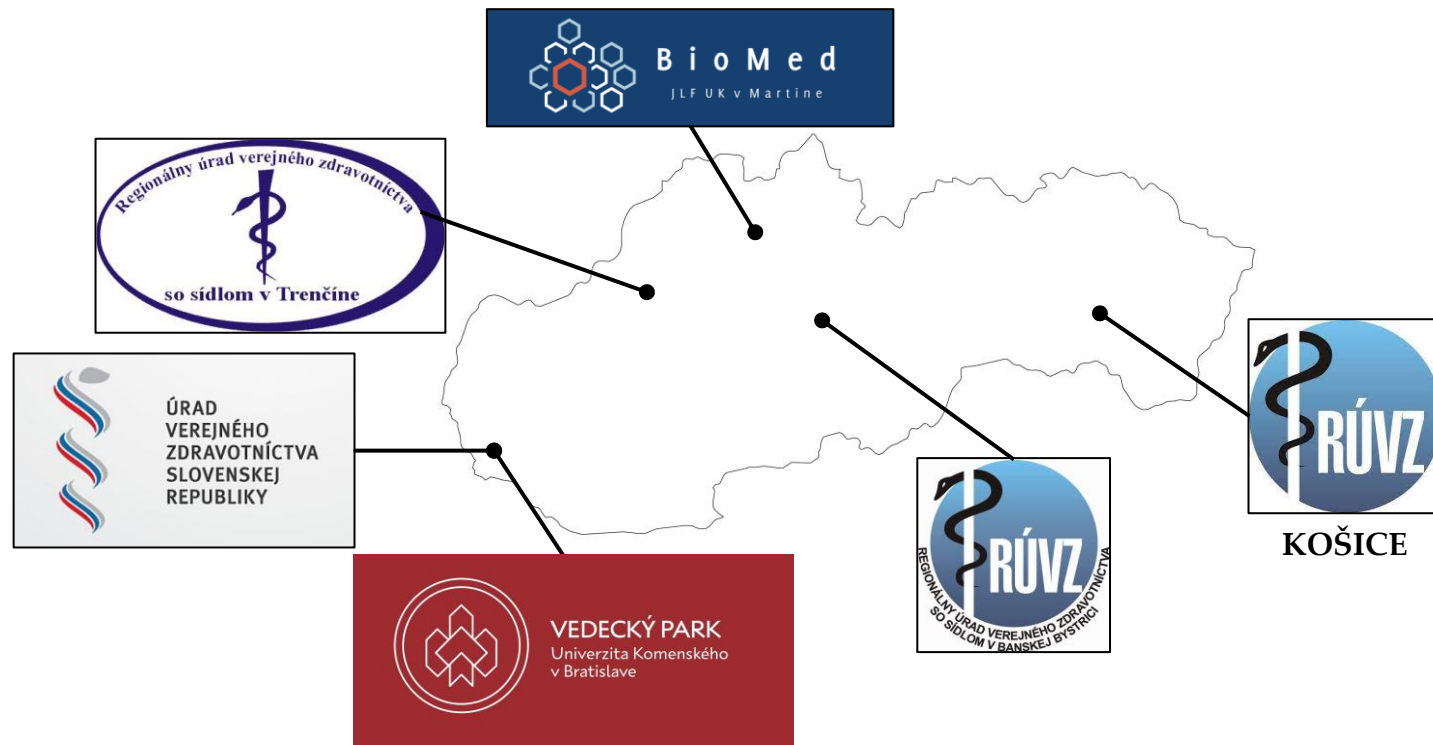


Monitorovacia správa o cirkulujúcich variantoch vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE

