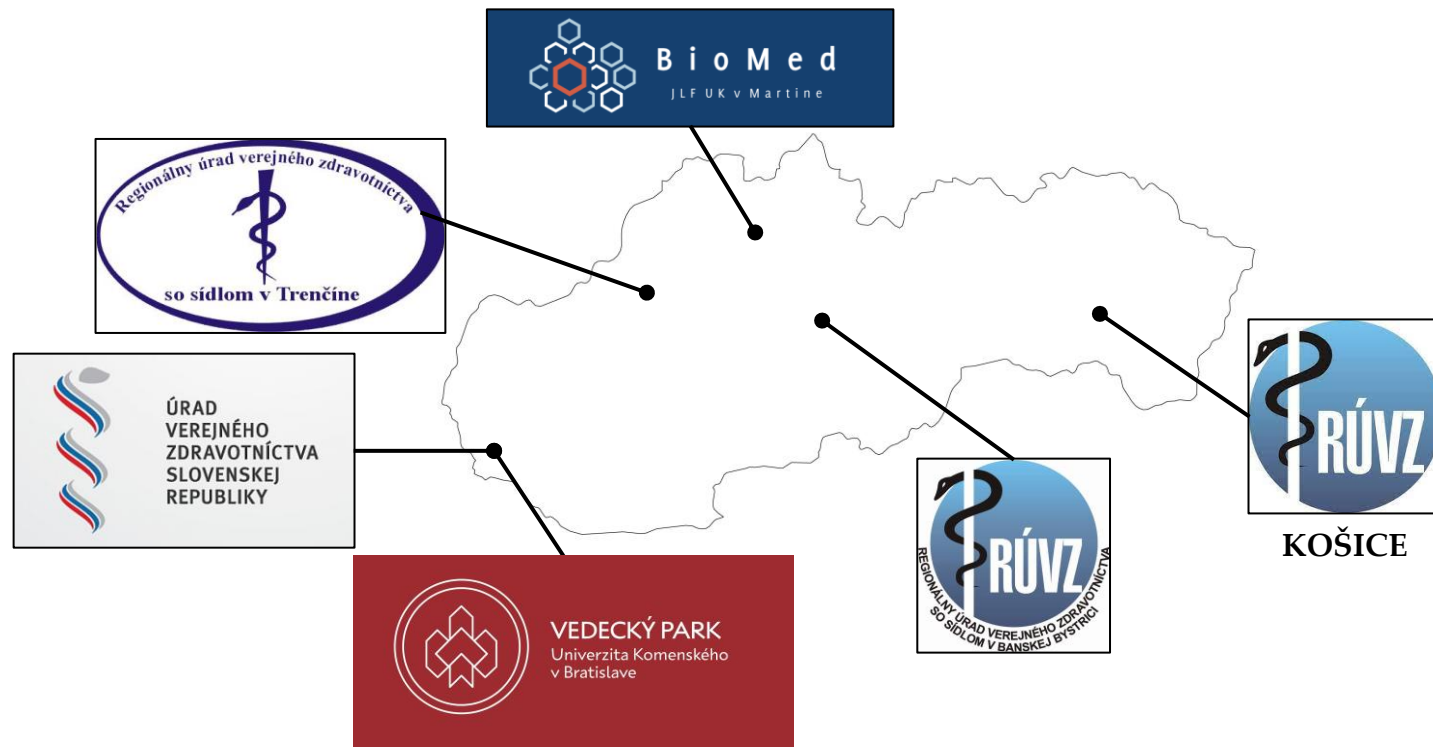
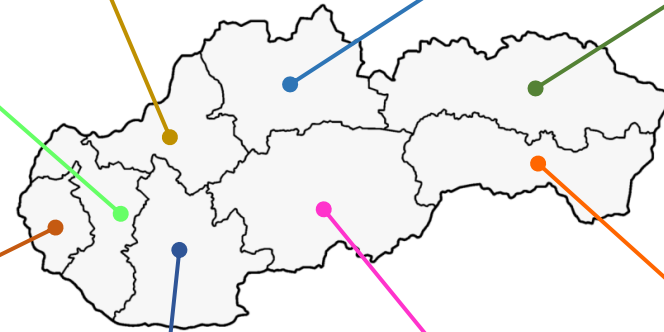
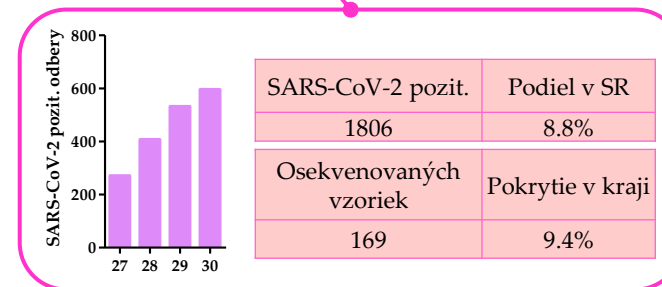
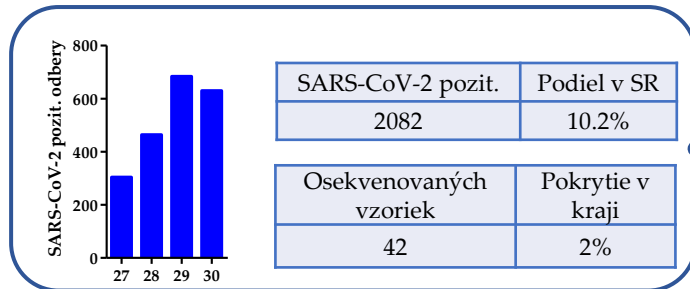
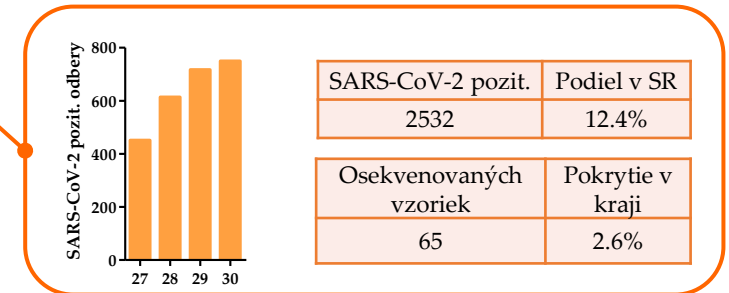
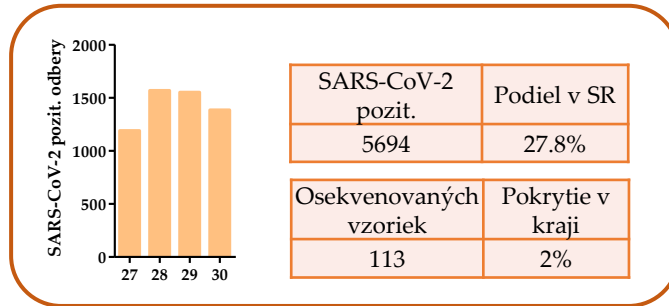
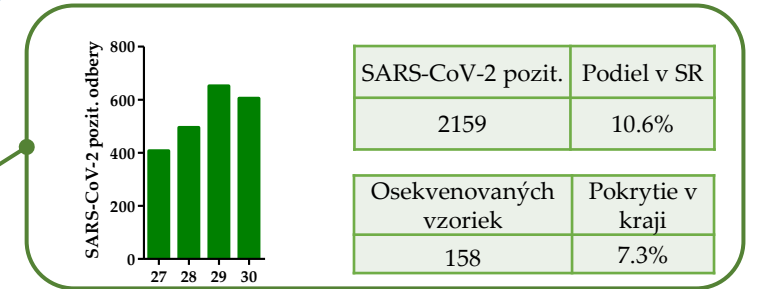
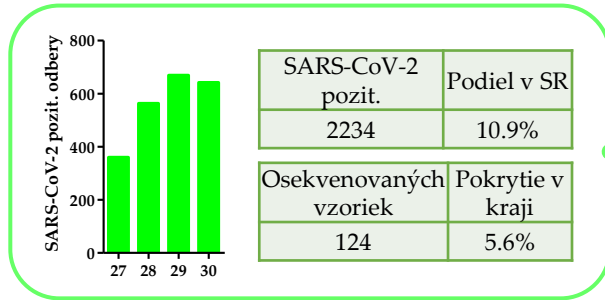
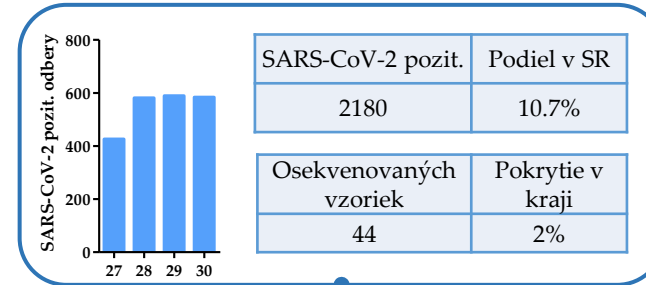
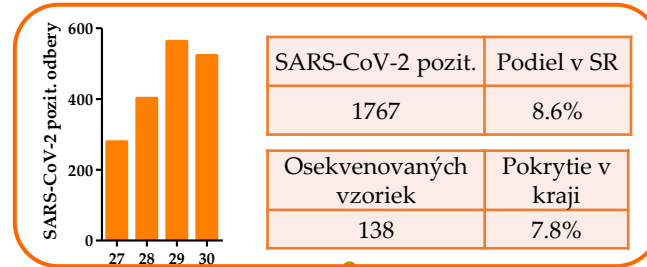


