

Monitorovacia správa o cirkulujúcich respiračných vírusoch zachytených národným genomickým dozorom v Slovenskej republike v chrípkovej sezóne 2023/2024



CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

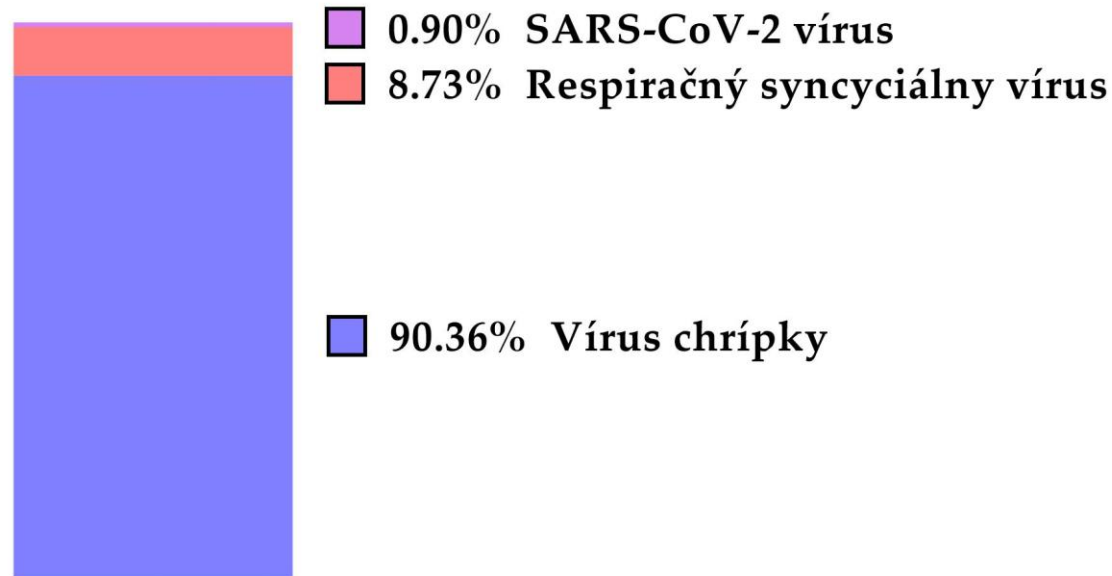
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE

Kumulatívny prehľad o záchyte a sekvenovaní vzoriek s potvrdeným respiračným ochorením v chrípkovej sezóne 2023/2024

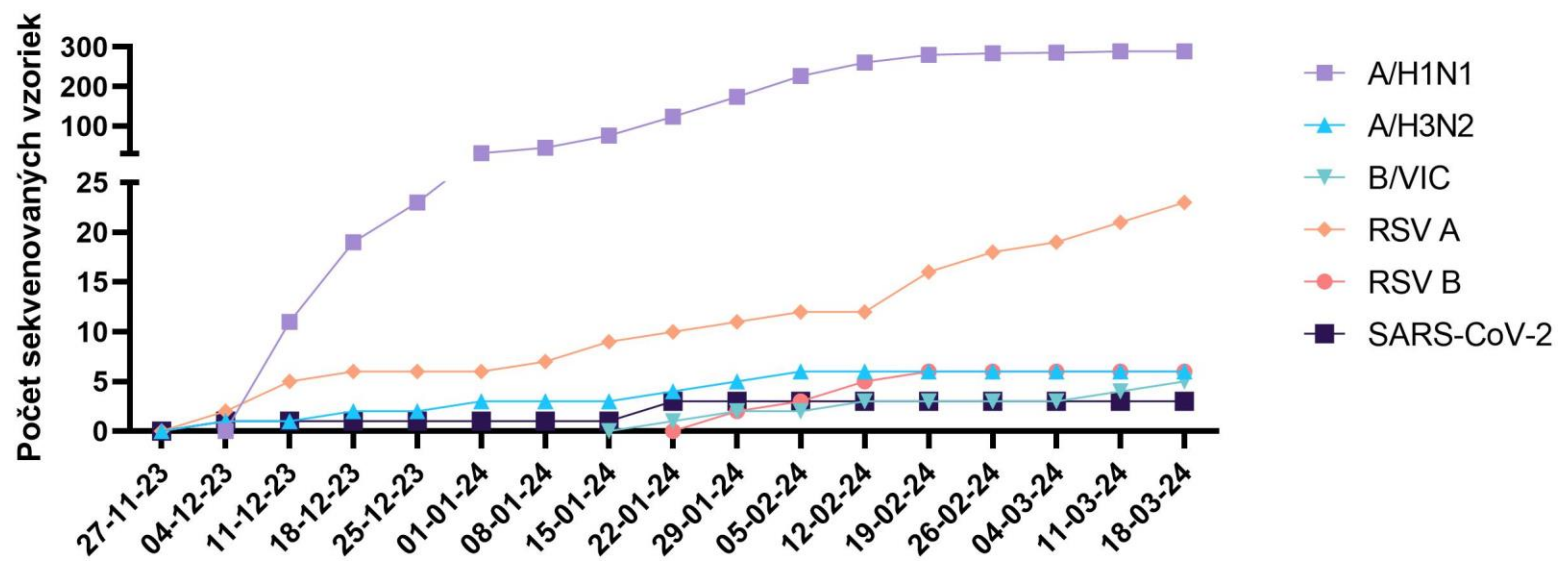
- v sezóne 2023/2024 boli pacientom s respiračným ochorením odobrané vzorky a zaslané na spracovanie do laboratórií Úradu verejného zdravotníctva Slovenskej republiky
- viaceré klinické izoláty boli zaslané aj do genomického laboratória sídliaceho vo Vedeckom parku Univerzity Komenského za účelom sekvenovania genómu zachyteného respiračného patogénu
- získané sekvencie boli porovnávané s referenčnou sekvenciou s cieľom identifikácie špecifických mutácií, detailného určenia a zaradenia k aktuálnym typom/subtypom
- výsledky boli zdieľané v Epidemiologickom informačnom systéme - EPIS
- kvalitné konsenzus sekvencie boli zdieľané aj v databáze GISAID, určenej pre vedeckú komunitu zaoberajúcu sa výskumom sezónnych respiračných vírusov

Sumárny prehľad sekvenovaných vzoriek v chrípkovej sezóne 2023/2024

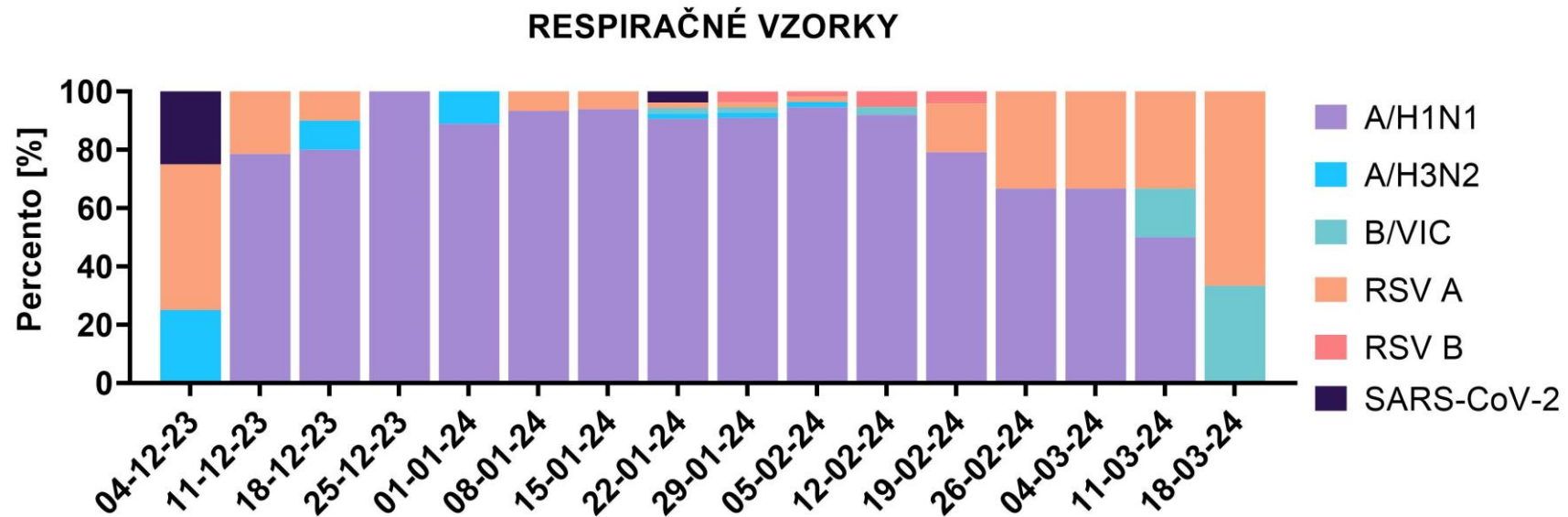
- v sezóne 2023/2024 bolo zaslaných 420 vzoriek s potvrdeným respiračným ochorením
- z toho 332 vzoriek bolo úspešne sekvenovaných (79%)
- 269 kvalitných konsenzus sekvencií bolo nahraných do databázy GISAID (81%)
- z celkového počtu spracovaných vzoriek tvorili hlavnú časť vírusy chrípky (n=300)
- respiračný syncyciálny vírus (RSV) (n=29) a SARS-CoV-2 vírus (n=3) boli zistené v menšom počte



Kumulatívny počet vzoriek respiračných patogénov sekvenovaných v chrípkovej sezóne 2023/2024

