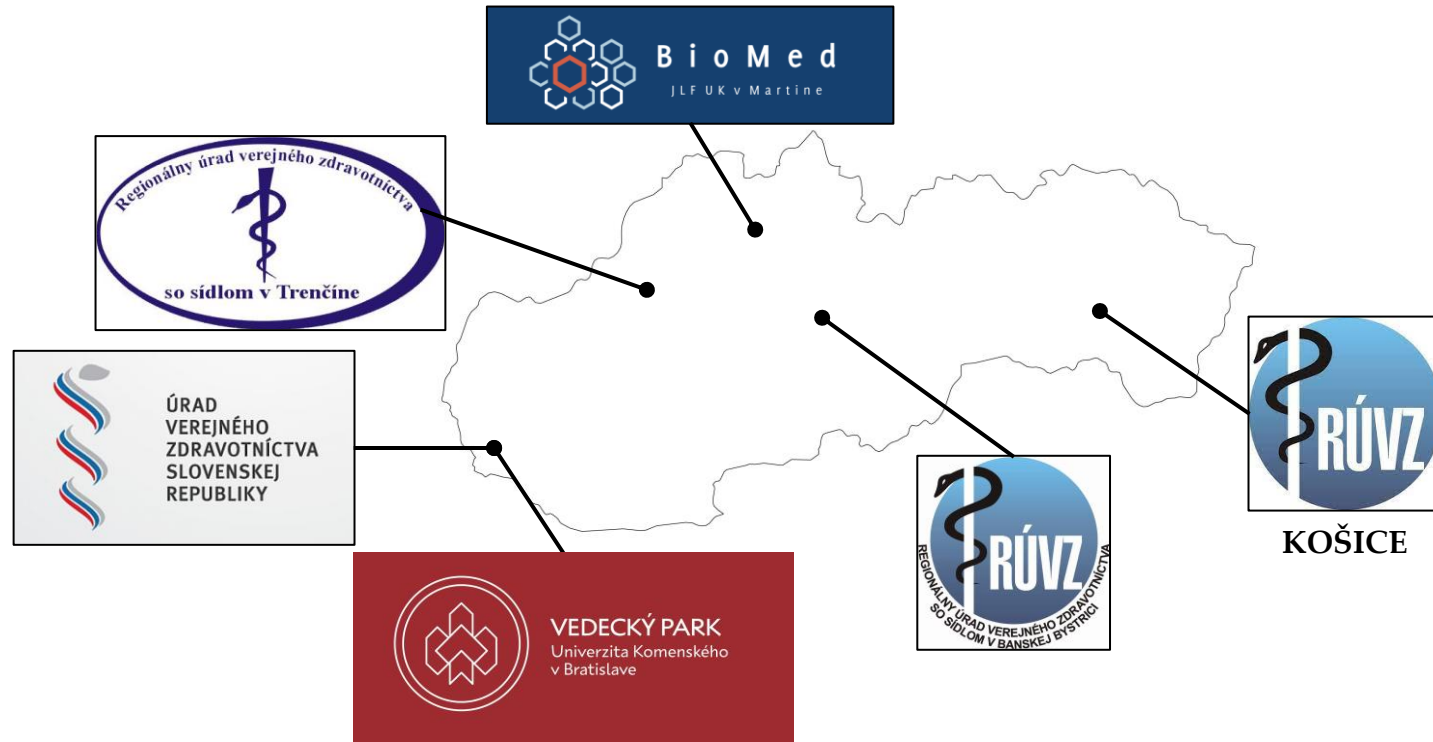


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie

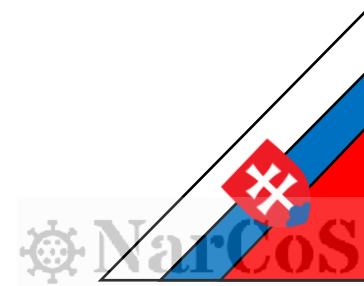


CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

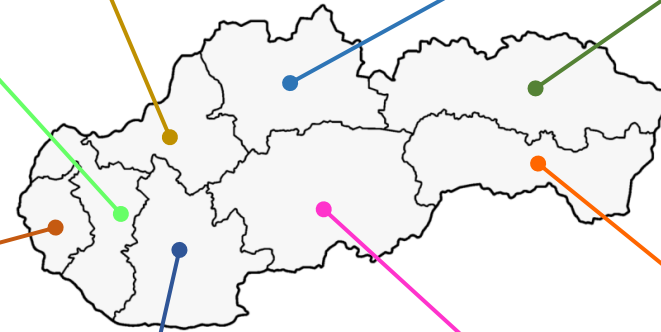
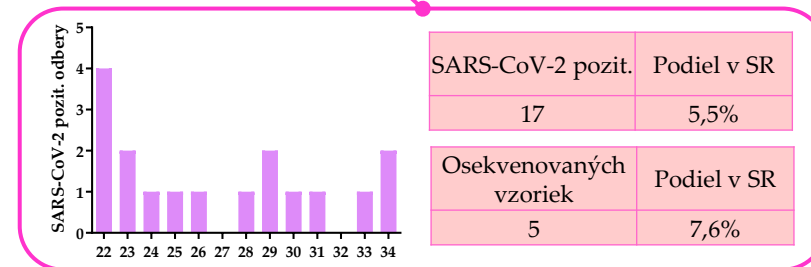
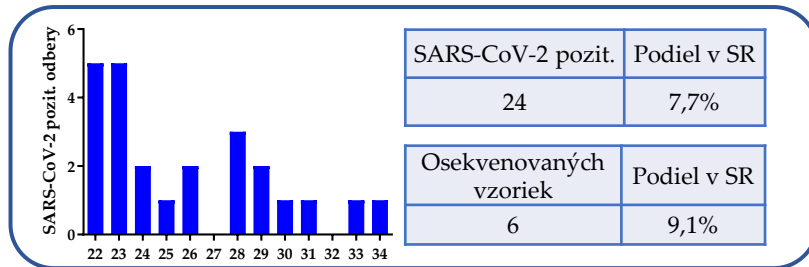
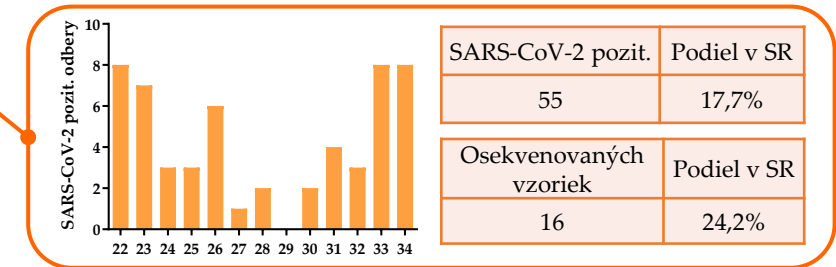
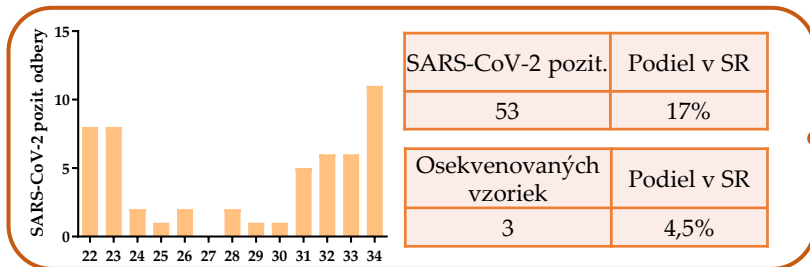
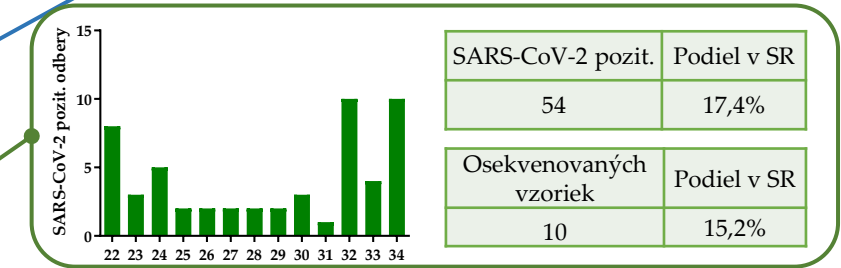
