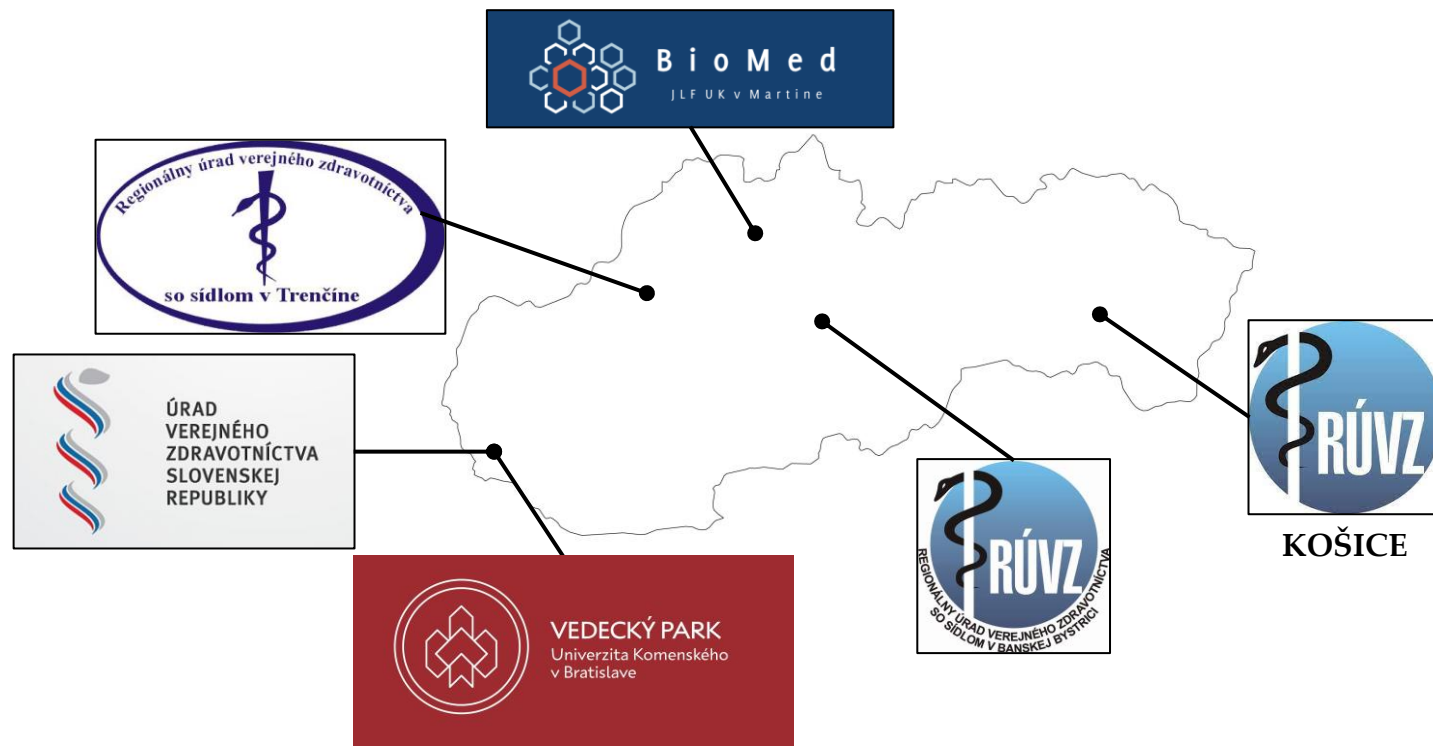


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

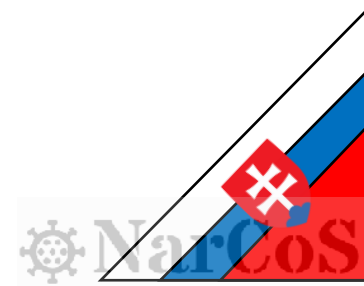
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE



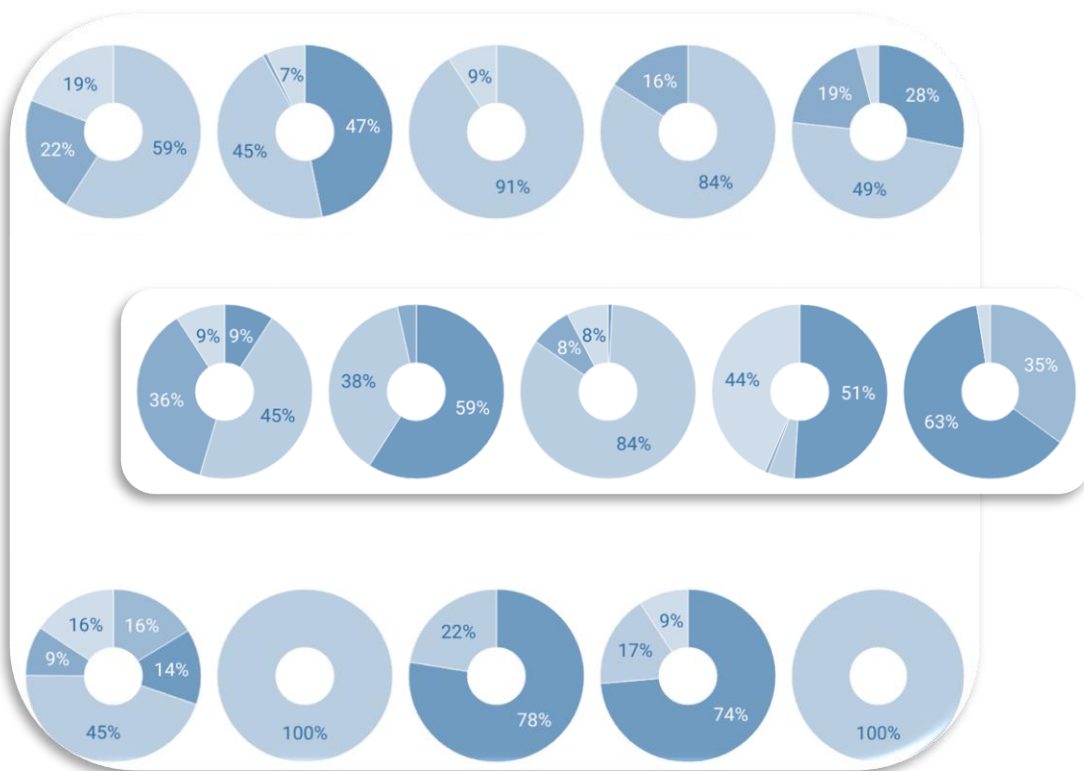
VEDECKÝ PARK
Univerzita Komenského
v Bratislave



MINISTERSTVO
ŠKOLSTVA, VEDY,
VÝSKUMU A ŠPORTU
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



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

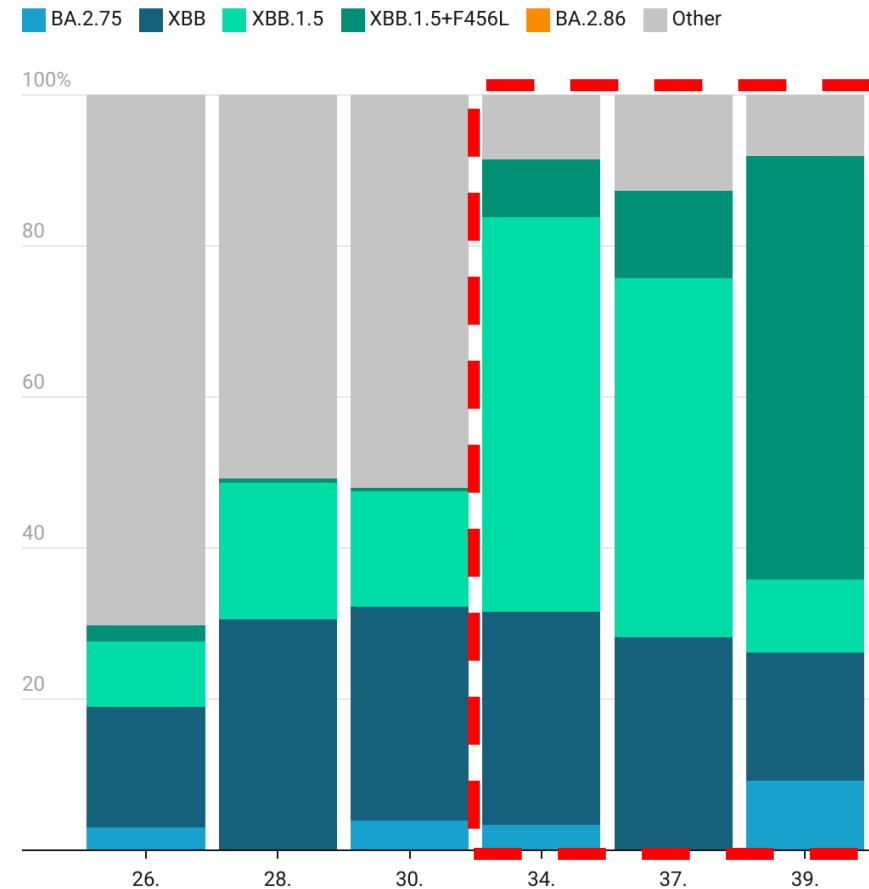


Kumulatívny prehľad zachytených SARS-CoV-2 línií v odpadových vodách SR 34. - 39. týždeň (r. 2023)

