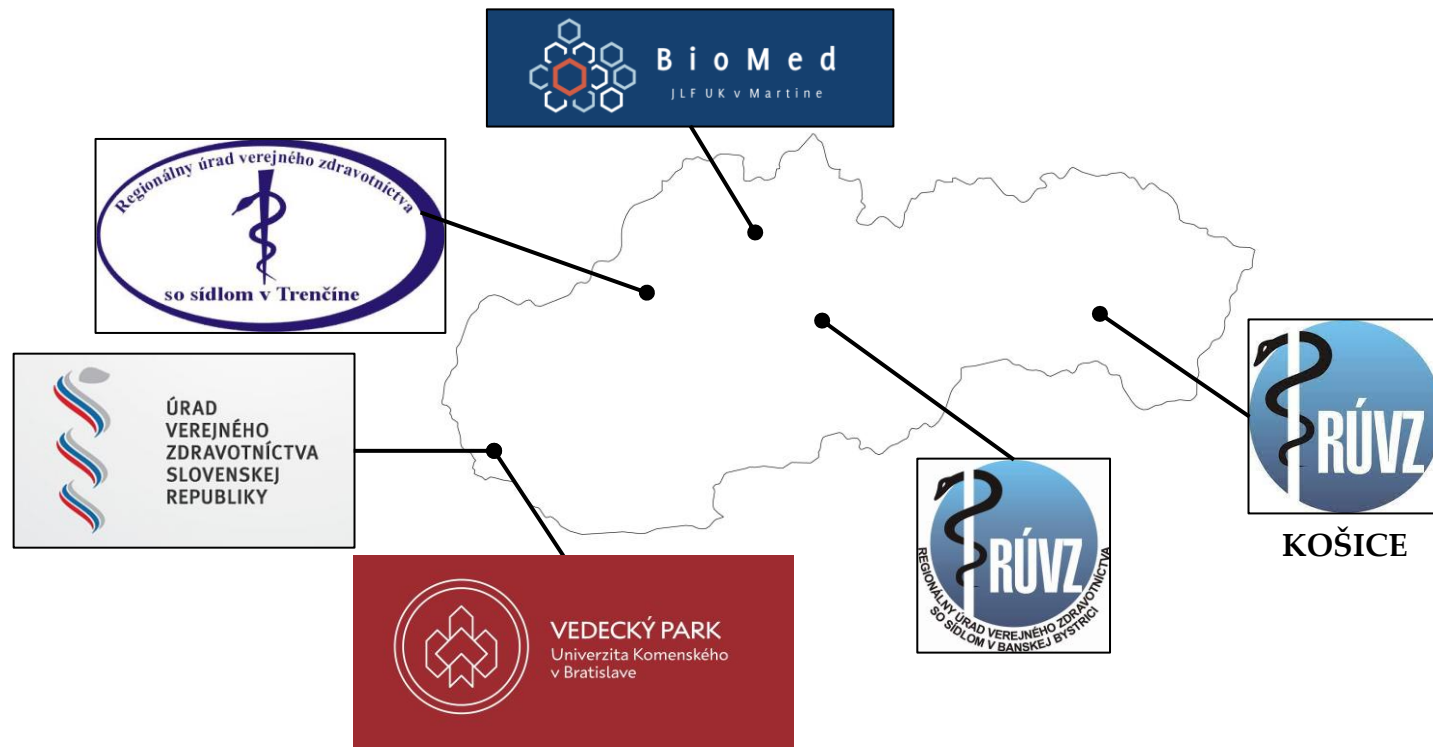
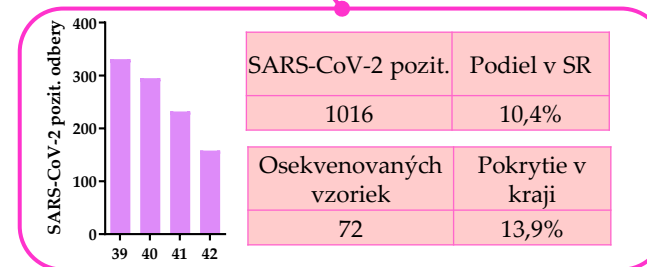
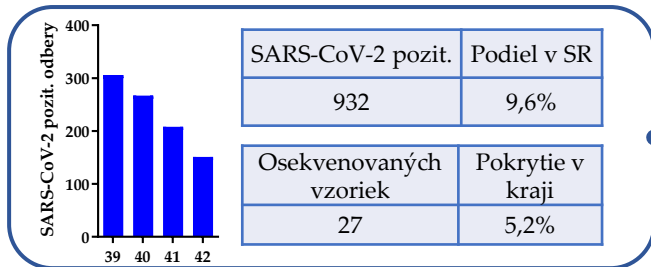
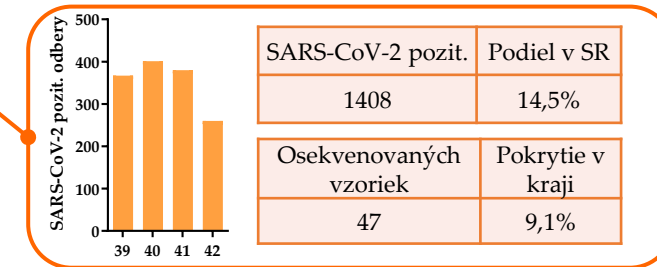
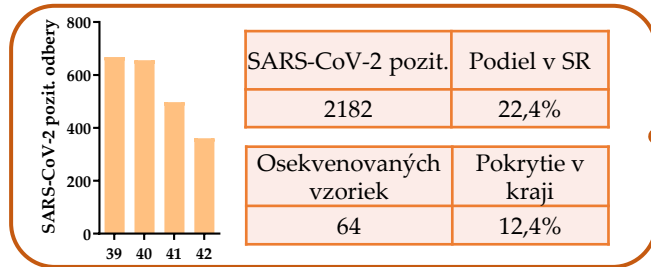
