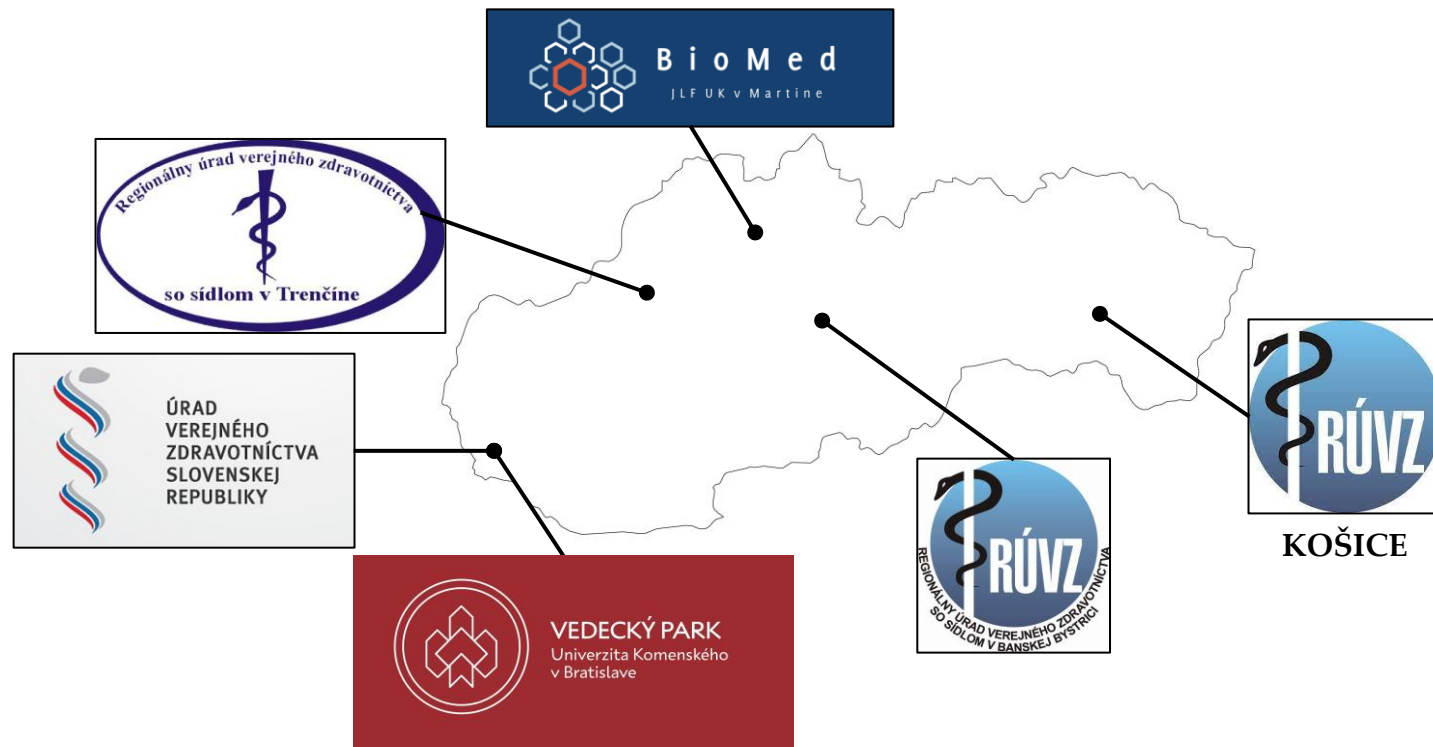
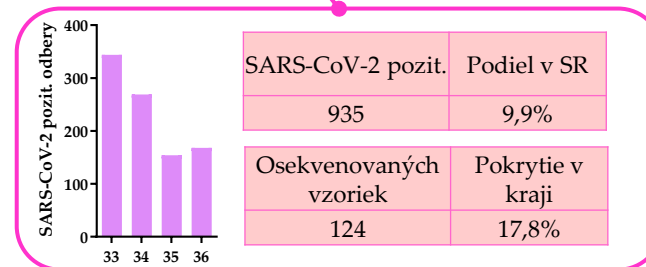
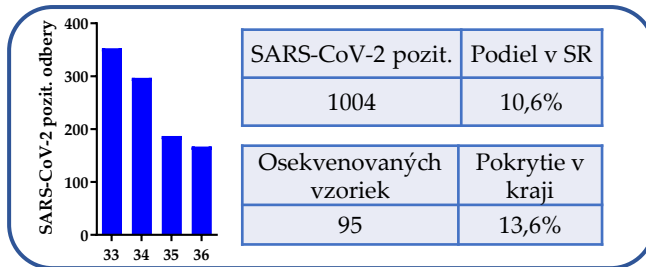
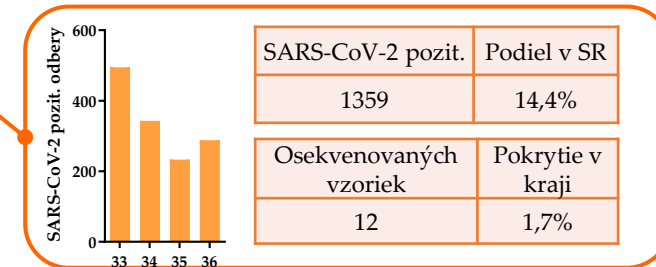
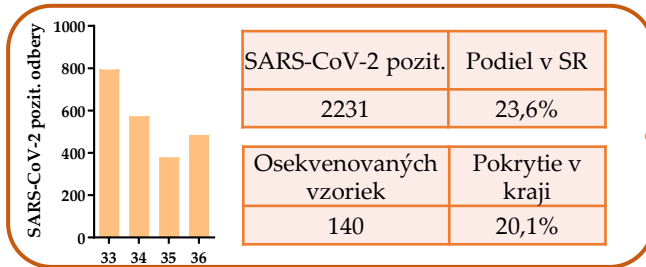