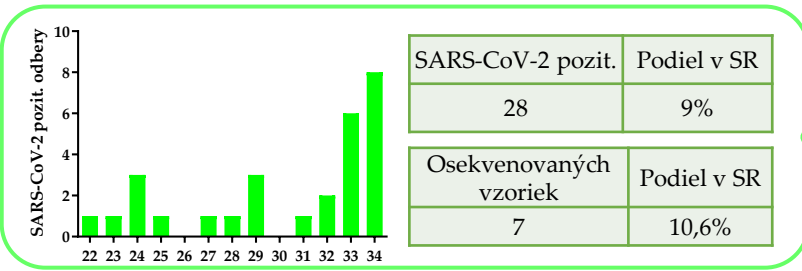
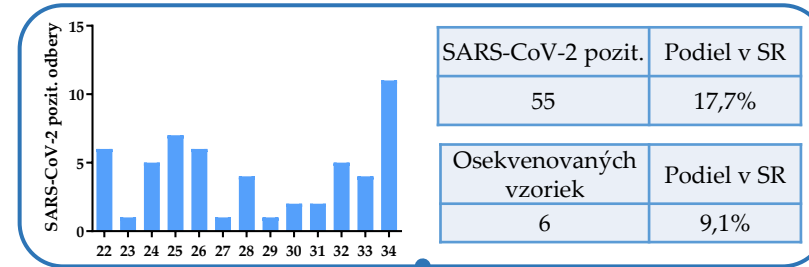
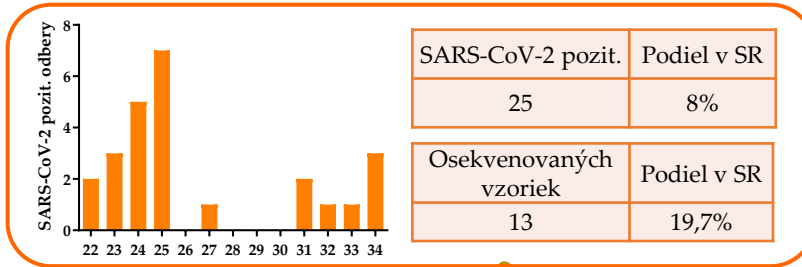
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE



MINISTERSTVO  
ŠKOLSTVA, VEDY,  
VÝSKUMU A ŠPORTU  
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



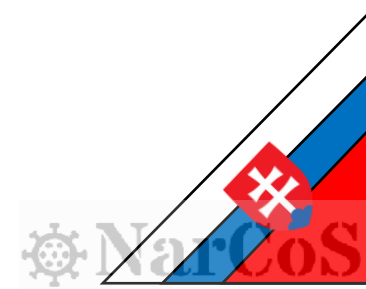
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 22. – 34. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (22. – 34. týždeň/2023)