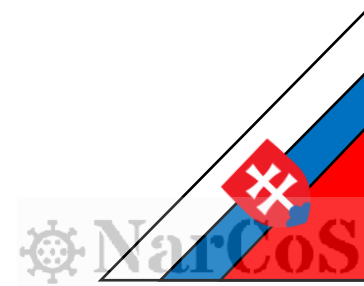


VEDECKÝ PARK
Univerzita Komenského
v Bratislave

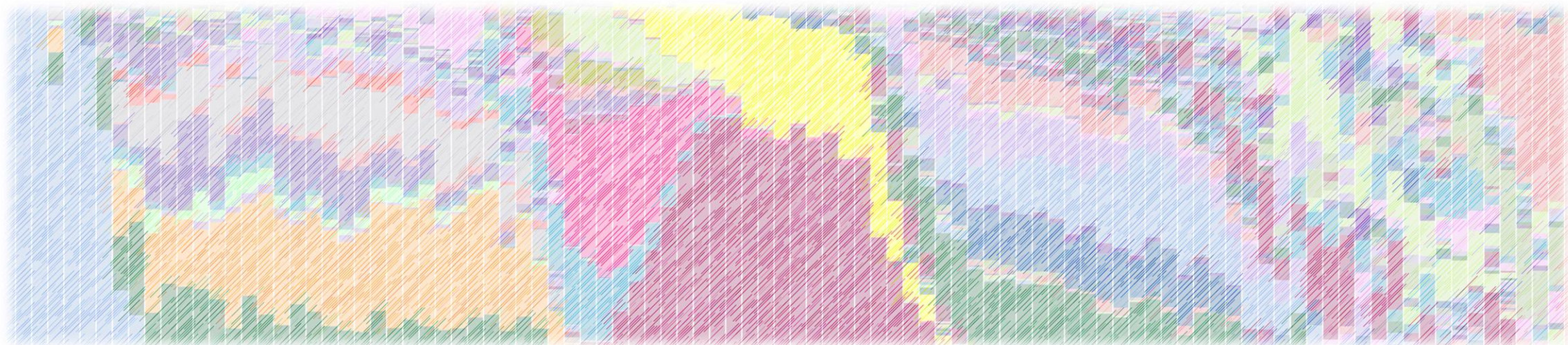


MINISTERSTVO

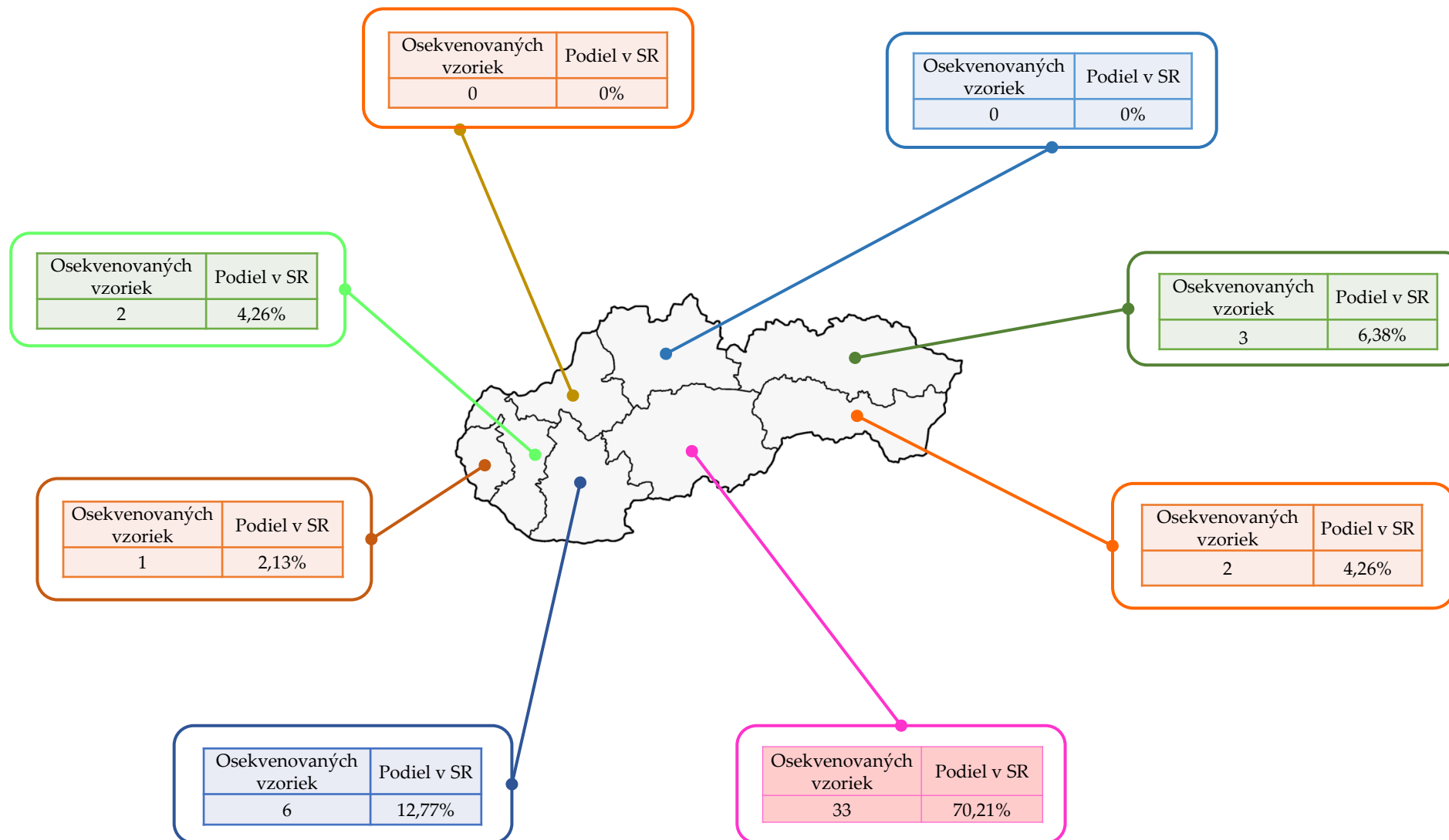
ŠKOLSTVA, VÝSKUMU,
VÝVOJA A MLÁDEŽE
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



