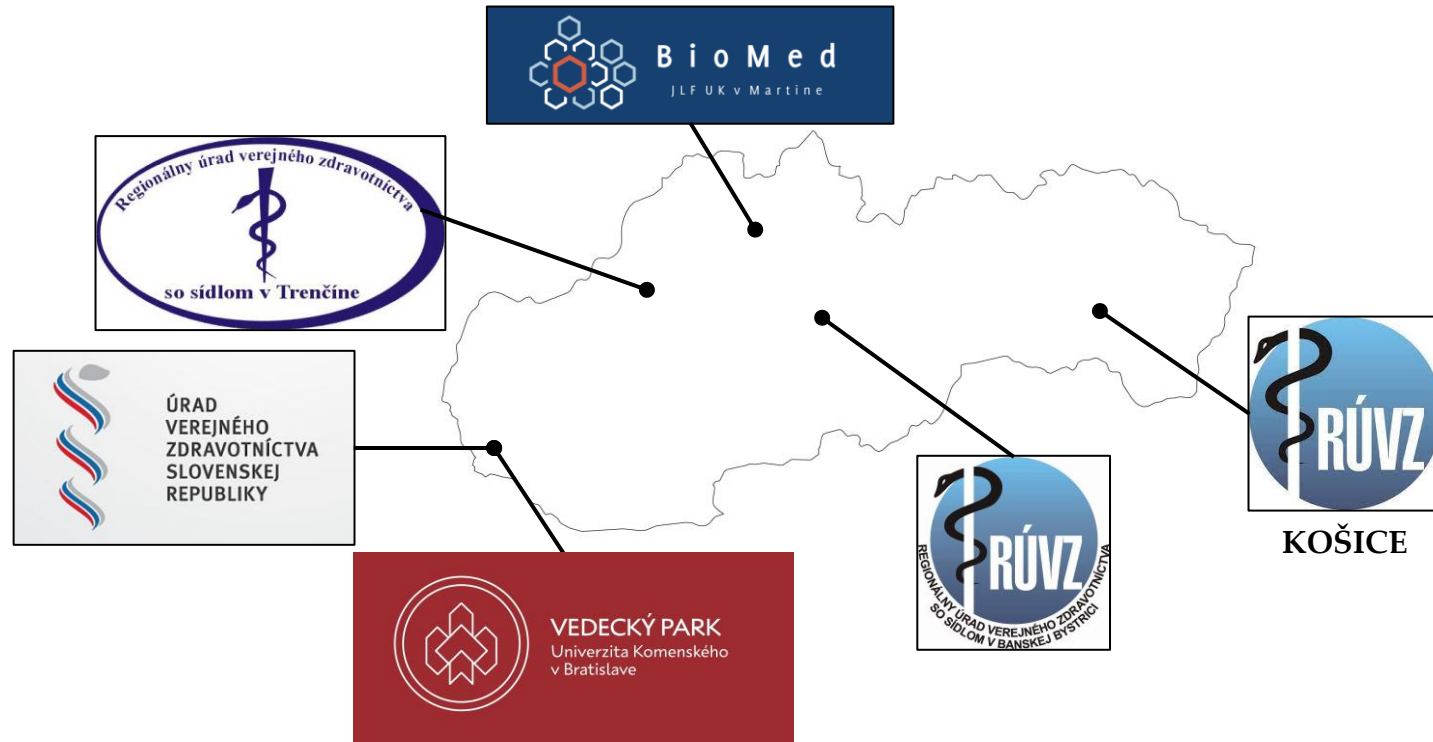


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie

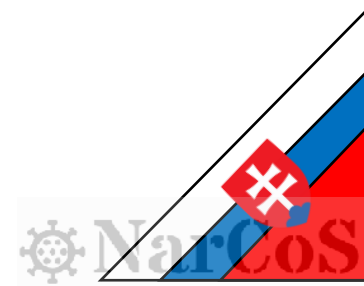


CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

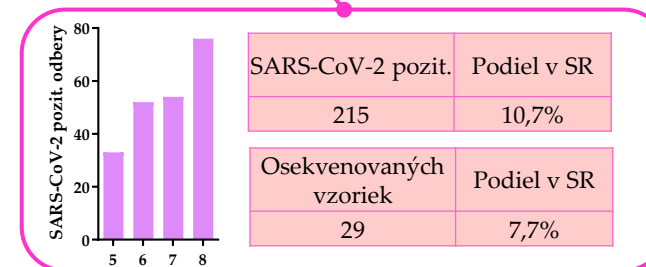
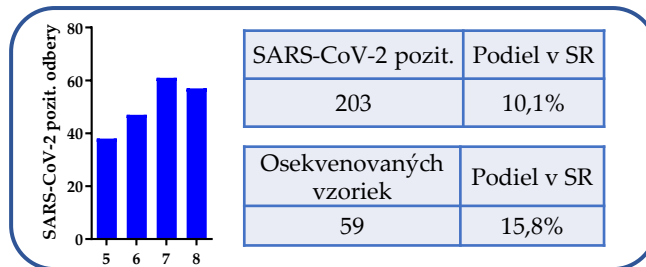
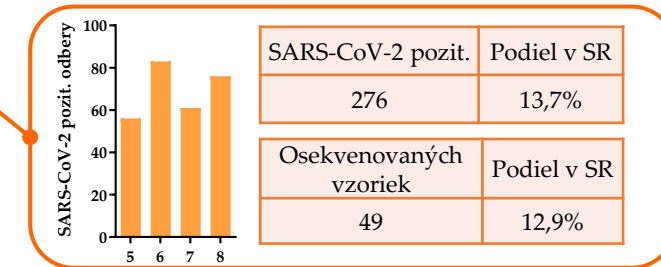
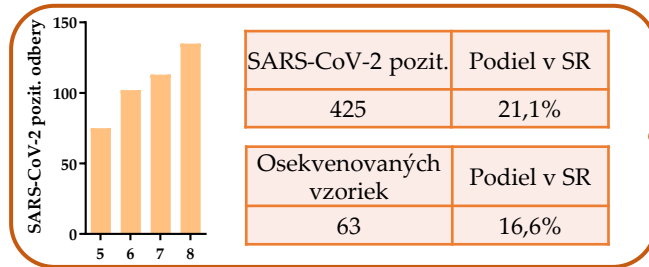
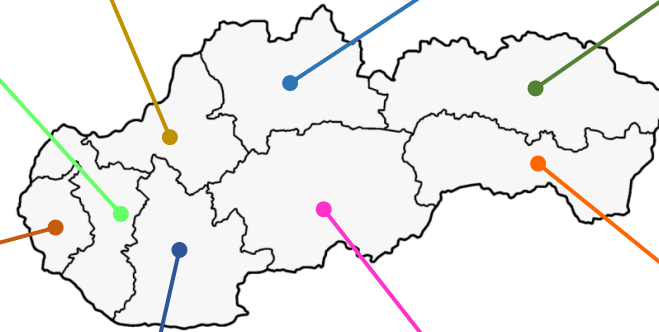
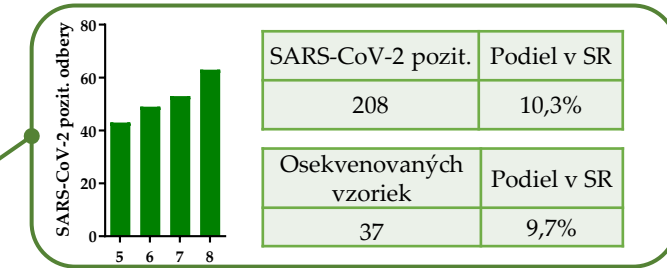
