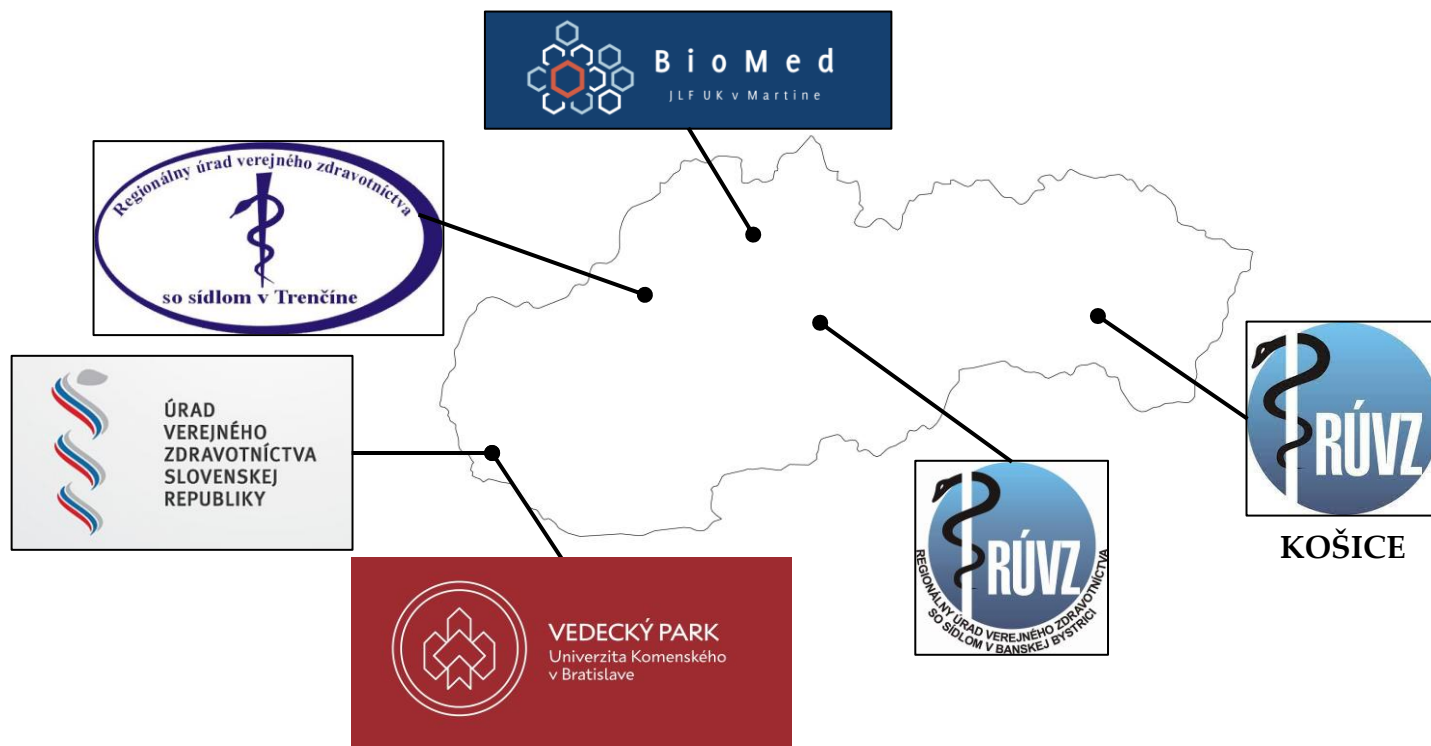
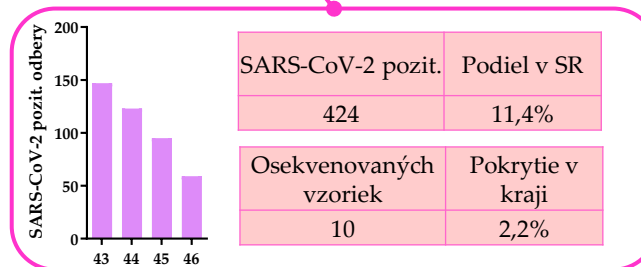
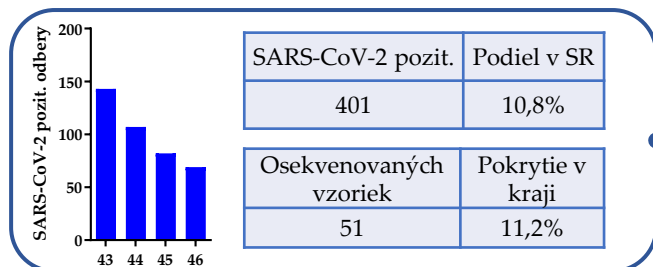
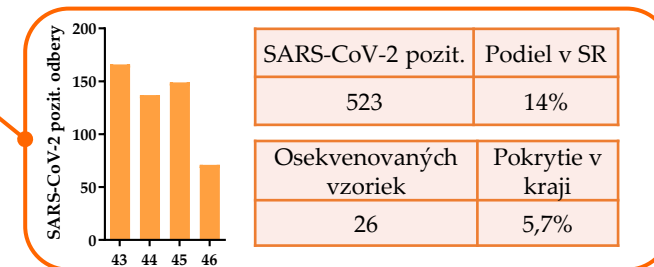
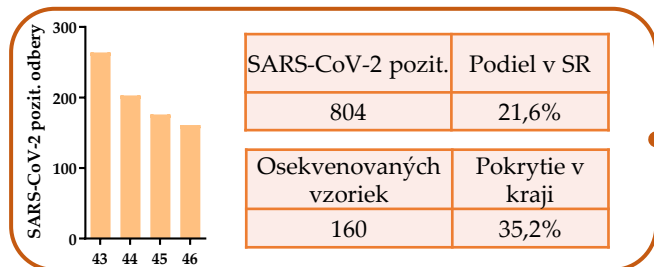
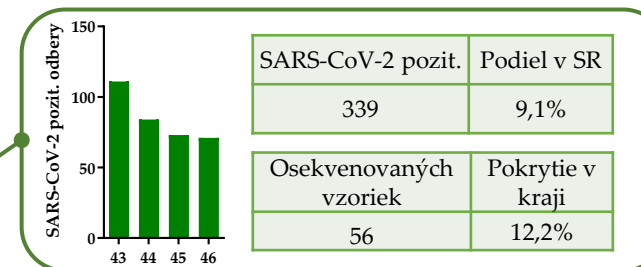
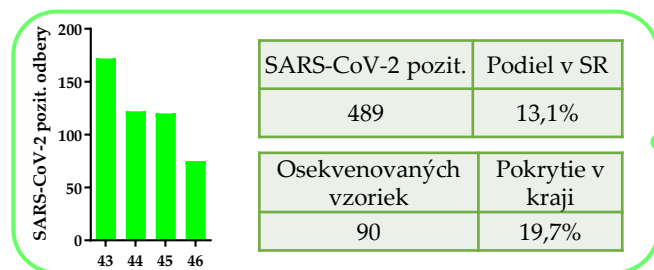
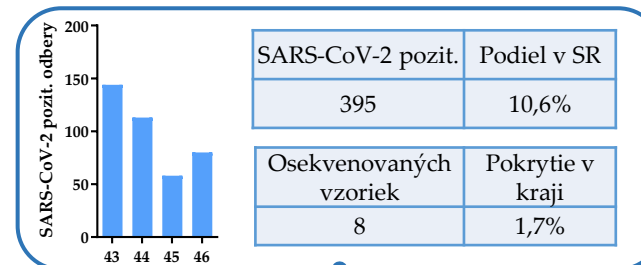
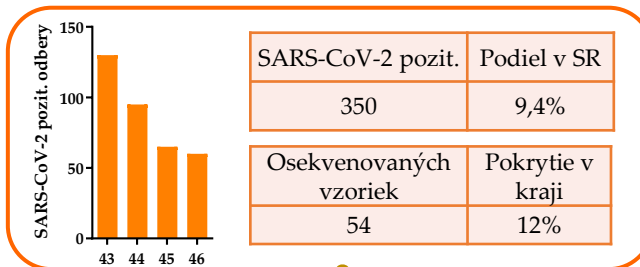