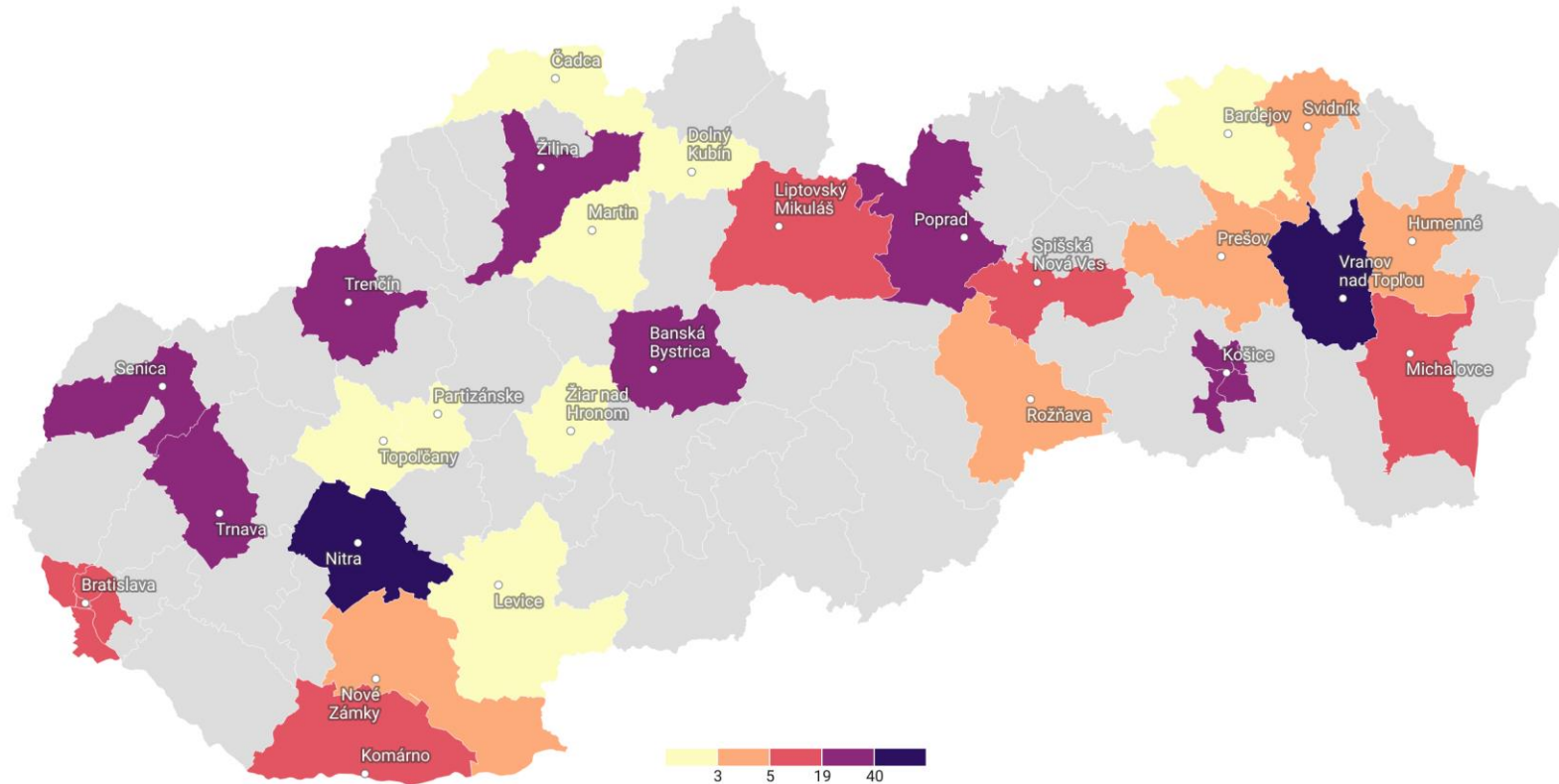


Klinické vzorky respiračných patogénov sekvenovaných v chrípkovej sezóne 2023/2024 s bližším určením vírusu a typu



Pôvod sekvenovaných vzoriek v chrípkovej sezóne 2023/2024 rozdelených podľa okresu

- o najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Nitra a Vranov nad Topľou

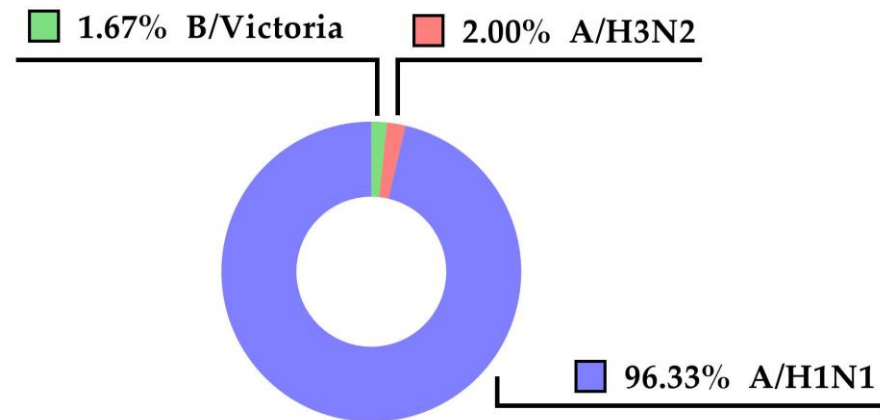


Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

VÍRUS CHRÍPKY

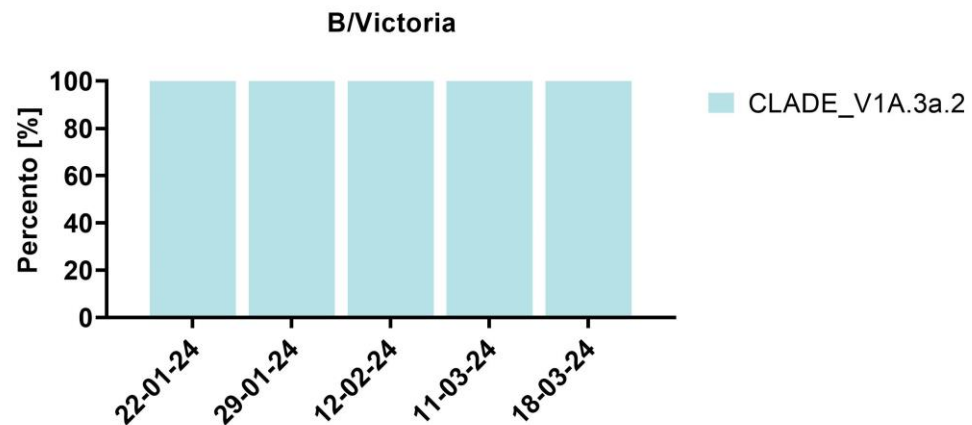
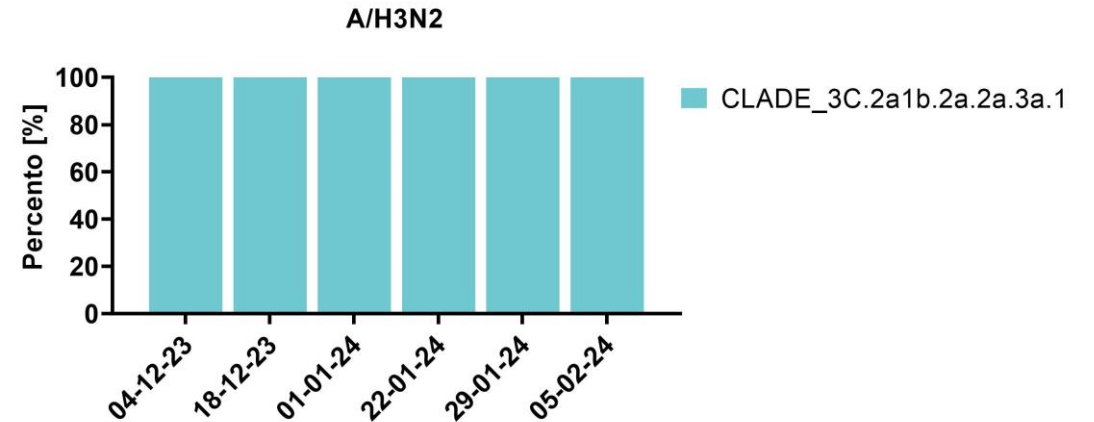
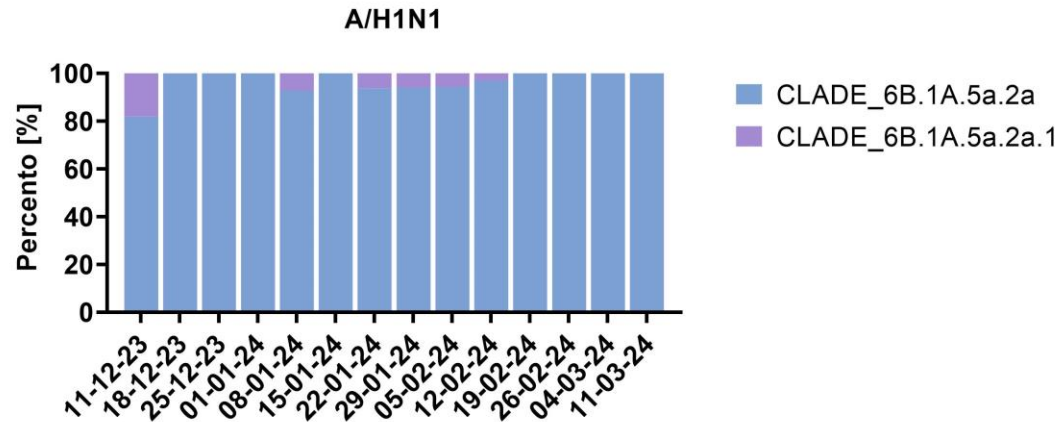
Klinické vzorky sekvenované v chrípkovej sezóne 2023/2024 rozdelené podľa typu a subtypu chrípky

- 300 vzoriek identifikovaných sekvenovaním ako vírus chrípky
- 295 vzoriek bolo priradených chrípke typu A a 5 vzoriek typu B
- 289 vzoriek identifikovaných ako subtyp H1N1 a 6 vzoriek subtyp H3N2
- 5 vzoriek vírusov chrípky tvoril typ B/Victoria línia
- B/Yamagata línia nebola zachytená



