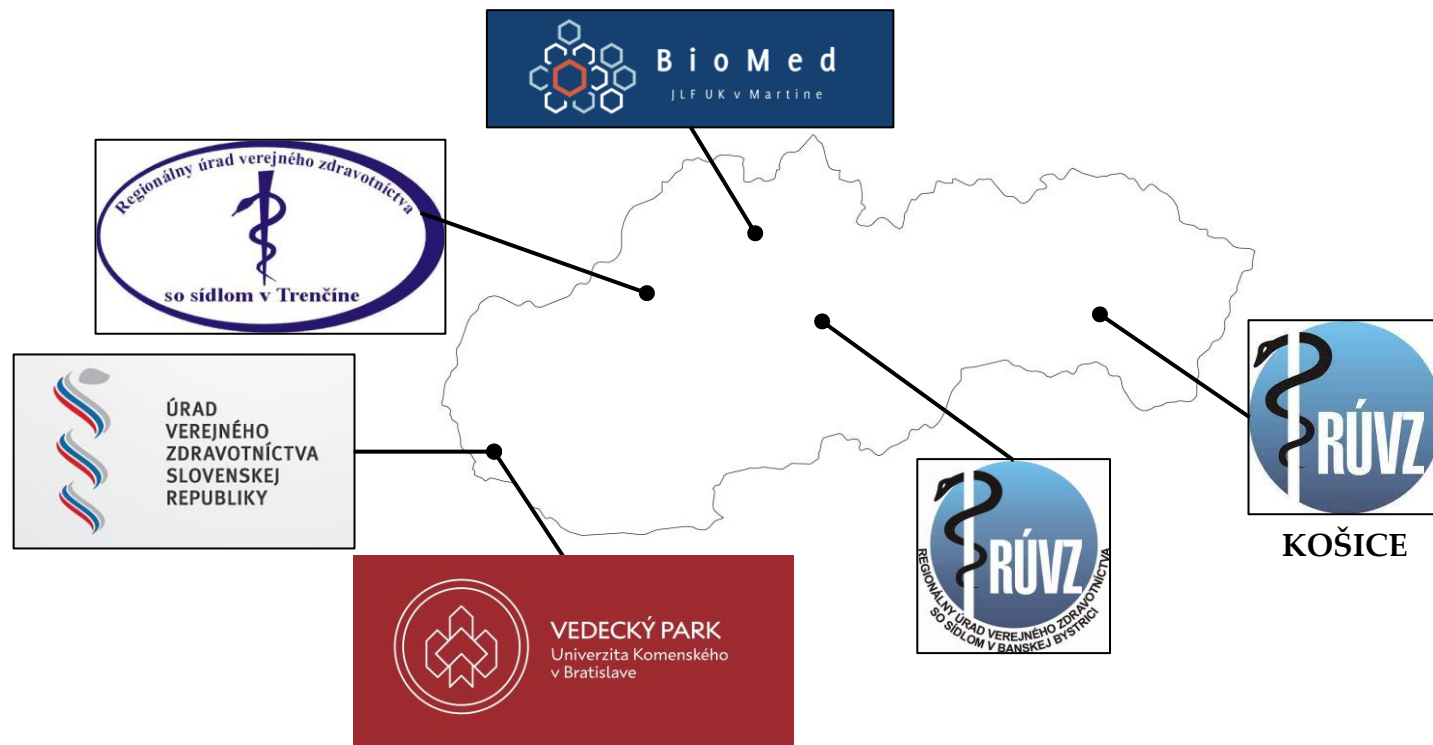
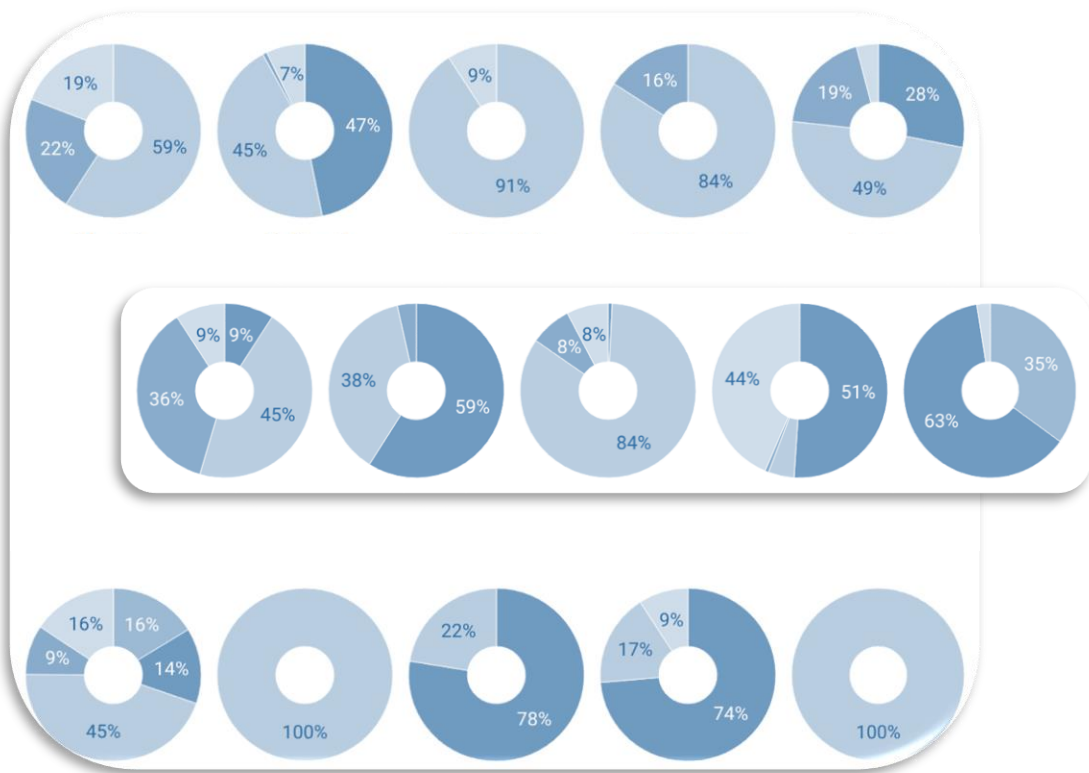


