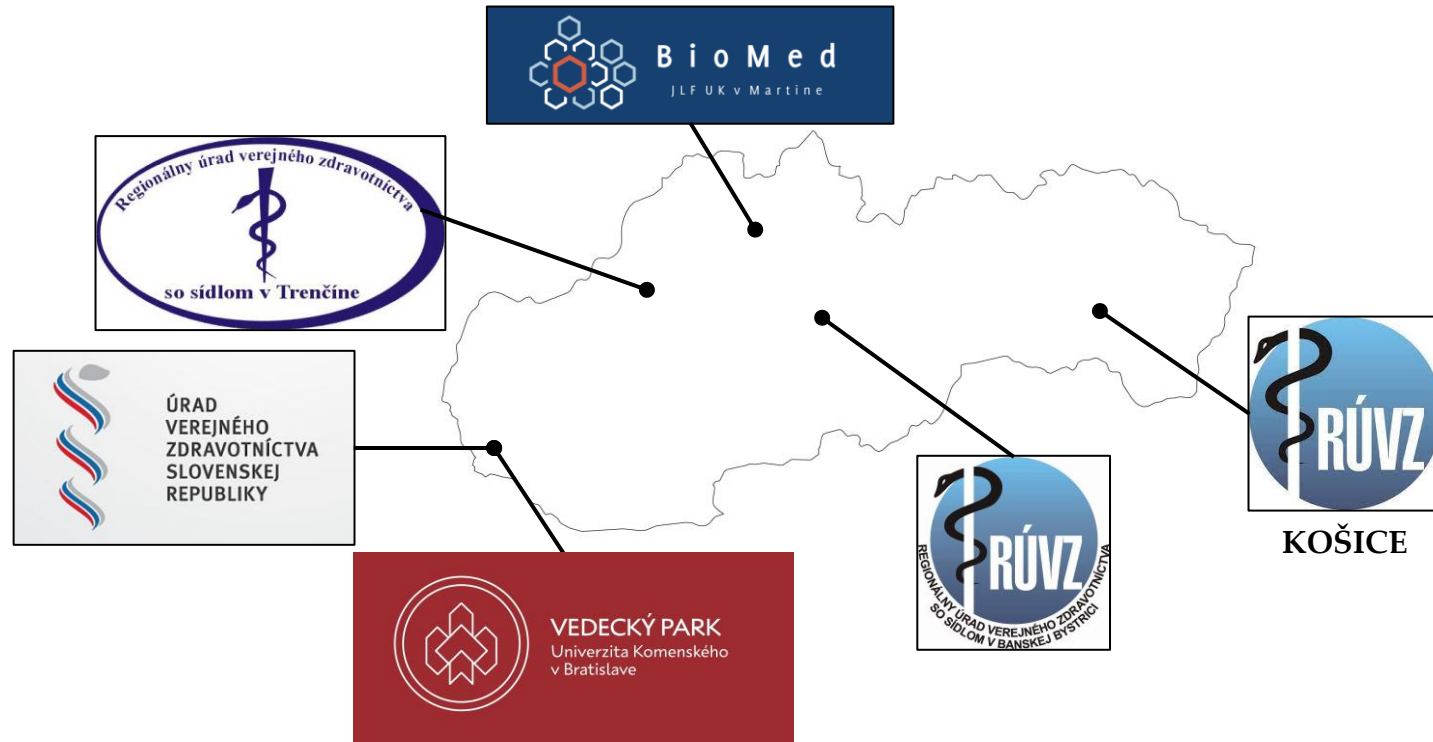


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie

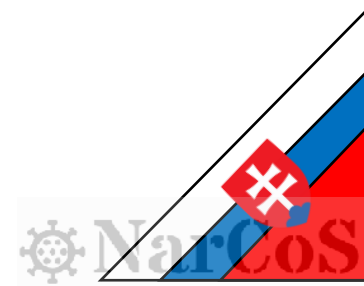


CENTRUM VEDECKO-TECHNICKÝCH INFORMÁCIÍ SR

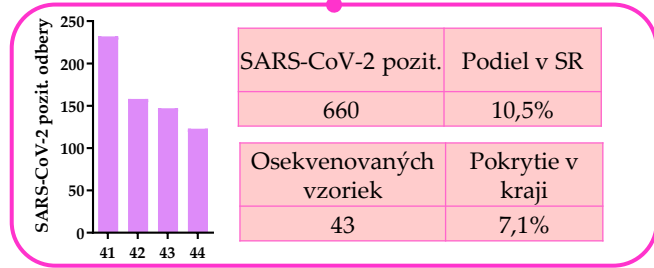
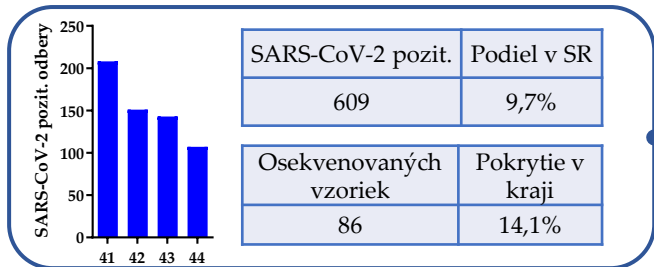
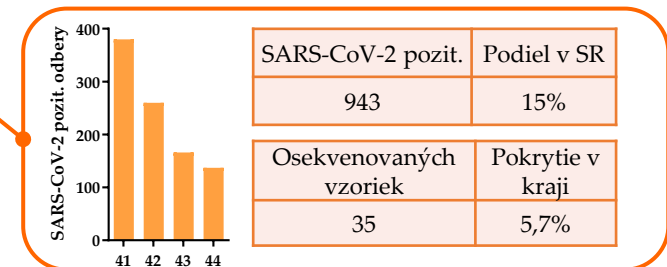
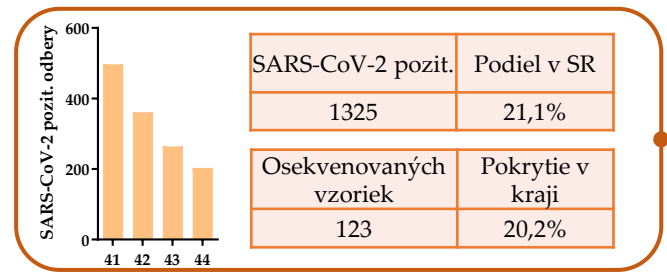
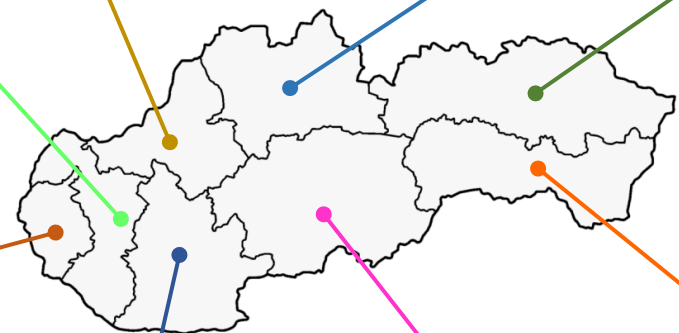
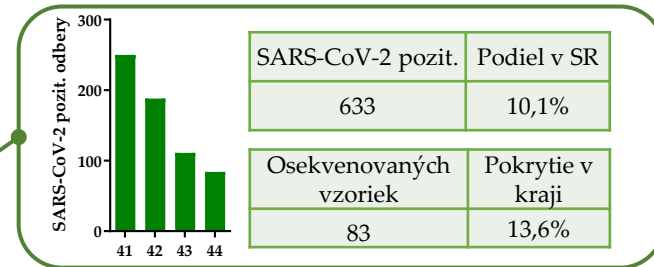
