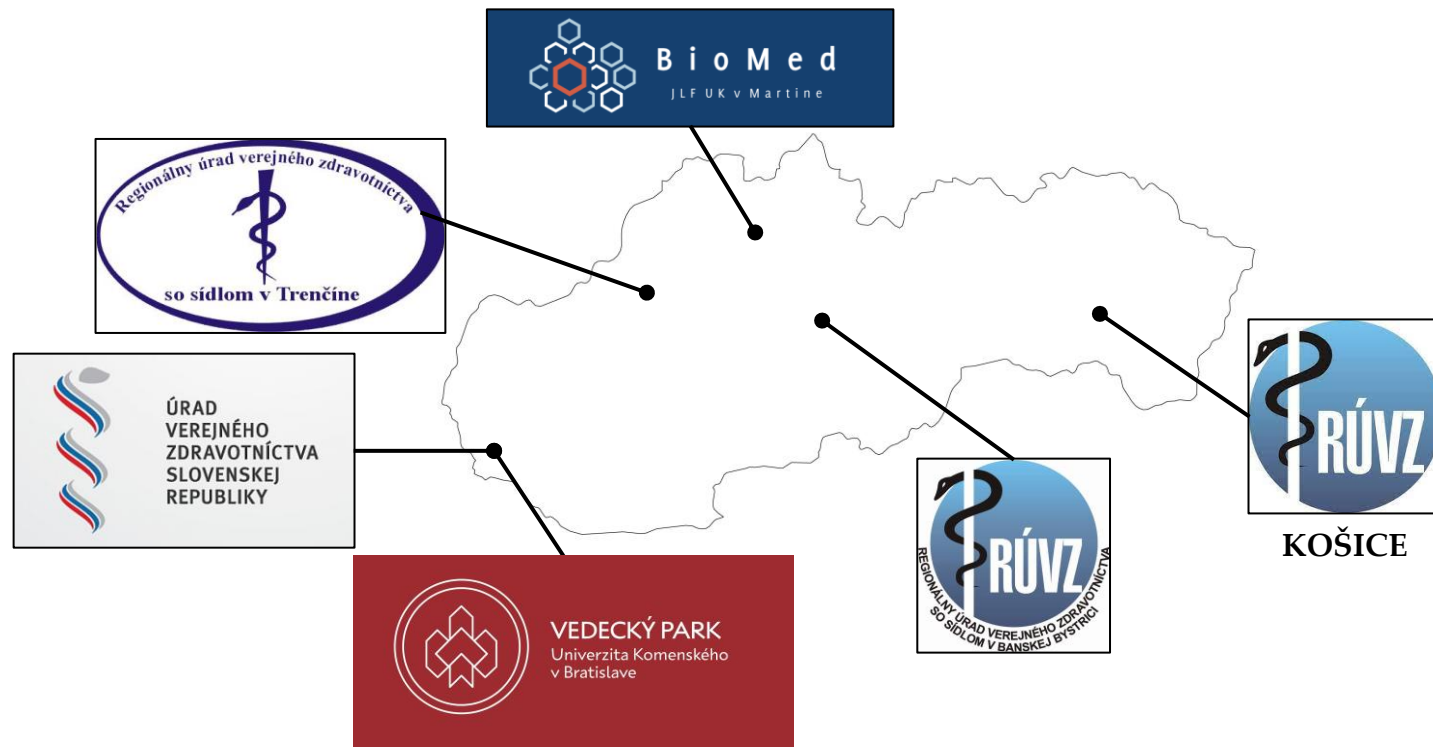
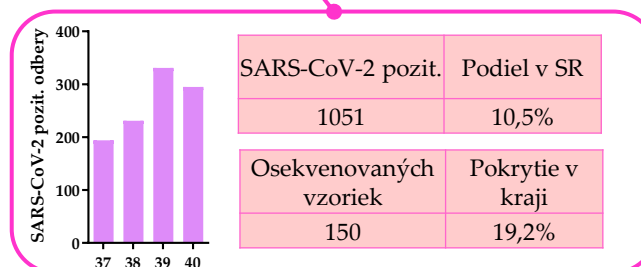
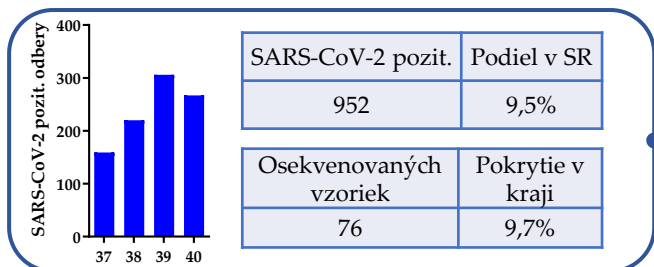
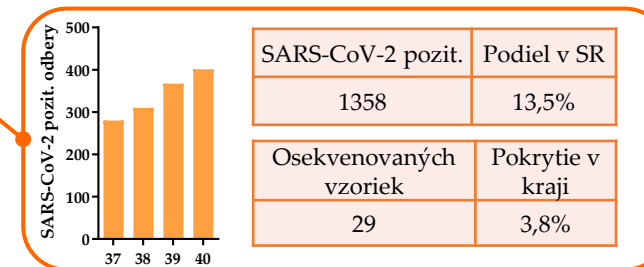
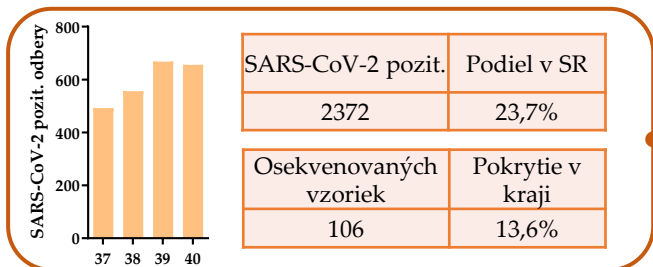
