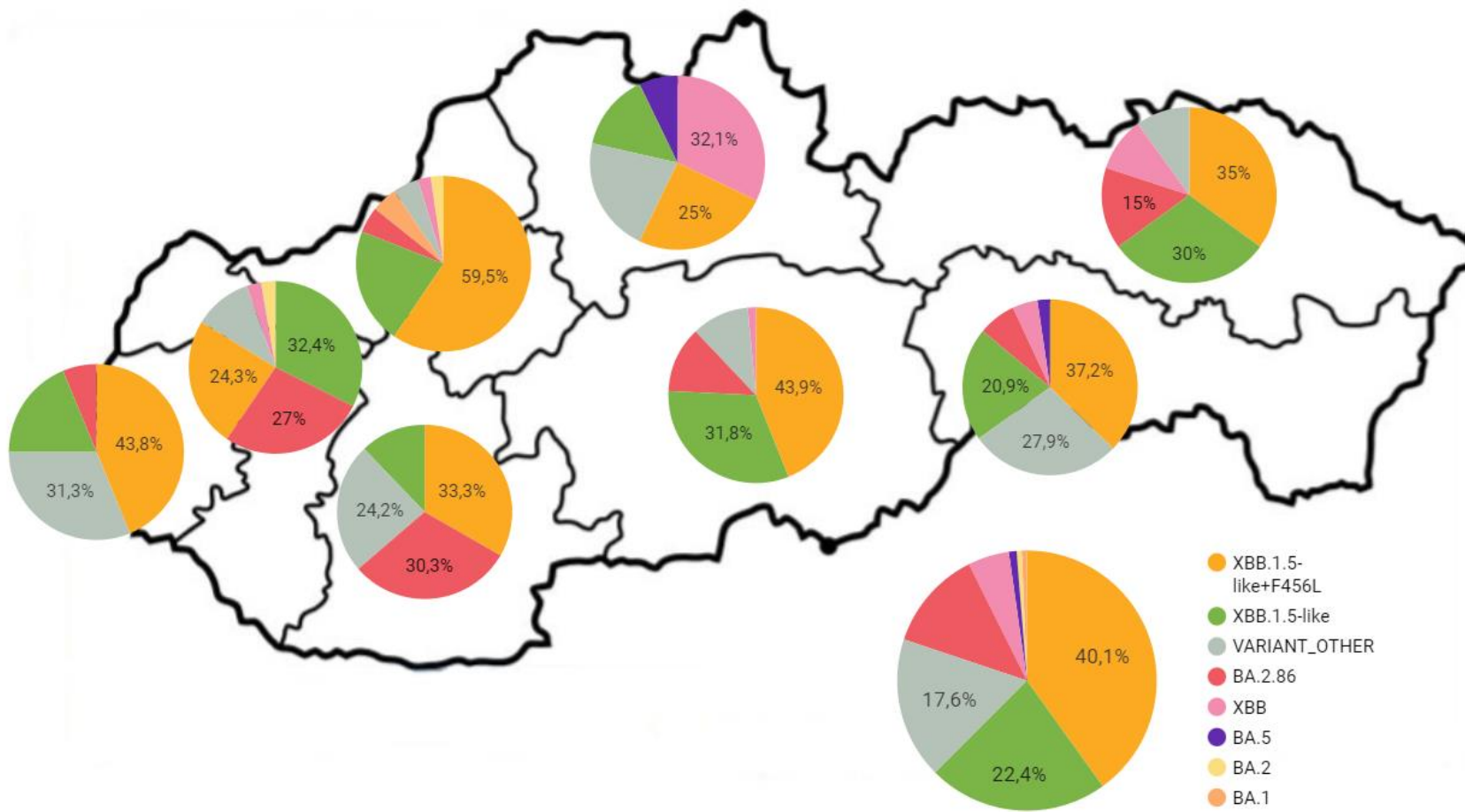
# Kumulatívny prehľad zachytených variantov SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel subvariantov: XBB.1.5-like+F456L – 40,1% (n=125); XBB.1.5-like – 22,4% (n=70); VARIANT\_OTHER\* – 17,6% (n=55); BA.2.86– 12,5% (n=39); XBB – 5,1% (n=16); BA.5 – 1% (n=3); BA.2 – 0,6% (n=2); BA.1 – 0,6% (n=2) \*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 44. – 47. týždni (r. 2023)