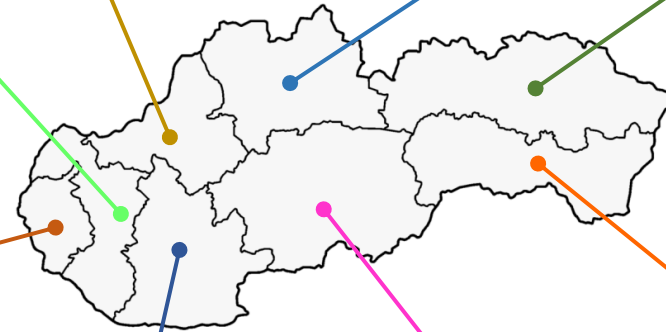
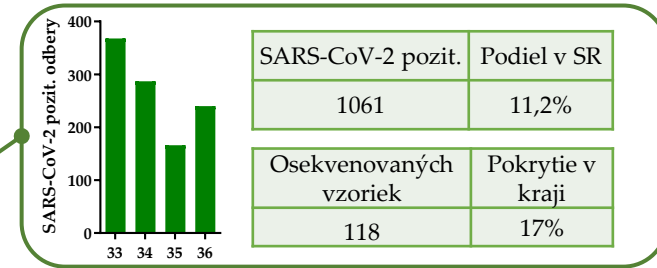
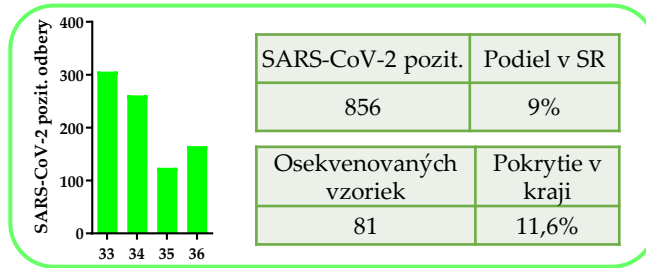
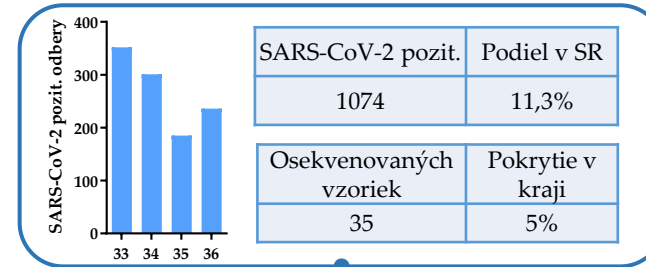
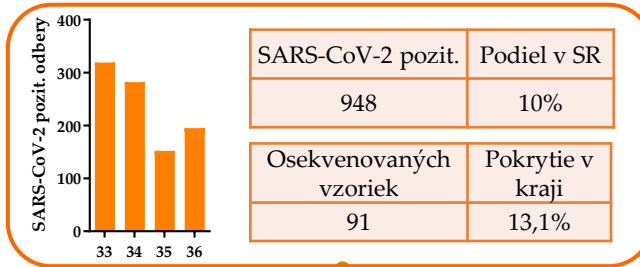