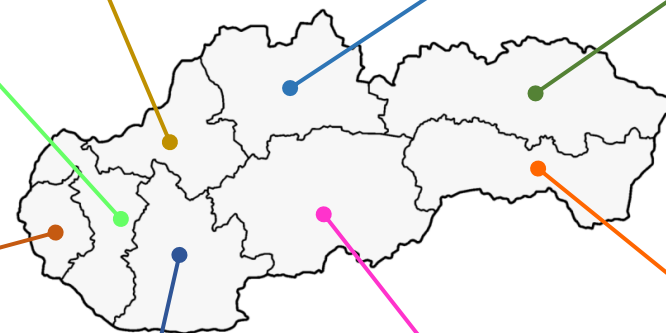
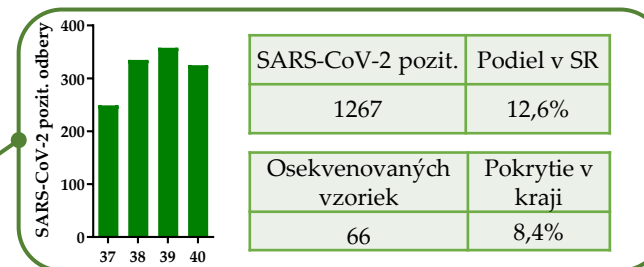
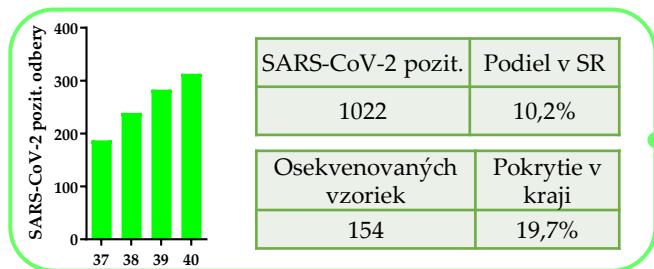
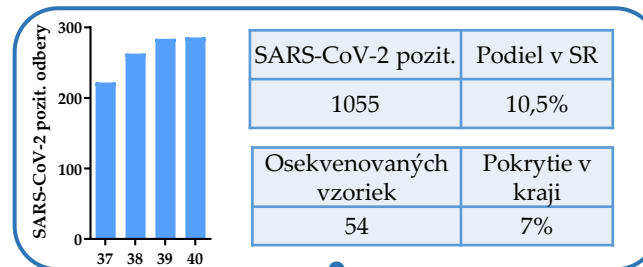
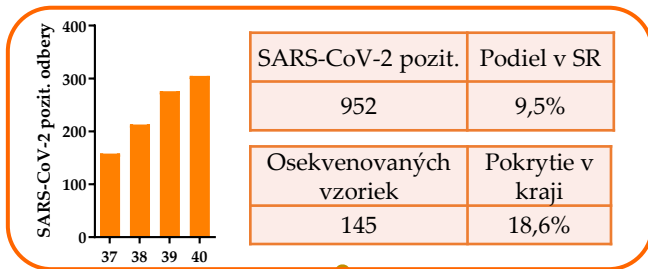