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



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

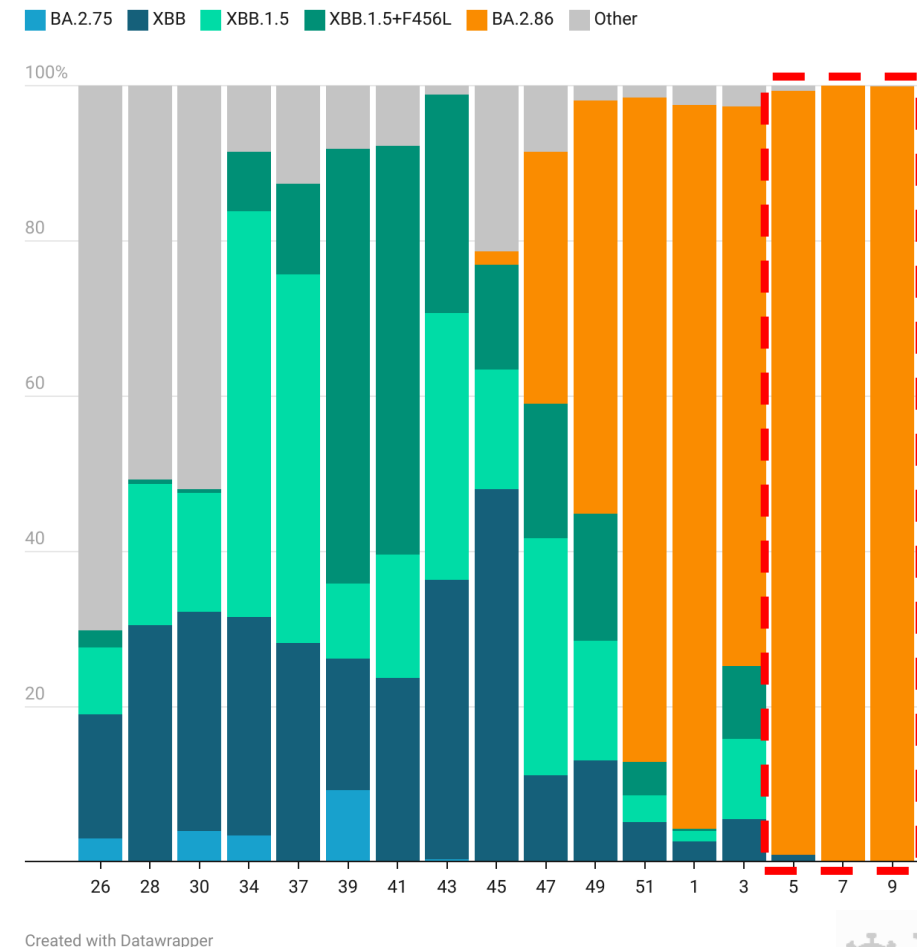


Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR

5. - 9. 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 – 99,4%; XBB – 0,3%; Other* – 0,2%

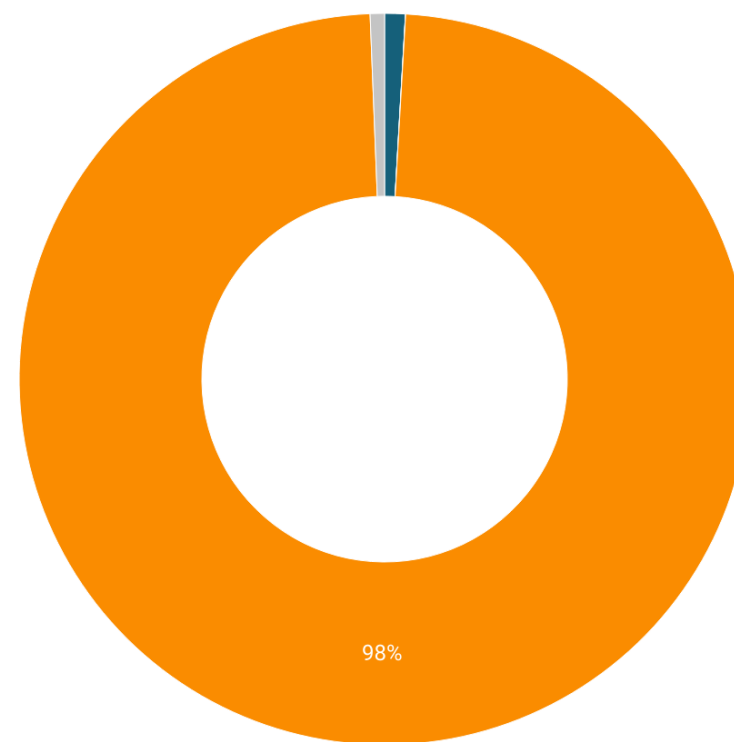
*skupina OTHER predstavuje časť zachyteného genetického materiálu s nejednoznačným zaradením do niektorej línie



Created with Datawrapper

Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 4.-5. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období (22.01. - 31.01. 2024) bolo odobratých 20 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 17 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 85% 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 ■ BA.2.86 ■ Other

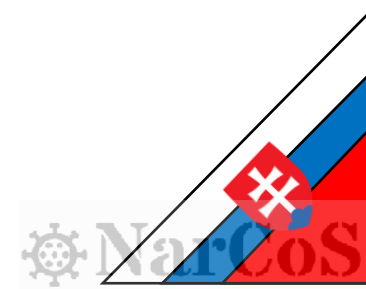
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 4.-5. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



