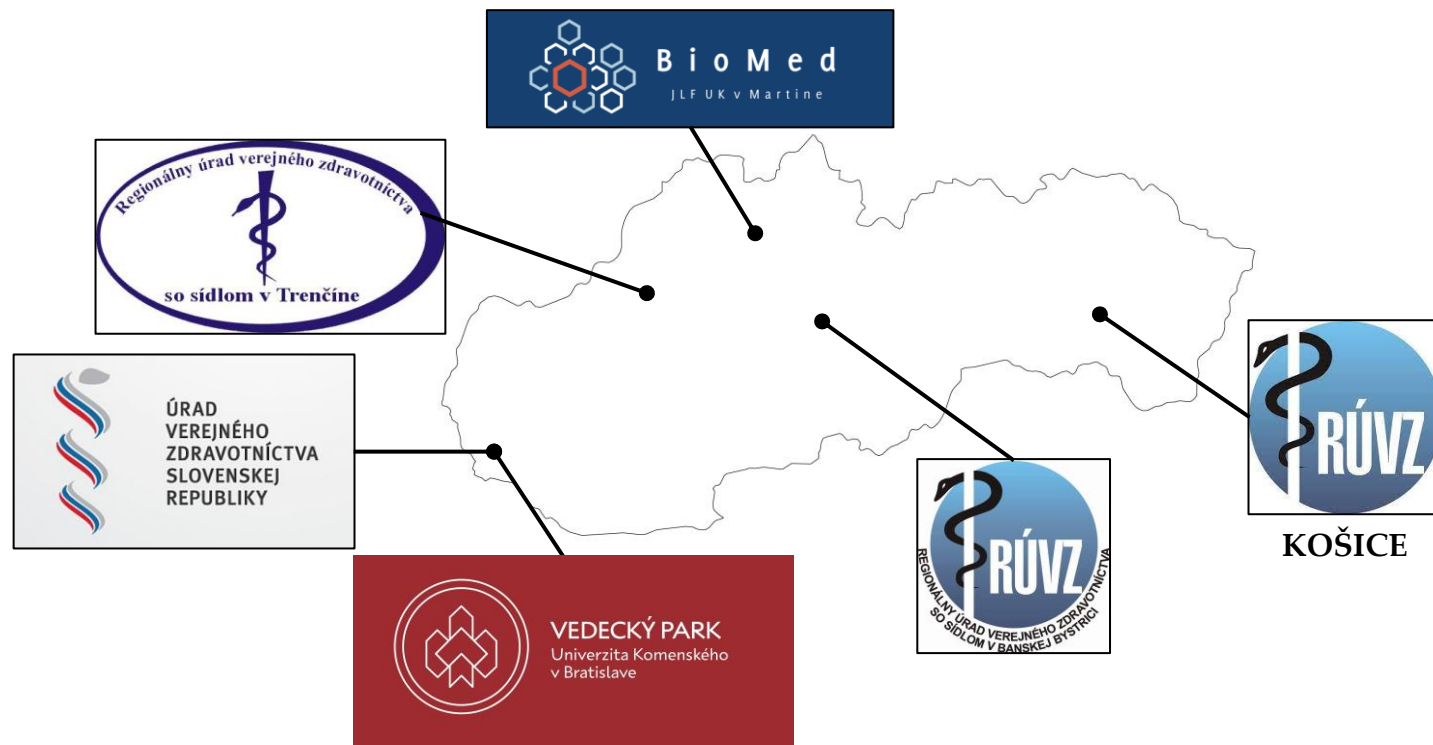


# Monitorovacia správa o cirkulujúcich variantoch vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE

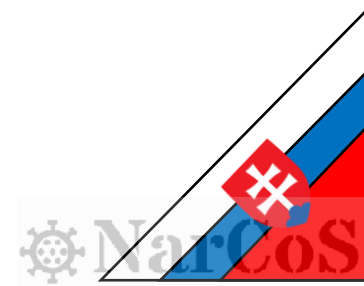


VEDECKÝ PARK  
Univerzita Komenského  