Monitorovacia správa cirkulujúcich variantov vírusu SARS-CoV-2 v Slovenskej republike zachytených v systéme NarCoS - Národné Covid-19 Sekvenovanie



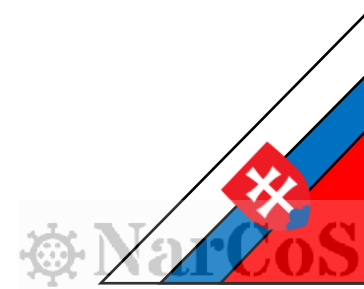
Prehľad SARS-CoV-2 pozitívnych a osekvenovaných vzoriek v 43. – 46. kalendárnom týždni v SR podľa krajov



Prehľad positivity a genomického dohľadu SARS-CoV-2 v SR (43. – 46. týždeň/2022)

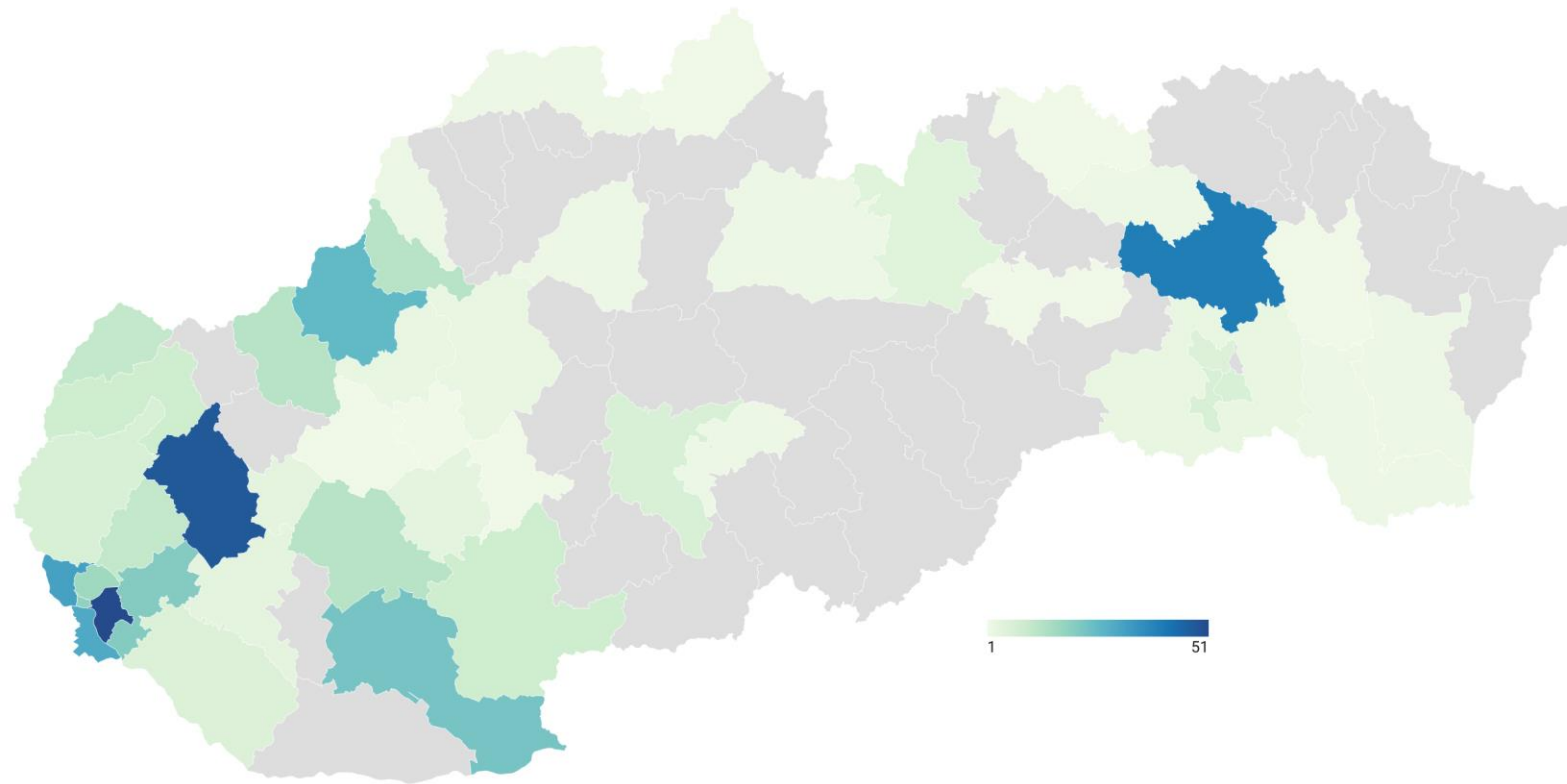
- v sledovanom období (24.10. - 20.11. 2022) zachytených 3 725 SARS-CoV-2 pozitívnych vzoriek*
- 475 pozitívnych odberov zaslaných na sekvenáciu a určenie variantu vírusu
- 455 genómov úspešne osekvenovaných a charakterizovaných, čo predstavuje 95,8% úspešnosť
- podiel vyhodnotených vzoriek zo všetkých pozitívnych vzoriek v danom období bol 12,22%
- vloženie 442 (97,1% z 455 genómov) genomických sekvencií do medzinárodnej databázy GISAID
