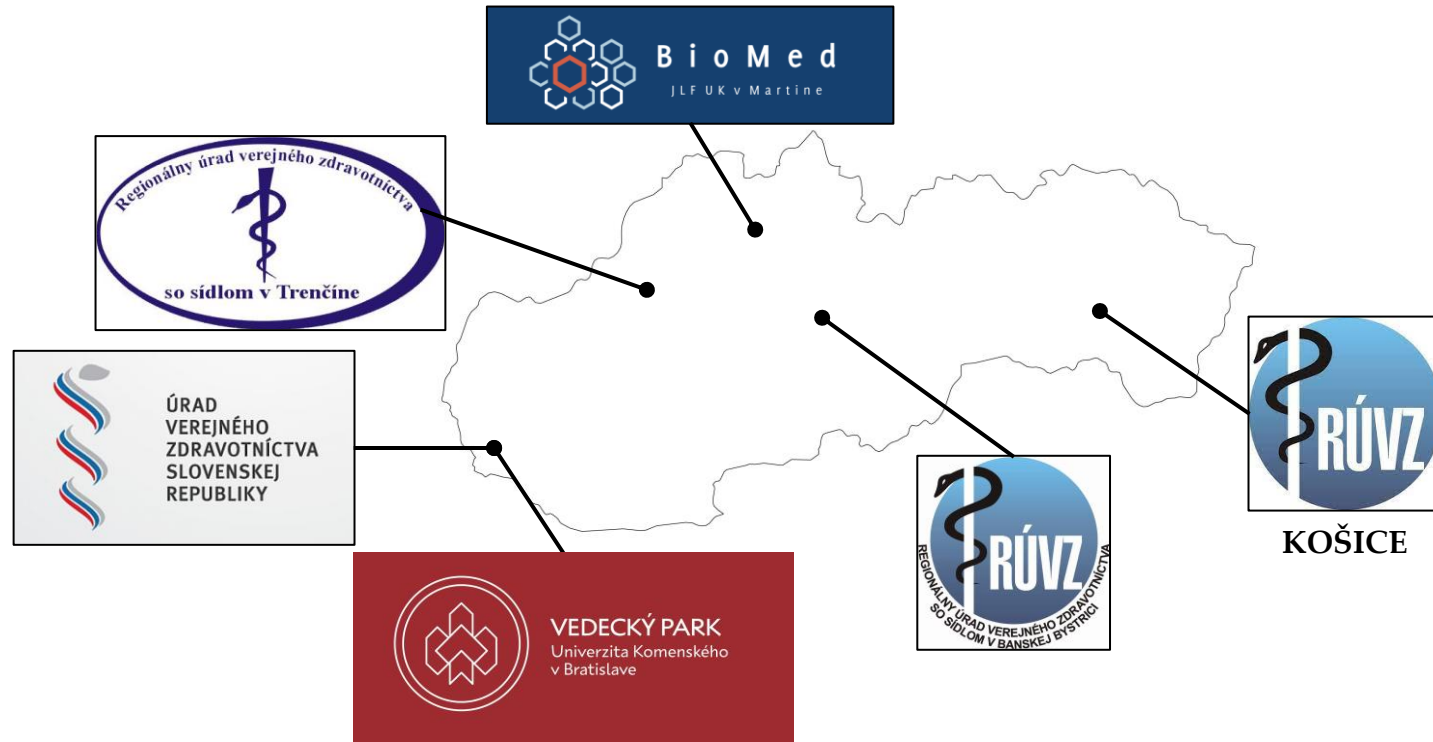


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie

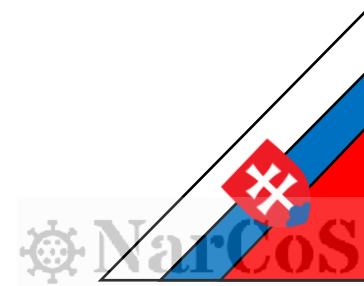


CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

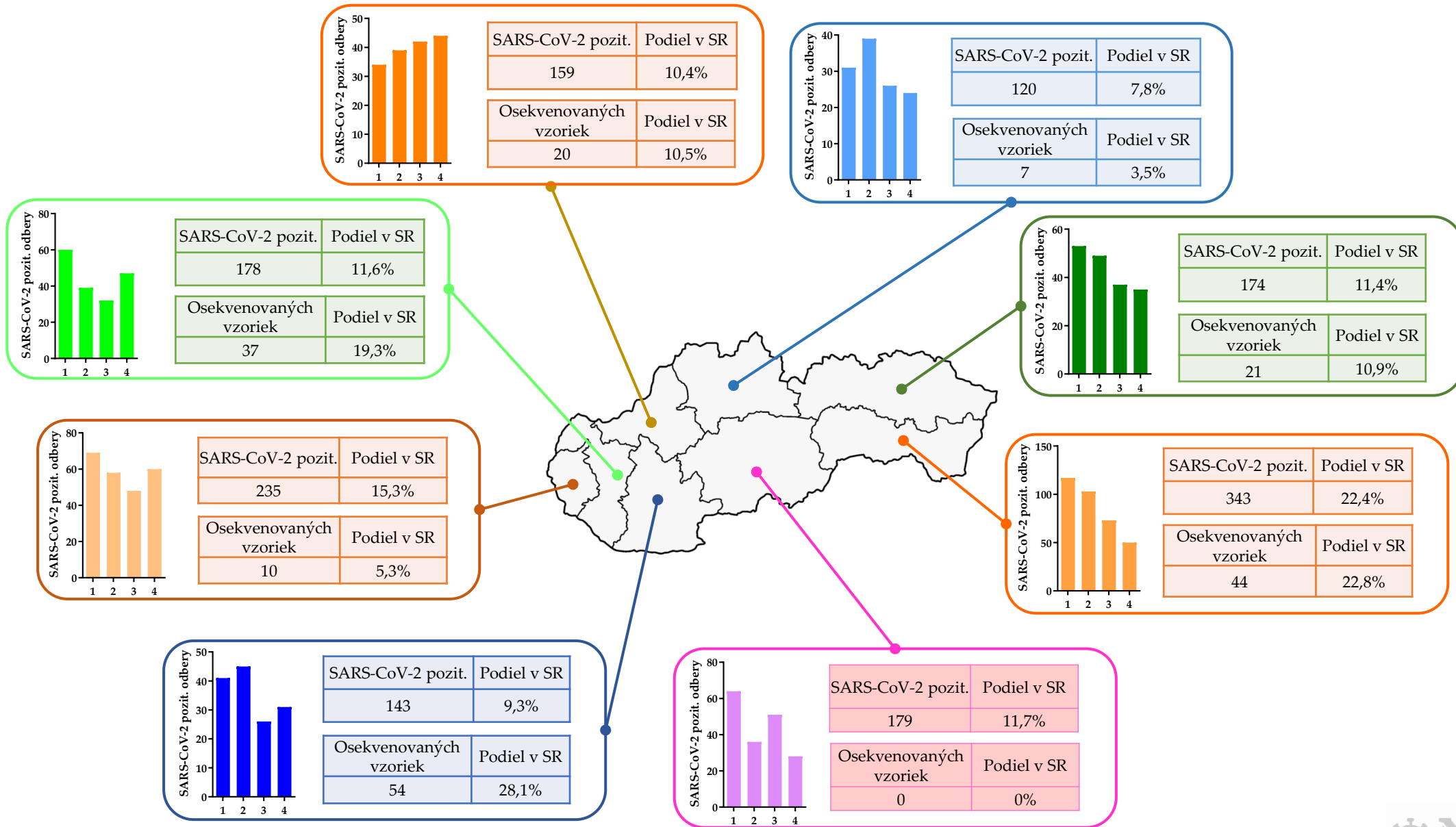
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE



MINISTERSTVO
ŠKOLSTVA, VEDY,
VÝSKUMU A ŠPORTU
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



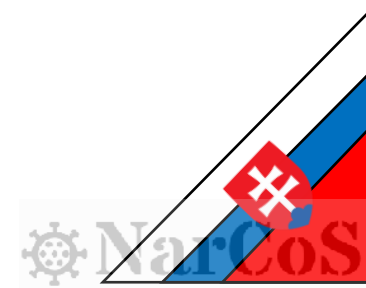
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 1. – 4. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (1. – 4. týždeň/2023)

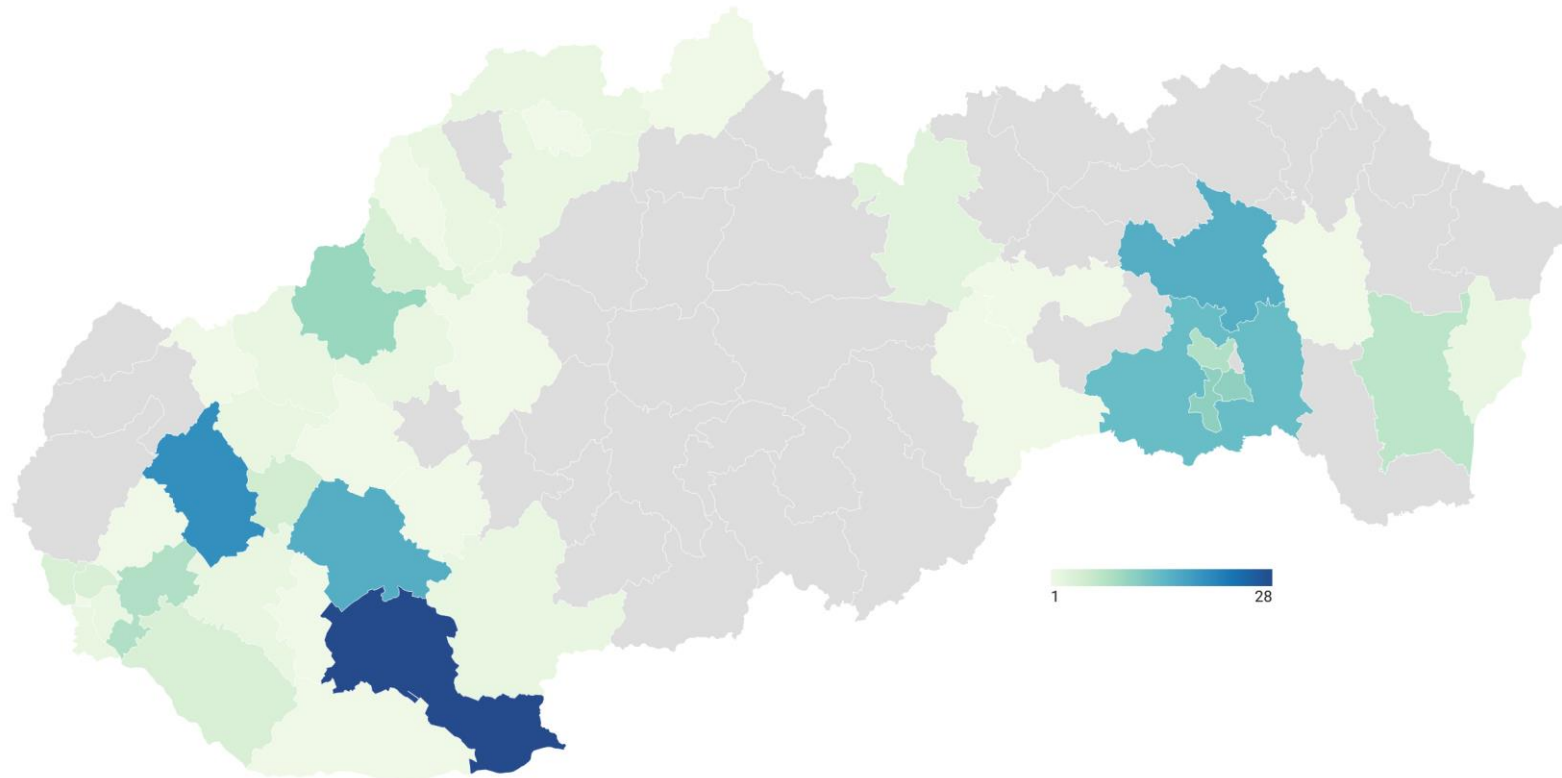
- v sledovanom období (1.1. - 29.1. 2023) zachytených 1 531 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 209 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 193 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 92,4% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 12,6%
- vloženie 183 (94,8% z 193 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek v 4. týždni roka (n=319) klesol o 32% oproti 1. týždňu (n=469)
- v sledovanom období bol v analyzovaných vzorkách najviac zastupený subvariant Omikronu BQ.1
- výskyt subvariantu BA.5 naďalej klesal a v populácii sa častejšie zachytili subvarianty BF a BN.1
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (67,9%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 1. – 4. kalendárnom týždni (r. 2023) v SR podľa okresov