v Bratislave

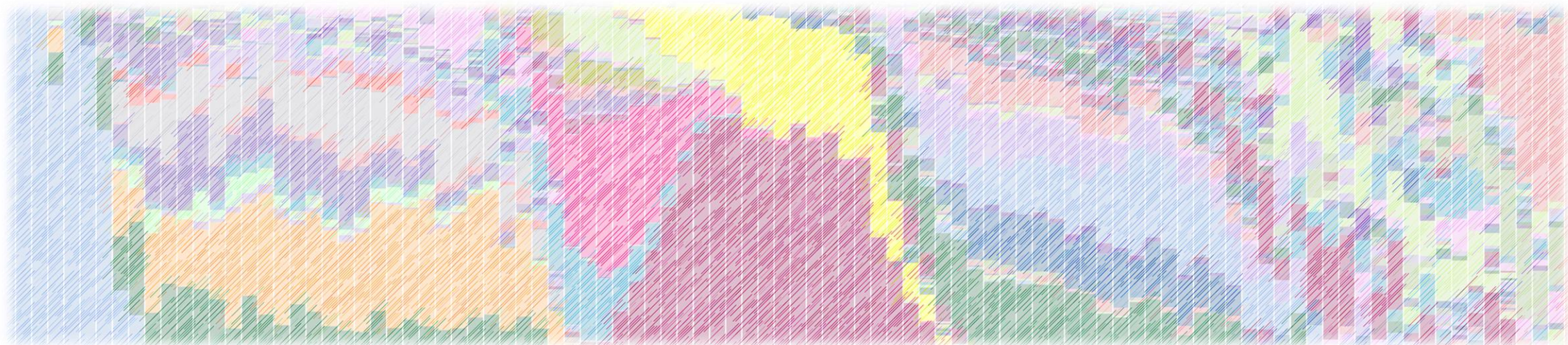


MINISTERSTVO

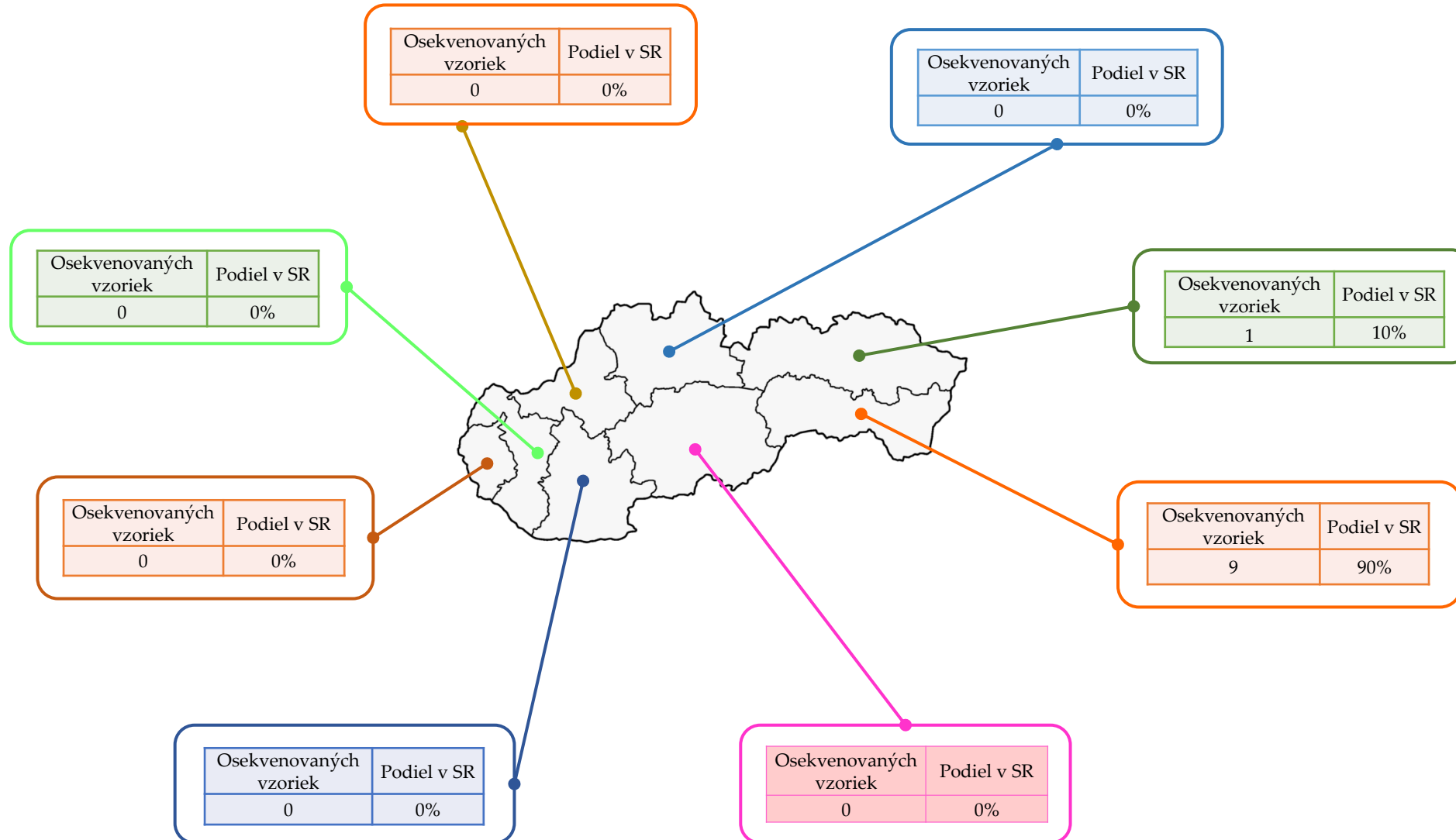
ŠKOLSTVA, VÝSKUMU,  
VÝVOJA A MLÁDEŽE  
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