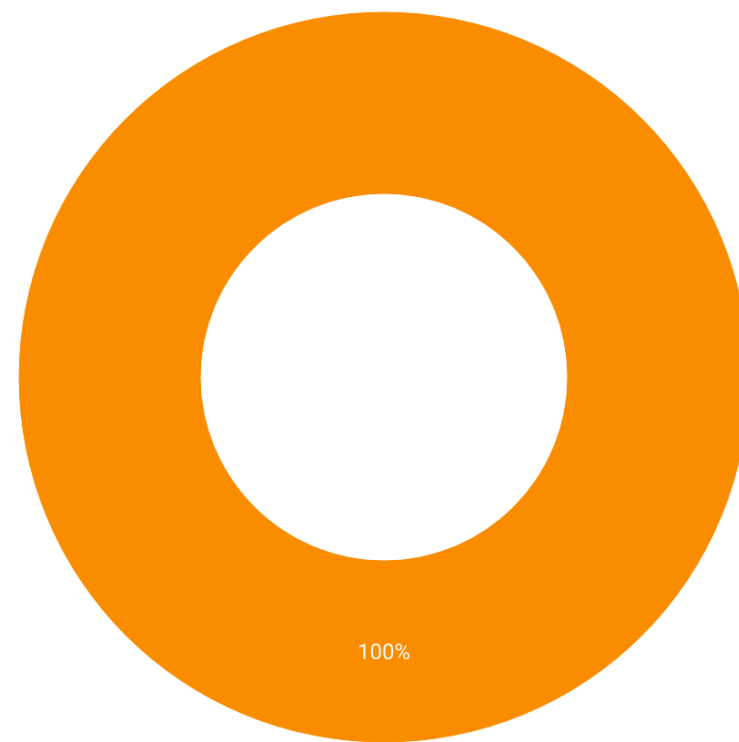
■ XBB ■ XBB.1.5 ■ BA.2.86 ■ Other

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 6.-7. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období (05.02. - 15.02. 2024) bolo odobratých 24 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 19 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 79,2% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách zastupená len línia BA.2.86



BA.2.86

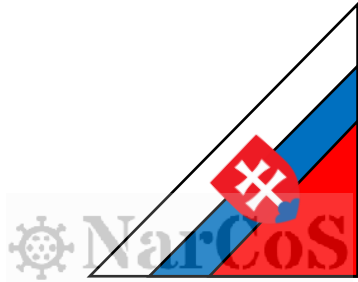
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 6.-7. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



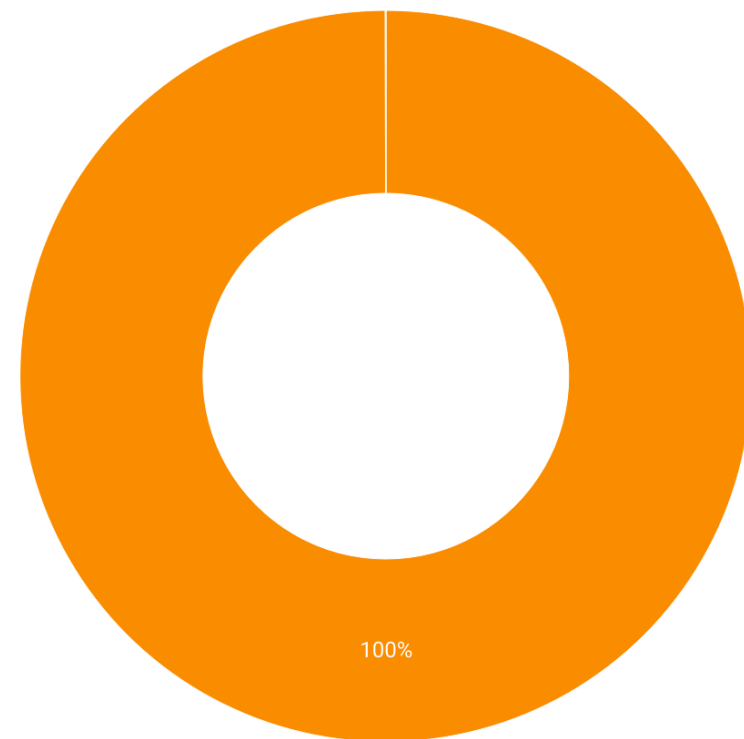
■ BA.2.86

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR v 8.-9. týždni (r. 2024)

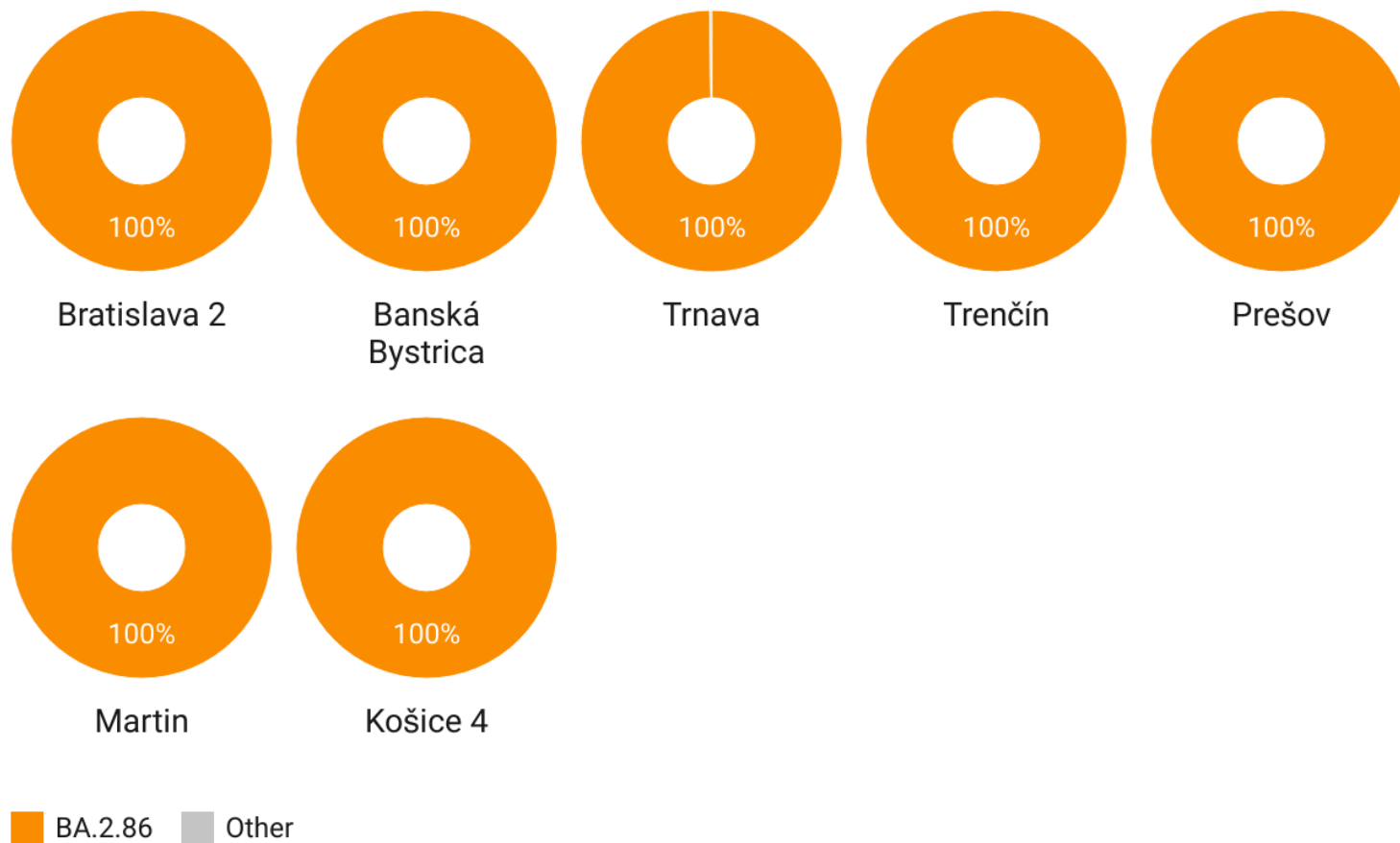
- v sledovanom období (15.02. - 29.02. 2024) bolo odobratých 24 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 7 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 29,2% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel línií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách zastupená línia BA.2.86