- počet pozitívnych vzoriek postupne klesal vo všetkých krajoch a ich počet v 46. týždni (n=646) klesol o 50,6% oproti 43. týždňu (n=1 277)
- podiel subvariant Omikronu BA.5 v sledovanom období klesal a bol vytláčaný postupným nárastom subvariantov ako BF a B.1.1.529+R346X
- najväčší podiel vzoriek vo vekovej kategórii 60+ (59,5%)
- Slovensko úspešne participuje na genomickom dohľade v rámci EÚ

* zdroj: Národné centrum zdravotníckych informácií Ministerstva zdravotníctva SR



Pôvod analyzovaných vzoriek SARS-CoV-2 v 43. – 46. kalendárnom týždni v SR podľa okresov

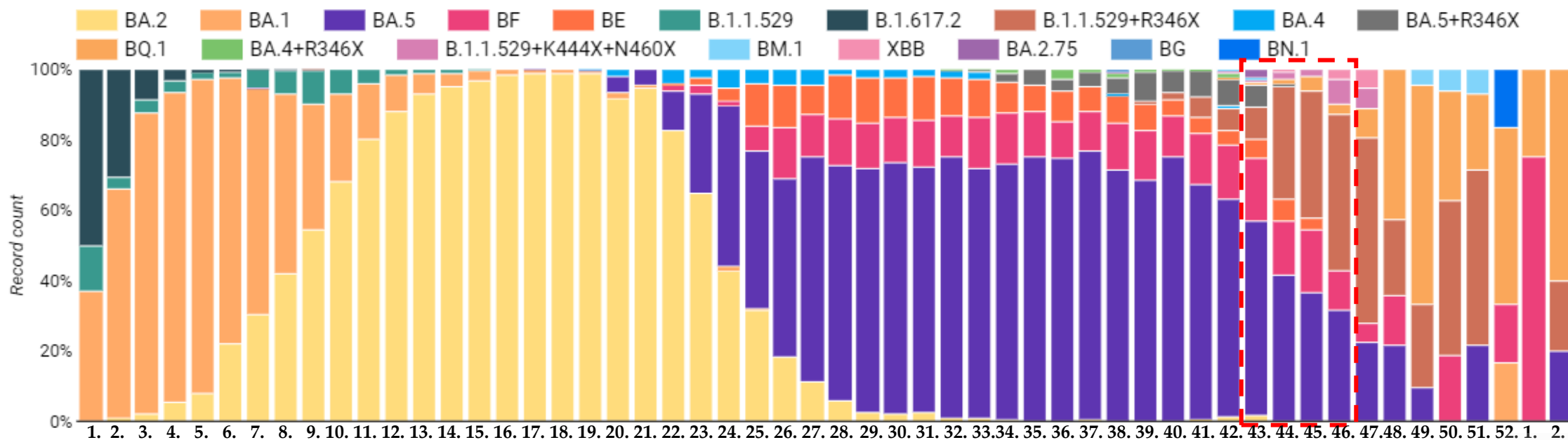
- pozitívne vzorky sú zbierané z rôznych zdravotníckych pracovísk v rámci SR
- rozloženie vzoriek je ovplyvnené aj kapacitami jednotlivých pracovísk
- najvyššie zastúpenie vzoriek pochádzalo z okresov Bratislava II, Trnava, Prešov, Bratislava IV a Bratislava V



