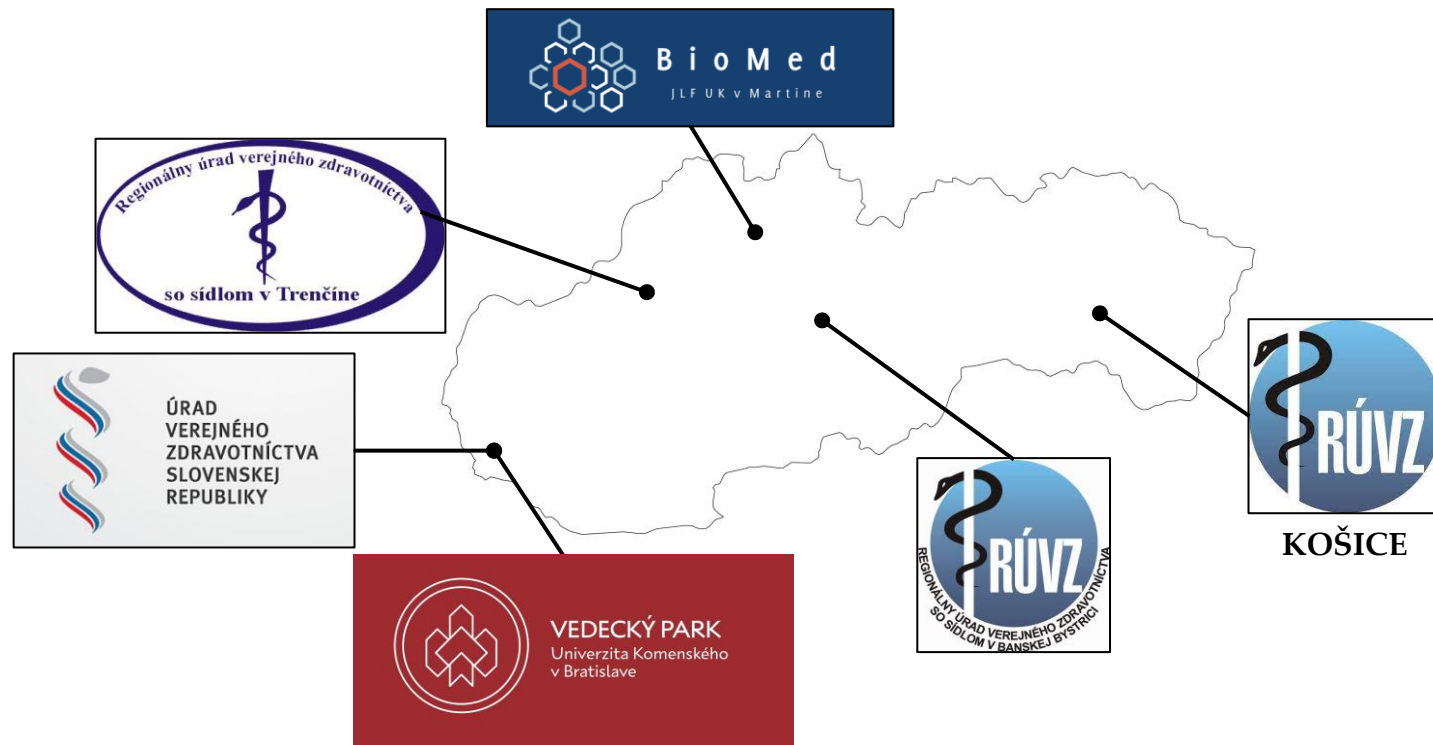


Monitorovacia správa o cirkulujúcich variantoch vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE