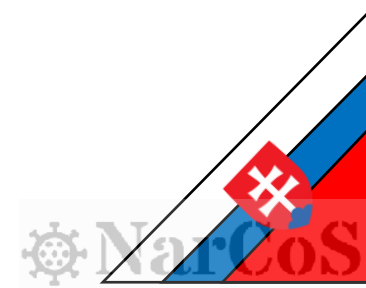
BA.2.86 Other

Created with Datawrapper

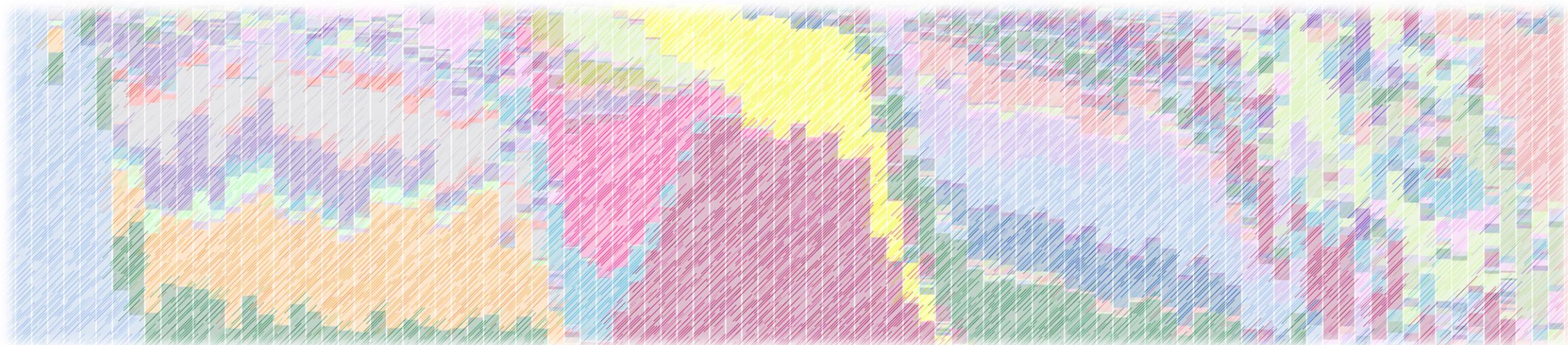
Prehľad zastúpenia línií SARS-CoV-2 v 8.-9. týždni (r. 2024) podľa odberného miesta