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



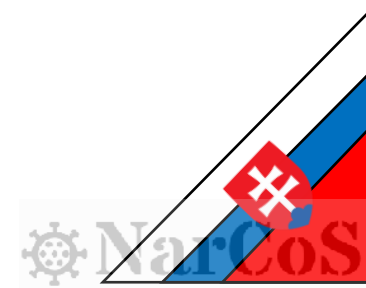
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 27. – 30. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (27. – 30. týždeň/2022)

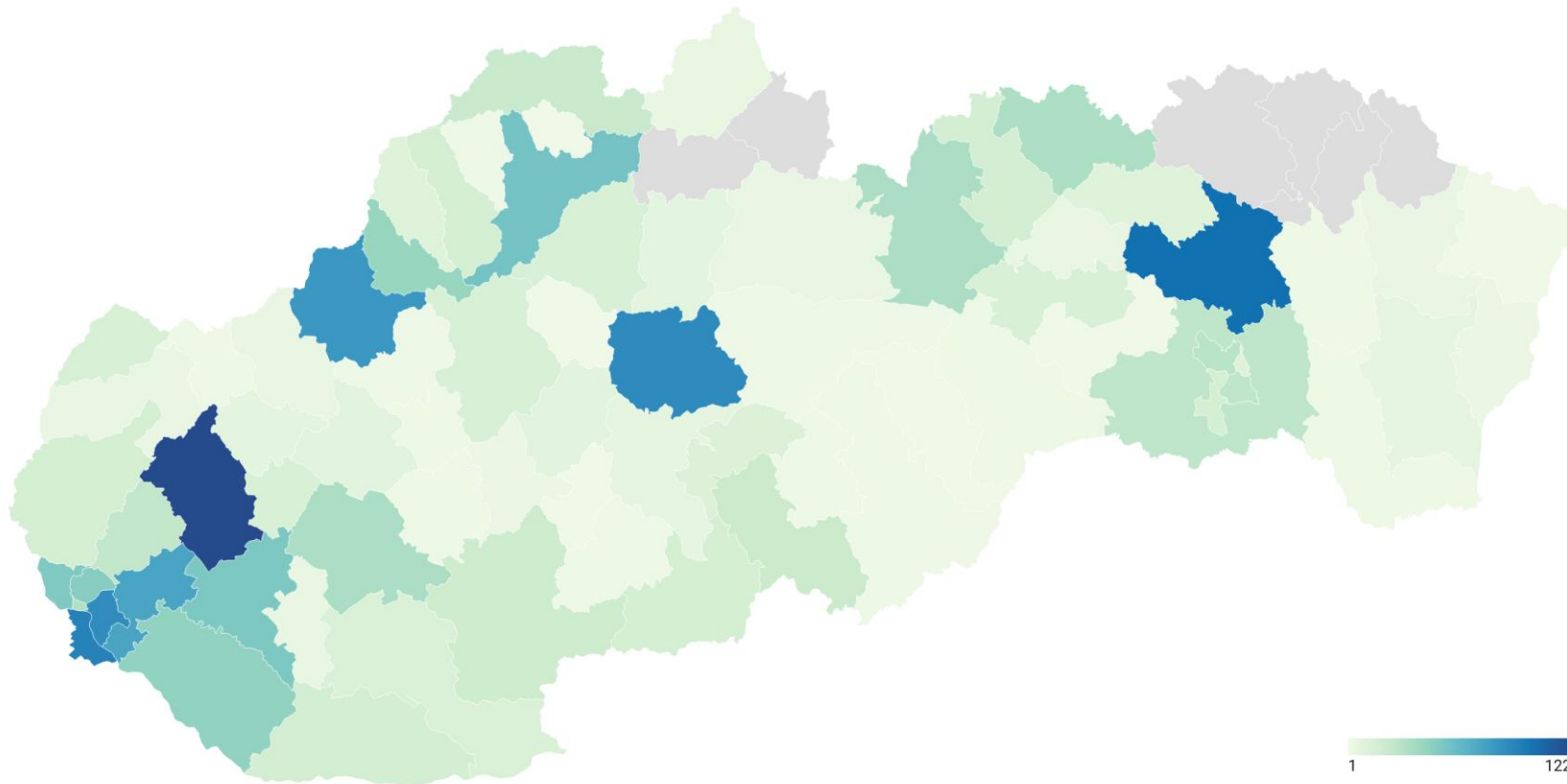
- v sledovanom období (4.7. - 31.7. 2022) zachytených 20 454 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- 867 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 853 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 98,39% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 4,17%
- vloženie 804 (94.3% z 853 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek pribúda vo všetkých krajoch a ich počet v 30. týždni (n=5715) narástol o 55% oproti 27. týždňu (n=3688)
- subvariant Omikronu BA.5 je dominantným v celej SR
- ~ 38,3% podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Inštitút Zdravotných Analýz Ministerstva zdravotníctva SR



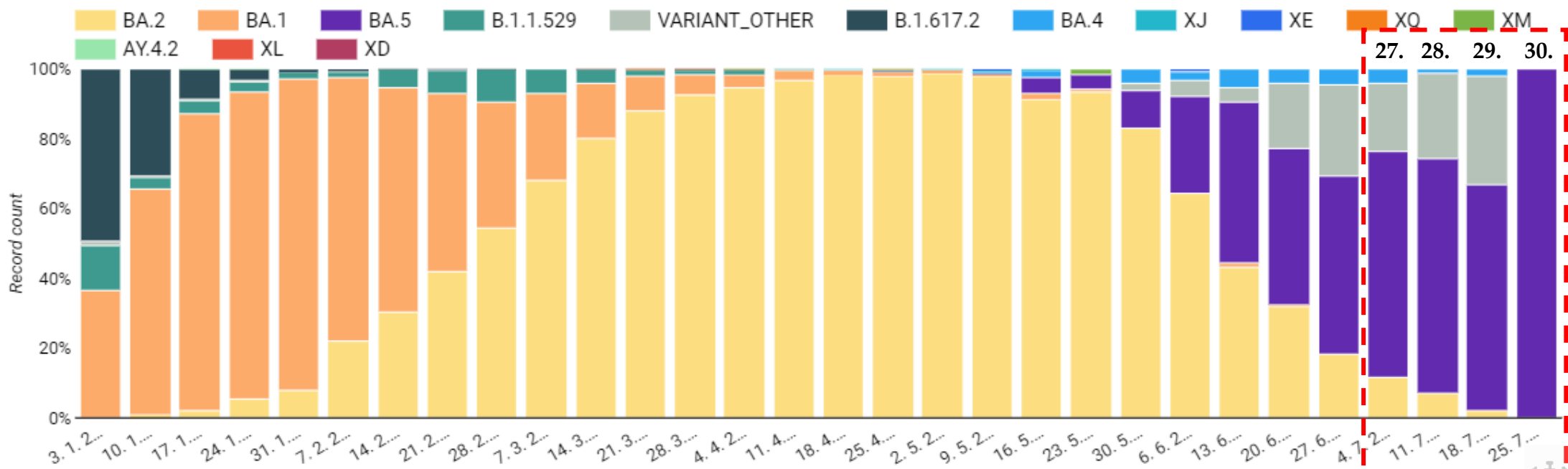
## Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 27. – 30. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

