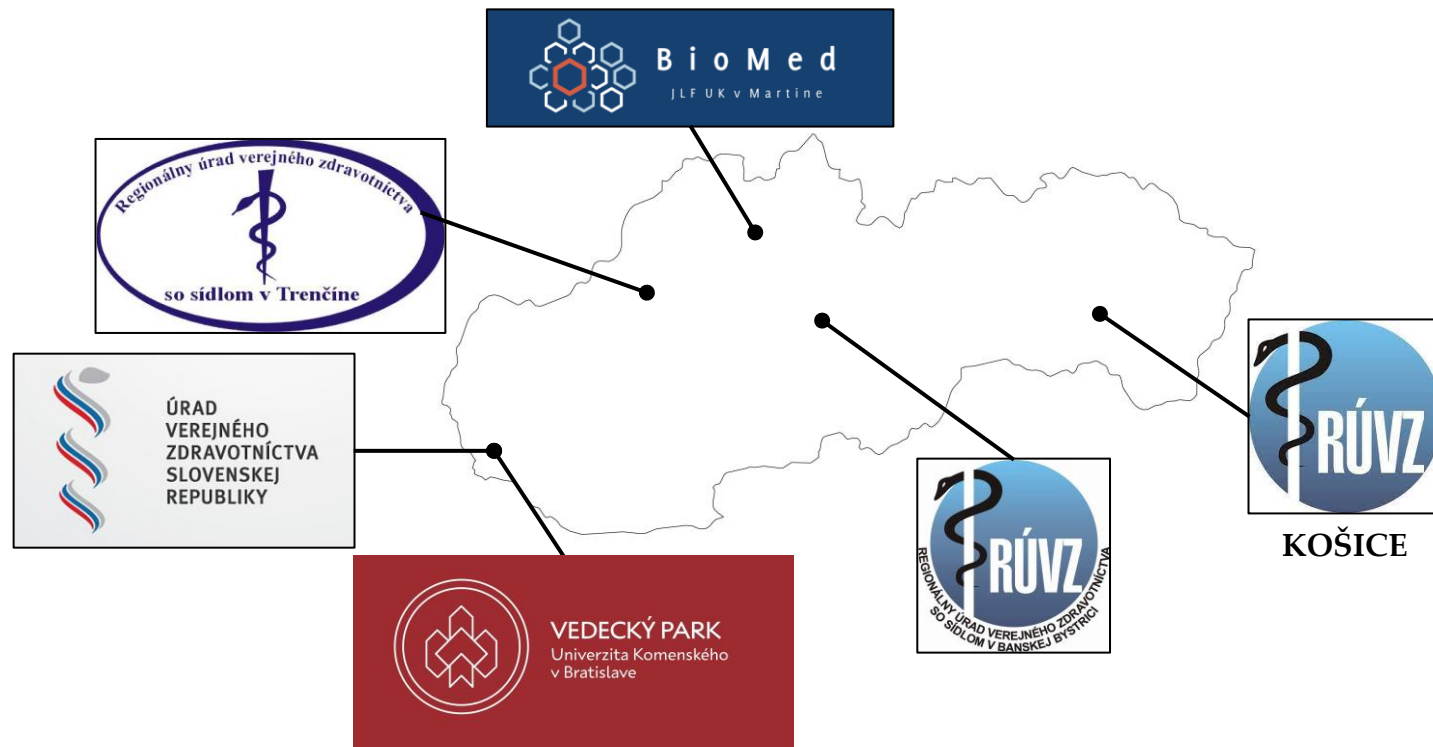
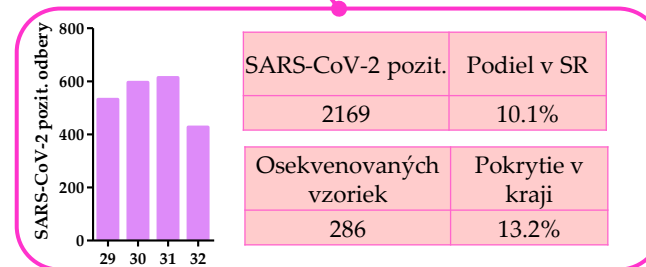
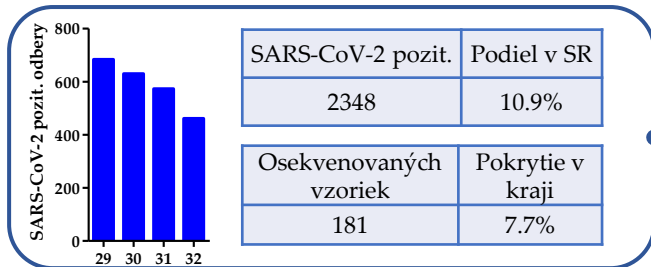
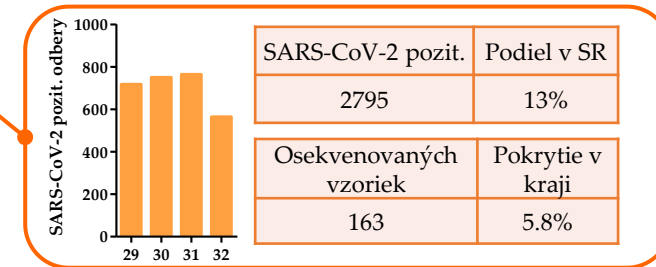
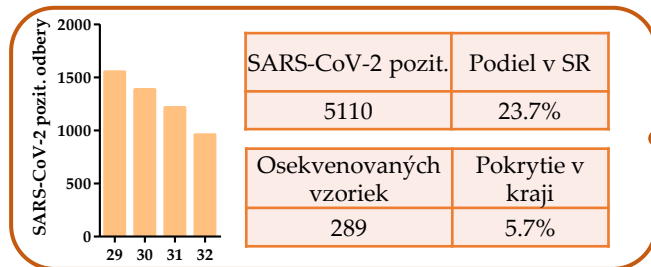
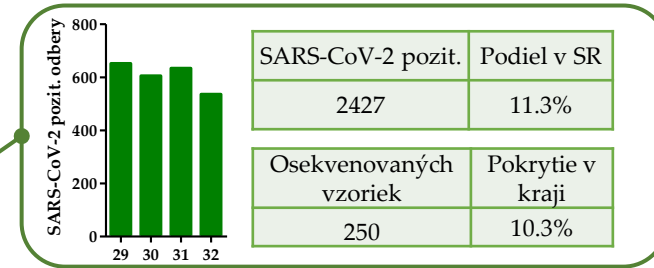
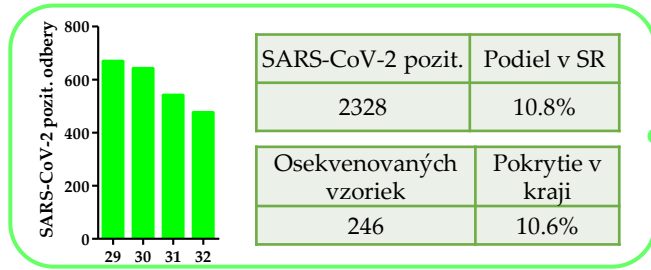
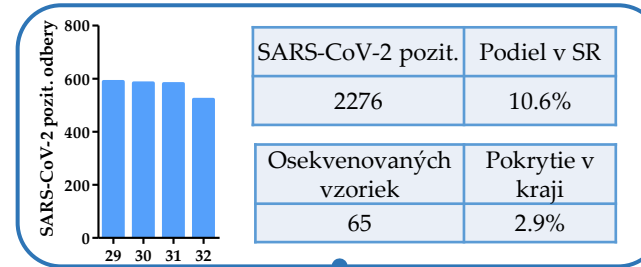
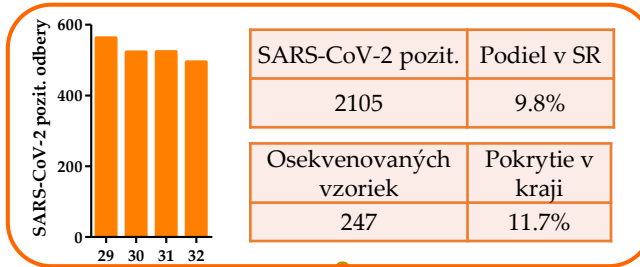