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



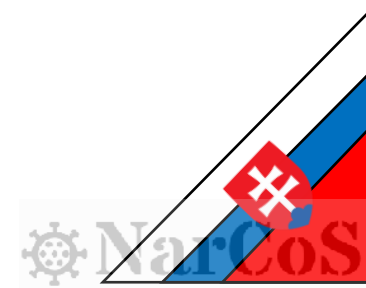
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 33. – 36. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (33. – 36. týždeň/2022)

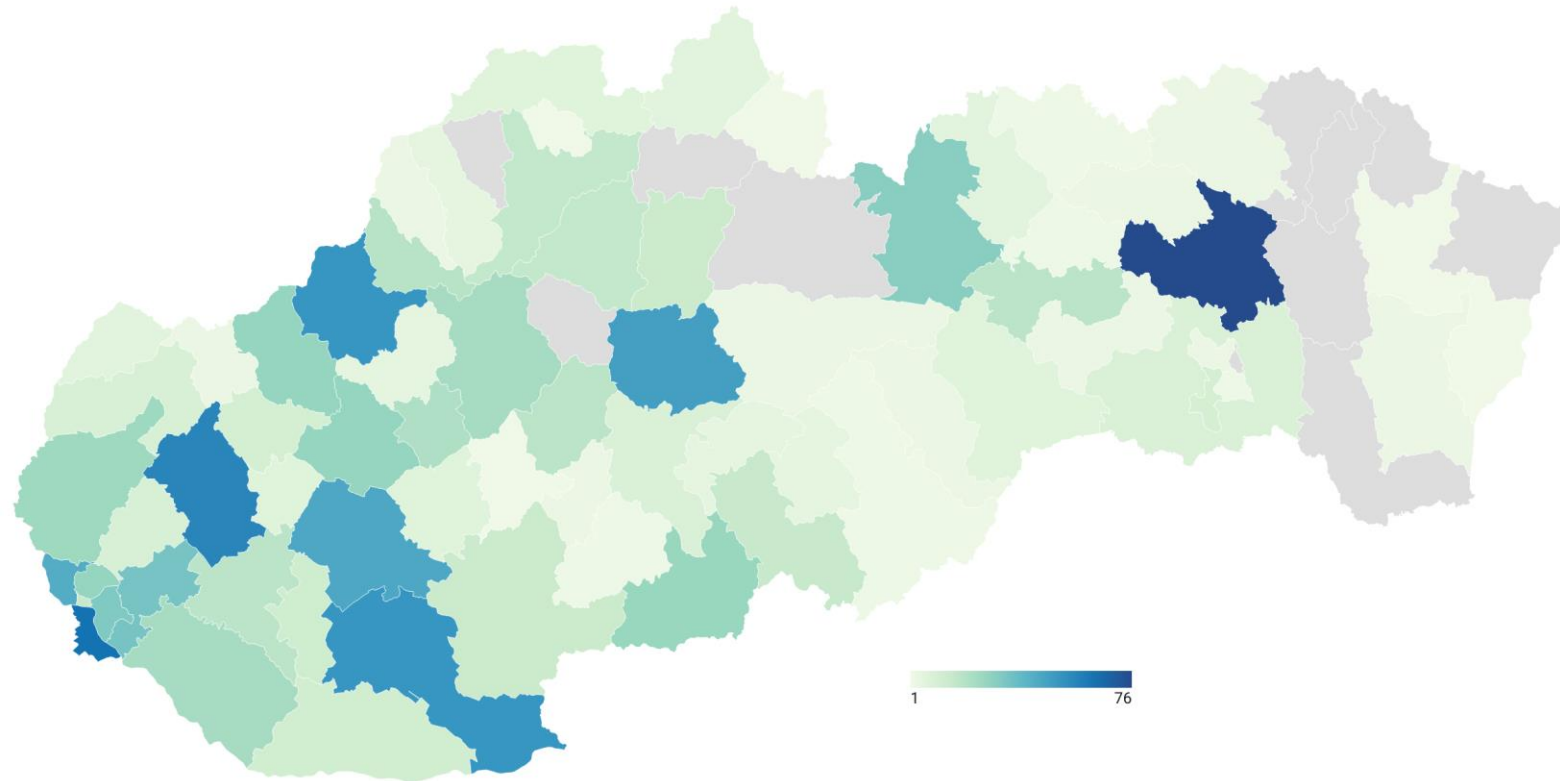
- v sledovanom období (15.8. - 11.9. 2022) zachytených 9 468 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- 721 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 696 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 96,5% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 7,4%
- vloženie 495 (71,1% z 696 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne klesal vo všetkých krajoch a ich počet v 36. týždni (n=1 944) klesol o 58% oproti 33. týždňu (n=3 331)
- od 35. týždňa počet pozitívnych vzoriek narastá
- subvariant Omikronu BA.5 je dominantný v celej SR
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (49,4%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Inštitút Zdravotných Analýz Ministerstva zdravotníctva SR



## Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 33. – 36. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

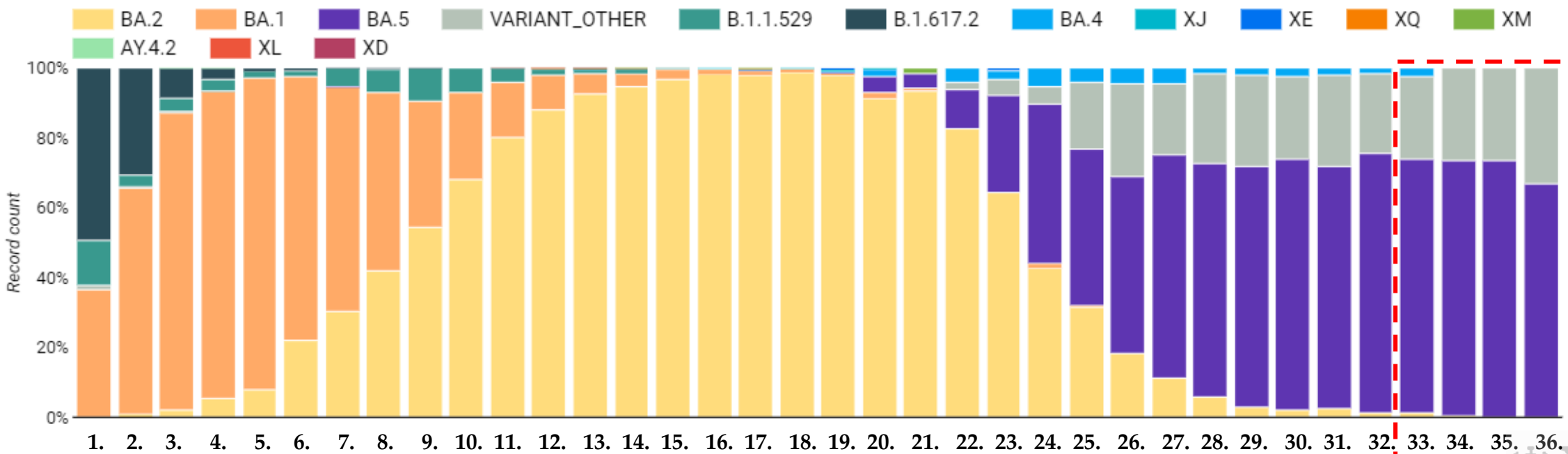
- výber SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek sa riadi podľa špecifických kritérií
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- rozloženie vzoriek je ovplyvnené aj kapacitami jednotlivých pracovísk
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Prešov, Bratislava V, Trnava,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