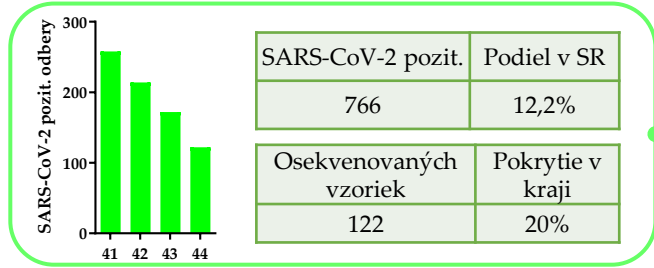
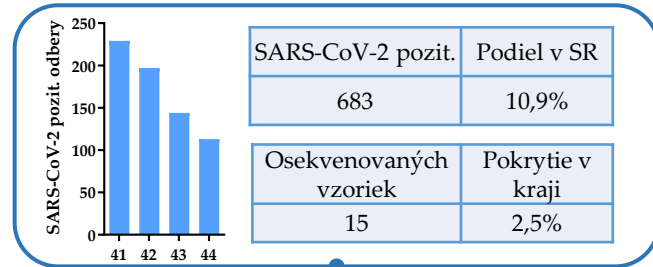
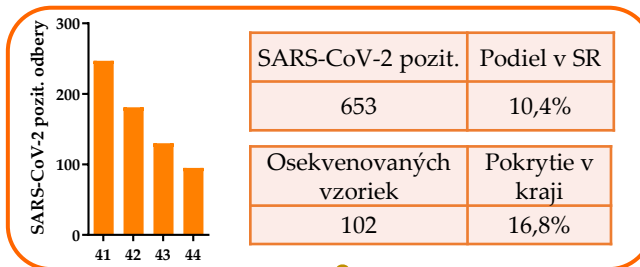
VEDECKÝ PARK UNIVERZITY KOMENSKÉHO V BRATISLAVE



MINISTERSTVO
ŠKOLSTVA, VEDY,
VÝSKUMU A ŠPORTU
SLOVENSKEJ REPUBLIKY



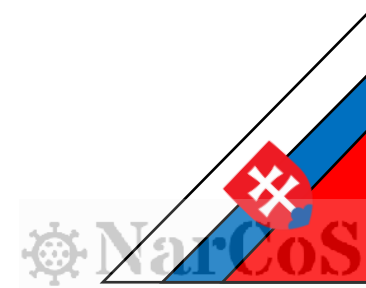
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 41. – 44. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (41. – 44. týždeň/2022)