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



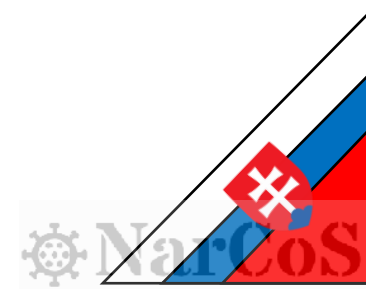
Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v 14. – 35. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (14. – 35. týždeň/2024)

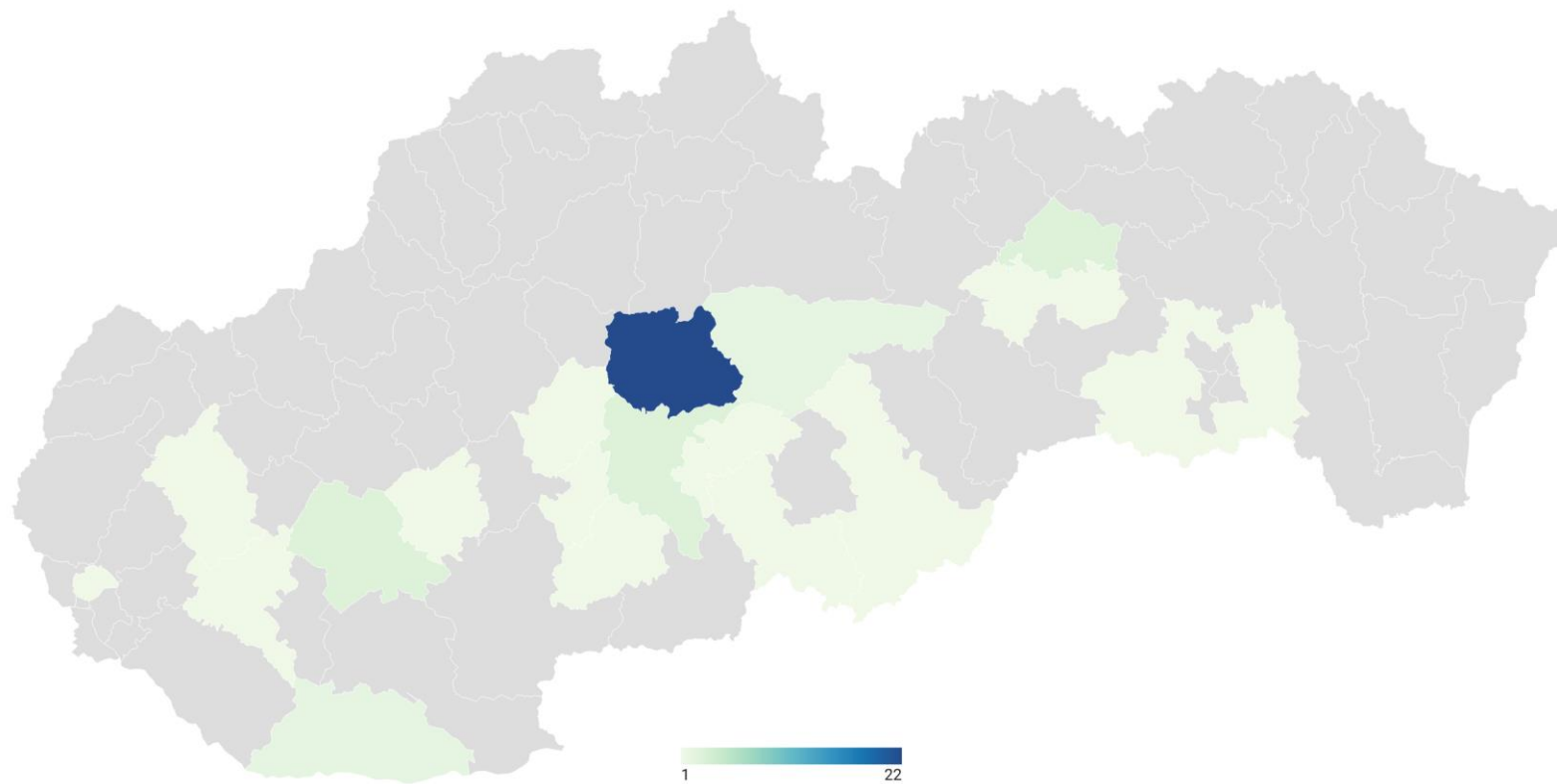
- v sledovanom období (1.4. – 31.8. 2024) zachytených 1 155 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 47 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 29 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 61,7% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 2,5%
- vloženie 23 (79,3% z 29 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- v sledovanom období bola v analyzovaných vzorkách zastupená línia KP.3
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (59,6%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Svetová zdravotnícka organizácia



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 14. – 35. kalendárnom týždni (r. 2024) v SR podľa okresov