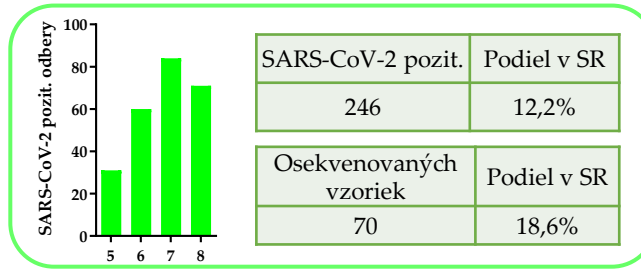
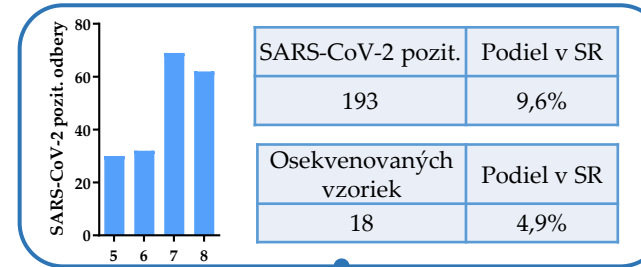
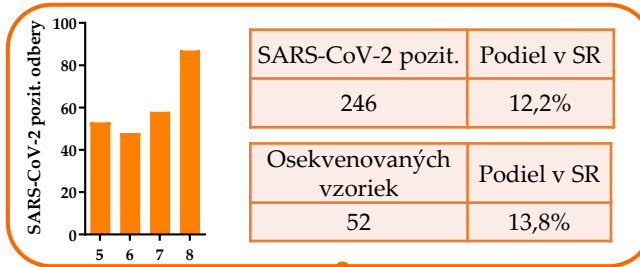
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE



MINISTERSTVO
ŠKOLSTVA, VEDY,
VÝSKUMU A ŠPORTU
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



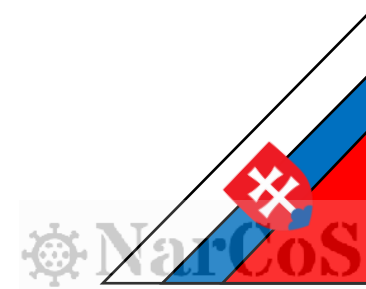
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 5. – 8. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (5. – 8. týždeň/2023)

