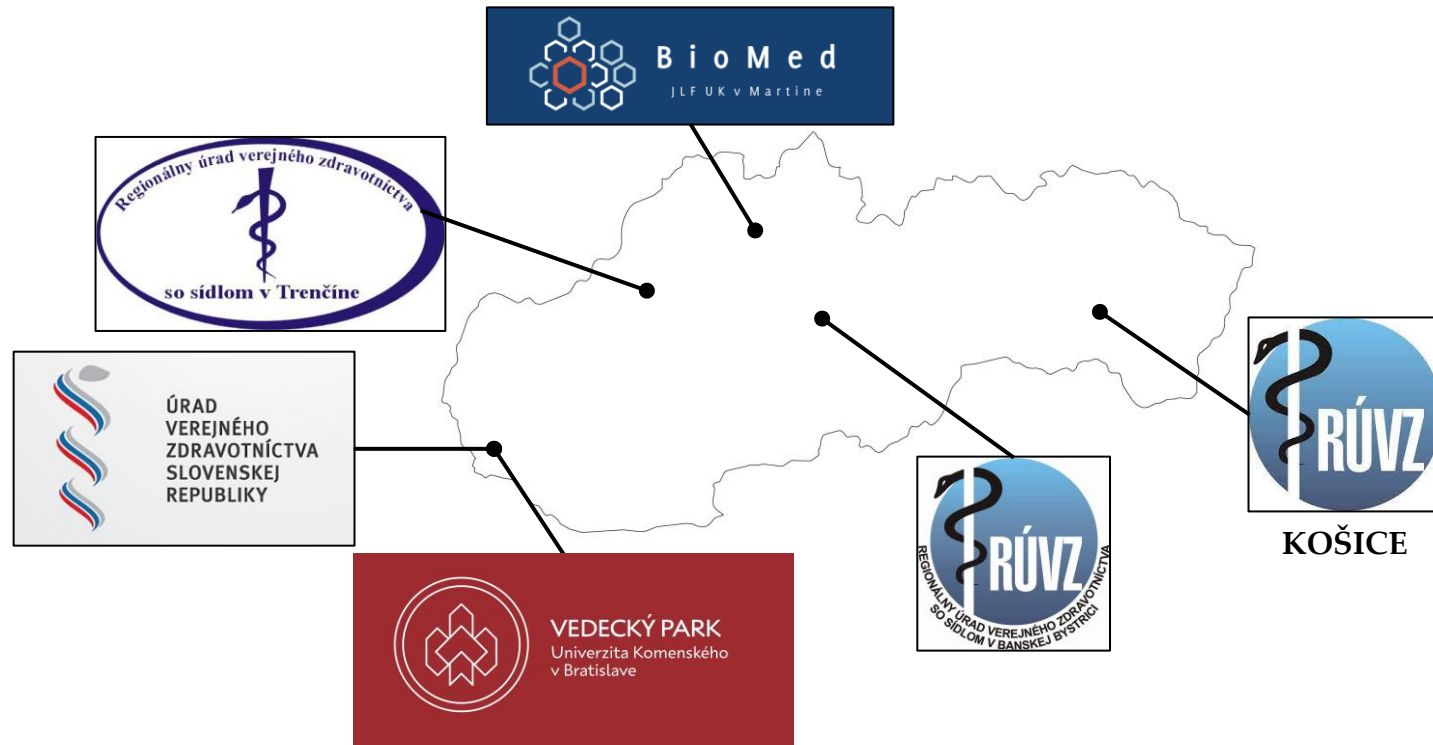
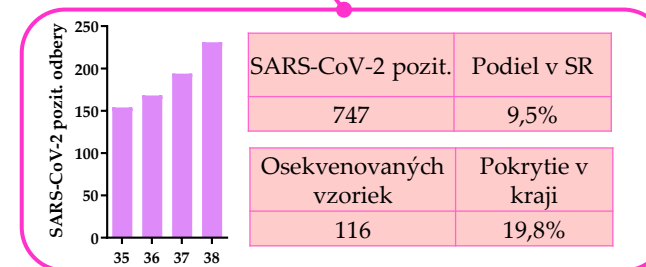
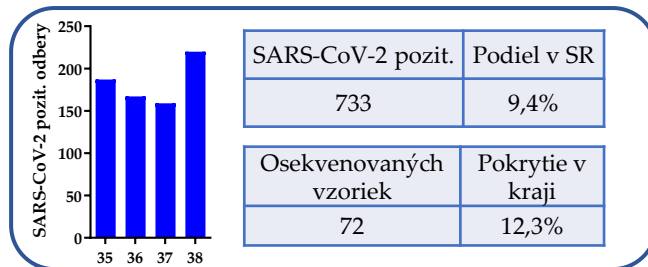
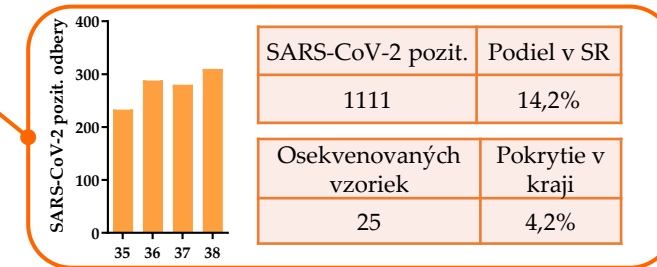
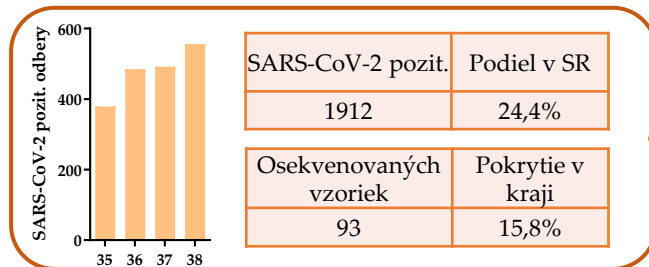