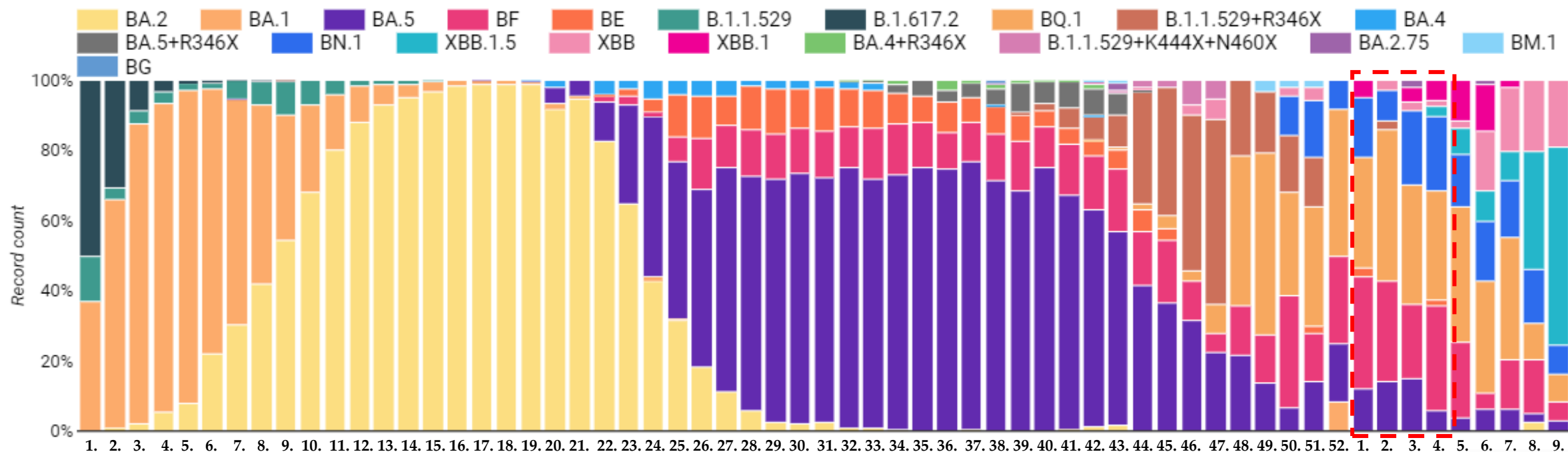
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Nové Zámky, Trnava, Prešov a Nitra



