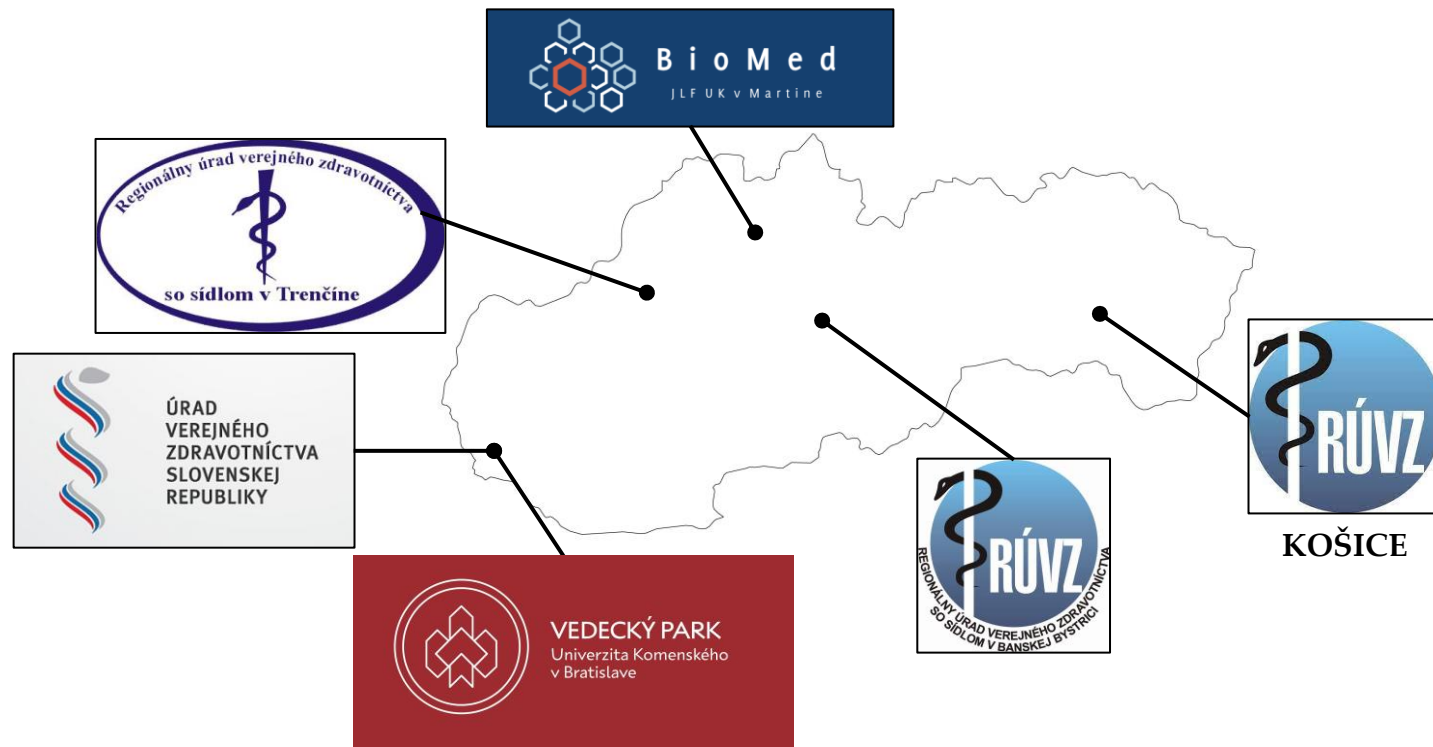
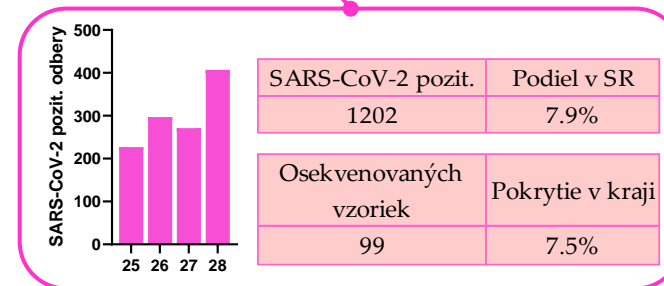
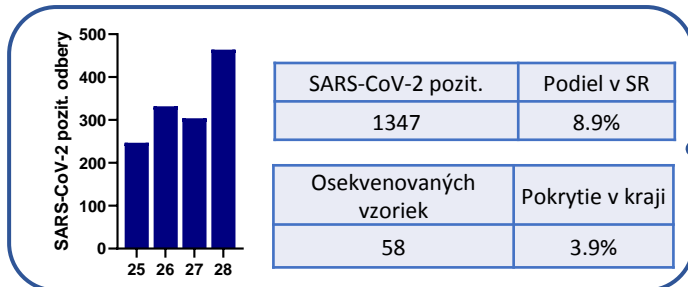
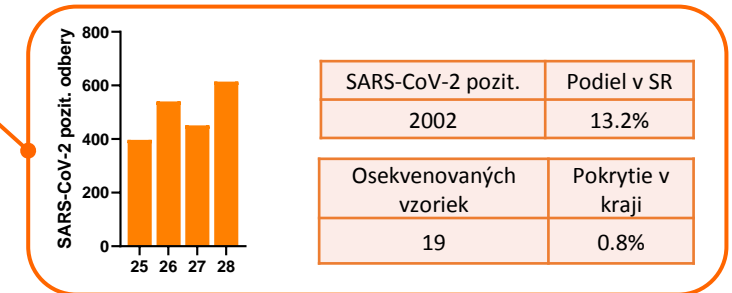
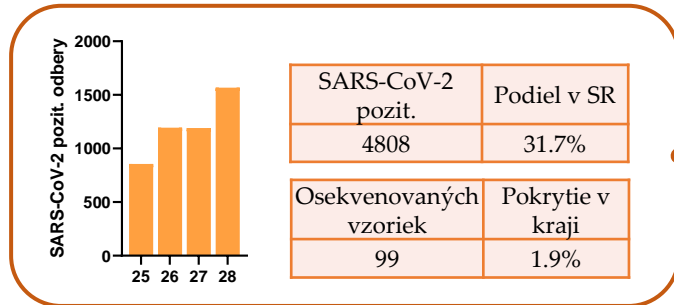