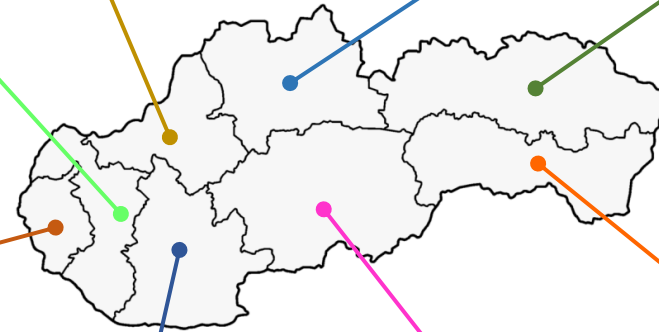
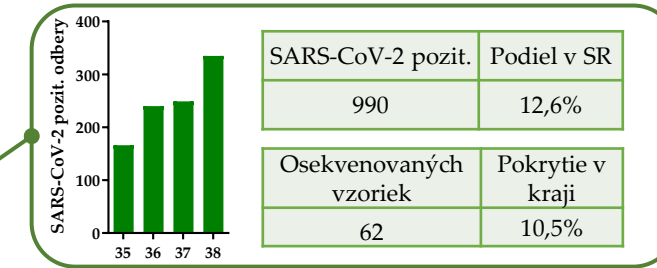
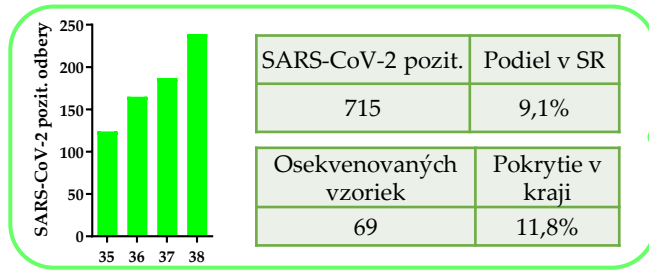
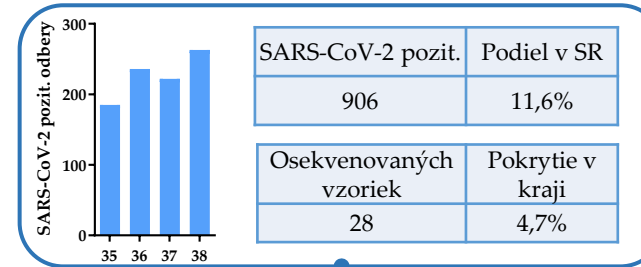
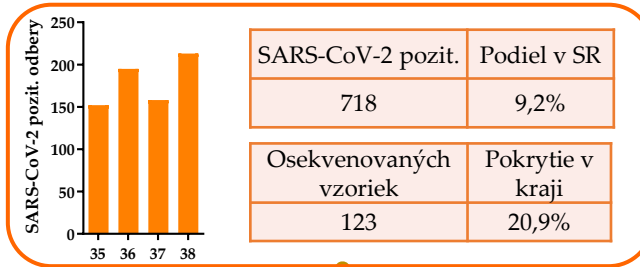