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



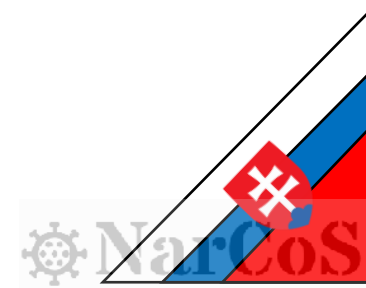
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 37. – 40. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



## Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (37. – 40. týždeň/2022)

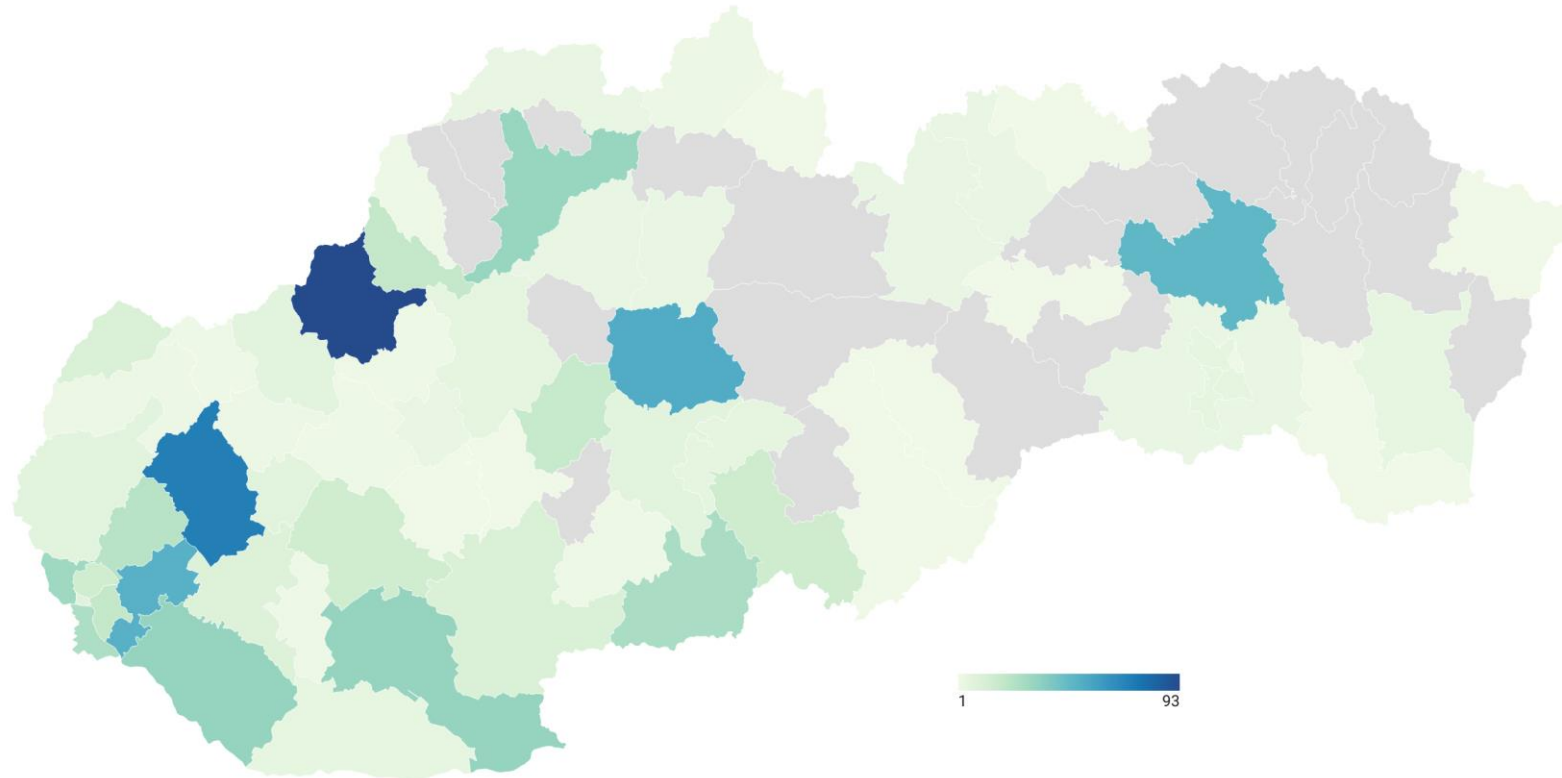
- v sledovanom období (12.9. - 9.10. 2022) zachytených 10 029 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- 790 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 780 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 98,7% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 7,8%
- Vloženie 707 (90.6% z 780 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne pribúda vo všetkých krajoch a ich počet v 40. týždni (n=2 848) narástol o 47% oproti 37. týždňu (n=1 941)
- subvariant Omikronu BA.5 je dominantný v celej SR
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (56,2%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

\* zdroj: Inštitút Zdravotných Analýz Ministerstva zdravotníctva SR



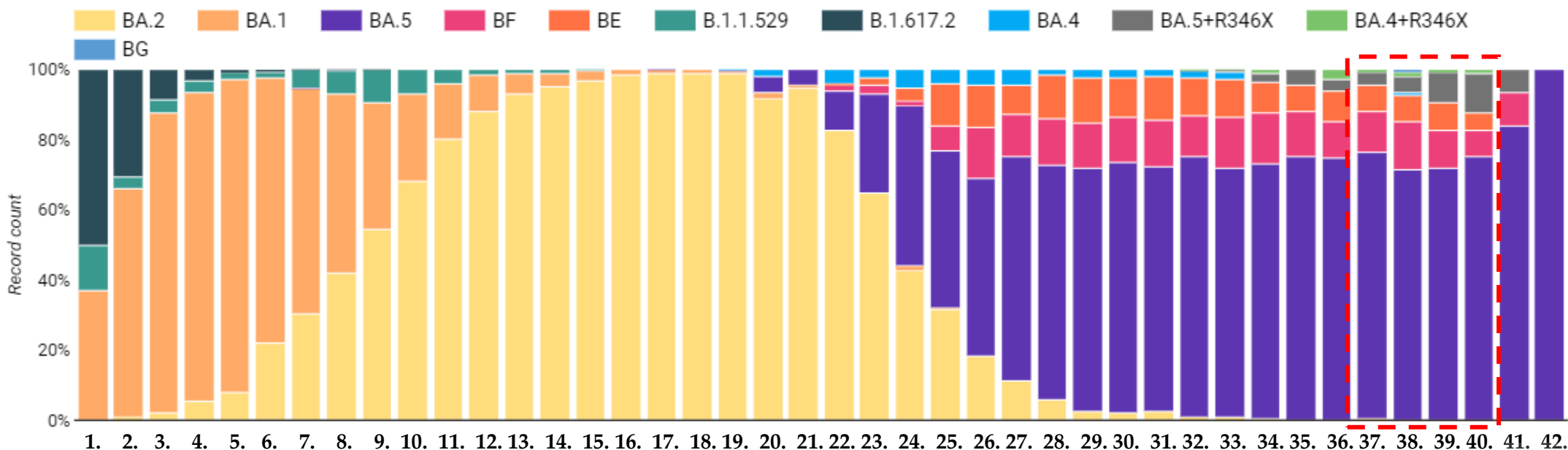
# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 37. – 40. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