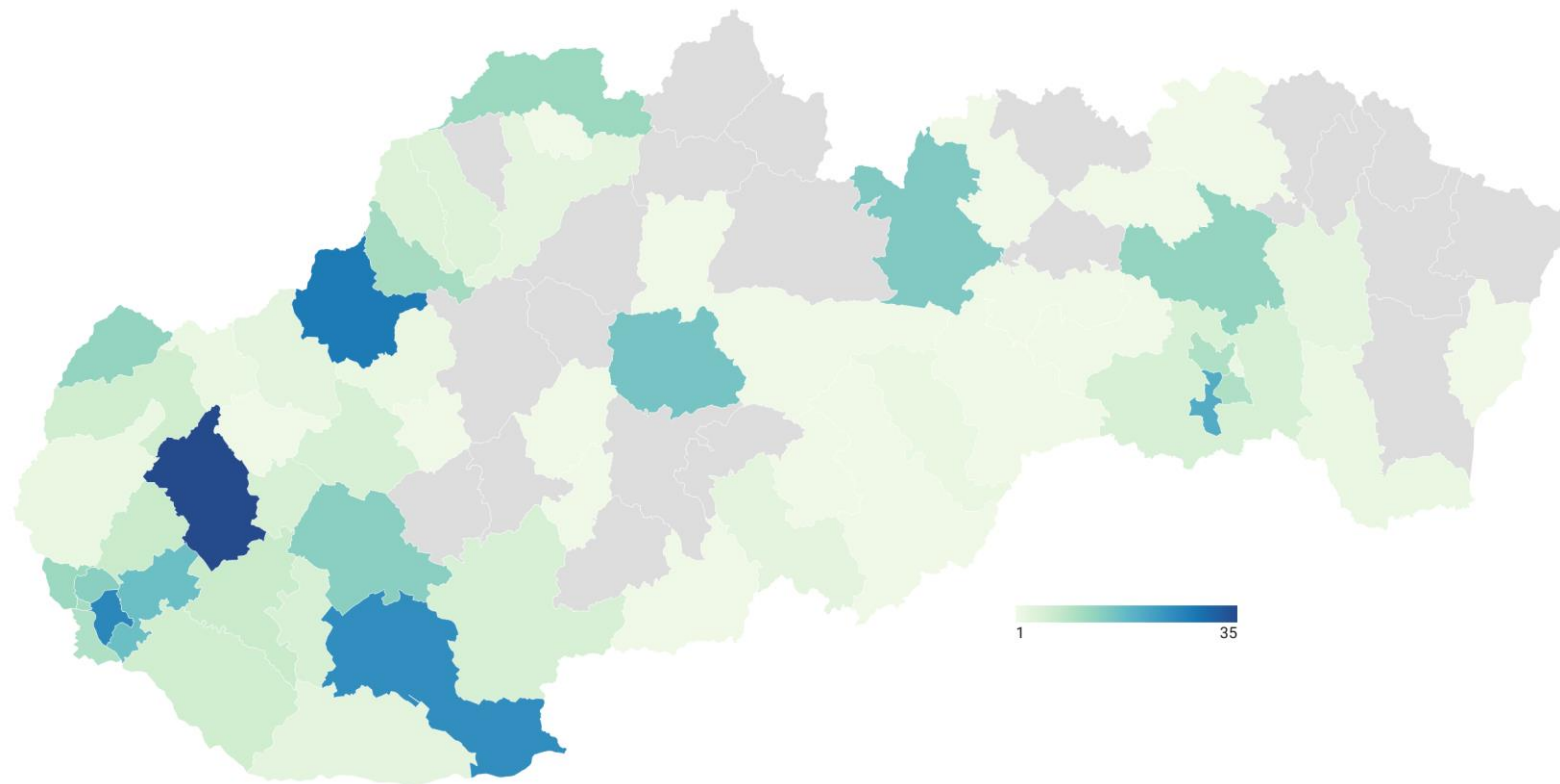
- v sledovanom období (30.1. - 26.2. 2023) zachytených 2 012 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 415 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 377 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 90,8% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 18,7%
- vloženie 369 (97,9% z 377 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek v 8. týždni roka (n=627) stúpol o 74,7% oproti 5. týždňu (n=359)
- v sledovanom období bol v analyzovaných vzorkách najviac zastupený subvariant Omikronu BQ.1
- v populácii boli častejšie zachytené rekombinanty XBB (rekombinácia BJ.1 a BM.1.1.1 subvariantu)
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (65,6%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 5. – 8. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa okresov

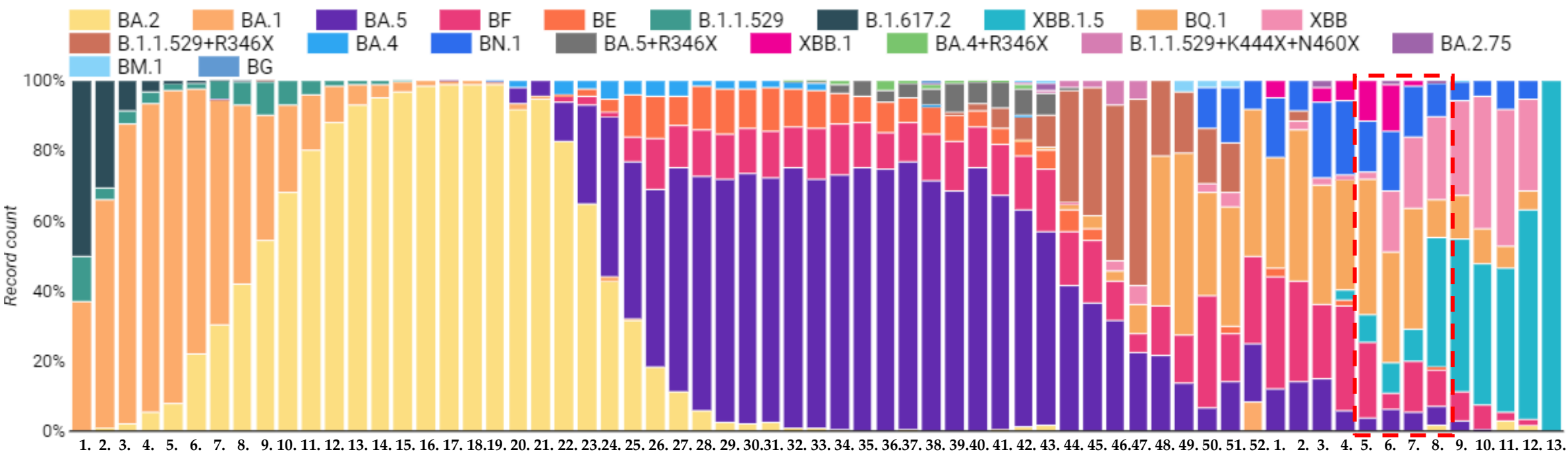
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Trnava, Trenčín, Bratislava II, Nové Zámky a Košice II