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

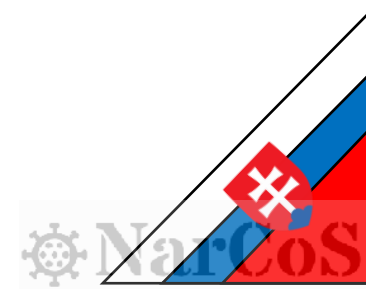


# Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v 9. – 13. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa krajov



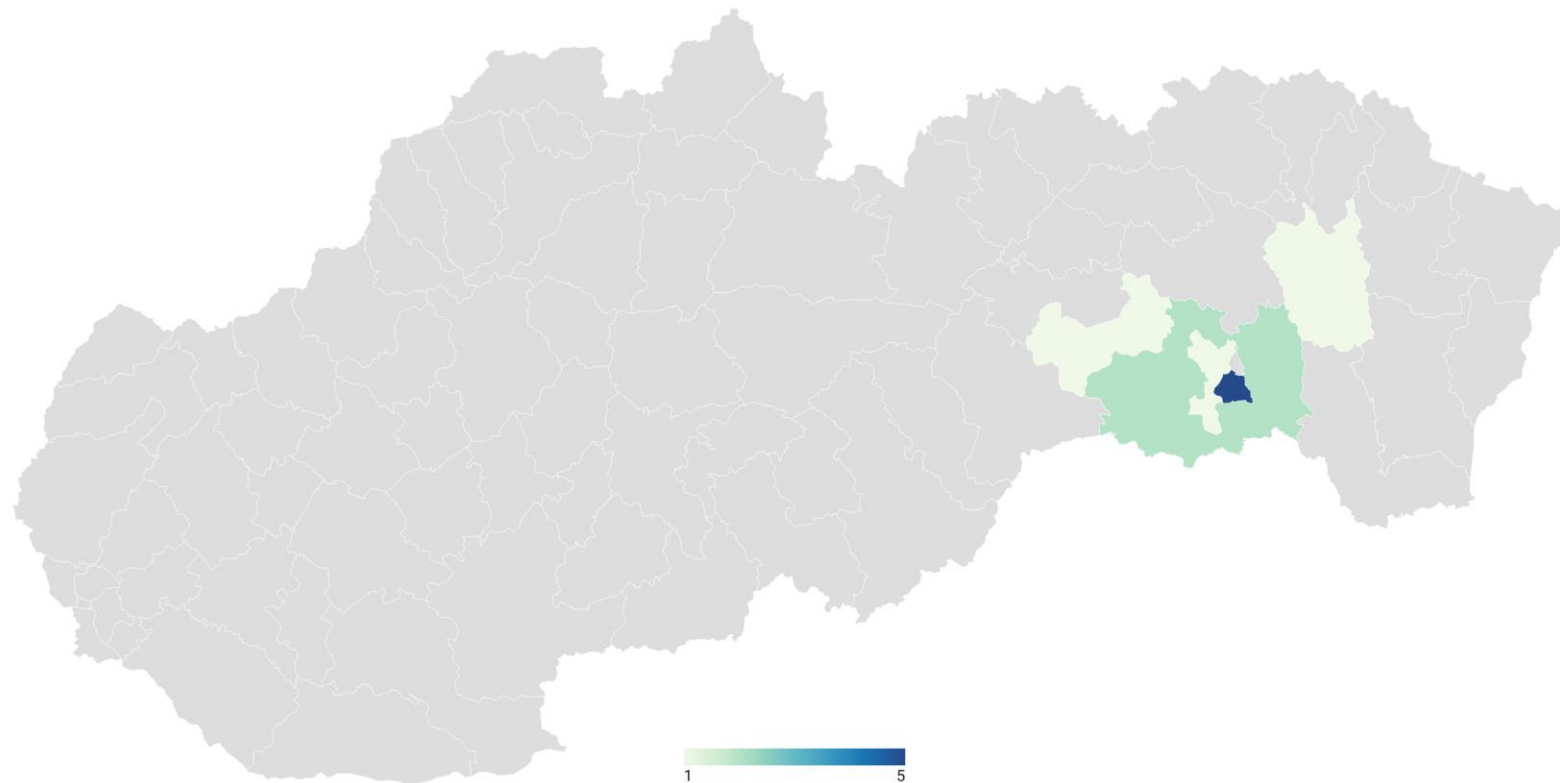
## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (9. – 13. týždeň/2024)