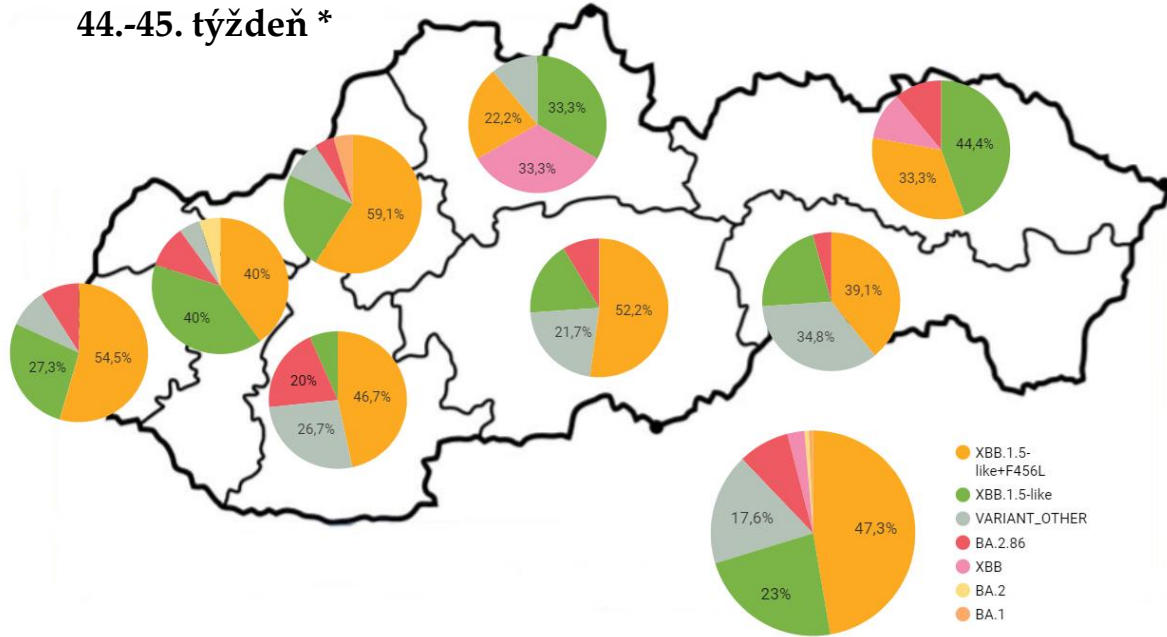
- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v krajoch rozdielne
- rekombinant XBB1.5-like a XBB.1.5-like+F456L sú detegované vo všetkých krajoch a majú väčšinový podiel spomedzi všetkých zachytených línií v sledovanom období
- rekombinanty XBB.1.5-like+F456L boli zastúpené v 40,1%



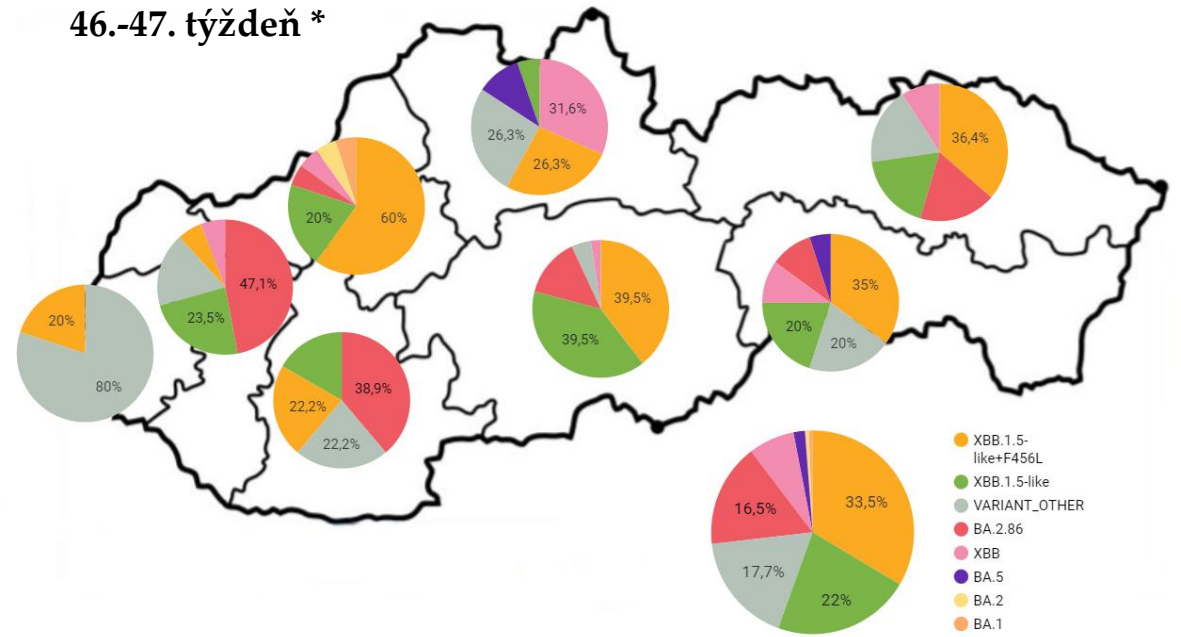
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