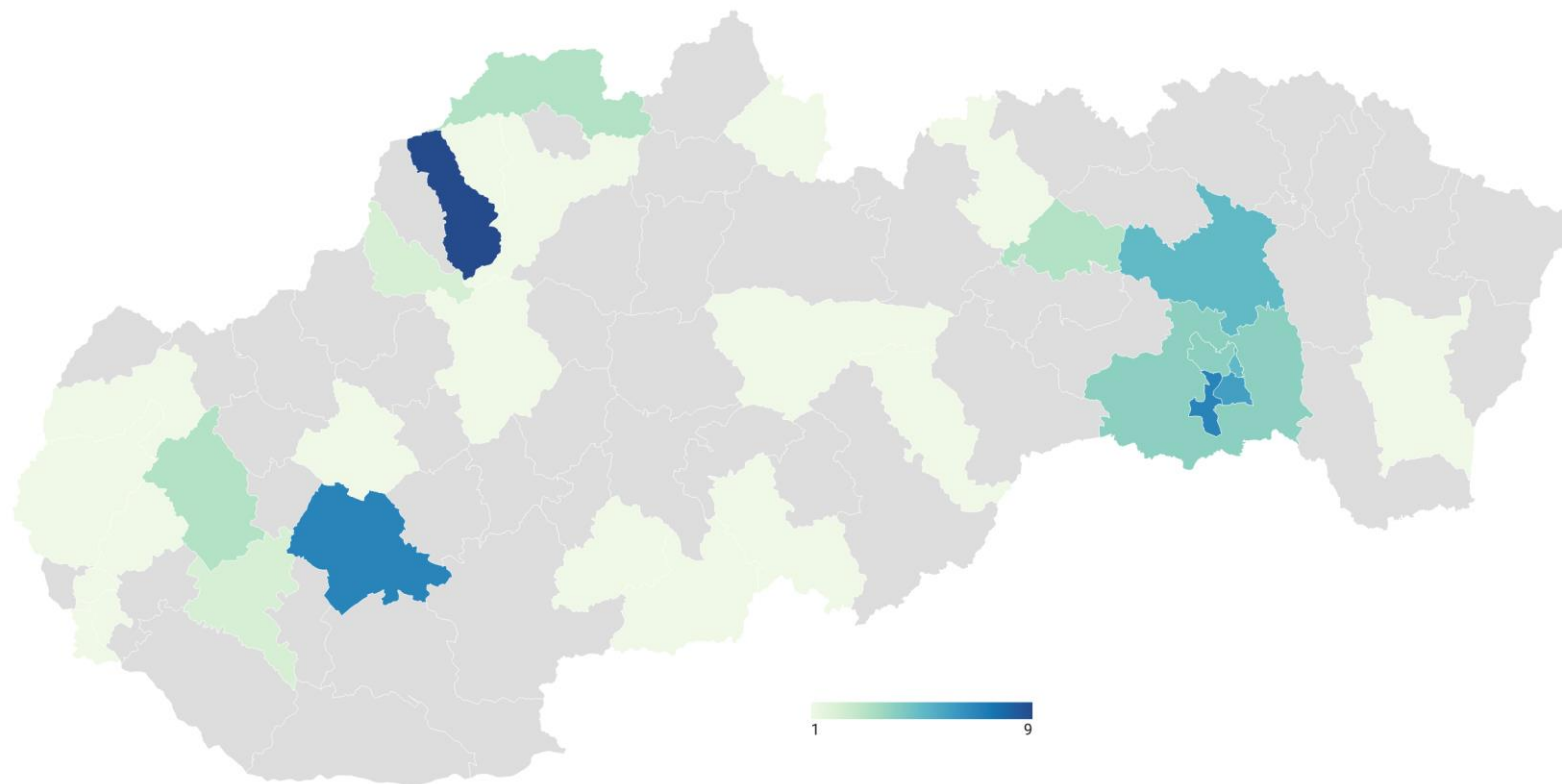
- v sledovanom období (29.5. - 27.8. 2023) zachytených 311 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- počet pozitívnych vzoriek počas 13 týždňov kolísal od 6 vzoriek (27. týždeň)  
po 54 pozitívnych vzoriek za celé Slovensko (34. týždeň)
- 79 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 66 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 83,5% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 21,2%
- vloženie 43 (65,2% z 66 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené rekombinanty XBB
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (72,7%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 22. – 34. 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 Považská Bystrica, Nitra a Košice