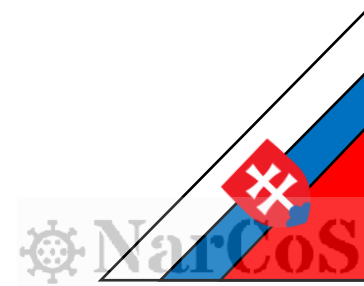


VEDECKÝ PARK
Univerzita Komenského
v Bratislave

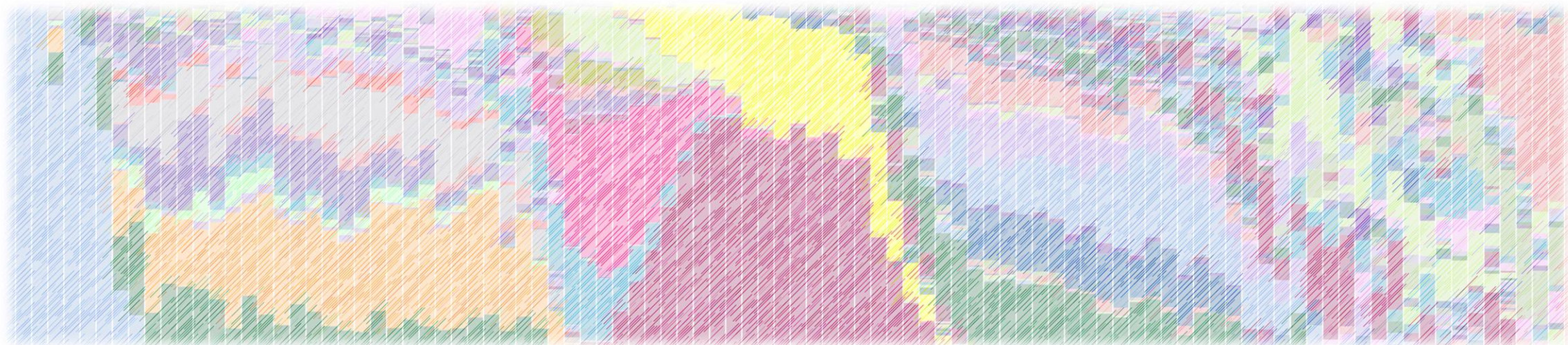


MINISTERSTVO

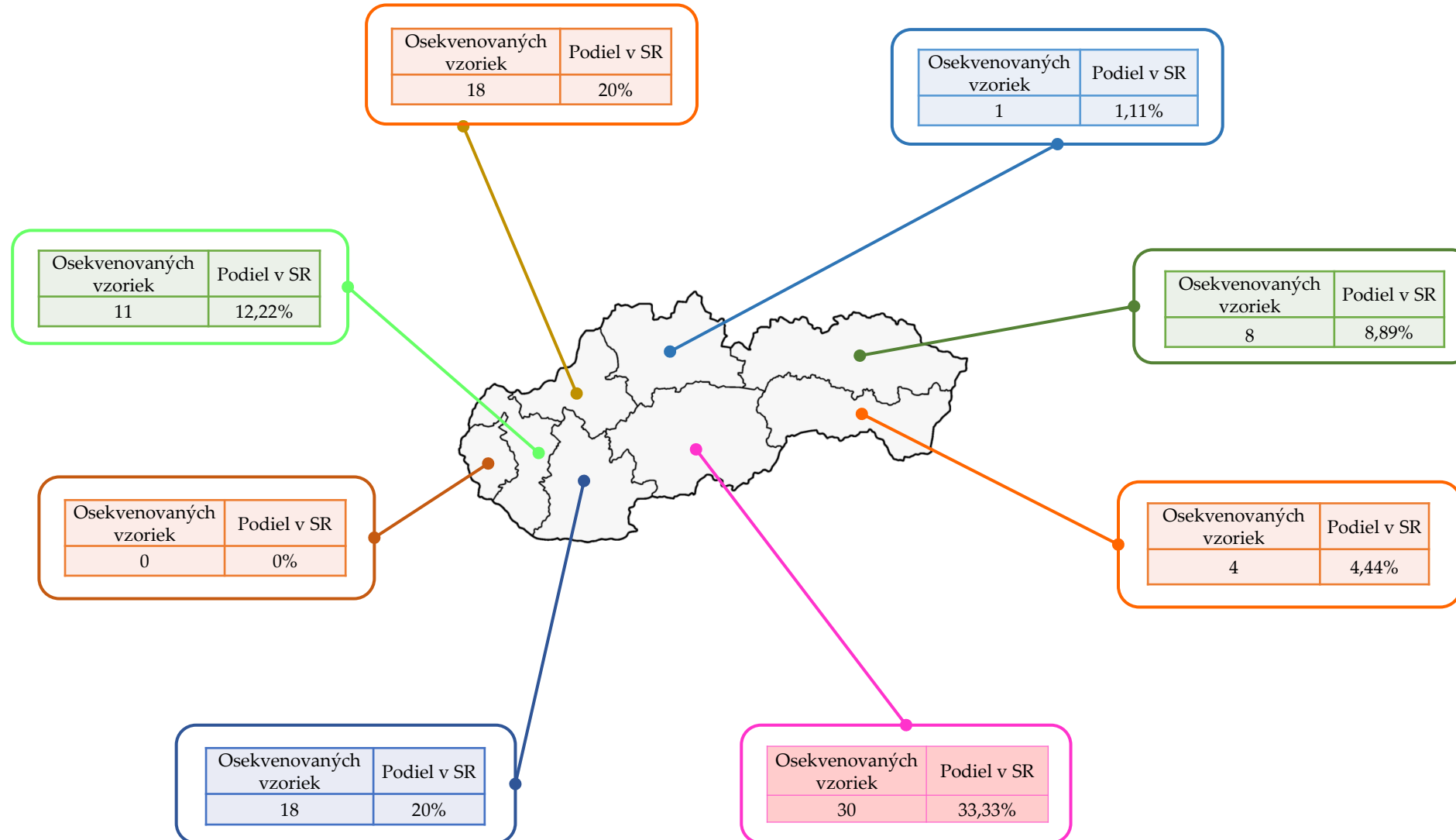
ŠKOLSTVA, VÝSKUMU,
VÝVOJA A MLÁDEŽE
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