Map data: ZBGIS® • Created with Datawrapper

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

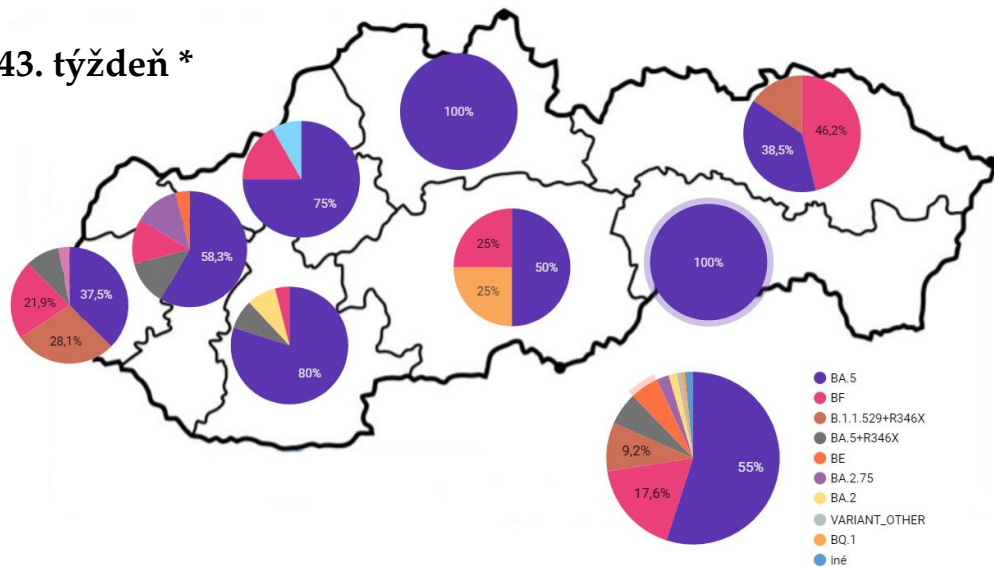
- Omikron je v sledovanom období hlavný variant vírusu SARS-CoV-2 rozšírený v SR
- v analyzovaných vzorkách bol nasledovný podiel subvariantov a línií: BA.5 – 41,8% (n=190); B.1.1.529+R346X – 27,5% (n=125); BF – 15,6% (n=71); BE – 4,2% (n=19); VARIANT_OTHER* – 2,6% (n=12); B.1.1.529+K444X+N460X – 2,4% (n=11); BA.5+R346X – 2% (n=9); BQ.1 – 2% (n=9); XBB – 0,7% (n=3); BA.2.75 – 0,7% (n=3); BA.2 – 0,4% (n=2); BM.1 – 0,2% (n=1)
- *skupina VARIANT_OTHER predstavuje subvarianty nezaradené v TESSy nomenklatúre (The European Surveillance System)



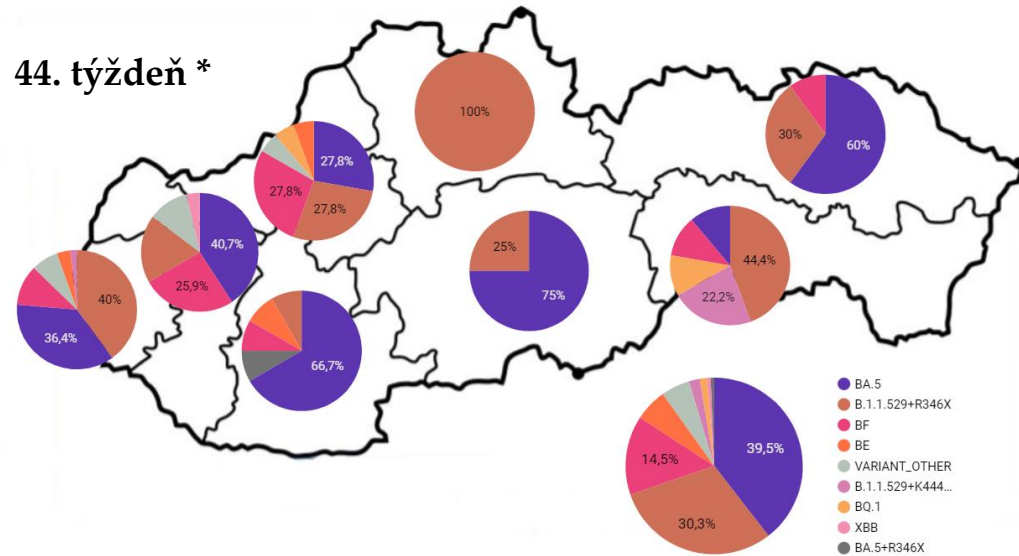
Prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov a týždňov