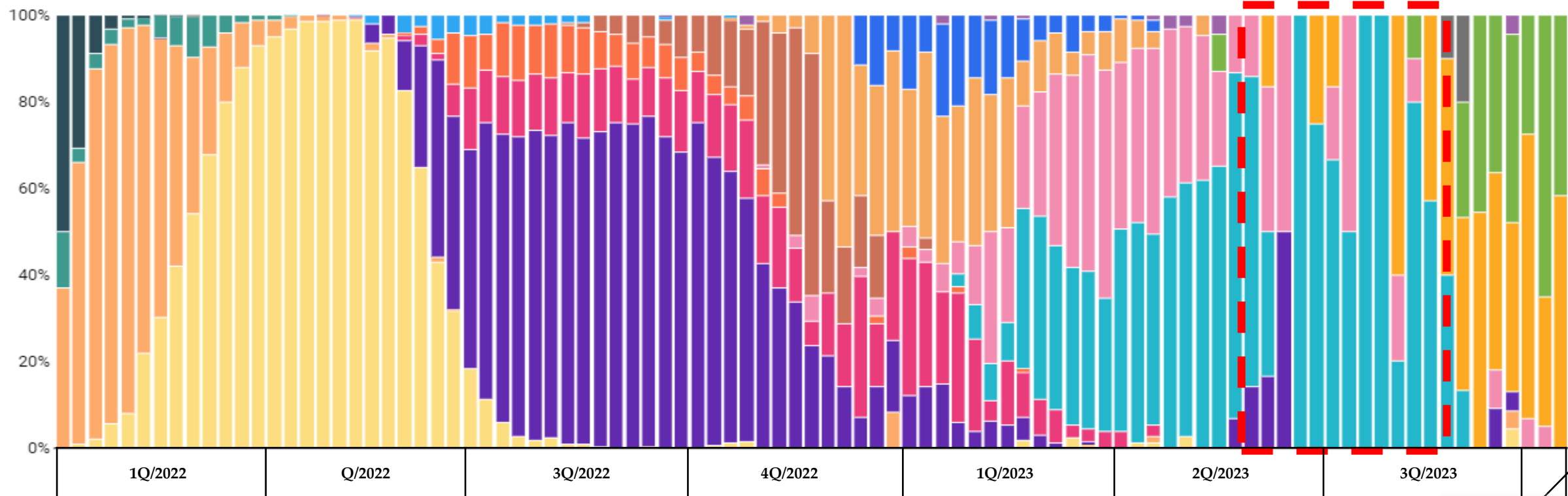
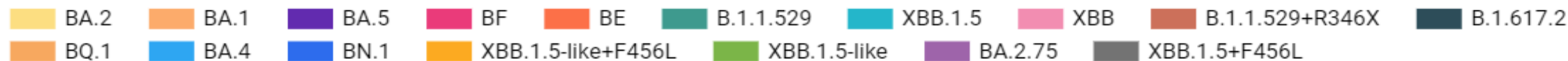


Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

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

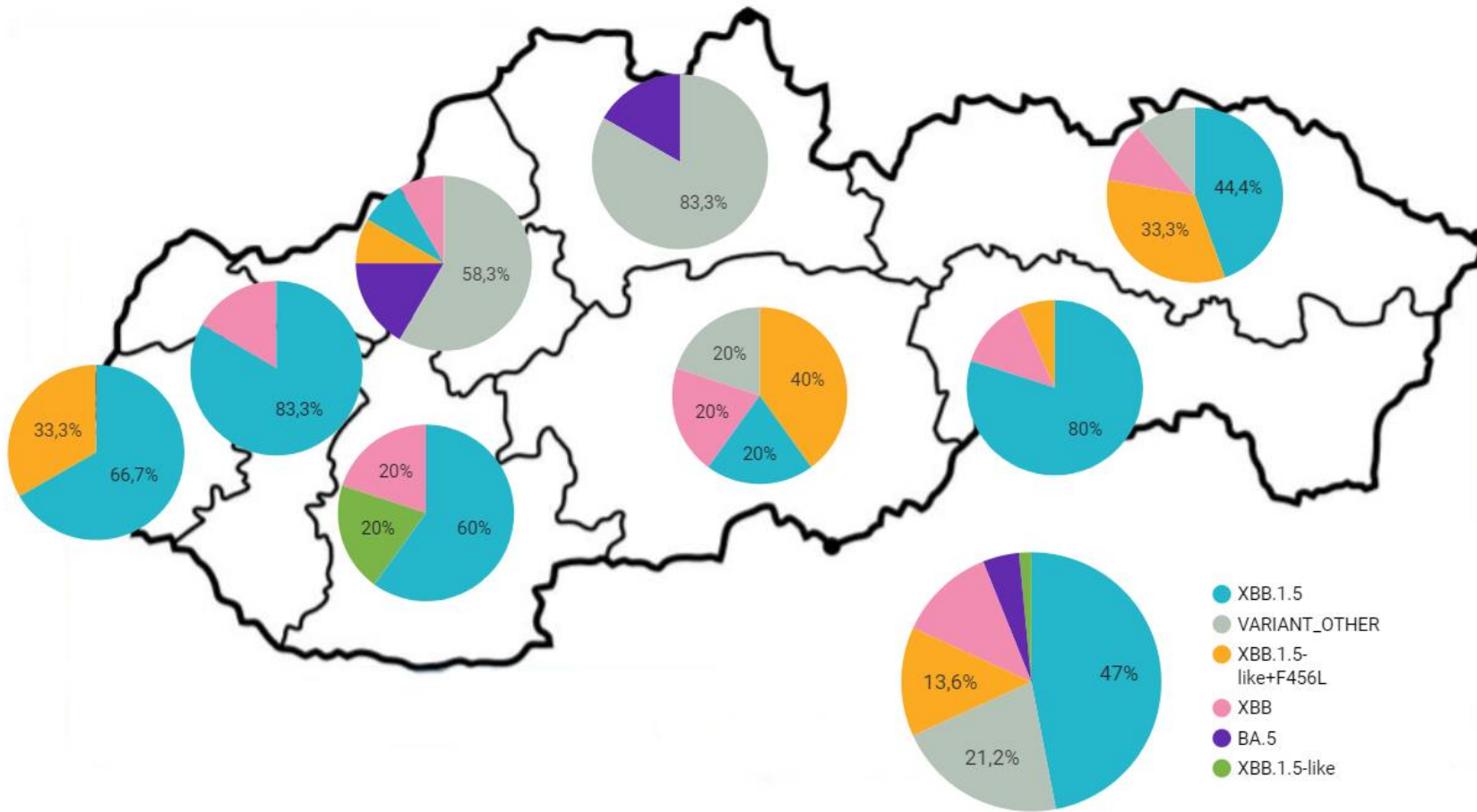
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel subvariantov: XBB.1.5 – 47% (n=31); VARIANT\_OTHER\* – 21,2% (n=14); XBB.1.5-like+F456L – 13,6% (n=9); XBB – 12,1% (n=8); BA.5 – 4,5% (n=3); XBB.1.5-like – 1,5% (n=1)