- 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.1.5 – 36,3%; XBB.1.5-like+F456L – 25%; XBB – 24,4%;

Other* – 9,7%; BA.2.75 – 4,2%; BA.2.86 – 0%

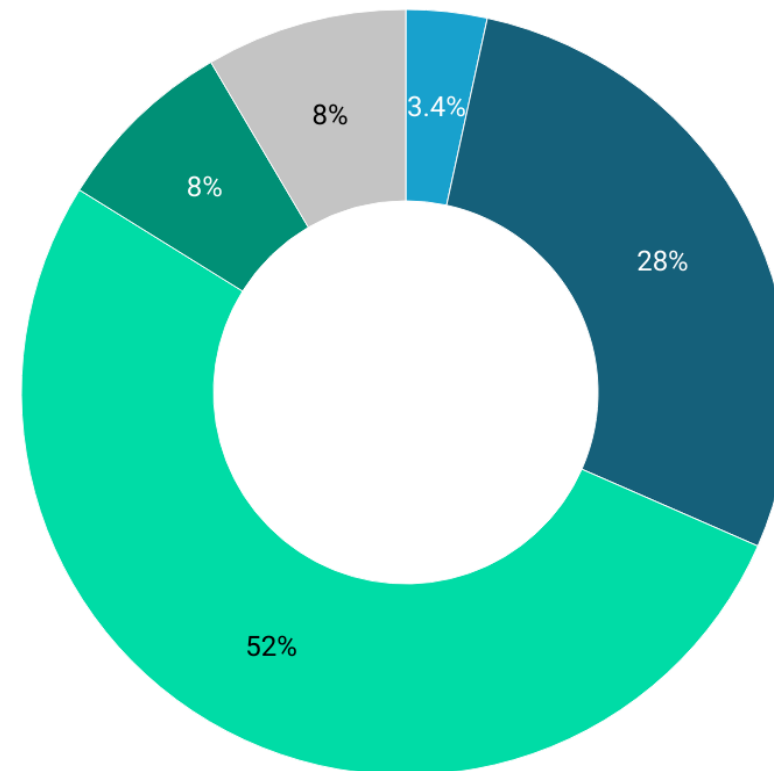
*skupina OTHER predstavuje časť zachyteného genetického materiálu s nejednoznačným zaradením do niektorej línie



Created with Datawrapper

Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 sublínií v odpadových vodách SR v 33. – 35. týždni (r. 2023)

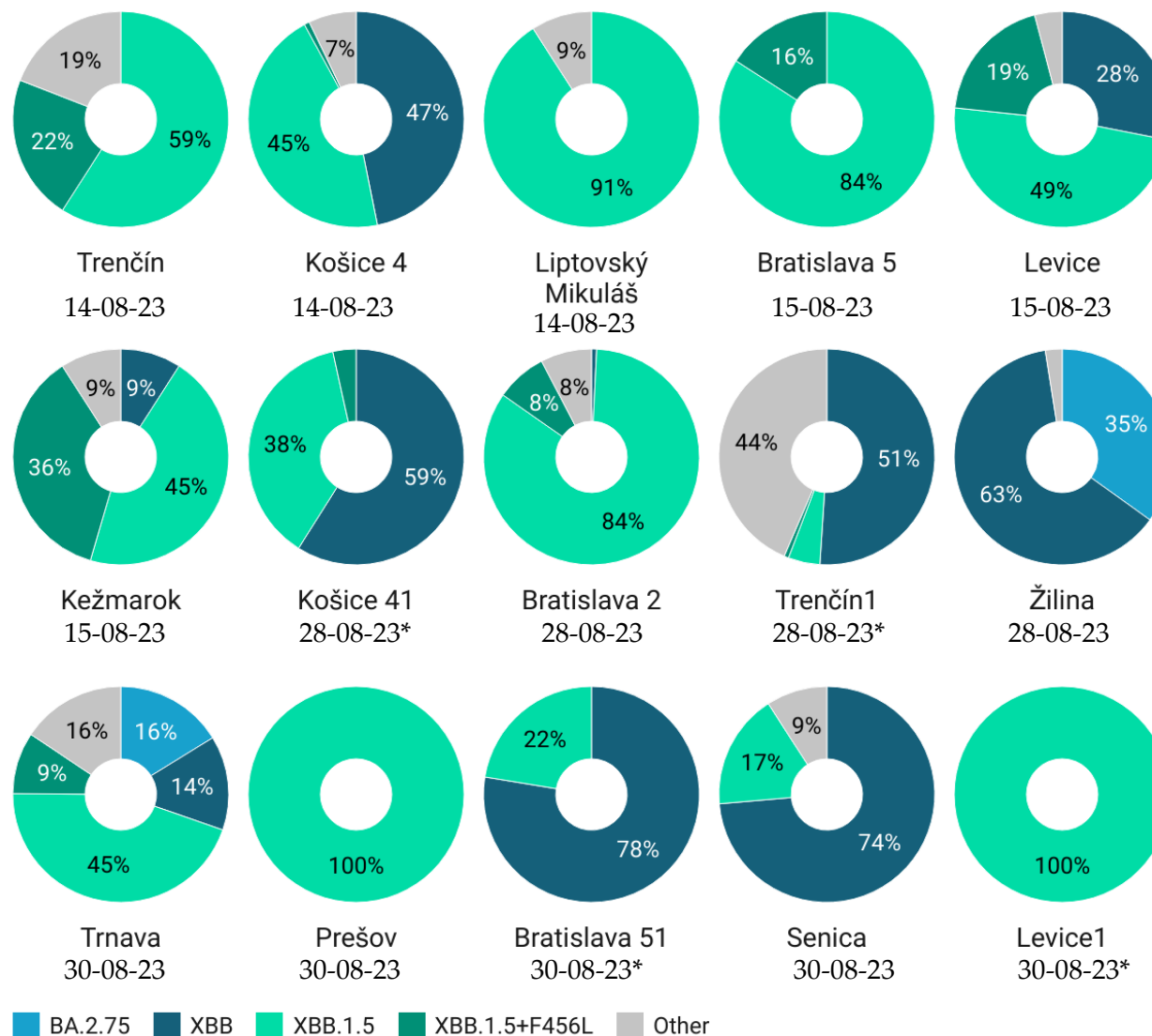
- v sledovanom období (14.8. - 30.9. 2023) bolo odobratých 30 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 15 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 50% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel sublínií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené XBB.1.5 sublínie



BA.2.75 XBB XBB.1.5 XBB.1.5+F456L Other

Prehľad zastúpenia sublínií SARS-CoV-2 v 33. – 35. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta

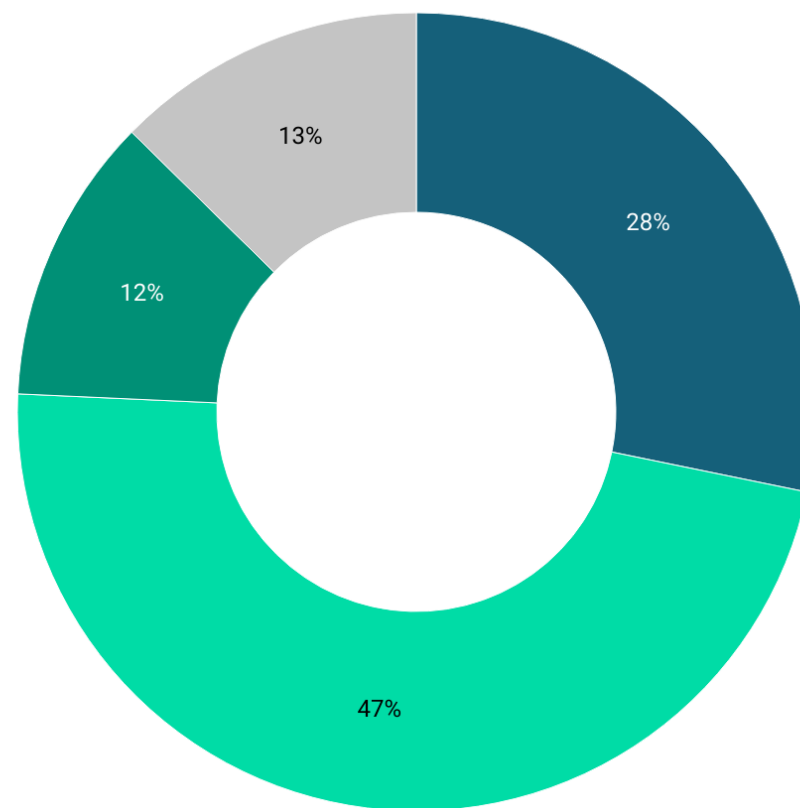
*vzorky z čistiarní odobraté raz alebo viackrát v sledovanom období