- 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 Trnava, Prešov, Bratislava V, Banská Bystrica, Bratislava II a Trenčín



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

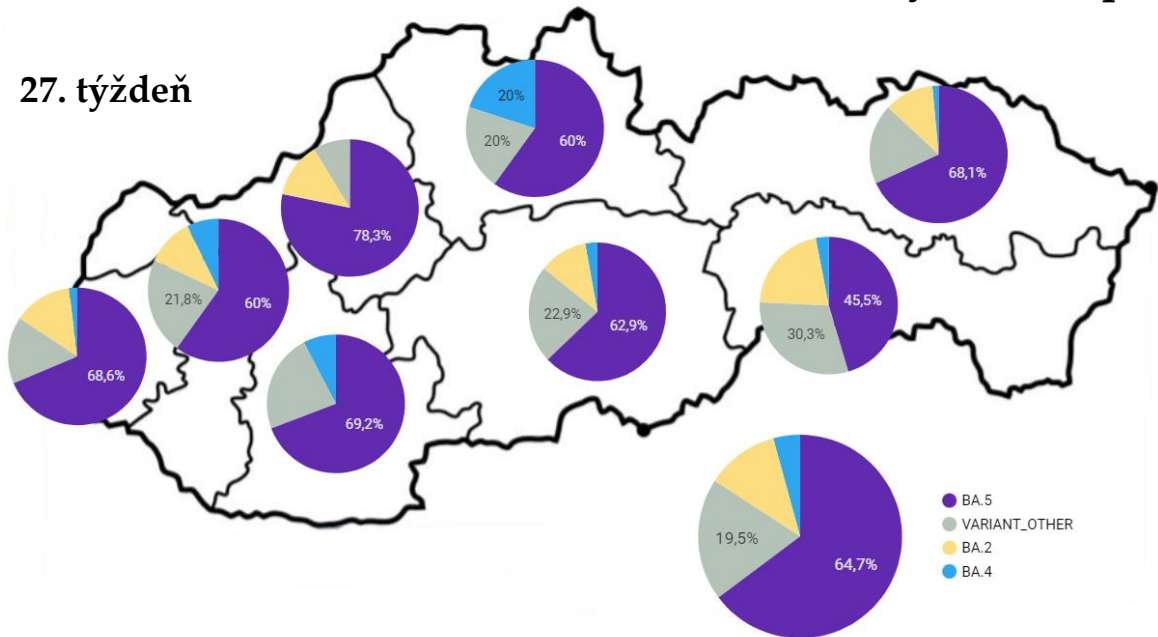
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládali subvarianty Omikronu BA.5
- subvariant BA.5 s podielom 66% (n=563) nad skupinou VARIANT\_OTHER\* (BE.1, BE.1.1, BE.3, BF.1, BF.2, BF.4, BF.5) s podielom 23,3% (n=199)
- subvariant BA.2 s 8.2% (n=70) nad subvariantom BA.4 s podielom 2,5% (n=21)
- \*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