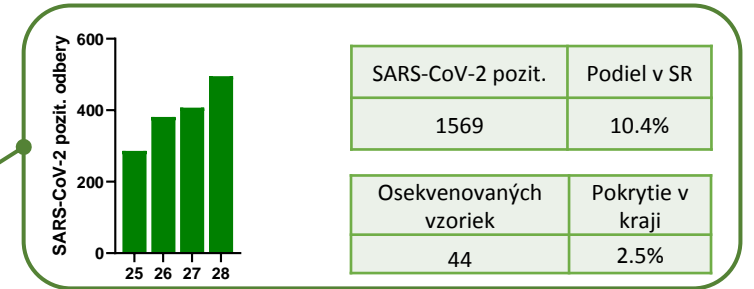
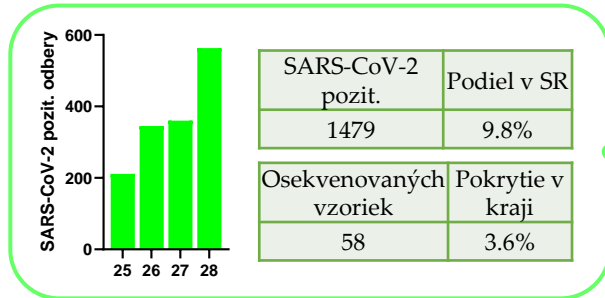
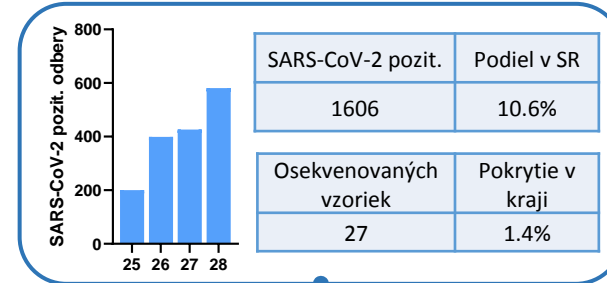
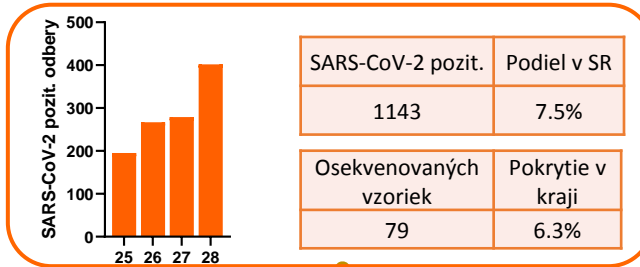