- 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 Senec



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

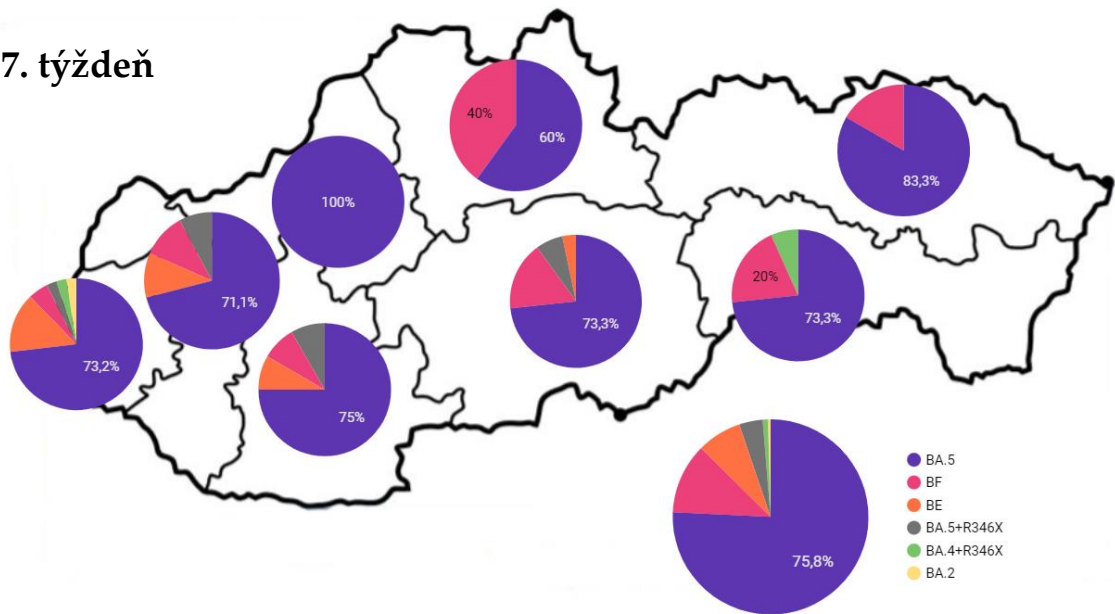
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládal subvariant Omikronu - BA.5
- podiel subvariantov a línií: BA.5 - 73,1% (n=570); BF - 11,5% (n=90); BE - 7,3% (n=57); BA.5+R346X - 6,3% (n=49); BA.4+R346X - 1% (n=8); BG - 0,3% (n=2); BA.4 - 0,3% (n=2); BA.2 - 0,1% (n=1); VARIANT\_OTHER\* - 0,1% (n=1)
- \*skupina VARIANT\_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



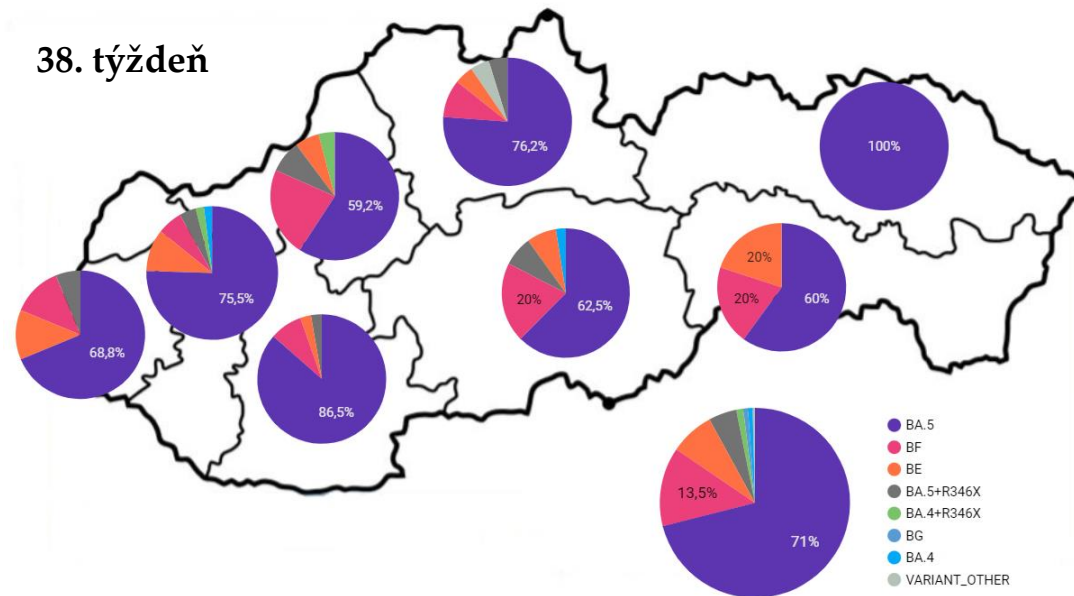
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