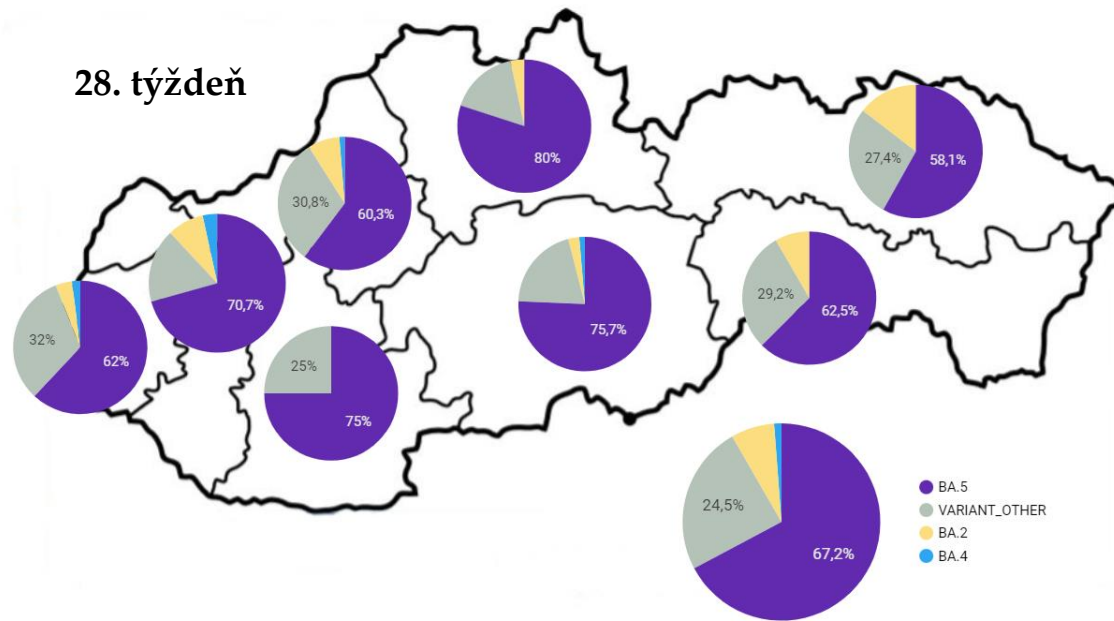
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