44.-45. týždeň \*



46.-47. týždeň \*

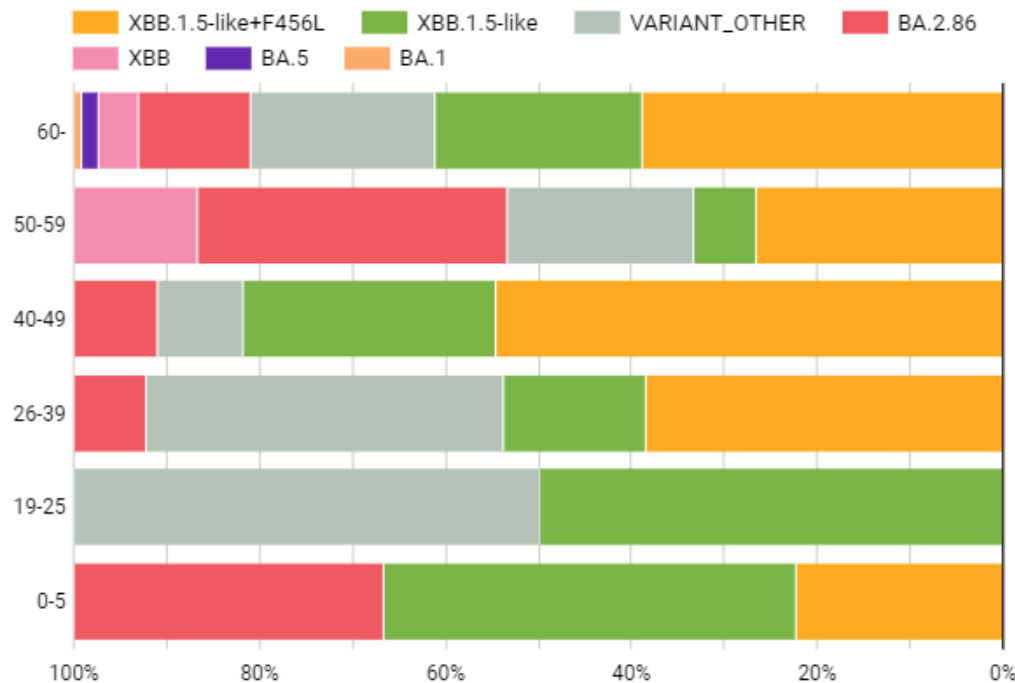


# Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

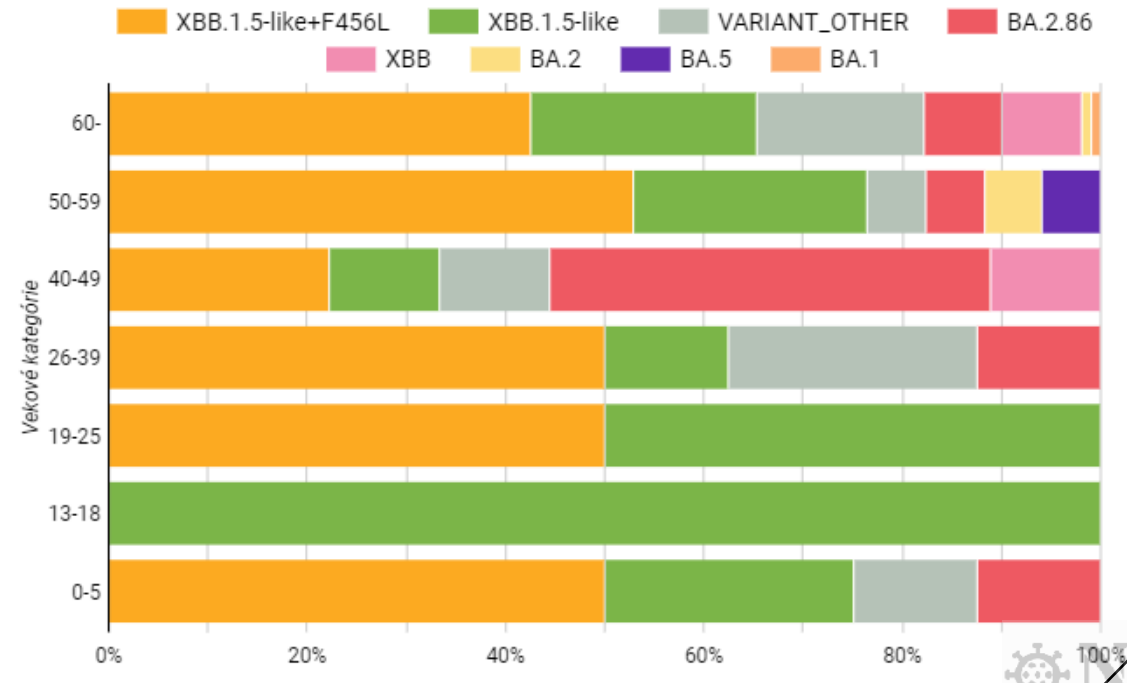
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 53,2% izolovaných vzoriek od žien a 46,8% od mužov
- u oboch pohlaví tvorili väčšinu rekombinanty XBB.1.5-like+F456L
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=116; 37,2% a muži n=101; 32,4%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	116	15	11	13	2	0	0	9
muži	101	17	9	8	2	1	0	8