\*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje subvarianty nezaraďené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 22. – 34. týždni (r. 2023)

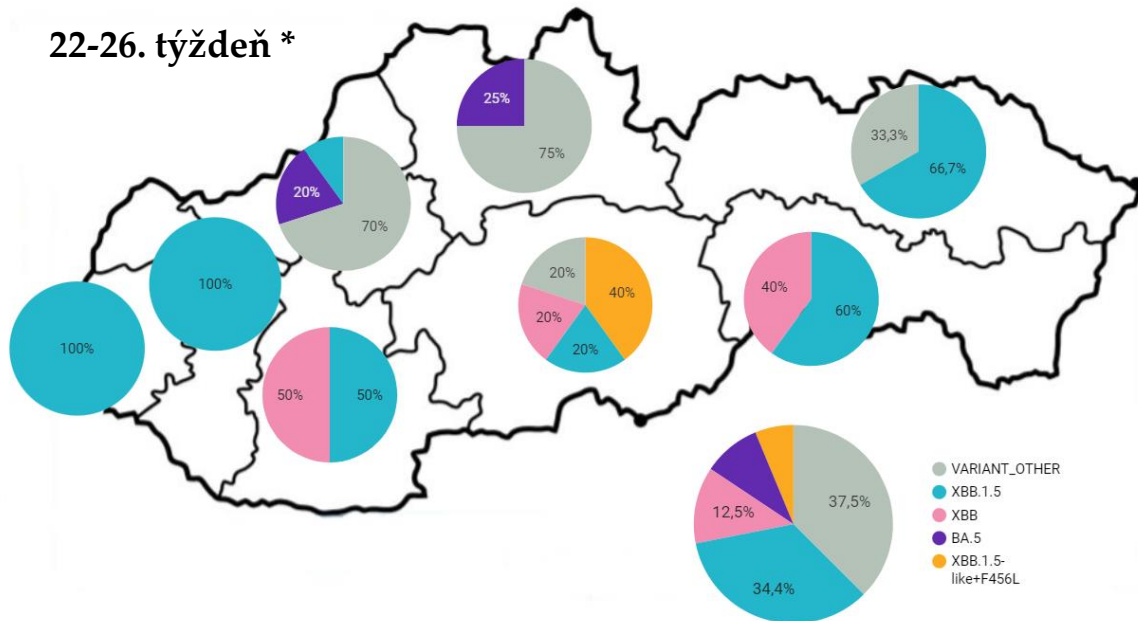
- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v krajoch rozdielne čo je ovplyvnené menším počtom sekvenovaných vzoriek a z toho vyplývajúcou variabilitou ich podielov v rámci územného celku
- rekombinanty XBB.1.5 boli zastúpené v 47%



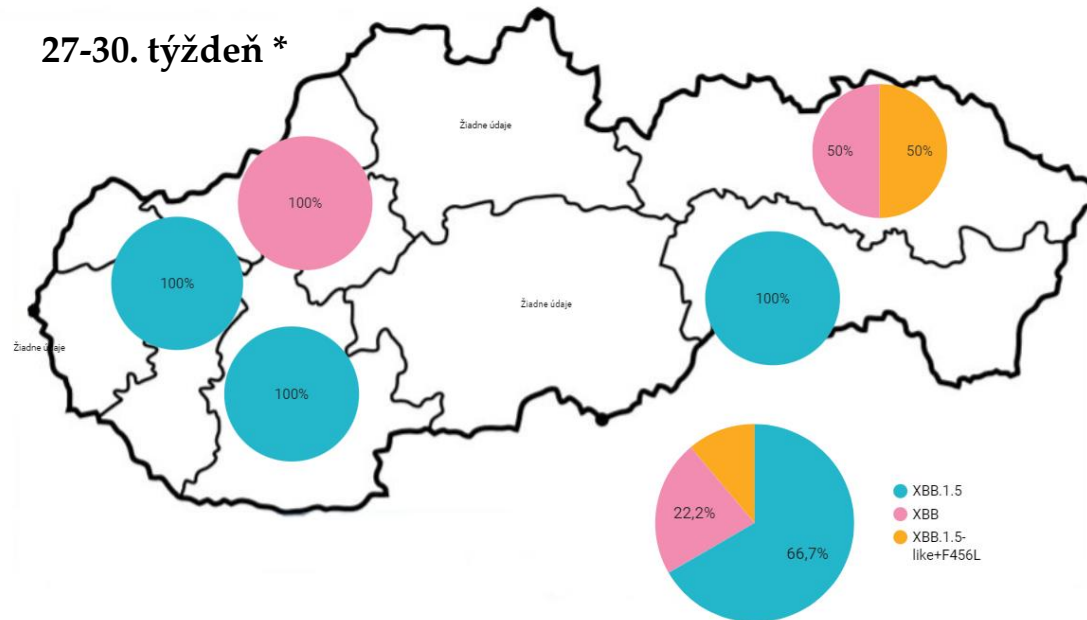
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