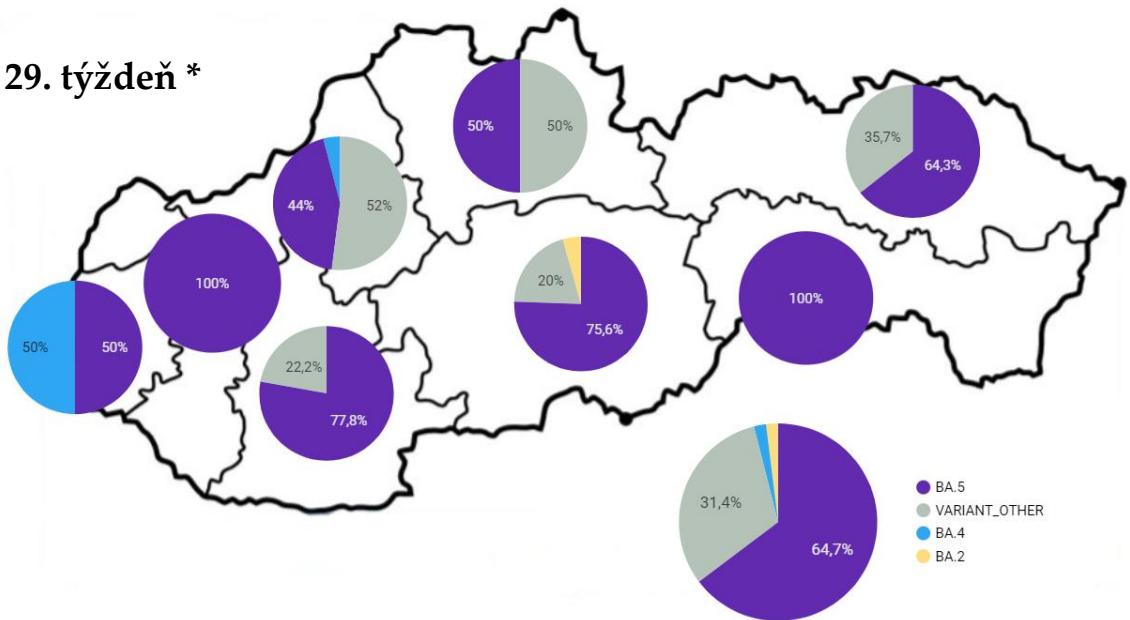
27. týždeň



28. týždeň



29. týždeň \*

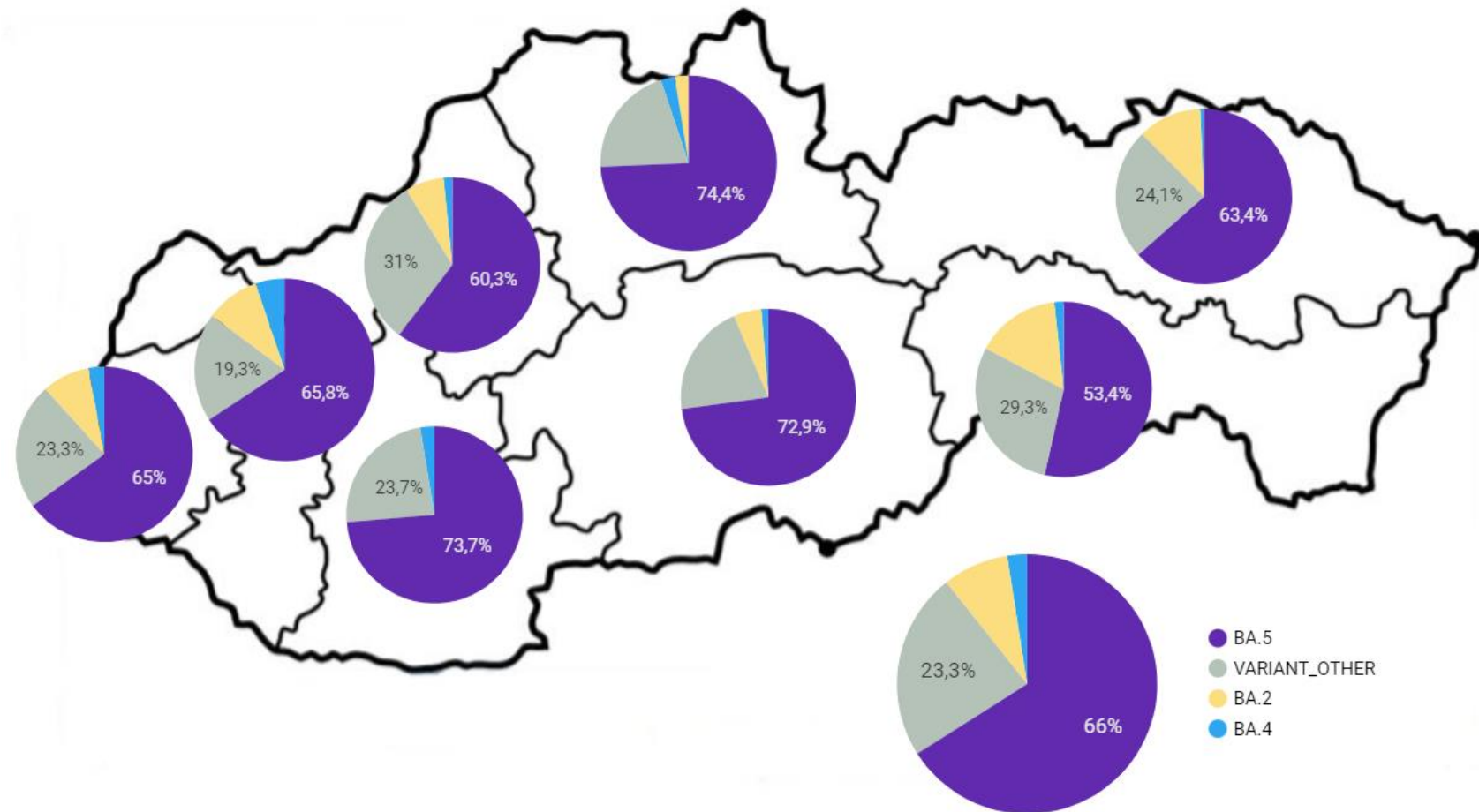


30. týždeň \*



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 27. – 30. týždni

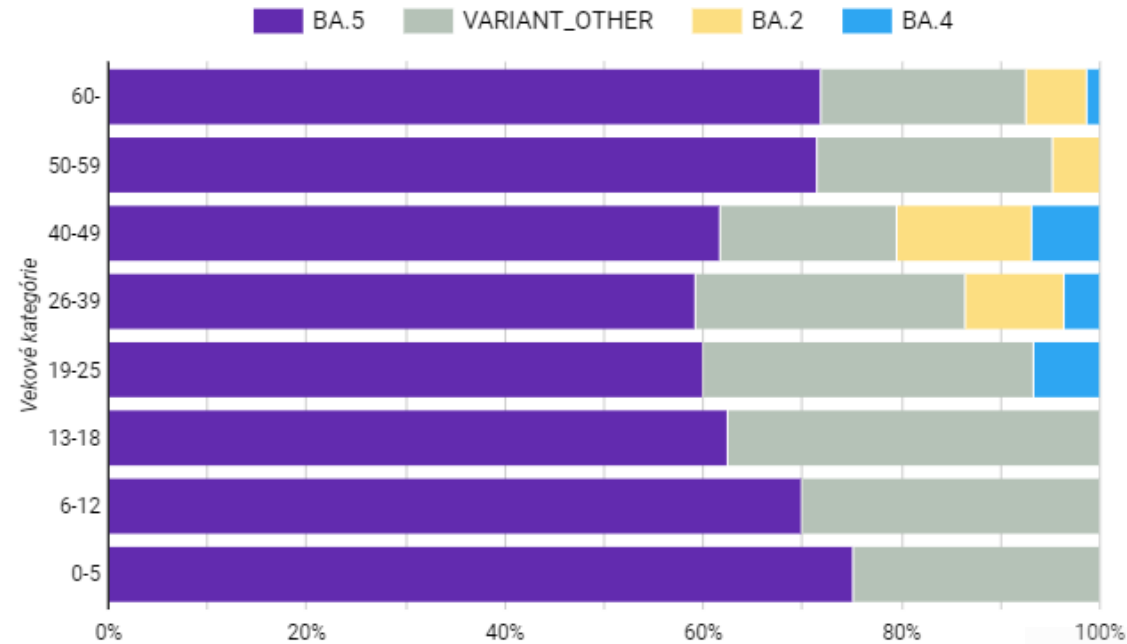