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



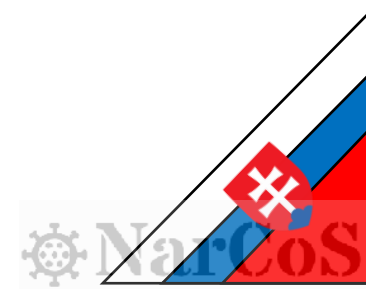
Prehľad SARS-CoV-2 sekvenovaných vzoriek v SR podľa krajov od 01.09. do 30.09.2024 (35. – 40. týždeň/2024)



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (35. – 40. týždeň/2024)

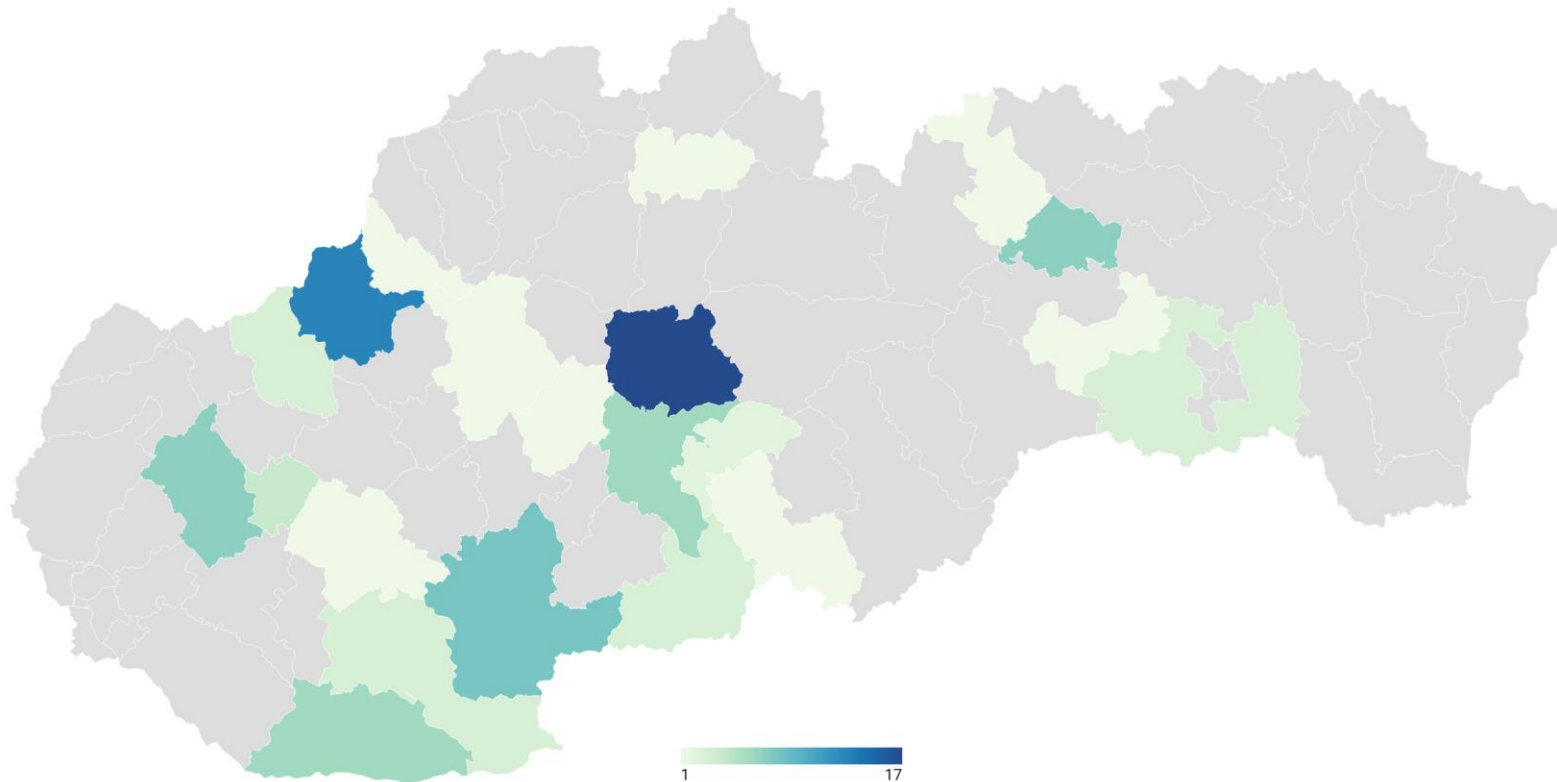
- v sledovanom období (01.09. – 30.09. 2024) zachytených 2 388 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 90 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu a línie vírusu
- 80 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 88,8% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 3,35%
- vloženie 57 (71,3% z 80 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+ (60%)
- Slovensko participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Svetová zdravotnícka organizácia