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

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

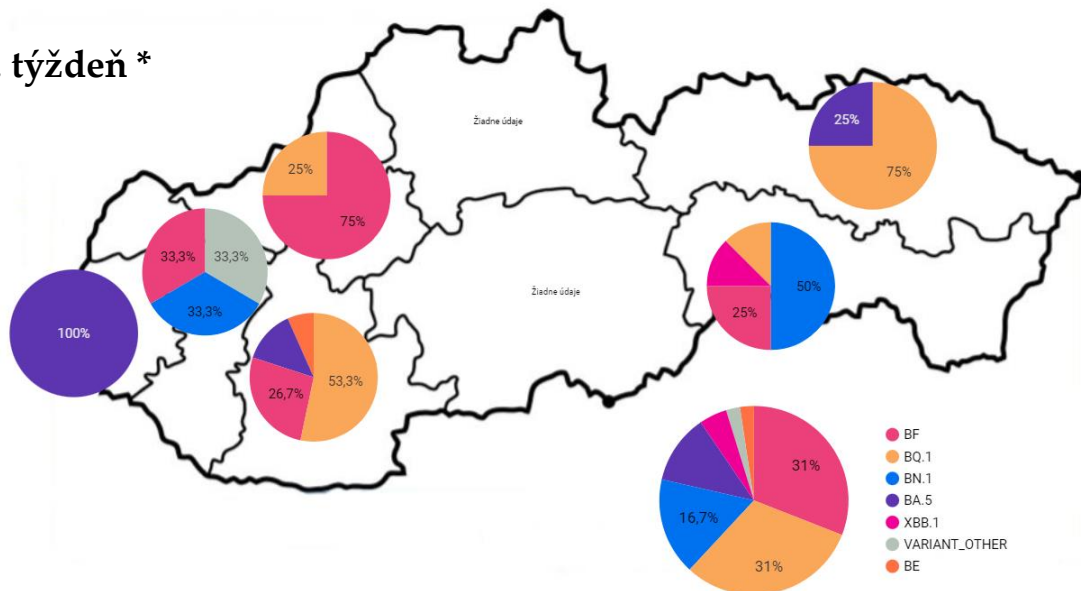
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel subvariantov a línií: BQ.1 – 34,4% (n=65); BF – 28% (n=53); BN.1 – 18% (n=34); BA.5 – 11,1% (n=21); XBB.1 – 4,2% (n=8); XBB – 1,6% (n=3); XBB.1.5 – 1,1% (n=2); BE – 1,1% (n=2); B.1.1.529+R346X - 0,5% (n=1)



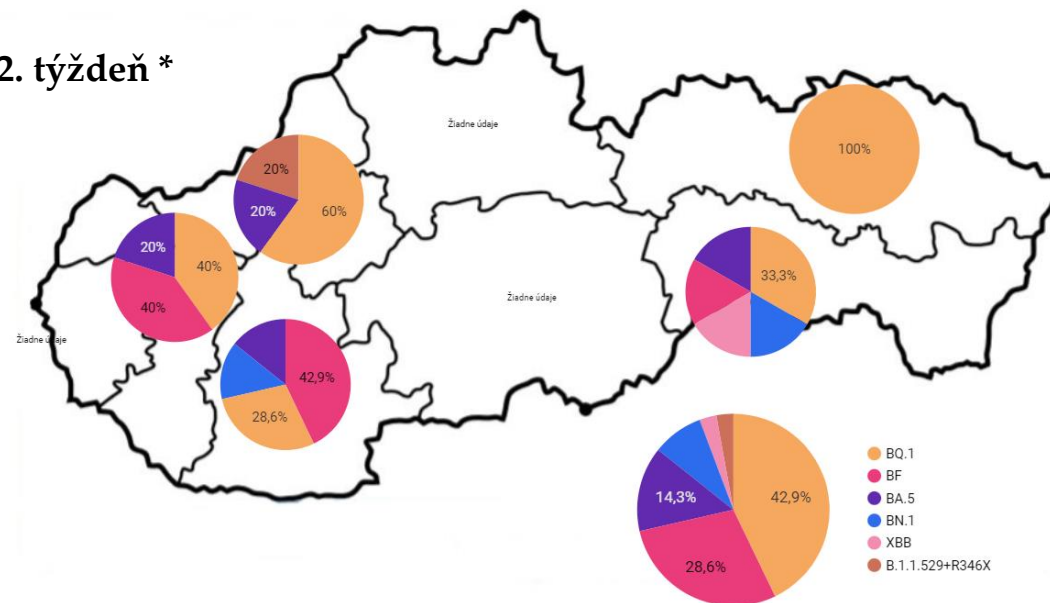
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* kraje s malým alebo nulovým počtom vzoriek