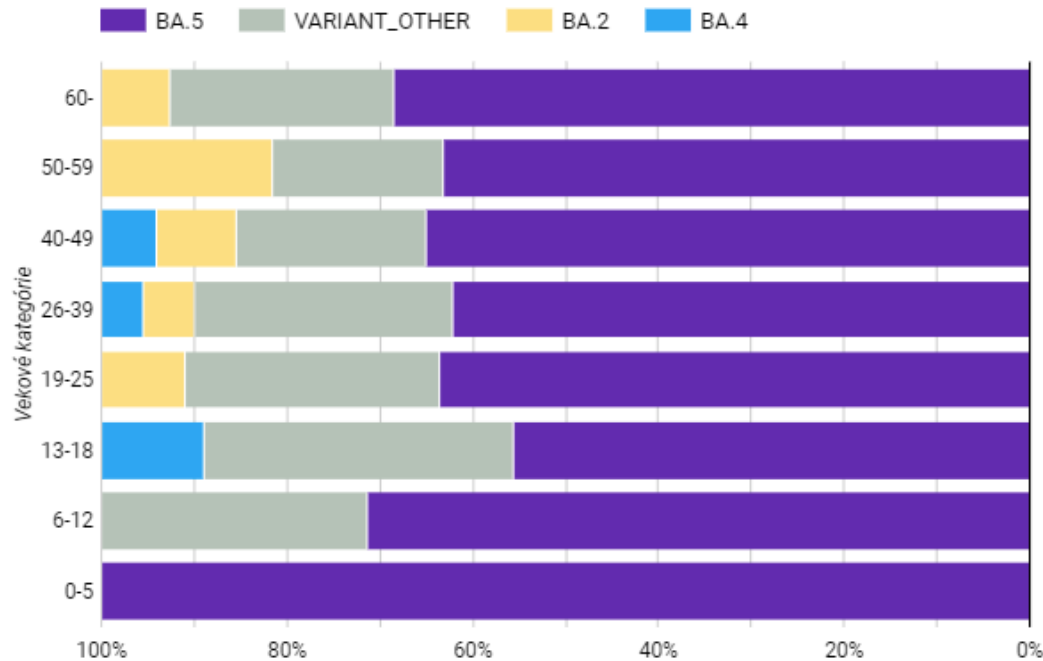
- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v jednotlivých krajoch podobné
- subvariant BA.5 bol dominantný vo všetkých krajoch v rozpätí od 53,4% do 74,4% analyzovaných vzoriek