■ BA.2.75 ■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ Other

Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 sublínií v odpadových vodách SR v 37. týždni (r. 2023)

- v sledovanom období (11.9. - 13.9. 2023) bolo odobratých 16 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 11 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 68,8% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel sublínií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené XBB.1.5 sublínie

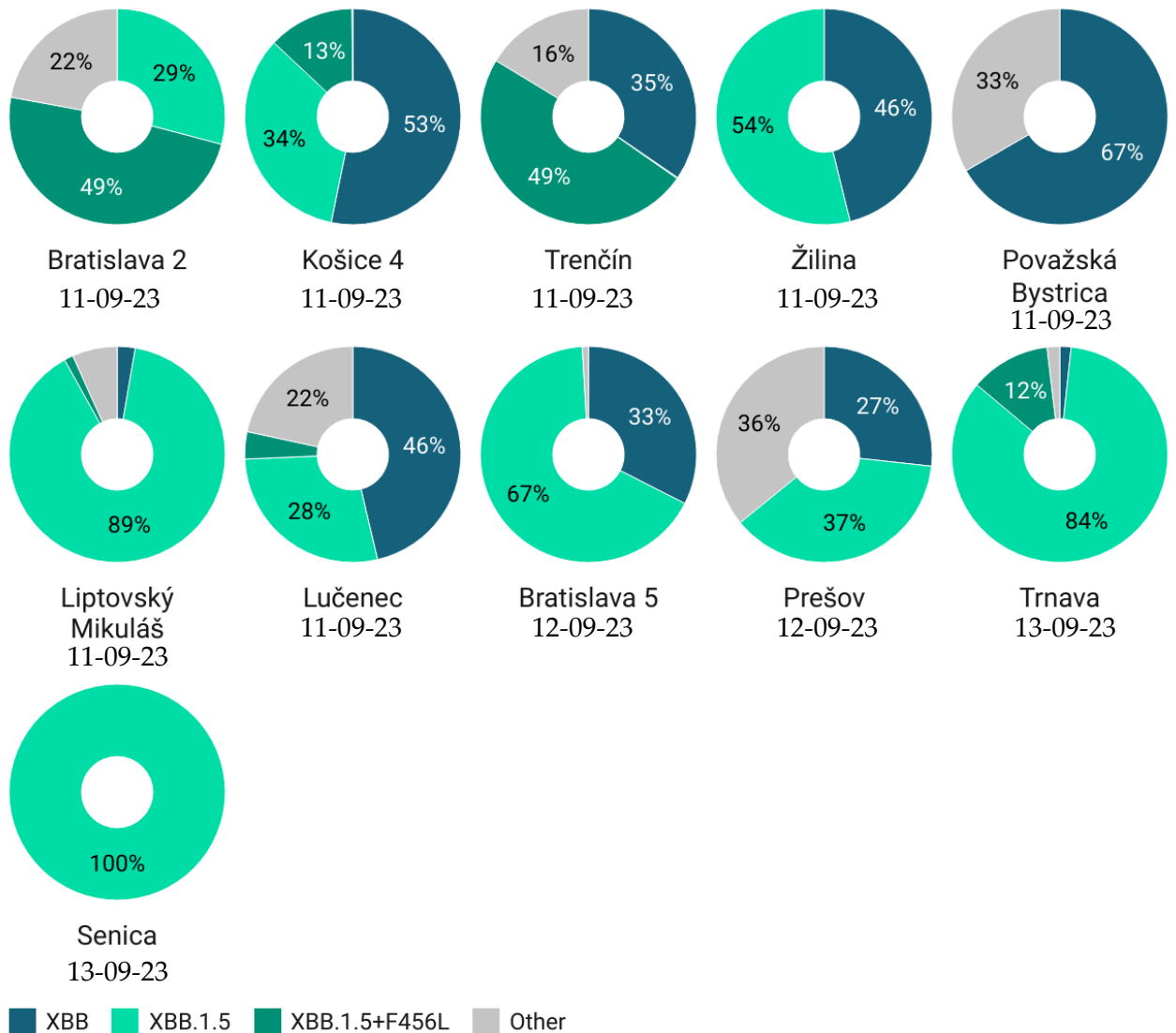


■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ Other

Created with Datawrapper

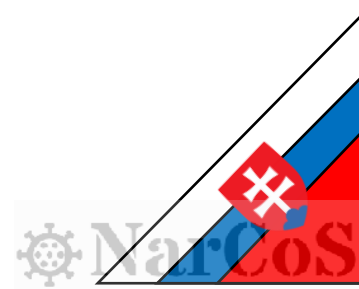
Prehľad zastúpenia sublínií SARS-CoV-2 v 37. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta

*vzorky z čistiarní odobraté raz alebo viackrát v sledovanom období



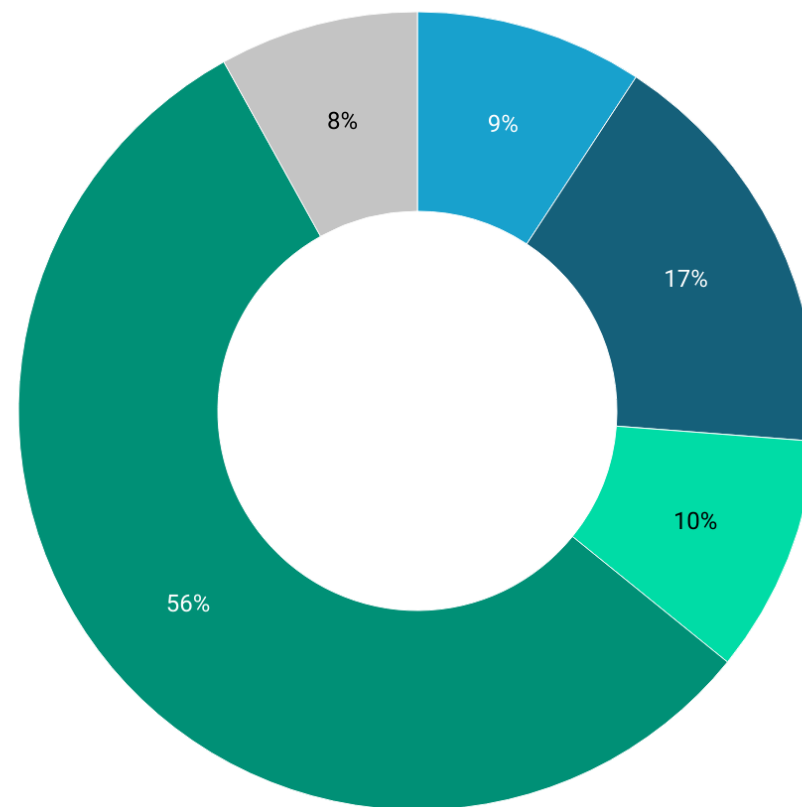
■ XBB ■ XBB.1.5 ■ XBB.1.5+F456L ■ Other

Created with Datawrapper



Kumulatívny prehľad SARS-CoV-2 sublínií v odpadových vodách SR v 39. týždni (r. 2023)

- v sledovanom období (25.9. - 27.9. 2023) bolo odobratých 16 vzoriek z čistiarní odpadových vôd v SR
- 14 vzoriek úspešne osekvenovaných, čo predstavuje 87,5% úspešnosť
- výsledky reprezentujú podiel sublínií zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené XBB.1.5+F456L sublínie