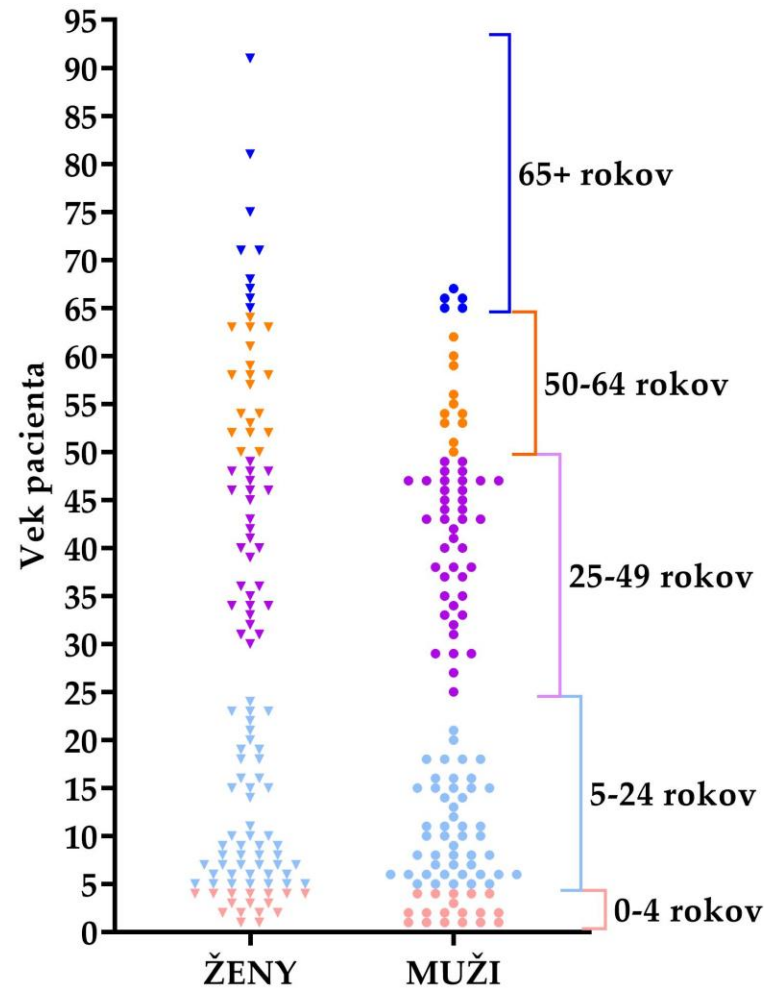
VÍRUS CHRÍPKY

Klinické vzorky sekvenované v chrípkovej sezóne 2023/2024
rozdelené na základe identifikácie typu/subtypu/clade chrípky



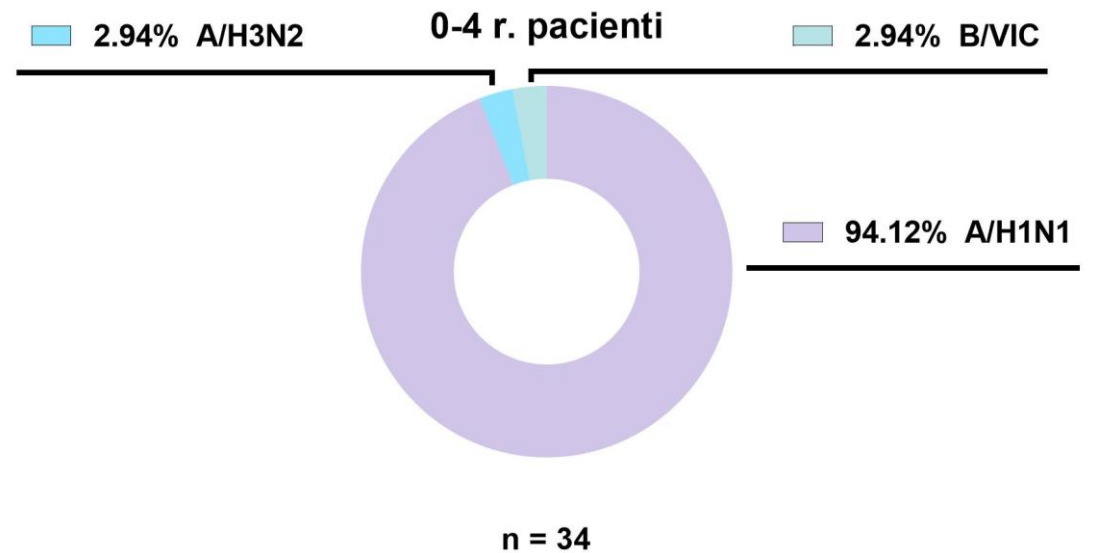
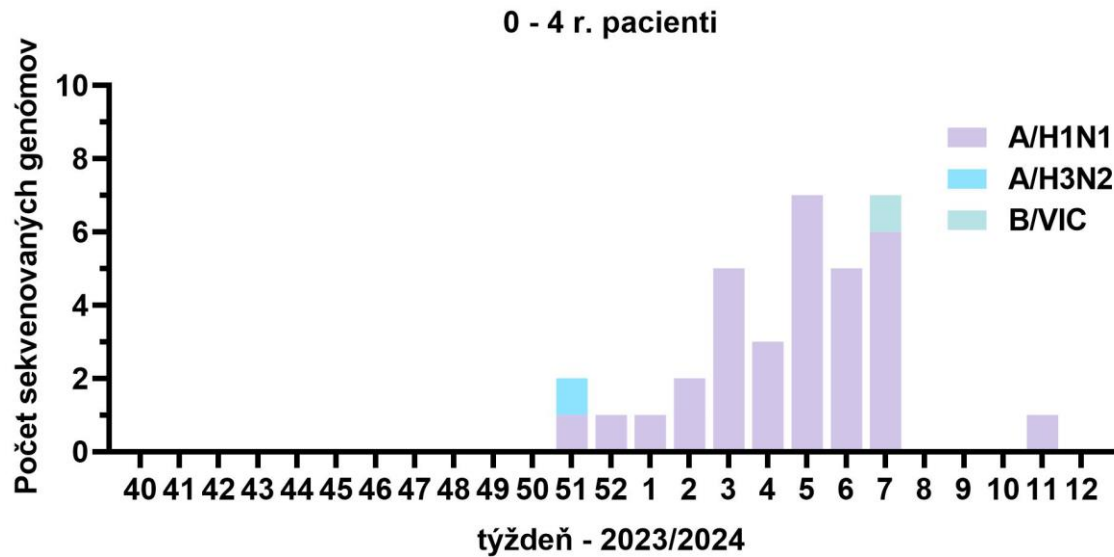
VÍRUS CHRÍPKY

Klinické vzorky respiračních patogénů sekvenovaných
v chřipkové sezóně 2023/2024 rozdělené podle věkových skupin



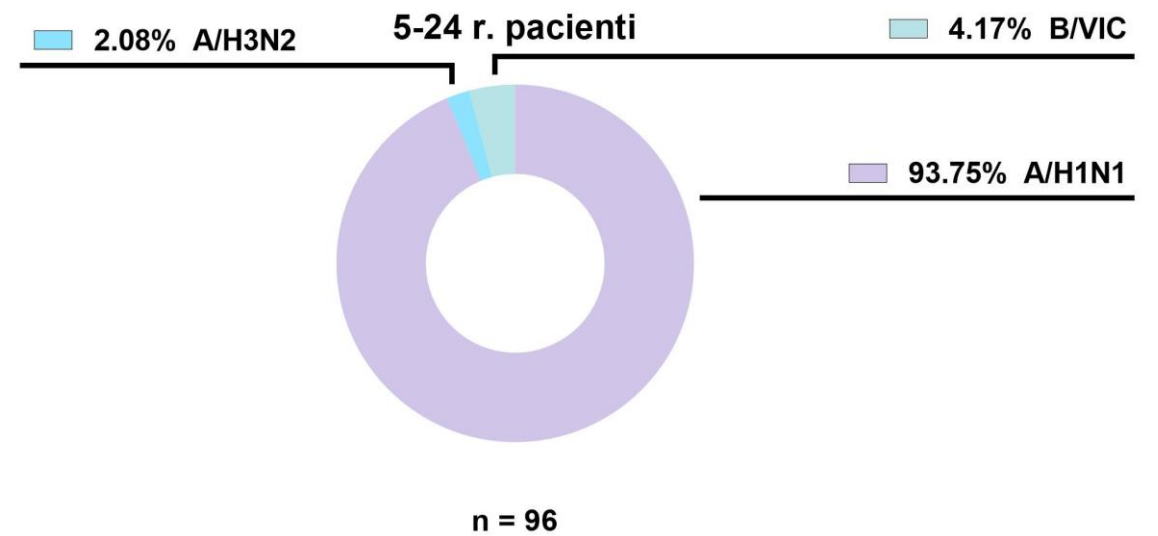
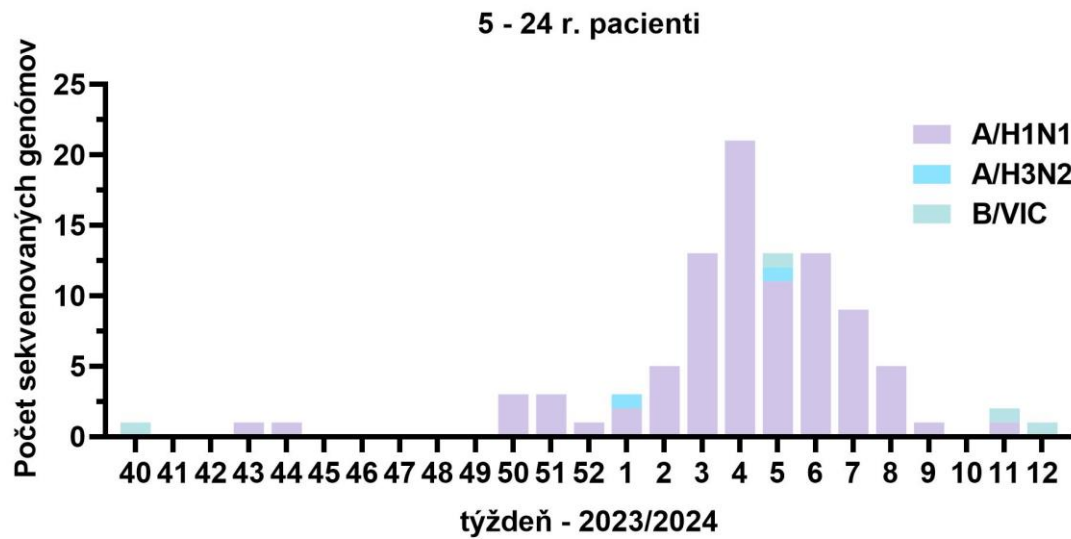
VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa vekových skupín