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v SR podľa okresov od 01.09. do 30.09.2024 (35. – 40. týždeň/2024)

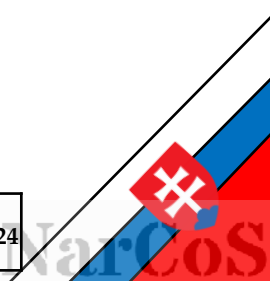
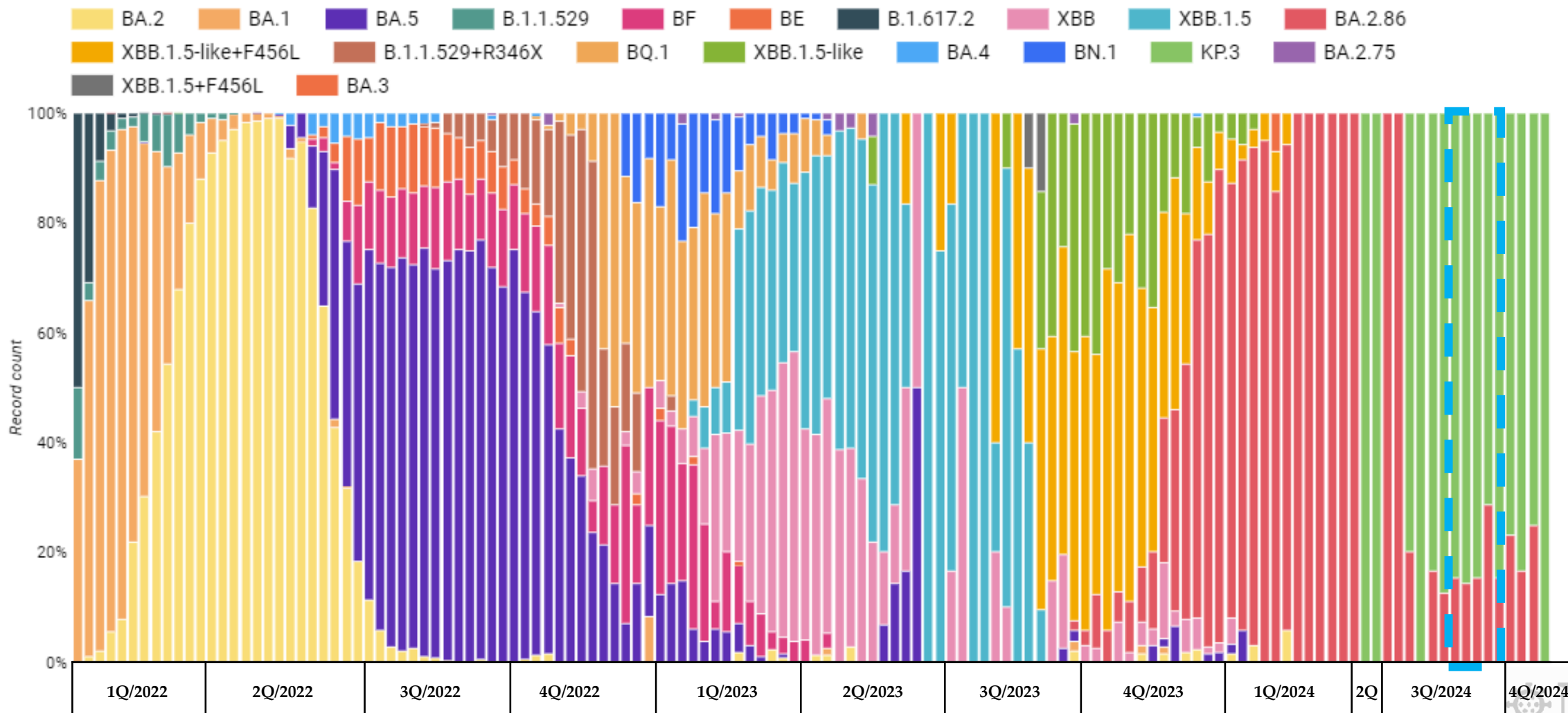
- o najväčšie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresu Banská Bystrica a Trenčín