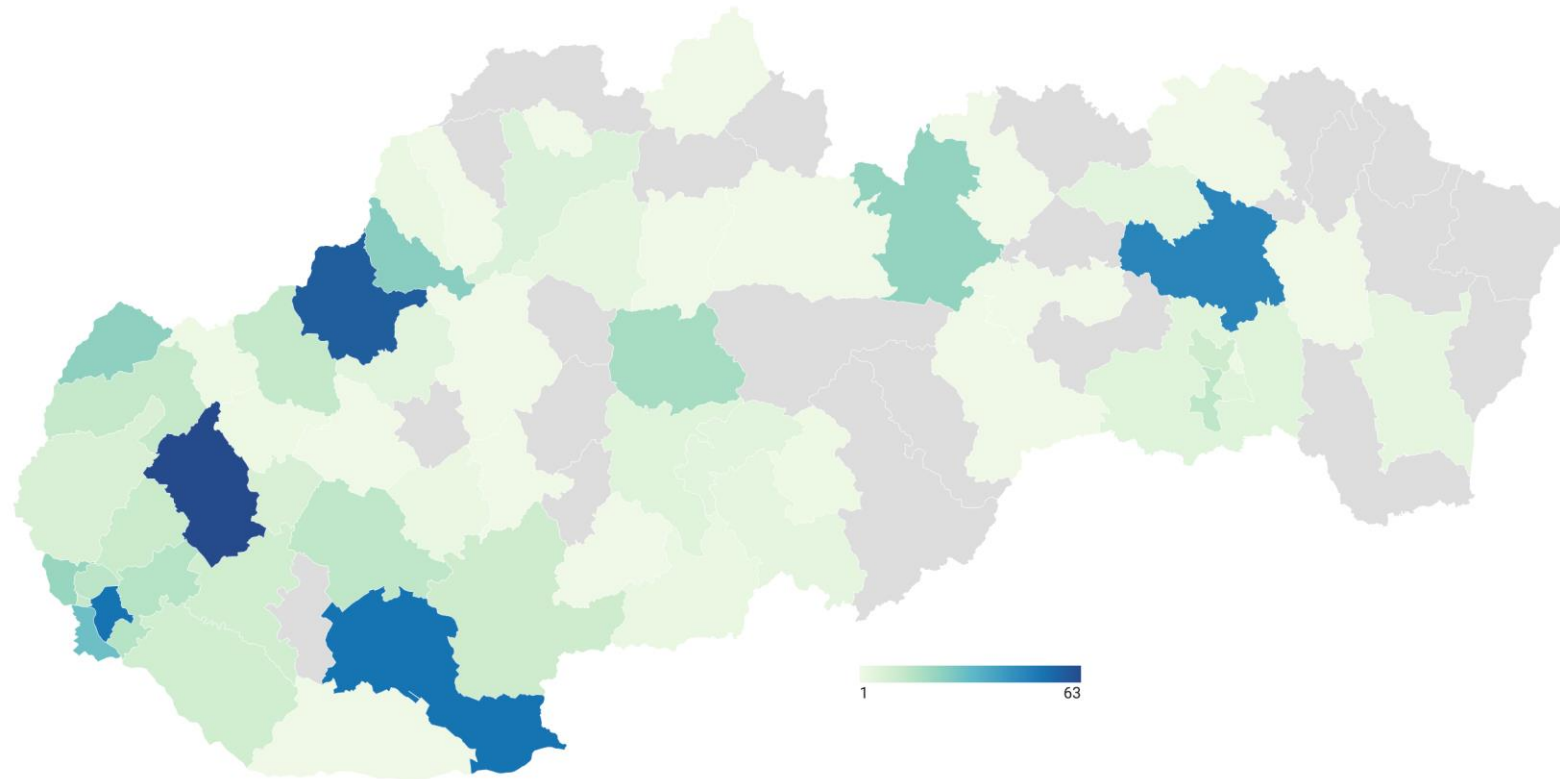
- v sledovanom období (10.10. - 06.11. 2022) zachytených 6 272 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 647 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 609 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 94,1% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 9,7%
- Vloženie 571 (93,8% z 609 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne klesá vo všetkých krajoch a ich počet v 44. týždni (n=984) klesol o 57,2% oproti 41. týždňu (n=2 301)
- subvariant Omikronu BA.5 bol v sledovanom období dominantný v celej SR s postupným nárastom subvariantov ako BF a BE
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (62,5%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 41. – 44. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

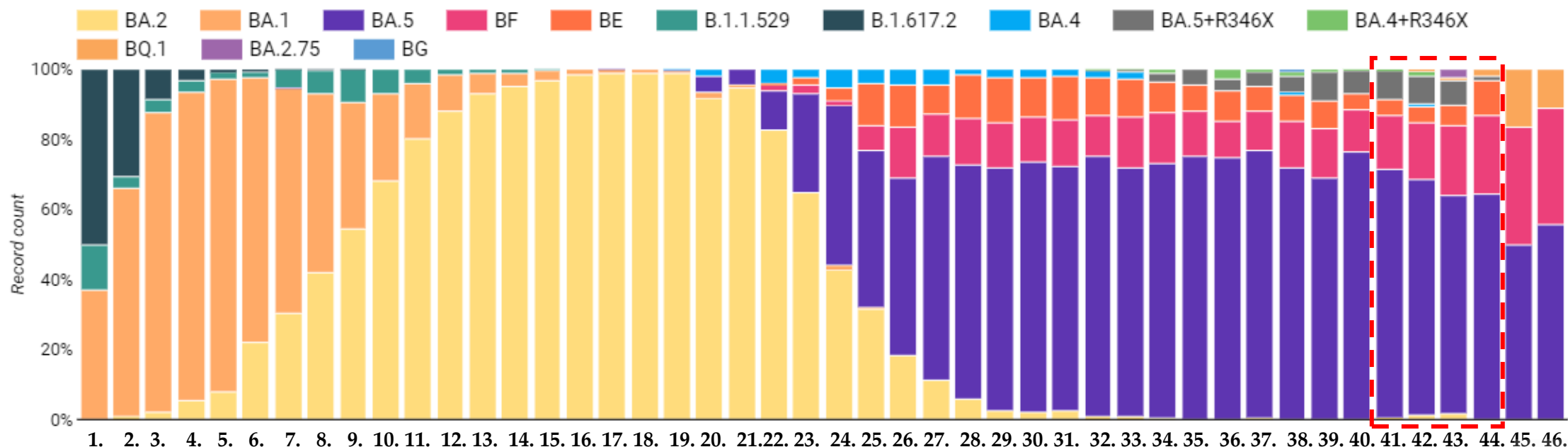
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- rozloženie vzoriek je ovplyvnené aj kapacitami jednotlivých pracovísk
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Trnava, Trenčín, Nové Zámky, Bratislava II a Prešov