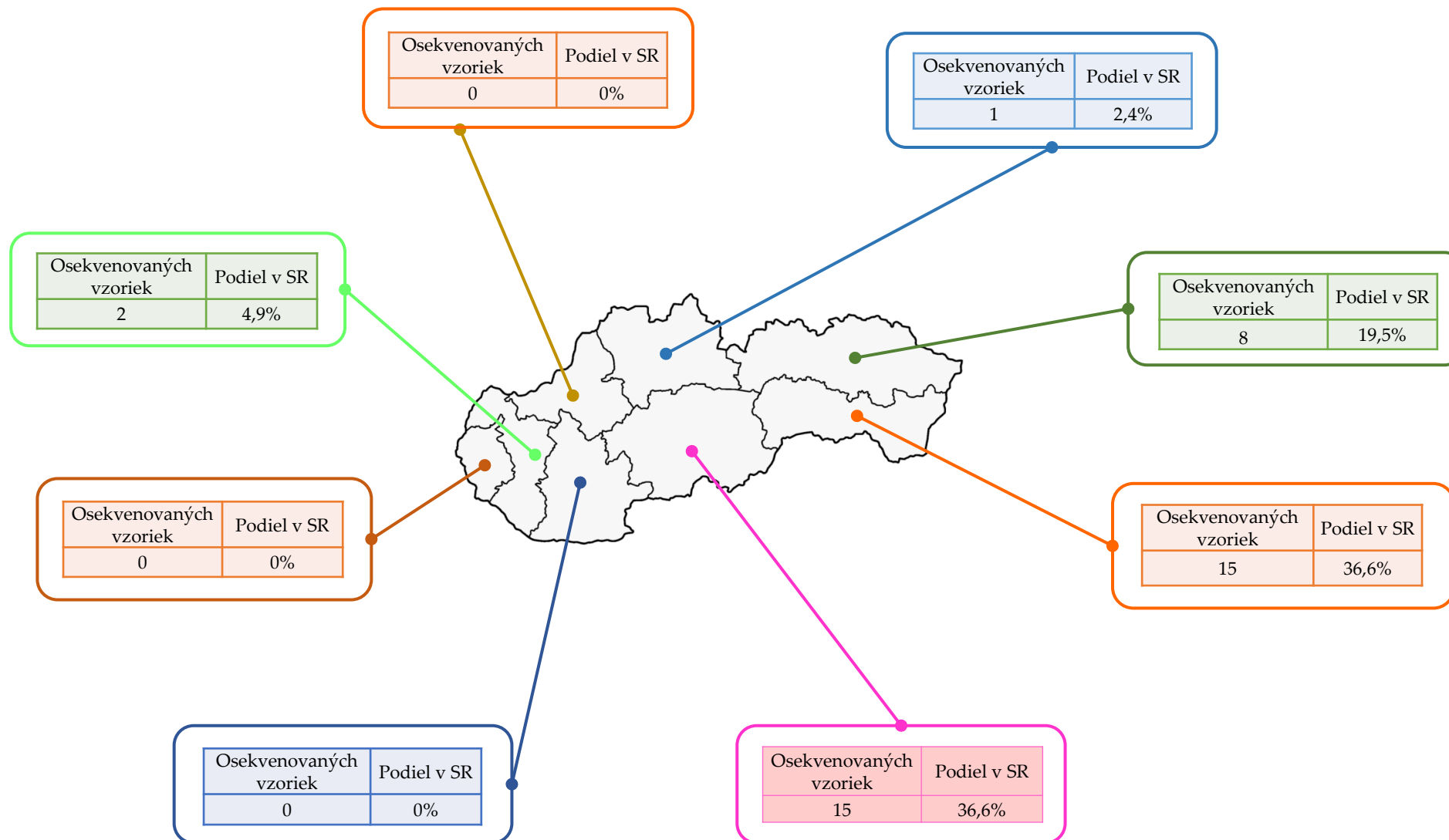
Created with Datawrapper



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

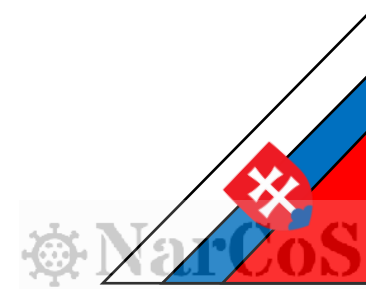


Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v 5. – 8. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa krajov



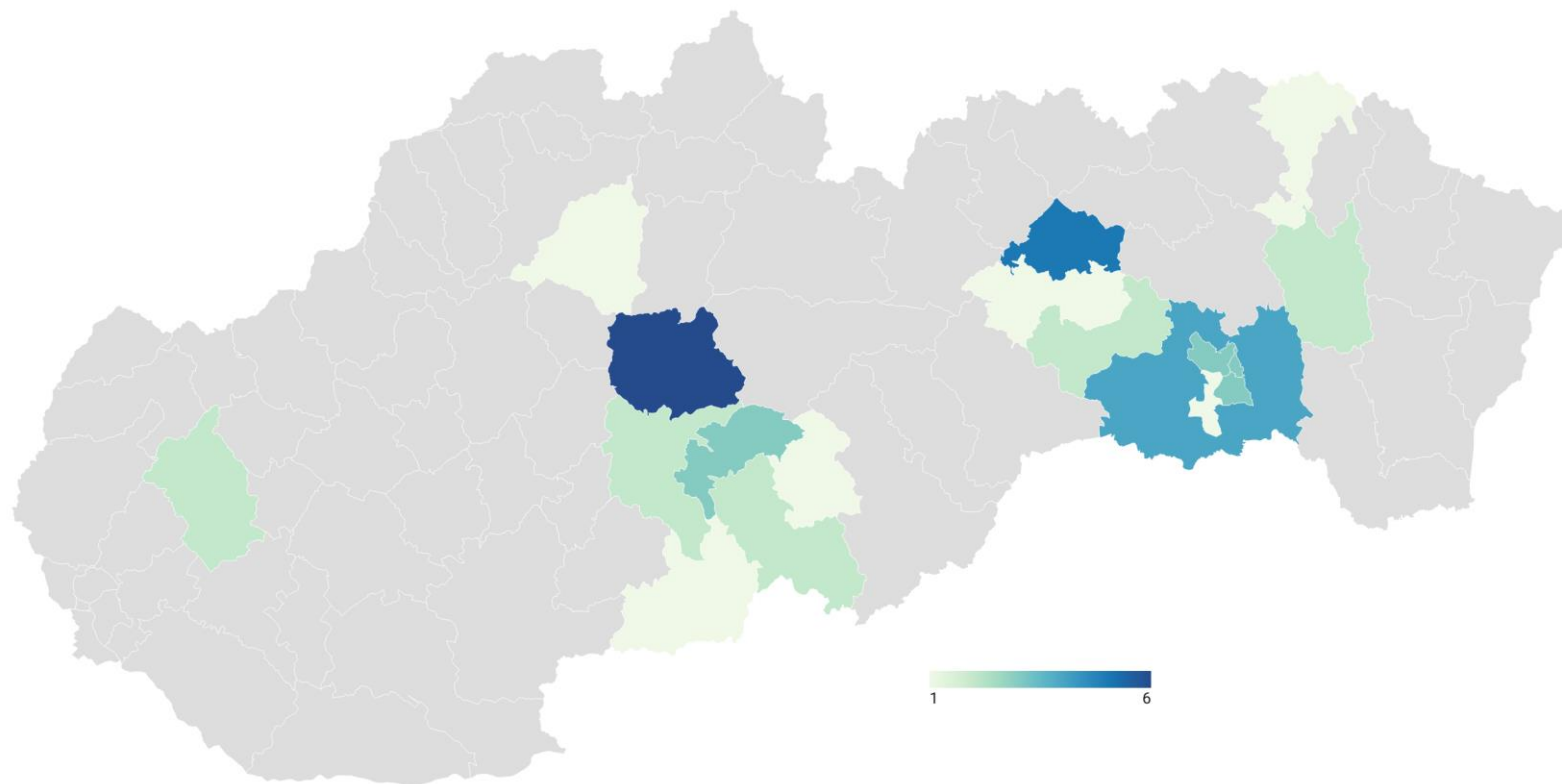
Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (5. – 8. týždeň/2024)

- 43 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 41 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 95,4% úspešnosť
- vloženie 36 (87,8% z 41 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+ (80,5%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ