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

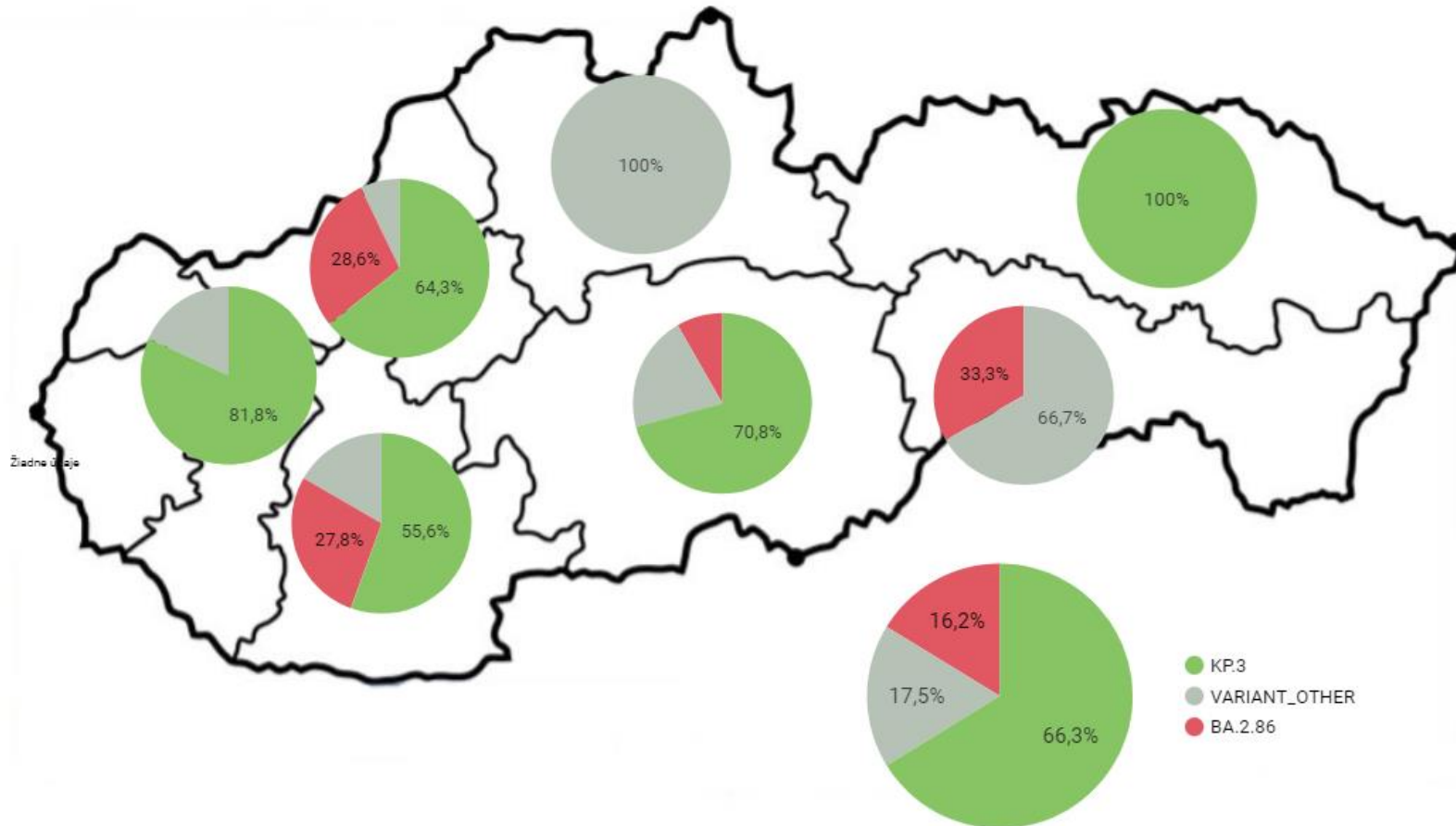
Kumulatívny prehľad zachytených variantov a línií SARS-CoV-2 v SR podľa týždňov

- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel línií: KP.3- 66,3% (n=53); VARIANT_OTHER*-17,5% (n=14); BA.2.86– 16,3% (n=13)
- *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 od 01.09. do 30.09.2024 (35. – 40. týždeň/2024)

- línia KP.3 bola detekovaná v Trnavskom, Nitrianskom, Trenčianskom, Banskobystrickom a Prešovskom kraji
- línia KP.3 bola detekovaná v 66,3% vzoriek