- 11 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 10 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 90,9% úspešnosť
- vloženie 8 (80% z 10 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách zastupená línia BA.2.86
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (90%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ



# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 9. – 13. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa okresov

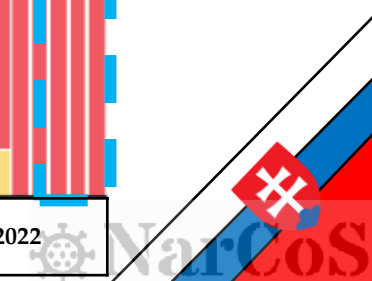
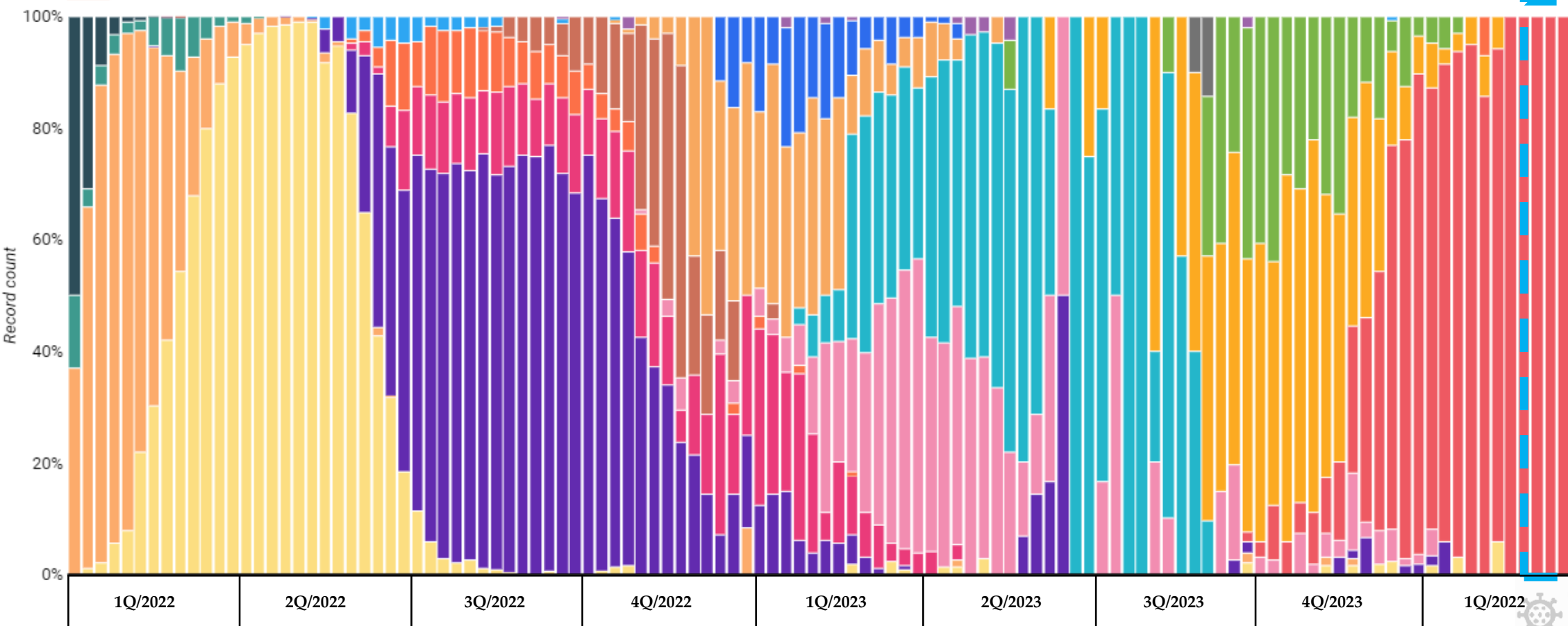
- o najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresu Košice IV