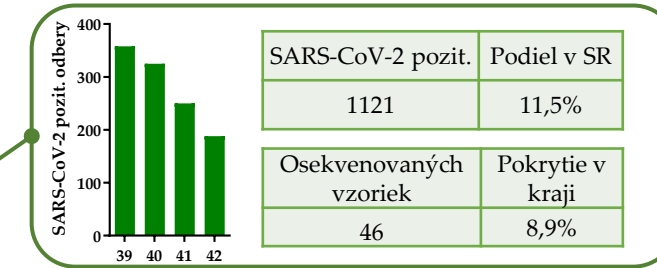
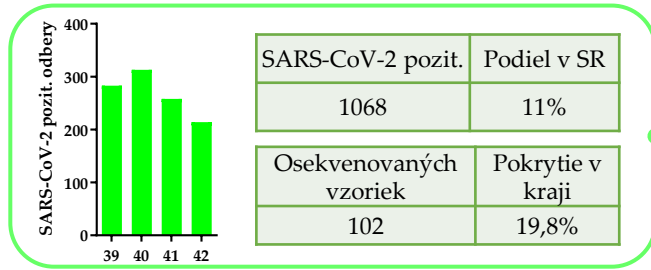
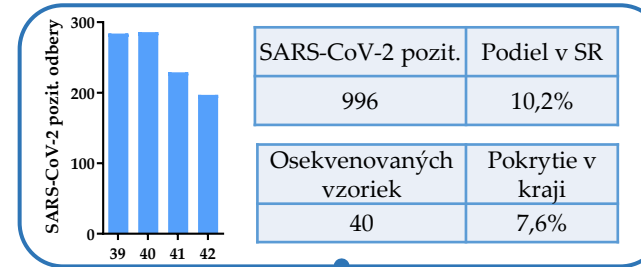
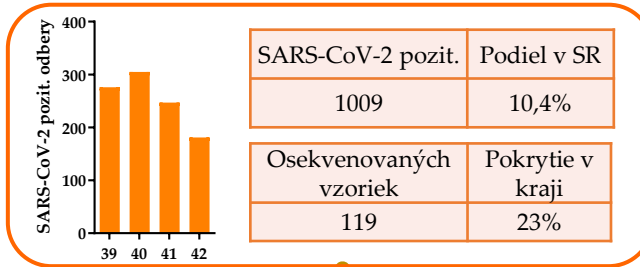