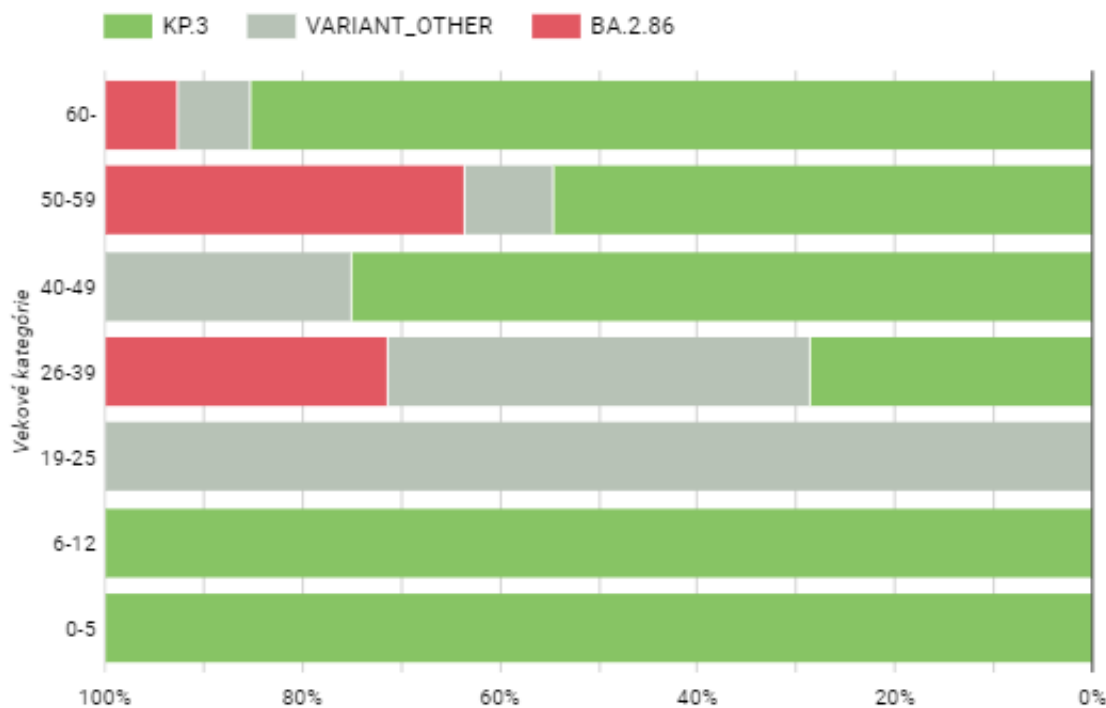


Zastúpenie variantov a línií SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

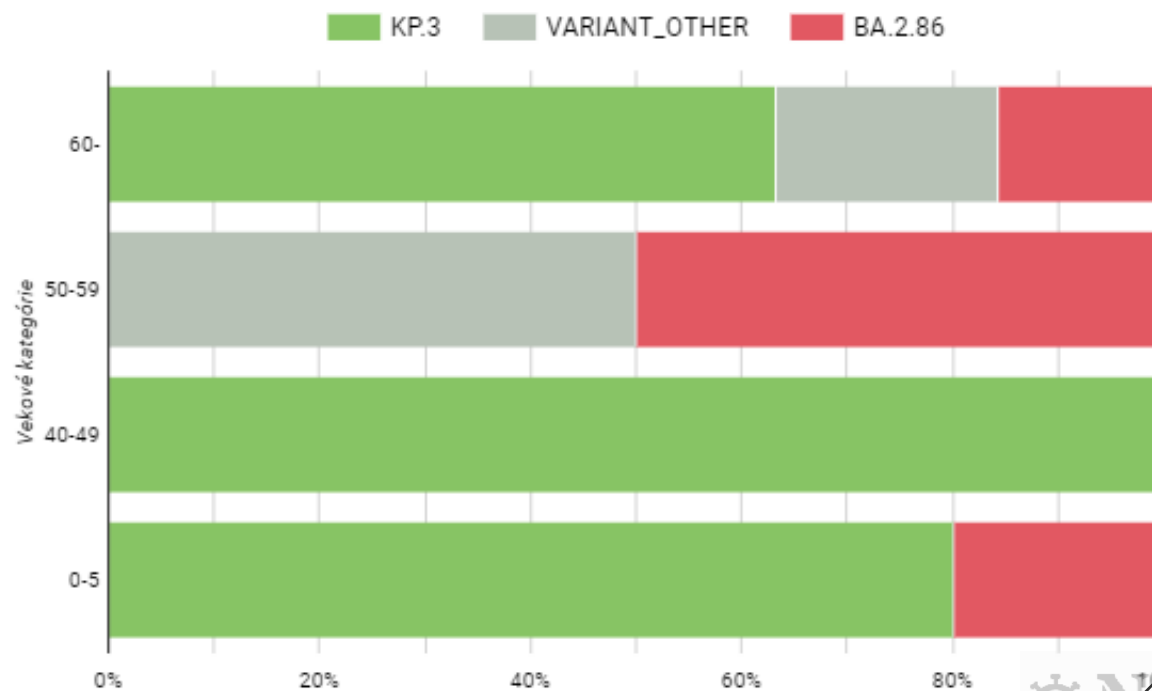
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 66,25% izolovaných vzoriek od žien a 33,75% od mužov
- najviac vyhodnotených vzoriek: veková kategória 60+ (ženy n=27; 33,75% a muži n=19; 23,75%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	27	11	4	7	2	0	1	1
muži	19	2	1	0	0	0	0	5