Map data: ZBGIS® · Created with Datawrapper

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

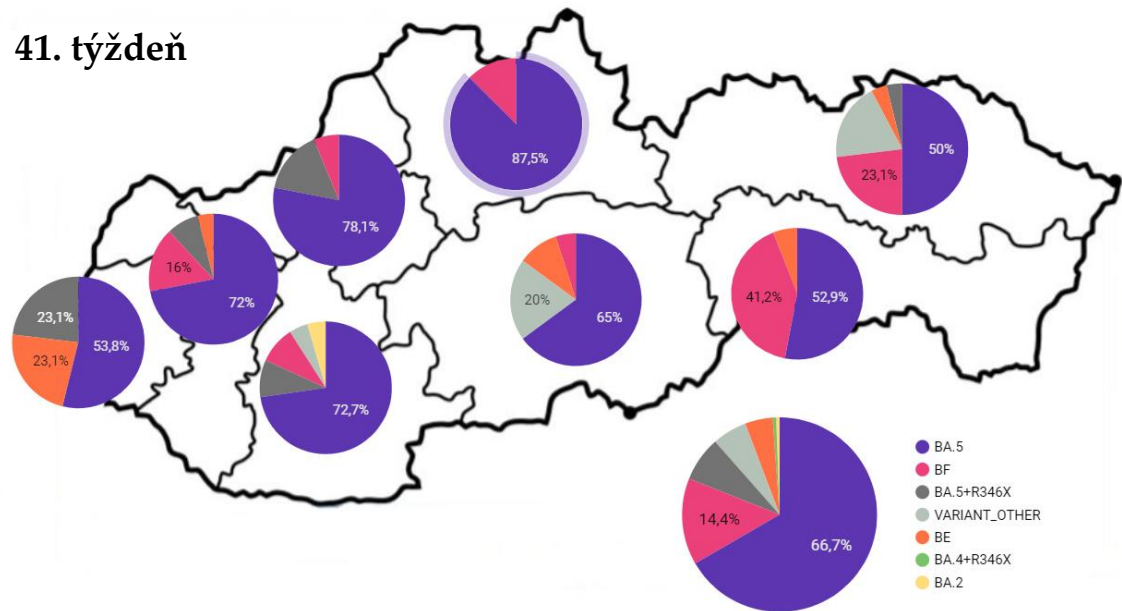
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách prevládal subvariant Omikronu - BA.5
- podiel subvariantov a línií: BA.5 – 57,8% (n=352); BF - 15,4% (n=94); VARIANT_OTHER* – 13,3% (n=81);
- BA.5+R346X – 5,7% (n=35); BE - 5,1% (n=31); BA.2 – 0,8% (n=5); BQ.1 – 0,7% (n=4); BA.4+R346X – 0,5% (n=3); BA.2.75 – 0,5% (n=3); BA.4 – 0,2% (n=1)
- *skupina VARIANT_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



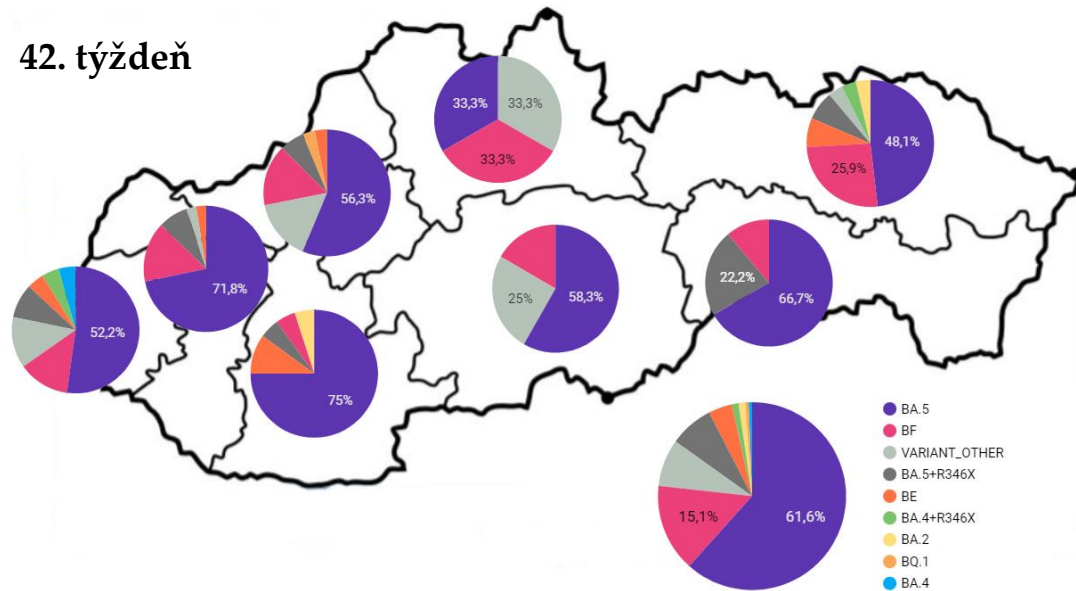
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* vzorky a dáta v procese sekvenovania a analýzy