* kraje s malým počtom vzoriek

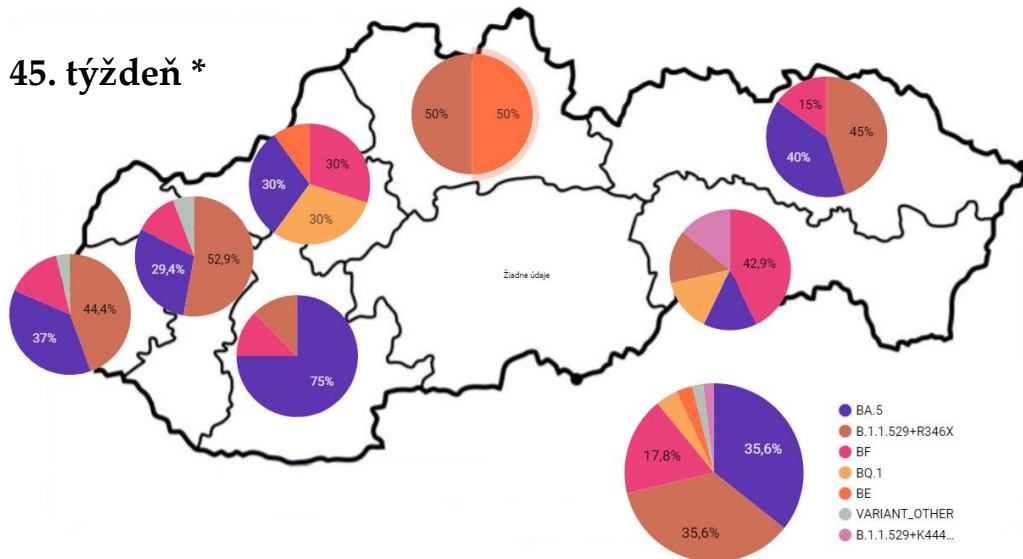
43. týždeň *



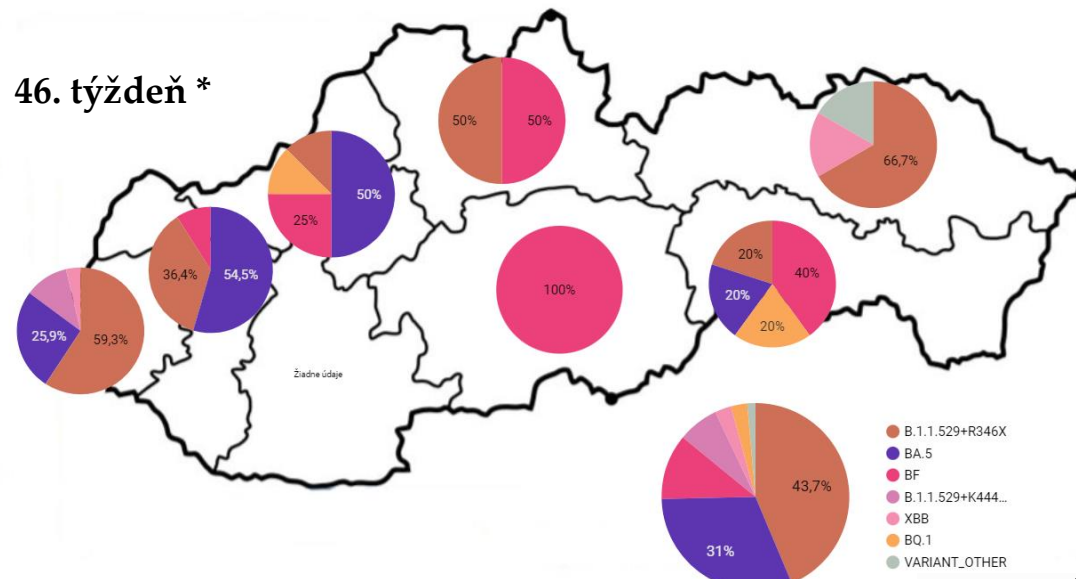
44. týždeň *



45. týždeň *

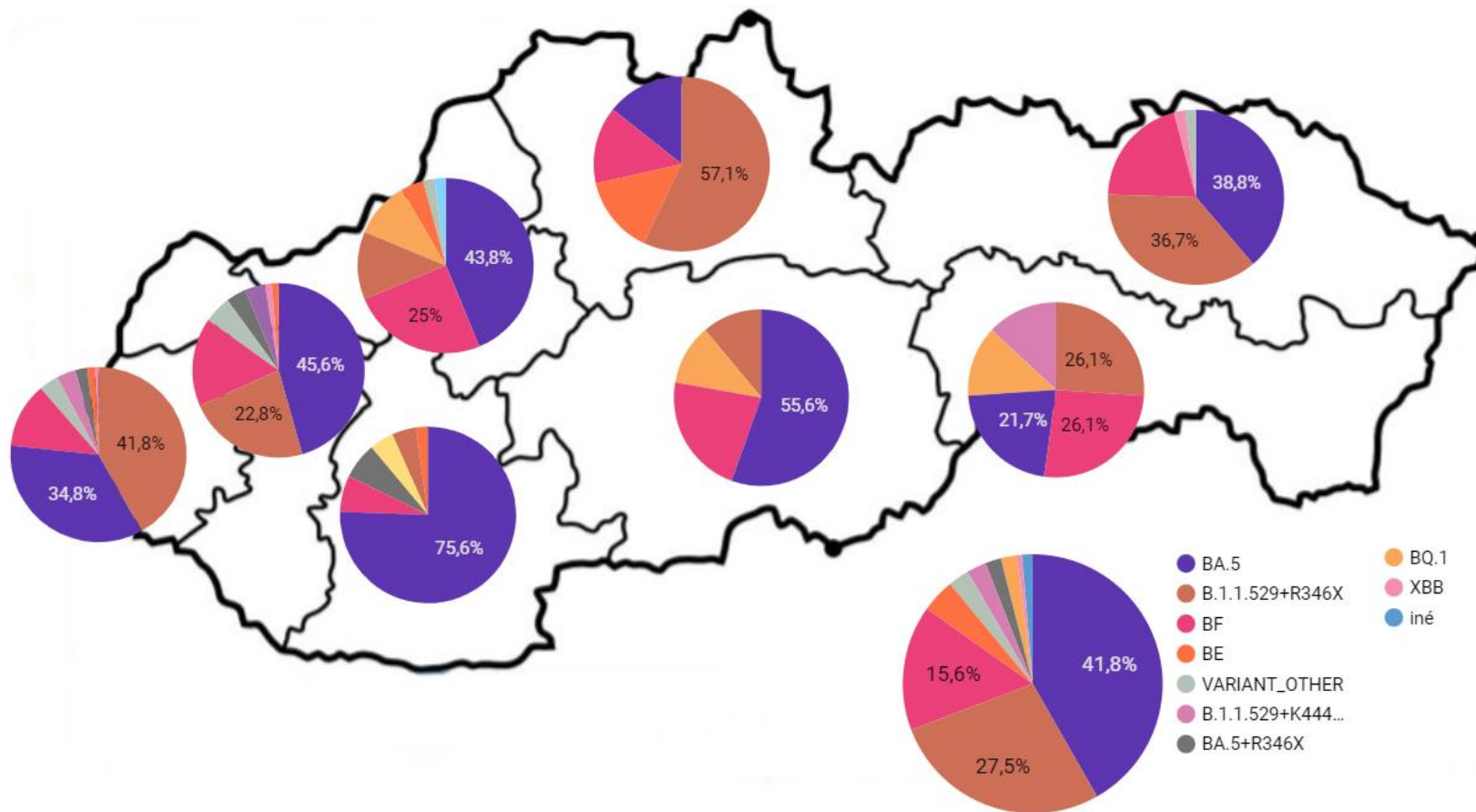


46. týždeň *



Súhrnný prehľad zastúpenia variantov SARS-CoV-2 v SR podľa krajov v 43. – 46. týždni

- z geografického pohľadu je rozšírenie subvariantov v krajoch rozdielne čo je ovplyvnené malým počtom sekvenovaných vzoriek a z toho vyplývajúcou variabilitou ich podielov v rámci územného celku
- subvariant BA.5 má predpokladaný celoslovenský podiel 41,8%