ŽENY

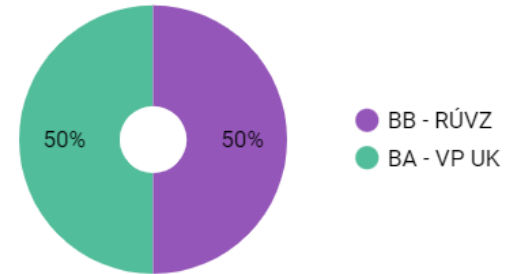


MUŽI

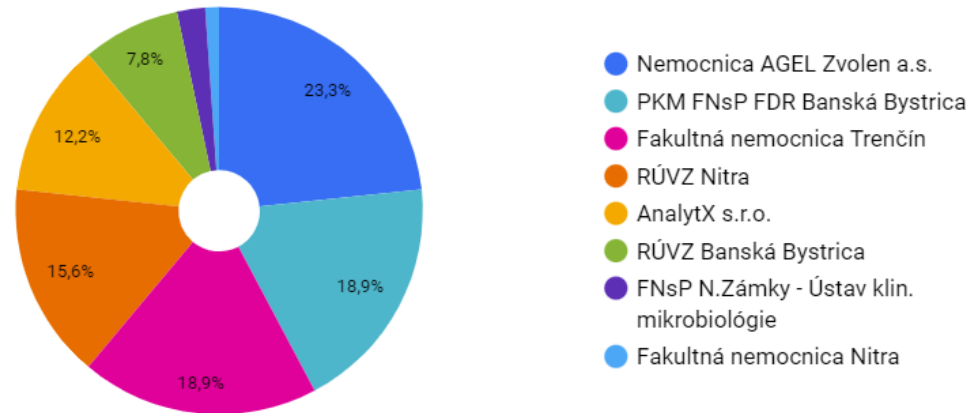


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek od 01.09. do 30.09.2024 (35. – 40. týždeň/2024)

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 50% Regionálny Úrad verejného zdravotníctva Banskej Bystrica
- 50% Univerzitný Vedecký park UK Bratislava



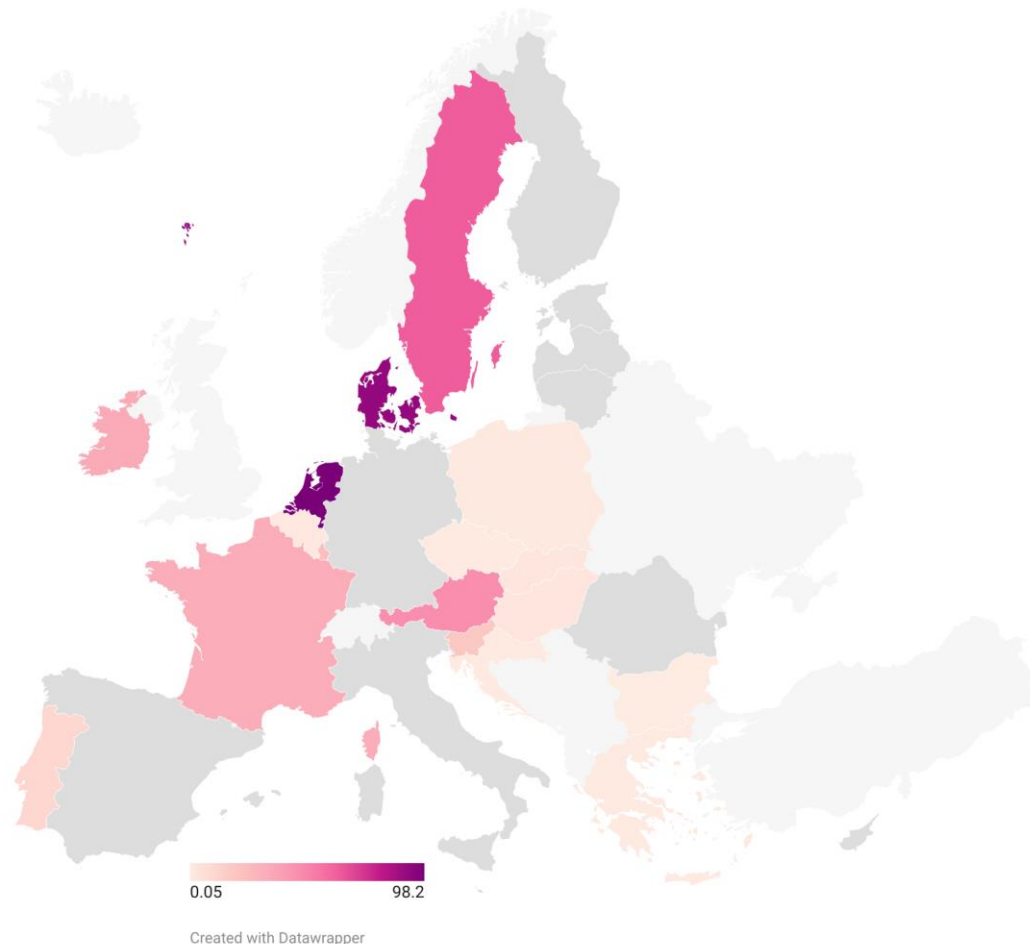
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ (obdobie: 01.09. – 30.09.2024)