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



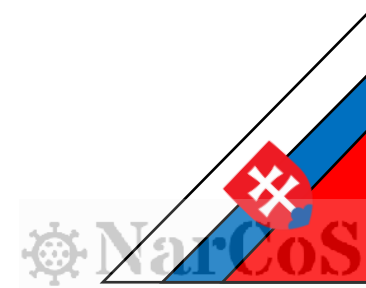
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 29. – 32. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (29. – 32. týždeň/2022)

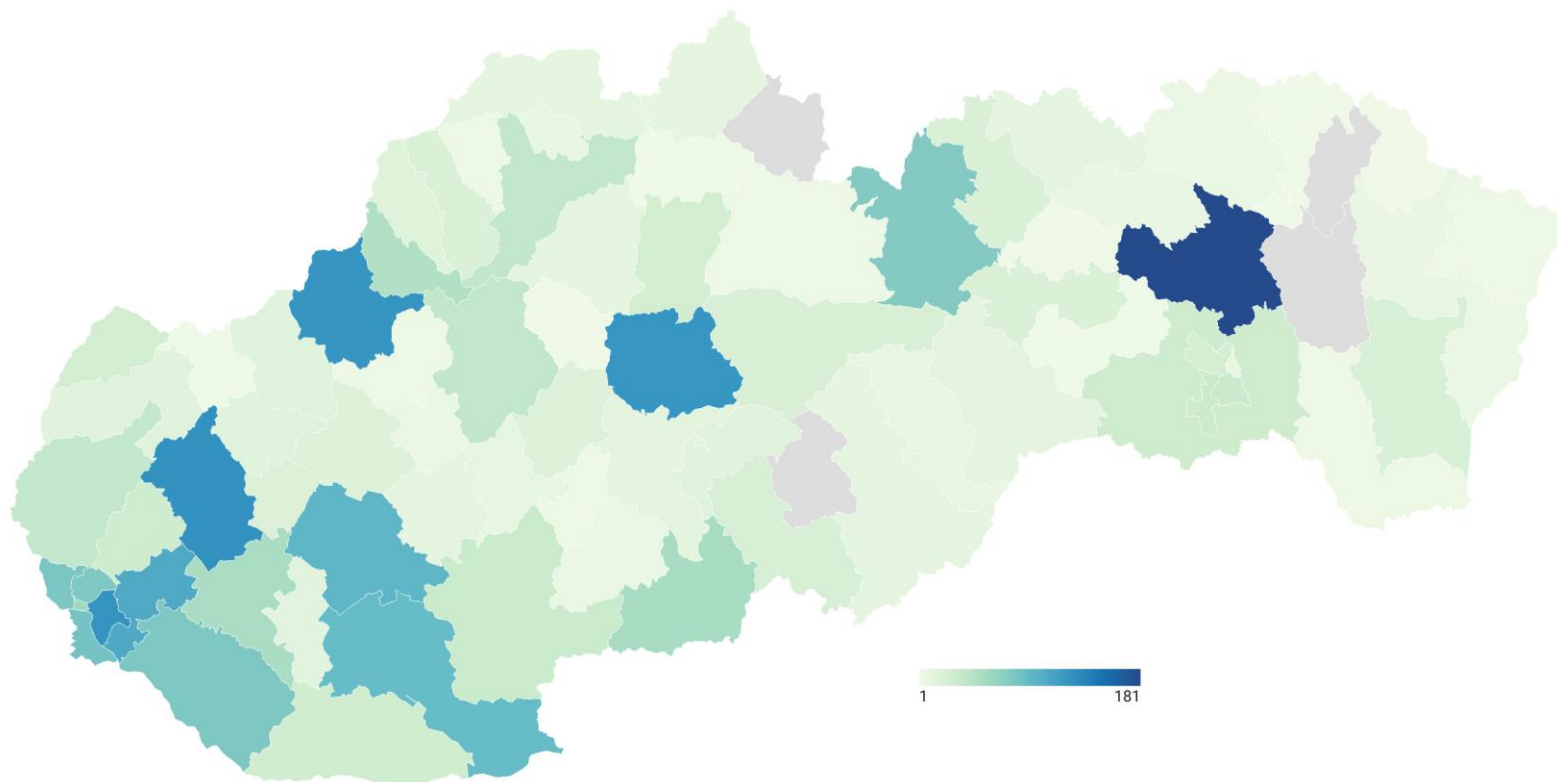
- v sledovanom období (18.7. - 14.8. 2022) zachytených 21 558 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 1 787 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 1 728 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 96,7% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 8,02%
- vloženie 1 572 (91% z 1 728 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne klesá vo všetkých krajoch a ich počet v 32. týždni (n=4 440) klesol o 25,5% oproti 29. týždňu (n=5 957)
- subvariant Omikronu BA.5 je dominantný v celej SR
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (43,3%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Inštitút Zdravotných Analýz Ministerstva zdravotníctva SR