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



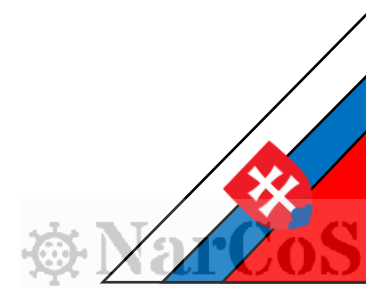
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 39. – 42. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (39. – 42. týždeň/2022)

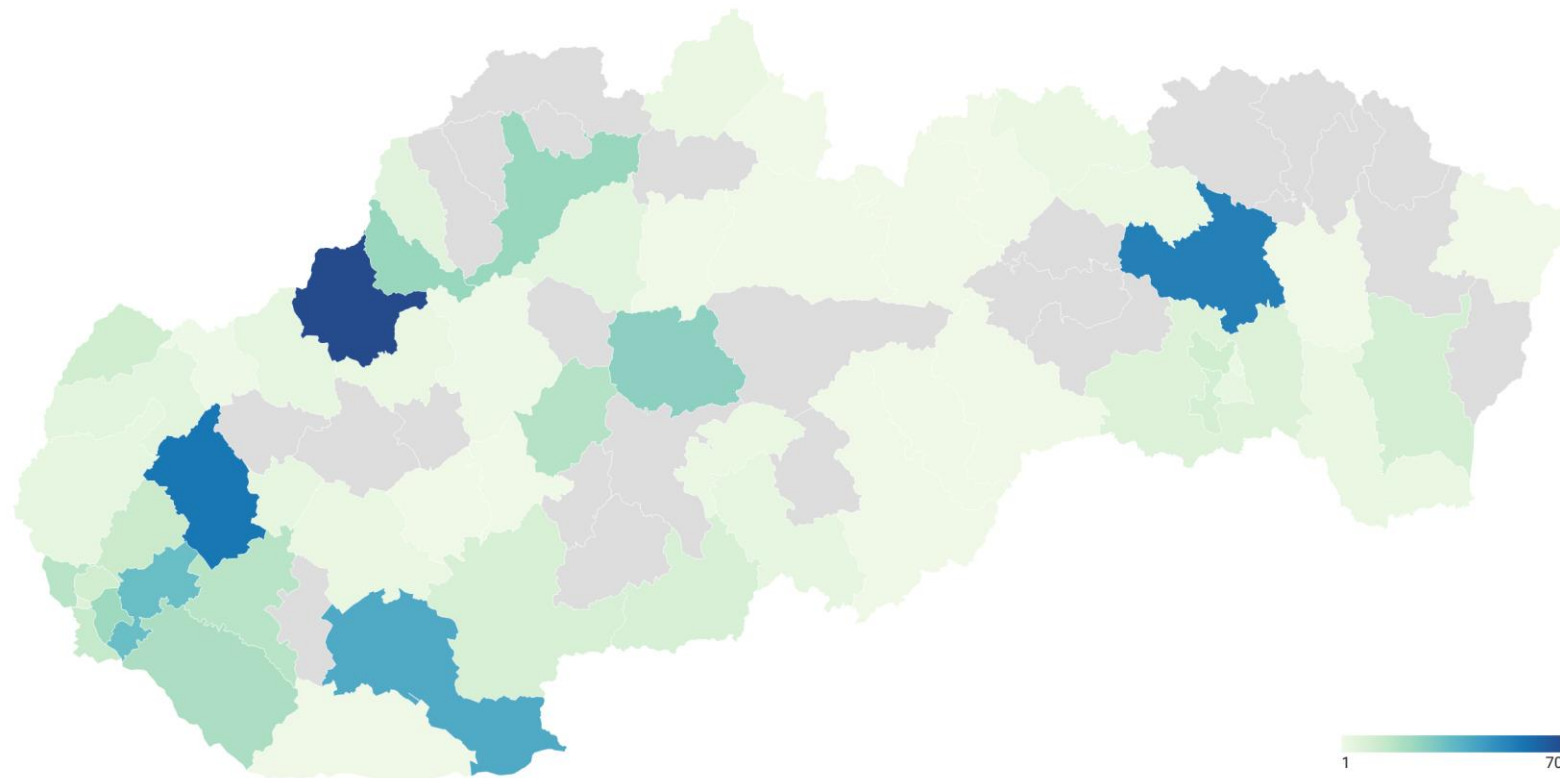
- v sledovanom období (26.9. - 23.10. 2022) zachytených 9 732 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 520 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 517 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 99,4% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 5,3%
- Vloženie 508 (98,3% z 517 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne klesá vo všetkých krajoch a ich počet v 42. týždni (n=1 710) klesol o 59,5% oproti 39. týždňu (n=2 873)
- 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: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



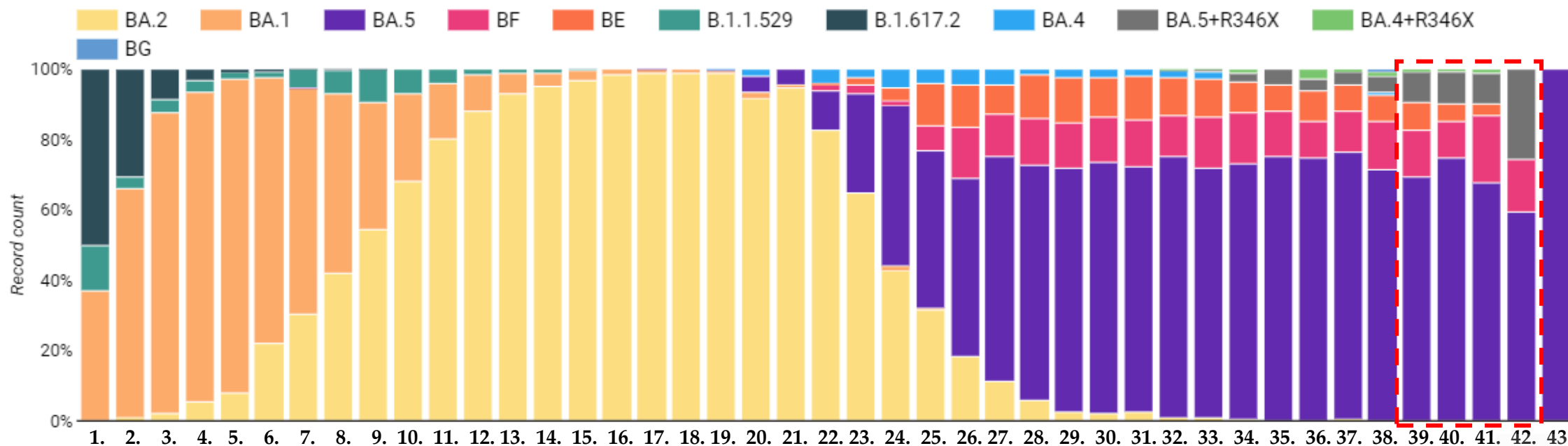
Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 39. – 42. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