Map data: ZBGIS® - Created with Datawrapper

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

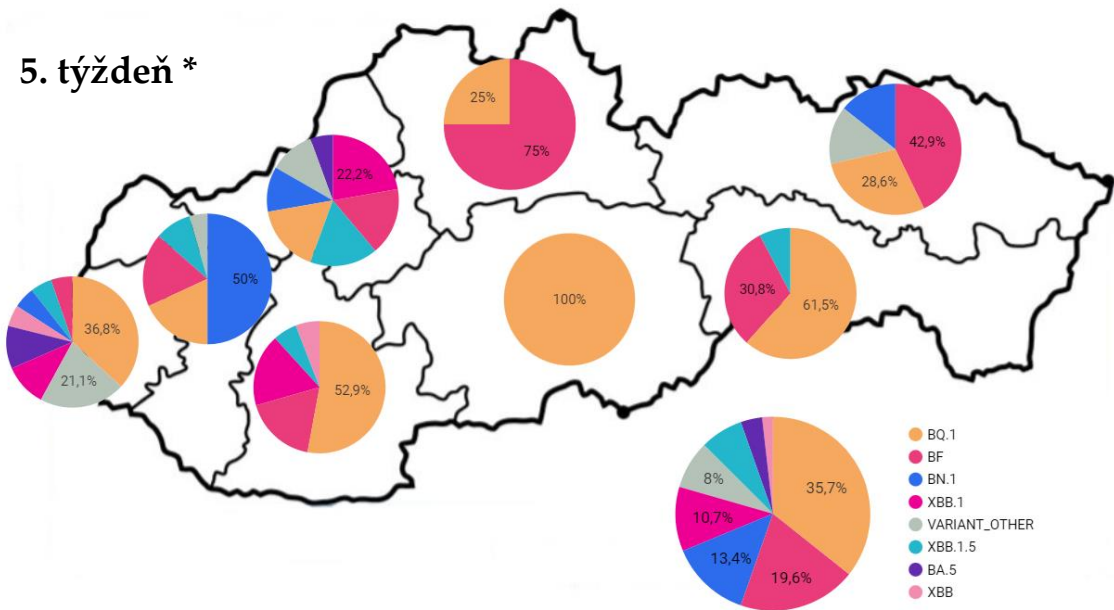
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel subvariantov: BQ.1 – 25,7% (n=97); XBB.1.5 – 16,4% (n=62); XBB – 14,3% (n=54); BN.1 – 12,7% (n=48); BF – 12,2% (n=46); XBB.1 – 6,4% (n=24); BA.5 – 4,8% (n=18); BA.2 – 0,5% (n=2); BA.2.75 – 0,5% (n=2); BE - 0,3% (n=1); BE - 0,3% (n=1)



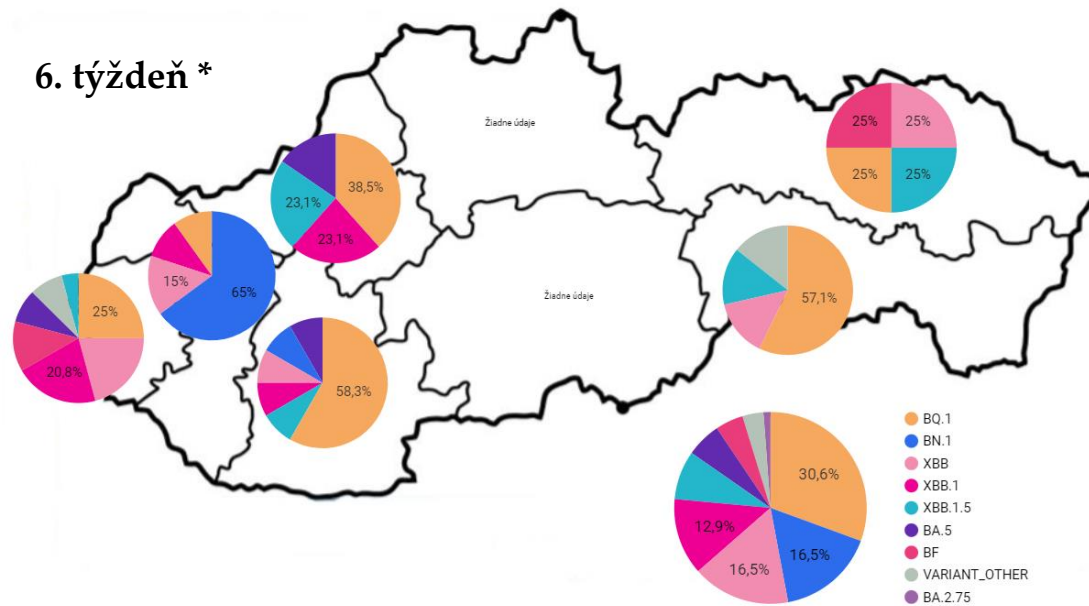
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