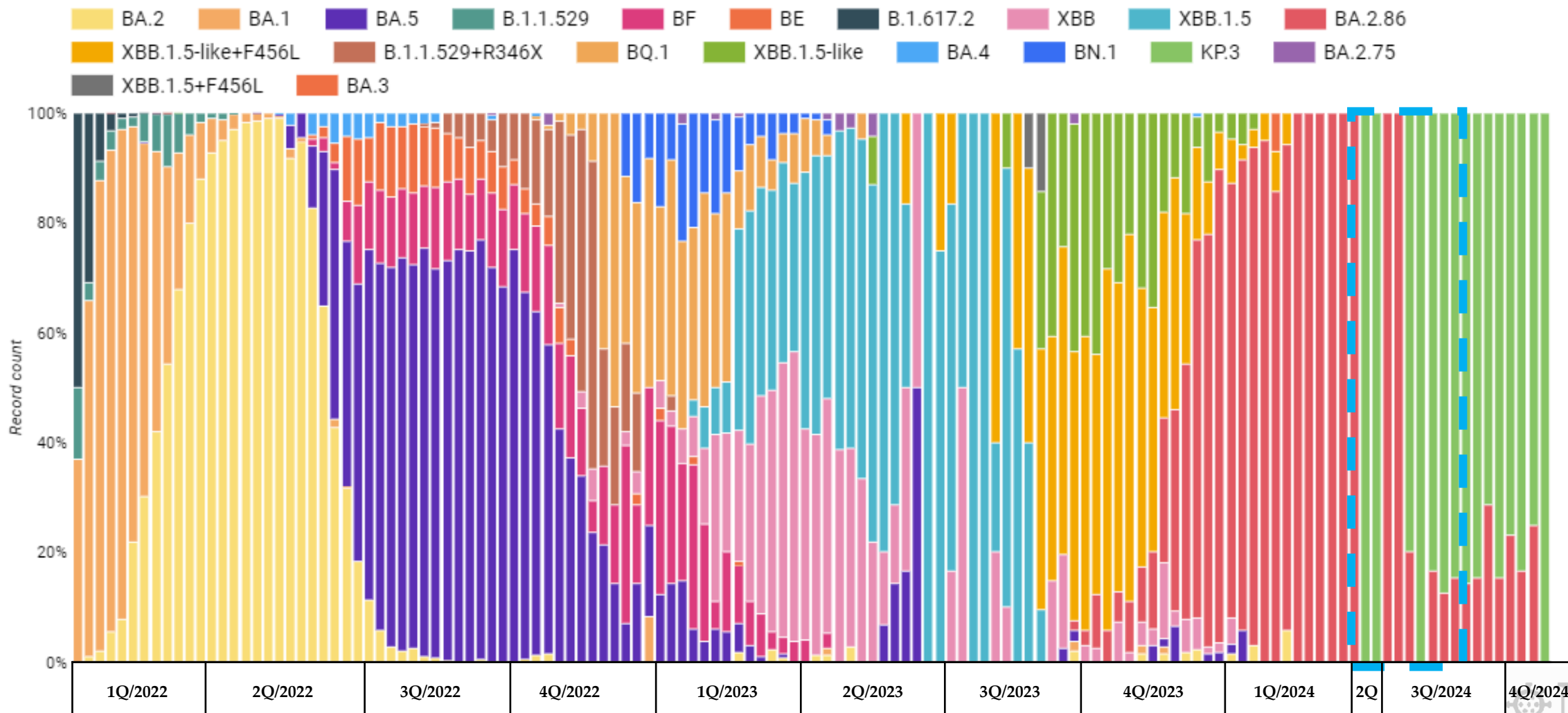
- o najväčšie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresu Banská Bystrica