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



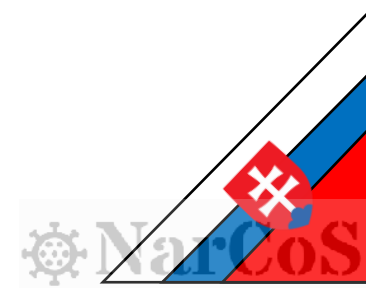
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 25. – 28. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (25. – 28. týždeň/2022)

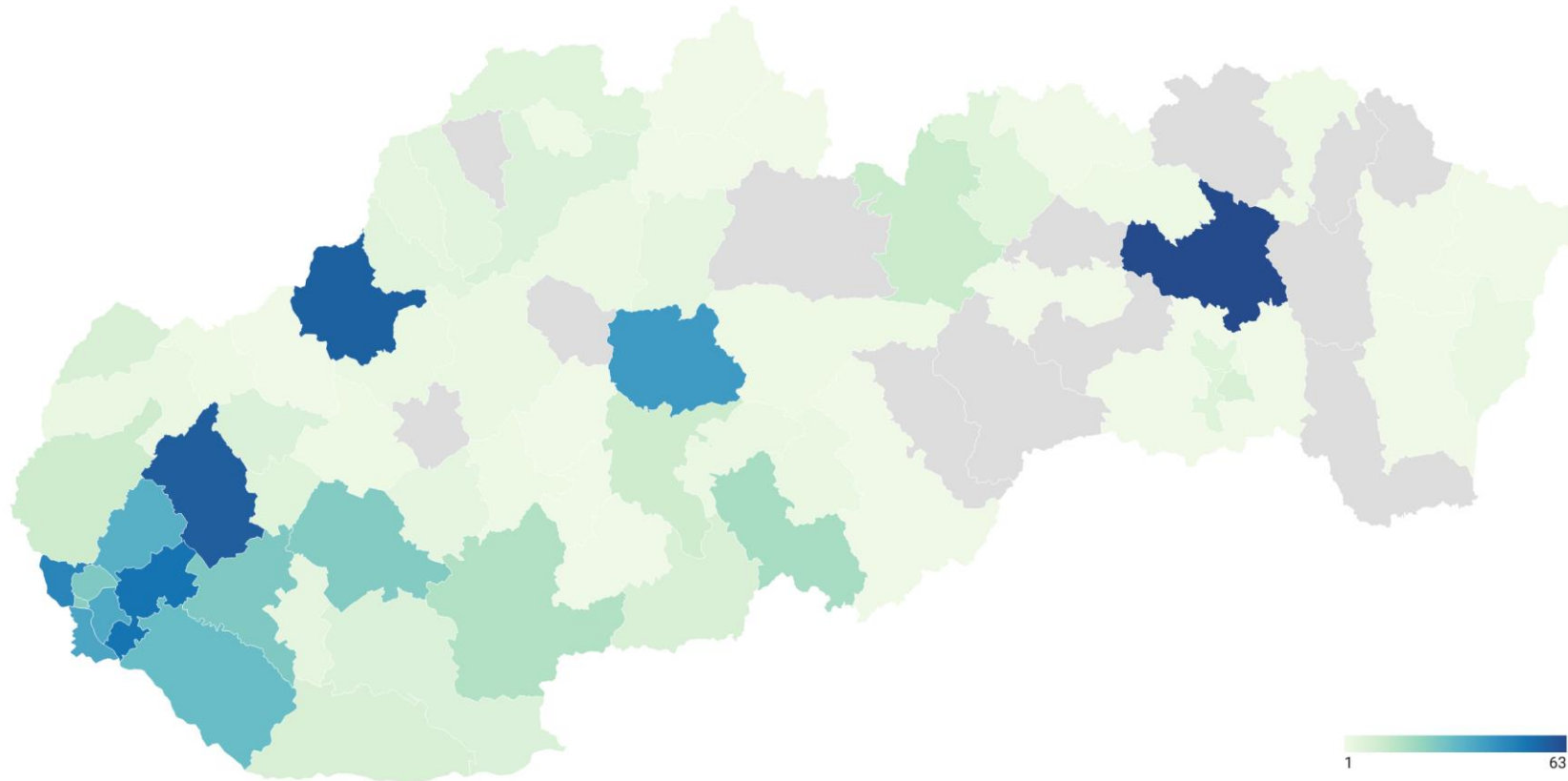
- v sledovanom období (20.6. - 17.7. 2022) zachytených 15 156 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- 512 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 483 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 94,34% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 3,19%
- vloženie 399 (82.6% z 483 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek pribúda vo všetkých krajoch a ich počet sa v 28. týždni (n=5094) priemerne zdvojnásobil (94.5% nárast) oproti 25. týždňu (n=2619)
- subvariant Omikronu BA.5 sa postupne stáva dominantným v celej SR
- ~ 40% podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Inštitút Zdravotných Analýz Ministerstva zdravotníctva SR



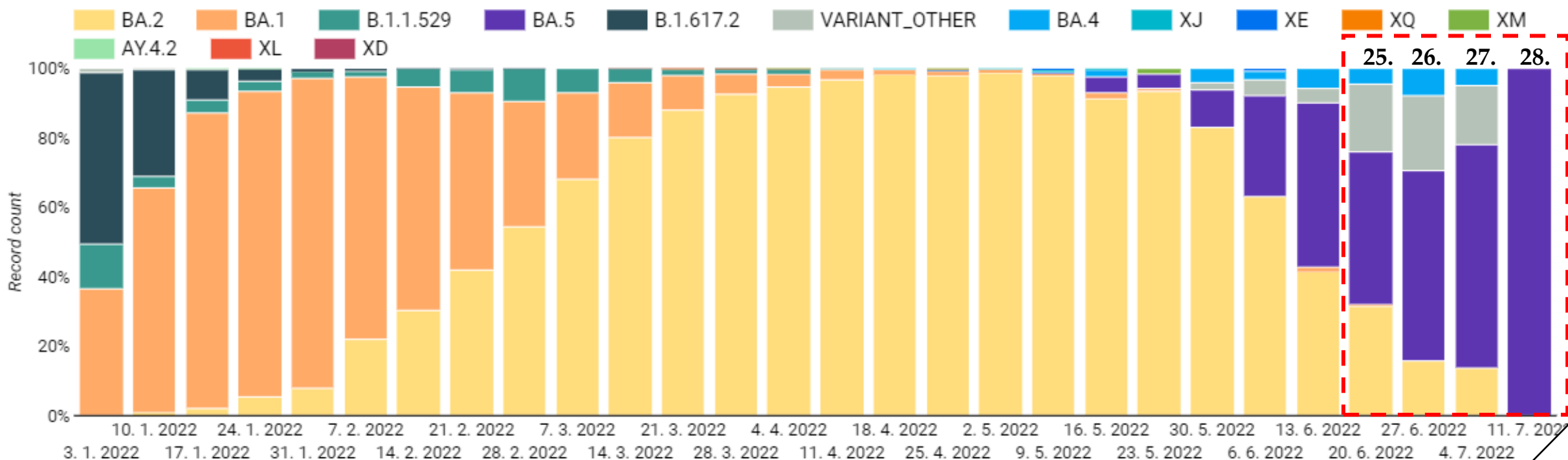
## Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 25. – 28. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