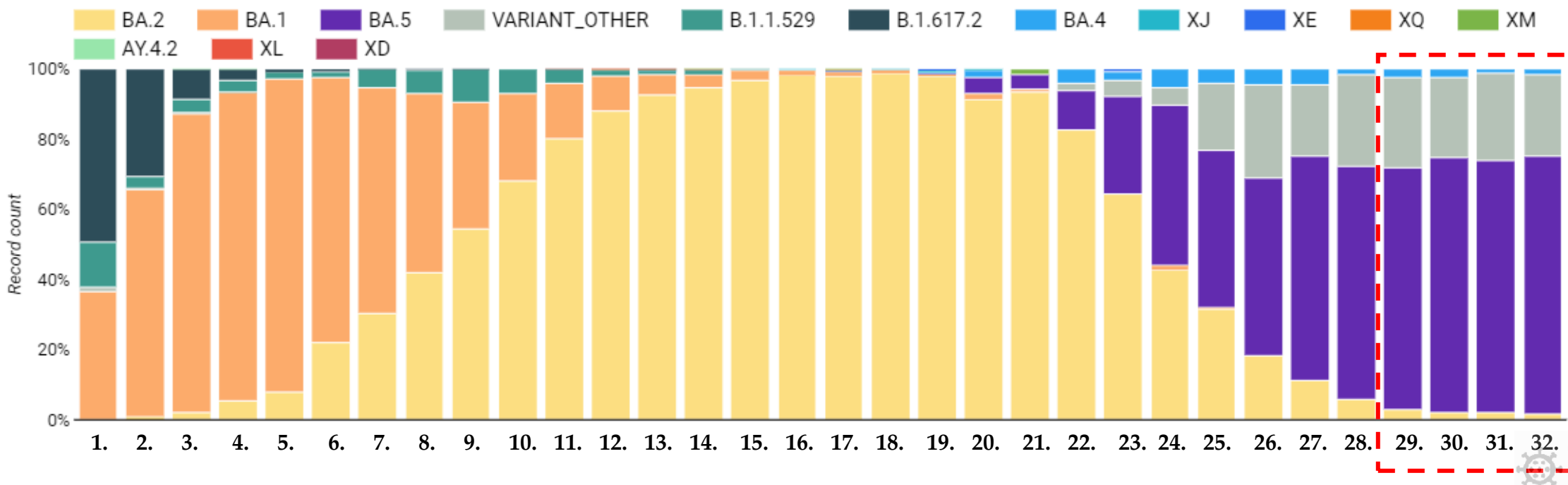
Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 29. – 32. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

- 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, Trnava, Bratislava II, Trenčín, Banská Bystrica a Senec