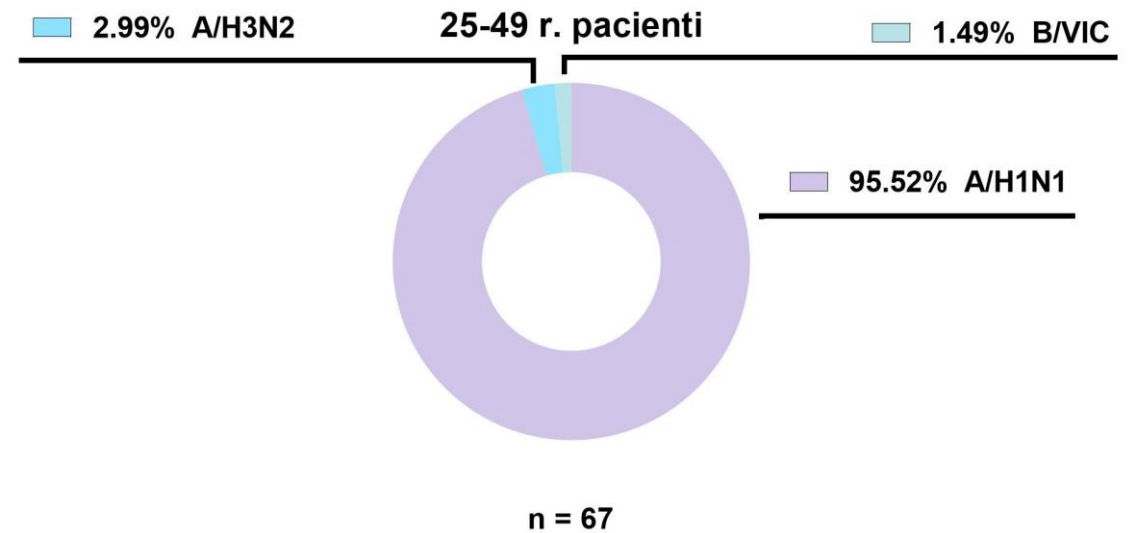
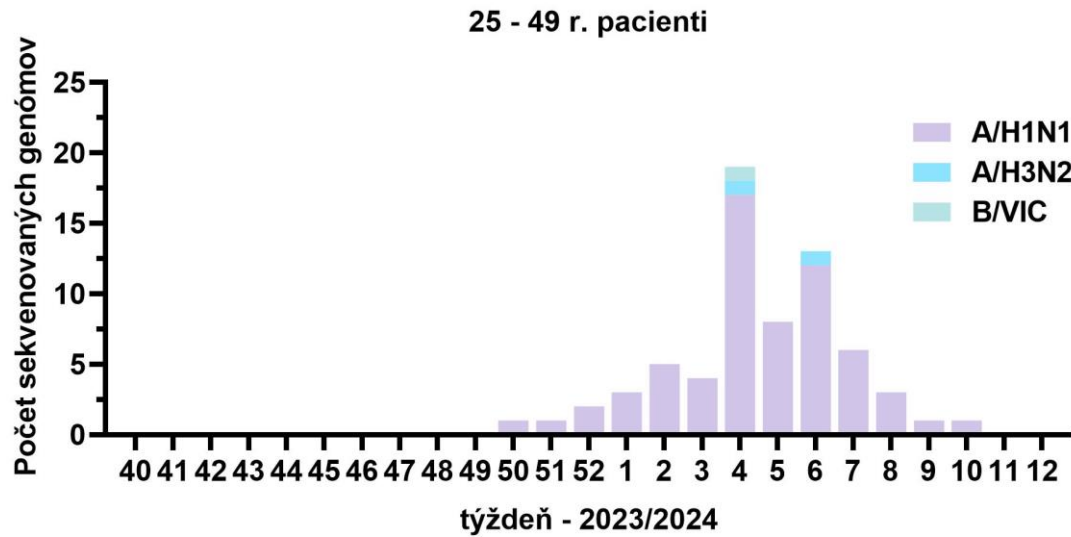
VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



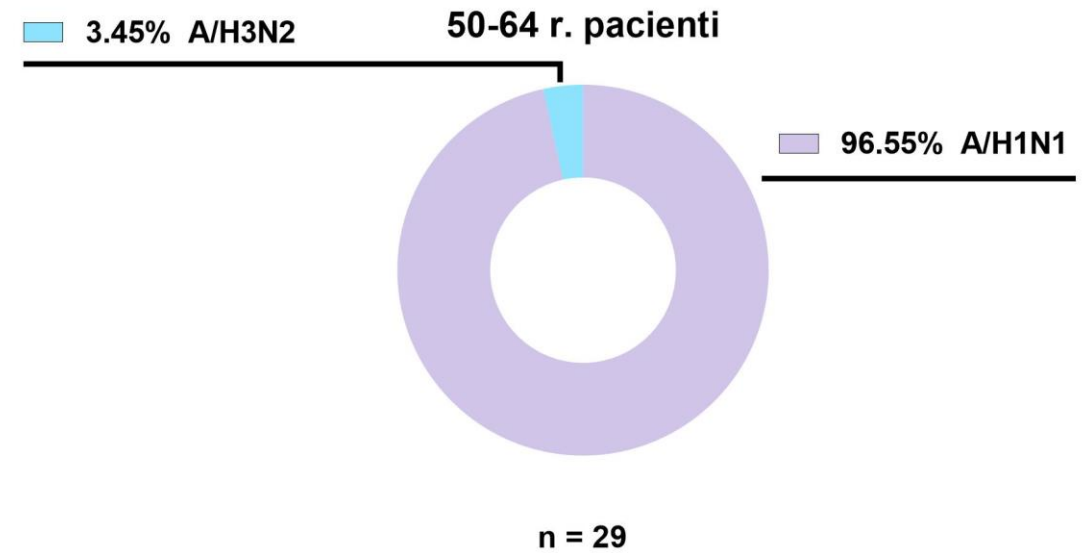
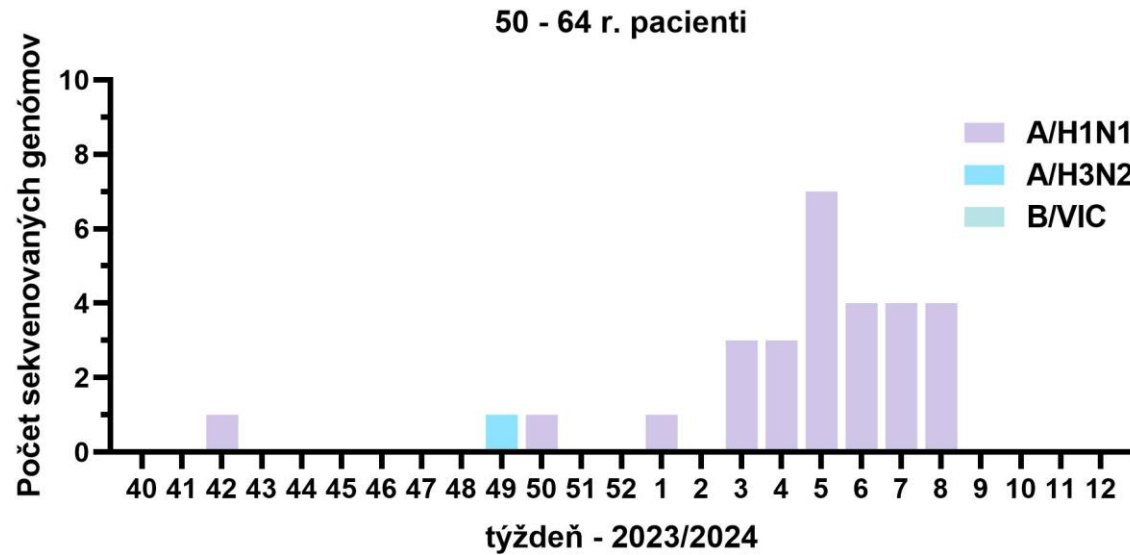
VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



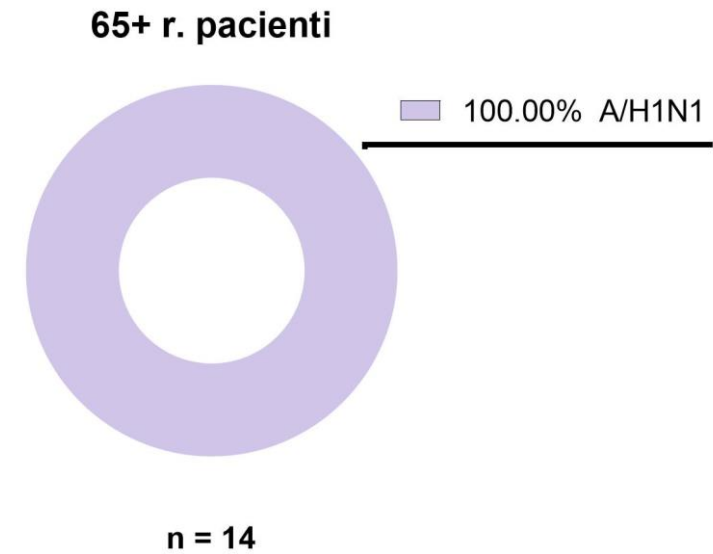
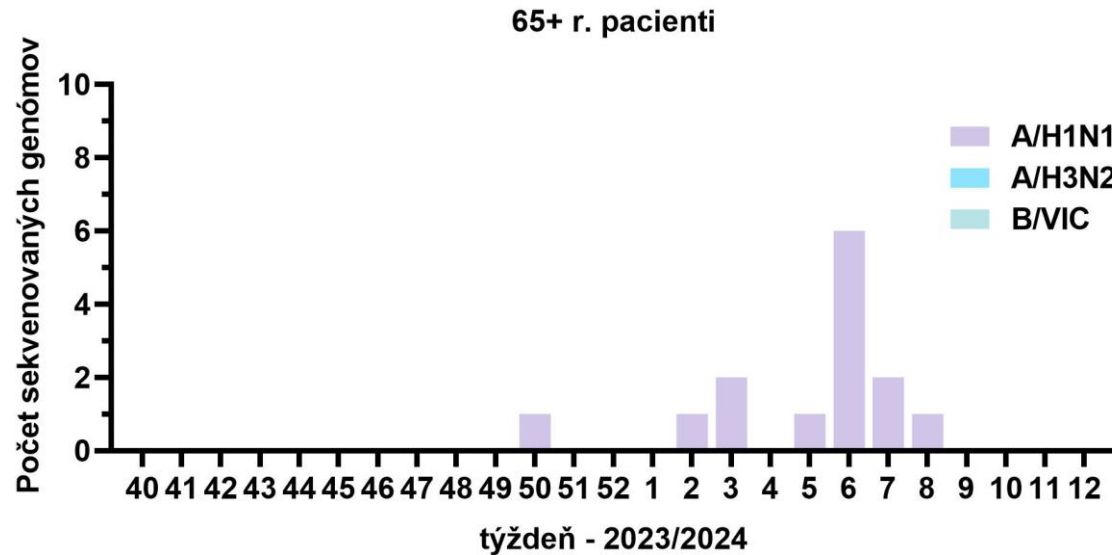
VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