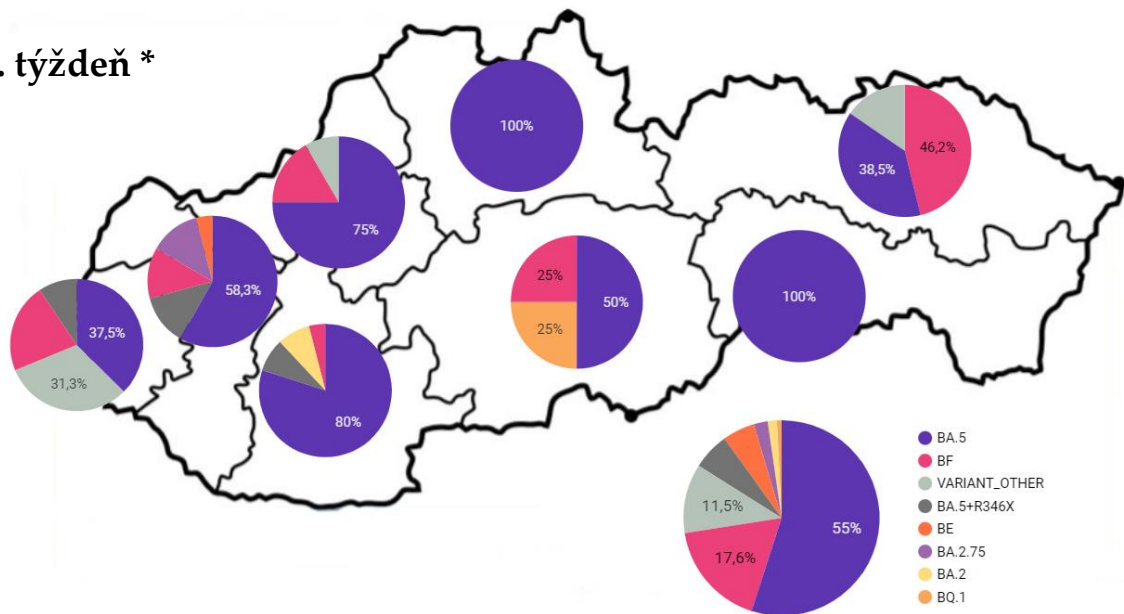
41. týždeň



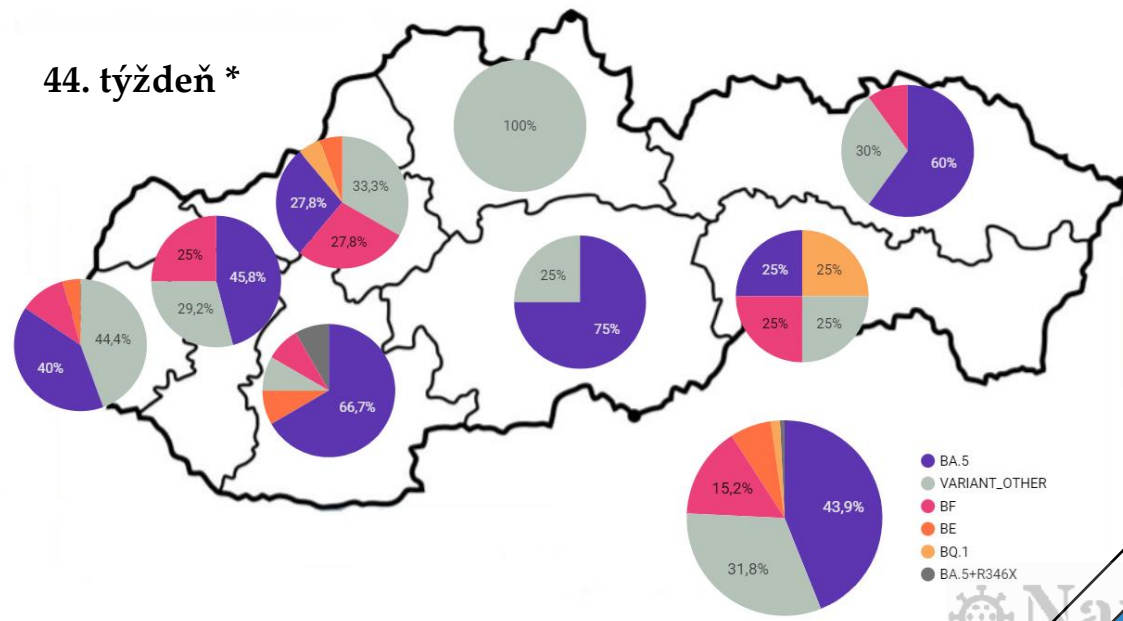
42. týždeň



43. týždeň *

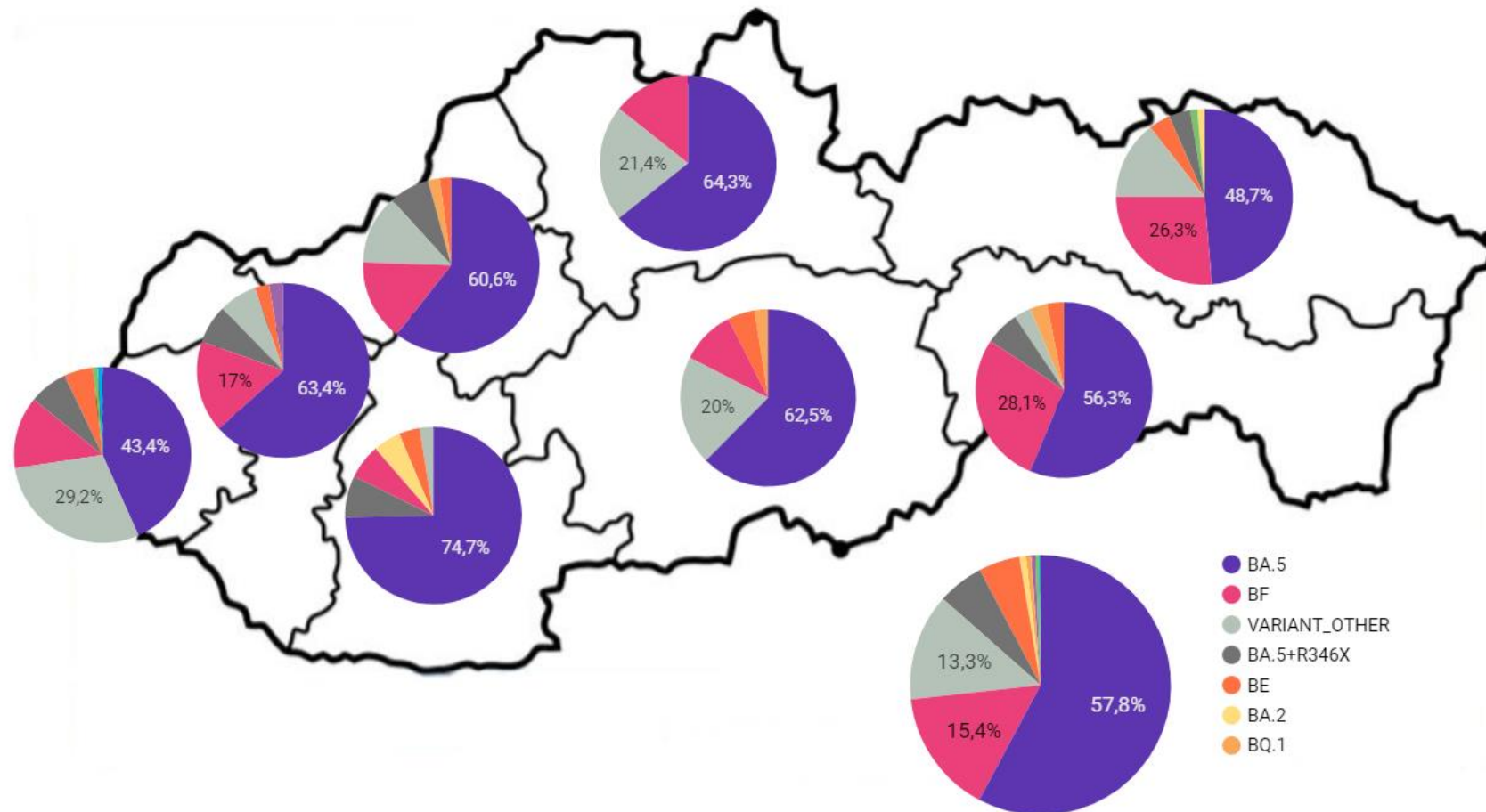


44. týždeň *



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 41. – 44. týždni

- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantu BA.5 v šiestich krajoch podobné
- Prešovský a Bratislavský kraj mali podiel subvariantu BA.5 pod 50%
- subvariant BA.5 bol dominantný vo všetkých krajoch v rozpätí od 43,4% do 74,7% analyzovaných vzoriek