- výber SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek sa riadi podľa špecifických kritérií
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- rozloženie vzoriek je ovplyvnené aj kapacitami jednotlivých pracovísk
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Prešov, Trnava, Trenčín a Senec



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

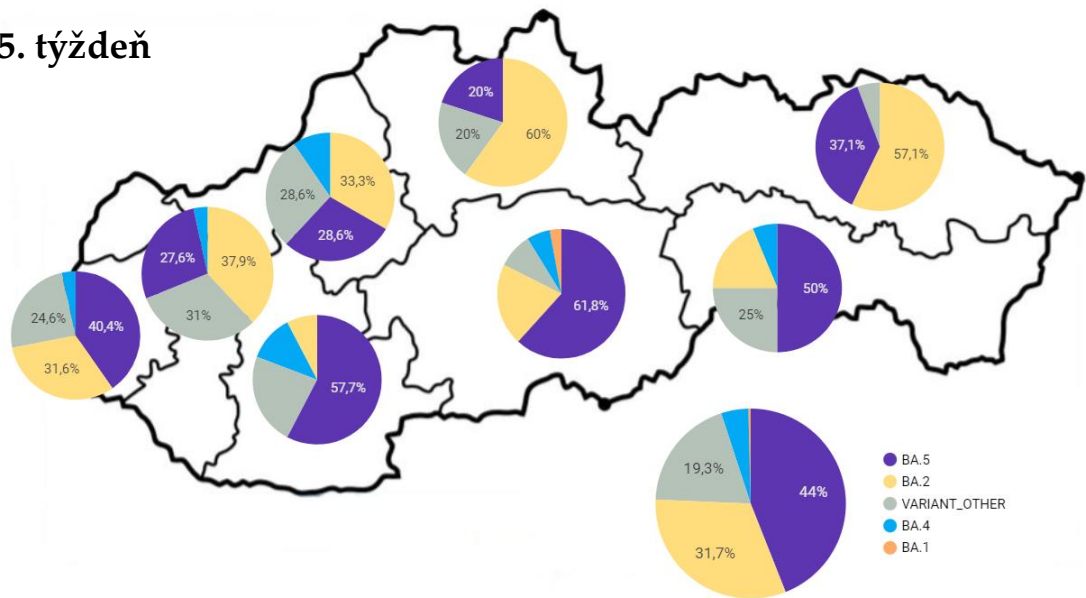
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládali subvarianty Omikronu BA.5 a BA.2
- subvariant BA.5 s podielom 50,3% (n=243) nad subvariantom BA.2 s 20% (n=116)
- subvariant BA.4 s podielom 5,8% (n=28) je postupne vytláčaný dominantným subvariantom BA.5



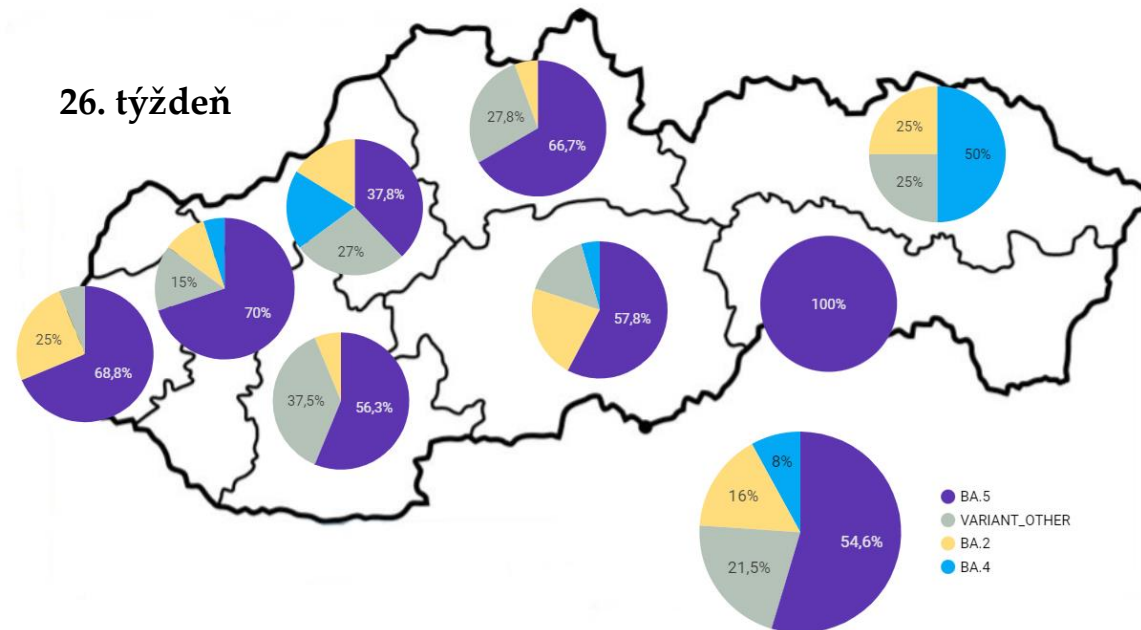
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