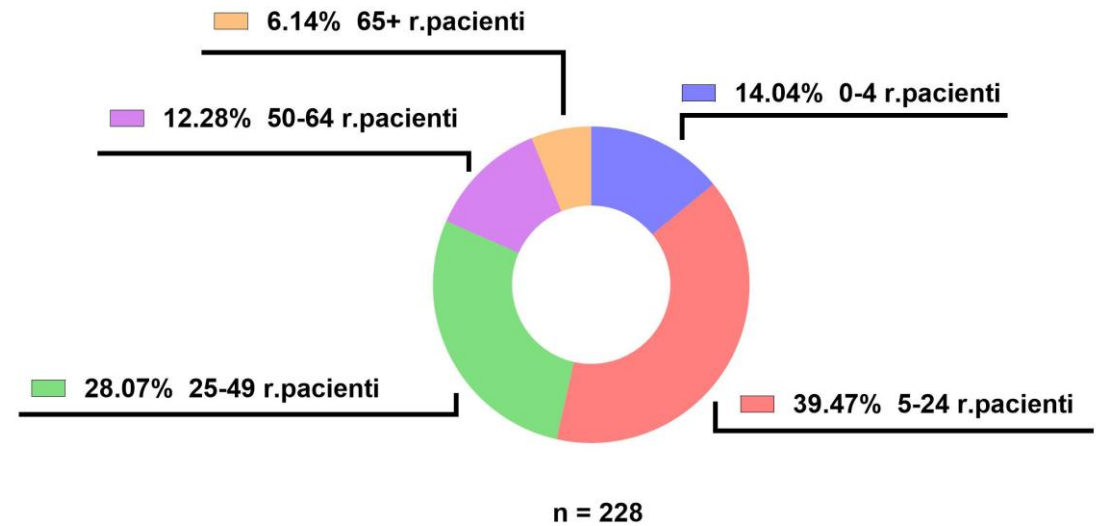
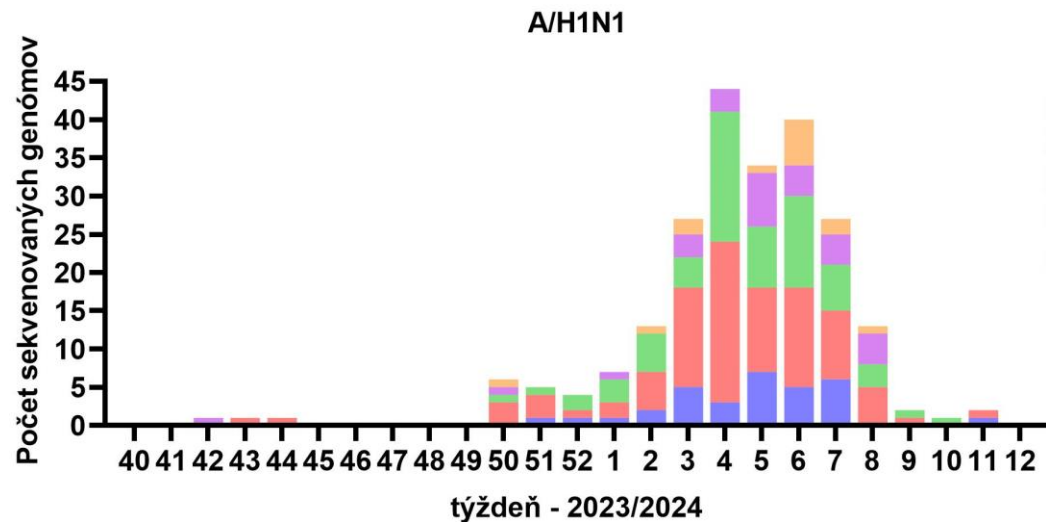
VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



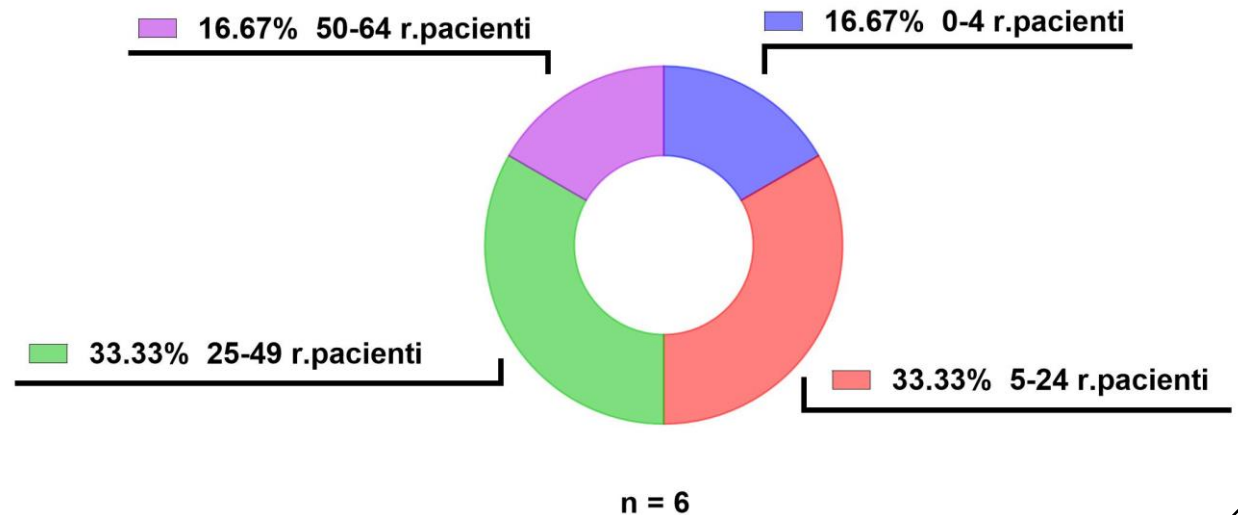
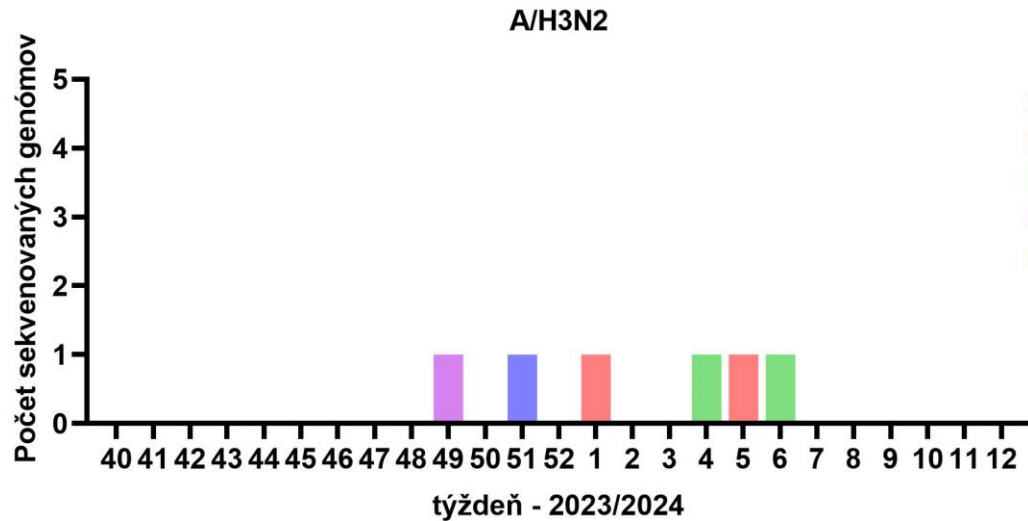
VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa subtypu vírusu



VÍRUS CHRÍPKY

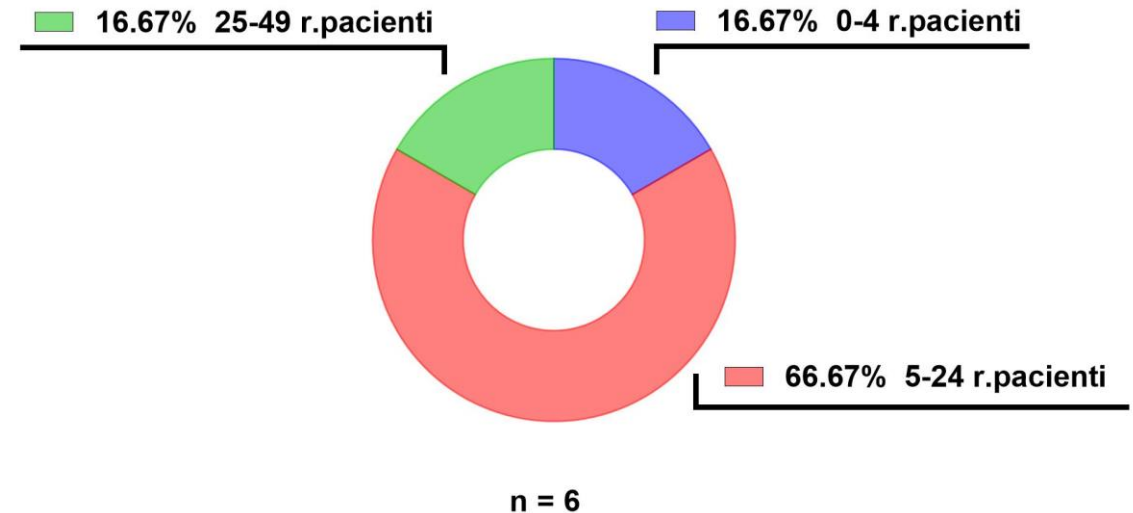
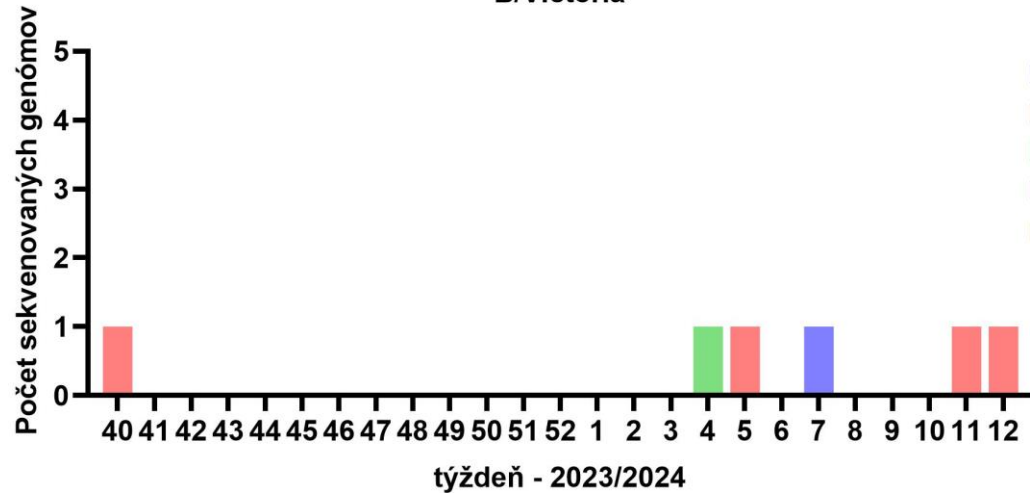
Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa subtypu vírusu (pokr.)