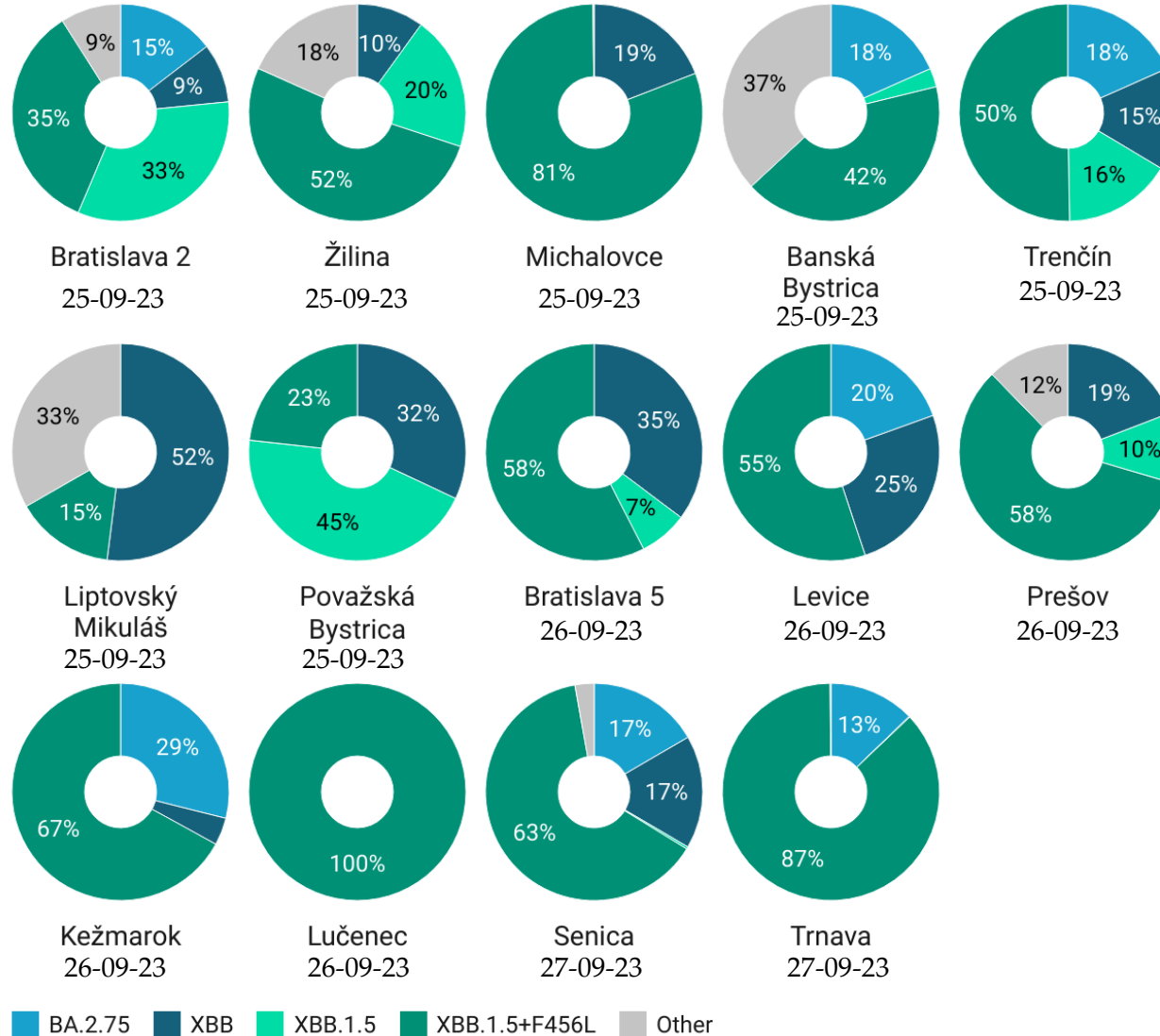


BA.2.75 XBB XBB.1.5 XBB.1.5+F456L Other

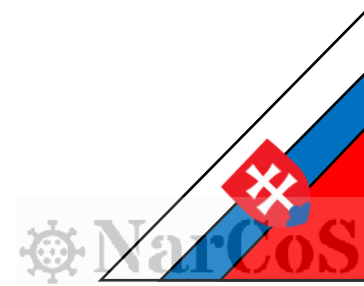
Created with Datawrapper

Prehľad zastúpenia sublínií SARS-CoV-2 v 39. týždni (r. 2023) podľa odberného miesta

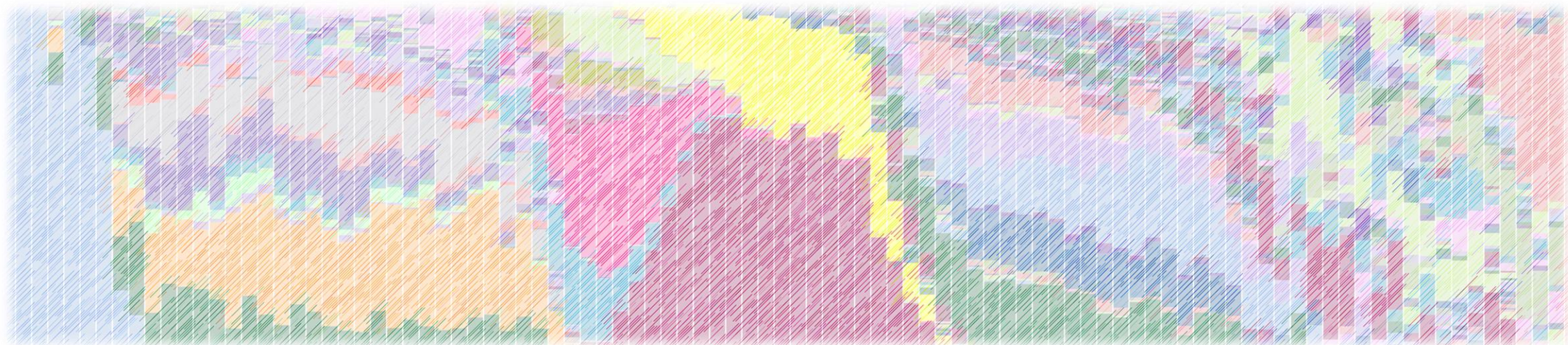
*vzorky z čistiarní odobraté raz alebo viackrát v sledovanom období



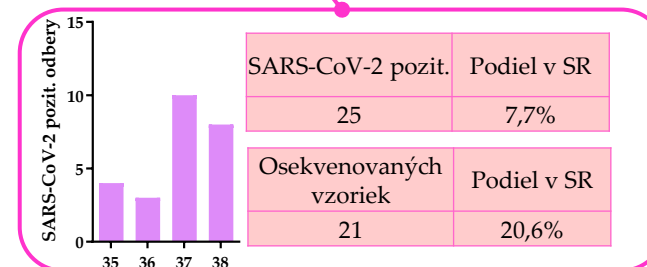
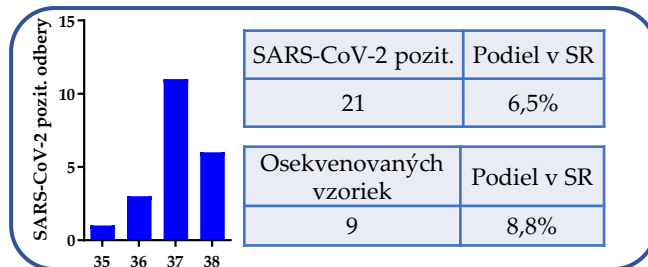
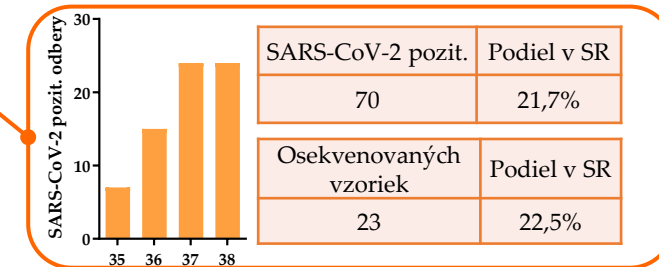
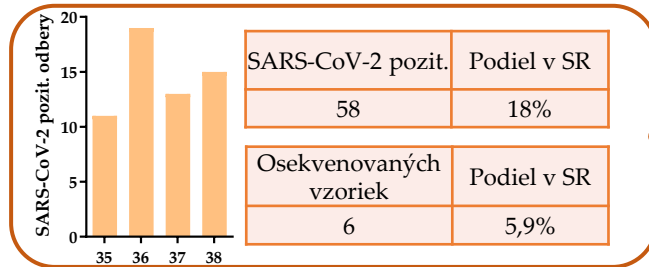
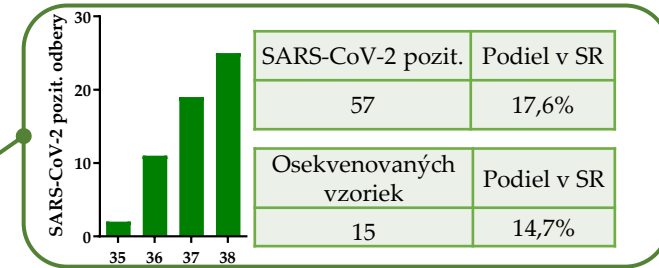
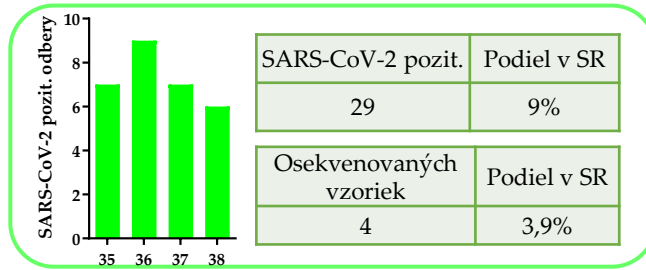
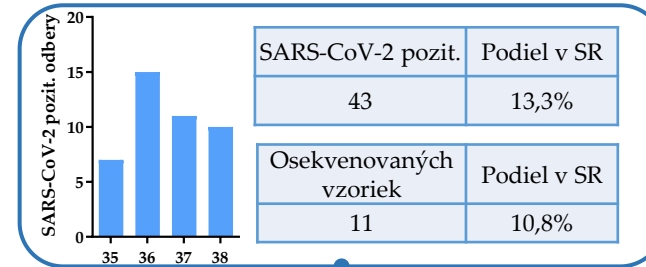
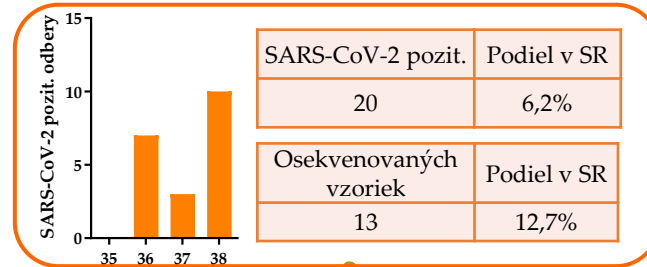
Created with Datawrapper