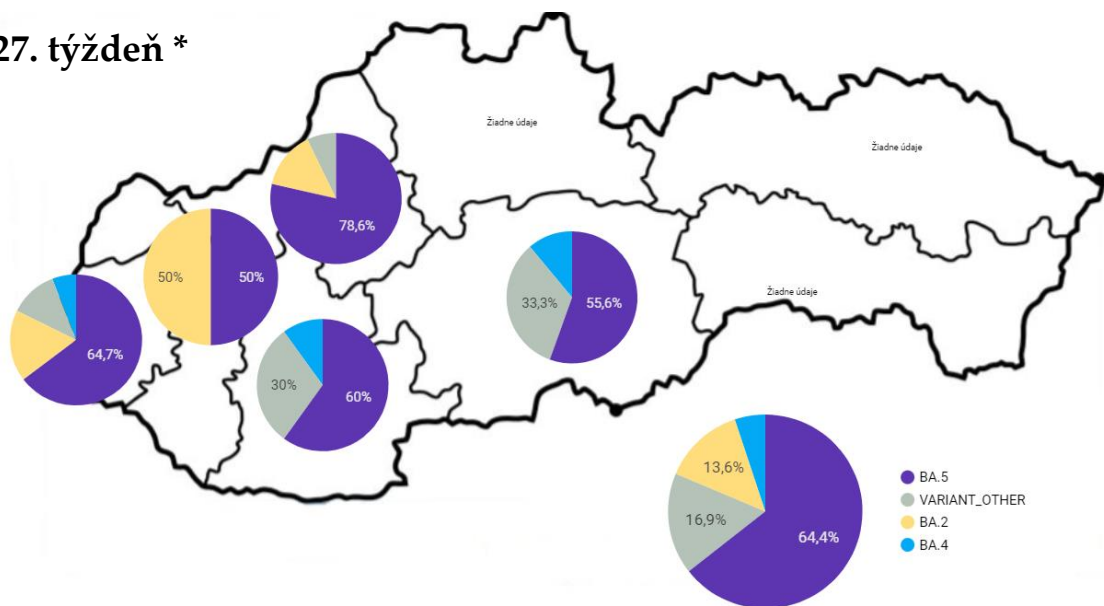
25. týždeň



26. týždeň



27. týždeň \*



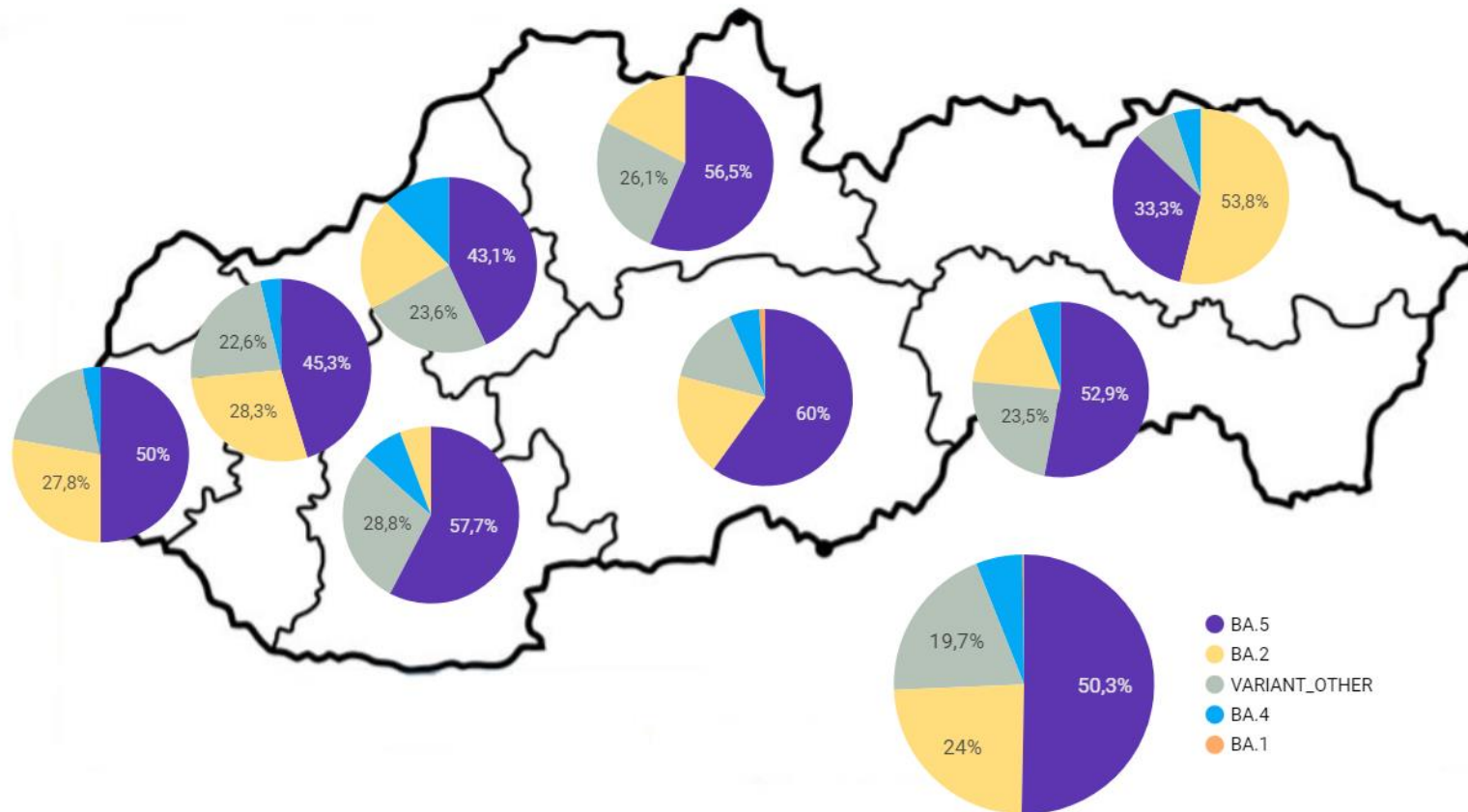
28. týždeň \*





# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 25. – 28. týždni

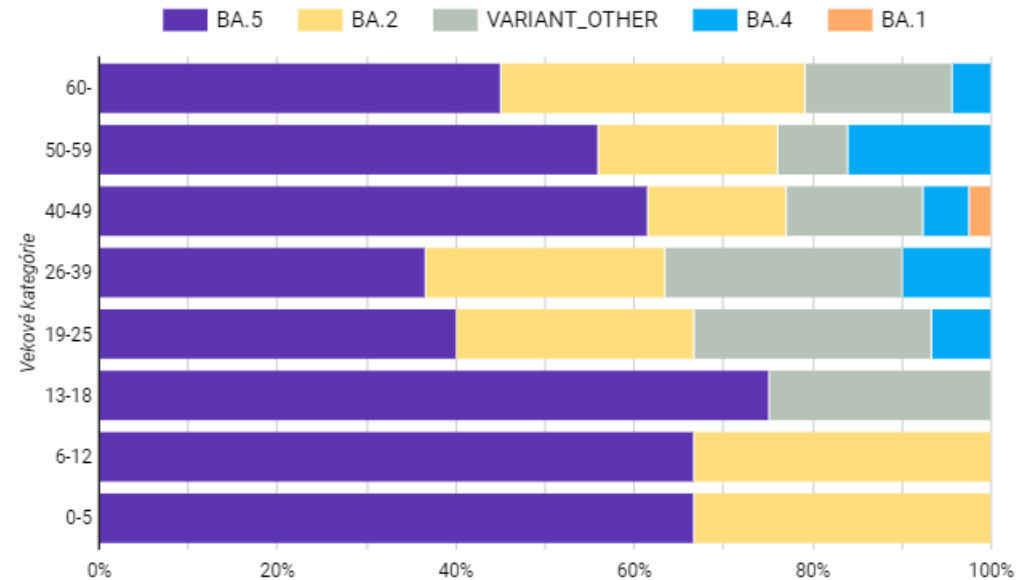
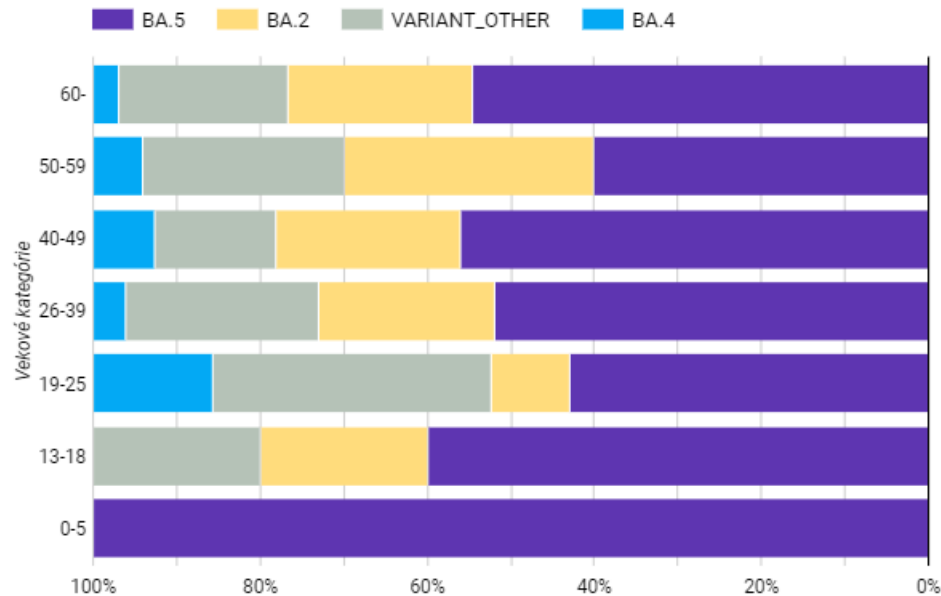
- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v jednotlivých krajoch podobné s výnimkou Prešovského kraja
- subvariant BA.5 bol dominantný v siedmich krajoch (Bratislavský, Trnavský, Nitrianský, Banskobystrický, Žilinský a Košický), v rozpätí od 43% do 60% analyzovaných vzoriek
- subvariant BA.2 bol dominantný v Prešovskom kraji s podielom 53,8%



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

- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 55,7% izolovaných vzoriek od žien a 44,3% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=99; 36,8% a muži n=91; 42,5%)

