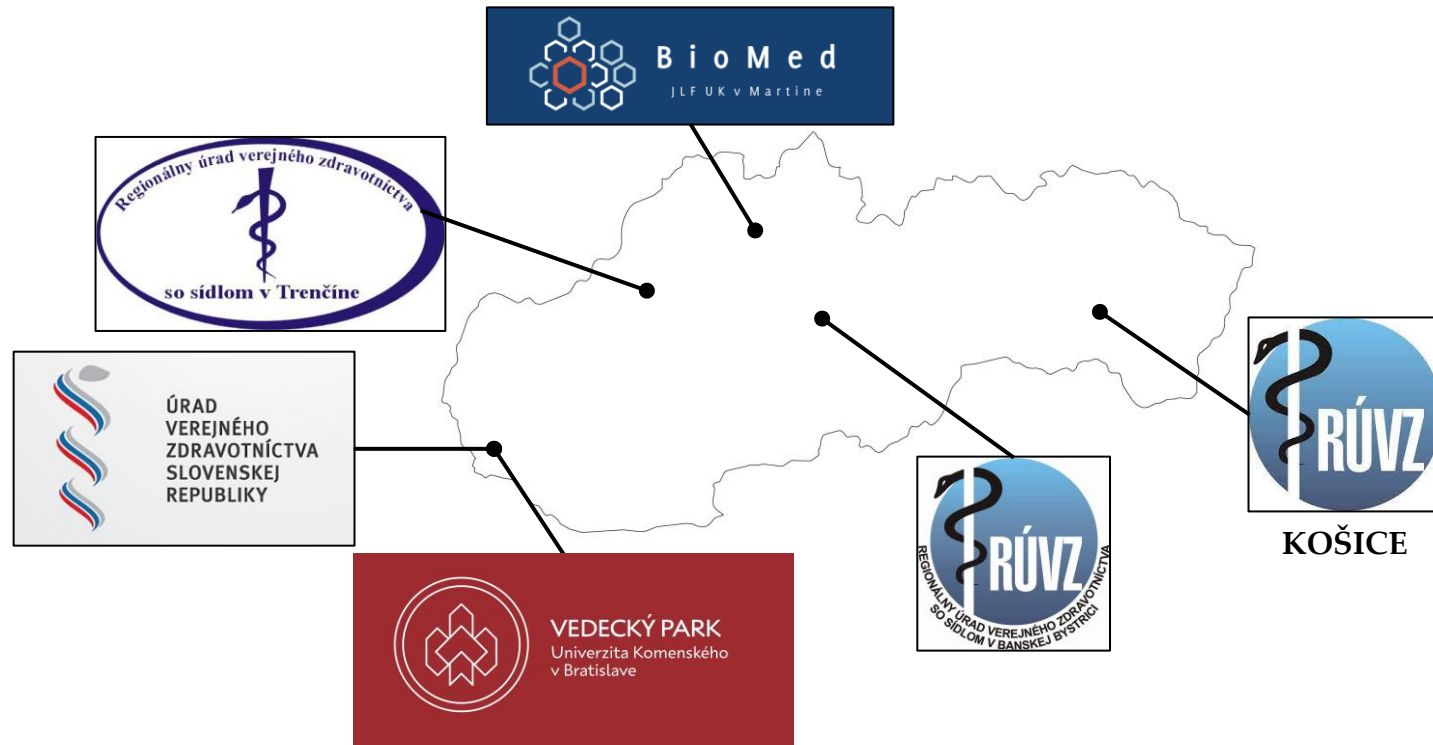
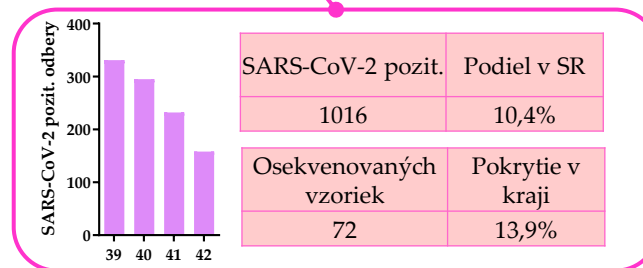
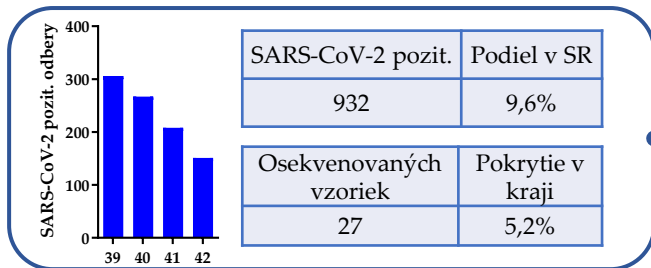
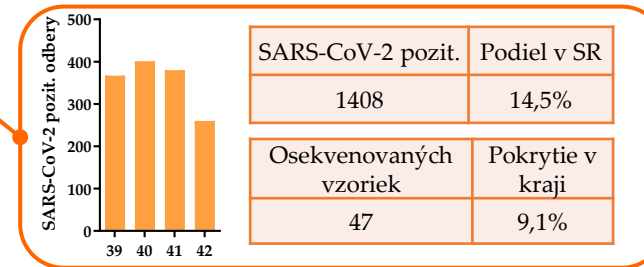
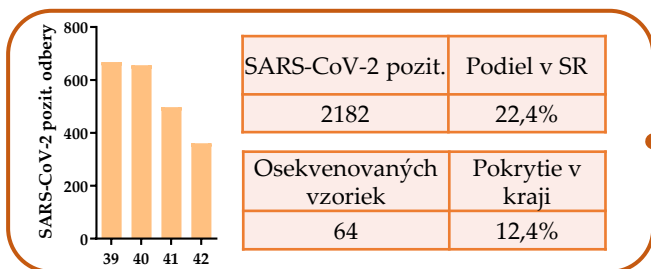