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



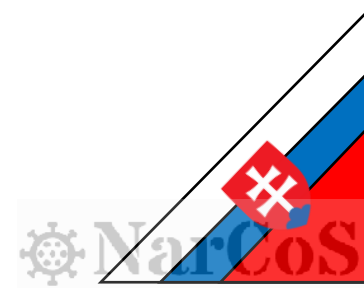
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 35. – 38. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (35. – 38. týždeň/2023)

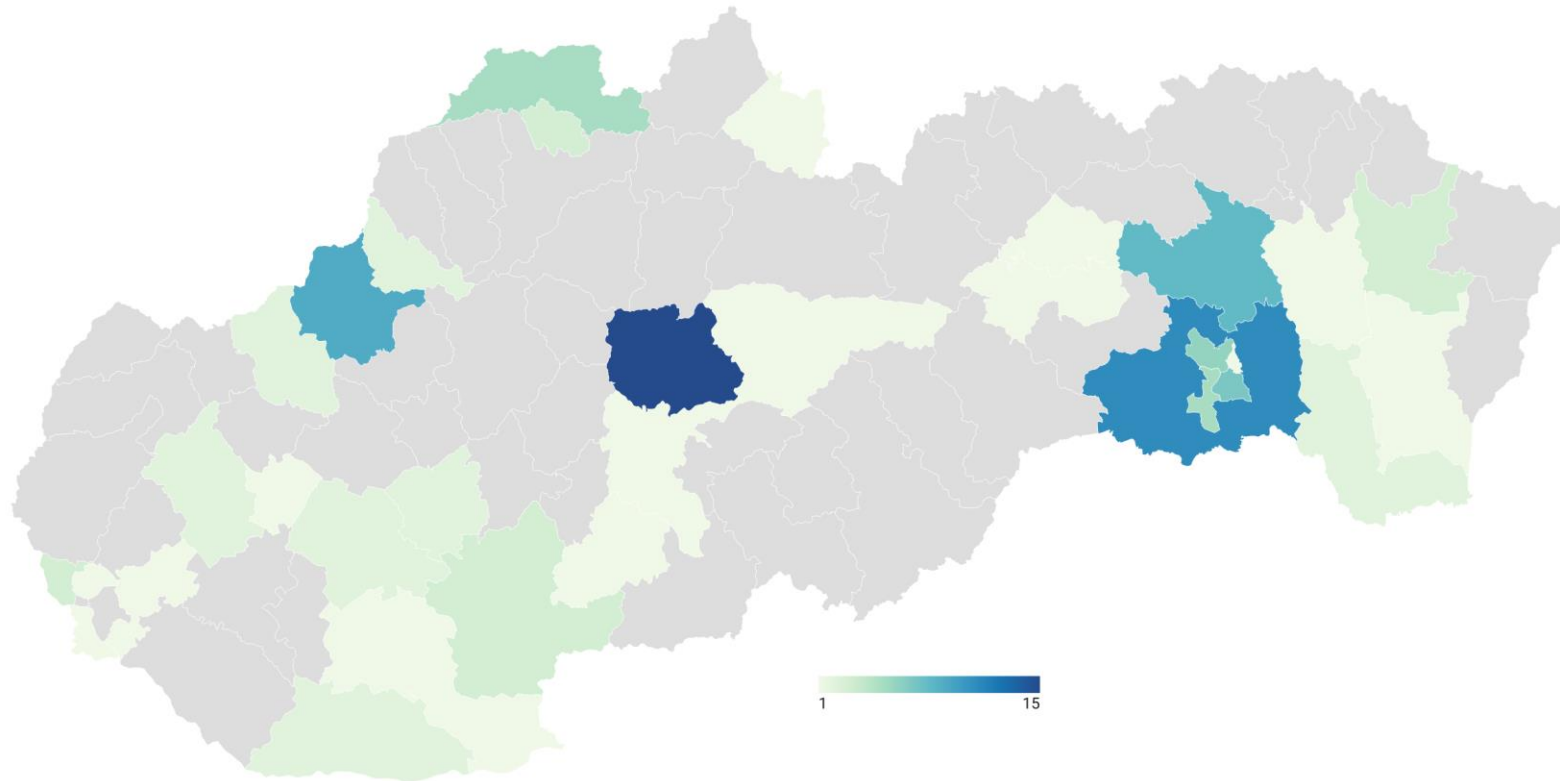
- v sledovanom období (28.8. - 24.9. 2023) zachytených 323 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- počet pozitívnych vzoriek v 38. týždni roka (n=104) stúpol o 166,6% oproti 35. týždňu (n=39)
- 106 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 102 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 96,2% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 31,6%
- vloženie 89 (87,3% z 102 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- v sledovanom období boli v analyzovaných vzorkách najviac zastupené XBB.1.5-like+F456L sublínie
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (62,7%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 35. – 38. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa okresov