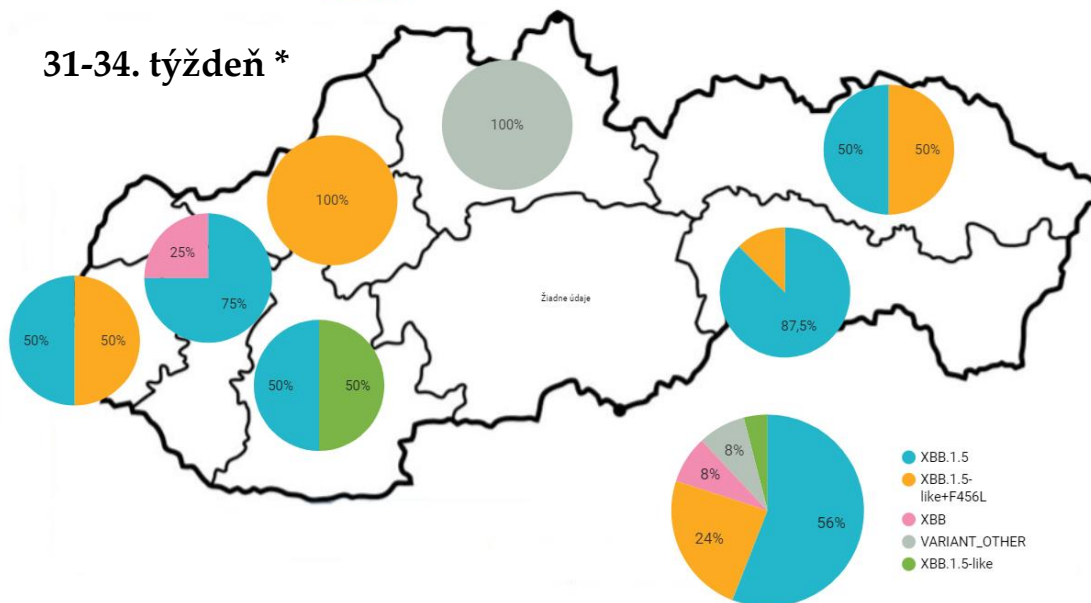
22-26. týždeň \*



27-30. týždeň \*



31-34. týždeň \*

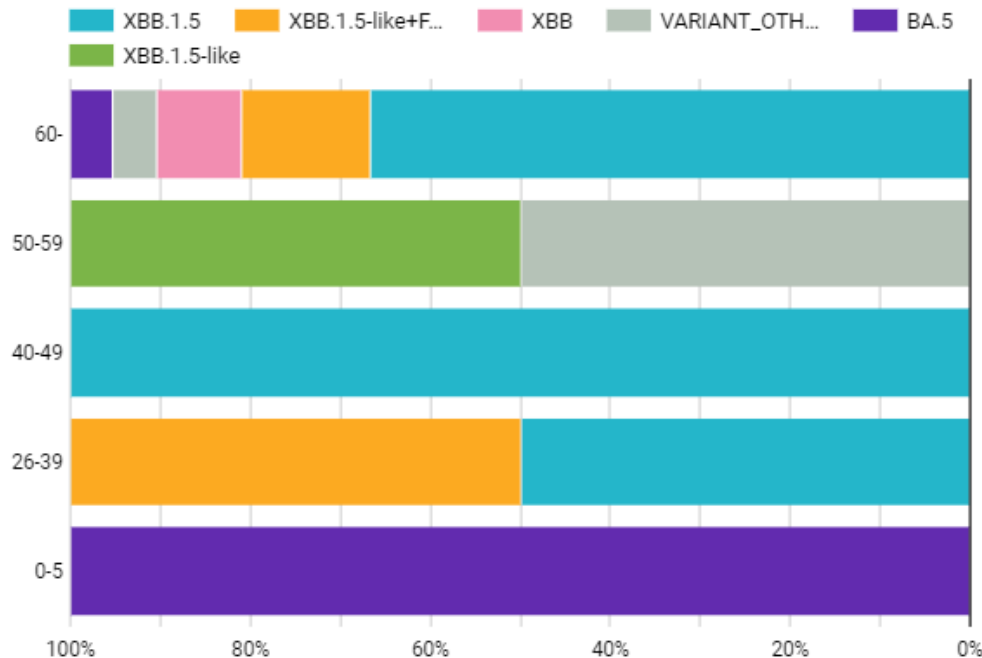


# Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

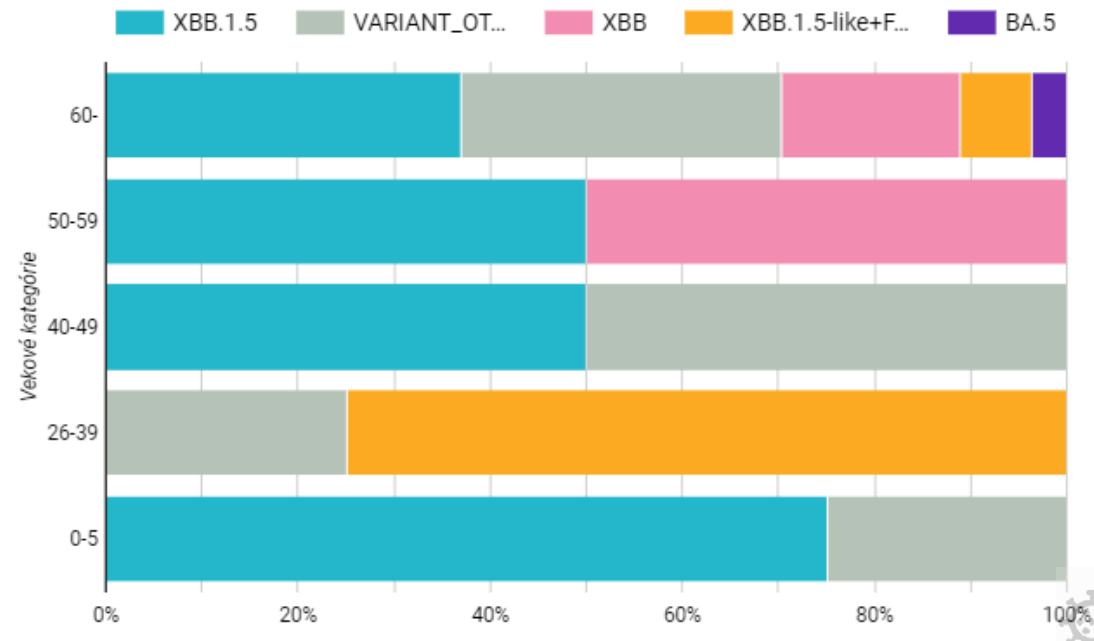
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 40,9% izolovaných vzoriek od žien a 59,1% od mužov
- u oboch pohlaví tvorili väčšinu rekombinanty XBB.1.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=21; 31,8% a muži n=27; 40,9%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	21	2	1	2	0	0	0	1
muži	27	2	2	4	0	0	0	4

## ŽENY



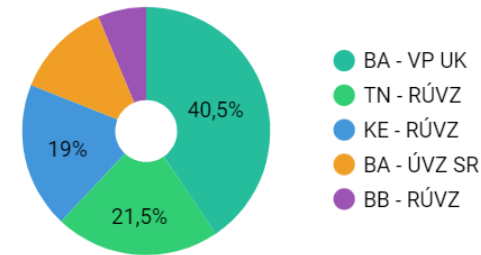