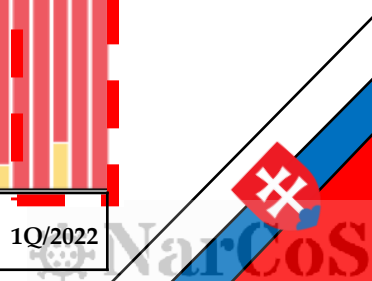
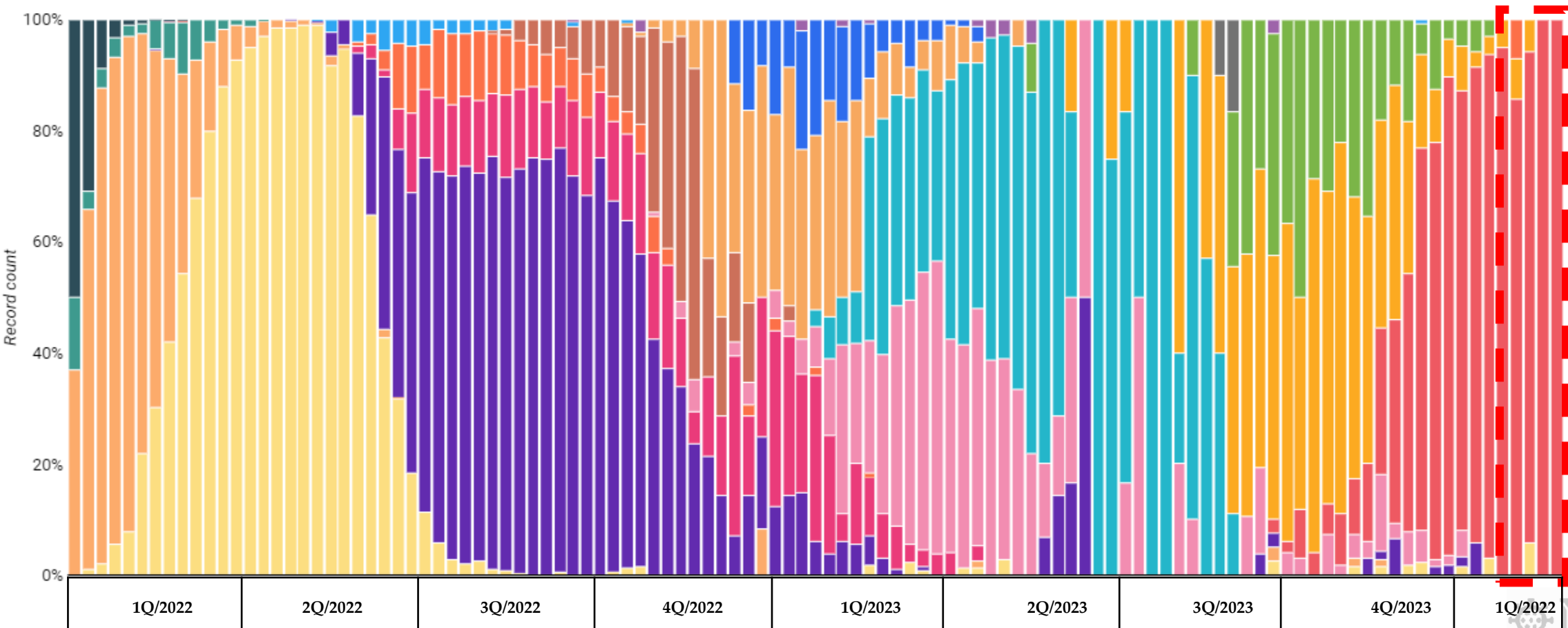
Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 5. – 8. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa okresov

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



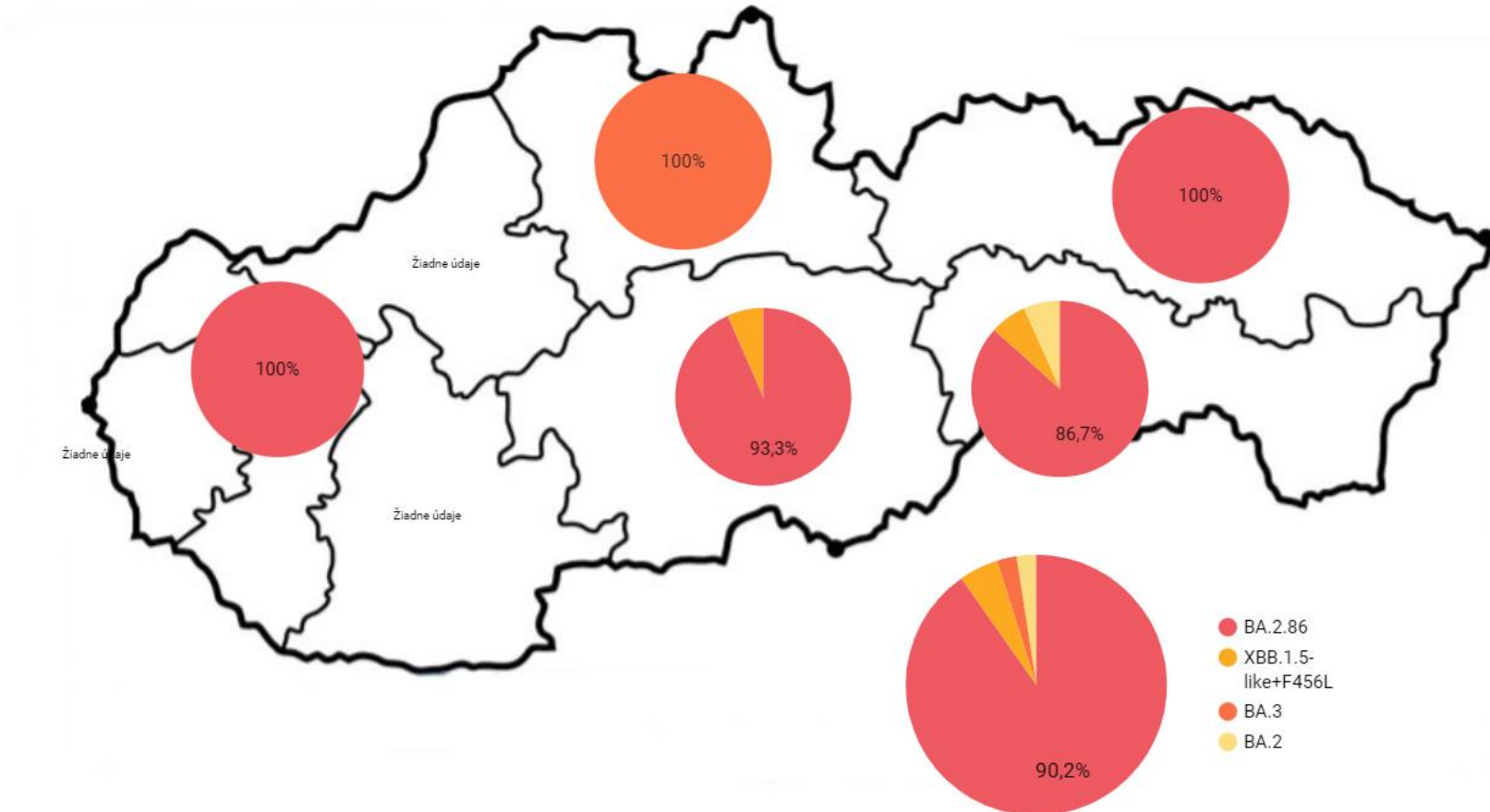
Kumulatívny prehľad zachytených variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel línií: BA.2.86– 90,2% (n=37); XBB.1.5-like+F456L – 4,9% (n=2); BA.3 – 2,4% (n=1); BA.2 – 2,4% (n=1)