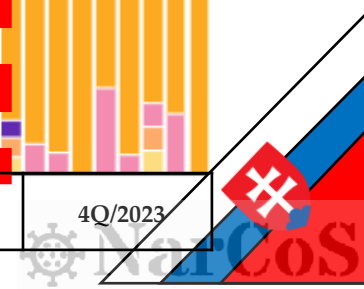
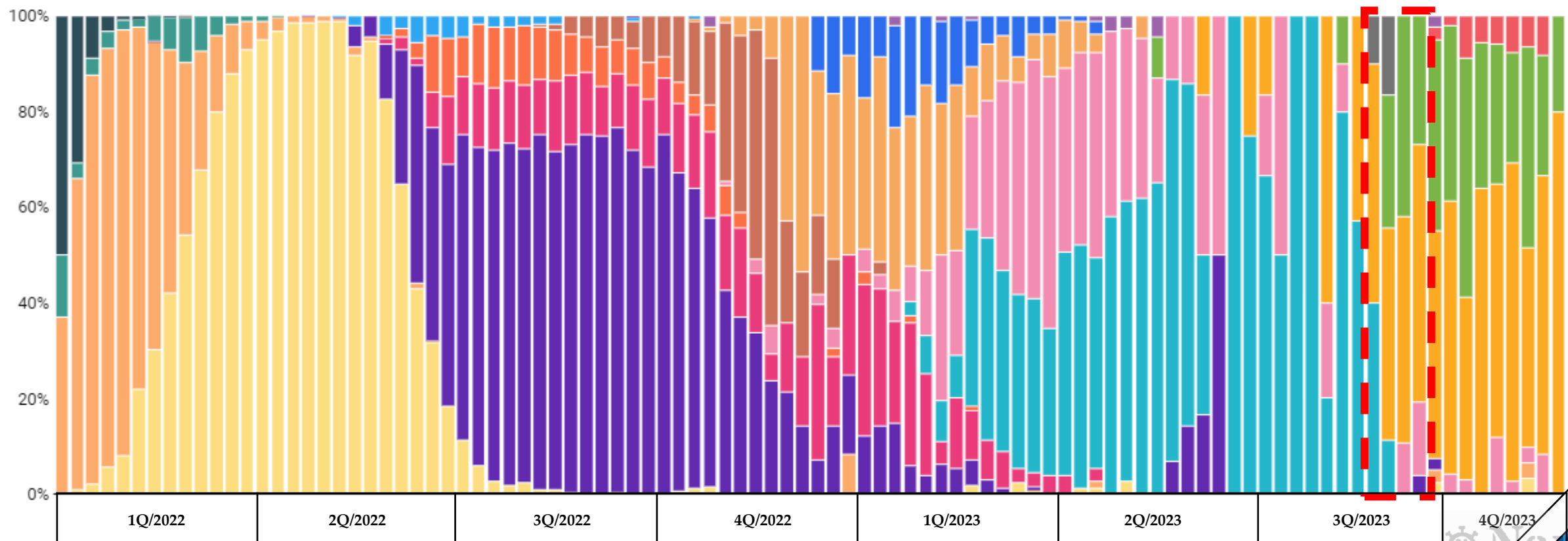
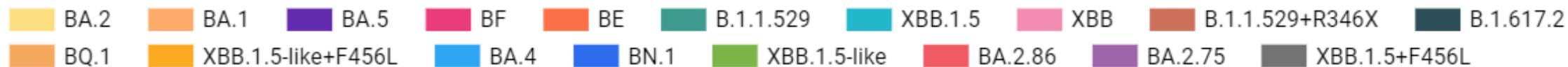
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Banská Bystrica a Košice - okolie



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

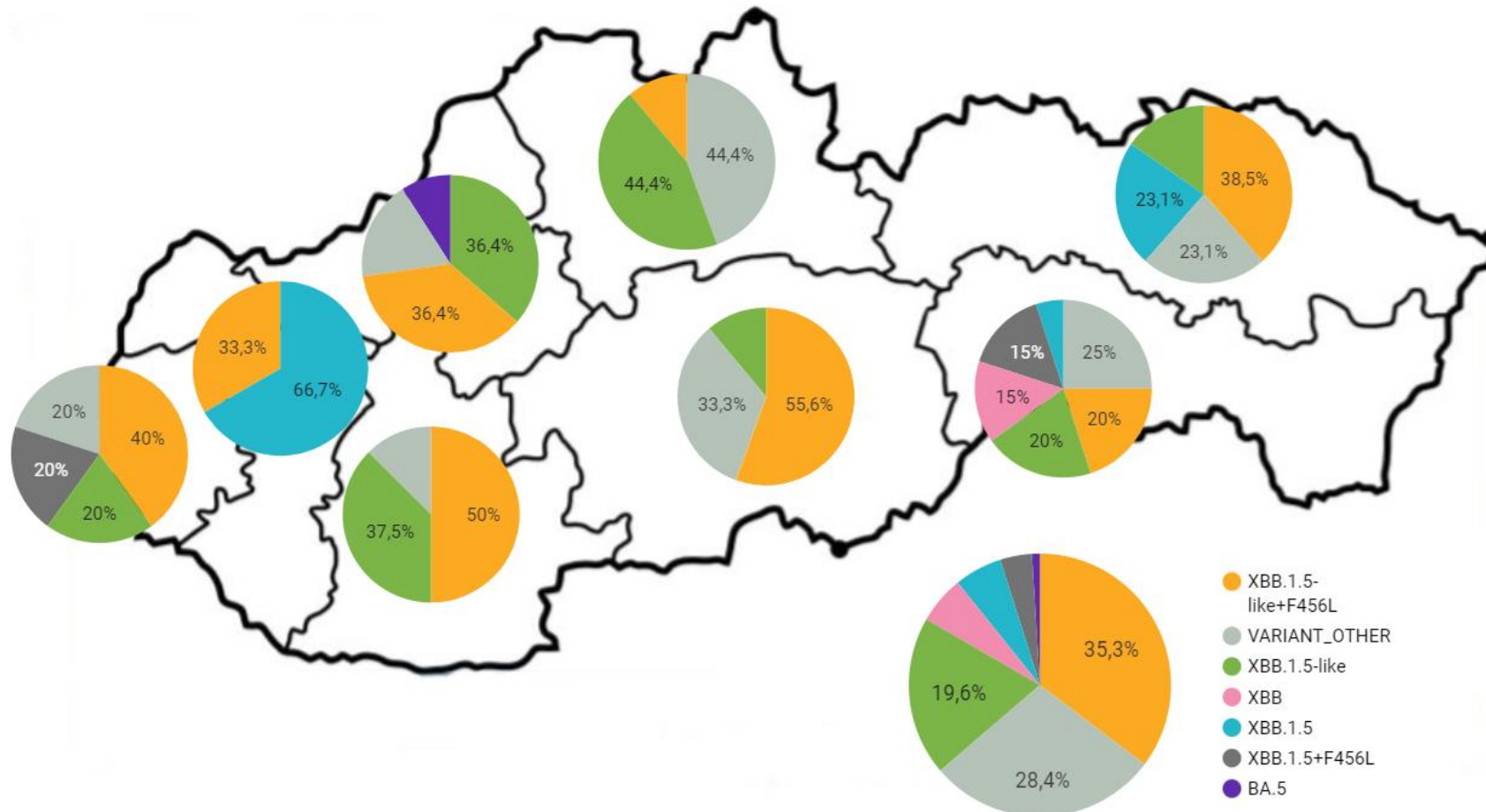
Kumulatívny prehľad zachytených variantov SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- 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 – 35,3% (n=36); VARIANT_OTHER* – 28,4% (n=29); XBB.1.5-like – 19,6% (n=20); XBB – 5,9% (n=6); XBB.1.5 – 5,9% (n=6); XBB.1.5+F456L – 3,9% (n=4) BA.5 – 1% (n=1);
*skupina VARIANT_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 35. – 38. týždni (r. 2023)

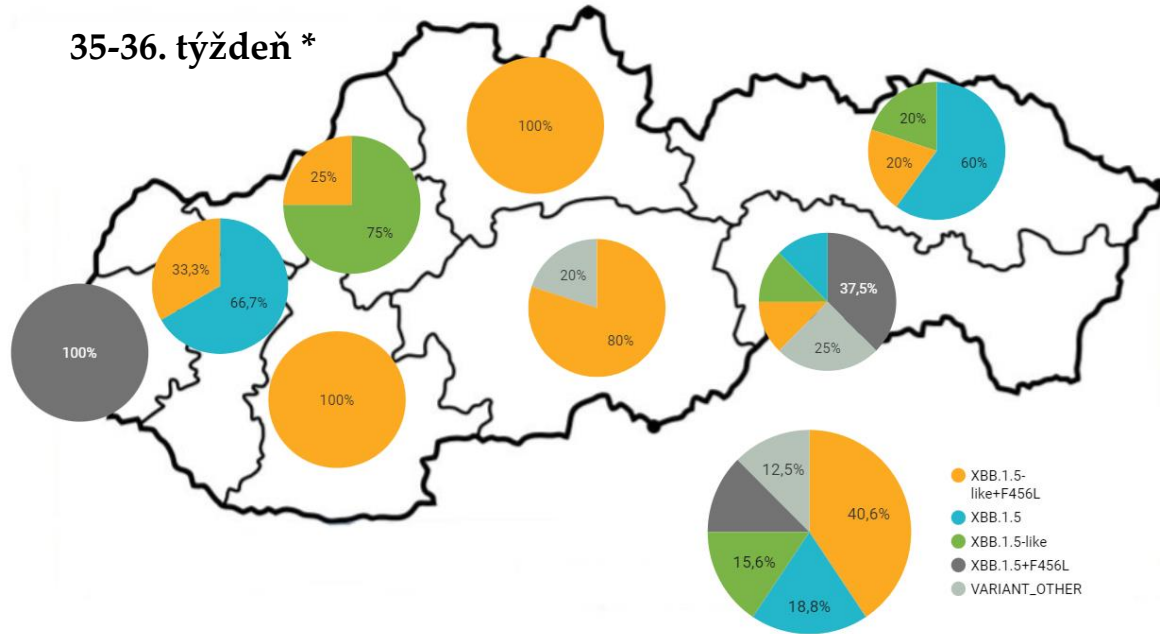
- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v krajoch rozdielne čo je ovplyvnené menším počtom sekvenovaných vzoriek a z toho vyplývajúcou variabilitou ich podielov v rámci územného celku
- rekombinanty XBB.1.5-like+F456L boli zastúpené v 35,3%