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

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

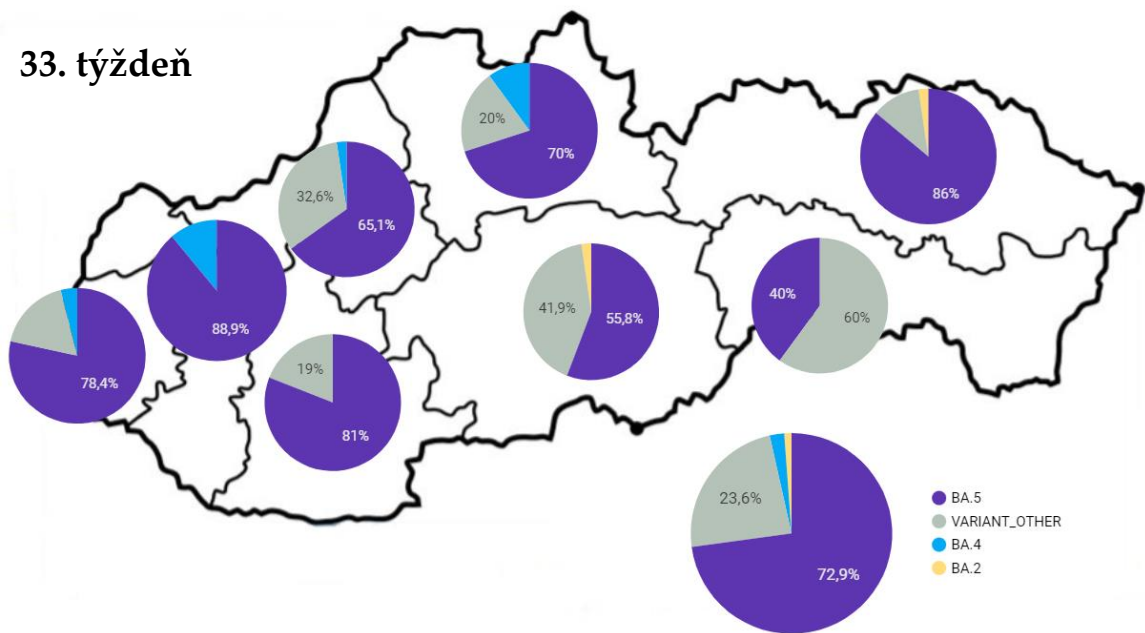
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládali subvarianty Omikronu BA.5
- subvariant BA.5 s podielom 73% (n=508) nad skupinou VARIANT\_OTHER\* (BE.1, BE.1.1, BE.3, BF.1, BF.2, BF.4, BF.5, BF.6, BF.7) s podielom 25,5% (n=178)
- subvariant BA.4 s 0,9% (n=6) nad subvariantom BA.2 s podielom 0,6% (n=4)
- \*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



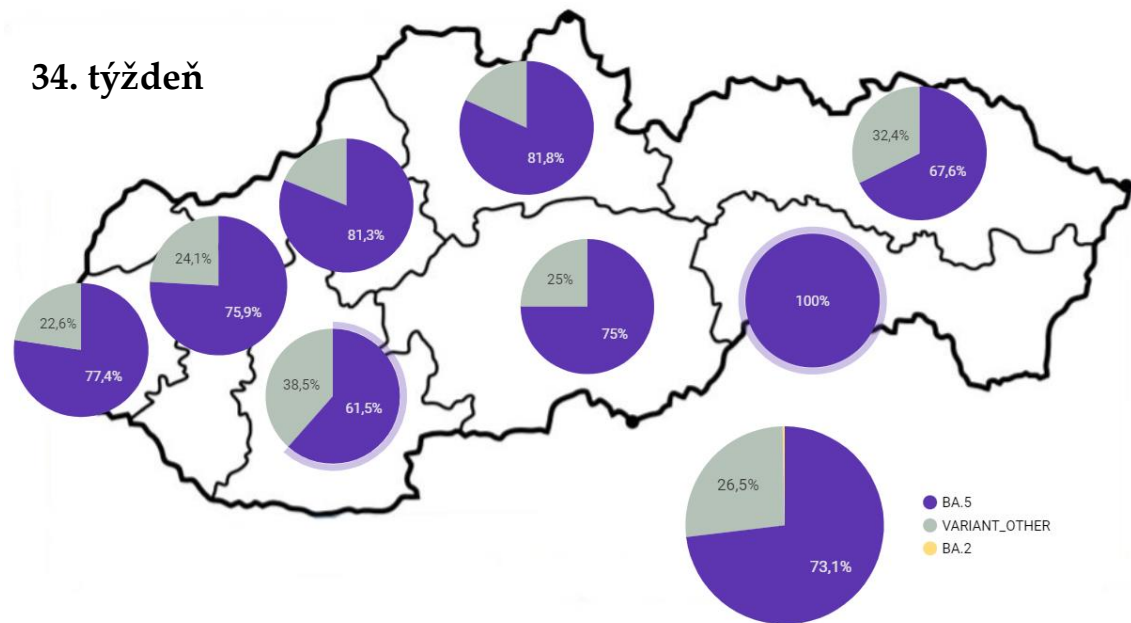
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