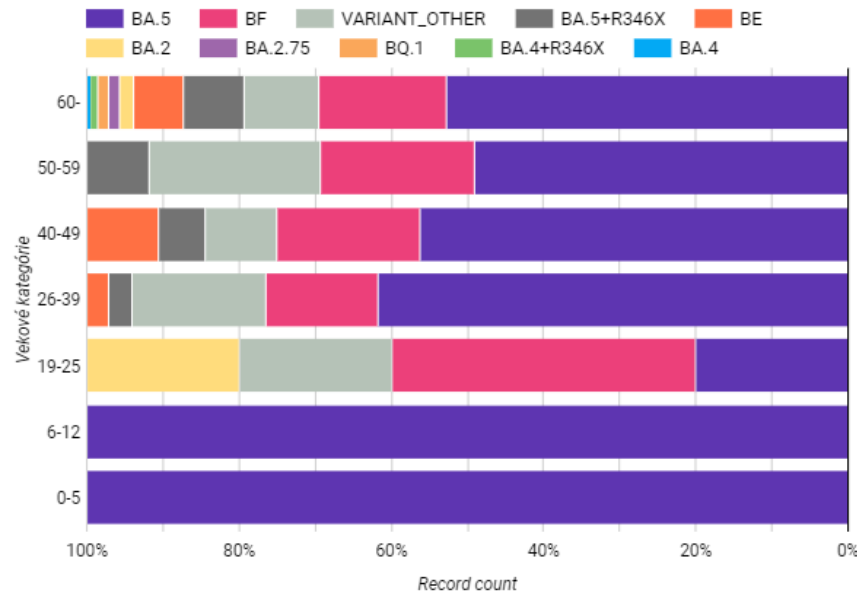


Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

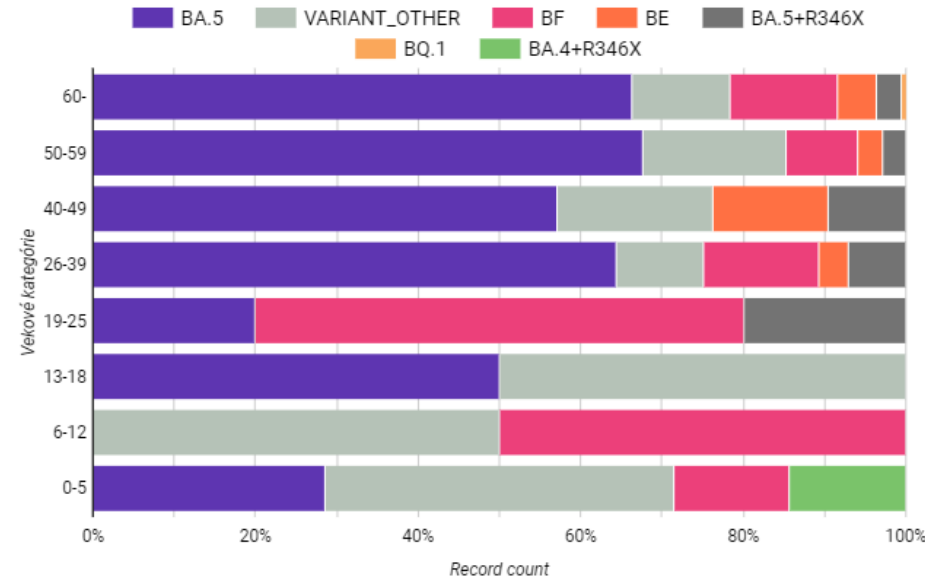
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 56,1% izolovaných vzoriek od žien a 43,9% od mužov
- u oboch pohlaví bol prevládajúci subvariant BA.5
- vo vekovej kategórii 19-25, 6-12 a 0-5 rokov prevládal BF alebo iný subvariant
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=214; 35,2% a muži n=166; 27,3%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	214	49	32	34	5	0	4	3
muži	166	34	21	28	5	4	2	7