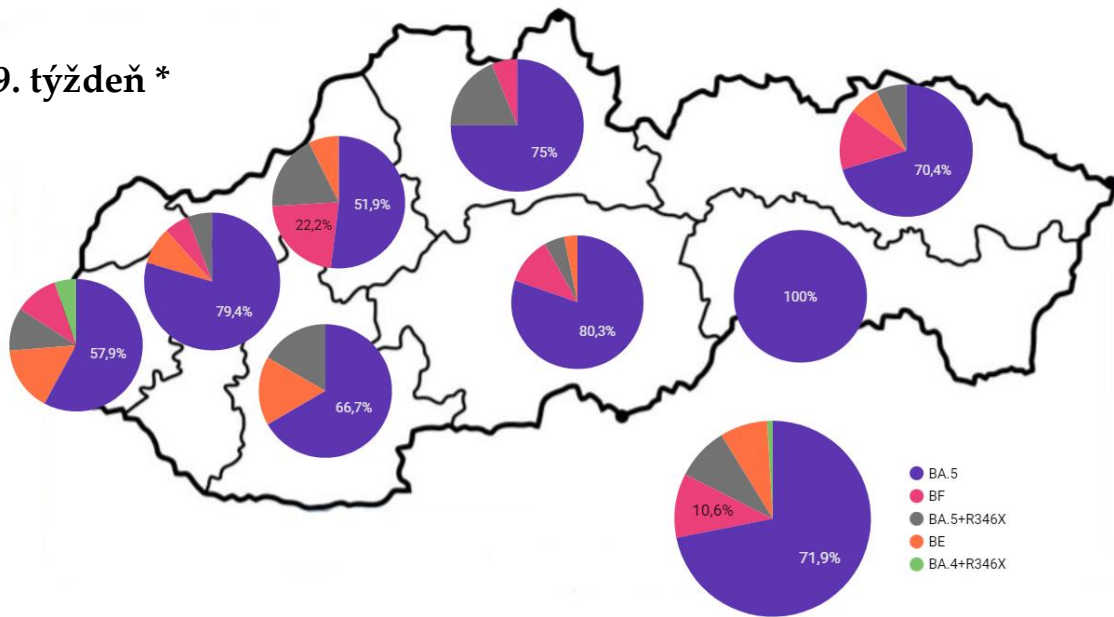
37. týždeň



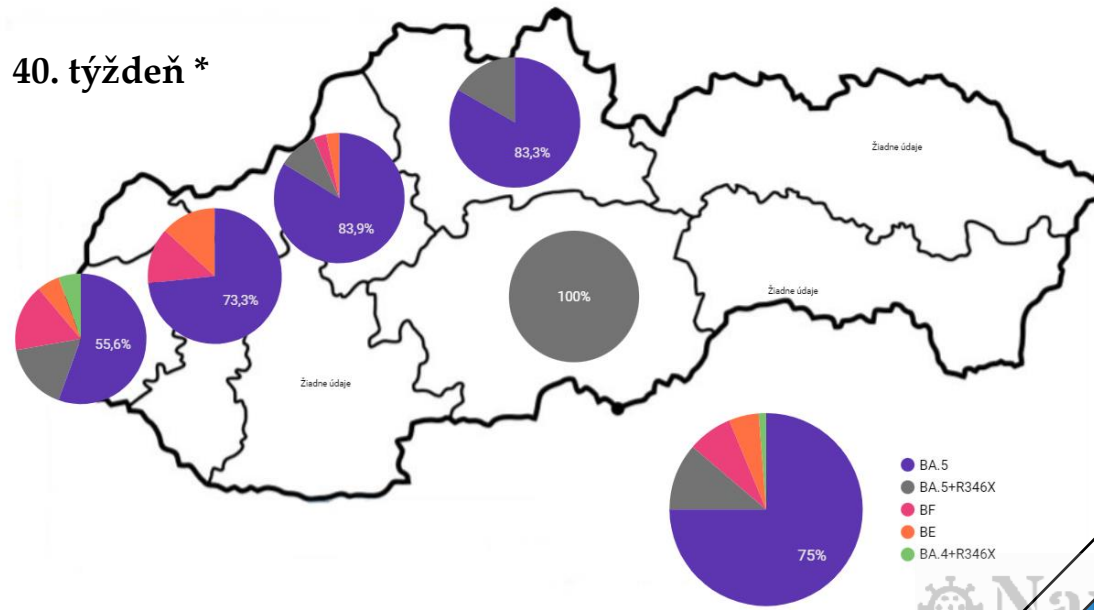
38. týždeň



39. týždeň \*

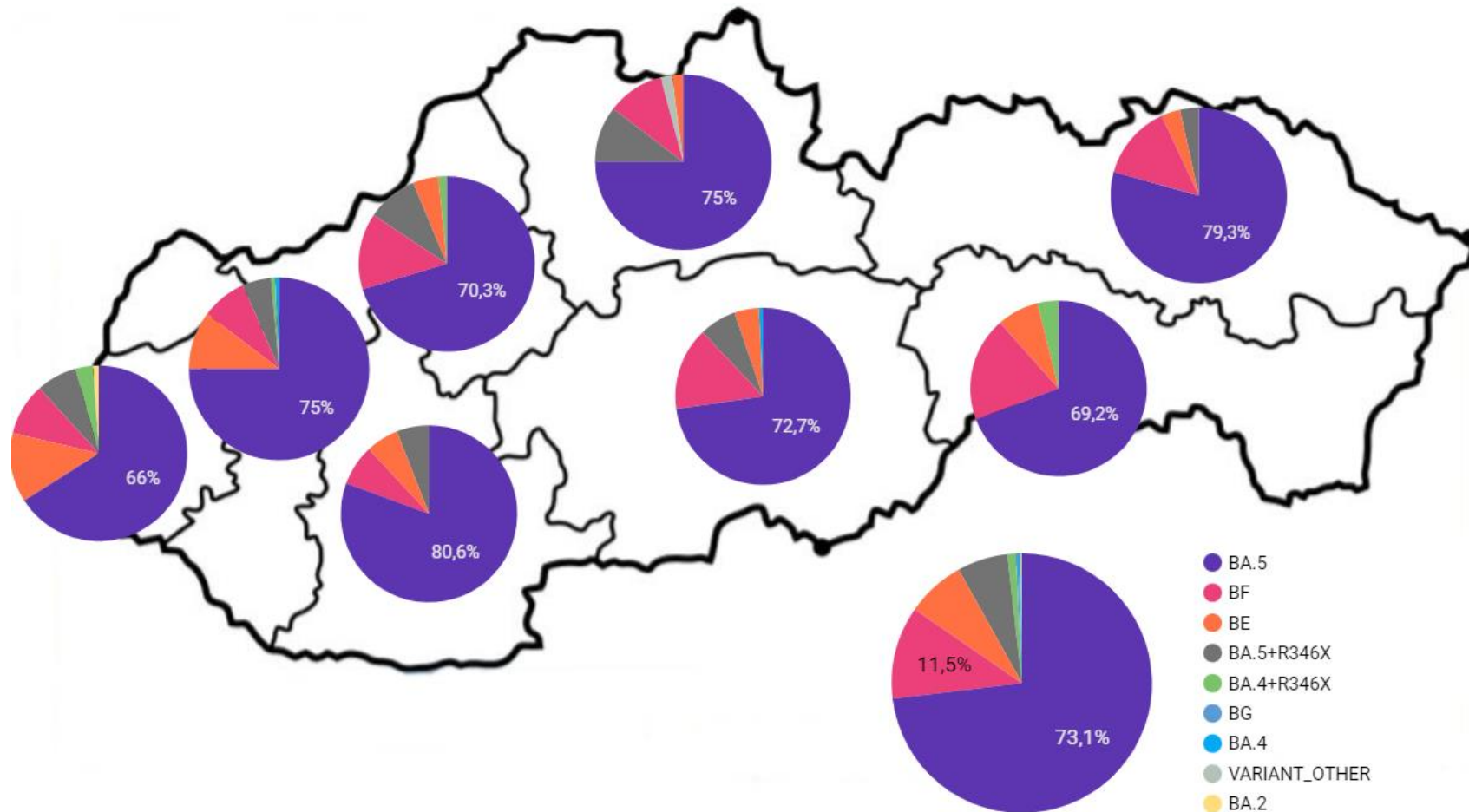


40. týždeň \*



# Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 37. – 40. 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% do 80,6% analyzovaných vzoriek