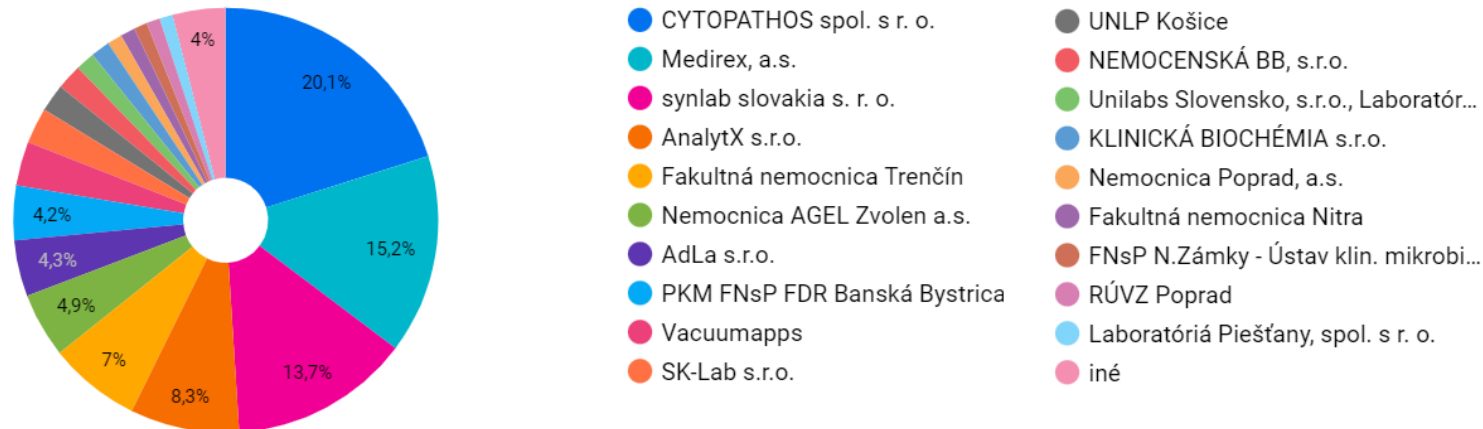
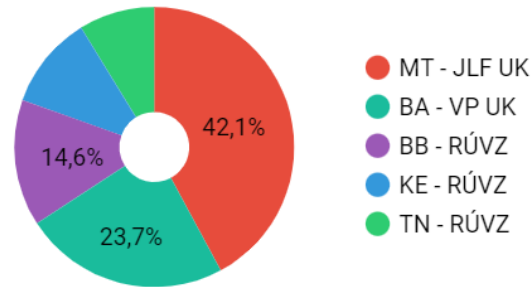
Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	99	50	41	52	21	5	0	1
muži	91	25	39	30	15	8	3	3





# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 25. – 28. týždni

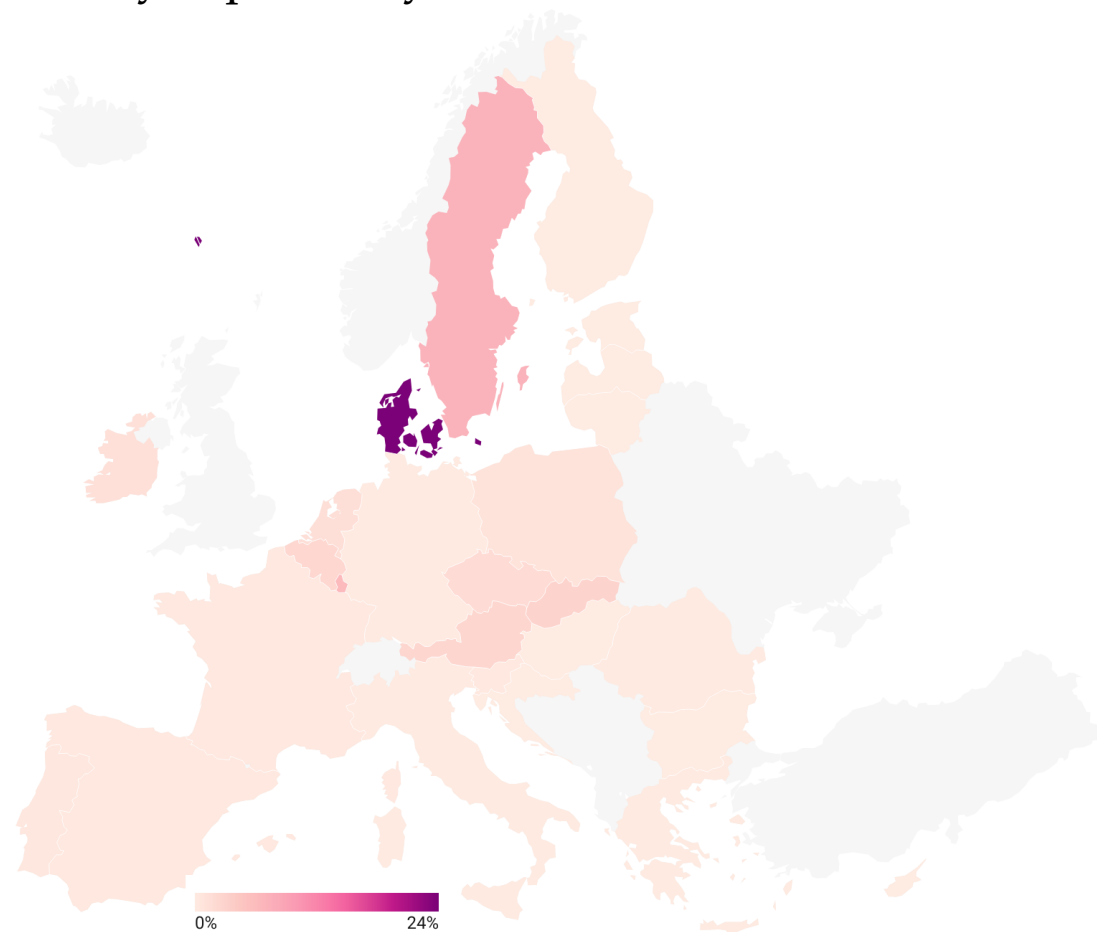
- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 42,1% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin
  - 23,7% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
  - 14,6% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
  - 10,8% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
  - 8,8% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