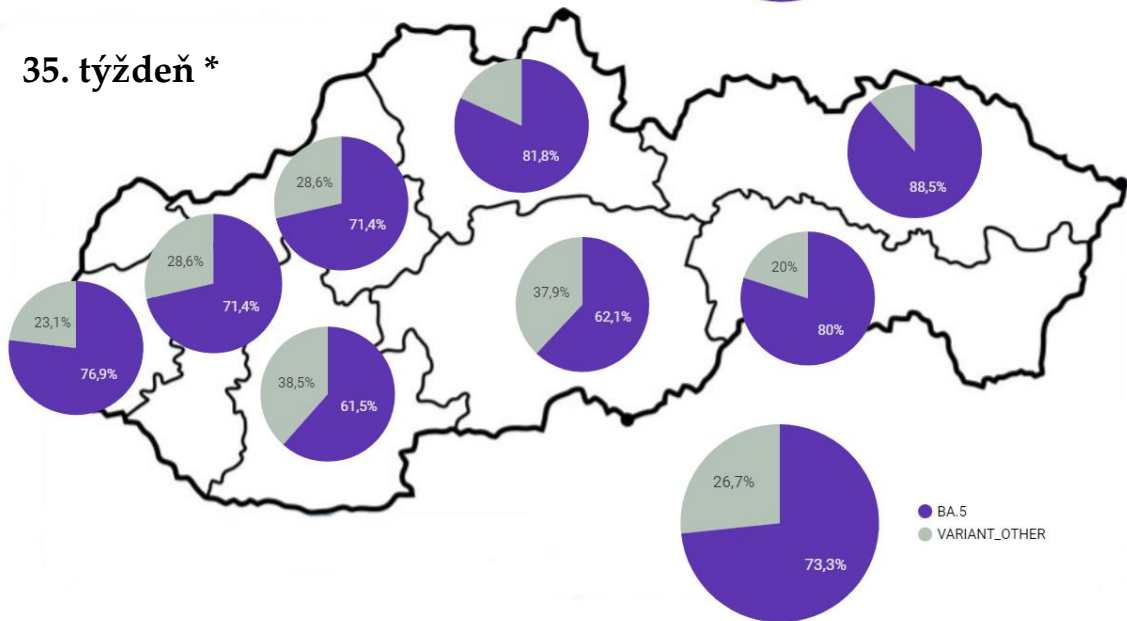
33. týždeň



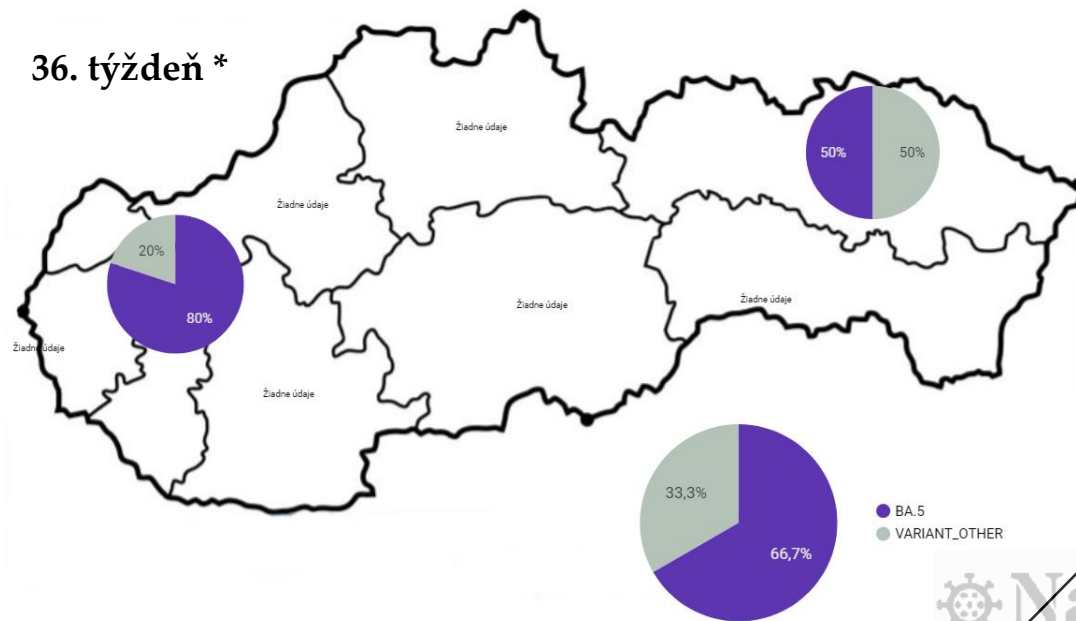
34. týždeň



35. týždeň \*

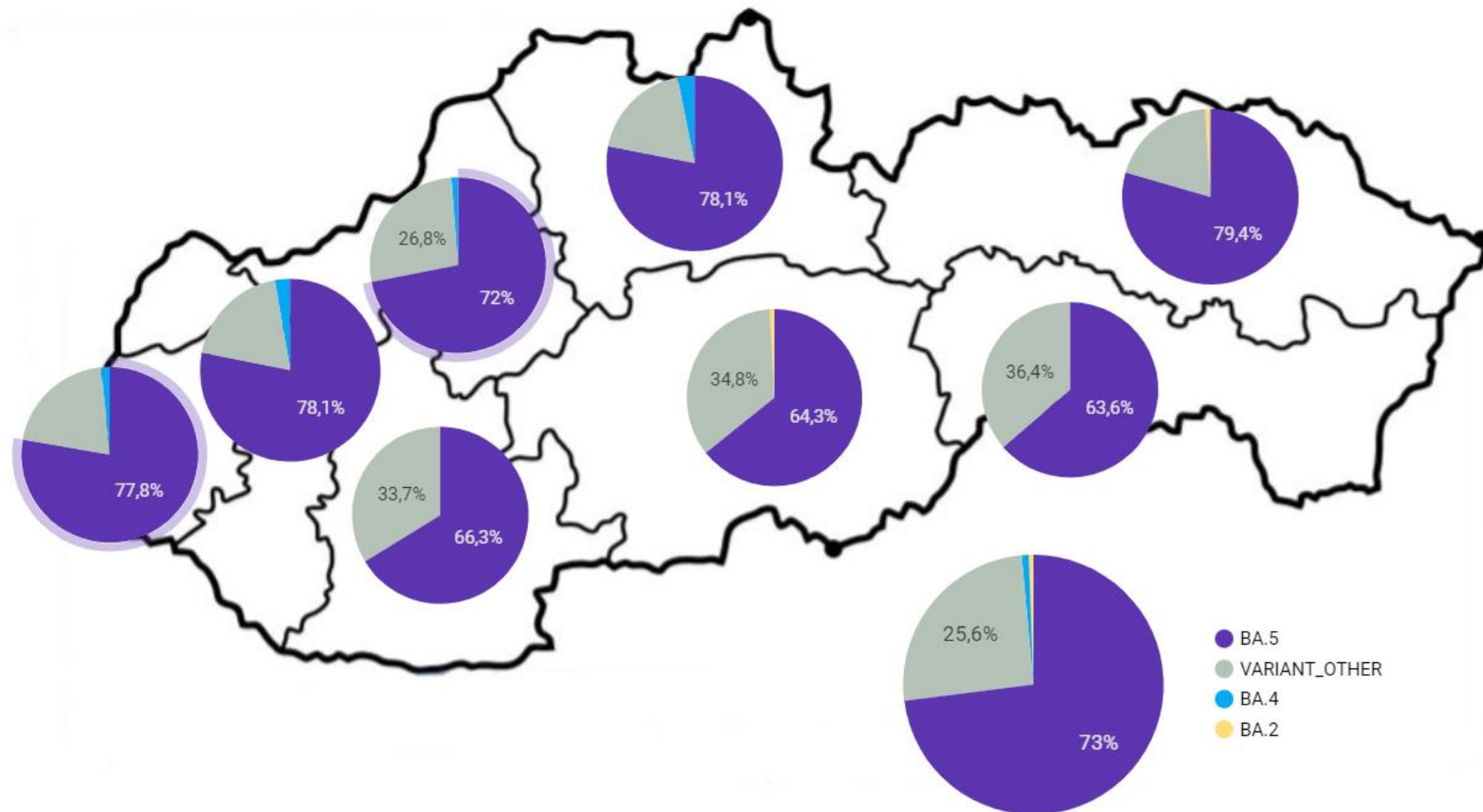


36. týždeň \*



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 33. – 36. týždni

- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v jednotlivých krajoch podobné
- subvariant BA.5 bol dominantný vo všetkých krajoch v rozpätí od 63,6% do 79,4% analyzovaných vzoriek