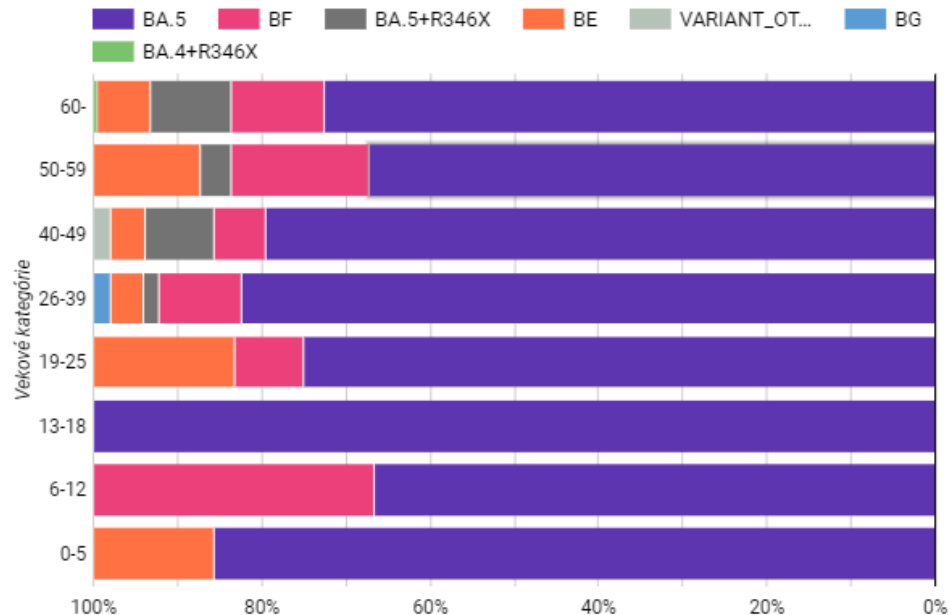


# Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

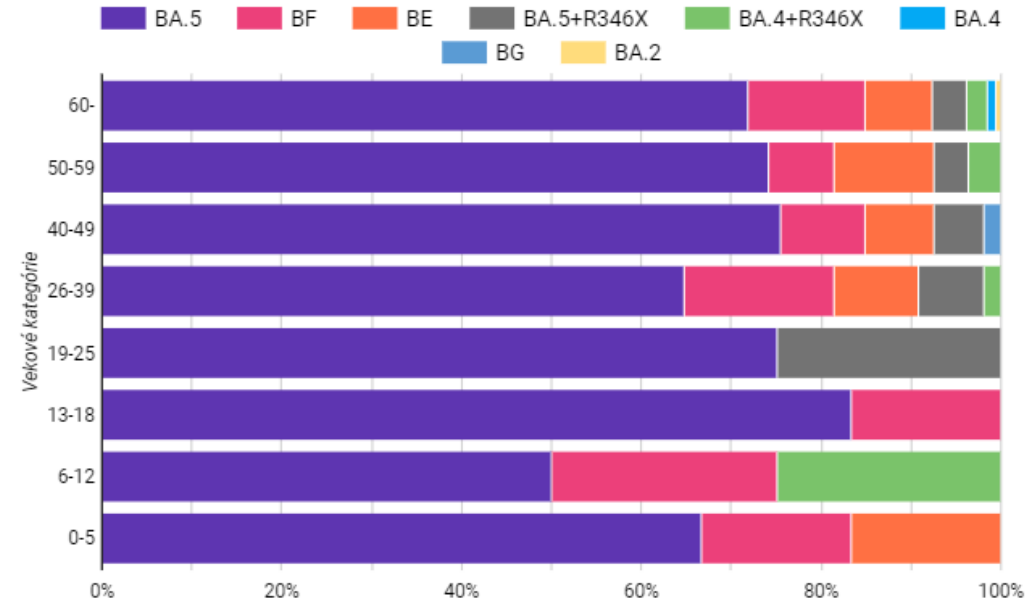
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 55,9% izolovaných vzoriek od žien a 44,1% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=252; 32,4% a muži n=185; 23,8%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	252	55	49	51	12	5	3	7
muži	185	27	53	54	8	6	4	6

## ŽENY



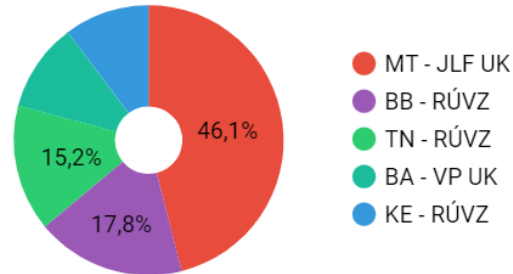
## MUŽI





# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 37. – 40. týždni

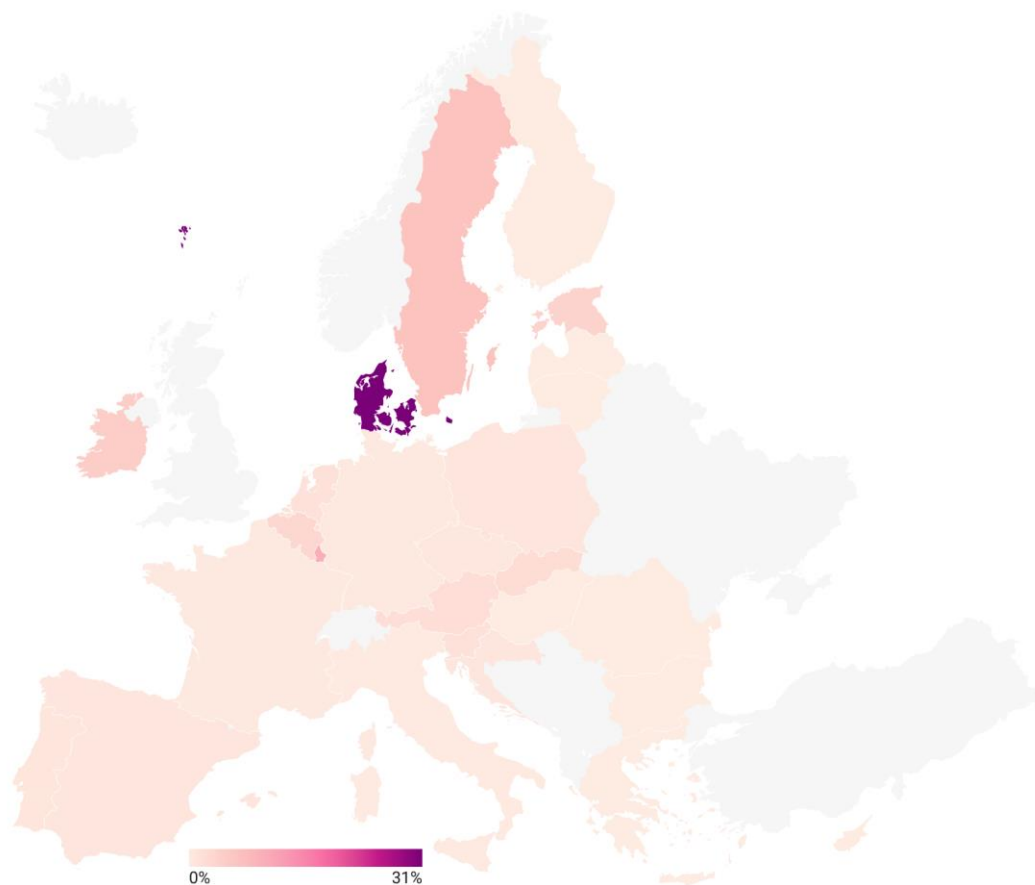
- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 46,1% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin
  - 17,8% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
  - 15,2% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
  - 10,6% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
  - 10,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