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– 100% (n=10)



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 9. – 13. týždni (r. 2024)

- línia BA.2.86 bola detekovaná v Košickom a Prešovskom kraji
- línia BA.2.86 bola zastúpená v 100%

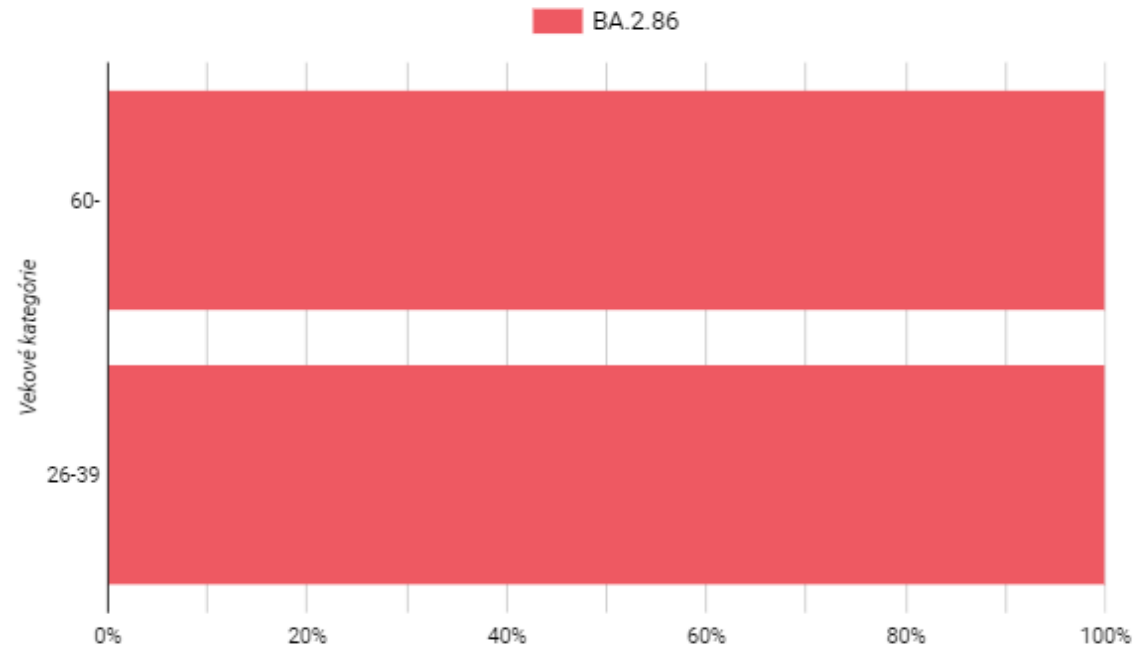


# Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 100% izolovaných vzoriek od mužov
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (muži n=9; 90%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	0	0	0	0	0	0	0	0
muži	9	0	0	1	0	0	0	0