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 5. – 8. týždni (r. 2024)

- z geografického pohľadu je rozšírenie línií v štyroch krajoch podobné
- línia BA.2.86 je detekovaná vo väčšine krajoch a má najväčší podiel spomedzi všetkých zachytených línií v sledovanom období
- línia BA.2.86 bola zastúpená v 90,2%

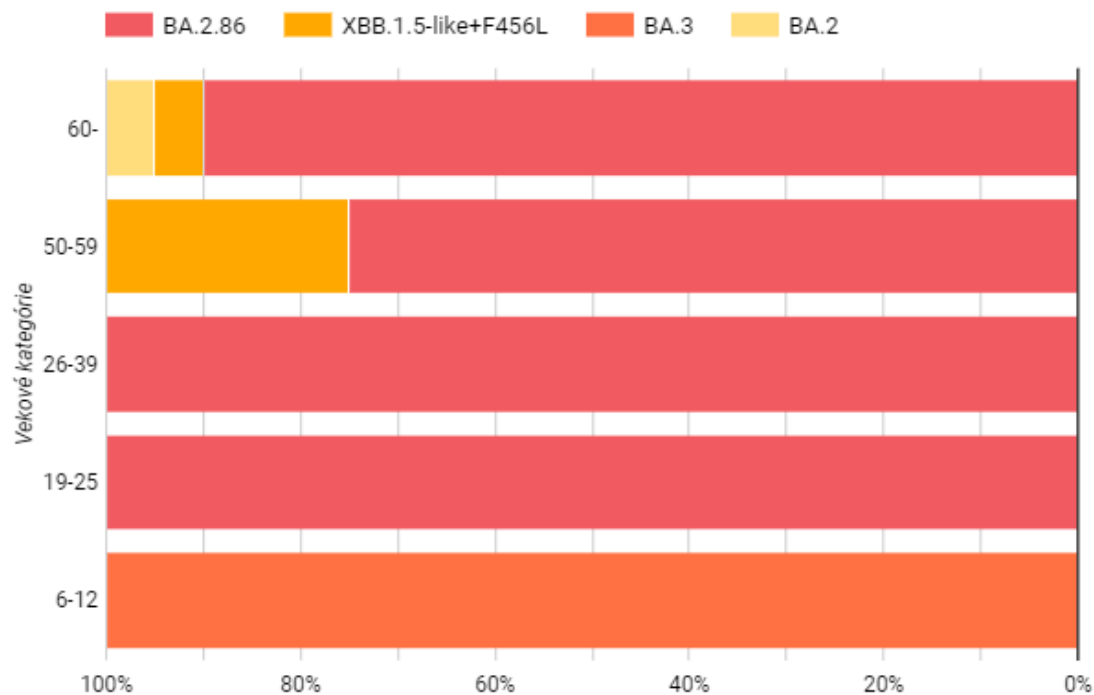


Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

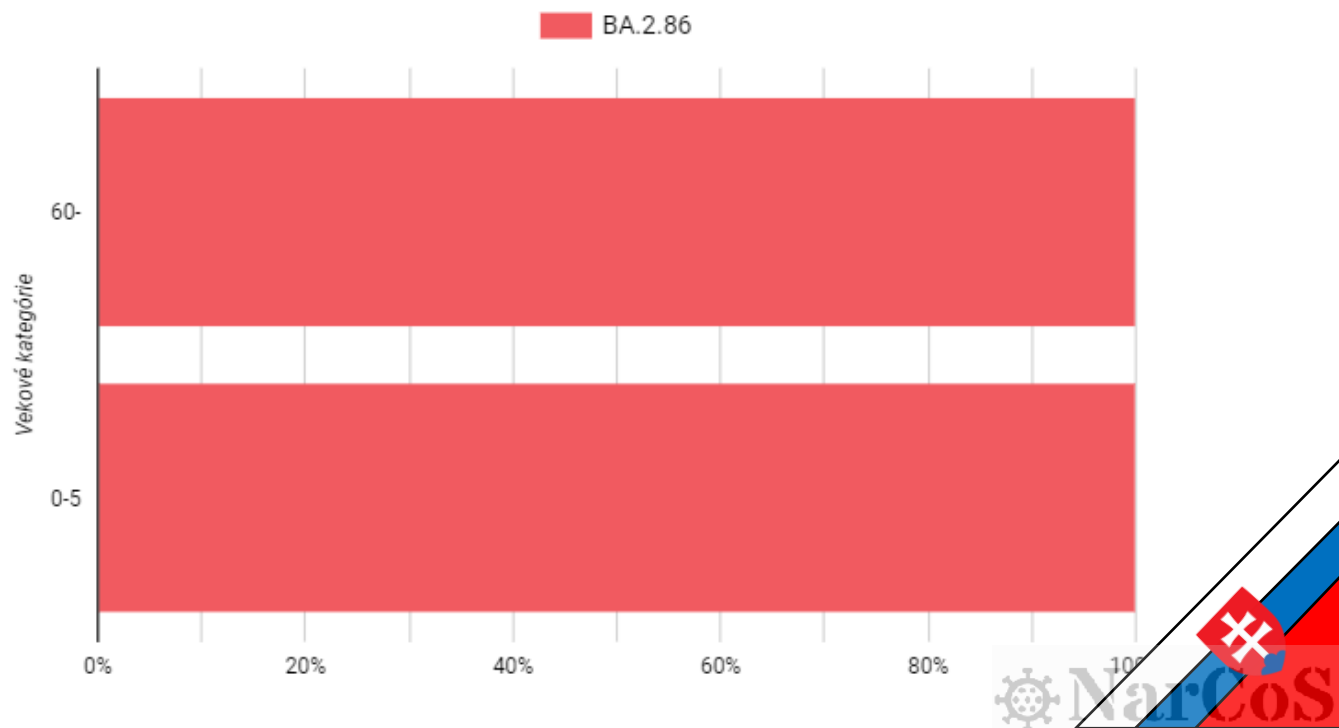
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 65,9% izolovaných vzoriek od žien a 34,1% od mužov
- u oboch pohlaví tvorila väčšinu línia BA.2.86
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=20; 48,8% a muži n=13; 31,7%)