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

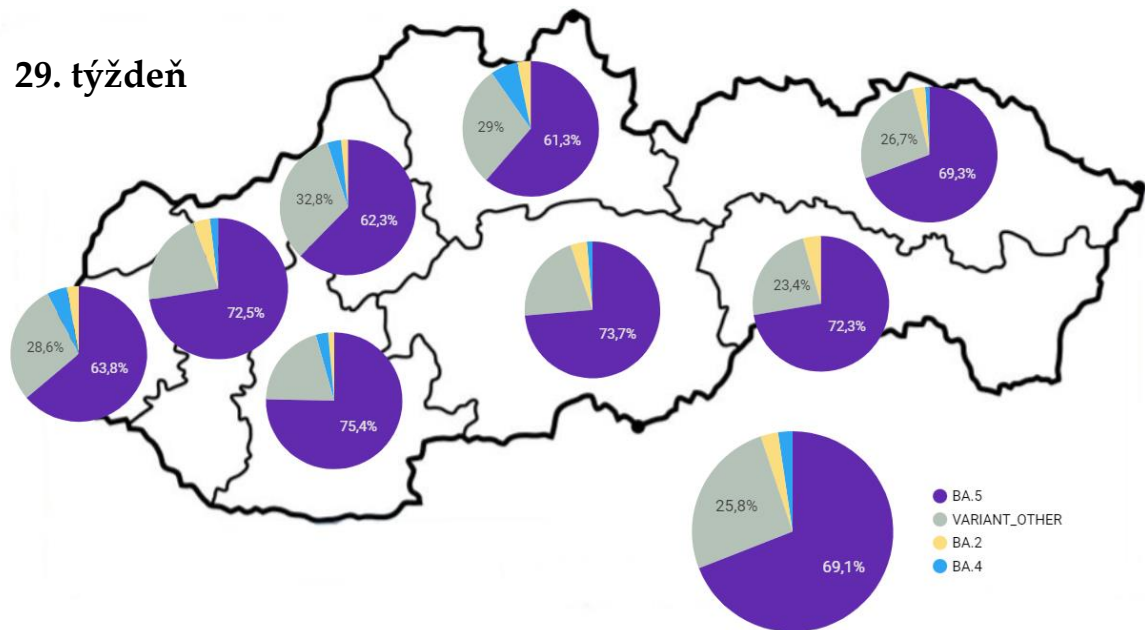
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládali subvarianty Omikronu BA.5
- subvariant BA.5 s podielom 71% (n=1 225) nad skupinou VARIANT_OTHER* (BE.1, BE.1.1, BE.3, BF.1, BF.2, BF.4, BF.5, BF.6, BF.7) s podielom 24,4% (n=422)
- subvariant BA.2 s 2,5% (n=44) nad subvariantom BA.4 s podielom 2,1% (n=37)
- *skupina VARIANT_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



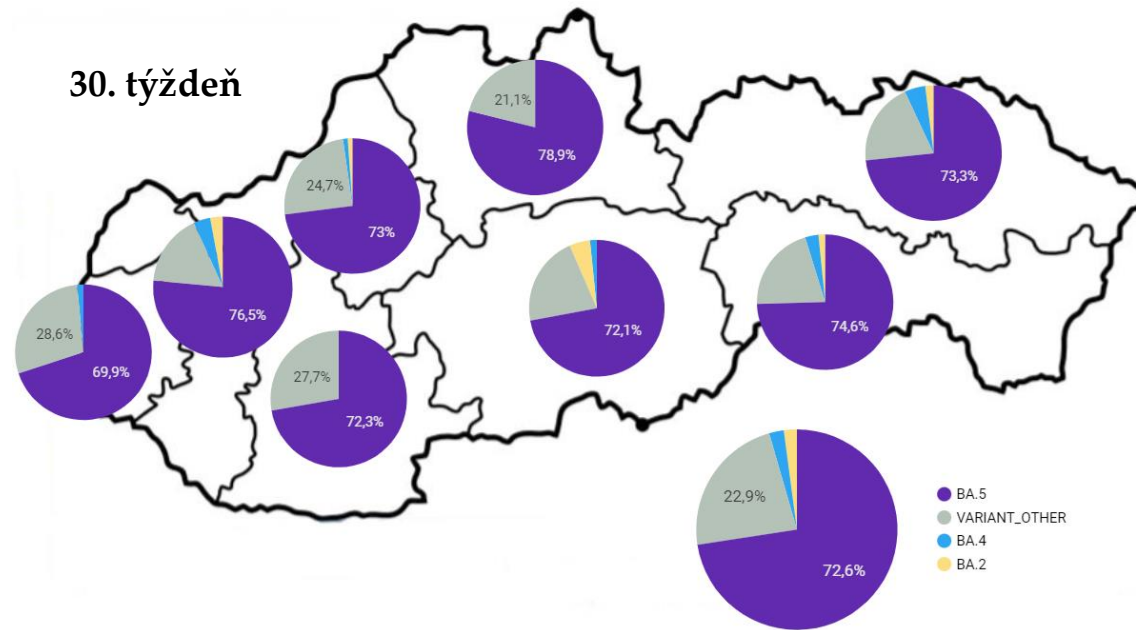
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