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

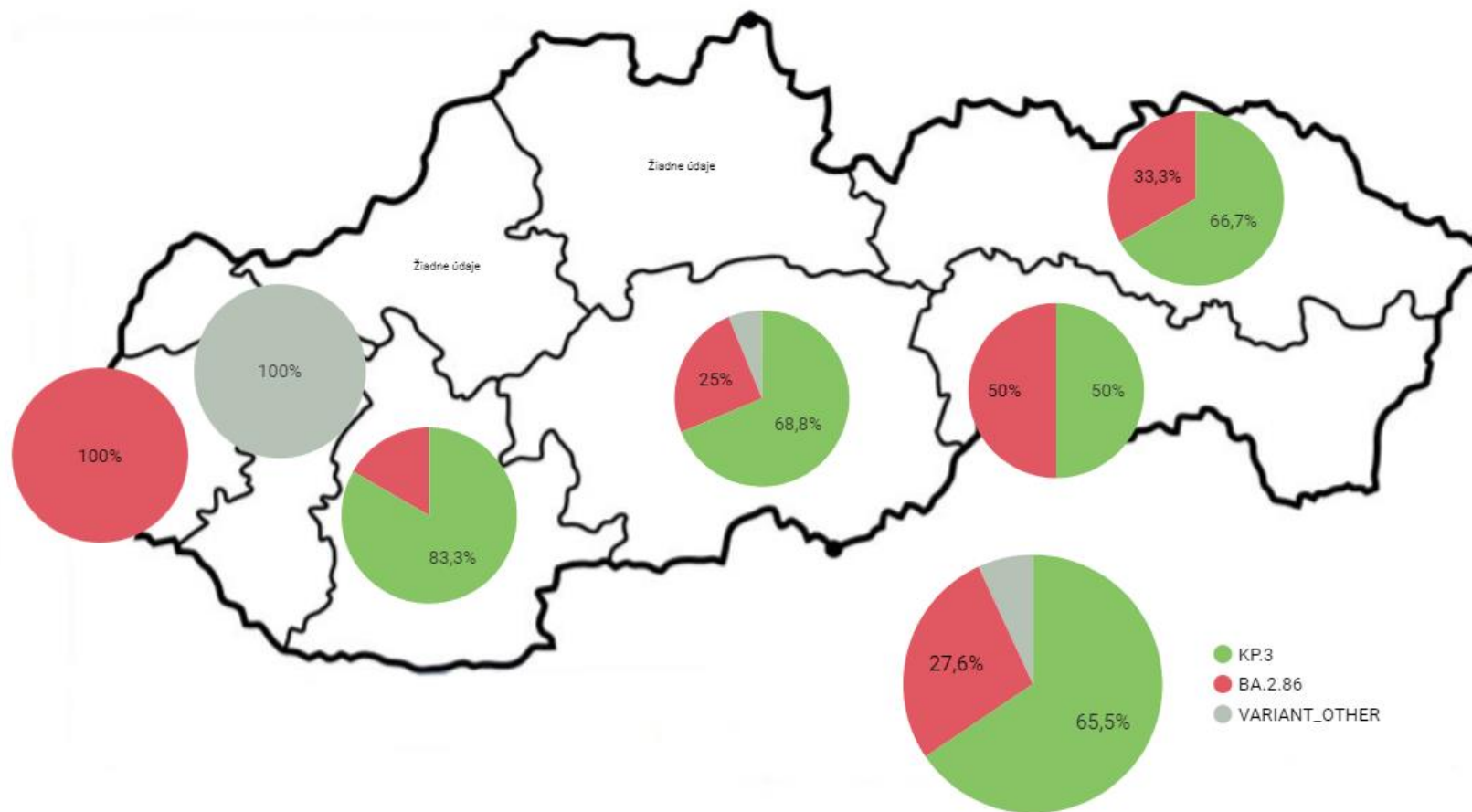
Kumulatívny prehľad zachytených variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel línií: KP.3- 65,5% (n=19); BA.2.86– 27,6% (n=8); VARIANT_OTHER*-6,9% (n=2)
- *skupina VARIANT_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 14. – 35. týždni (r. 2024)

- línia KP.3 bola detekovaná v Nitrianskom, Banskobystrickom, Košickom a Prešovskom kraji
- línia KP.3 bola detekovaná v 65,5% vzoriek