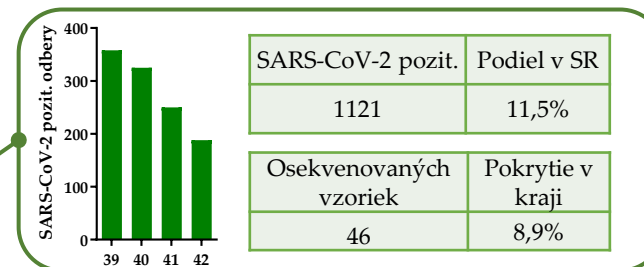
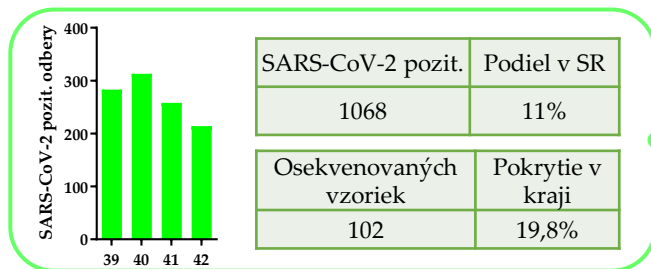
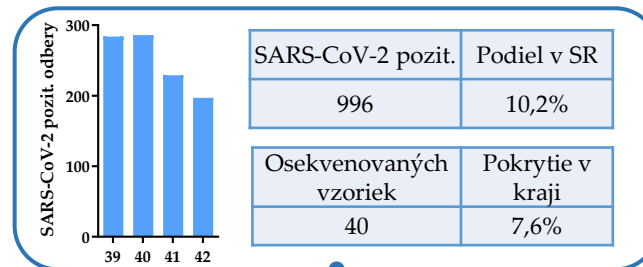
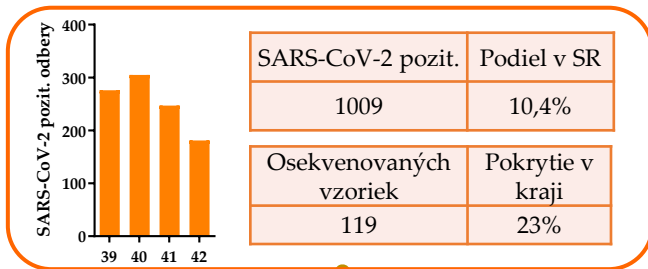


# Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



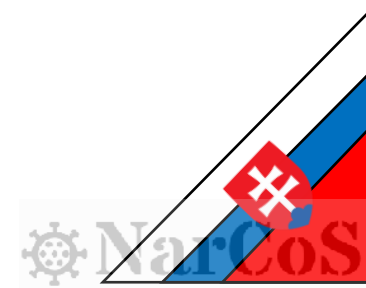
# Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 39. – 42. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



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

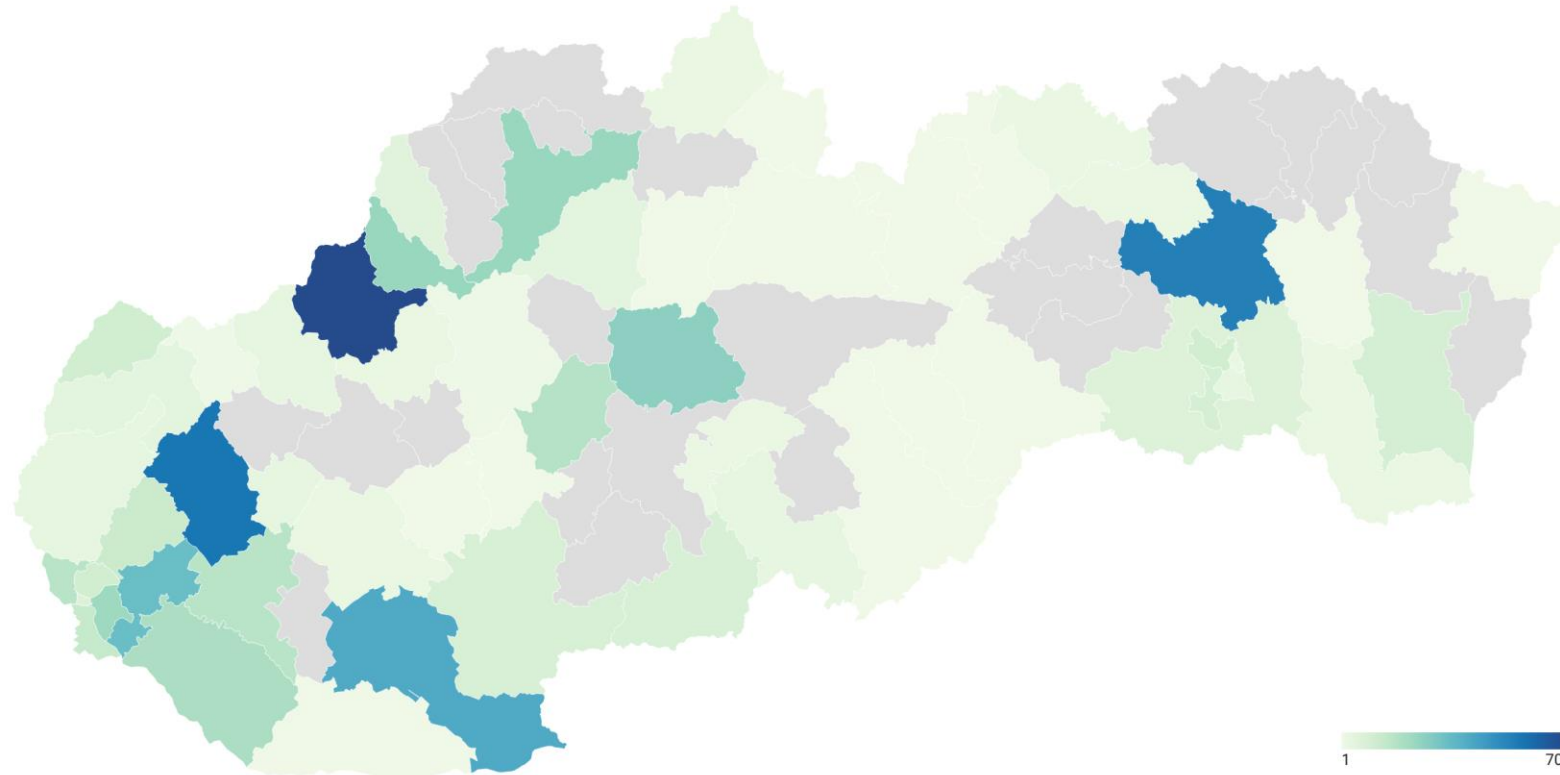
- v sledovanom období (26.9. - 23.10. 2022) zachytených 9 732 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek\*
- 520 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 517 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 99,4% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých 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



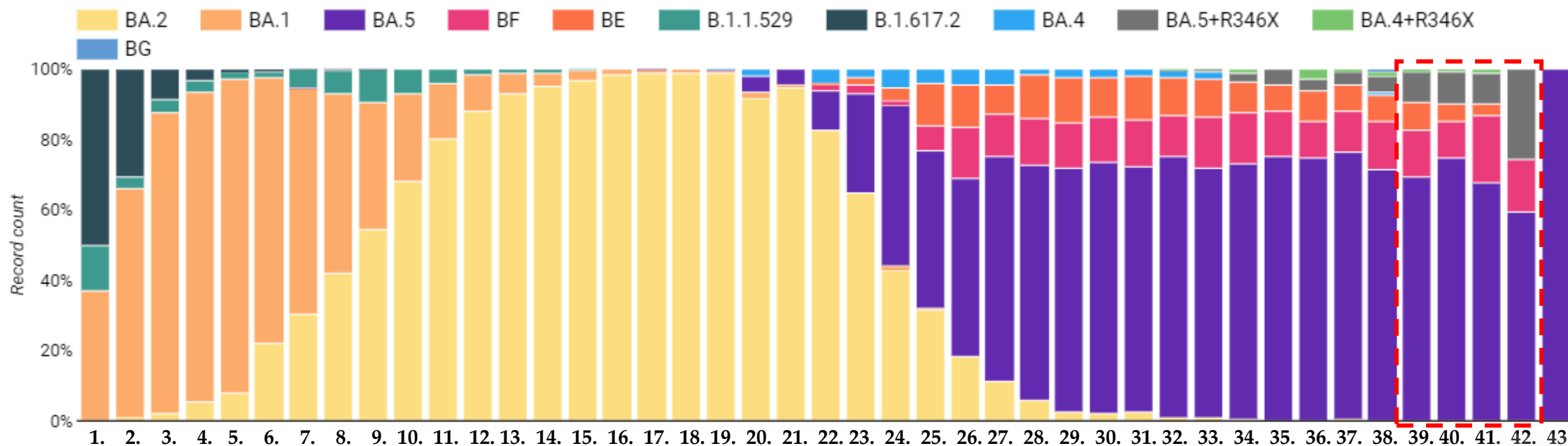
# Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 39. – 42. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