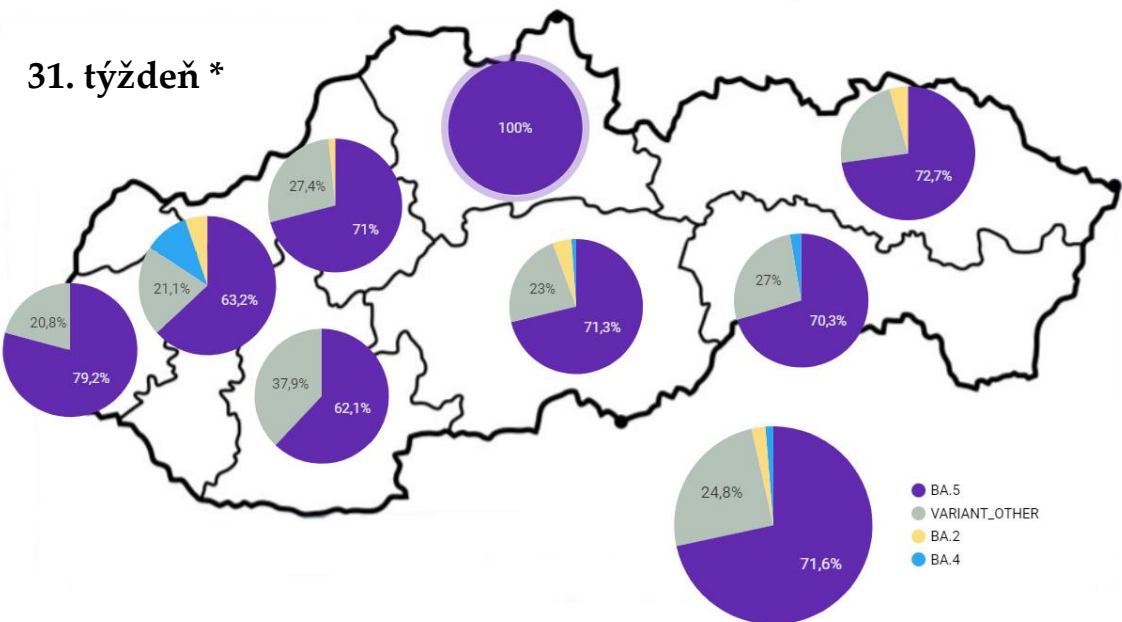
29. týždeň



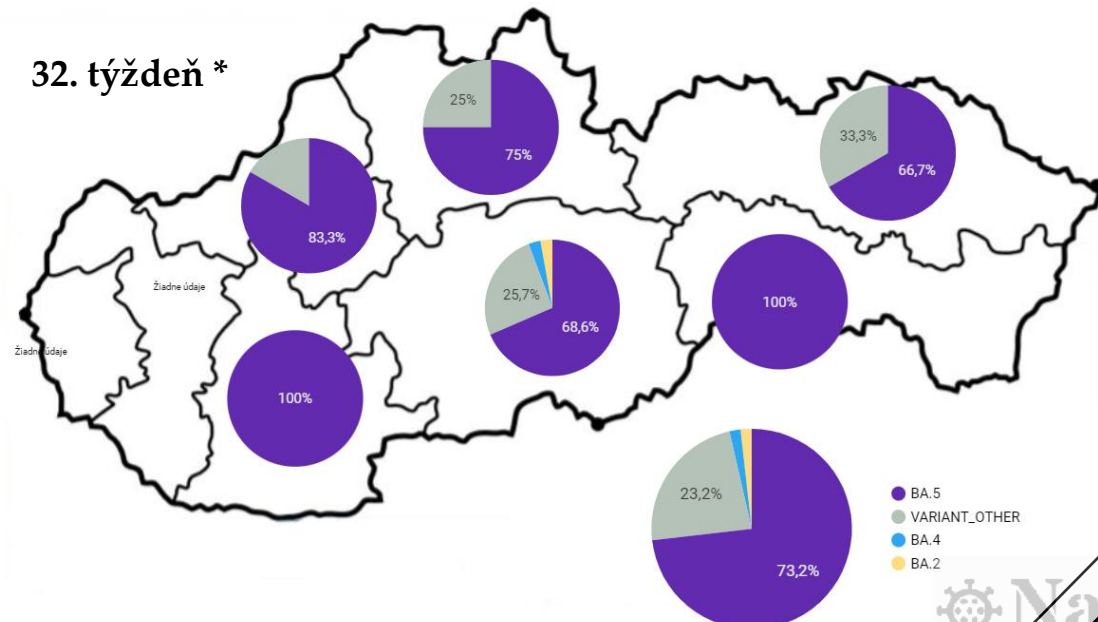
30. týždeň



31. týždeň *

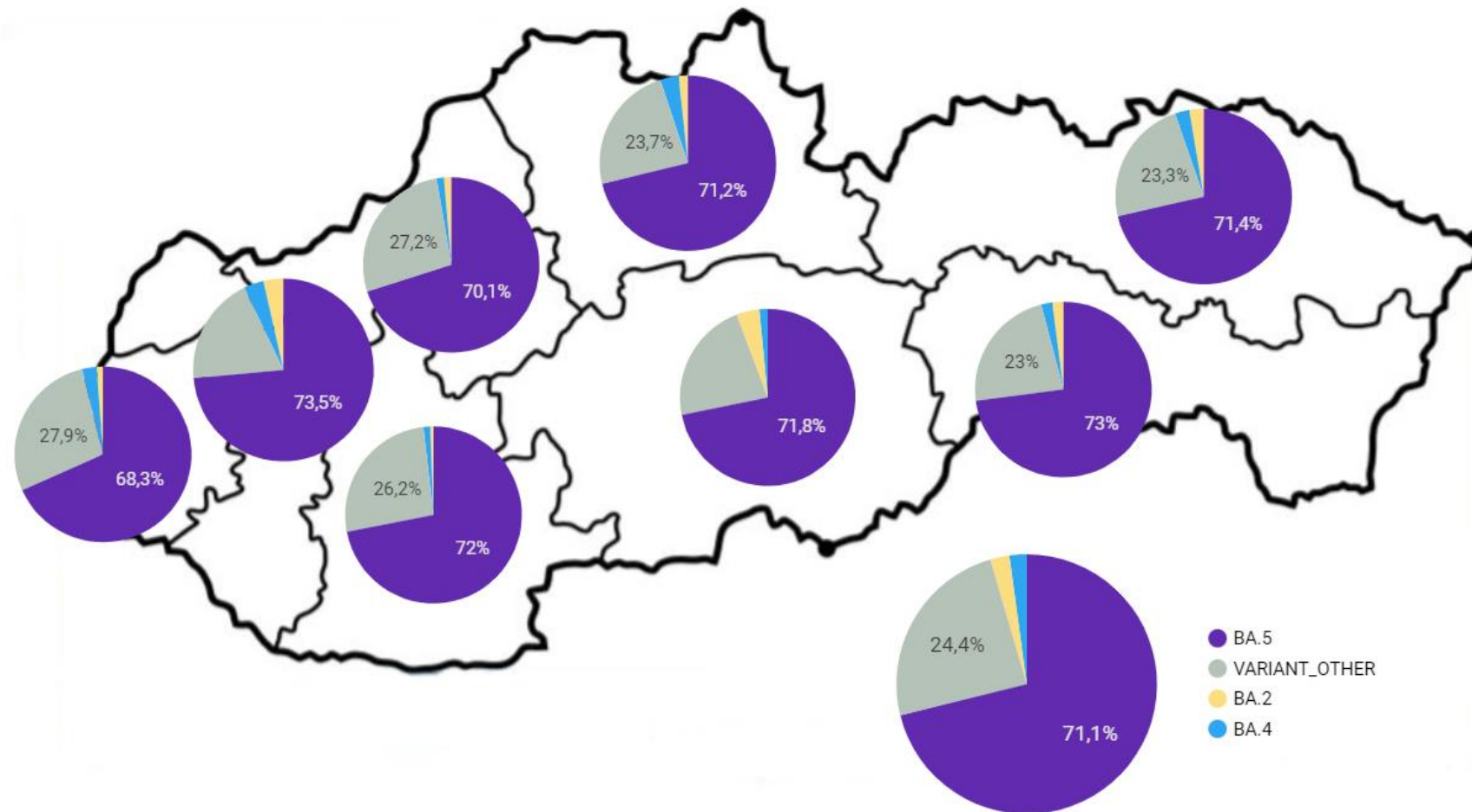


32. týždeň *



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 29. – 32. týždni