- 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, Prešov a Nové Zámky



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

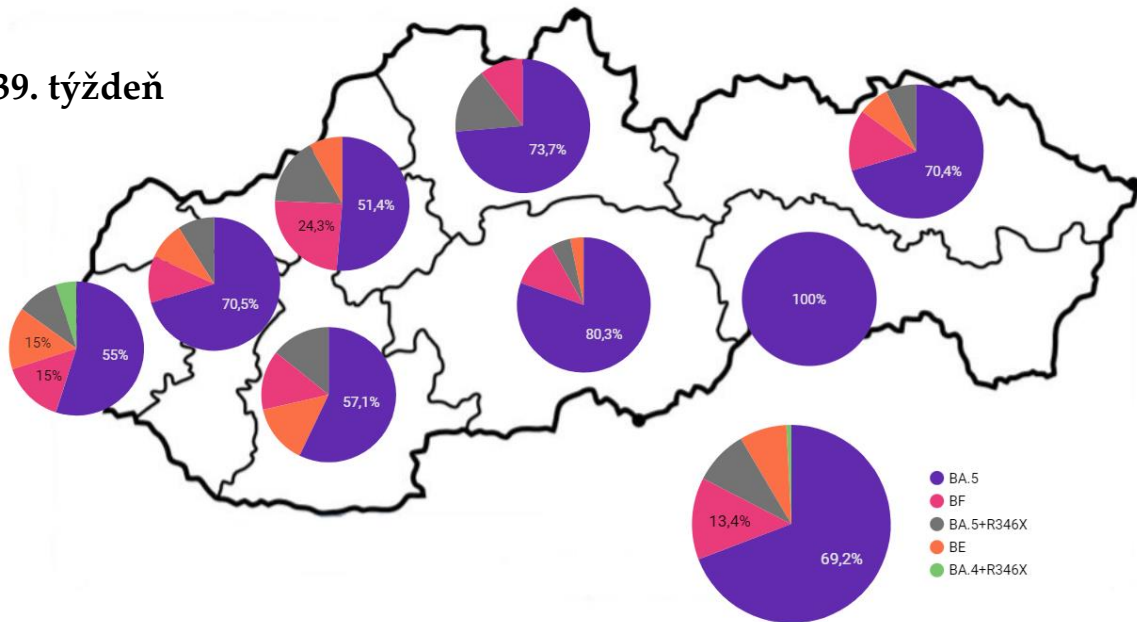
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládal subvariant Omikronu - BA.5
- podiel subvariantov a línií: BA.5 - 70% (n=362); BF - 13,5% (n=70); BE - 5,8% (n=30); BA.5+R346X - 9,9% (n=51); BA.4+R346X - 0,8% (n=4)



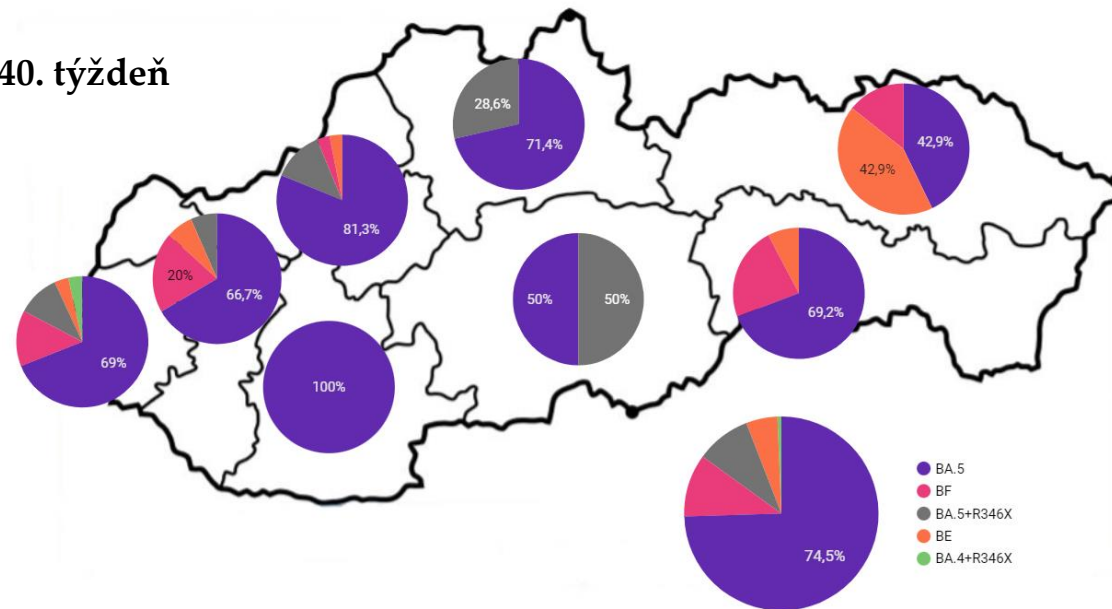
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