- 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

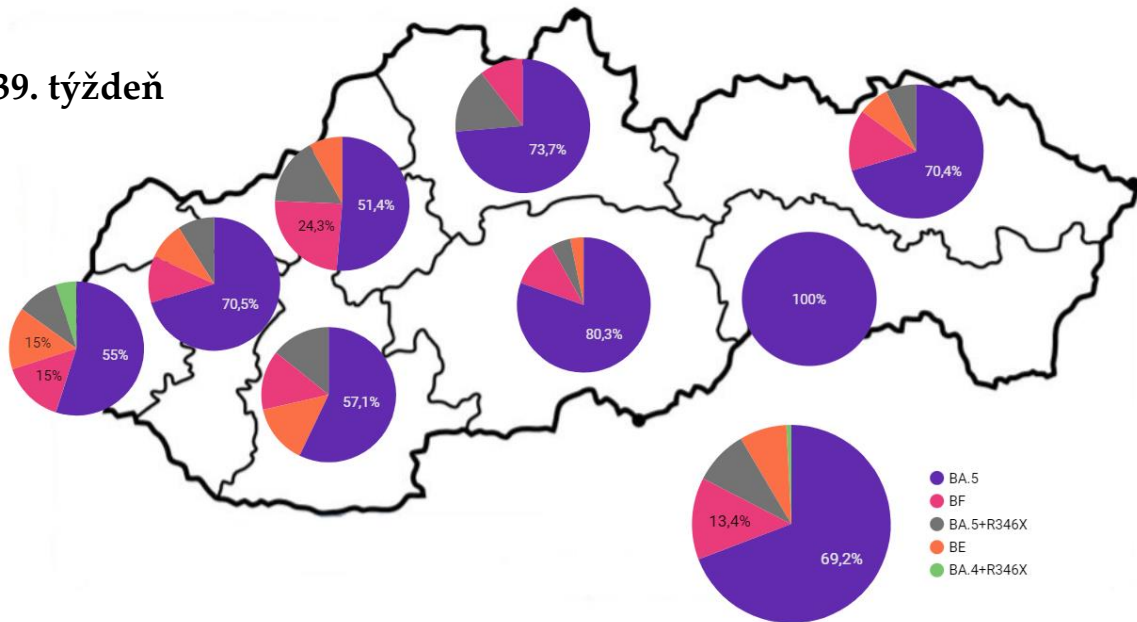
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládal subvariant Omikronu - BA.5
- podiel subvariantov a línií: BA.5 - 70% (n=362); BF - 13,5% (n=70); BE - 5,8% (n=30); BA.5+R346X - 9,9% (n=51); BA.4+R346X - 0,8% (n=4)



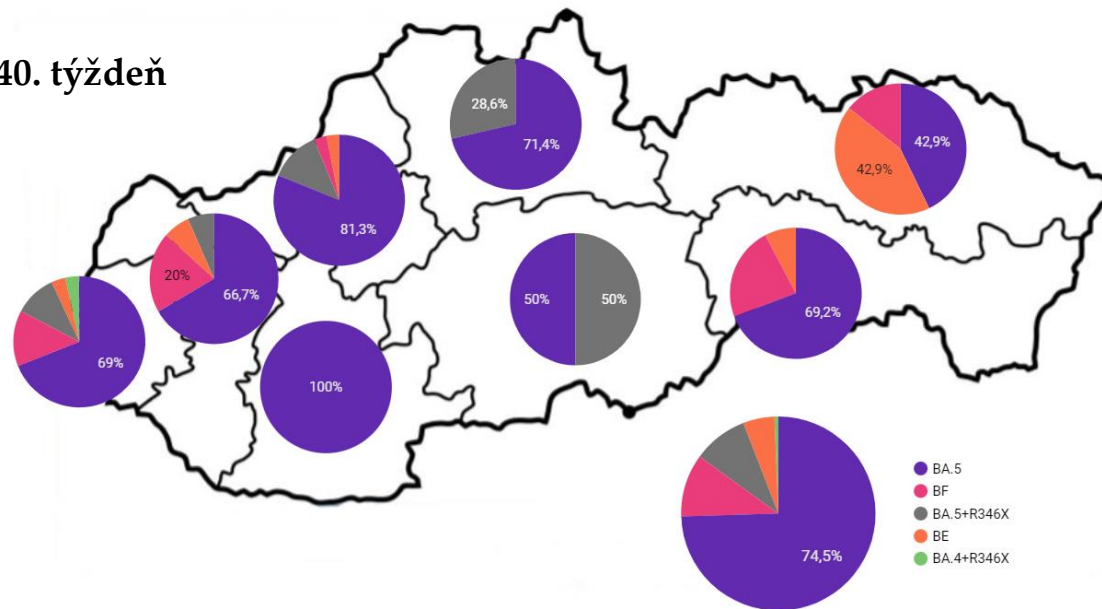
# Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

\* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

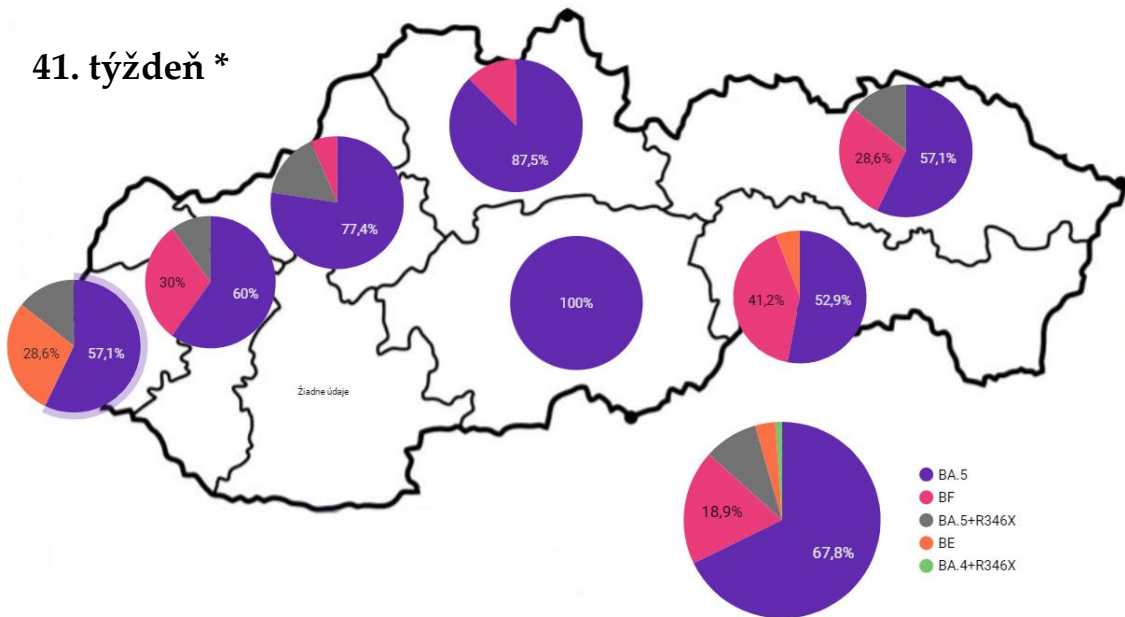
39. týždeň



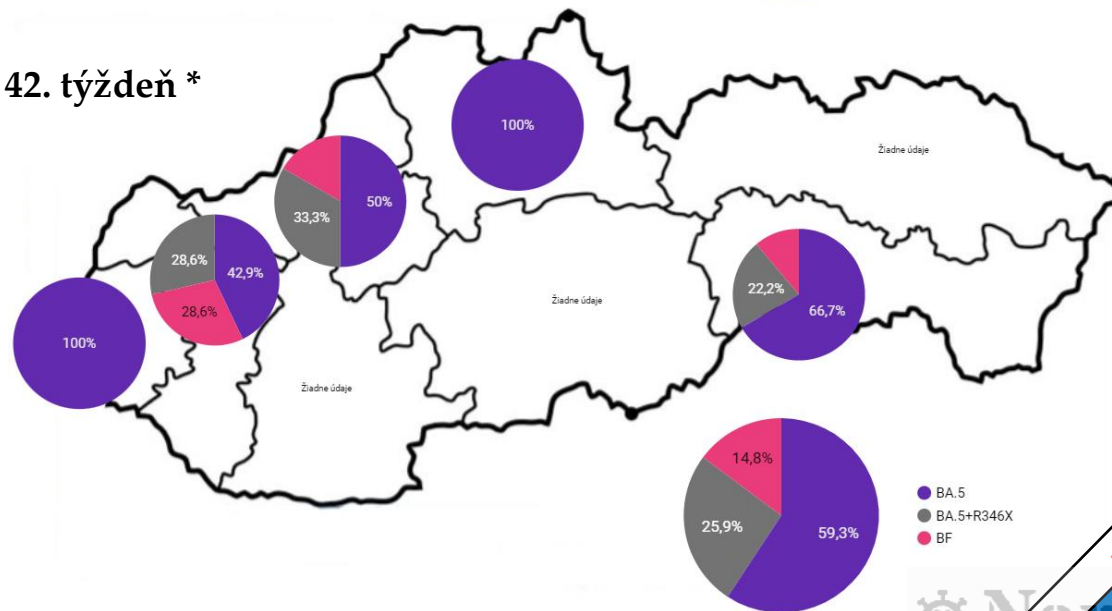
40. týždeň



41. týždeň \*



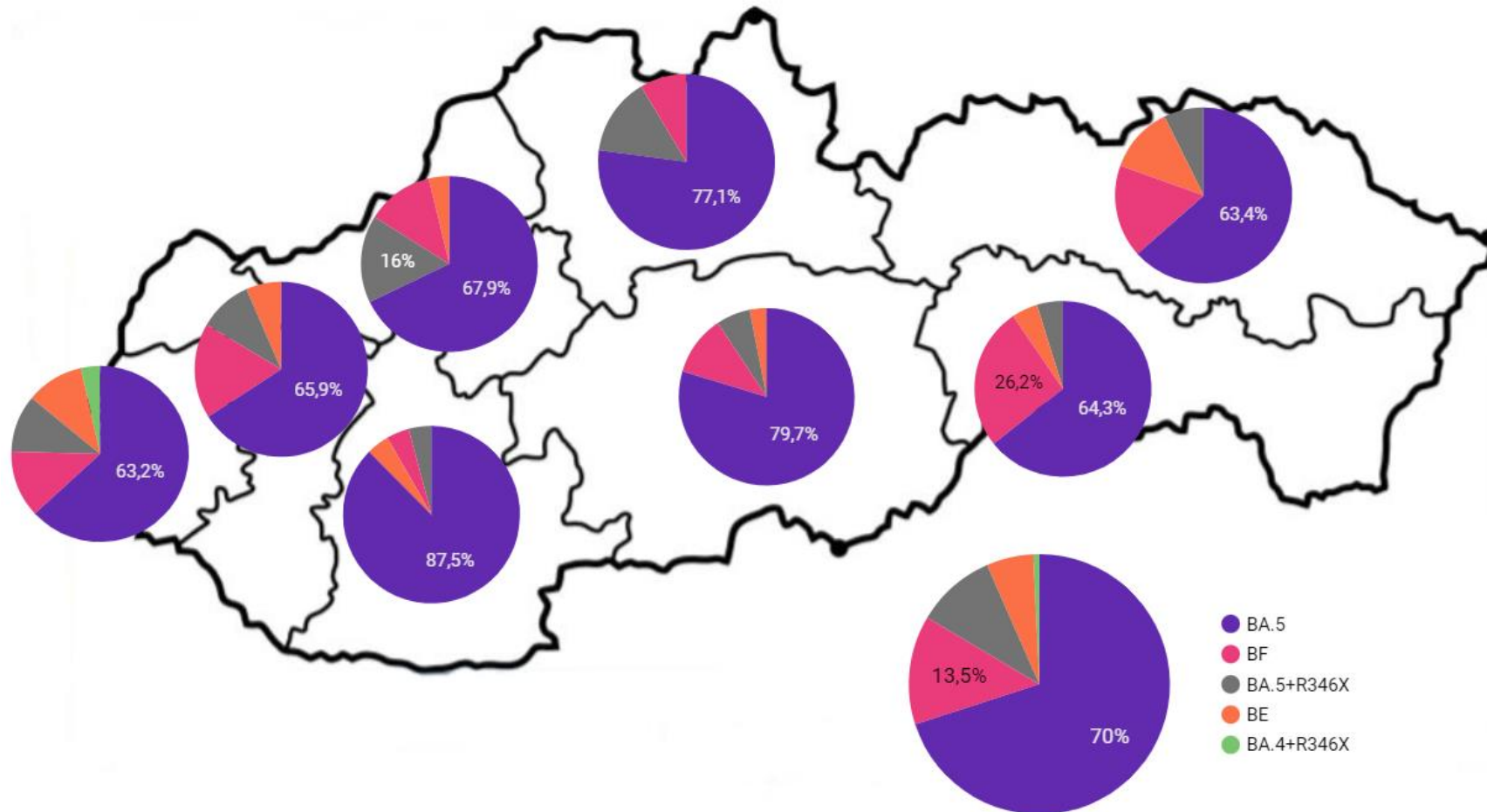
42. týždeň \*





# 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

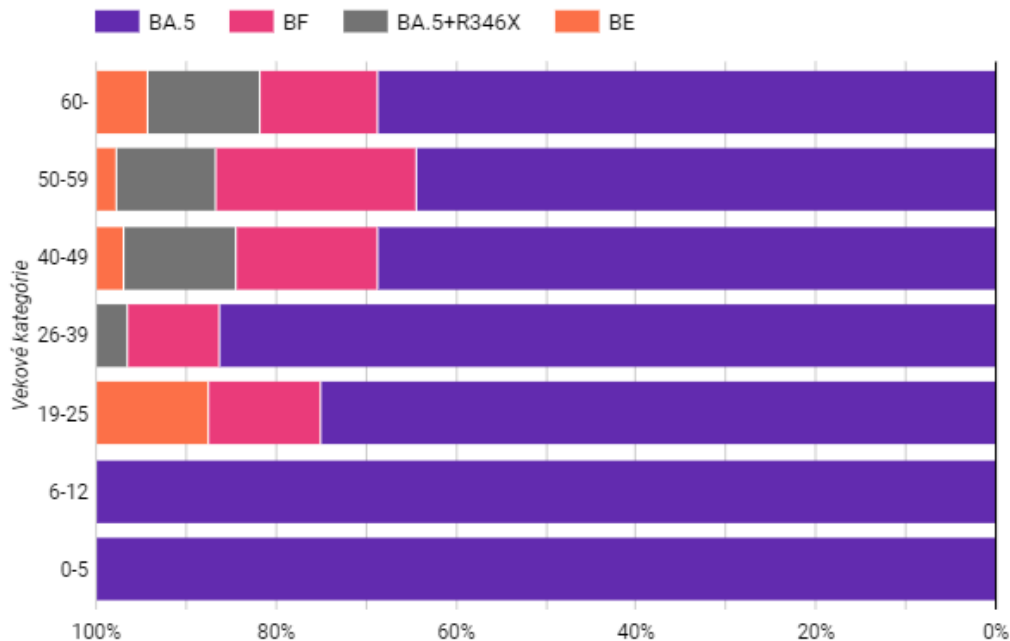


# Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

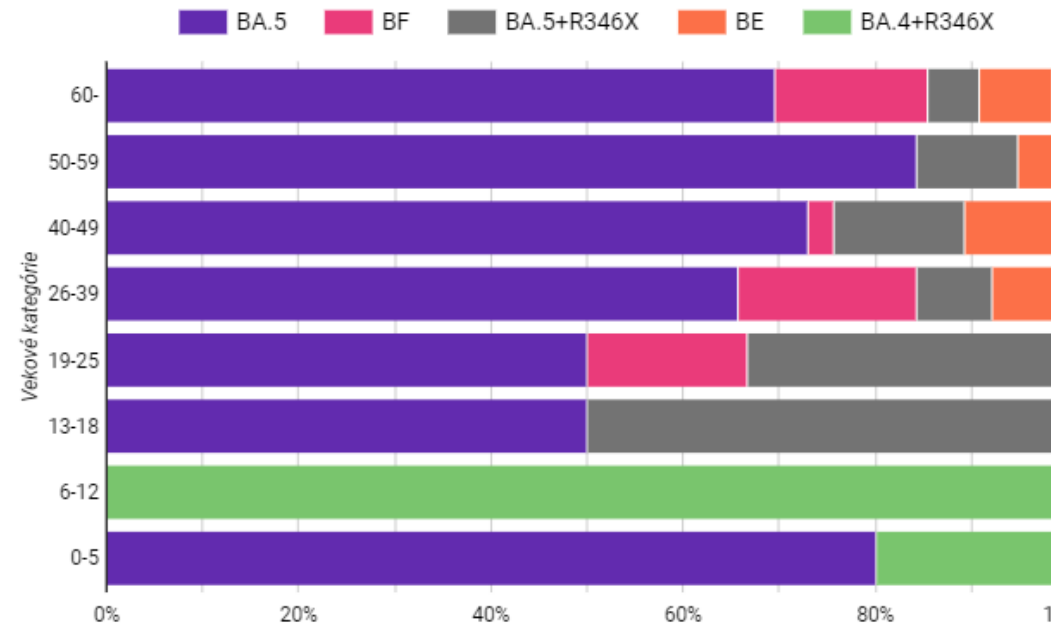
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 53,6% izolovaných vzoriek od žien a 46,4% od mužov
- u oboch pohlaví a v každej vekovej kategórii bol prevládajúci subvariant BA.5
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=160; 31,1% a muži n=131; 25,4%)