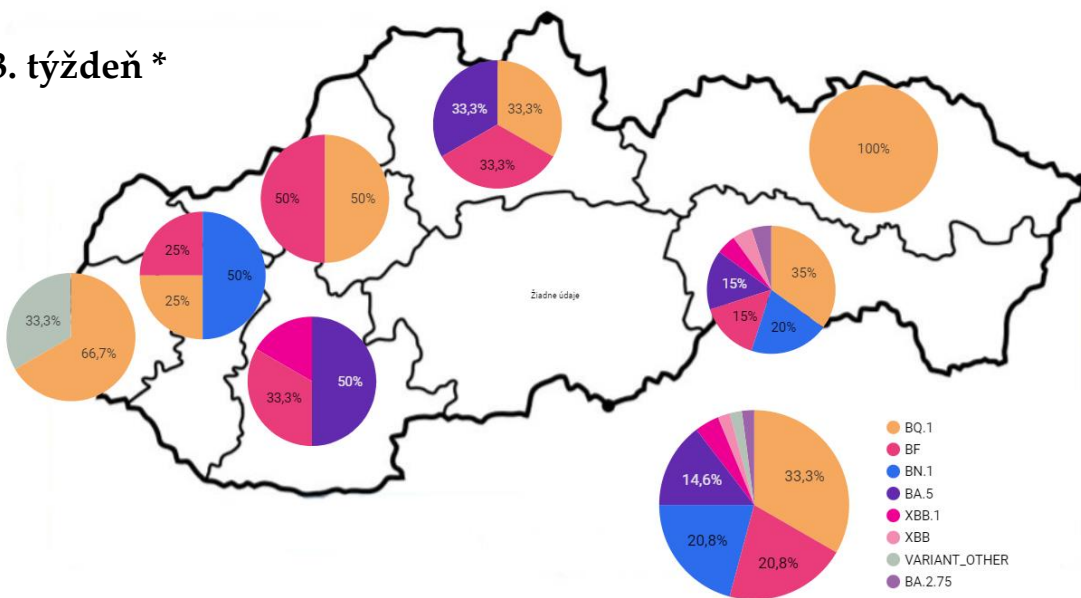
1. týždeň *



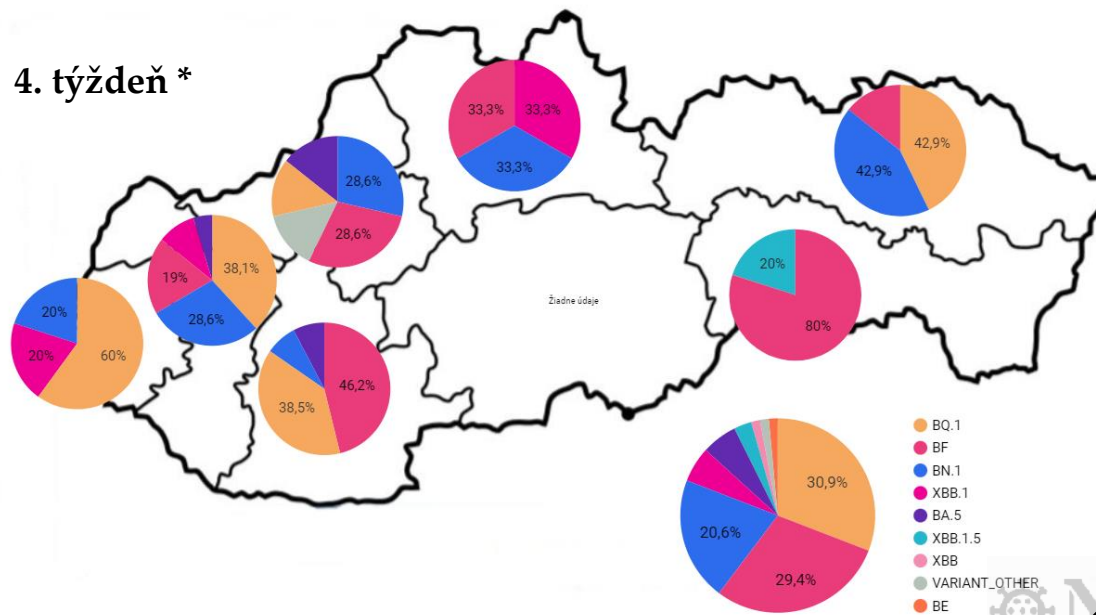
2. týždeň *



3. týždeň *

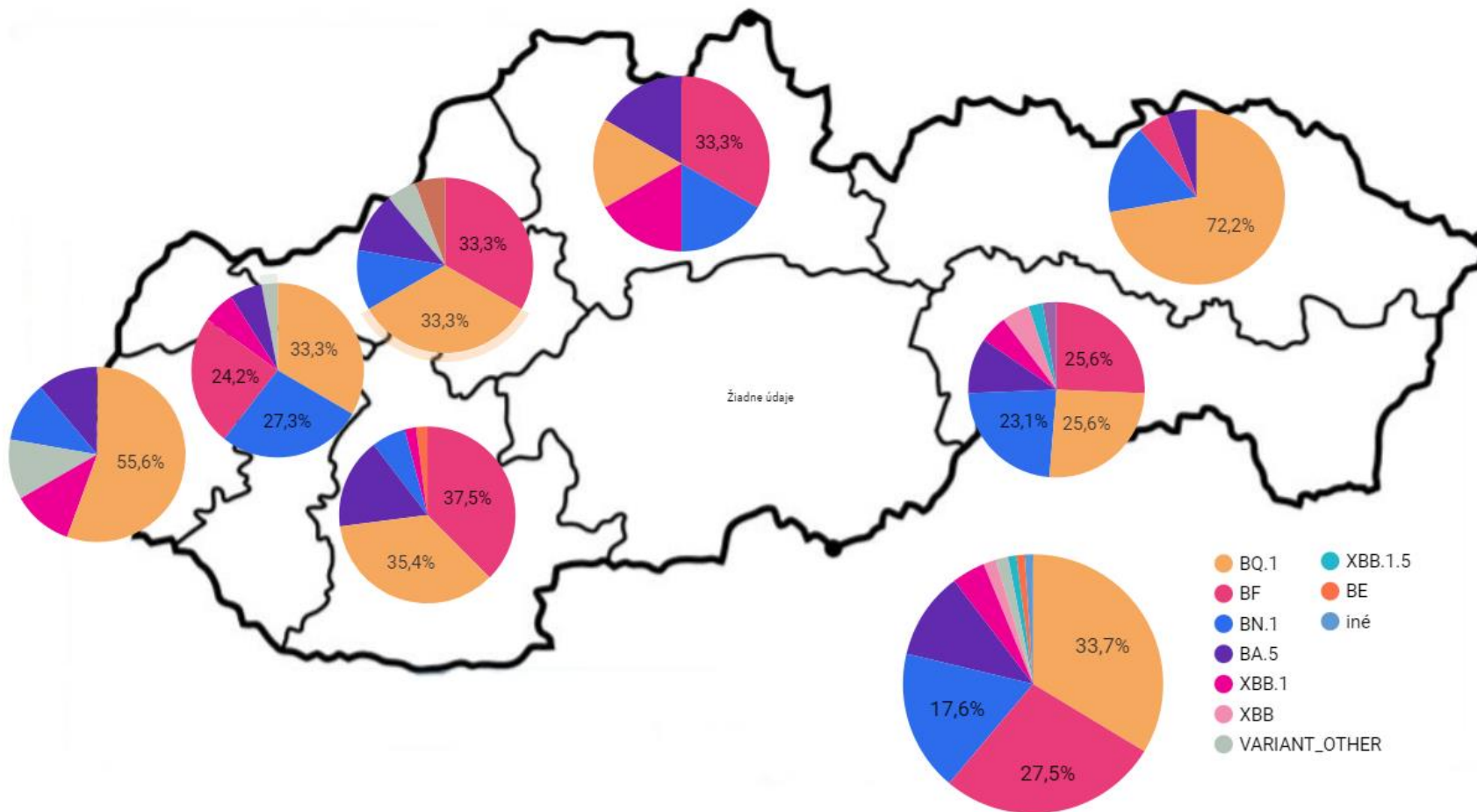


4. týždeň *



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 1. – 4. 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 34%
- subvarianty BF a BN.1 boli zastúpené v 28% respektíve v 18% vzoriek

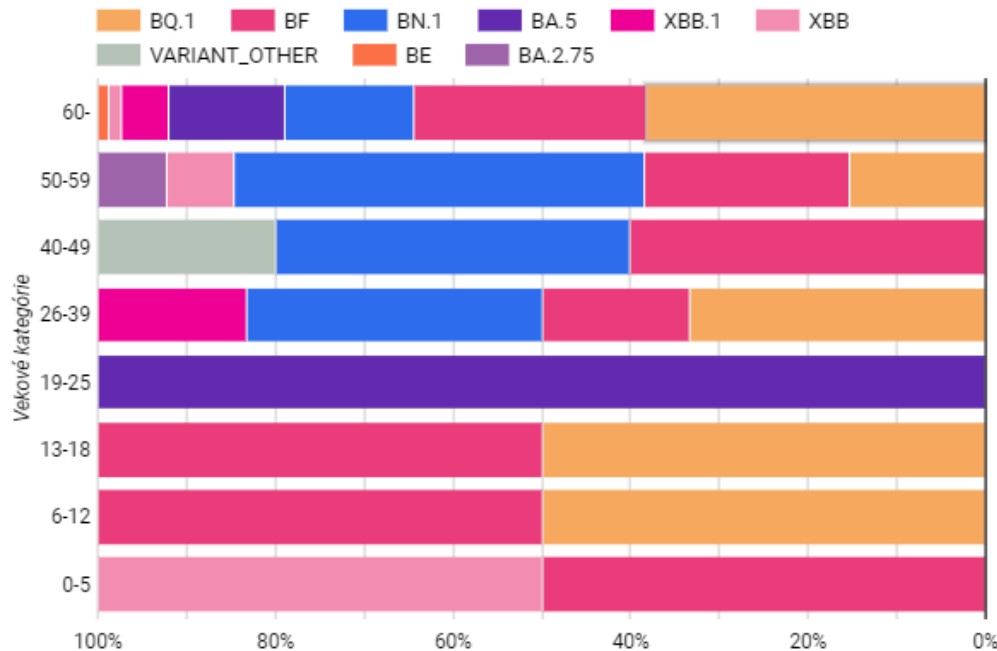


Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

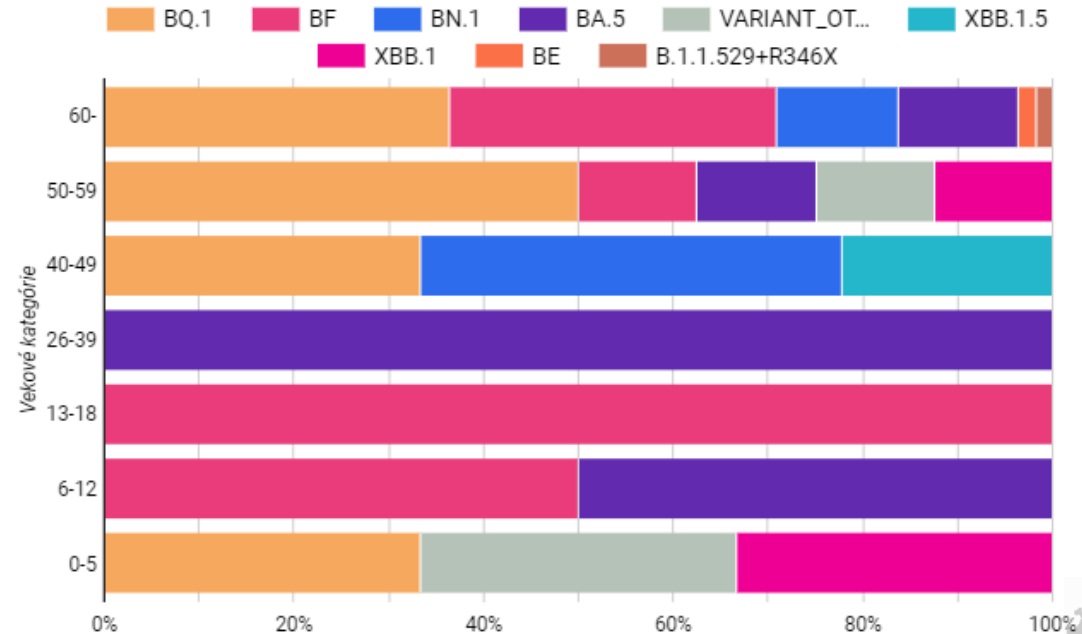
- o súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 58,5% izolovaných vzoriek od žien a 41,5% od mužov
- o u oboch pohlaví tvorili väčšinu subvarianty BQ.1 a BF
- o najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=76; 39,2% a muži n=55; 28,5%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	76	13	5	12	1	2	2	2
muži	55	8	9	1	0	2	2	3