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



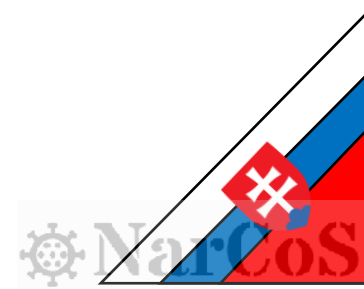
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 35. – 38. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (35. – 38. týždeň/2022)

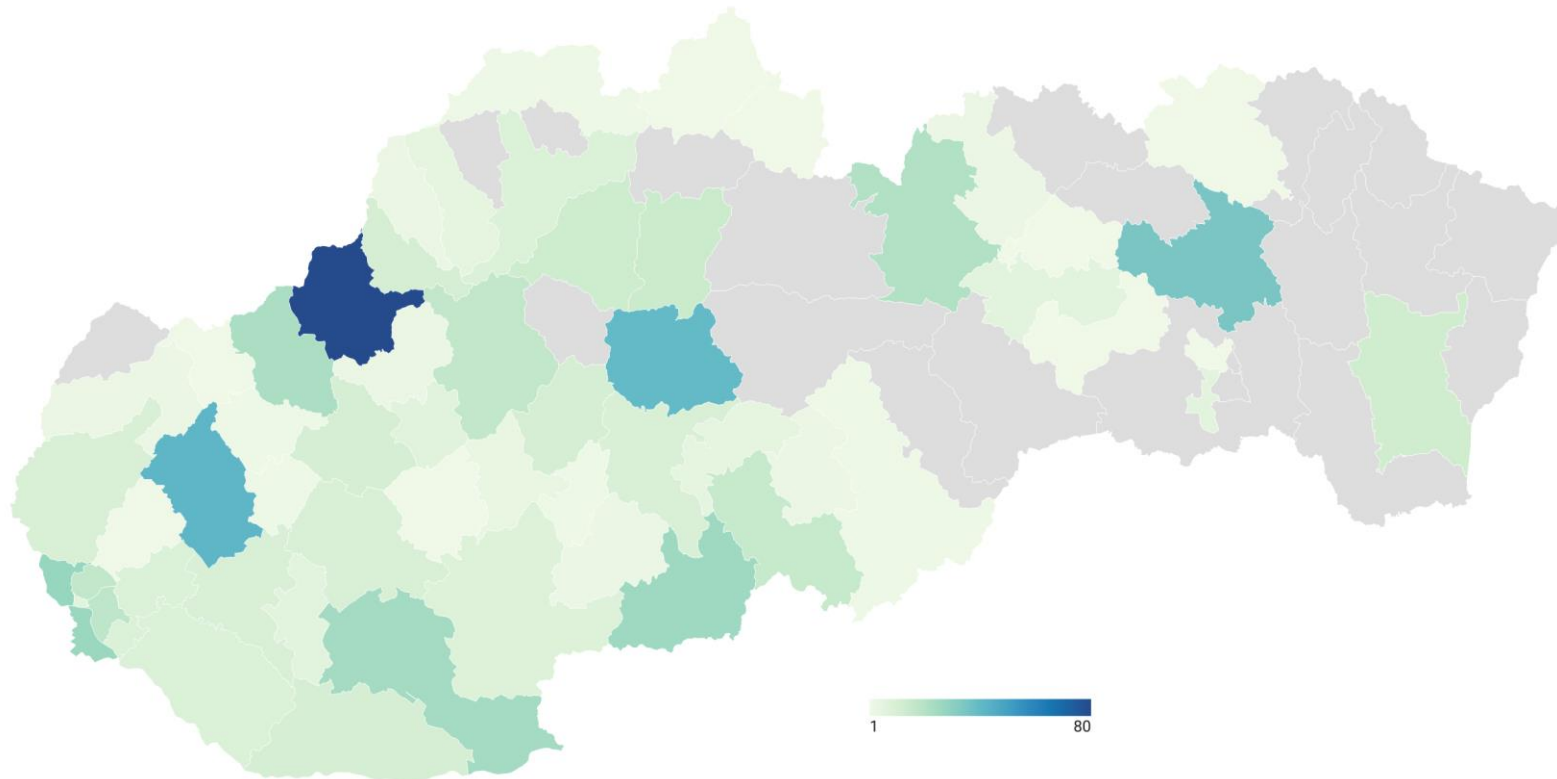
- v sledovanom období (29.8. - 25.9. 2022) zachytených 7 832 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- 608 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 593 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 97,5% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 7,6%
- Vloženie 593 (100% z 593 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne pribúda vo všetkých krajoch a ich počet v 38. týždni (n=2 367) narástol o 50% oproti 35. týždňu (n=1 580)
- od 35. týždňa počet pozitívnych vzoriek narastá
- subvariant Omikronu BA.5 je dominantný v celej SR
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (55,6%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Inštitút Zdravotných Analýz Ministerstva zdravotníctva SR



# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 35. – 38. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

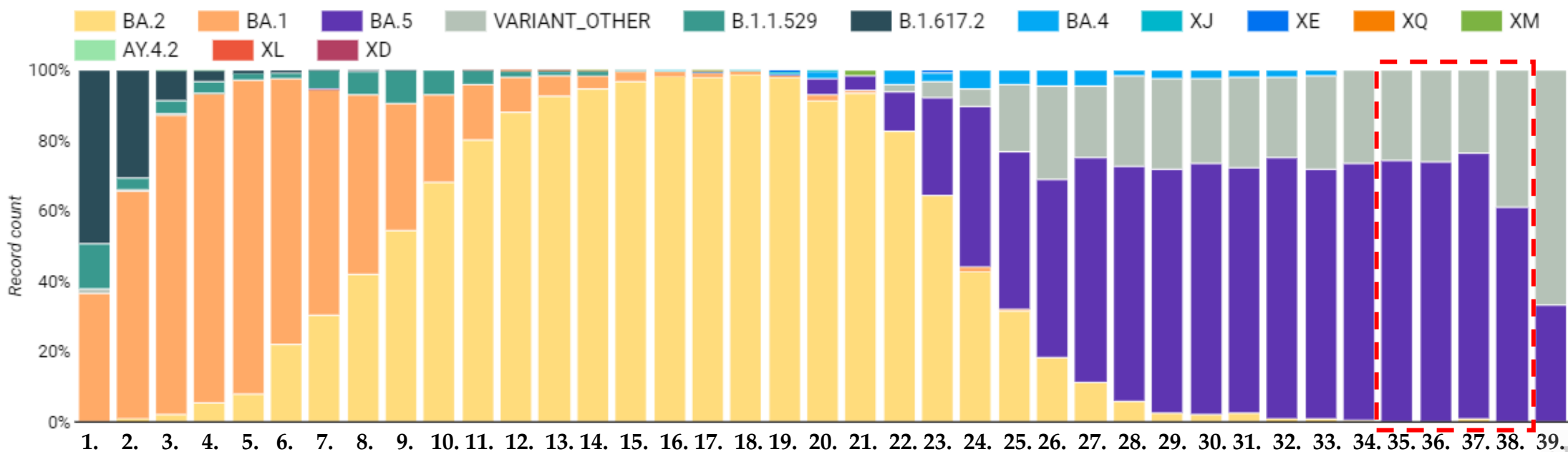
- výber SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek sa riadi podľa špecifických kritérií
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- rozloženie vzoriek je ovplyvnené aj kapacitami jednotlivých pracovísk
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Trenčín, Trnava, Banská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