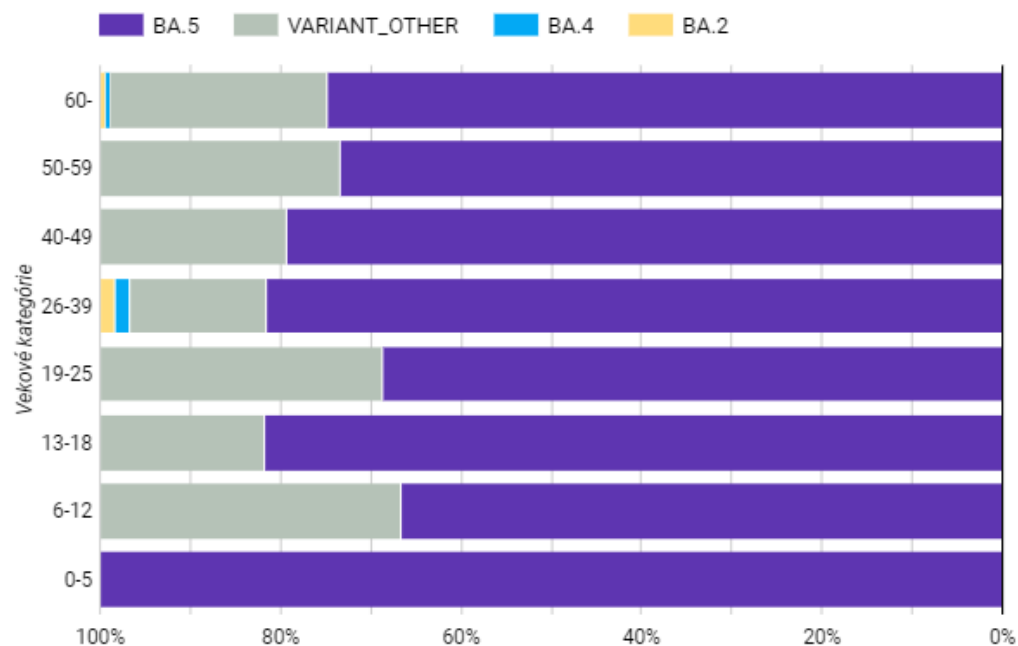


# Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

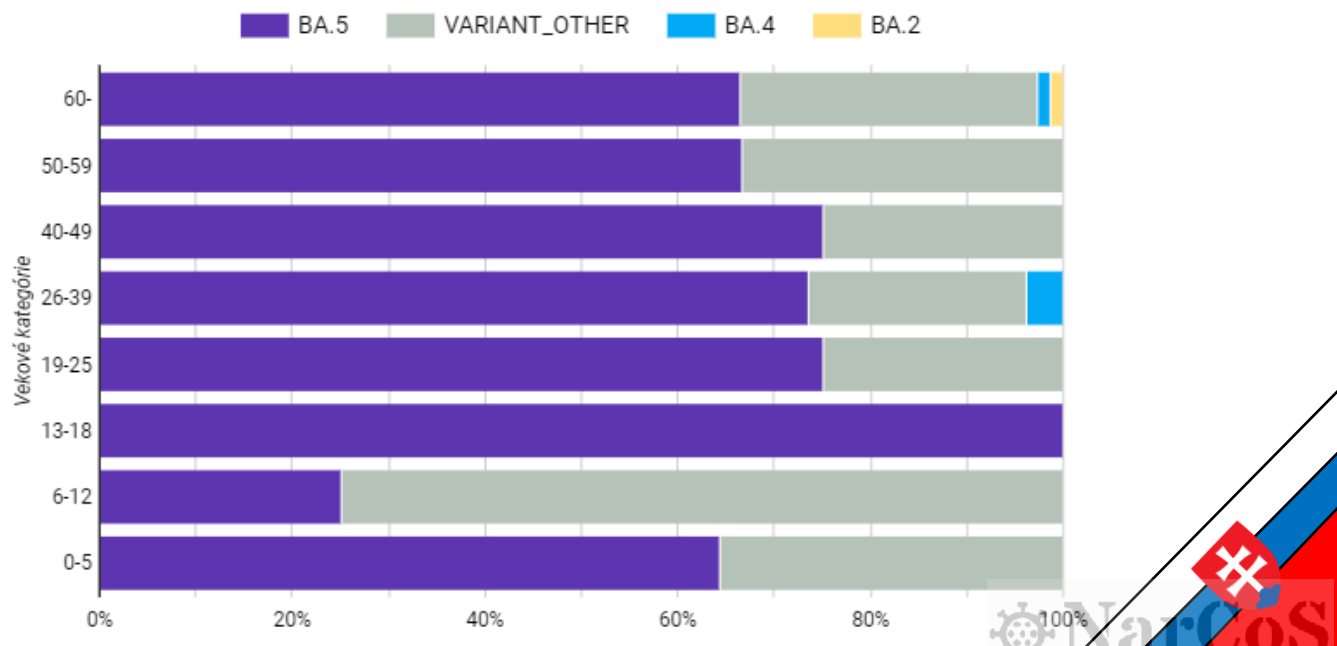
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 55,8% izolovaných vzoriek od žien a 44,2% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=191; 27,5% a muži n=152; 21,9%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	191	45	58	60	16	11	3	4
muži	152	45	32	53	4	3	4	14