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



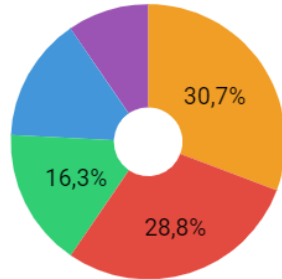
## MUŽI



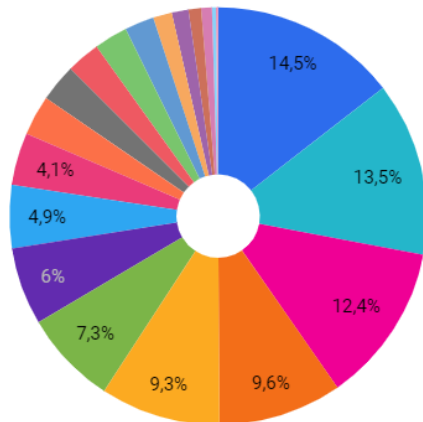


# Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 39. – 42. týždni

- 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

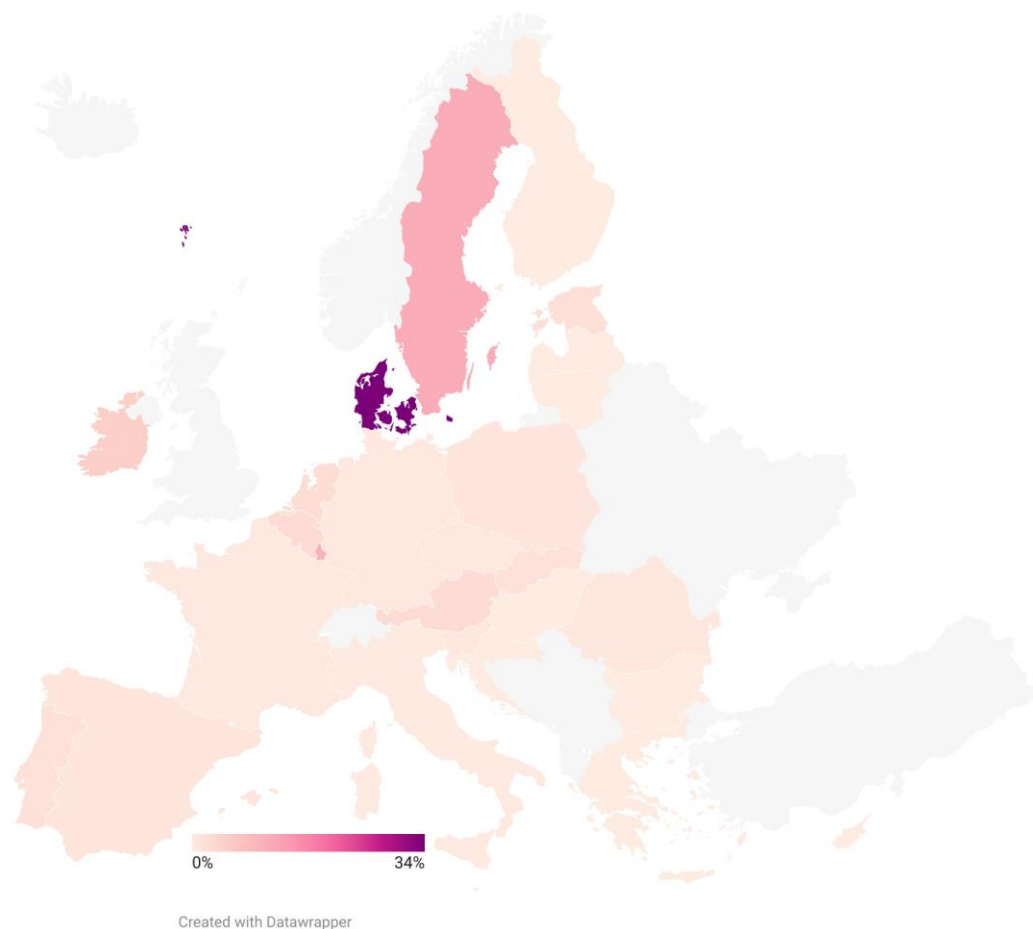


- Fakultná nemocnica Trenčín
- CYTOPATHOS spol. s r. o.
- synlab slovakia s. r. o.
- AnalytX s.r.o.
- Medirex, a.s.
- FNsP N.Zámky - Ústav klin. mikrobi..
- AdLa s.r.o.
- Vacuumapps