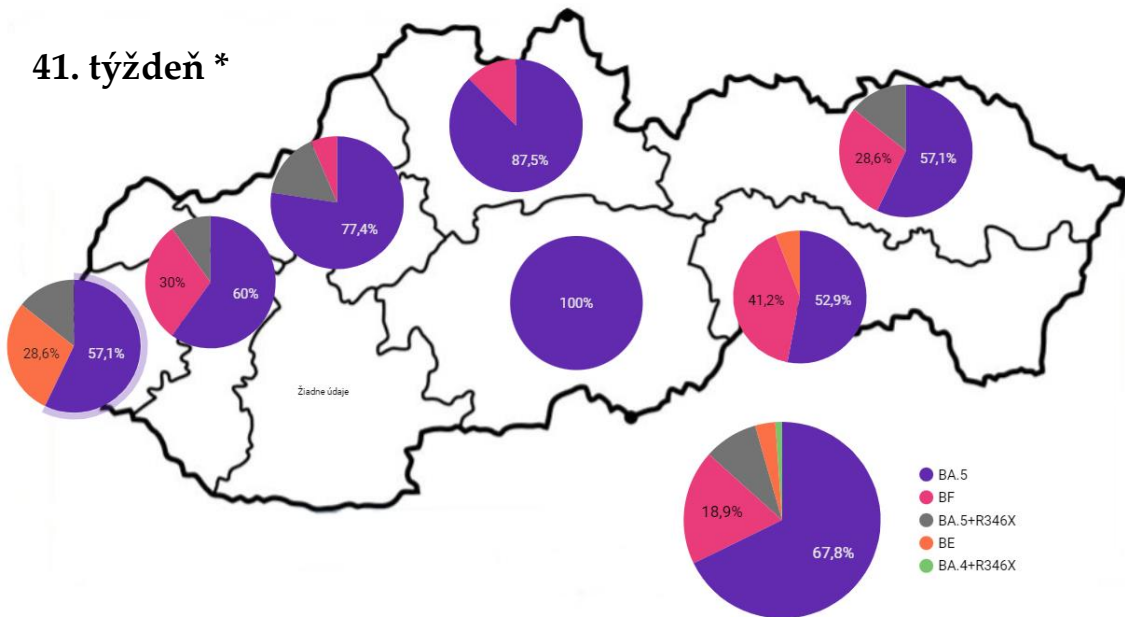
39. týždeň



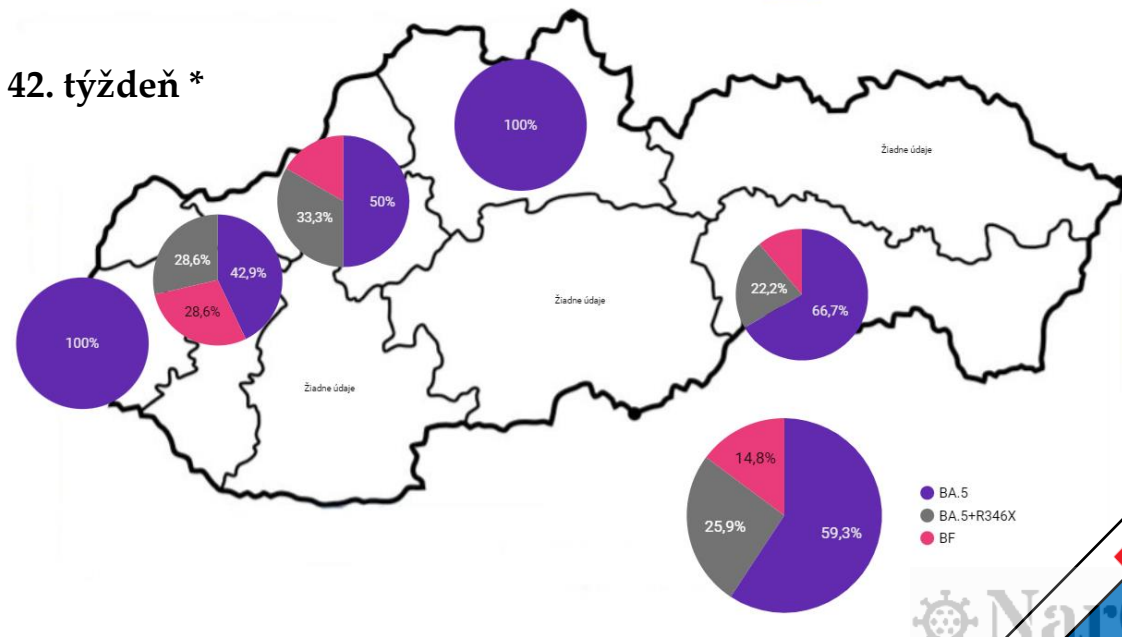
40. týždeň



41. týždeň *

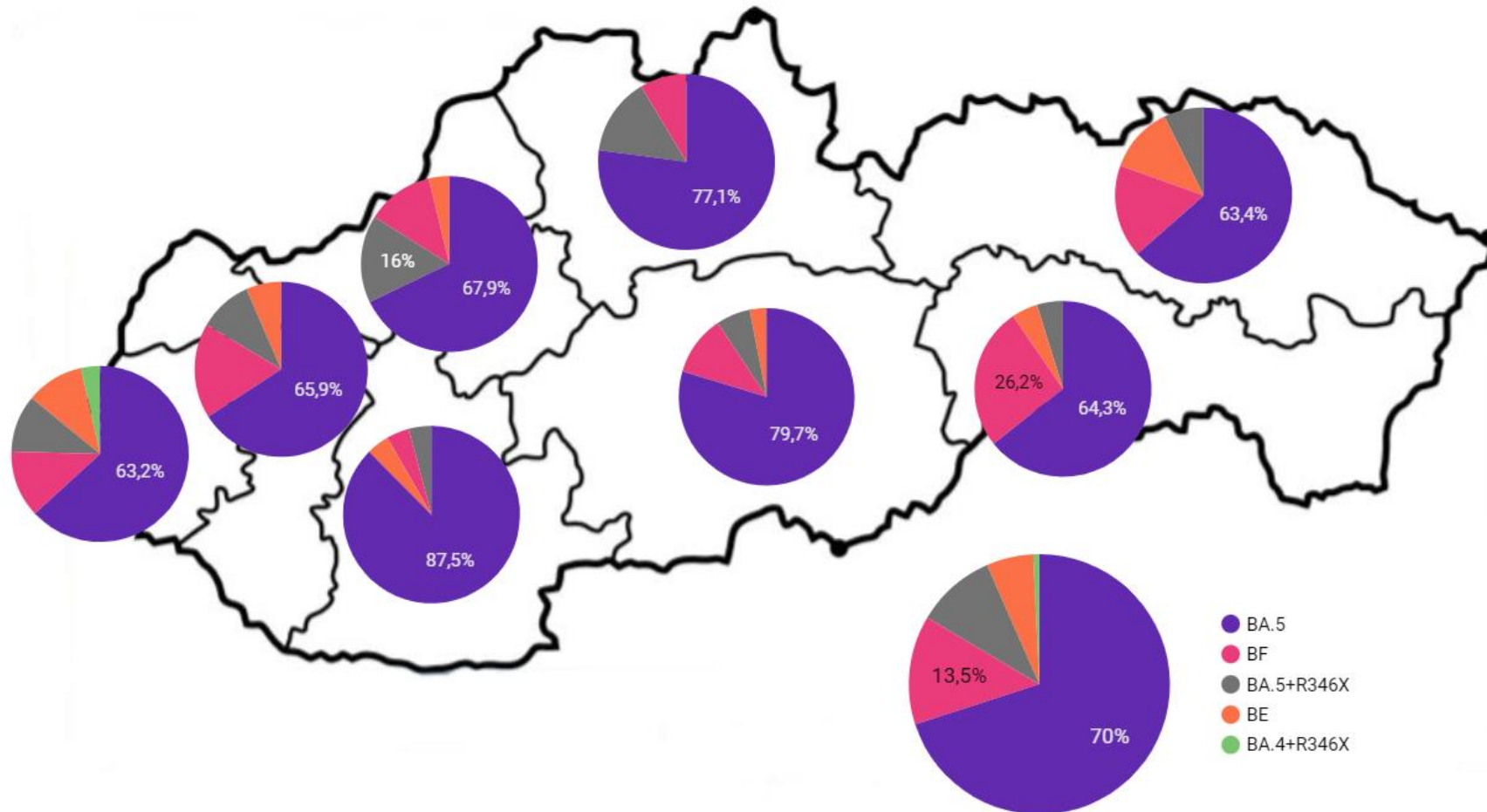


42. týždeň *



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 39. – 42. týždni

- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantu BA.5 vo väčšine krajoch podobné
- Nitrianský, Banskobystrický a Žilinský kraj mali zvýšený podiel subvariantu BA.5