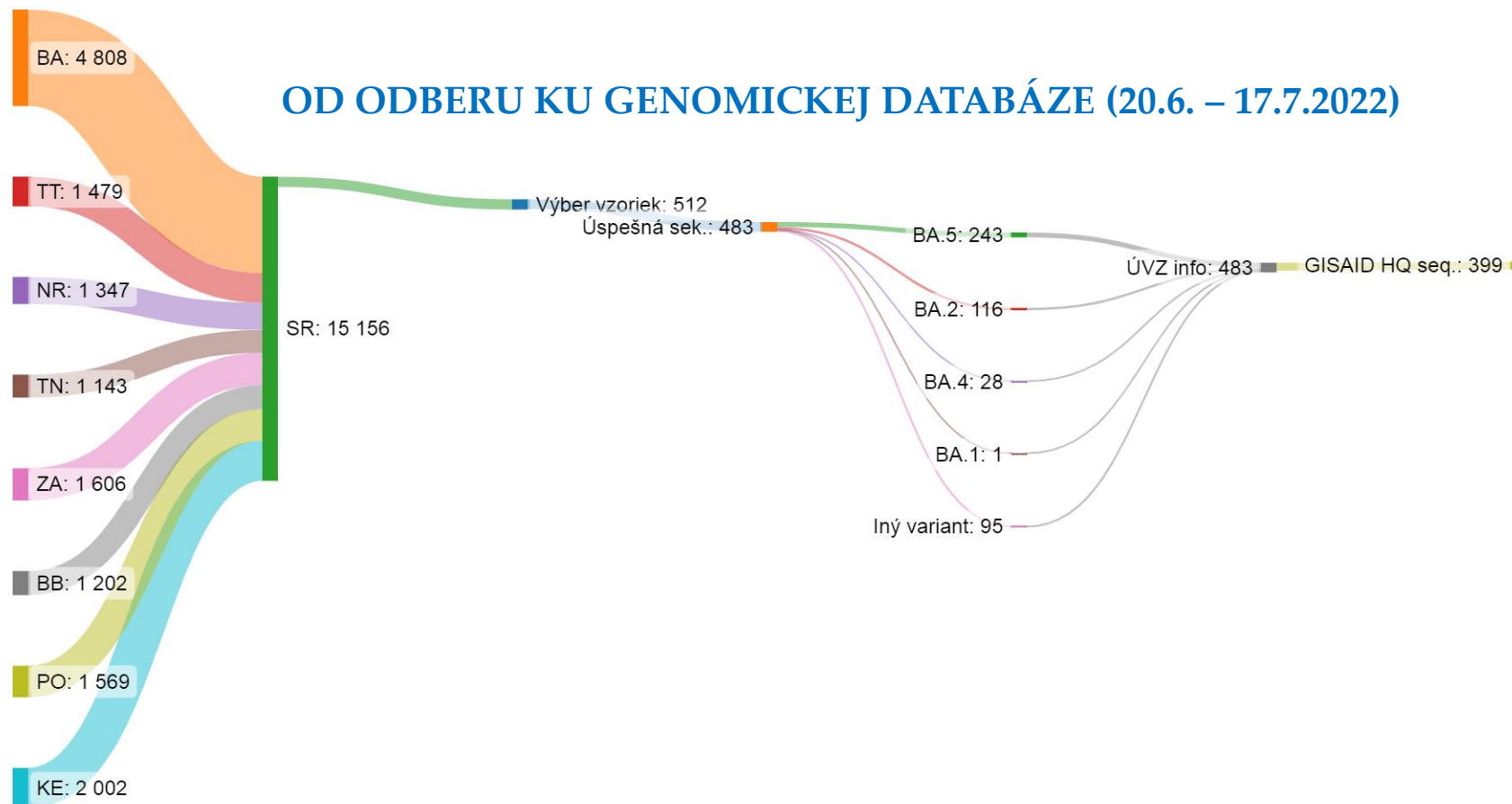
## Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní

- v 25. – 28. týždni bolo do databázy GISAID uložených 399 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 4. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 1. mieste s 2,84% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	23.66%
Sweden	6.98%
Luxembourg	6.12%
<b>Slovakia</b>	<b>2.84%</b>
Austria	2.64%
Belgium	2.54%
Czech Republic	1.94%
Netherlands	1.50%
Ireland	1.32%
Poland	1.06%
Portugal	0.55%
Spain	0.38%
Slovenia	0.38%
France	0.32%
Germany	0.15%
Romania	0.15%
Italy	0.11%
Greece	0.09%



- 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
  - 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.
- monitorovaciu 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