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

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

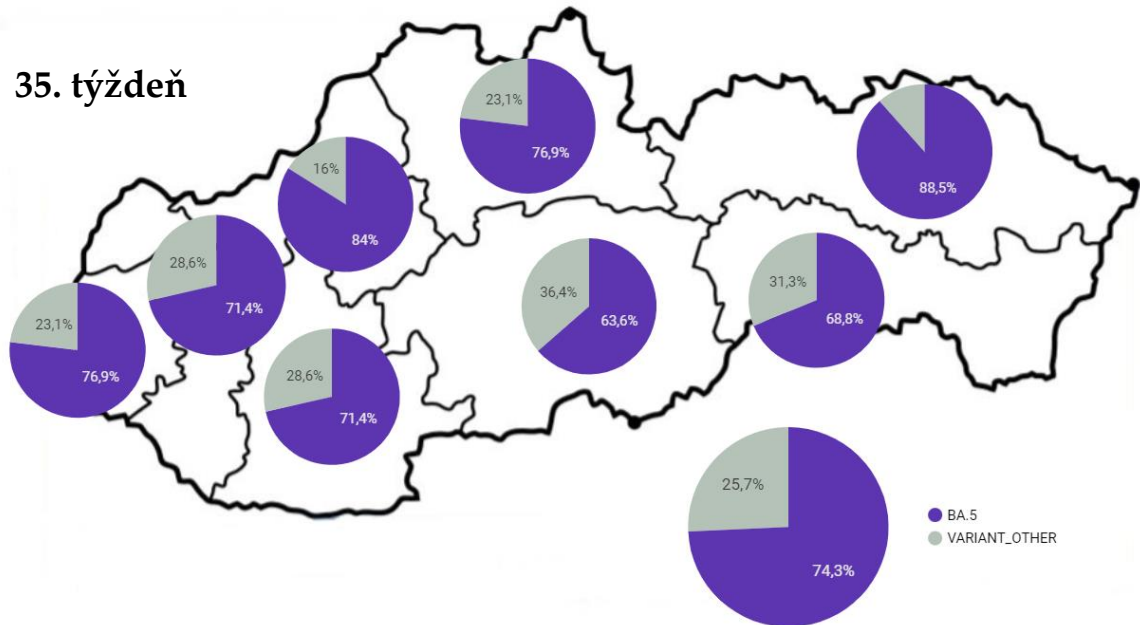
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládal subvariant Omikronu - BA.5
- subvariant BA.5 s podielom 72,9% (n=428) nad skupinou VARIANT\_OTHER\* (BE.1, BE.1.1, BE.3, BF.1, BF.2, BF.5, BF.7, BF.8, BF.10, BF.11, BF.14) s podielom 26,9% (n=158)
- subvariant BA.2 s podielom 0,2% (n=1)
- \*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



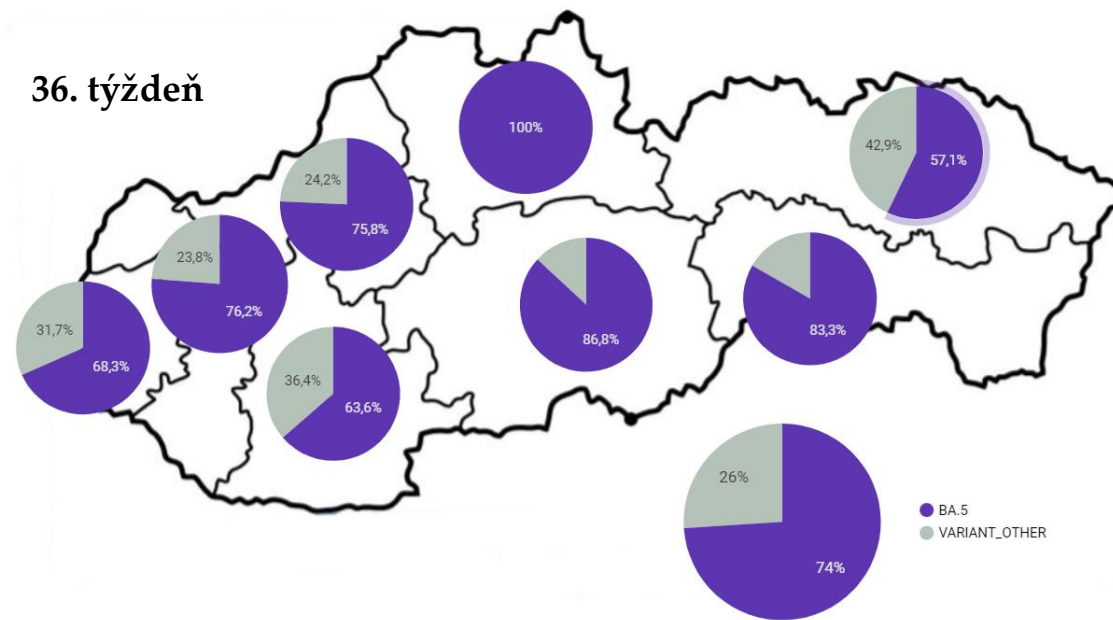
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