VÍRUS CHRÍPKY

Distribúcia pozitívnych vzoriek na chrípku zdieľaných v databáze podľa subtypu vírusu (pokr.)

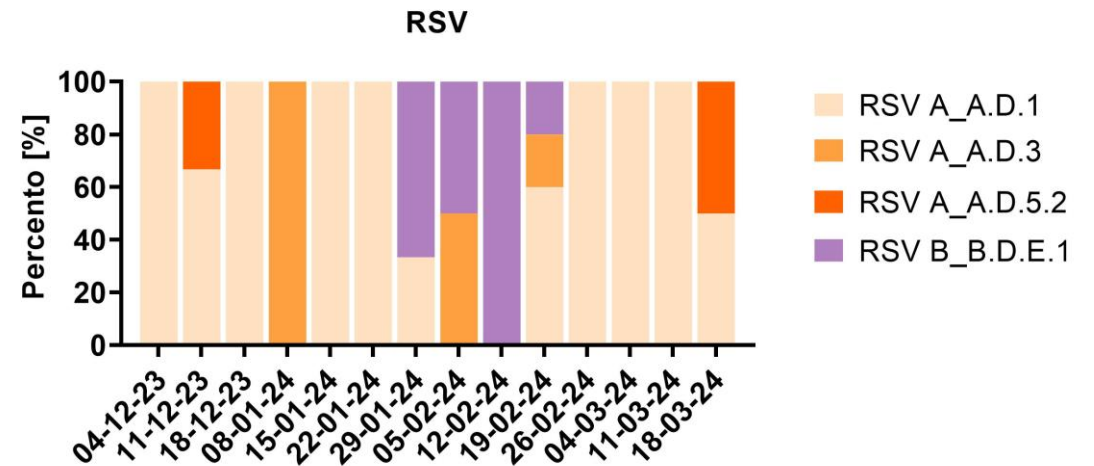
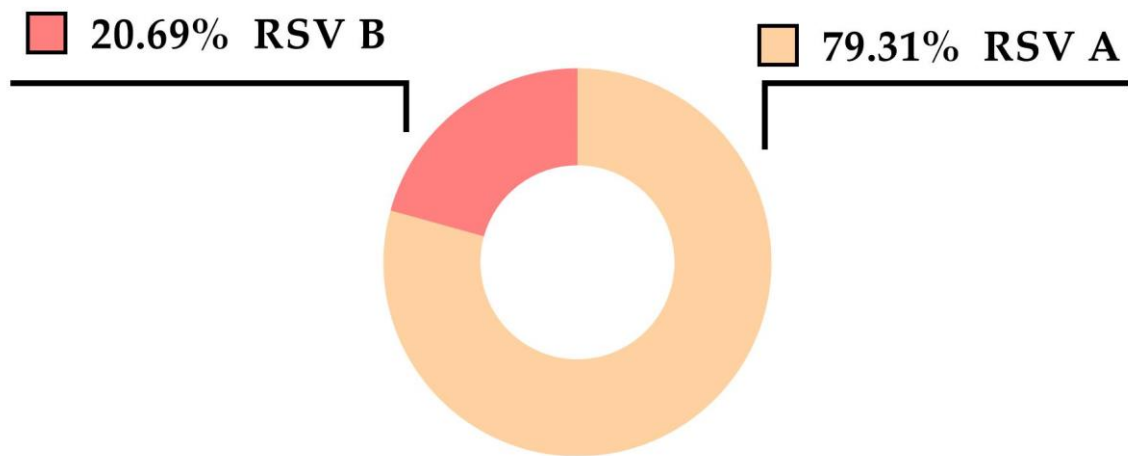
B/Victoria



RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

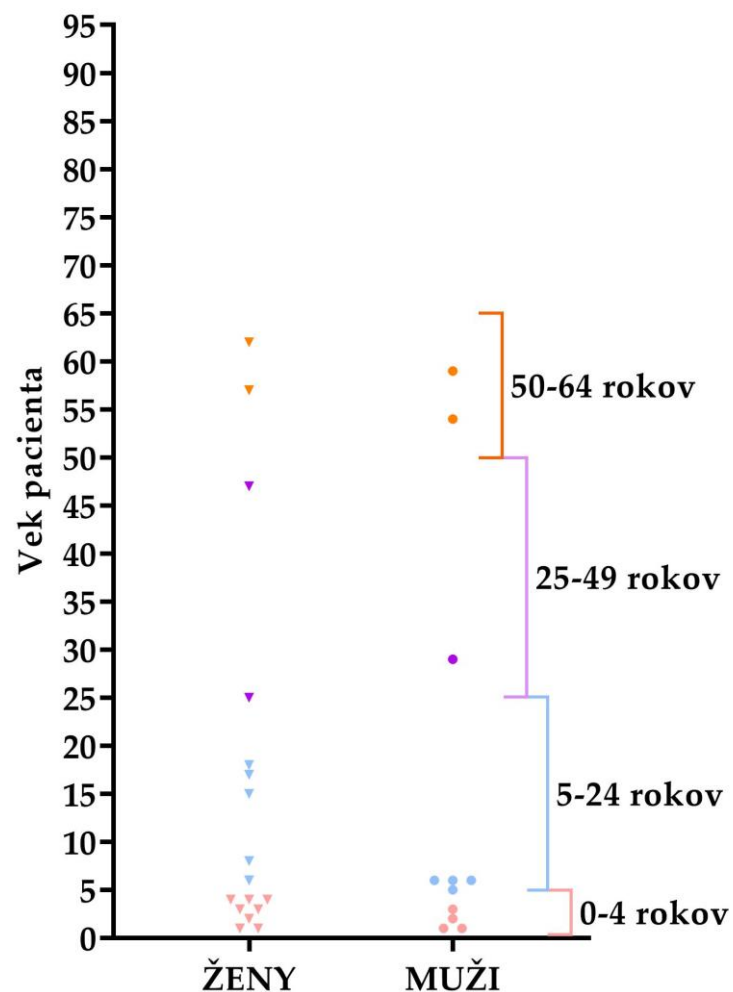
Klinické vzorky sekvenované v chrípkovej sezóne 2023/2024 rozdelené na základe identifikácie subtypu RSV

- 29 vzoriek identifikovaných sekvenovaním ako RSV
- 23 vzoriek bolo priradených RSV subtypu A a 6 vzoriek subtypu B



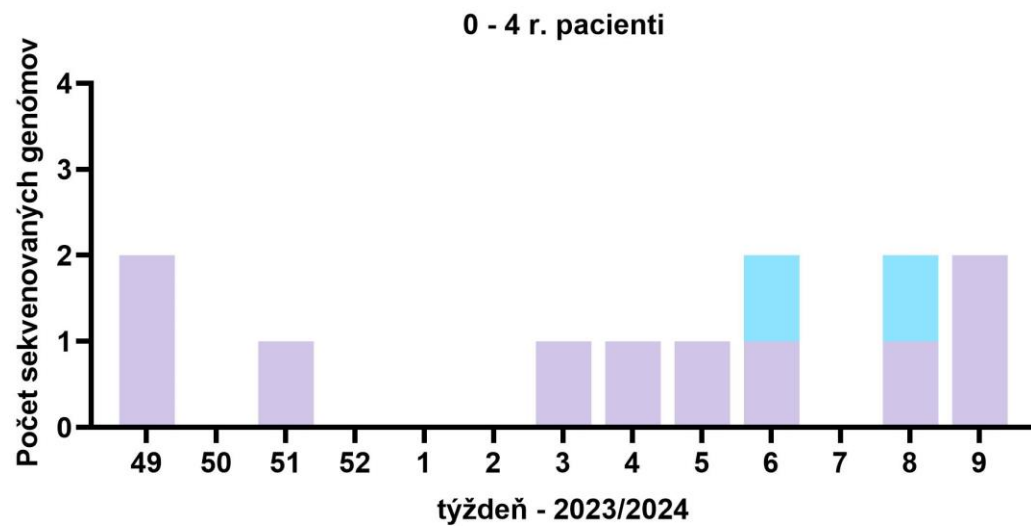
RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Klinické vzorky respiračných patogénov sekvenovaných v chrípkovej sezóne 2023/2024 rozdelené podľa vekových skupín



RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Distribúcia pozitívnych vzoriek na RSV zdieľaných v databáze podľa vekových skupín