- subvariant Omikronu (B.1.1.529) s mutáciou v proteíne Spike na pozícii 346 bol zastúpený v 27,5% vzoriek

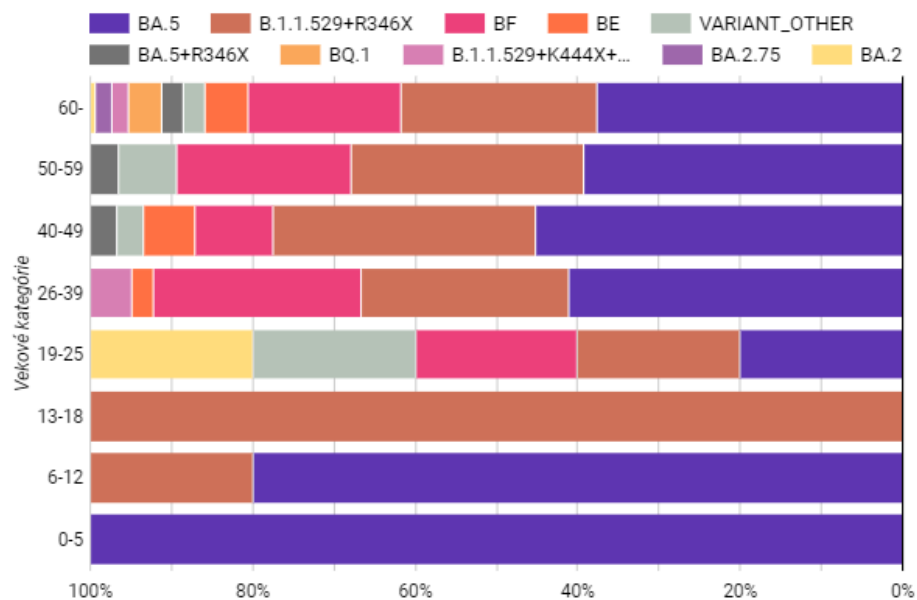


Zastúpenie variantov a subvariantov SARS-CoV-2 v sekvenovaných vzorkách podľa veku a pohlavia

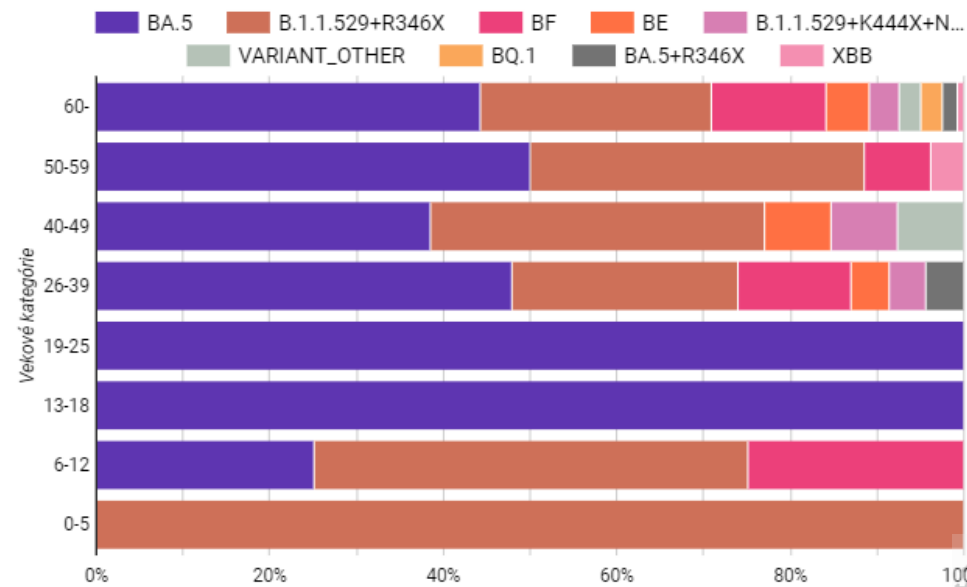
- súbor analyzovaných dát na základe pohlavia: 57,7% izolovaných vzoriek od žien a 42,3% od mužov
- u oboch pohlaví tvorili väčšinu subvarianty BA.5, B.1.1.529+R346X a BF
- najviac vzoriek pochádzalo z populácie vo vekovej kategórii 60+ (ženy n=149; 33% a muži n=120; 26,5%)