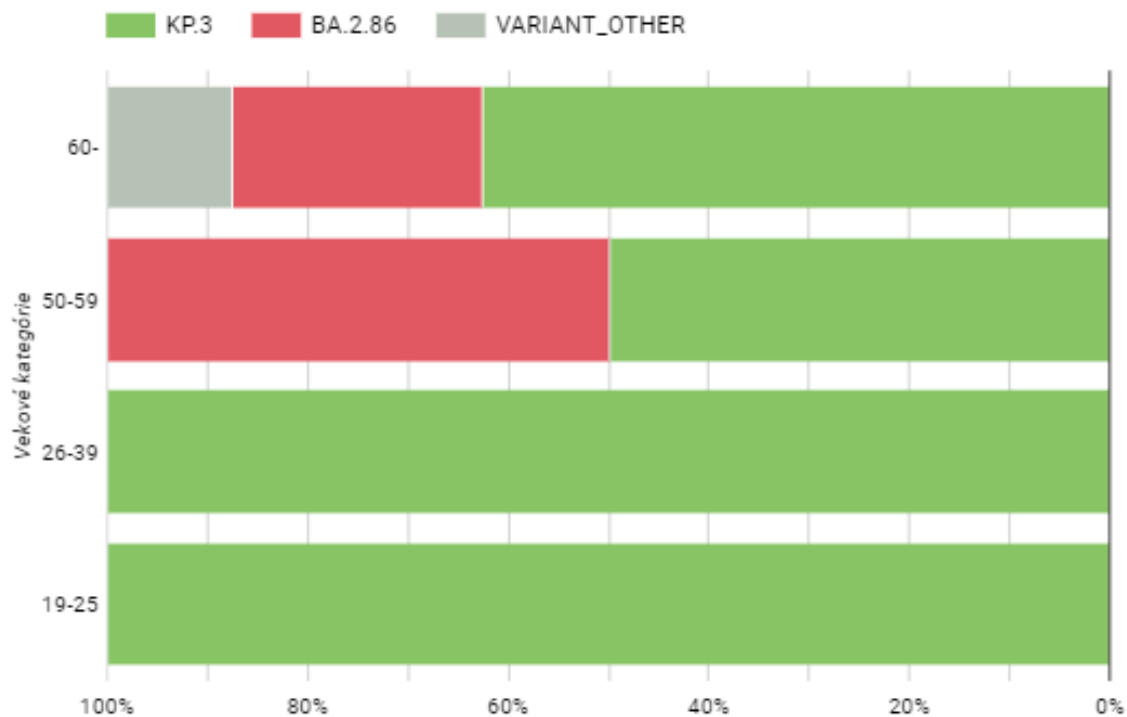


Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

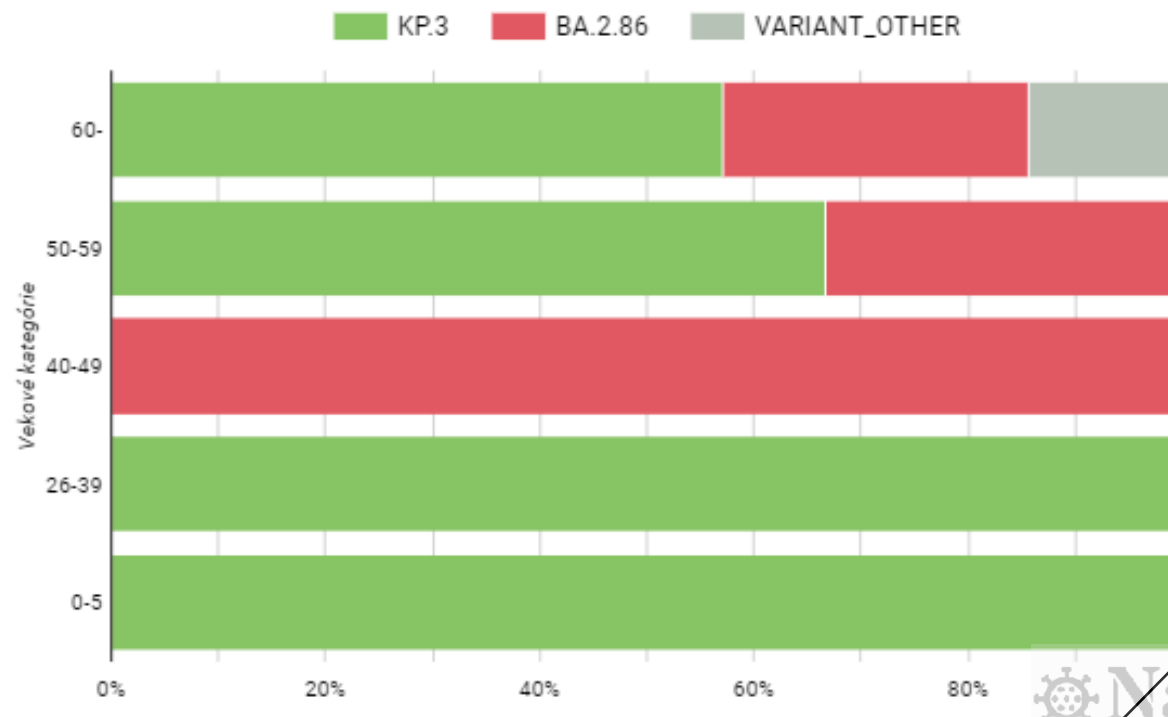
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 51,7% izolovaných vzoriek od žien a 48,3% od mužov
- najviac vyhodnotených vzoriek: veková kategória 60+ (ženy n=8; 27,6% a muži n=7; 24,1%)

| Veková kat. | 60- | 50-59 | 40-49 | 26-39 | 19-25 | 13-18 | 6-12 | 0-5 |
|-------------|-----|-------|-------|-------|-------|-------|------|-----|
| ženy | 8 | 4 | 0 | 2 | 1 | 0 | 0 | 0 |
| muži | 7 | 3 | 1 | 2 | 0 | 0 | 0 | 1 |