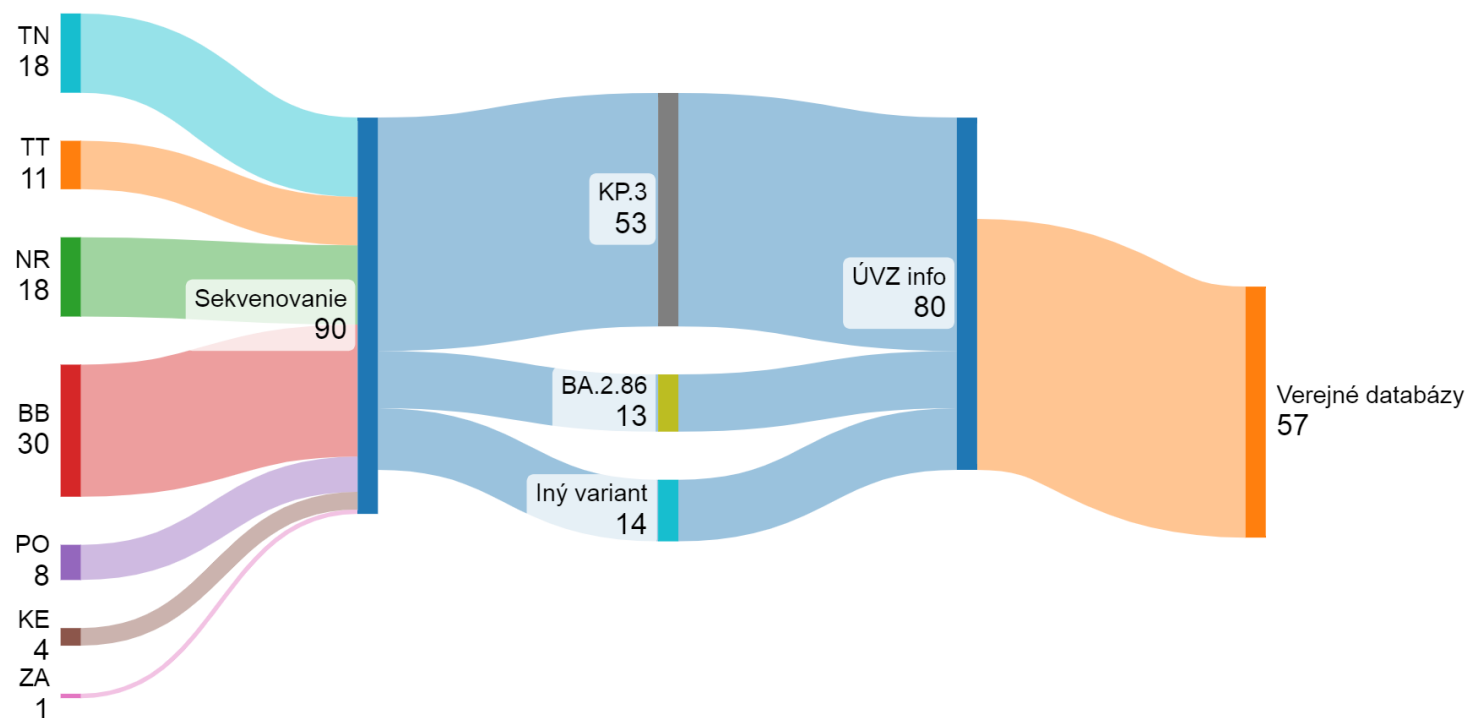
- v sledovanom období bolo do databázy GISAID uložených 57 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- za sledované obdobie bolo sekvenovaných 2,39% pozitívne detegovaných vzoriek v Slovenskej republike (Taliansko, Fínsko, Nemecko, Španielsko, Litva, Lotyšsko, Cyprus, Estónsko, Rumunsko a Malta – nedostupné alebo nekompletné dáta)

Štát	%	Štát	%
Holandsko	98.20	Maďarsko	2.61
Dánsko	91.30	Slovensko	2.39
Švédsko	62.17	Belgicko	1.53
Rakúsko	45.78	Poľsko	1.18
Írsko	33.64	Grécko	0.79
Francúzsko	32.38	Česko	0.59
Luxembursko	23.23	Chorvátsko	0.55
Slovinsko	18.15	Bulharsko	0.05
Portugalsko	10.46		



- 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 (01.09. – 30.09.2024)



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.
- monitorovaciu 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