## ŽENY



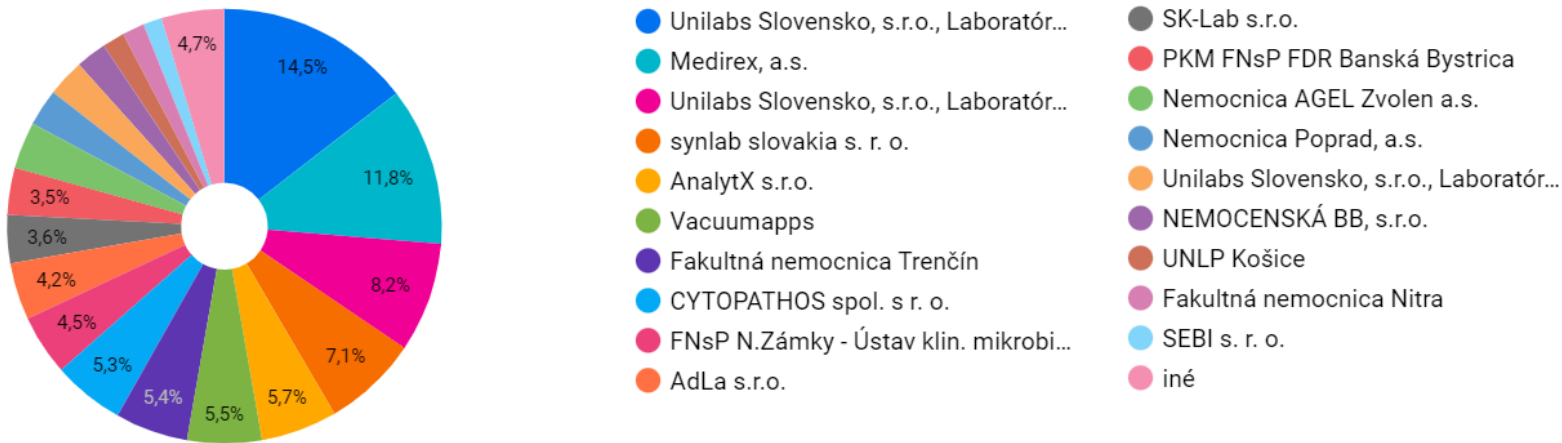
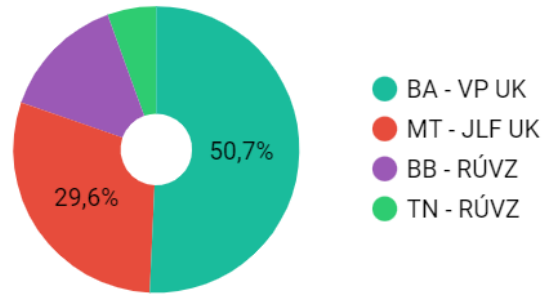
## MUŽI





# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 33. – 36. týždni

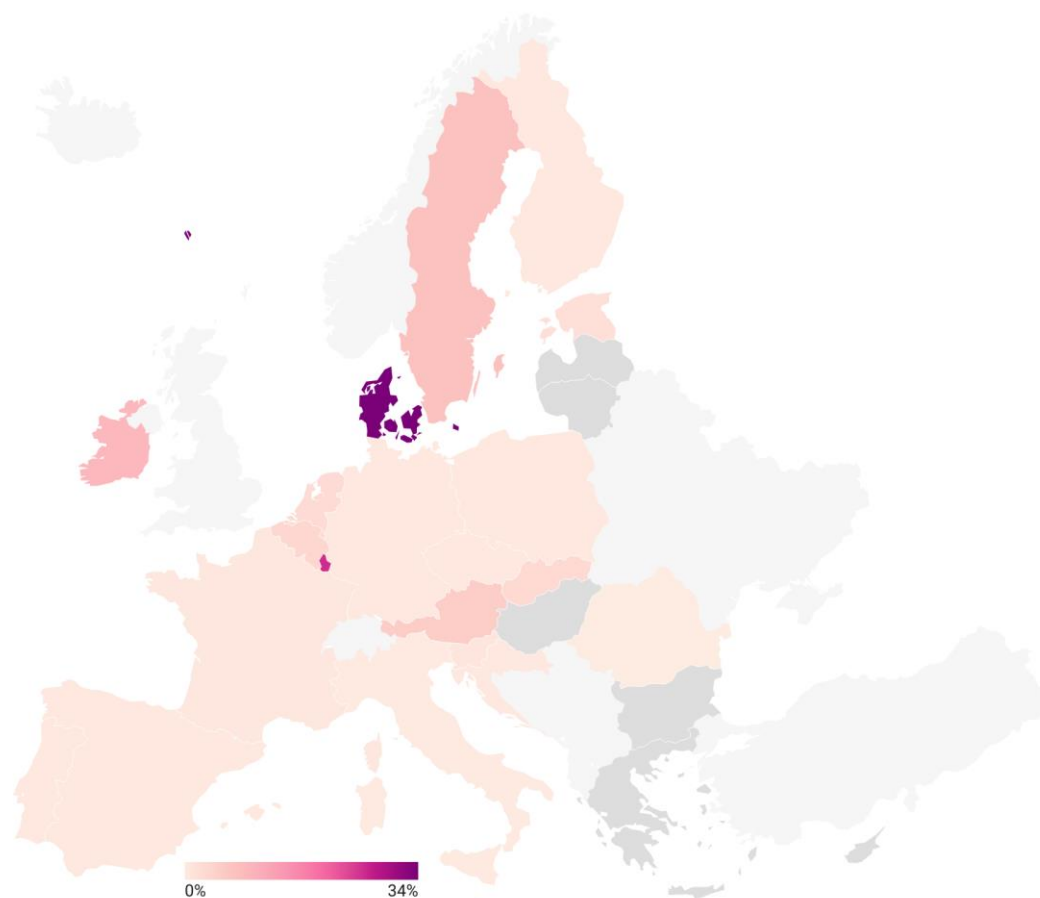
- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 50,7% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava  
- 29,6% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin  
- 14,2% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica  
- 5,5% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