- Unilabs Slovensko, s.r.o., Laboratór..
- UNLP Košice
- PKM FNsP FDR Banská Bystrica
- SK-Lab s.r.o.
- ŽILPO s.r.o.
- 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...

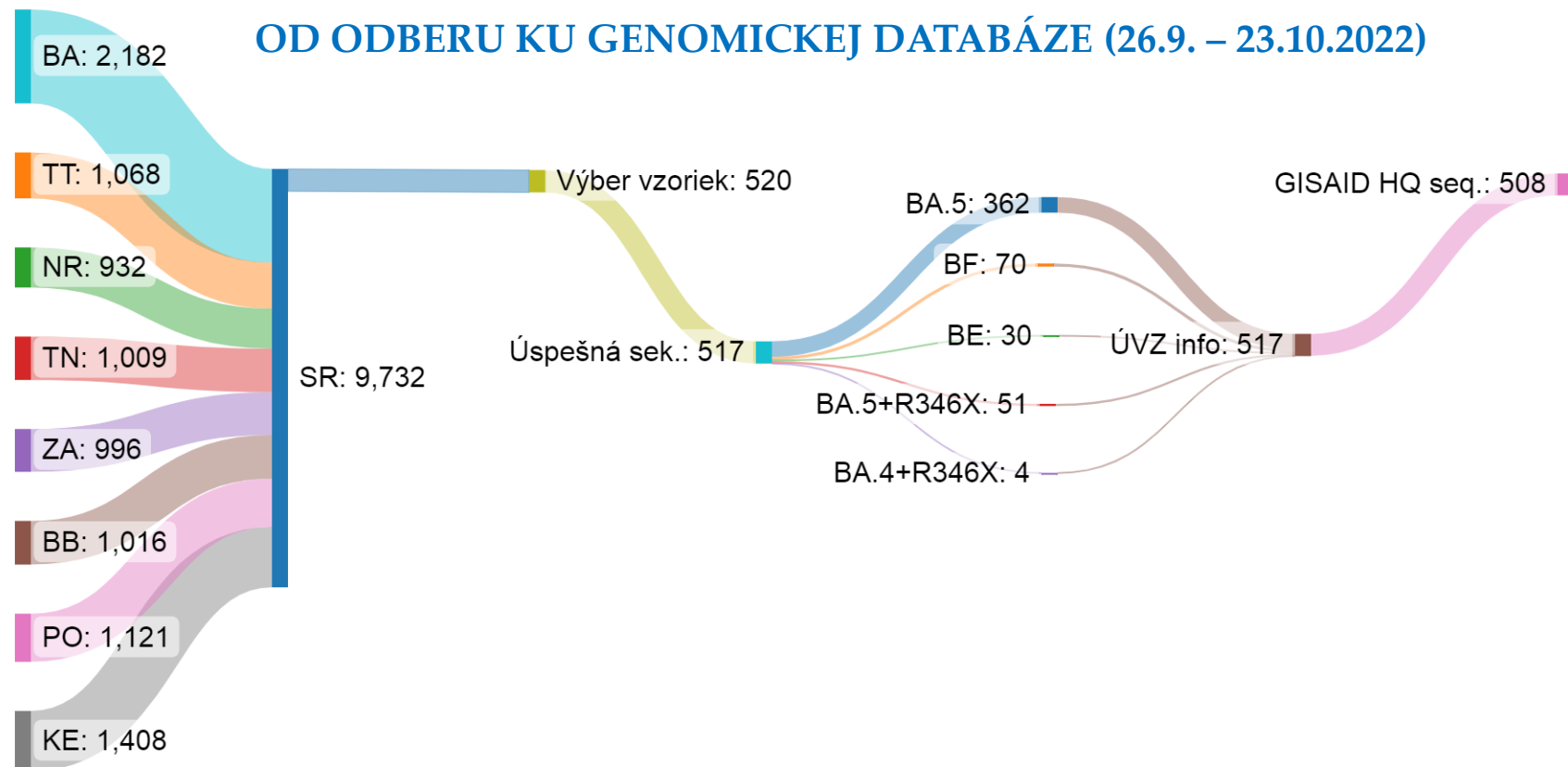
# Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 30 dní (spätne od:07.11.2022)

- 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
<b>Slovakia</b>	<b>1.817</b>
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.
- 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