- subvariant BA.5 bol dominantný vo všetkých krajoch v rozpätí od 63,2% do 87,5% analyzovaných vzoriek

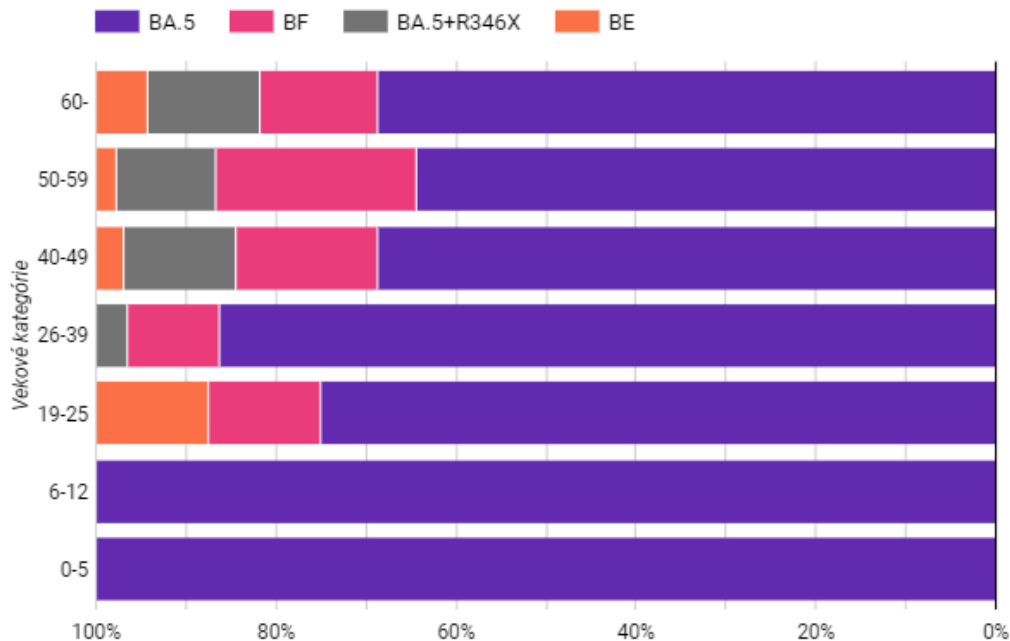


Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

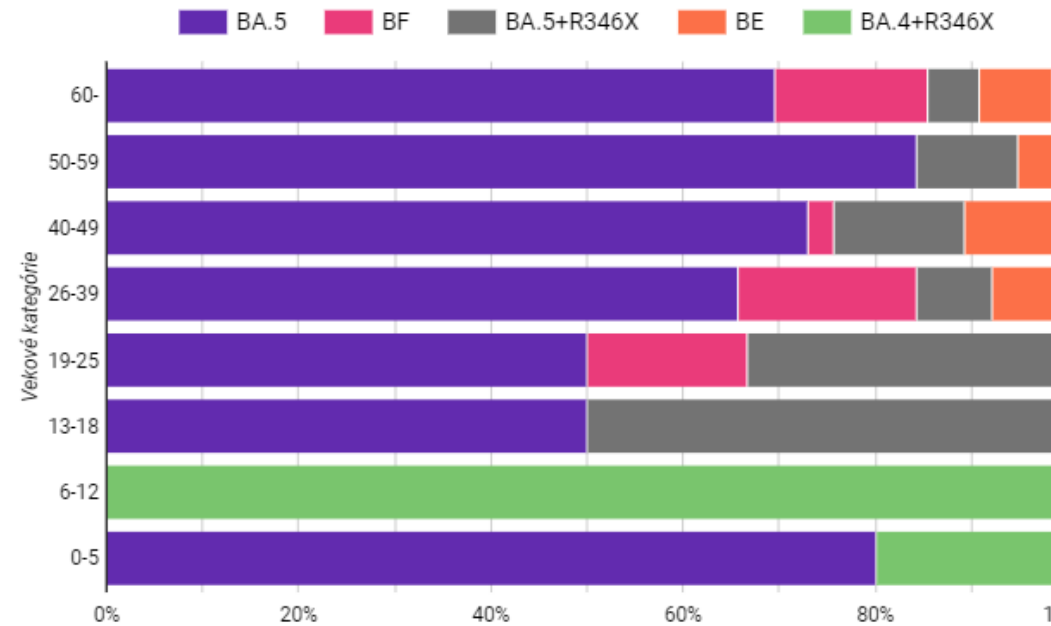
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 53,6% izolovaných vzoriek od žien a 46,4% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=160; 31,1% a muži n=131; 25,4%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	160	45	32	29	8	0	1	1
muži	131	19	37	38	6	2	1	5