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

ŽENY

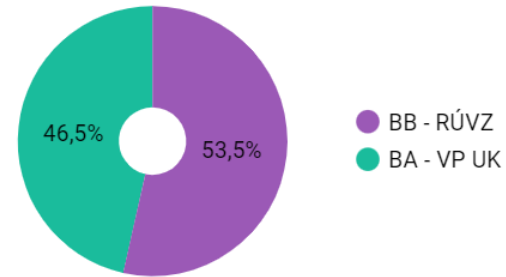


MUŽI

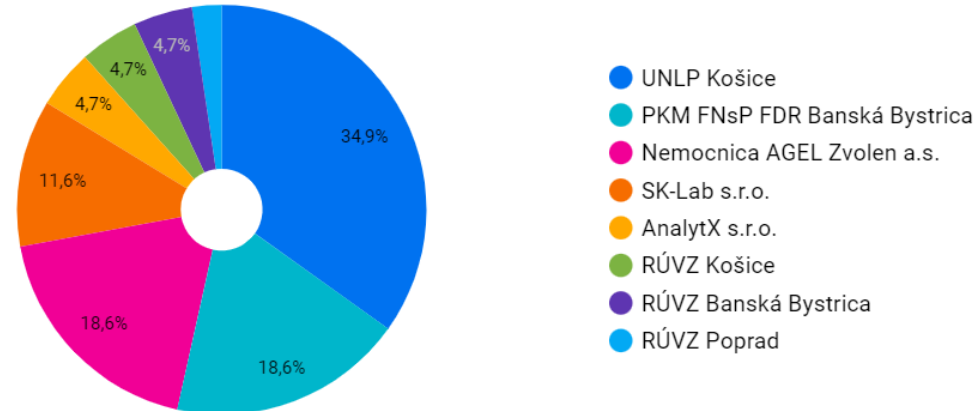


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 5. – 8. týždni (r. 2024)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 53,5% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
- 46,5% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava

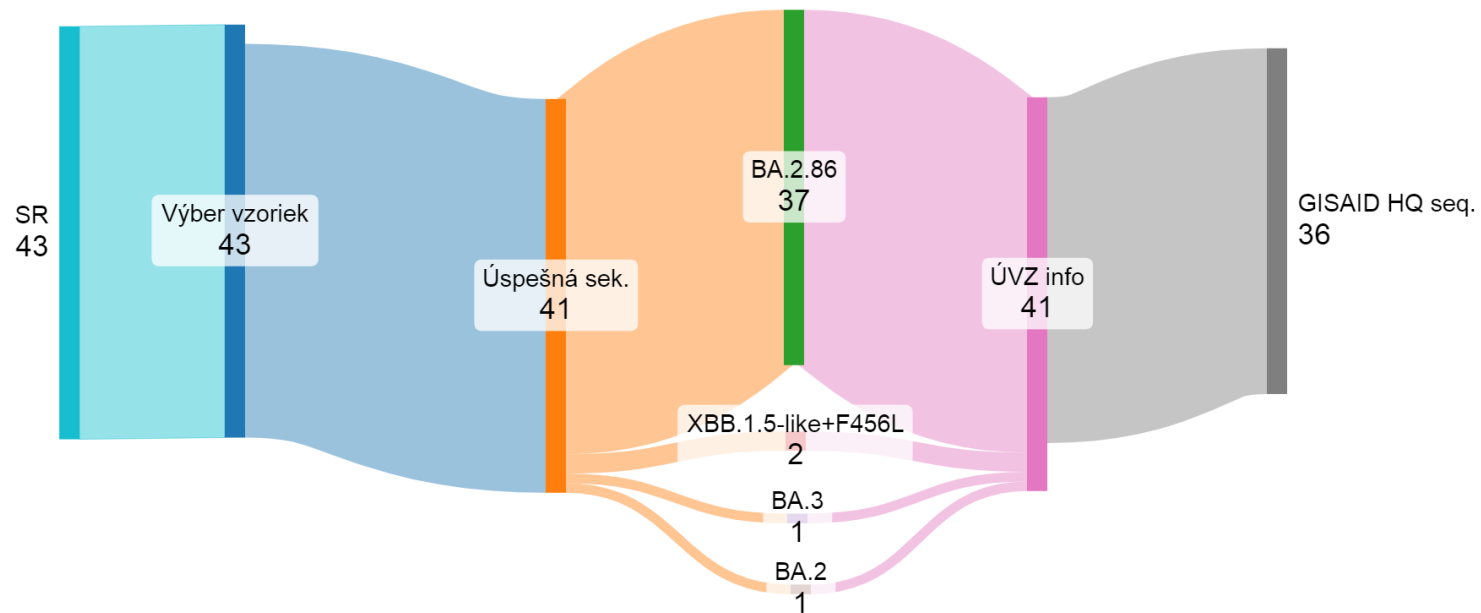


- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spracovaných dát o variantoch a 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 (29.01. – 25.02.2024)



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