## MUŽI



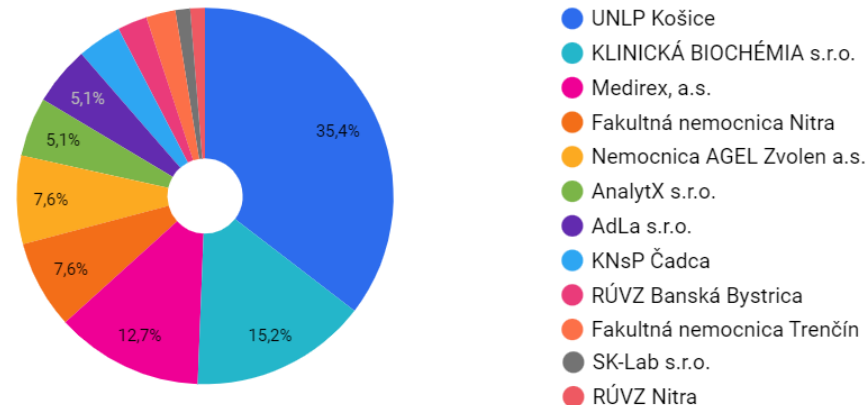


# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 22. – 34. týždni (r. 2023)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných:
  - 40,5% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
  - 21,5% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
  - 19% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
  - 12,7% v Úrade verejného zdravotníctva Bratislava
  - 6,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica



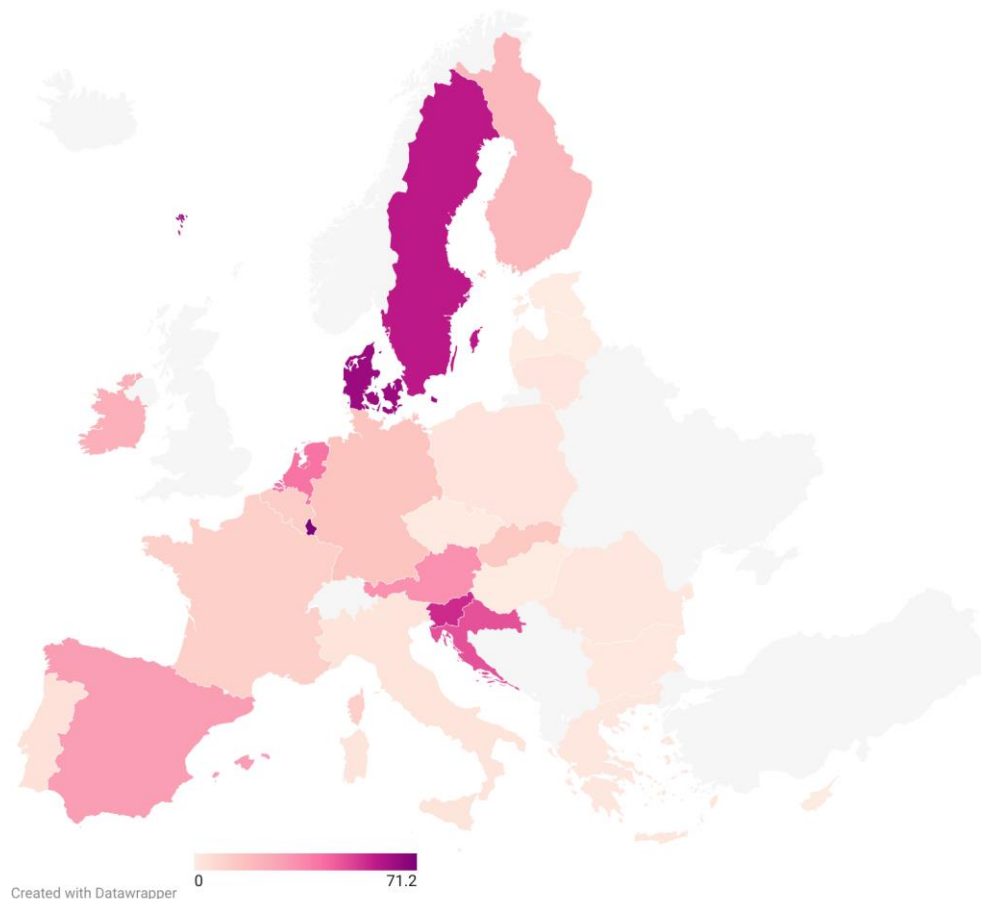
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



## Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 90 dní (spätne od: 27.8.2023)

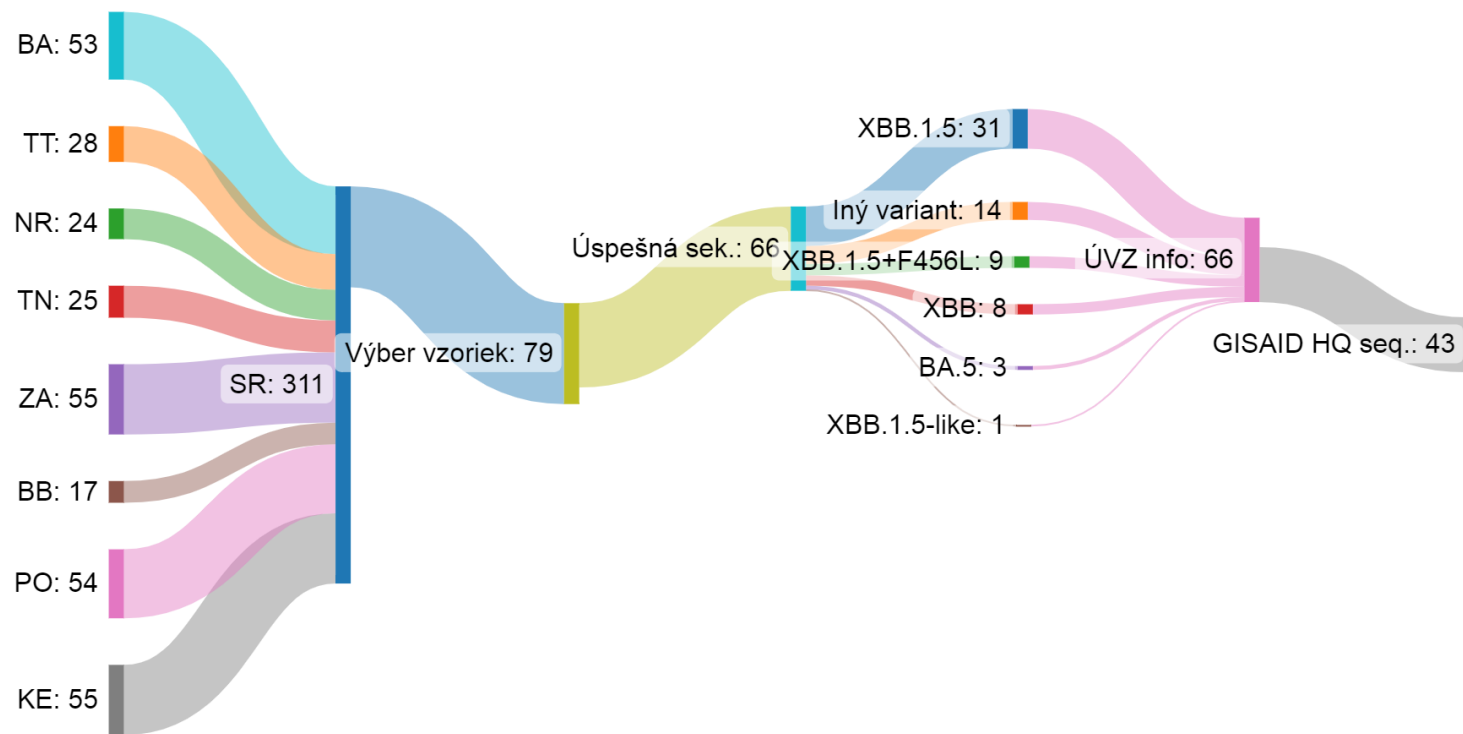
- za posledných 90 dní bolo do databázy GISAID uložených 43 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 12. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 2.mieste s 12,87% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Country	%	Country	%
Luxembourg	71.20	France	10.00
Denmark	64.62	Portugal	3.67
Sweden	58.37	Poland	2.46
Slovenia	54.97	Italy	2.39
Croatia	47.53	Lithuania	1.84
Netherlands	39.77	Greece	1.49
Austria	32.24	Romania	1.46
Spain	28.88	Bulgaria	1.12
Ireland	22.35	Czech Republic	0.40
Finland	18.65	Hungary	0.00
Germany	14.21	Estonia	0.00
<b>Slovakia</b>	<b>12.87</b>	Latvia	0.00
Belgium	10.85	Malta	0.00
		Cyprus	0.00



- 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 (29.5. – 27.8.2023)



## 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