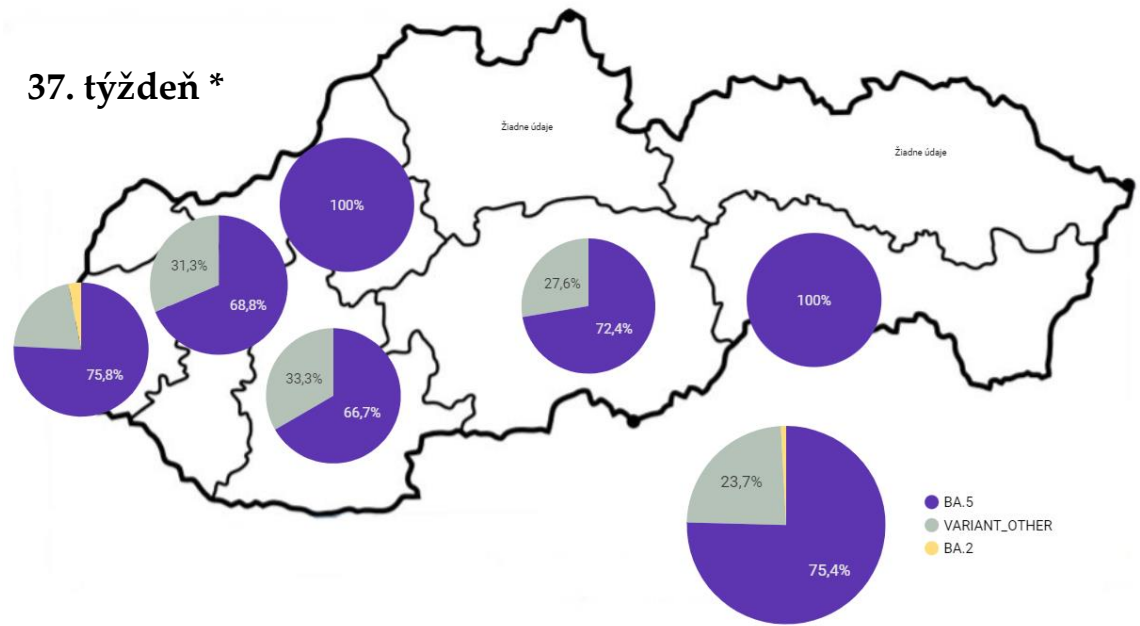
35. týždeň



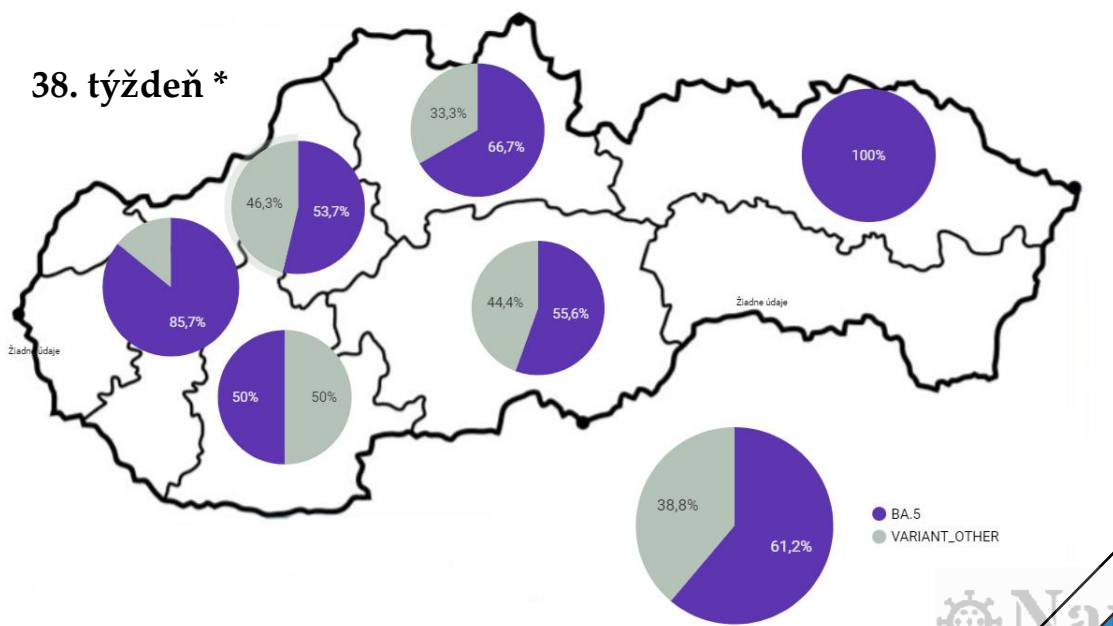
36. týždeň



37. týždeň \*

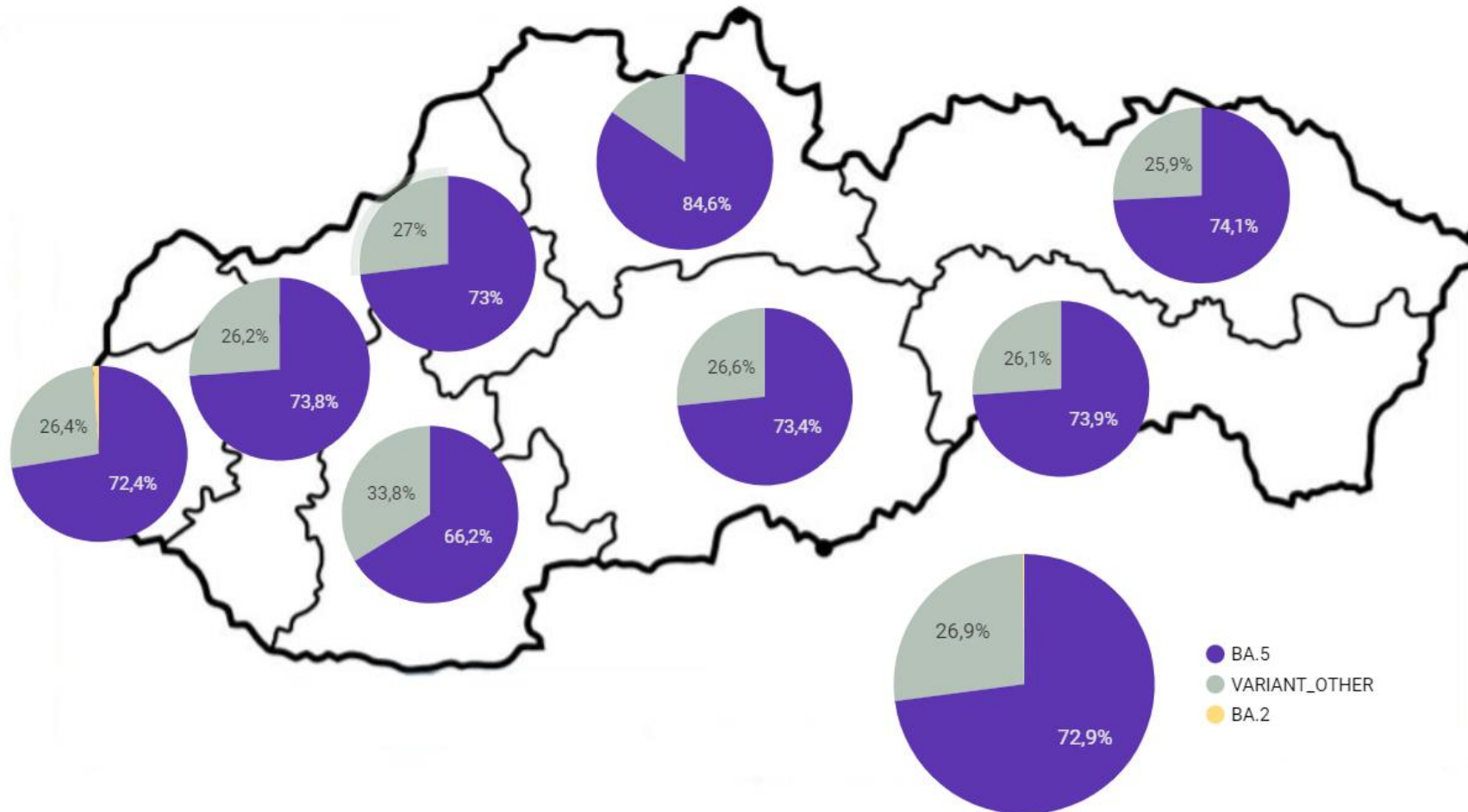


38. týždeň \*



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 35. – 38. týždni

- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantu BA.5 vo väčšine krajoch podobné
- subvariant BA.5 bol dominantný vo všetkých krajoch v rozpätí od 66,2% do 84,6% analyzovaných vzoriek