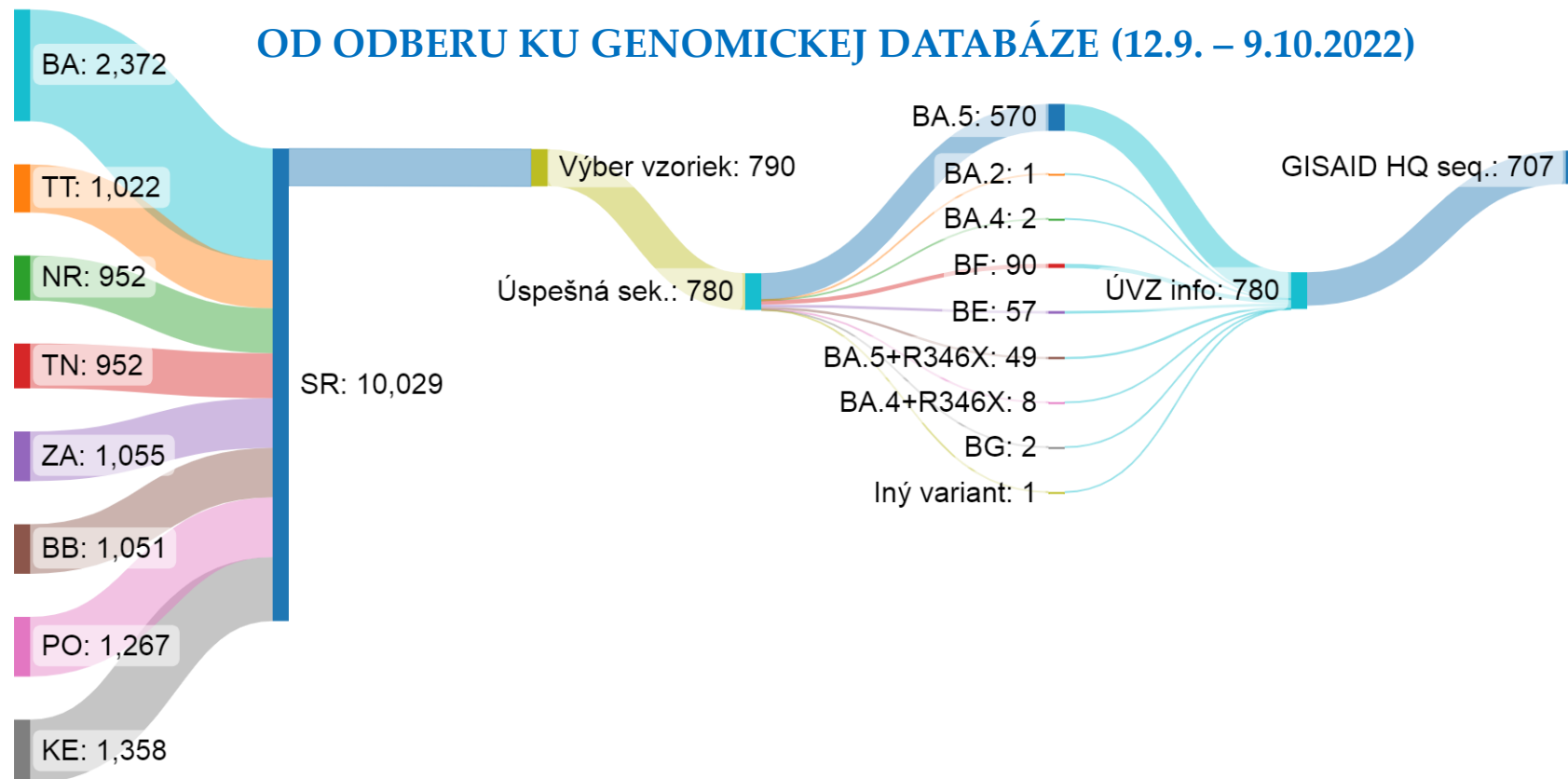
# Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (spätne od: 24.10.2022)

- za posledných 30 dní bolo do databázy GISAID uložených 249 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 1.mieste s 2,29% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	31.46
Luxembourg	10.212
Sweden	6.665
Ireland	4.934
Estonia	3.77
Belgium	3.215
<b>Slovakia</b>	<b>2.29</b>
Austria	2.16
Slovenia	1.567
Netherlands	1.562
Poland	0.916
Portugal	0.878
Croatia	0.794
Spain	0.767
Czech Republic	0.723
Germany	0.393
France	0.259
Italy	0.189
Romania	0.05



- 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