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

- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 55,2% izolovaných vzoriek od žien a 44,8% 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=178; 38,1% a muži n=146; 38,5%)

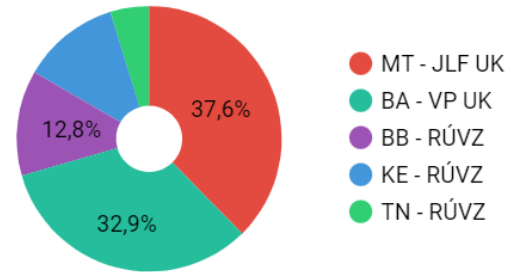
Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	178	76	83	90	22	9	7	2
muži	146	42	73	81	15	8	10	4





# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 27. – 30. týždni

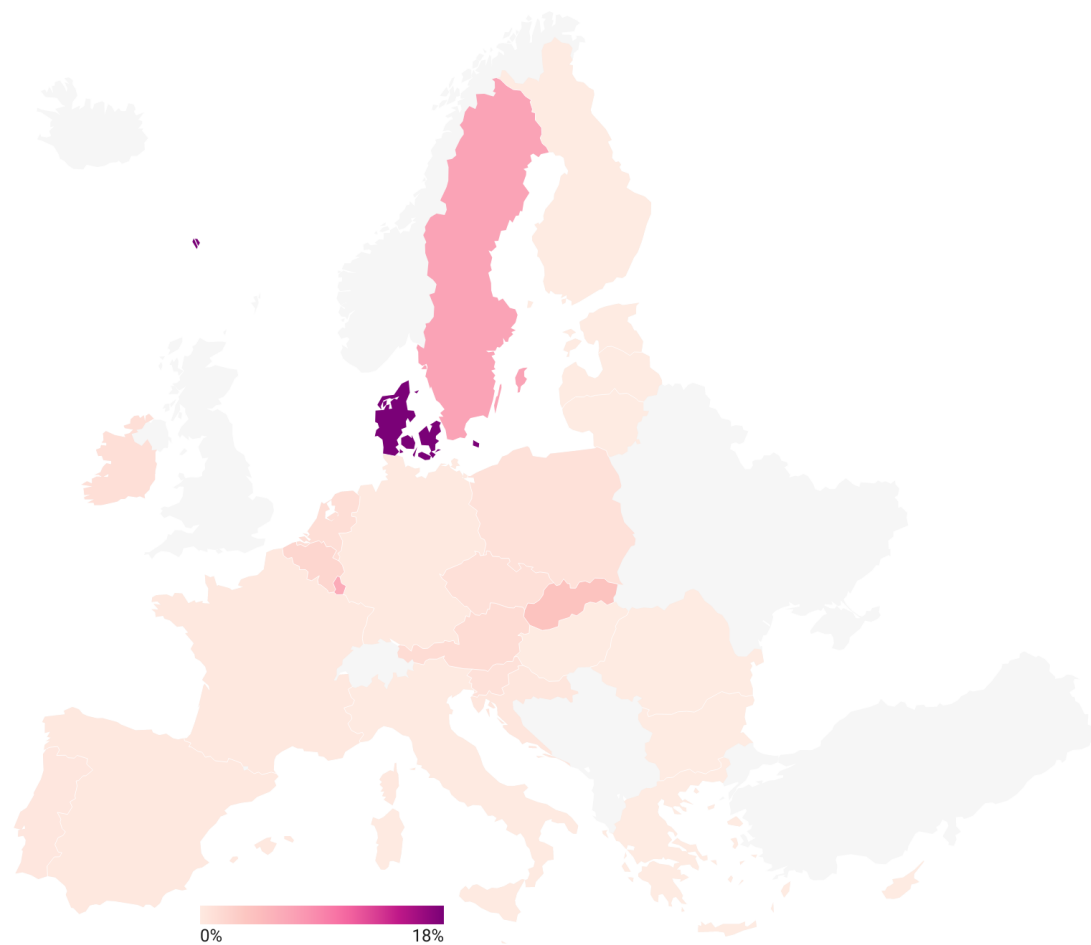
- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 37,6% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin
  - 32,9% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
  - 12,8% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
  - 12,4% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
  - 4,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