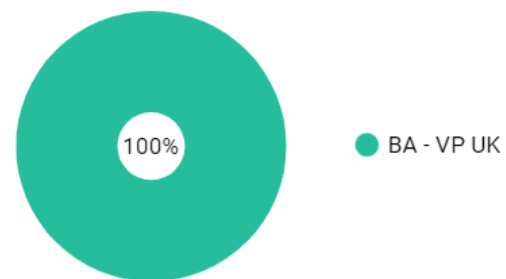
## MUŽI



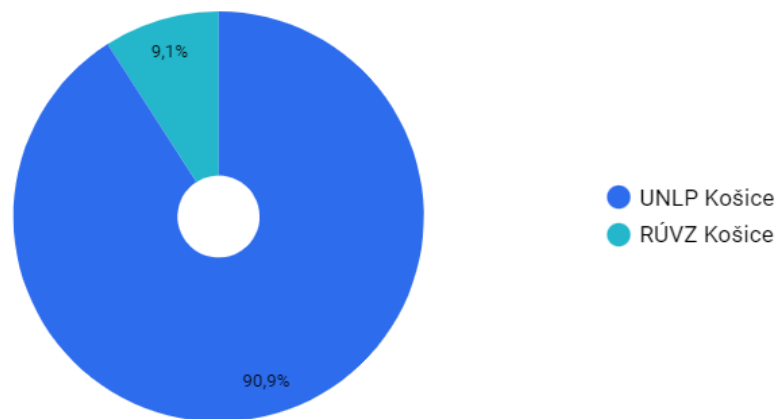


# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 9. – 13. týždni (r. 2024)

- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 100% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava

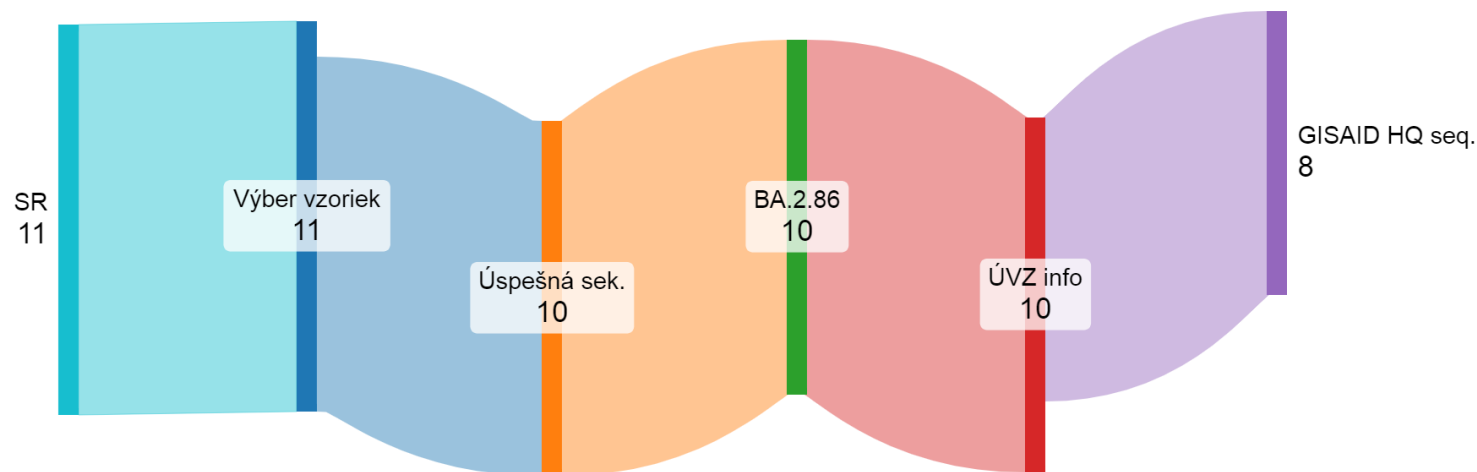


- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spracovaných dát o variantoch a líniách 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 (26.02. – 31.03.2024)



## 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 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