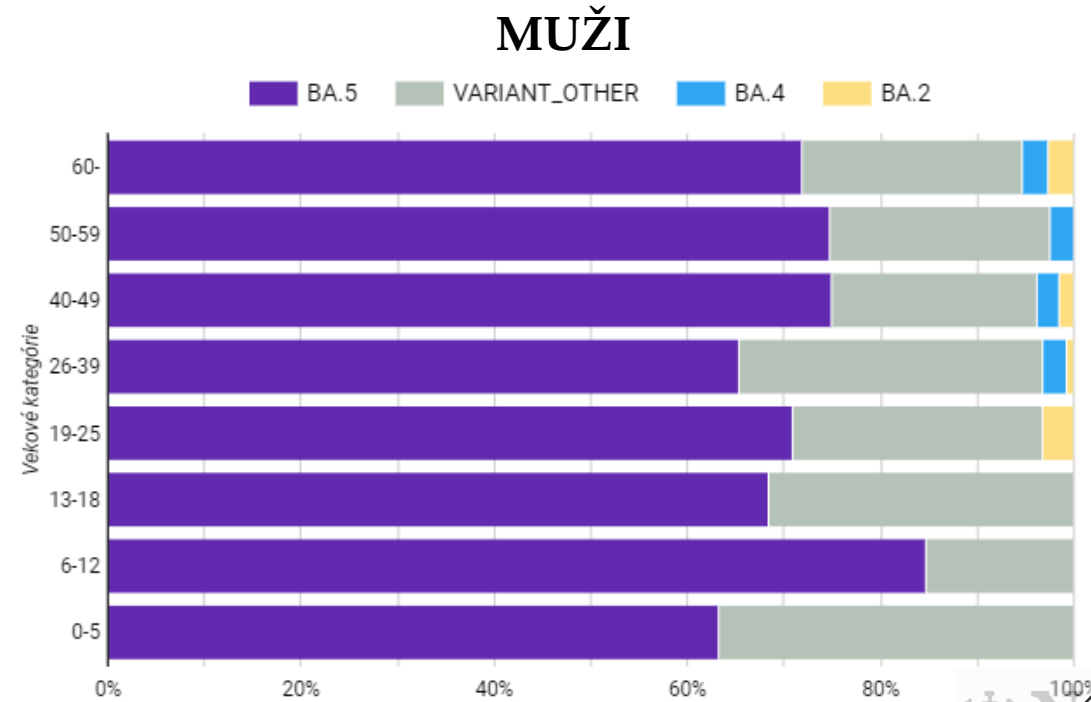
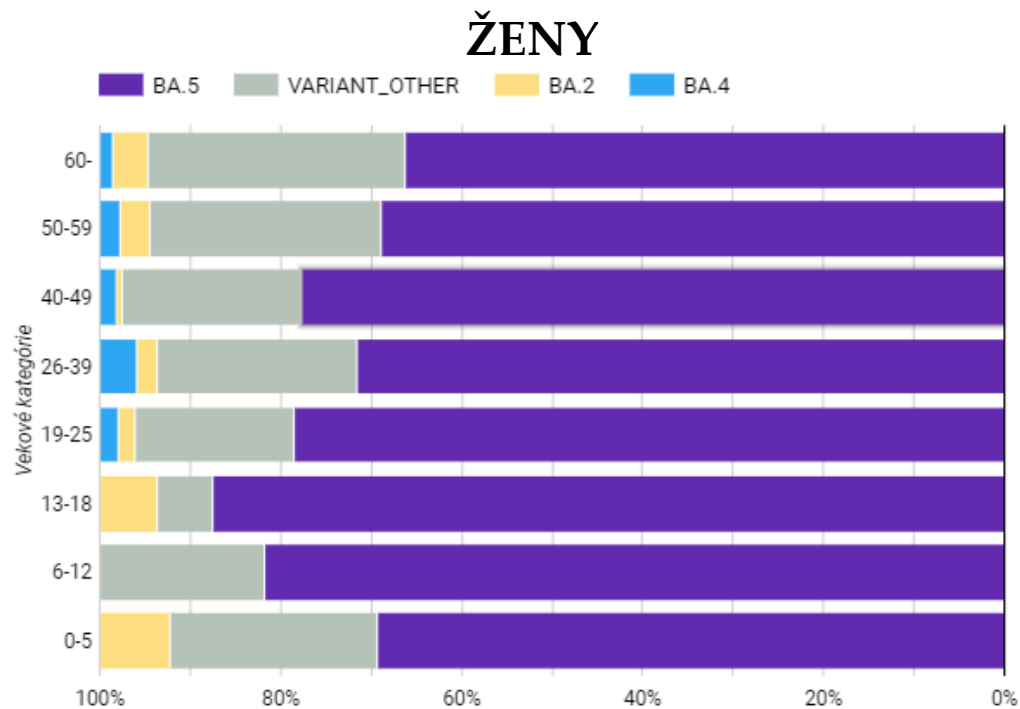
- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v jednotlivých krajoch podobné
- subvariant BA.5 bol dominantný vo všetkých krajoch v rozpätí od 68,3% do 73,5% analyzovaných vzoriek