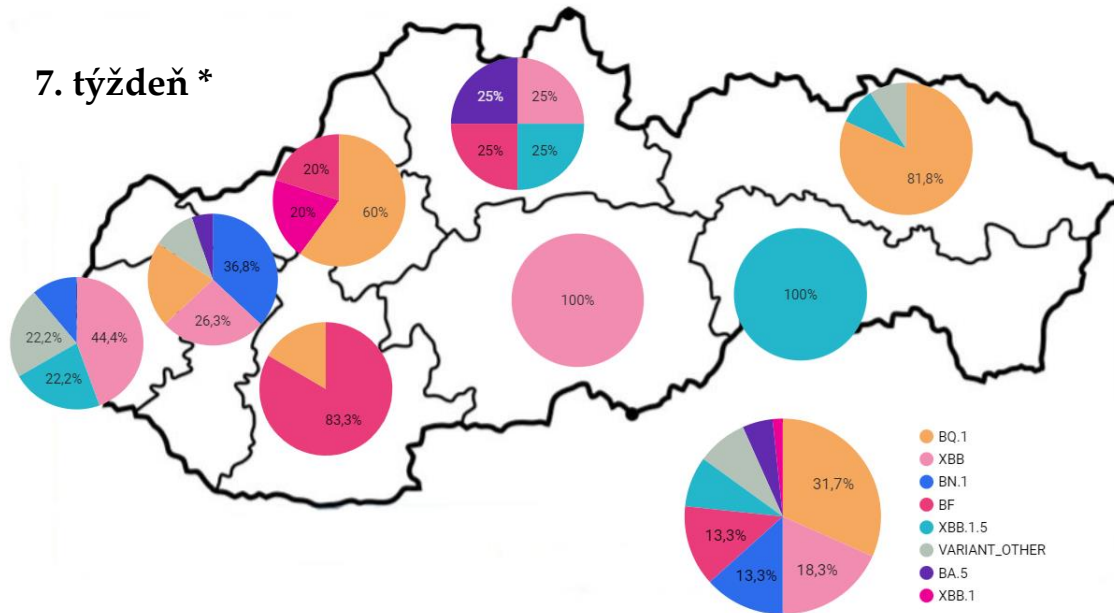
5. týždeň *



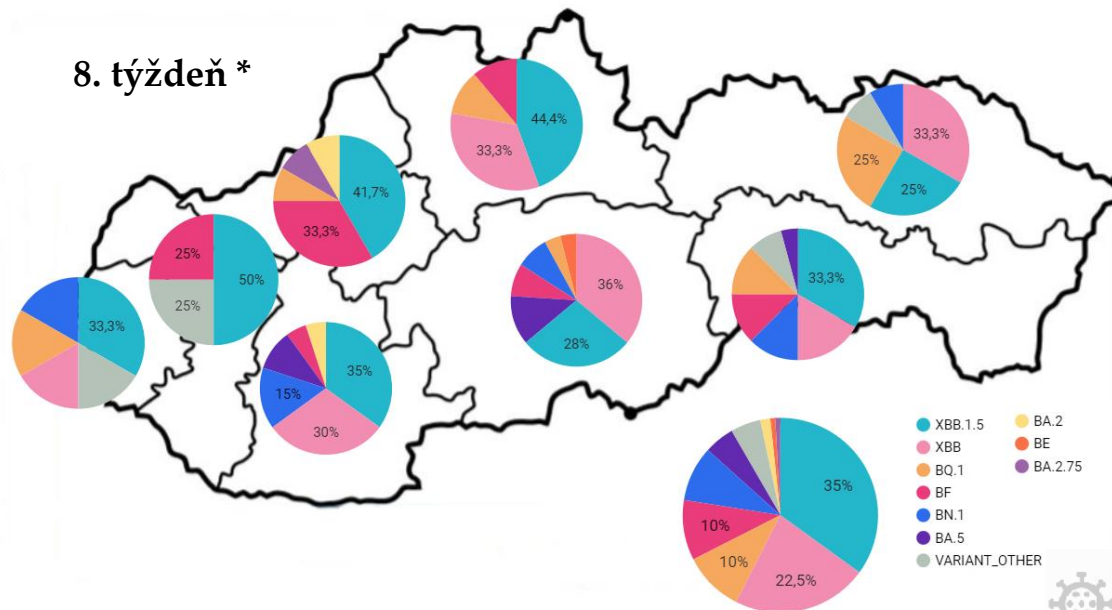
6. týždeň *



7. týždeň *

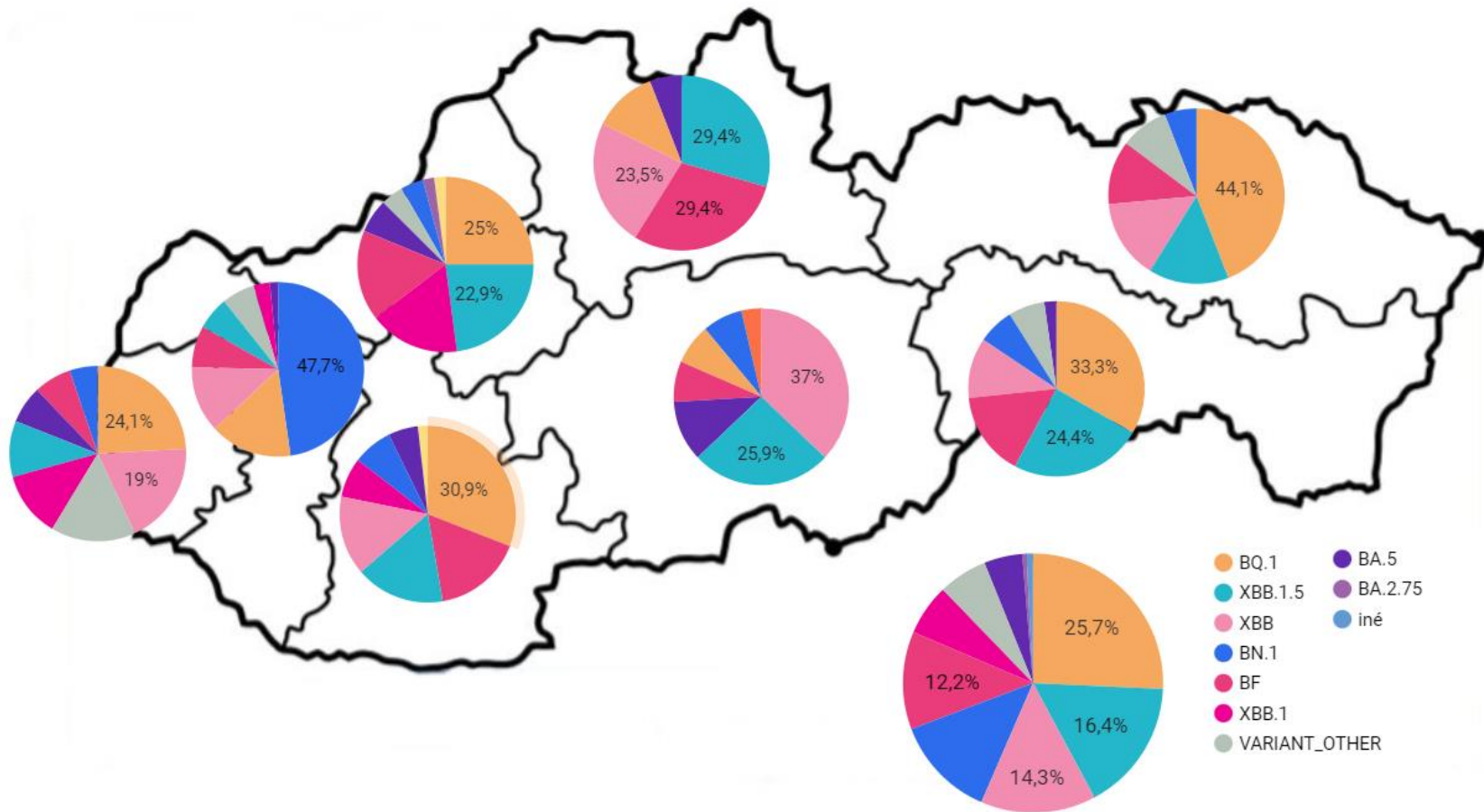


8. týždeň *



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 5. – 8. týždni (r. 2023)

- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v krajoch rozdielne čo je ovplyvnené malým počtom sekvenovaných vzoriek a z toho vyplývajúcou variabilitou ich podielov v rámci územného celku
- subvariant BQ.1 má predpokladaný celoslovenský podiel 26%