Veková kat.	60-	50-59	40-49	26-39	19-25	13-18	6-12	0-5
ženy	149	28	31	39	5	1	5	3
muži	120	26	13	23	1	1	4	3

ŽENY

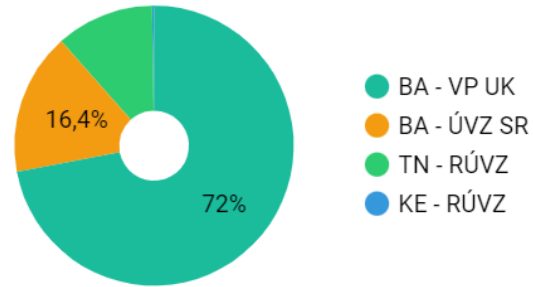


MUŽI

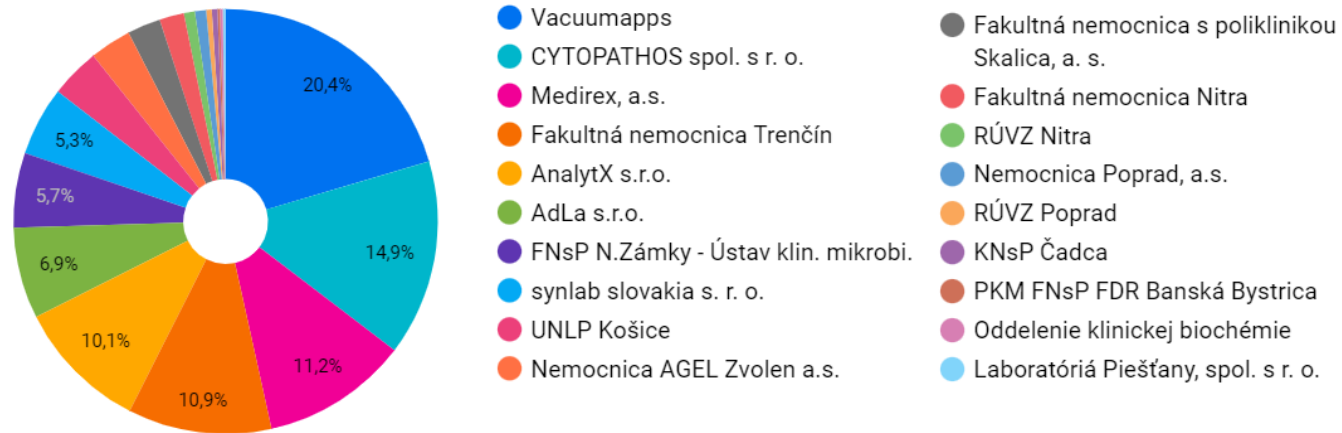


Podiel genomických centier na sekvenovaní SARS-CoV-2 vzoriek v 43. – 46. týždni

- v sledovanom období bolo osekvenovaných: - 72% v Univerzitnom Vedeckom parku UK Bratislava
 - 16,4% v Úrade verejného zdravotníctva Bratislava
 - 11,4% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Trenčín
 - 0,2% v Regionálnom Úrade verejného zdravotníctva Košice



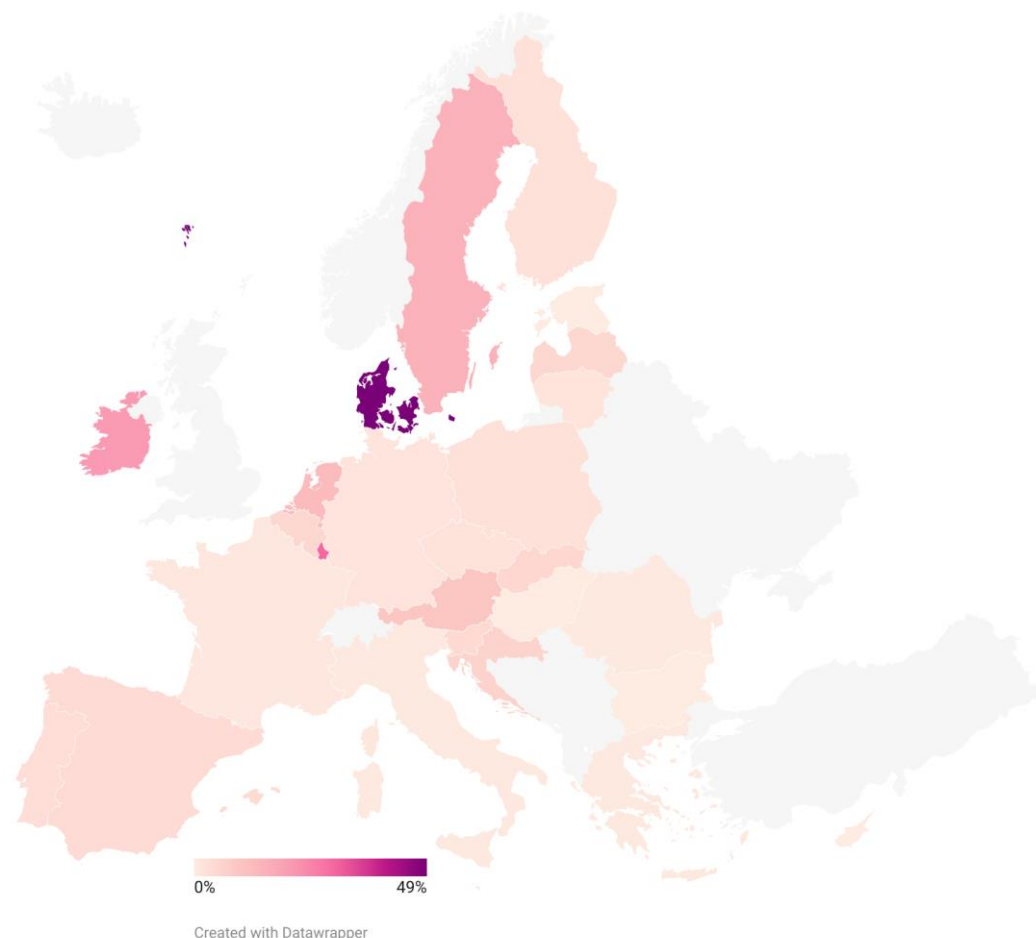
- podiel jednotlivých laboratórií a nemocníc na dodaní pozitívnych vzoriek