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

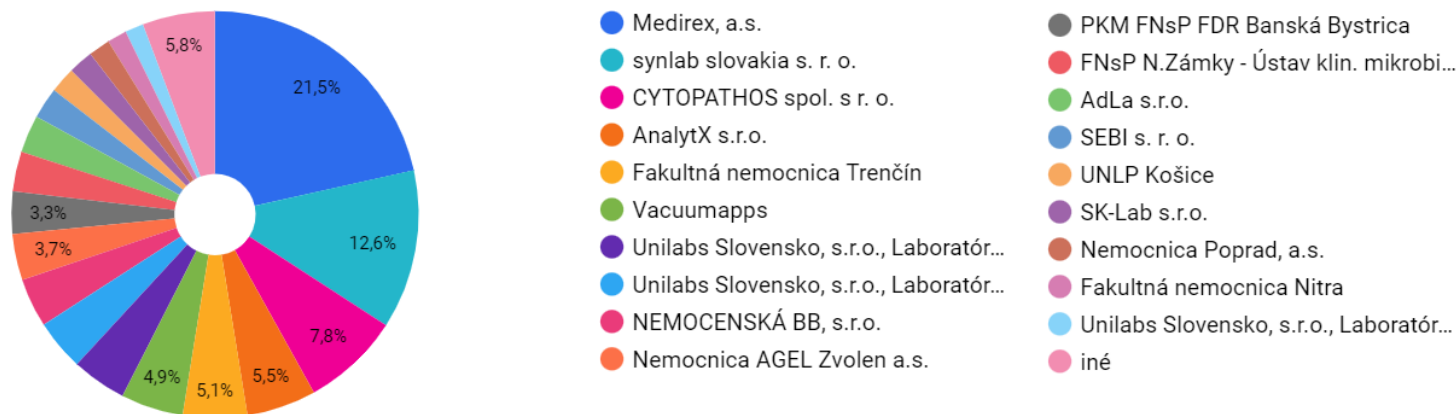
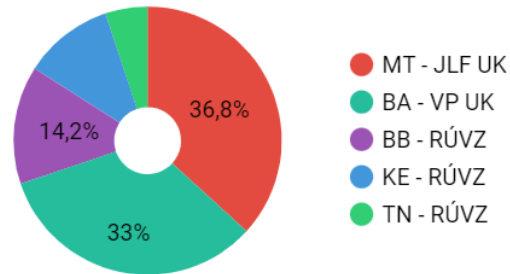
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 56,7% izolovaných vzoriek od žien a 43,3% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=416; 24,1% a muži n=331; 19,2%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	416	129	170	173	51	16	11	13
muži	331	79	131	124	31	19	13	19



Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 29. – 32. týždni

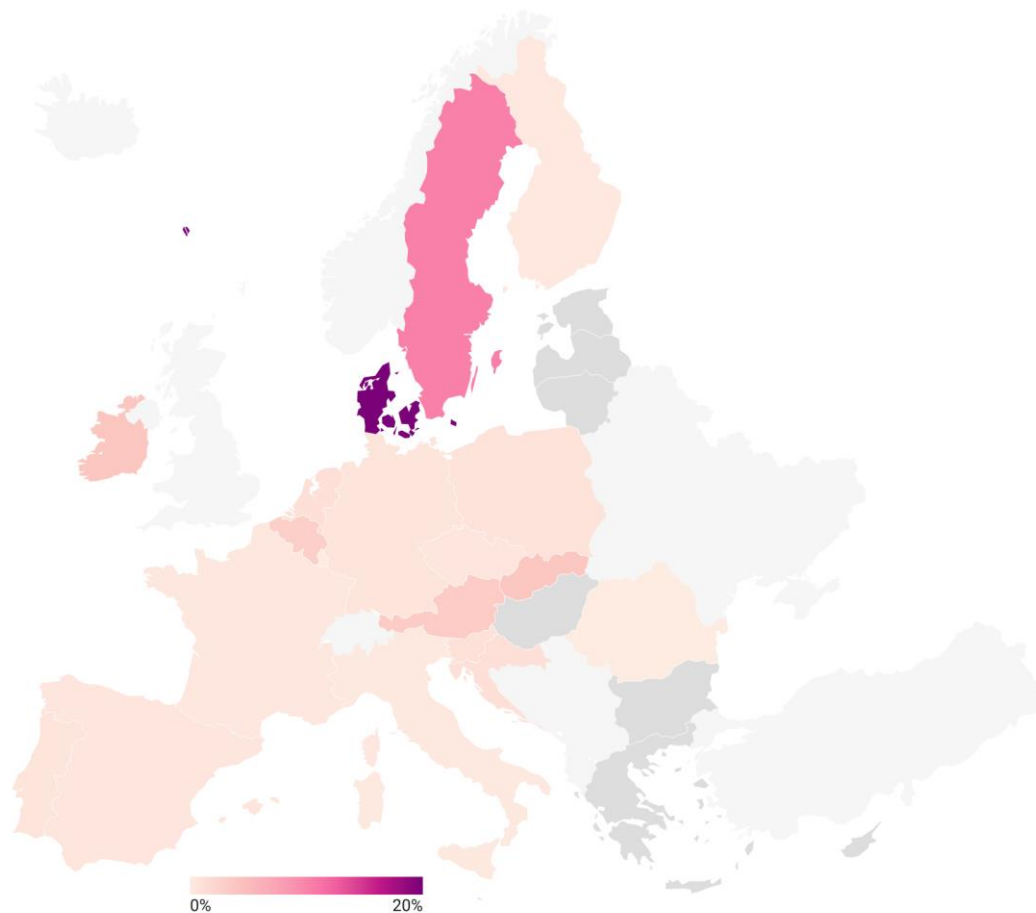
- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 36,8% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin
 - 33% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
 - 14,2% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica
 - 10,9% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
 - 5,1% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