ŽENY

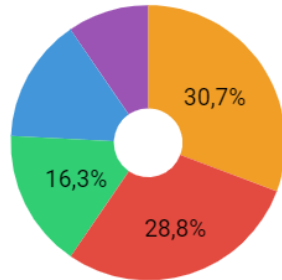


MUŽI

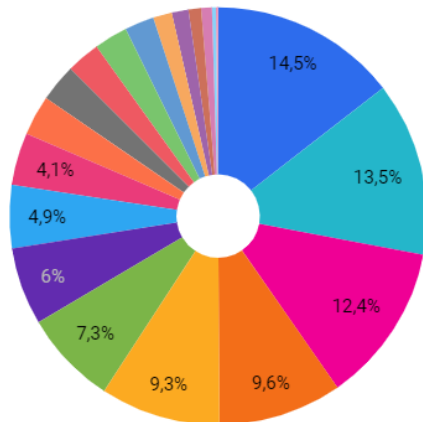


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 39. – 42. týždni

- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 30,7% v Úrade verejného zdravotníctva Bratislava
 - 28,8% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin
 - 16,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
 - 14,6% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
 - 9,6% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



- BA - ÚVZ SR
- MT - JLF UK
- TN - RÚVZ
- KE - RÚVZ
- BB - RÚVZ

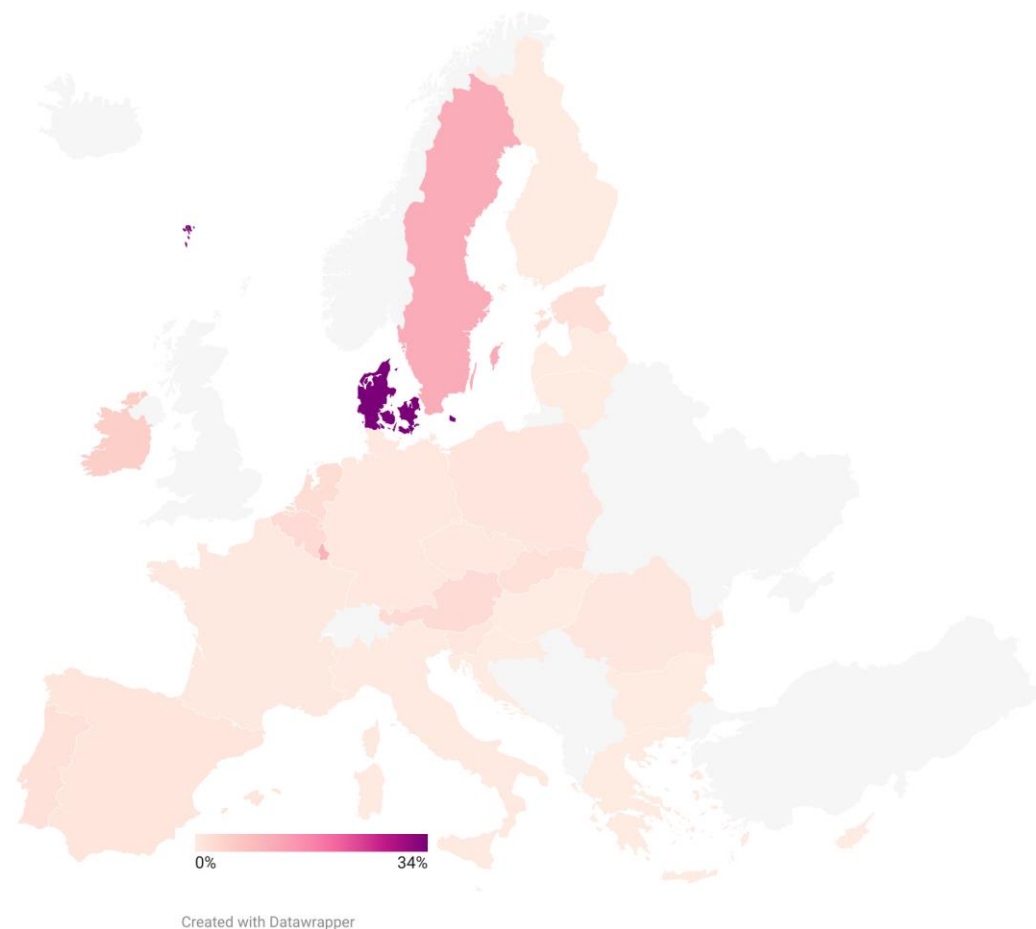


- Fakultná nemocnica Trenčín
- CYTOPATHOS spol. s r. o.
- synlab slovakia s. r. o.
- AnalytX s.r.o.
- Medirex, a.s.
- FNsP N.Zámky - Ústav klin. mikrobi..
- AdLa s.r.o.
- Vacuumapps
- Unilabs Slovensko, s.r.o., Laboratór..
- UNLP Košice
- PKM FNsP FDR Banská Bystrica