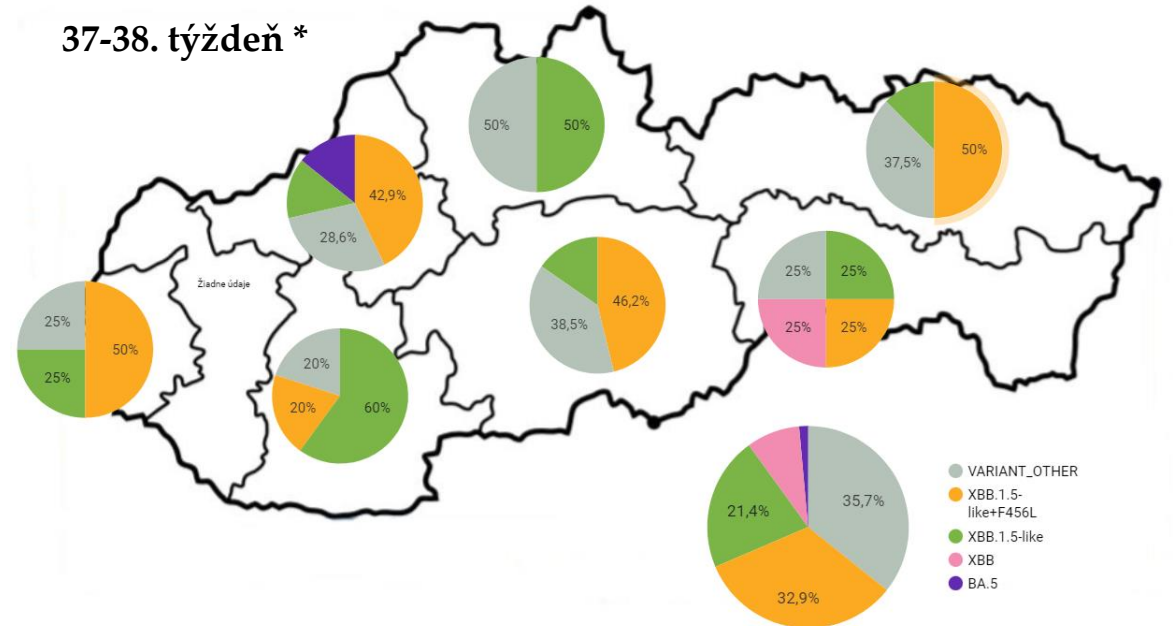
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

35-36. týždeň *



37-38. týždeň *

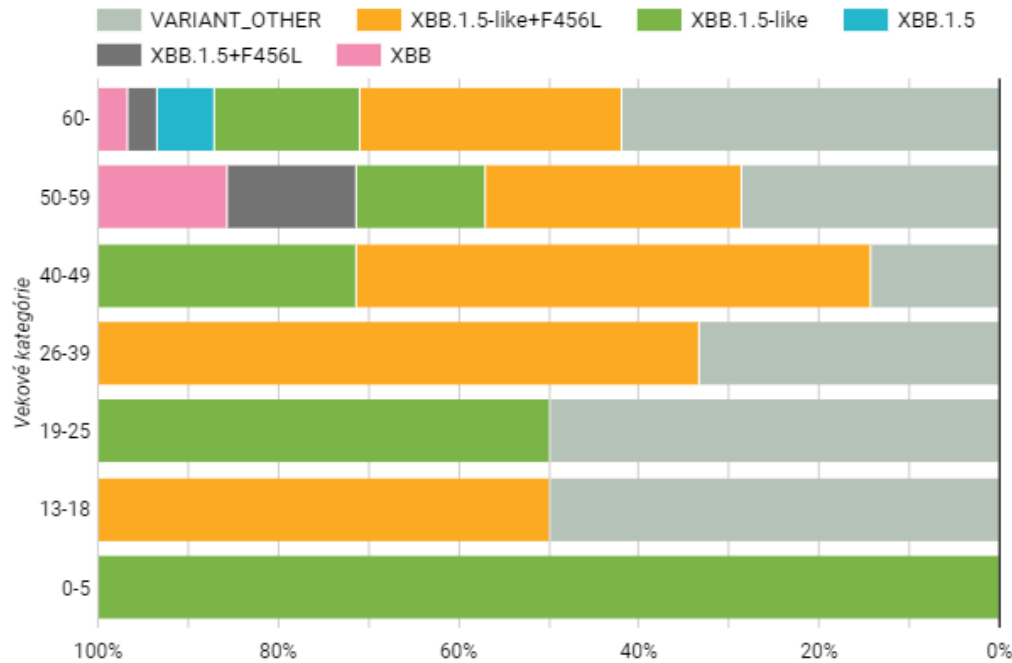


Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

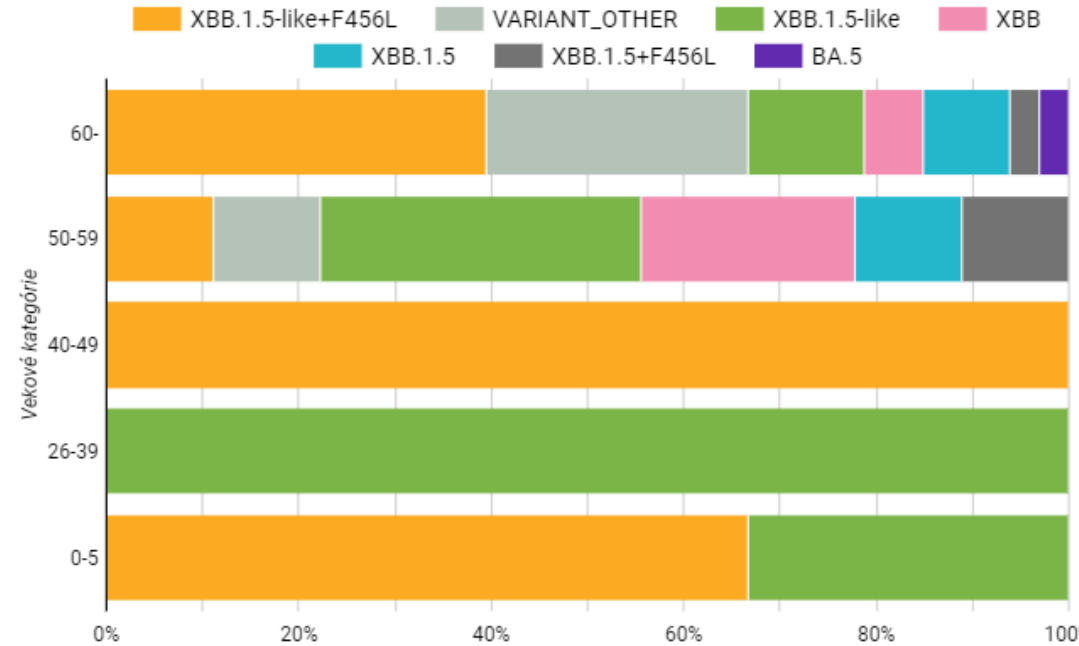
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 52,9% izolovaných vzoriek od žien a 47,1% od mužov
- u oboch pohlaví tvorili väčšinu rekombinanty XBB.1.5-like+F456L
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=31; 30,4% a muži n=33; 32,4%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	31	7	7	3	2	2	0	2
muži	33	9	2	1	0	0	0	3