ŽENY

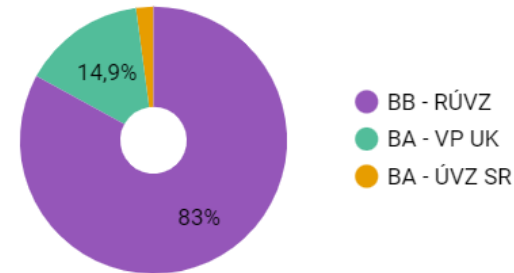


MUŽI

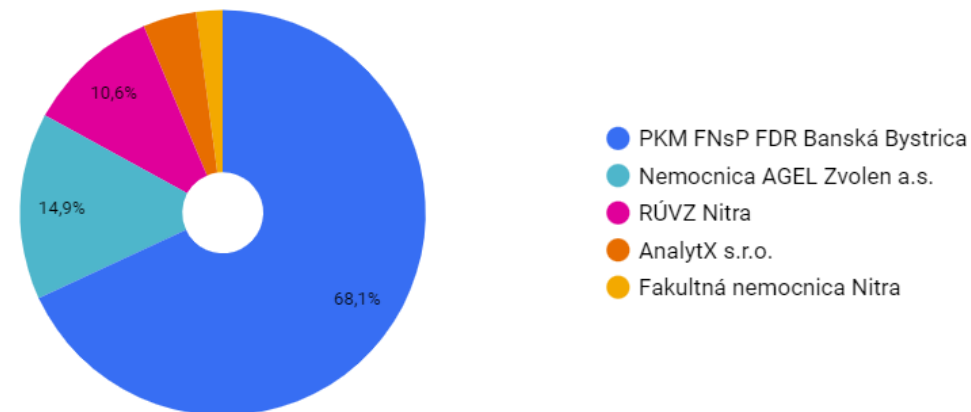


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 14. – 35. týždni (r. 2024)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 83% Regionálny Úrad verejného zdravotníctva Banskej Bystrica
- 14,9% Univerzitný Vedecký park UK Bratislava
- 2,1% Úrad verejného zdravotníctva Bratislava



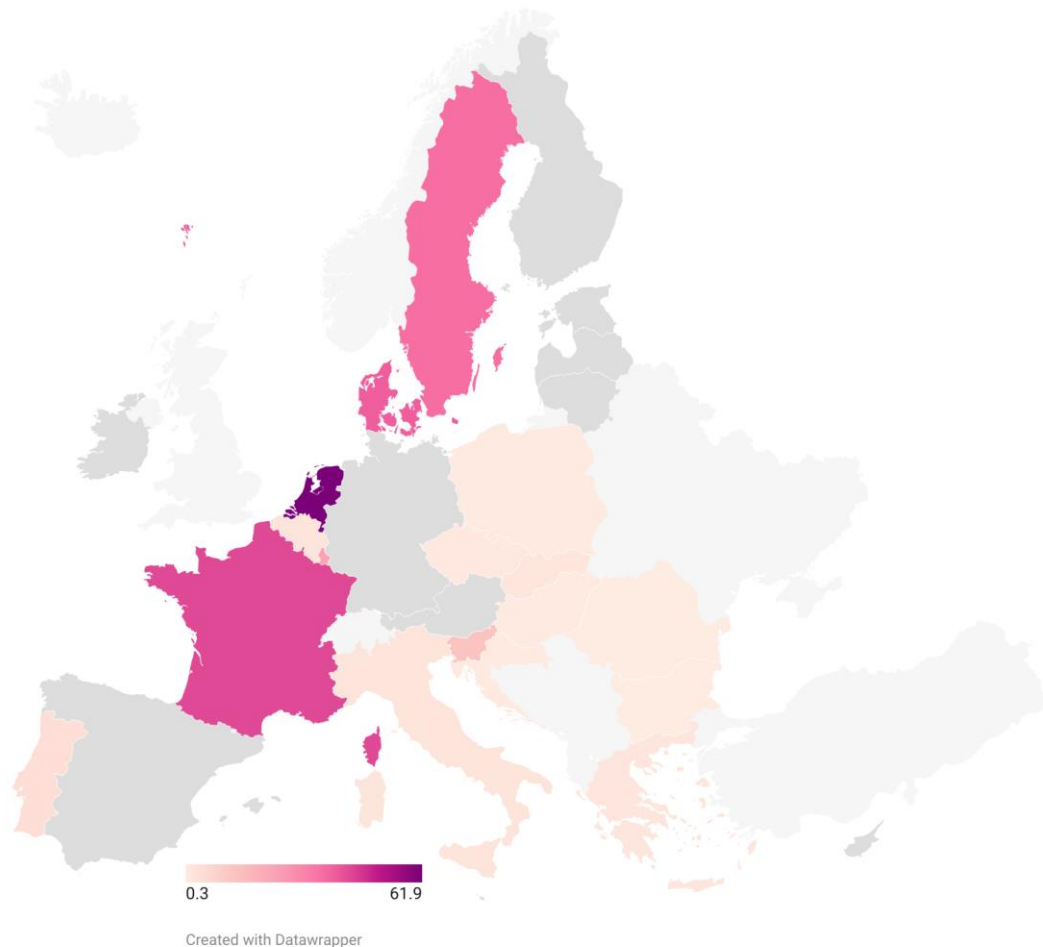
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ (obdobie: 01.04. – 31.08.2024)