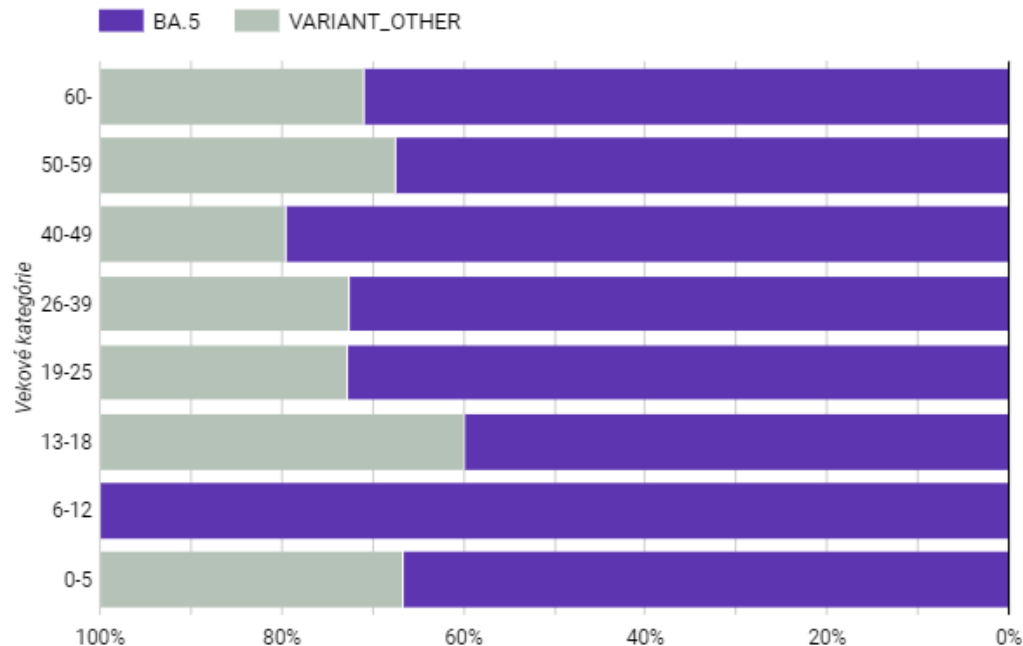


# Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

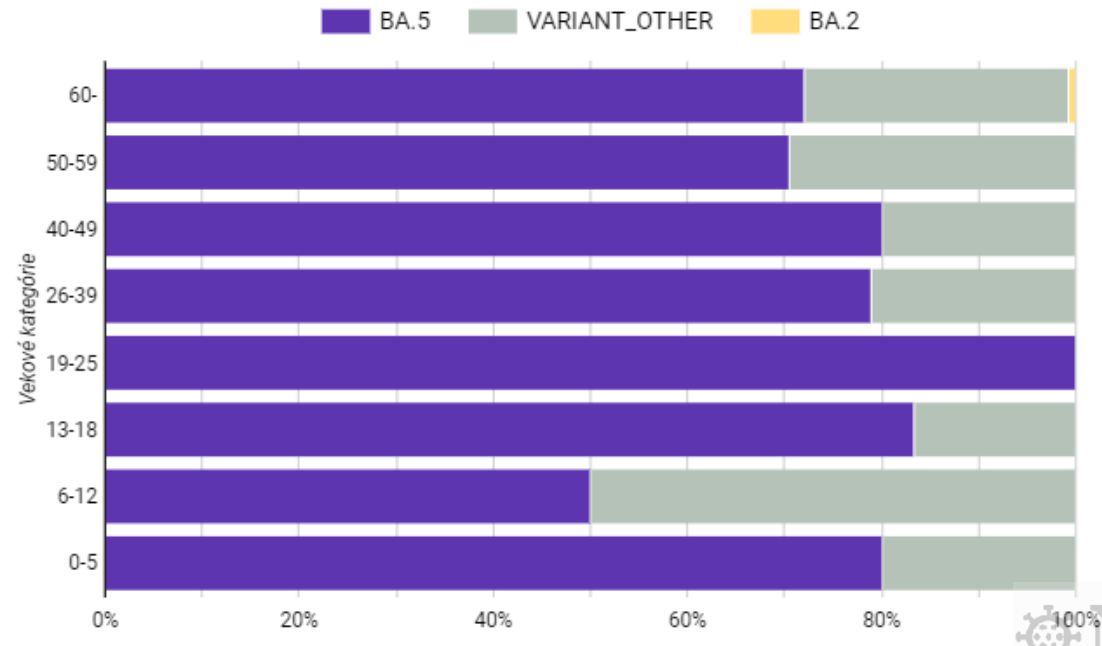
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 55,3% izolovaných vzoriek od žien a 44,7% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=183; 31,2% a muži n=143; 24,4%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	183	40	39	40	11	5	3	3
muži	143	34	25	38	2	6	4	10

## ŽENY



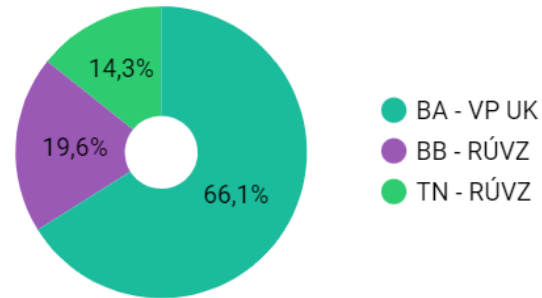
## MUŽI





# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 35. – 38. týždni

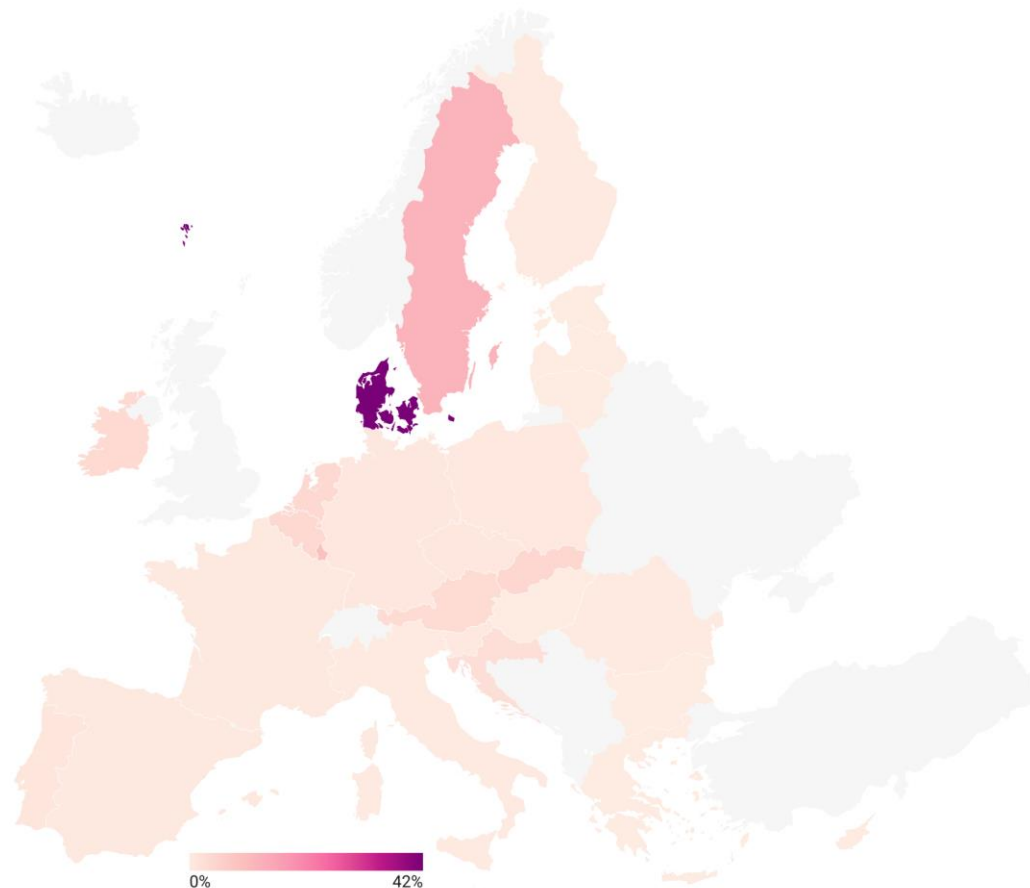
- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 66,1% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
  - 19,6% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
  - 14,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



# Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (stav: 4.10.2022)

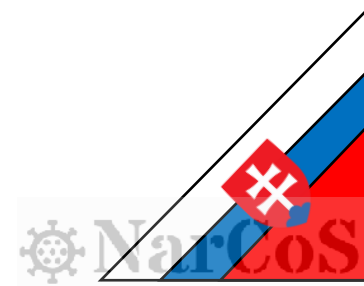
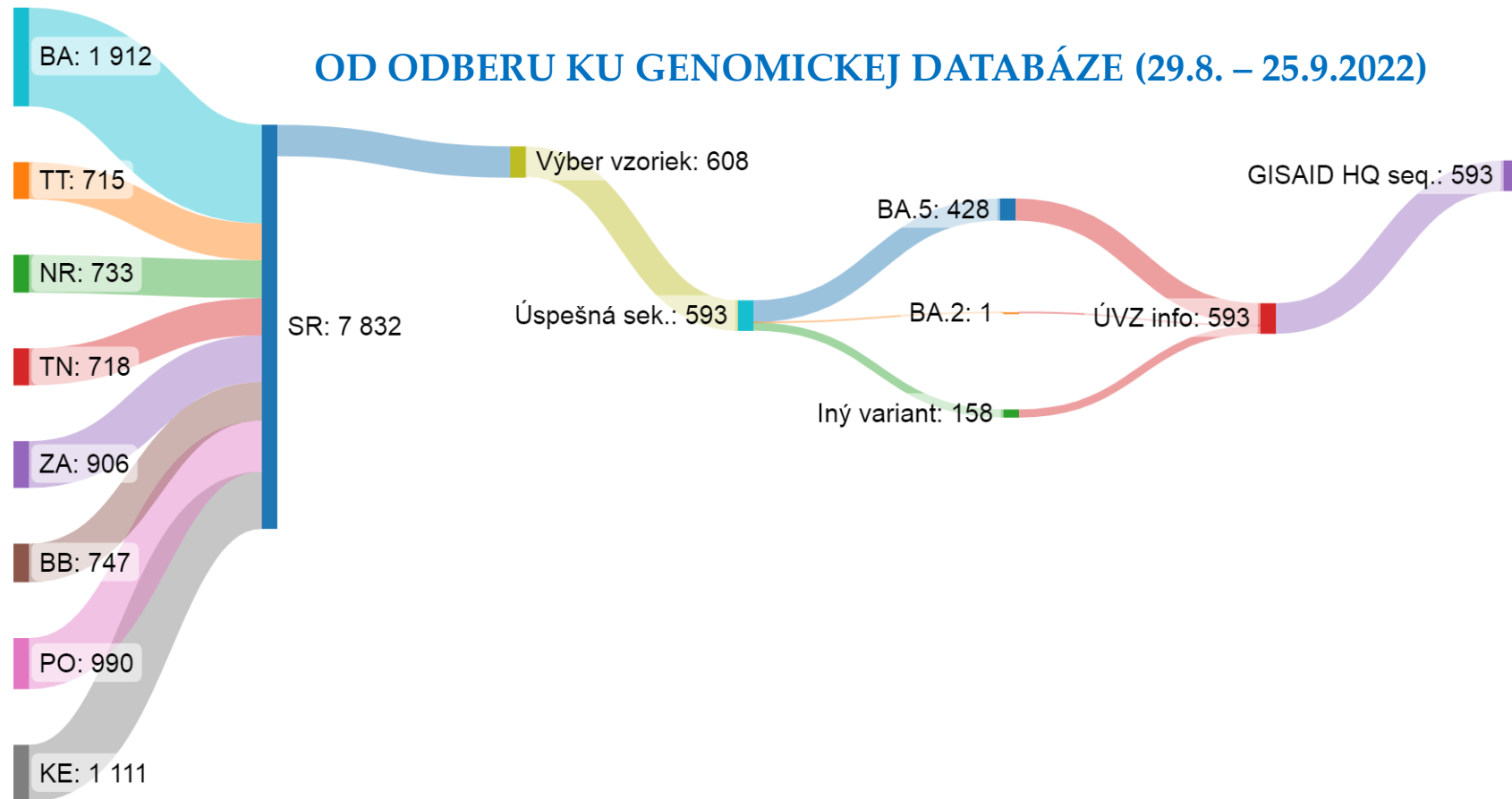
- za posledných 30 dní bolo do databázy GISAID uložených 593 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 4. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 1.mieste s 4,45% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	42.211
Sweden	12.253
Luxembourg	9.42
<b>Slovakia</b>	<b>4.445</b>
Belgium	3.999
Netherlands	3.982
Ireland	3.785
Austria	3.583
Croatia	2.666
Portugal	1.184
Czech Republic	0.895
Germany	0.814
Slovenia	0.608
Poland	0.6
France	0.526
Spain	0.42
Italy	0.251
Finland	0.2
Romania	0.162
Greece	0.046



Created with Datawrapper

- 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