## ŽENY

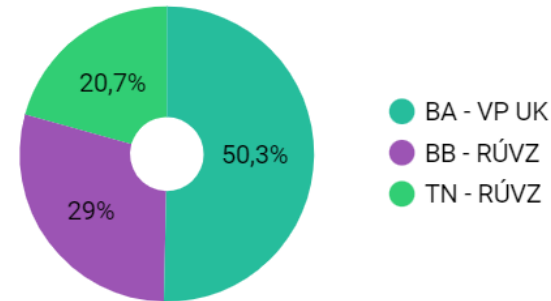


## MUŽI



# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 44. – 47. týždni (r. 2023)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 50,3% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava  
- 29% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica  
- 20,7% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín



- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek

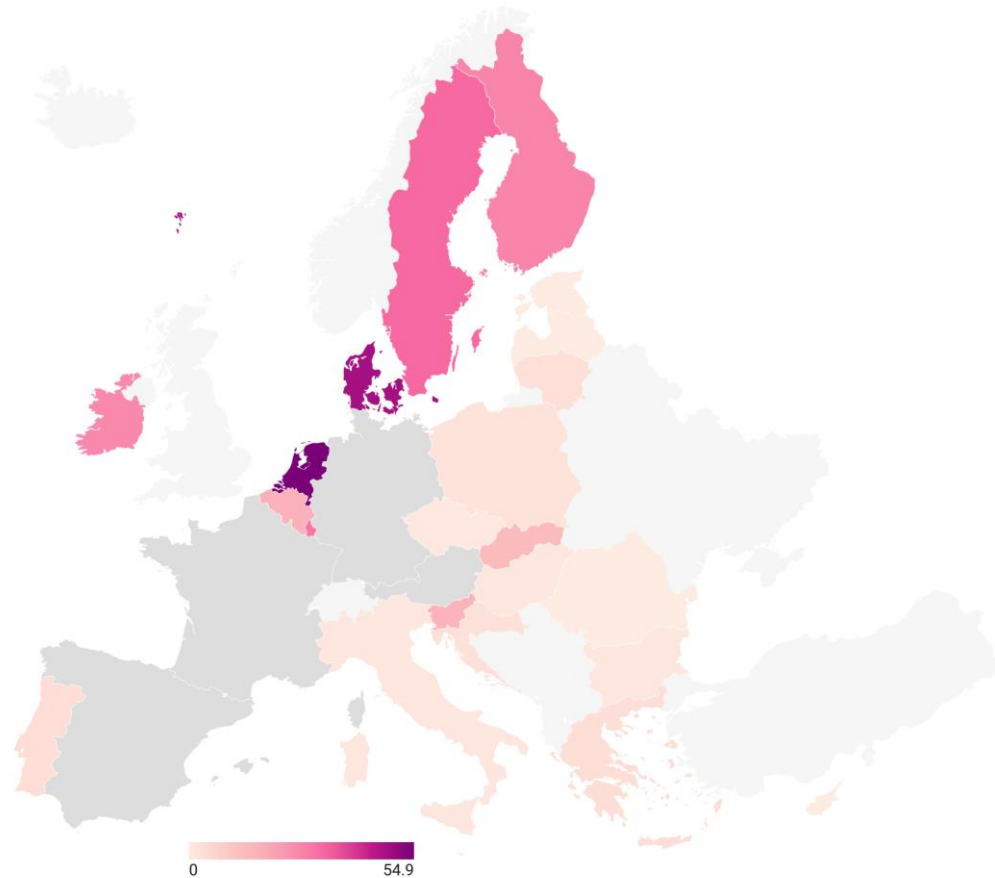




# Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (spätne od: 26.11.2023)