ŽENY

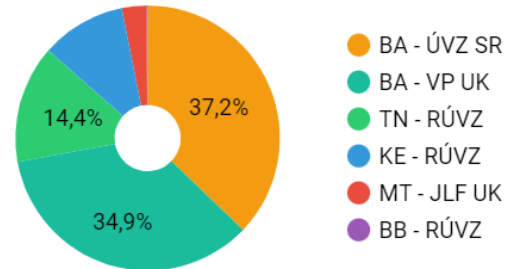


MUŽI

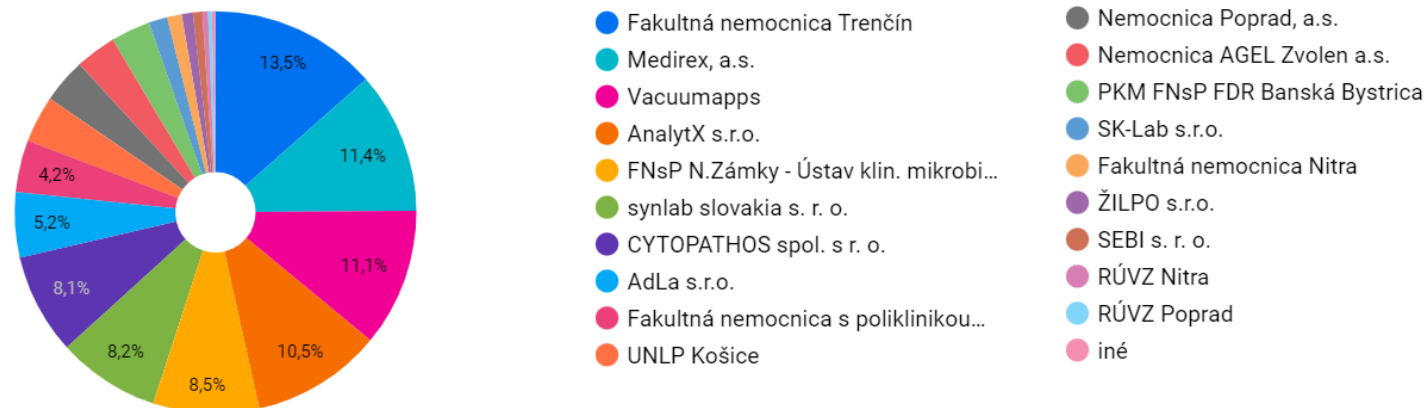


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 41. – 44. týždni

- o v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 37,2% v Úrade verejného zdravotníctva Bratislava
 - 34,9% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
 - 14,4% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
 - 10,3% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice
 - 3% v BioMed centre Jeseniova LF UK Martin
 - 0,1% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Banská Bystrica



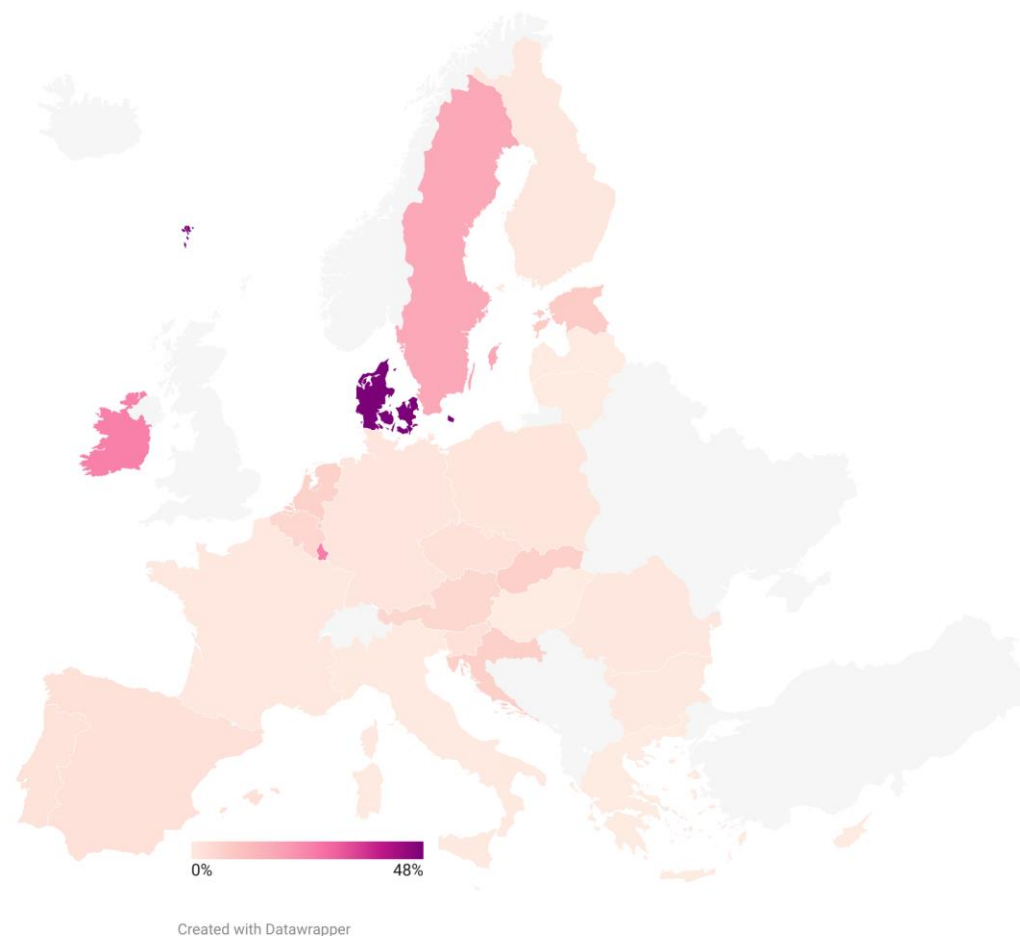
- o podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