ŽENY

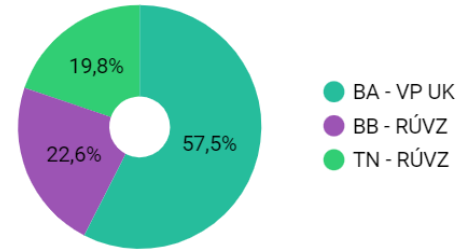


MUŽI

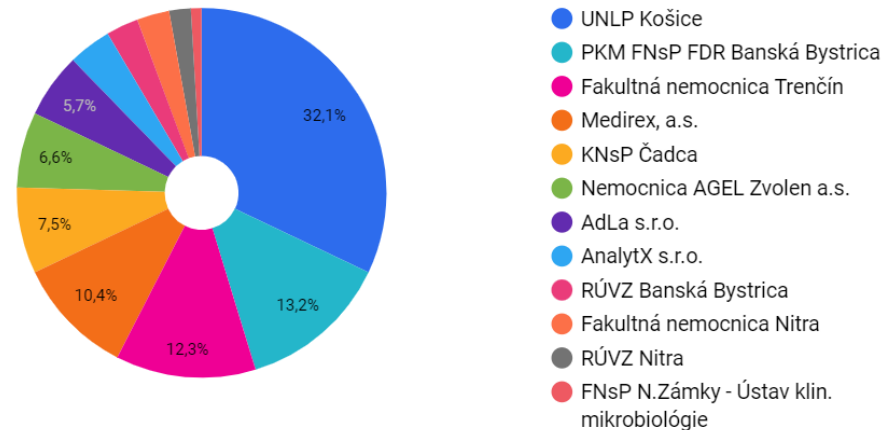


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 35. – 38. týždni (r. 2023)

- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 57,5% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
 - 22,6% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
 - 19,8% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín



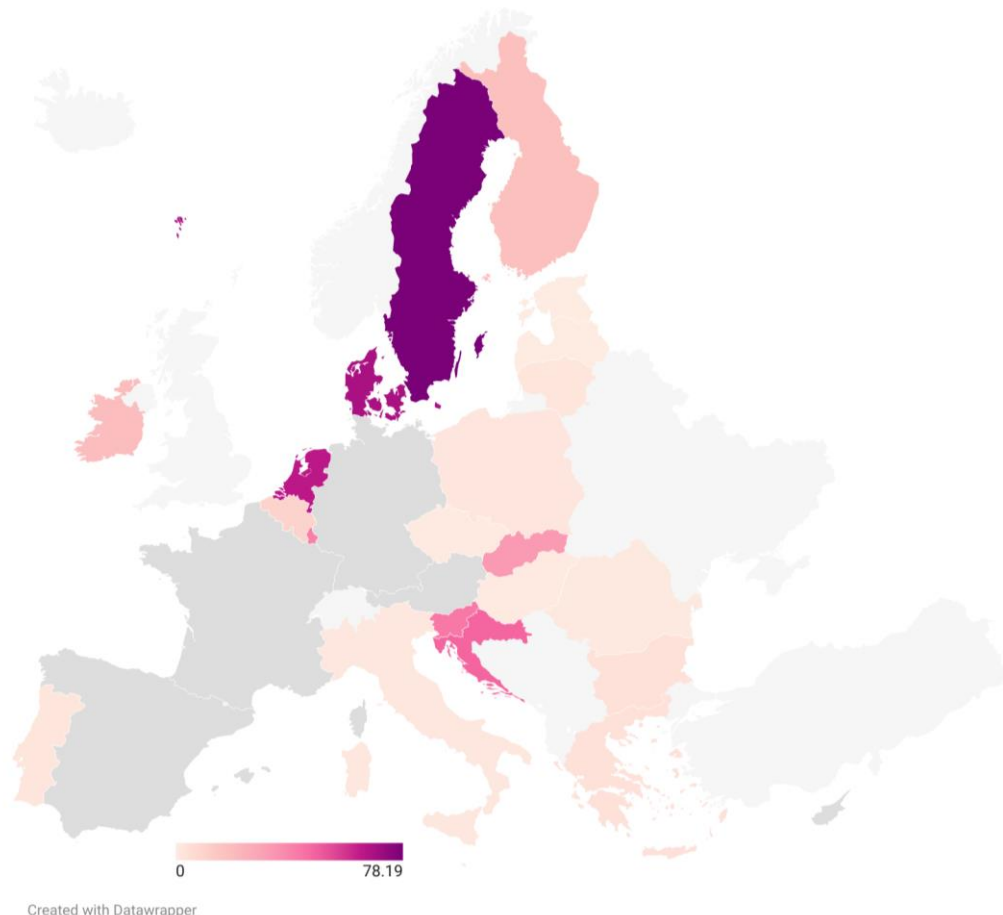
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (spätne od: 24.9.2023)

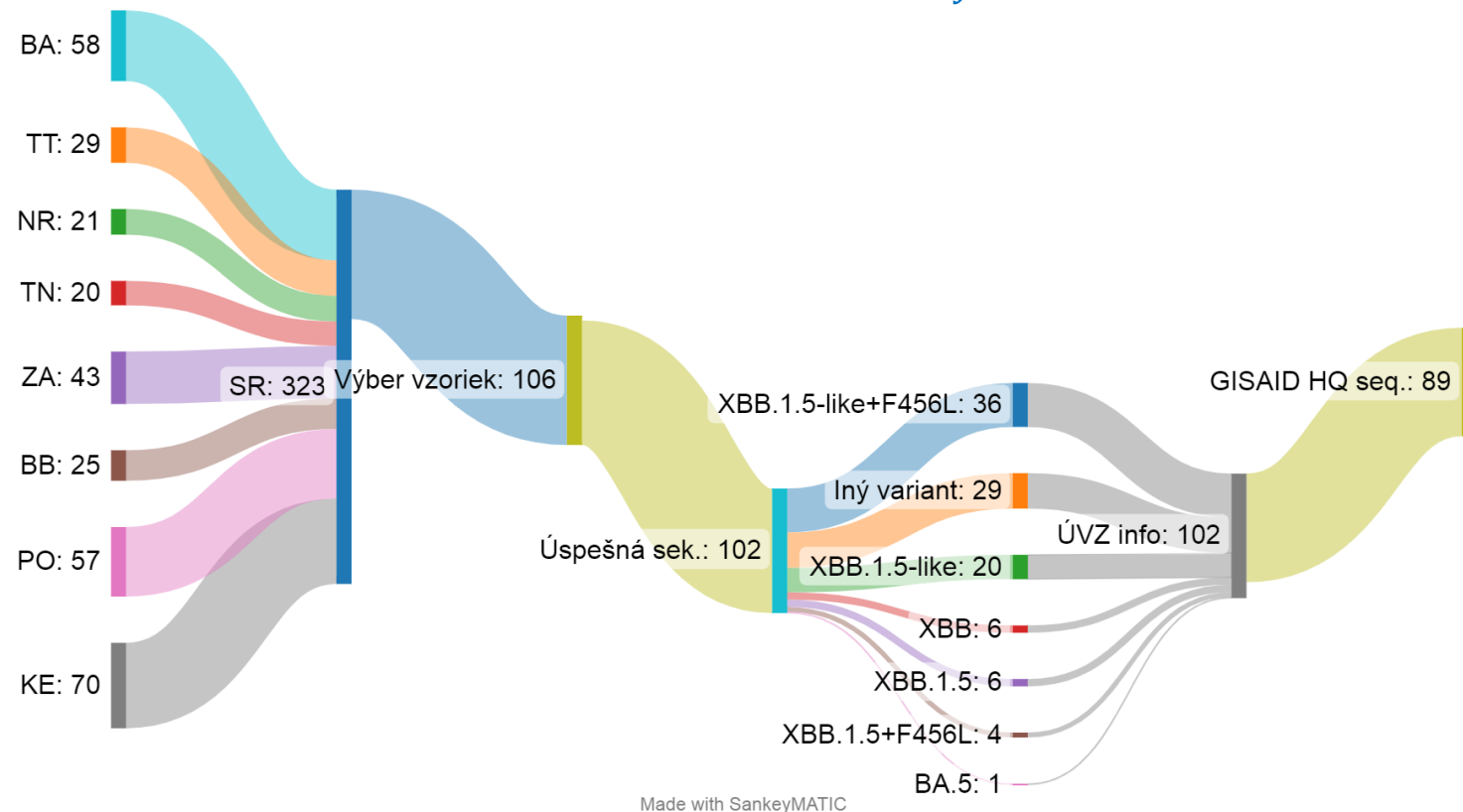
- za posledných 30 dní bolo do databázy GISAID uložených 89 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 7. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 1.mieste s 32,6% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Štát	%	Štát	%
Sweden	78.19	Lithuania	2.25
Denmark	68.10	Portugal	2.21
Netherlands	64.23	Italy	1.56
Croatia	47.47	Romania	0.63
Slovenia	42.74	Czechia	0.47
Luxembourg	40.59	Hungary	0.26
Slovakia	32.60	Estonia	0.00
Ireland	19.07	Latvia	0.00
Finland	17.21	Malta	0.00
Belgium	9.43	Austria	UNK
Bulgaria	3.90	Cyprus	UNK
Greece	3.70	France	UNK
Poland	2.42	Germany	UNK
		Spain	UNK



- 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 (28.8. – 24.9.2023)



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