RSV A
RSV B

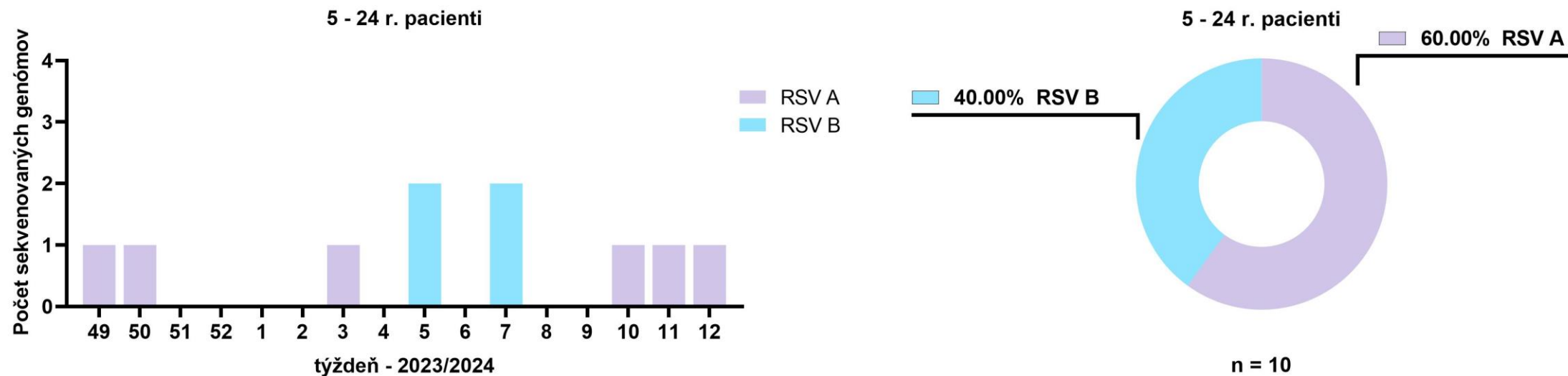
16.67% RSV B



83.33% RSV A

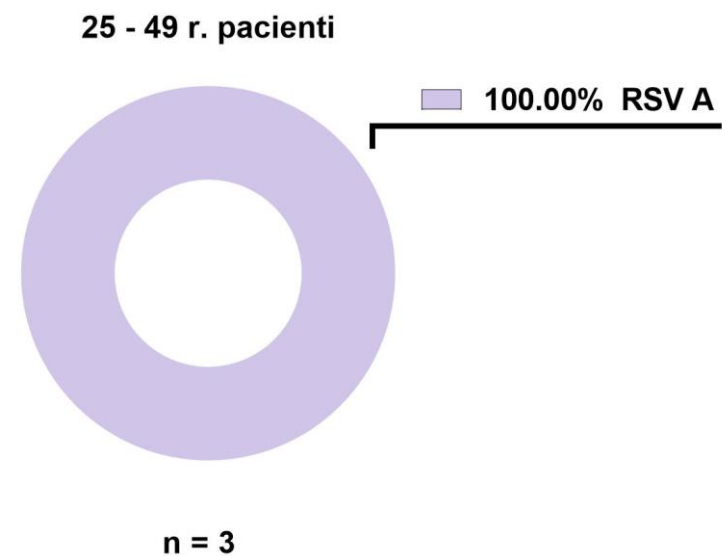
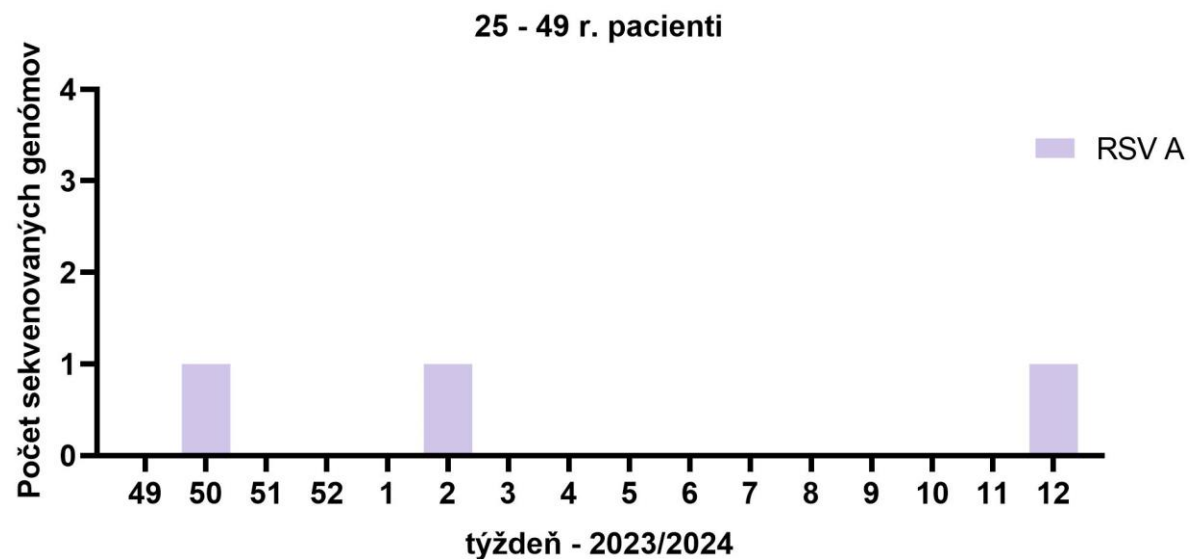
RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Distribúcia pozitívnych vzoriek na RSV zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



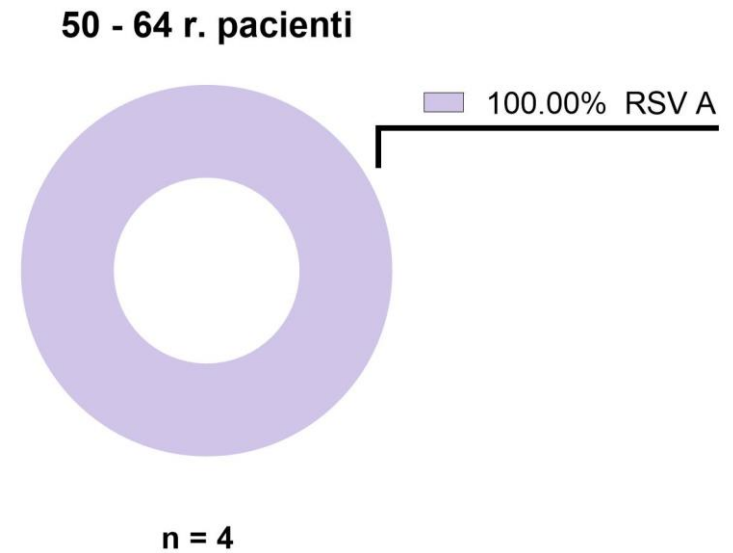
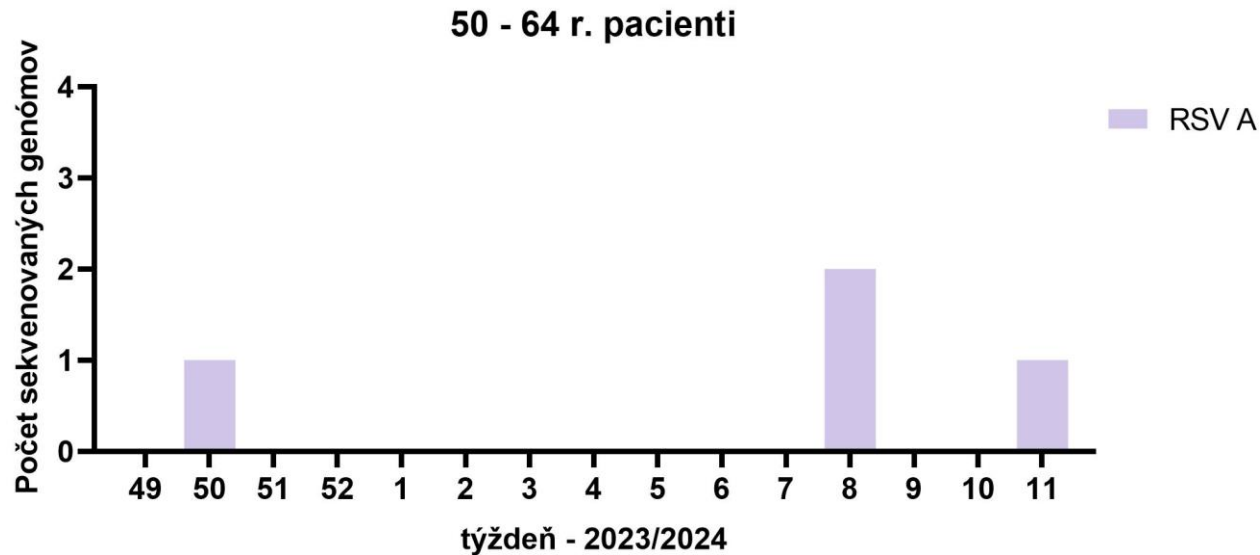
RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Distribúcia pozitívnych vzoriek na RSV zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



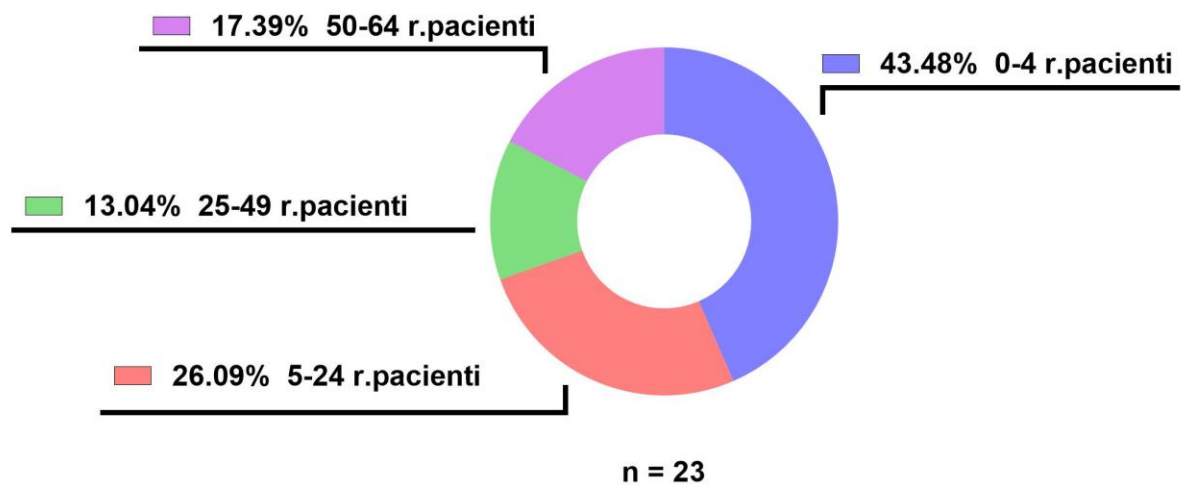
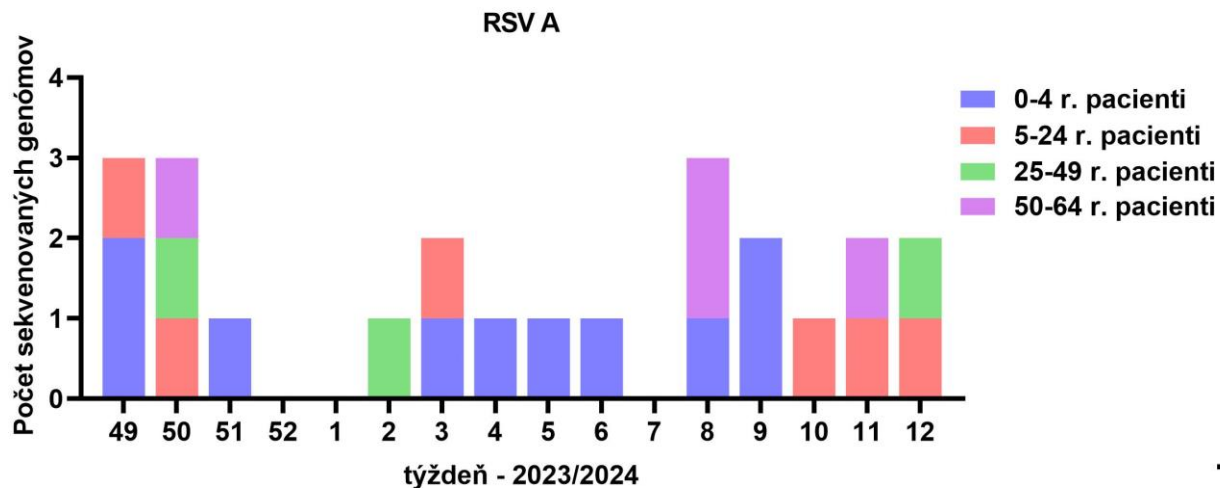
RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Distribúcia pozitívnych vzoriek na RSV zdieľaných v databáze podľa vekových skupín (pokr.)