- subvarianty XBB.1.5 a XBB boli zastúpené v 16% respektíve v 14% vzoriek

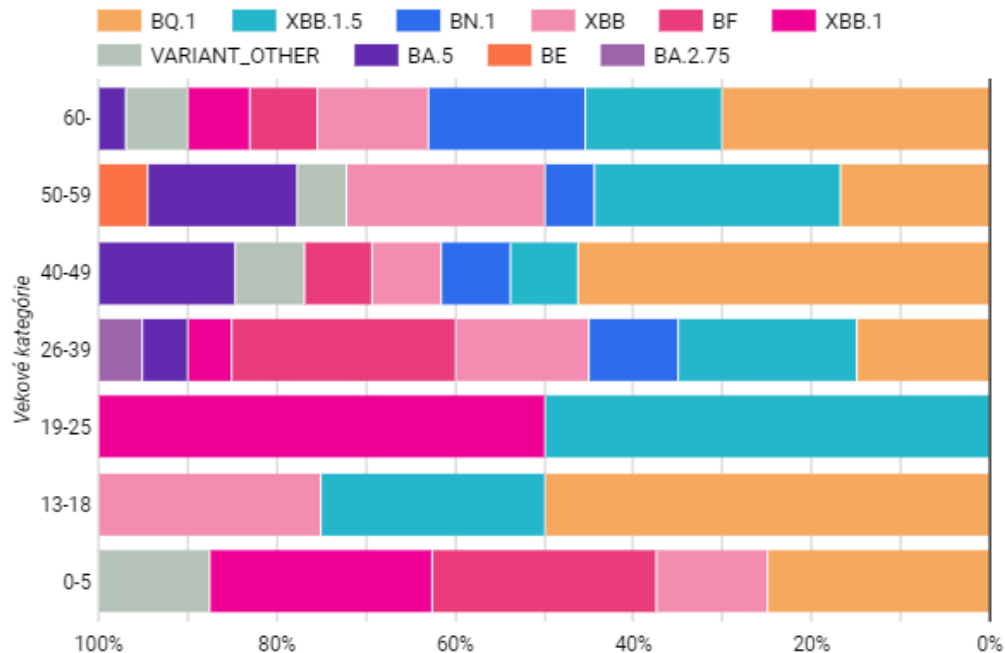


Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

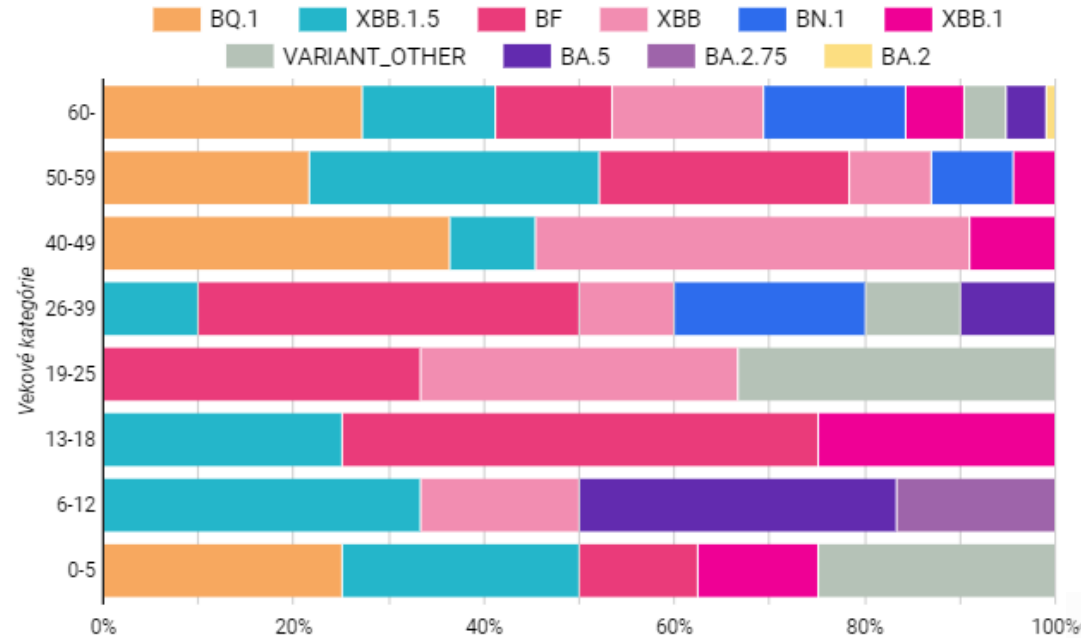
- o súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 52,4% izolovaných vzoriek od žien a 47,6% od mužov
- o u oboch pohlaví tvorili väčšinu subvariant BQ.1 a rekombinanty XBB
- o najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=130; 35% a muži n=114; 30,7%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	130	18	13	20	2	4	0	8
muži	114	23	11	10	3	4	6	6