ŽENY

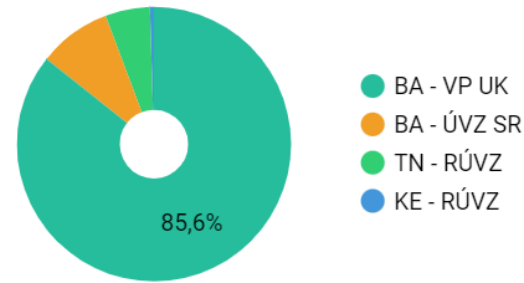


MUŽI

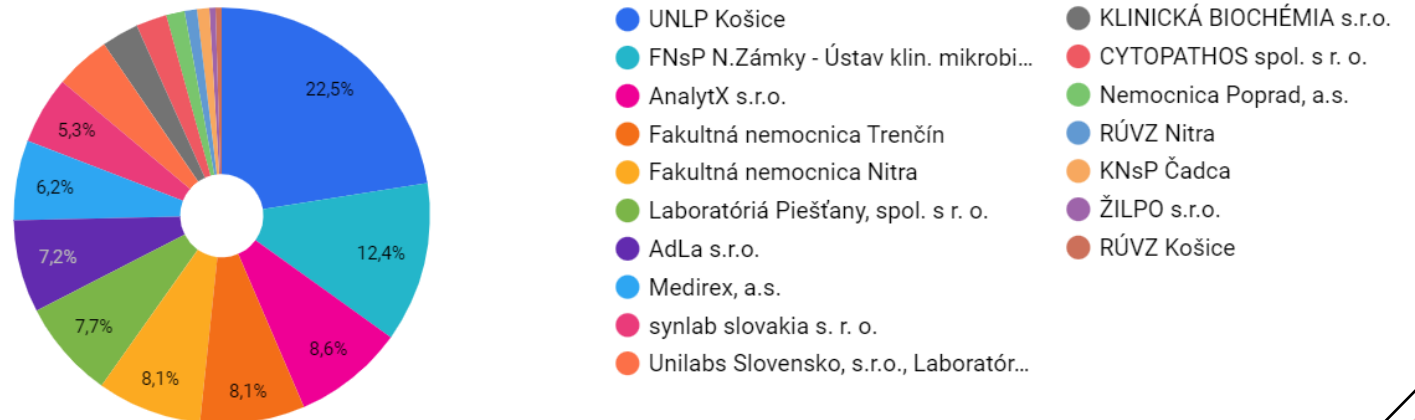


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 1. – 4. týždni (r. 2023)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 85,6% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
 - 8,6% v Úrade verejného zdravotníctva Bratislava
 - 5,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
 - 0,5% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice



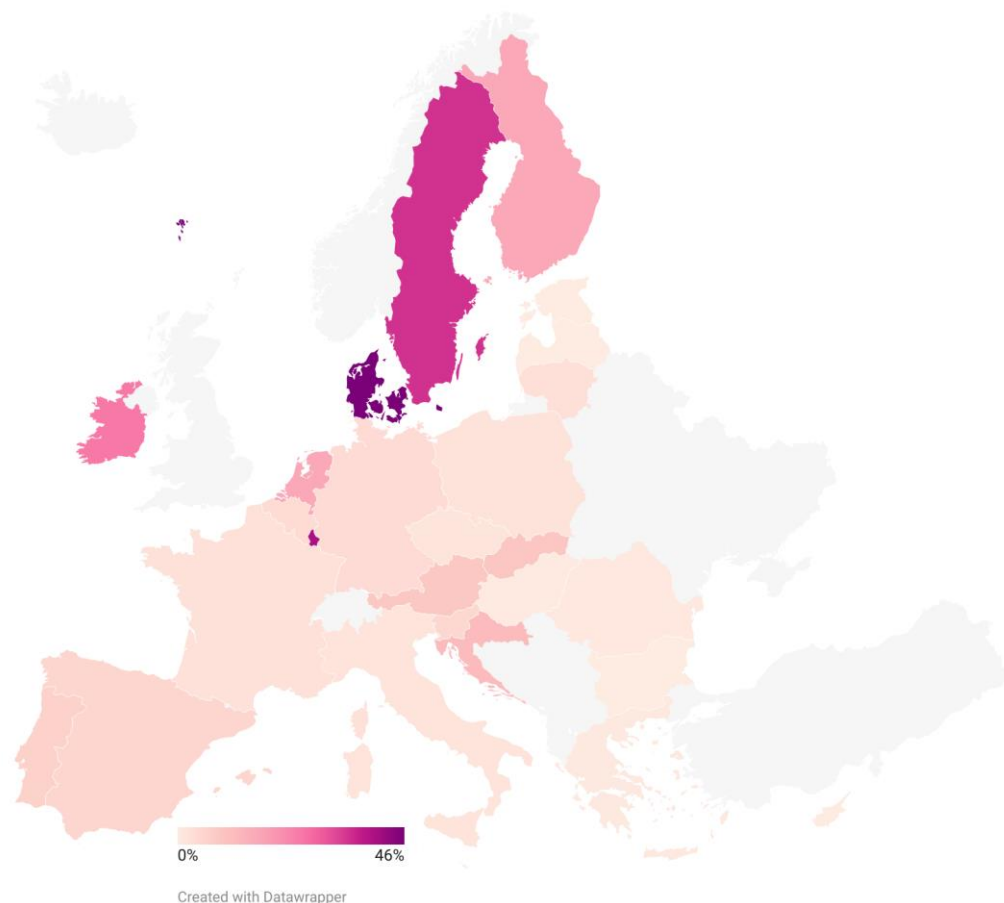
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