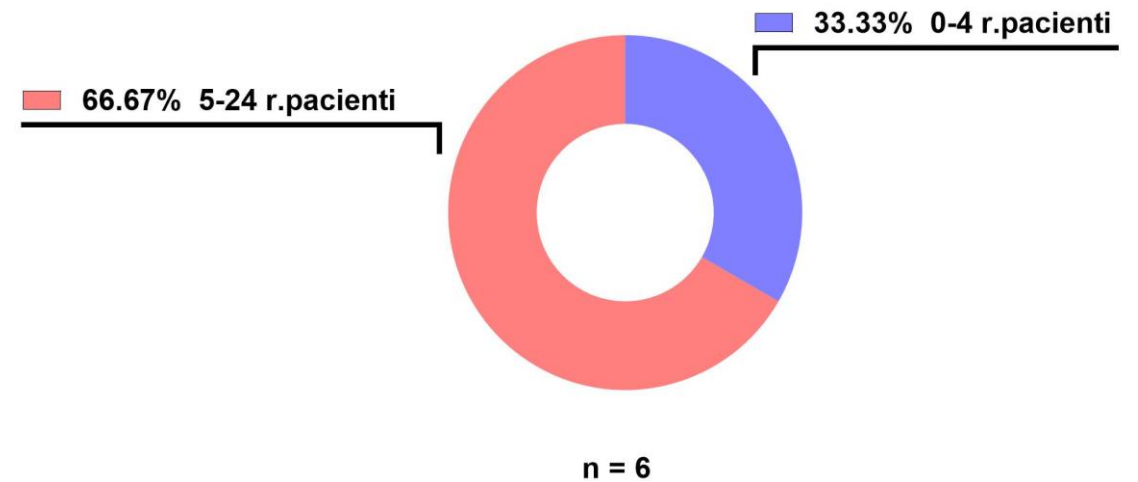
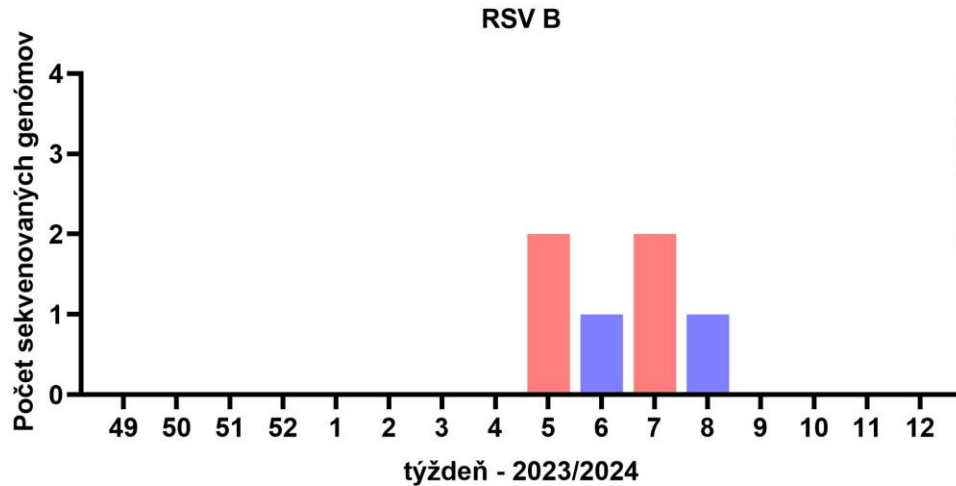
RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Distribúcia pozitívnych vzoriek na RSV zdieľaných v databáze podľa subtypu vírusu



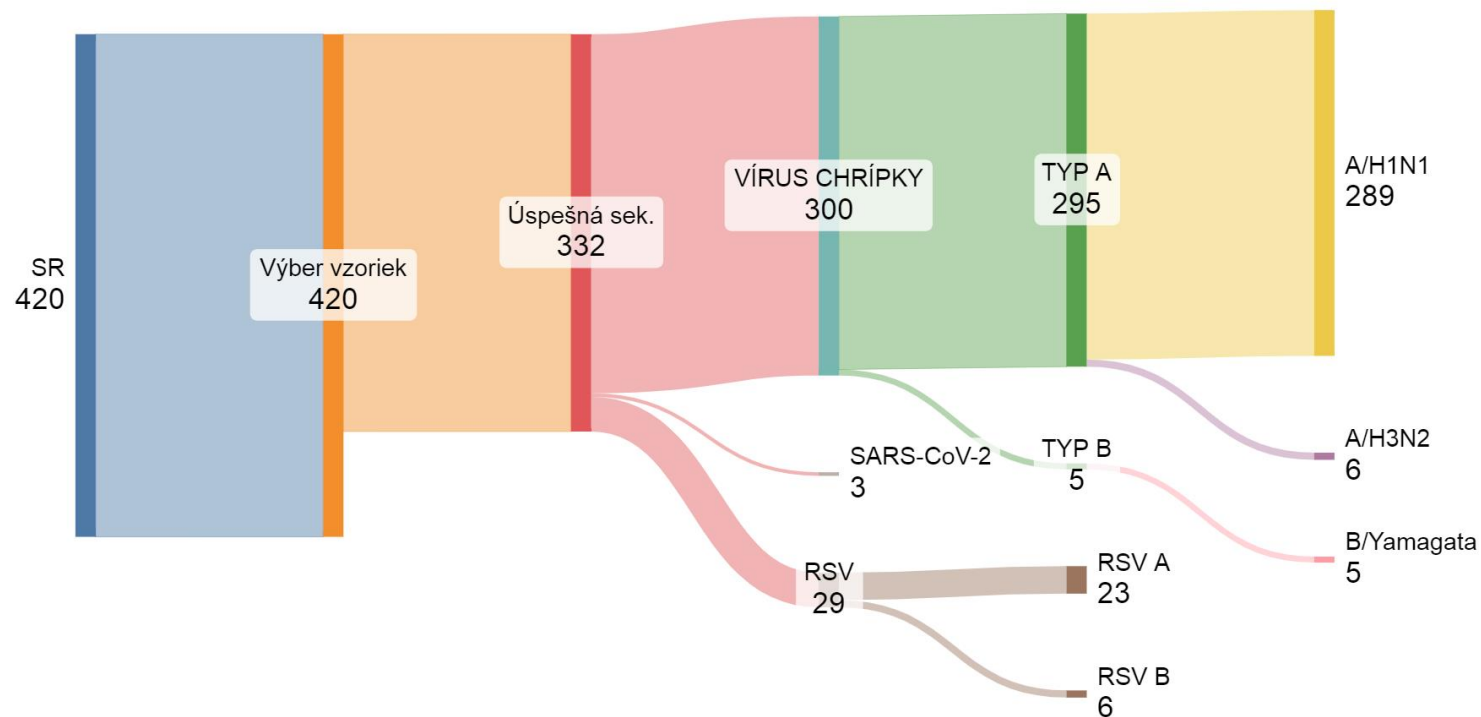
RESPIRAČNÝ SYNCYCIÁLNY VÍRUS

Distribúcia pozitívnych vzoriek na RSV zdieľaných v databáze podľa subtypu vírusu (pokr.)



Sumárny diagram sekvenovaných respiračných patogénov v chrípkovej sezóne 2023/2024

- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých pozitívnych respiračných vzoriek prebieha kompletne vo Vedeckom parku Univerzity Komenského v Bratislave
- výsledky spracovaných dát sú zdieľané s Úradom verejného zdravotníctva Slovenskej republiky a kvalitné konsenzus sekvencie sú nahrávané do medzinárodnej genomickej databázy GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data)



Made at SankeyMATIC.com

Realizácia a poďakovanie pri príprave monitorovacej správy

- pravidelný národný genomický prieskum klinických vzoriek respiračných patogénov je realizovaný v kooperácii Úradu verejného zdravotníctva SR (ÚVZ SR), Vedeckého parku UK (VP UK) a Centra vedecko-technických informácií SR (CVTI SR)
- klinické vzorky pripravil ÚVZ SR, sekvenovanie genómov a ich analýzu spracovali VP UK a CVTI SR za využitia informačného systému NarCoS (Národné COVID-19 sekvenovanie), ktorý vyvinul tím na VP UK
- Financovanie Národného genomického dozoru:
 - 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.
 - Ministerstvo školstva, výskumu, vývoja a mládeže Slovenskej republiky
- spracovanie dát, vizualizácia a príprava monitorovacej správy: Peter Radvák
- vývojový tím informačného systému NarCoS: Tomáš Szemes, Jaroslav Budiš, Tomáš Sládeček, Miroslav Böhmer, Michaela Gažiová, Jozef Sitarčík, Jozef Martiš, Oliver Kubička, Pavol Mišenko
- organizačná a experimentálna časť spracovania vzoriek: Tatiana Sedláčková, Edita Staroňová, Elena Tichá, Lucia Ševčíková, Terézia Ďuranová, Monika Kubáňová