ŽENY

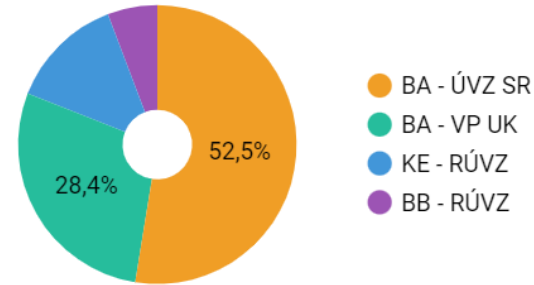


MUŽI

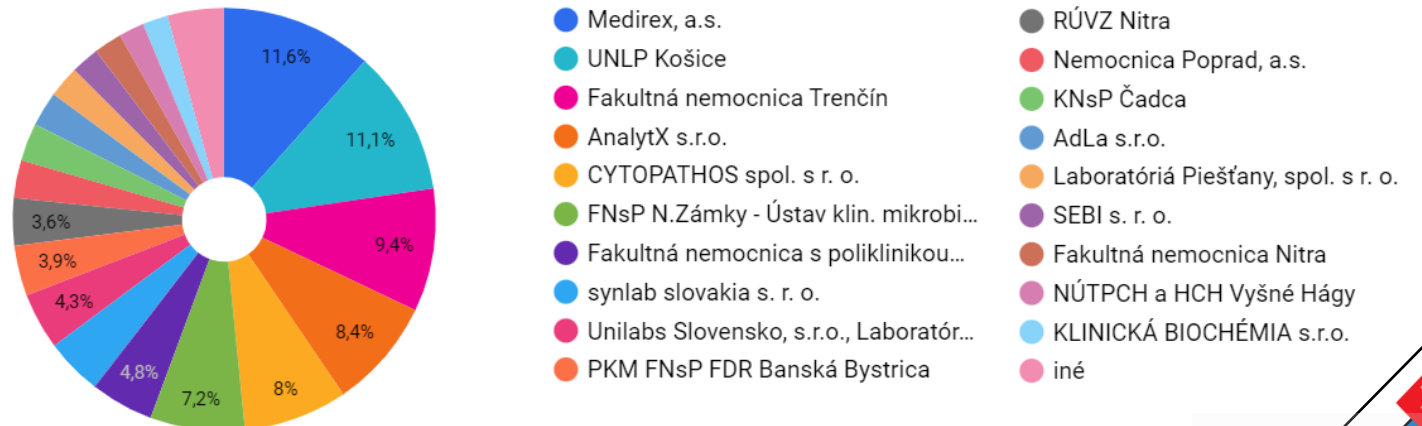


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 5. – 8. týždni (r. 2023)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 52,5% v Úrade verejného zdravotníctva Bratislava
 - 28,4% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
 - 13,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
 - 5,8% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica



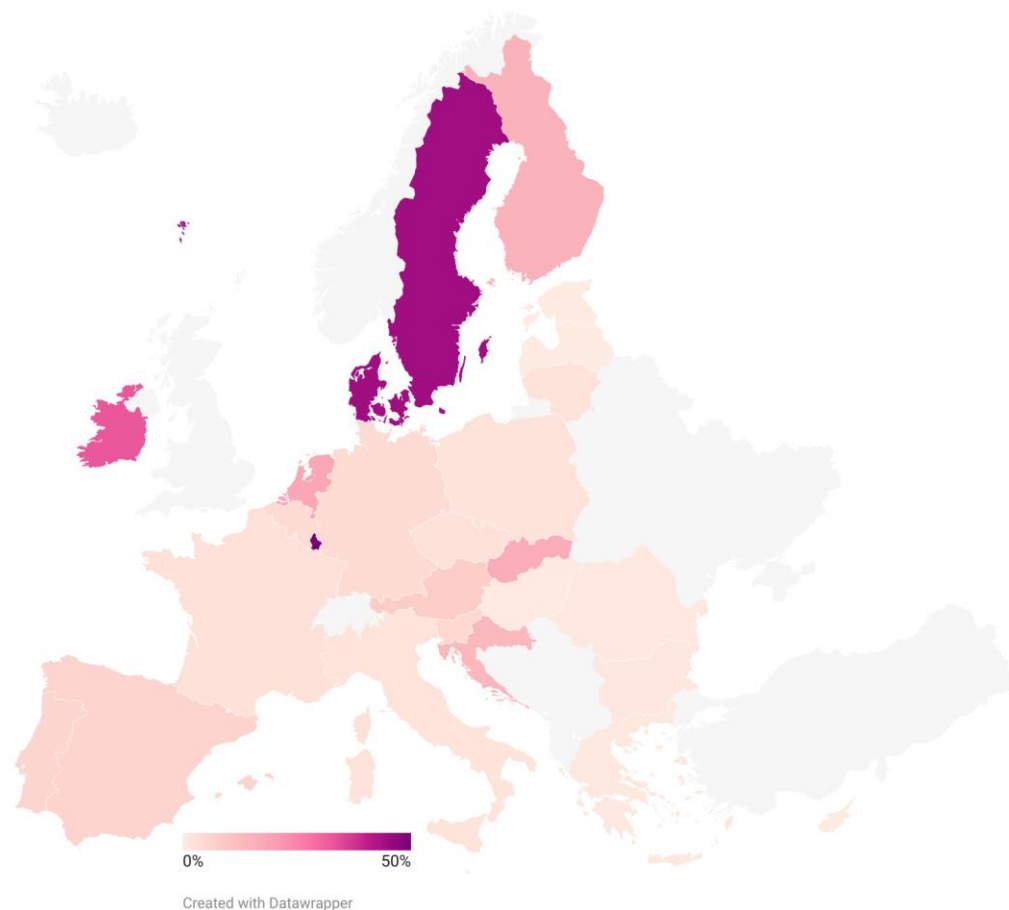
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 90 dní (spätne od: 28.4.2023)