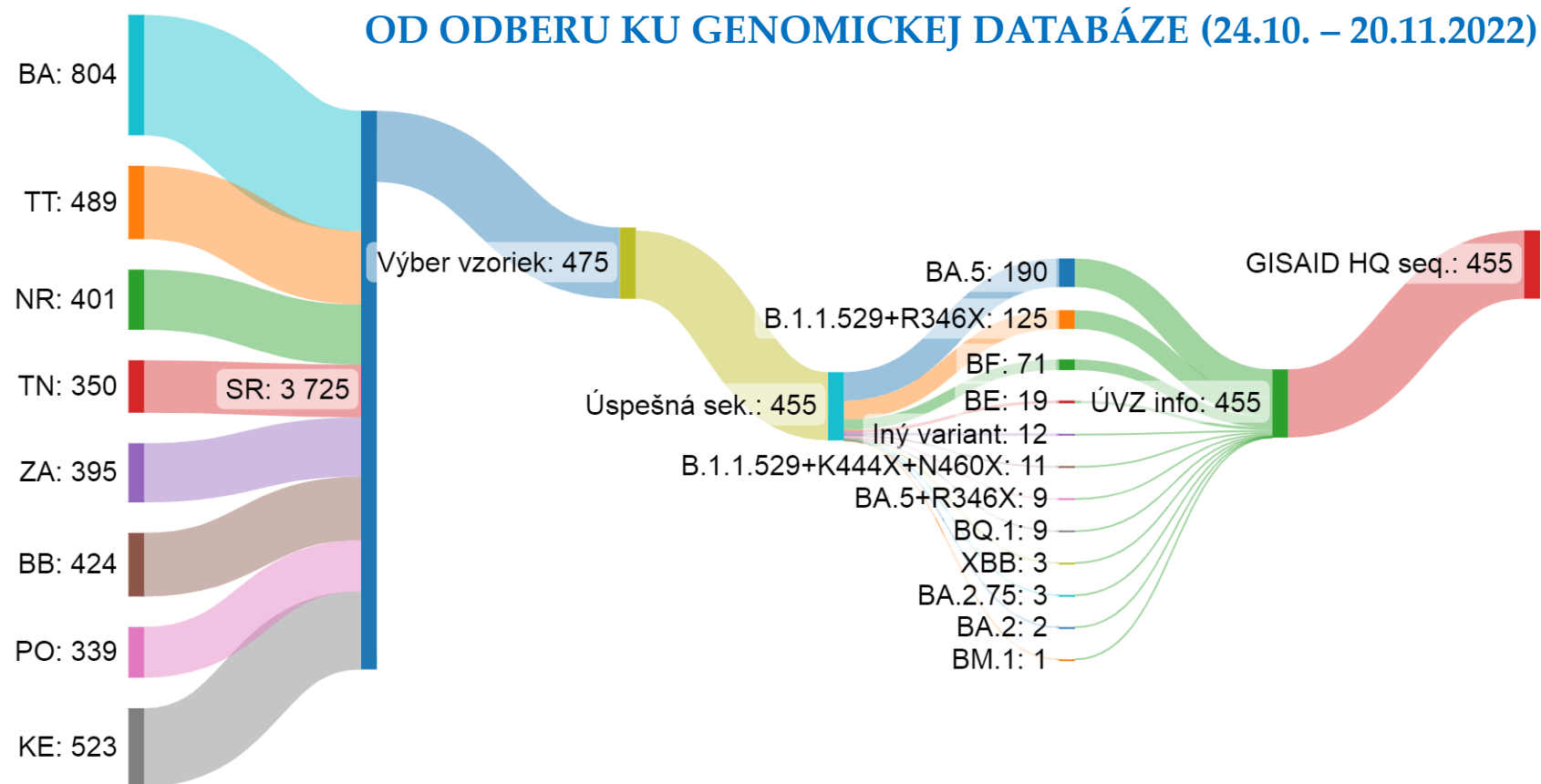
Prehľad pokrytia sekvenovania vírusu SARS-CoV-2 v EÚ za posledných 90 dní (späťne od: 27.01.2023)

- za posledných 90 dní bolo do databázy GISAID uložených 434 vysoko kvalitných sekvencií genómu vírusu
- v Európskej Únii sme na 8. mieste z pohľadu podielu osekvenovaných vzoriek ku všetkým pozitívnym vzorkám
- Slovenská republika je na 2.mieste s 5,1% osekvenovaných pozitívnych vzoriek v rámci susediacich krajín

Country	%	Country	%
Denmark	48.809	Finland	2.687
Luxembourg	29.363	Poland	2.208
Ireland	20.471	Czech Republic	2.078
Sweden	14.645	Lithuania	1.887
Netherlands	12.248	Germany	1.77
Austria	9.243	France	1.033
Croatia	5.966	Greece	0.553
Slovakia	5.096	Romania	0.538
Belgium	4.838	Italy	0.511
Latvia	4.788	Hungary	0.101
Slovenia	4.422	Bulgaria	0
Spain	3.82	Cyprus	0
Portugal	3.332	Estonia	0
		Malta	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.
- 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