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

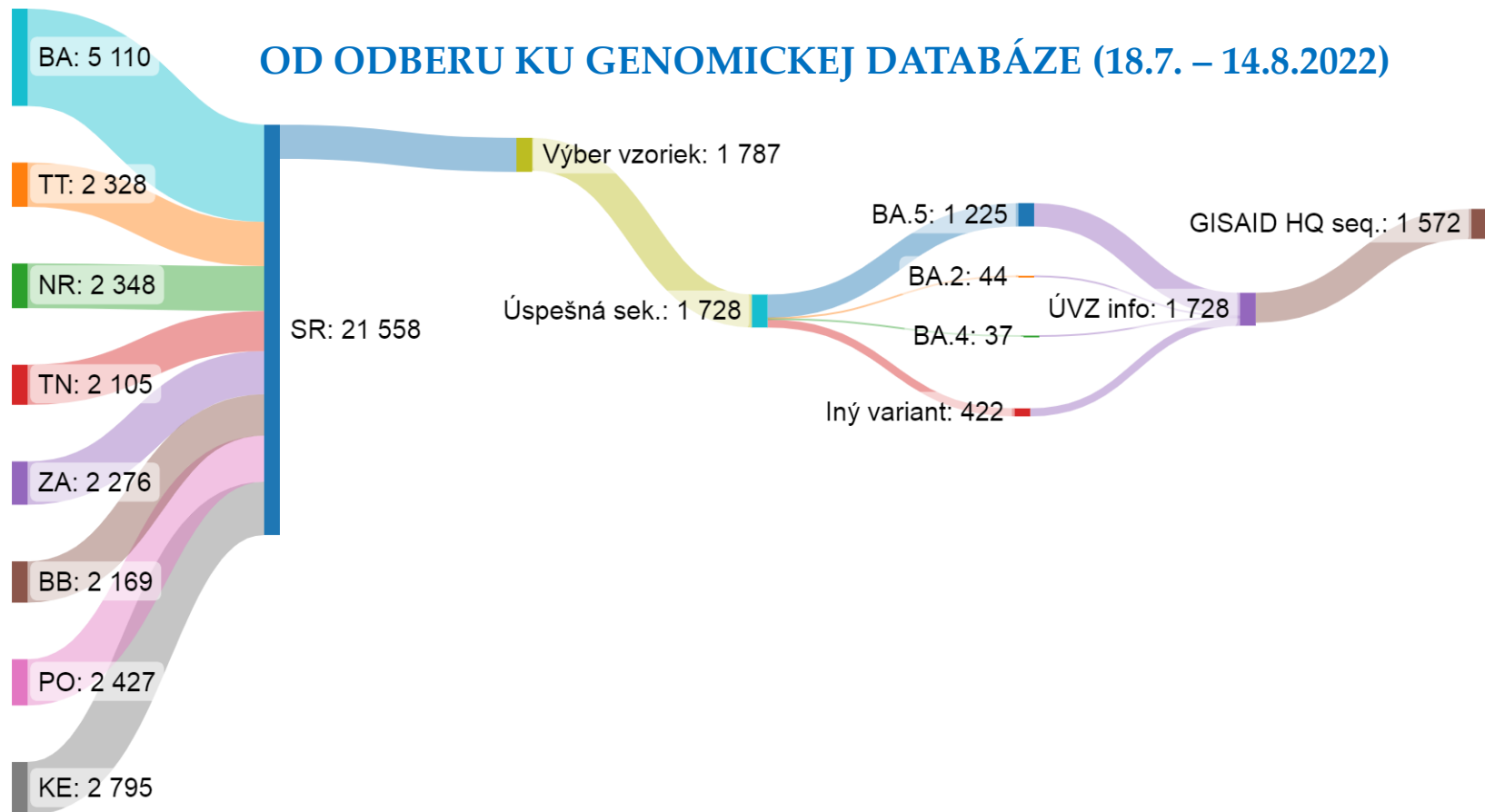
- v 29. – 32. týždni bolo do databázy GISAID uložených 1 572 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 4. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 1. mieste s 3,86% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Denmark	20.063
Sweden	10.369
Ireland	3.865
Slovakia	3.862
Austria	3.31
Belgium	3.012
Croatia	1.219
Netherlands	1.178
Slovenia	0.953
Poland	0.879
Portugal	0.697
Germany	0.693
Spain	0.617
Czech Republic	0.495
France	0.487
Finland	0.372
Italy	0.206
Romania	0.055
Luxembourg	0.019



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.
- 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