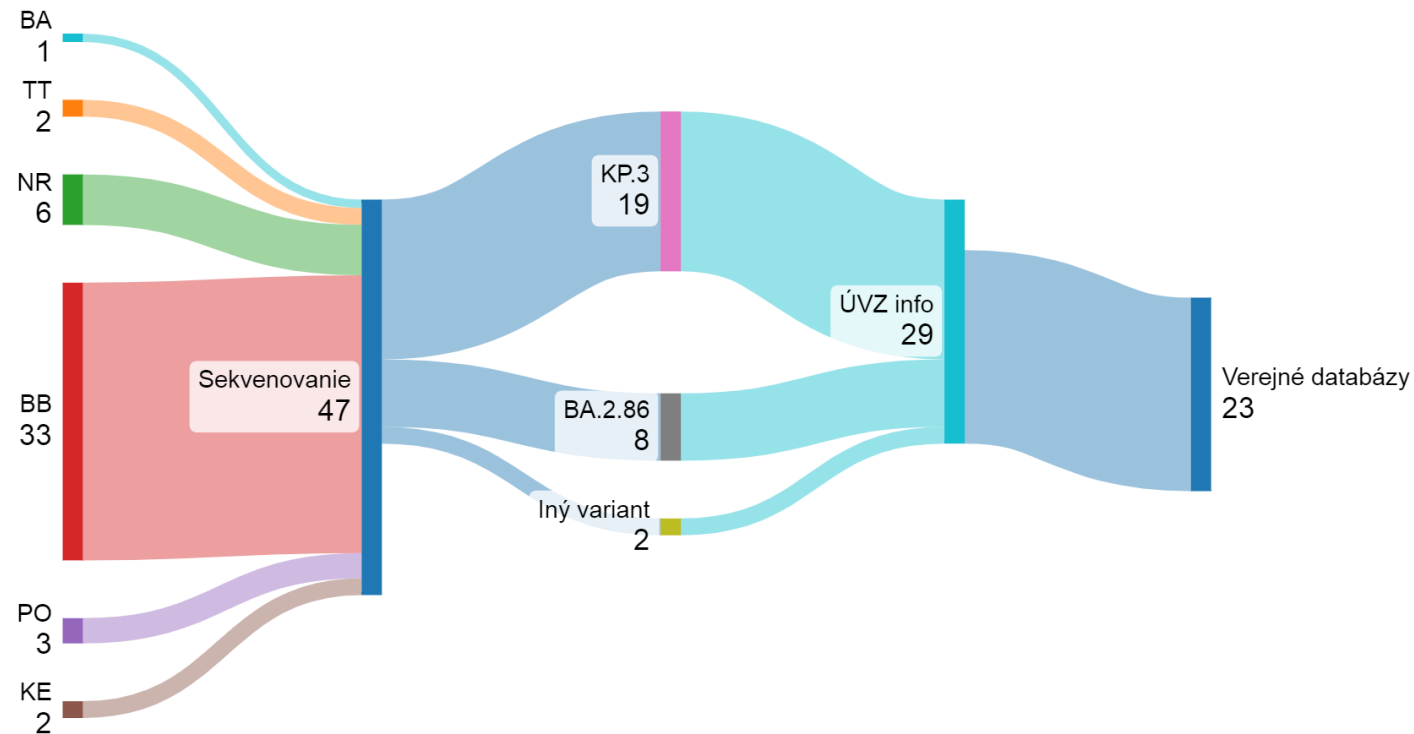
- o v sledovanom období bolo do databázy GISAID uložených 23 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- o za sledované obdobie bolo sekvenovaných 2% pozitívne detegovaných vzoriek v Slovenskej republike
- o (Rakúsko, Írsko, Fínsko, Nemecko, Španielsko, Litva, Lotyšsko, Cyprus, Estónsko a Malta – nedostupné alebo nekompletné dáta)

| Štát | % | Štát | % |
|-------------|------|------------------|------------|
| Holandsko | 61.9 | Slovensko | 2.0 |
| Francúzsko | 43.1 | Grécko | 1.8 |
| Dánsko | 39.1 | Česko | 1.2 |
| Švédsko | 36.0 | Chorvátsko | 0.7 |
| Luxembursko | 23.5 | Poľsko | 0.6 |
| Slovinsko | 12.8 | Maďarsko | 0.5 |
| Portugalsko | 4.6 | Bulharsko | 0.4 |
| Belgicko | 2.3 | Rumunsko | 0.3 |
| Taliansko | 2.3 | | |



- bioinformatická analýza obsiahlych sekvenačných dát všetkých SARS-CoV-2 vzoriek prebieha kompletne v Univerzitnom Vedeckom parku Univerzity Komenského
- výsledky spracovaných dát o variantoch a líniách 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 (01.04. – 31.08.2024)



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 ÚVZ SR, CVTI SR a VP 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, výskumu, vývoja a mládeže Slovenskej republiky
 - 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.
- monitorovaciú správu pripravil: Peter Radvák
- vývojový tím informačného systému NarCoS: Tomáš Szemes, Jaroslav Budiš, Tomáš Sládeček, Miroslav Böhmer, Jozef Sitarčík, Michaela Gažiová, Oliver Kubička
- Experimentálna a organizačná časť spracovania vzoriek: Tatiana Sedláčková, Diana Rusňáková, Edita Staroňová, Anna Kaliňáková, Maďarová Lucia, Beňová Kristína, Onderková Zuzana, Halašová Erika