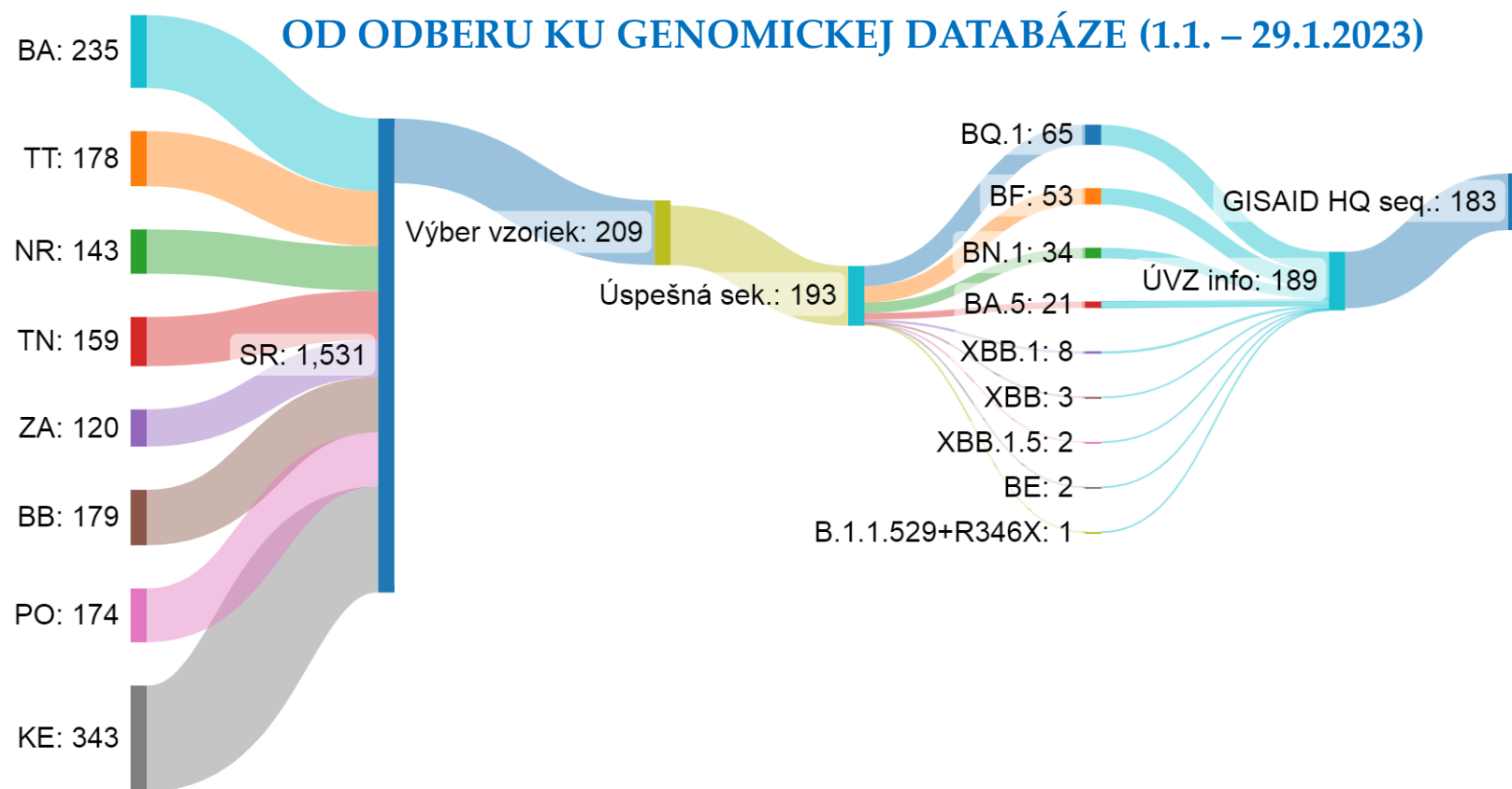
Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 90 dní (spätne od: 6.4.2023)

- za posledných 90 dní bolo do databázy GISAID uložených 531 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 8. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 1.mieste s 8,8% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Krajina	%	Krajina	%
Dánsko	46.243	Nemecko	3.561
Luxembursko	40.119	Litva	2.666
Švédsko	34.831	Francúzsko	2.253
Írsko	25.097	Poľsko	1.914
Fínsko	16.285	Taliansko	1.749
Holandsko	16.267	Česko	1.553
Chorvátsko	11.371	Rumunsko	0.653
Slovensko	8.818	Grécko	0.568
Rakúsko	8.527	Maďarsko	0.298
Portugalsko	6.182	Bulharsko	0
Španielsko	5.027	Cyprus	0
Slovinsko	4.642	Estónsko	0
Belgicko	3.961	Lotyšsko	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)



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