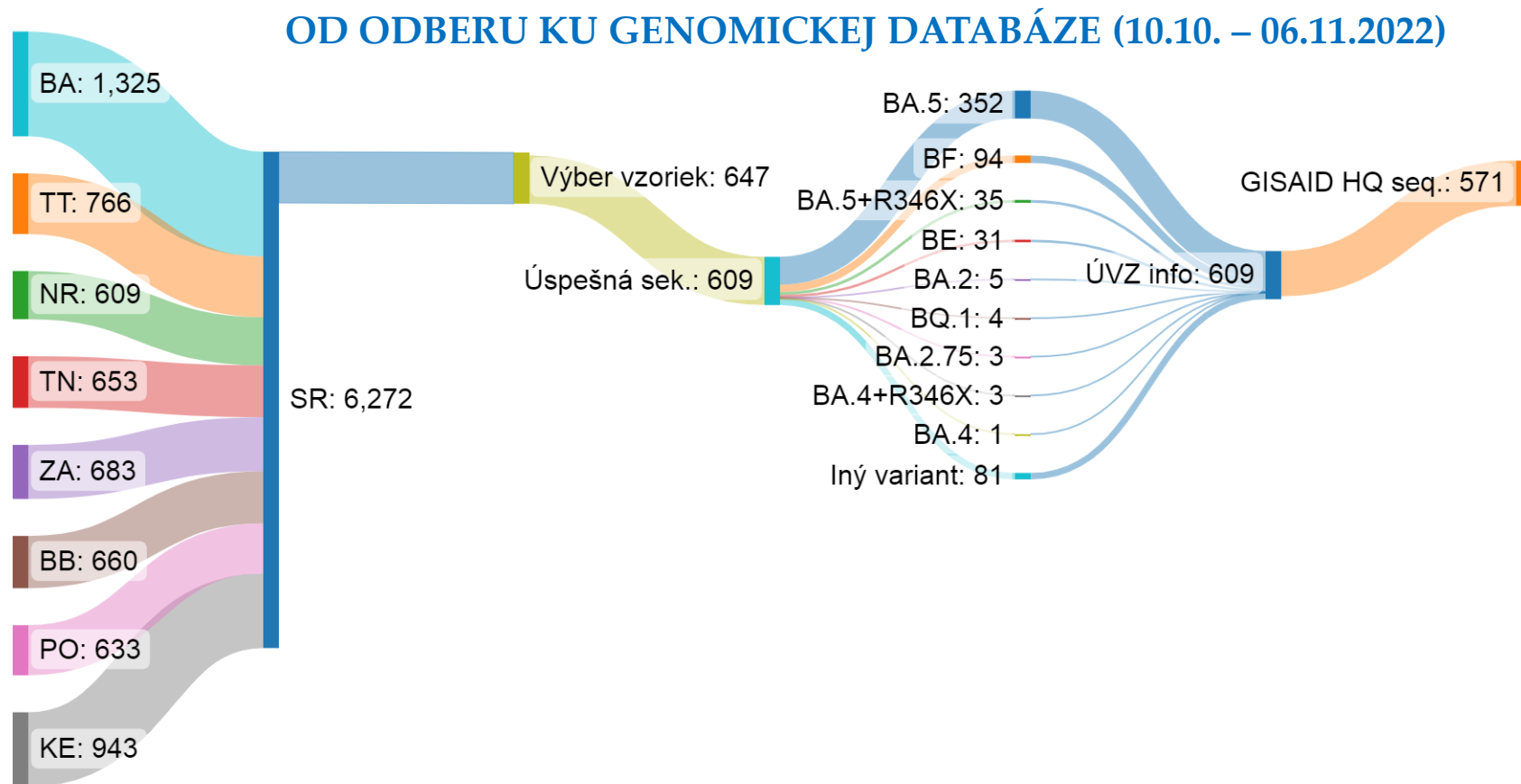
Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 90 dní (spätne od:07.12.2022)

- za posledných 90 dní bolo do databázy GISAID uložených 1 371 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 6,7% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Country	%	Country	%
Denmark	47.9	Portugal	1.9
Luxembourg	25.4	Poland	1.3
Ireland	24.7	Germany	1.2
Sweden	16.8	Finland	1.0
Estonia	7.7	Romania	0.9
Croatia	6.7	France	0.9
Slovakia	6.7	Bulgaria	0.5
Netherlands	6.4	Italy	0.3
Belgium	5.2	Greece	0.1
Austria	4.8	Hungary	0.0
Spain	2.6	Cyprus	0.0
Slovenia	2.3	Latvia	0.0
Czech Republic	2.2	Lithuania	0.0
		Malta	0.0



- 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
 - Ministerstvo školstva, vedy, výskumu a športu 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