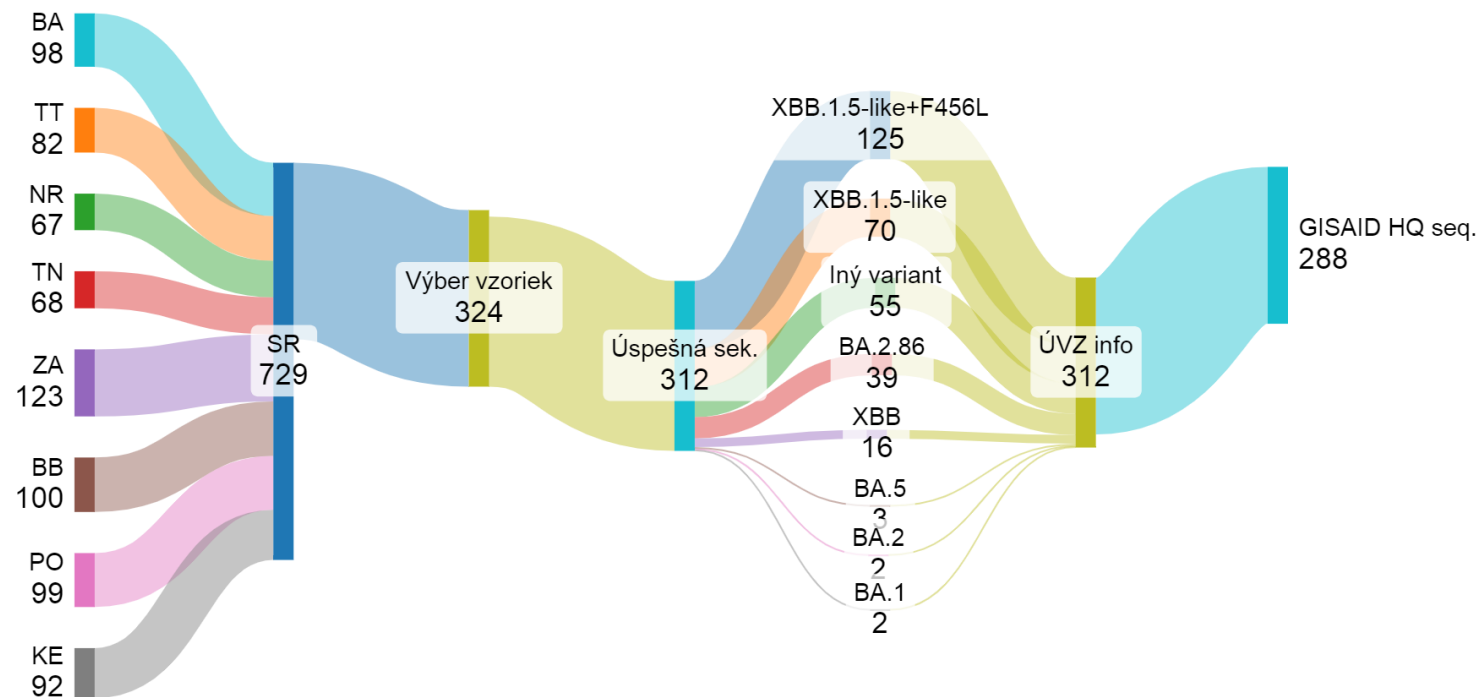
- za posledných 30 dní bolo do databázy GISAID uložených 291 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- Slovenská republika osekvenovala 13,6% pozitívnych vzoriek detegovaných medzi 29.09.-26.11.2023
- v Európskej únii patrí Slovensko medzi krajiny s vysokým podielom osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám (Rakúsko, Francúzsko, Nemecko a Španielsko – dáta k potvrdeným pozitívnym prípadom nedostupné alebo nekompletné)

Štát	%	Štát	%
Netherlands	54.9	Lithuania	3.3
Denmark	48.5	Croatia	2.54
Sweden	32.8	Poland	2.34
Luxembourg	30.4	Bulgaria	1.21
Finland	27.4	Hungary	1.03
Ireland	26.6	Italy	1.02
Belgium	16.6	Czechia	0.79
Slovenia	16.1	Cyprus	0.00
<b>Slovakia</b>	<b>13.6</b>	Romania	0.00
Portugal	3.9	Estonia	0.00
Greece	3.5	Latvia	0
		Malta	0



- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spravovaných dát o variantoch a subvariantoch 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 (30.10. – 26.11.2023)



## 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, vedy, výskumu a športu 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