- SK-Lab s.r.o.
- ŽILPO s.r.o.
- Fakultná nemocnica s poliklinikou...
- Nemocnica AGEL Zvolen a.s.
- NEMOCENSKÁ BB, s.r.o.
- RÚVZ Banská Bystrica
- SEBI s. r. o.
- ÚKM ÚVN Ružomberok
- Unilabs Slovensko, s.r.o., Laboratór...

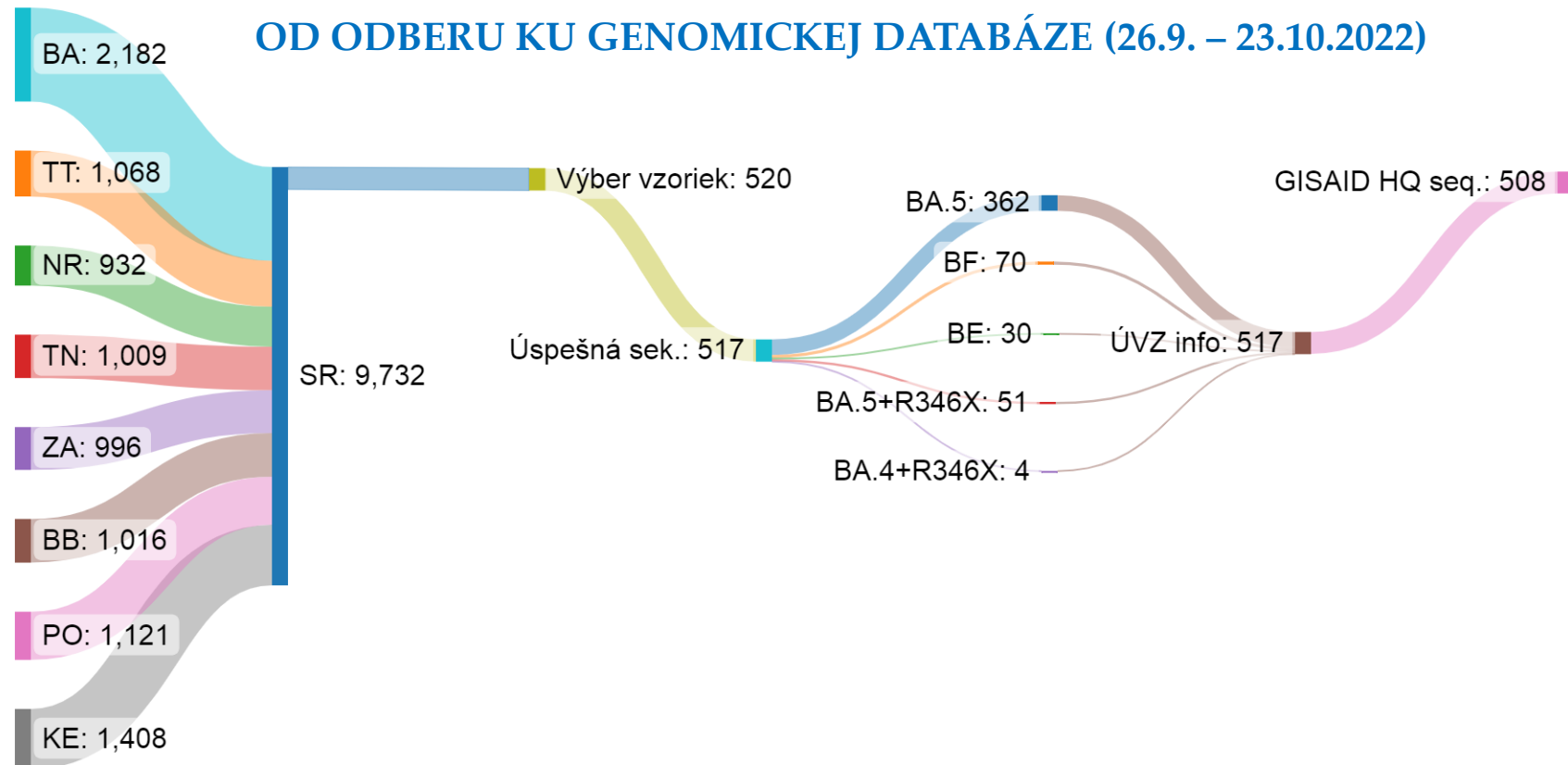
Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (spätne od:07.11.2022)

- za posledných 30 dní bolo do databázy GISAID uložených 140 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 9. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 2.mieste s 1,82% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	34.499
Sweden	11.484
Luxembourg	10.434
Ireland	5.081
Austria	2.89
Belgium	2.86
Netherlands	2.555
Estonia	2.02
Slovakia	1.817
Portugal	1.683
Poland	1.012
Spain	0.914
Romania	0.742
Slovenia	0.672
Czech Republic	0.526
Germany	0.496
France	0.405
Italy	0.134



- 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