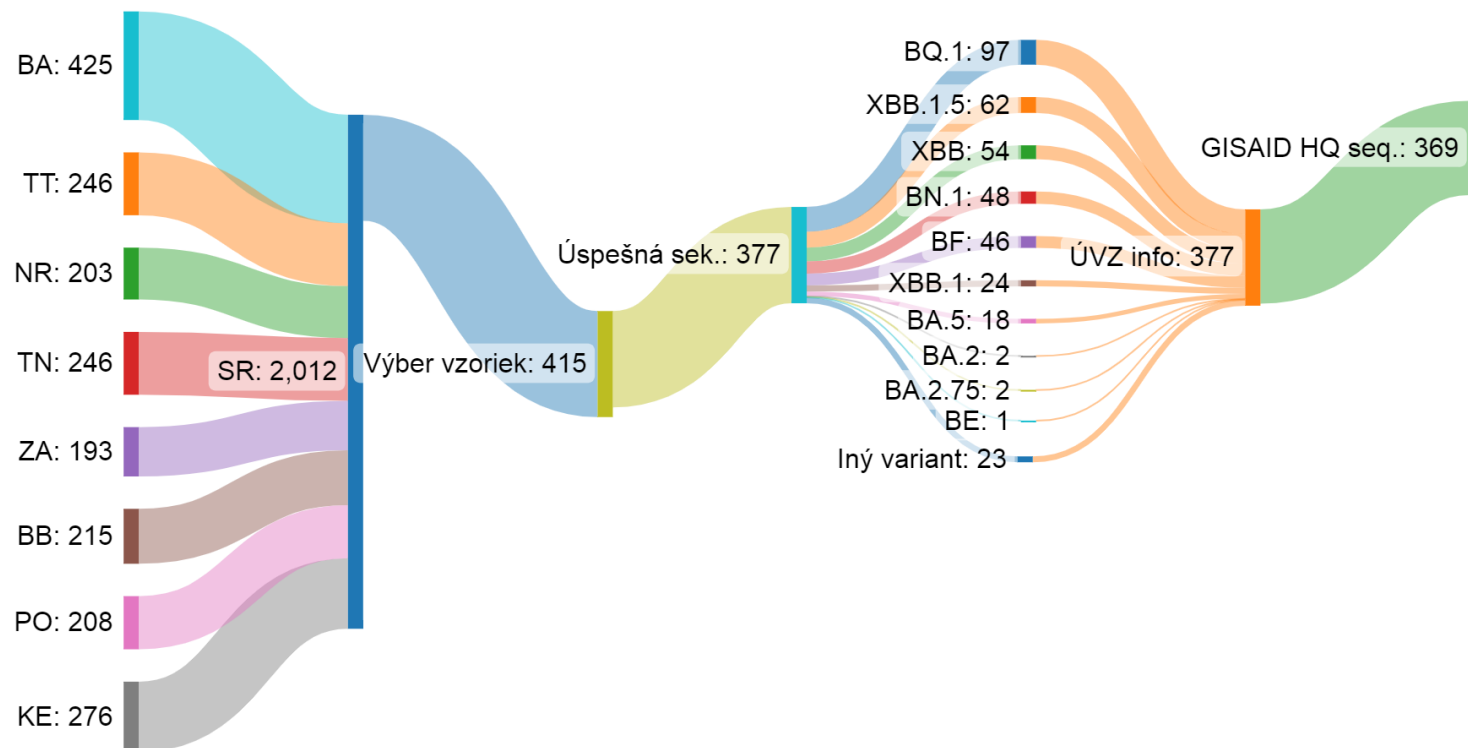
- za posledných 90 dní bolo do databázy GISAID uložených 920 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 6. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 1.mieste s 16,2% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Country	%	Country	%
Luxembourg	50.137	Germany	4.038
Sweden	44.961	Czech Republic	2.469
Denmark	44.919	France	2.397
Ireland	32.744	Lithuania	2.245
Netherlands	18.086	Poland	2.056
Slovakia	16.16	Italy	1.964
Finland	14.882	Bulgaria	1.189
Croatia	13.131	Romania	0.825
Austria	8.016	Greece	0.404
Spain	5.887	Hungary	0.202
Portugal	5.521	Cyprus	0
Slovenia	4.698	Estonia	0
Belgium	4.27	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 (30.1. – 26.2.2023)



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