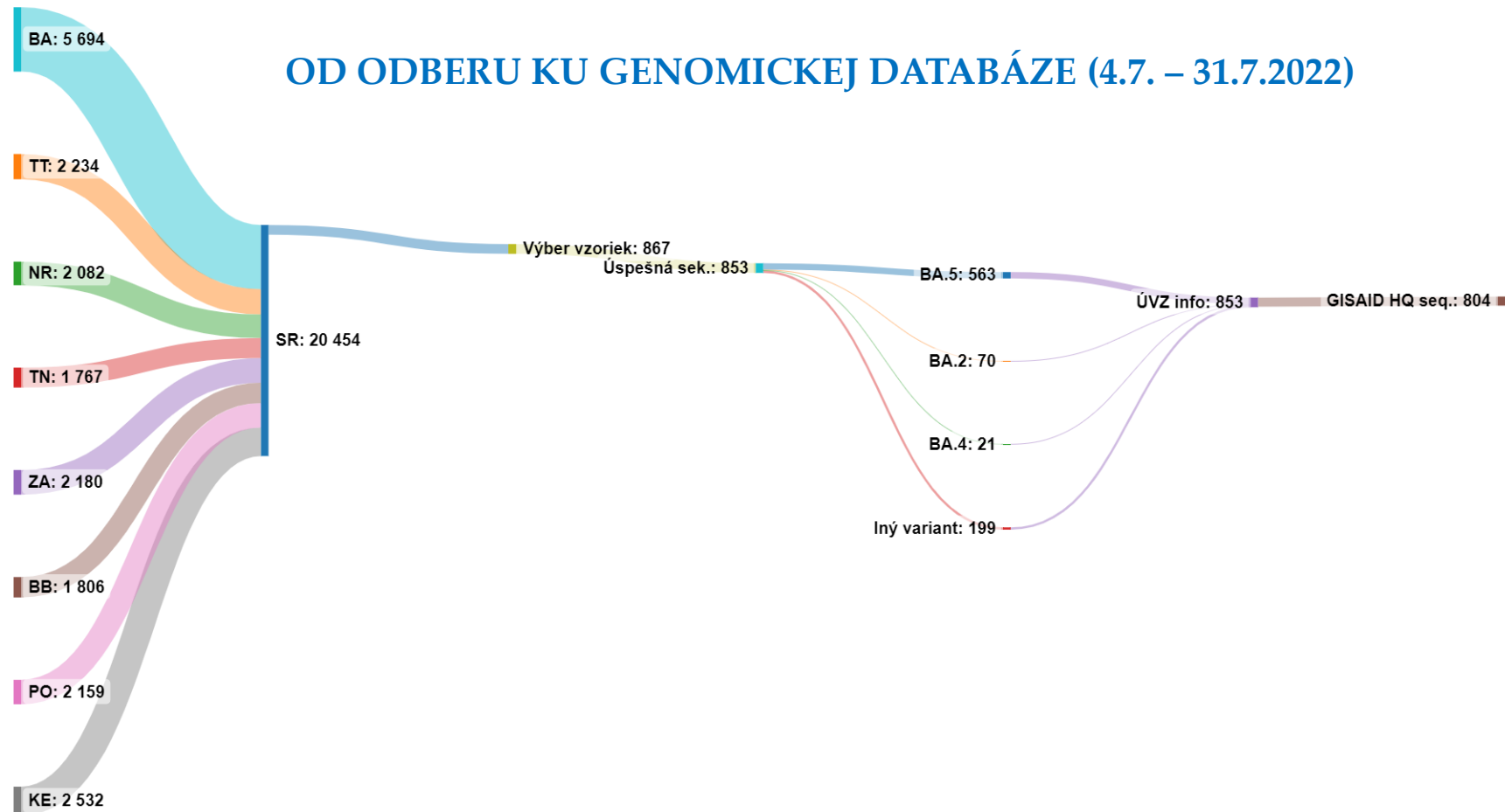
## Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní

- v 27. – 30. týždni bolo do databázy GISAID uložených 804 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 3,85% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	18.263
Sweden	6.936
Luxembourg	6.164
<b>Slovakia</b>	<b>3.851</b>
Belgium	2.013
Austria	1.486
Netherlands	1.242
Ireland	1.15
Czech Republic	1.085
Poland	0.962
Slovenia	0.926
Croatia	0.499
Portugal	0.463
Spain	0.328
France	0.305
Germany	0.234
Italy	0.139
Greece	0.048
Romania	0.04



- 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