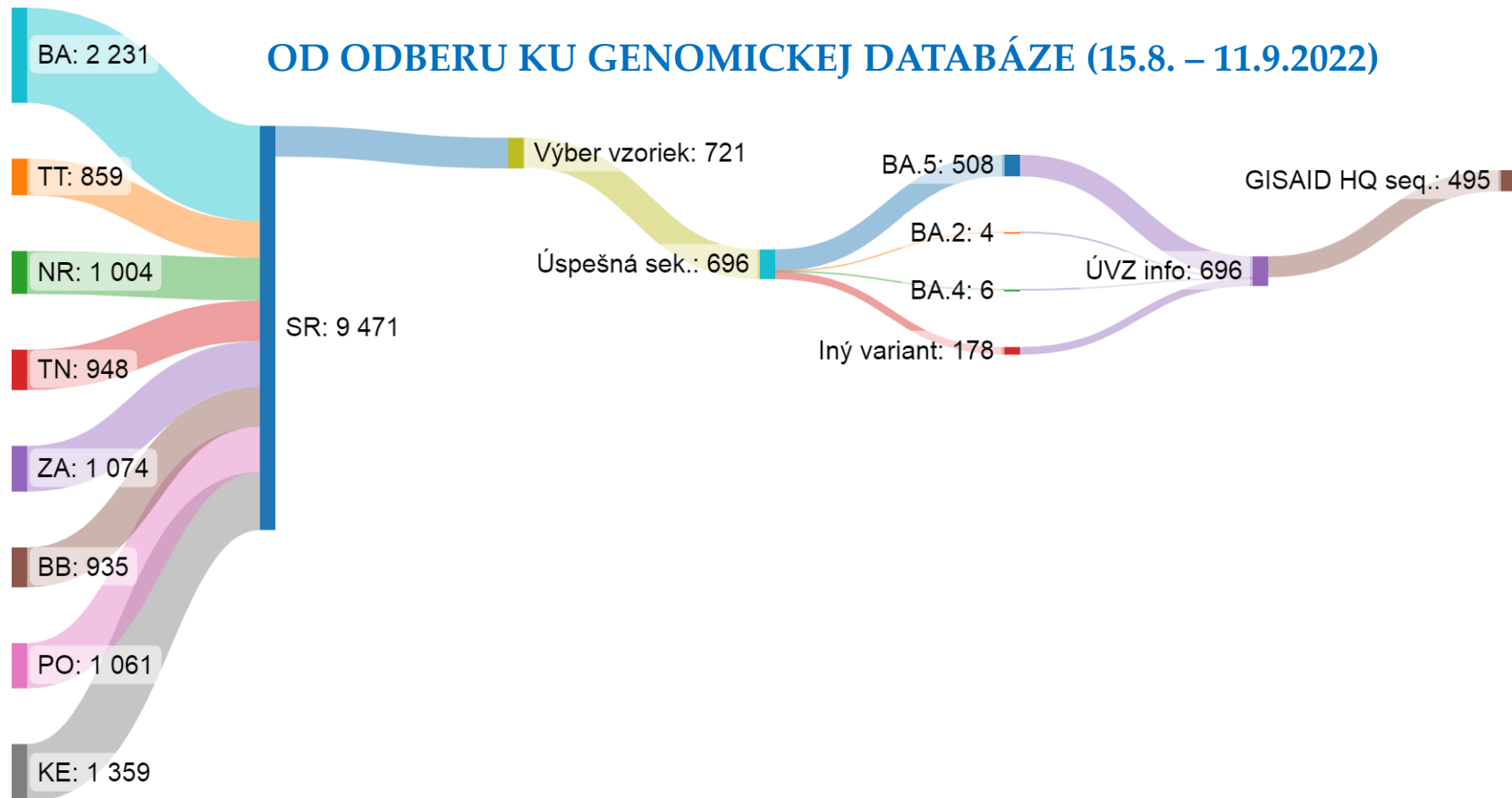
# Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (stav: 19.9.2022)

- za posledných 30 dní bolo do databázy GISAID uložených 495 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 7. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 2.mieste s 3,1% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	33.66
Luxembourg	25.762
Ireland	9.104
Sweden	7.375
Austria	5.333
Belgium	3.567
<b>Slovakia</b>	<b>3.087</b>
Netherlands	2.835
Estonia	1.998
Slovenia	0.92
France	0.704
Czech Republic	0.643
Spain	0.602
Poland	0.599
Finland	0.586
Croatia	0.574
Germany	0.558
Portugal	0.538
Italy	0.215
Romania	0.054



- 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.
- monitorovaciú 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

