



Maribor, 24. 3. 2022

Sledenje različicam SARS-CoV-2 v Nacionalnem laboratoriju za zdravje, okolje in hrano v sodelovanju s Kliničnim inštitutom za specialno laboratorijsko diagnostiko na Pediatrični kliniki Univerzitetnega kliničnega centra Ljubljana

Poročilo št. 55

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 11. 3. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 34.429 vzorcev, od tega je bilo 8.166 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 6.633 vzorcev iz leta 2022. V tabeli 1 je podan pregled števila analiziranih genomov po tednih v letu 2022.

Tabela 1. Število analiziranih genomov med 2020 in 2022.

Leto	Teden	Število genomov
2020		553
2021		27.243
2022		6.633
	52	133
	1	1.686
	2	1.434
	3	280
	4	421
	5	270
	6	700
	7	449
	8	334
	9	360
	10	566
Skupaj		34.429

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 5. 3. do 11. 3. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 683 vzorcev, 604 vzorce iz sheme A in 79 vzorcev iz sheme C (naročila epidemiologov, reinfekcije iz obdobja 2020 do 2022).

Med 604 vzorci iz sheme A smo dokazali različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2) v 603 vzorcih (99,8 %), v enem vzorcu (0,2 %) smo dokazali različico delta, podlinijo AY.4.2.1 (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji, od 5. 3. do 11. 3. 2022 (shema A).

Različica virusa	Shema A	Shema C*	Skupaj
Omikron	603	2	605
<i>BA.1.1</i>	314	1	315
<i>BA.2</i>	227		227
<i>BA.1</i>	62	1	63
delta	1	47	48
B.1.258.17		10	10
B.1.1.70		6	6
B.1.258		4	4
alfa		4	4
B.1.160		3	3
B.1.1		1	1
B.1.367		1	1
B.1.221		1	1
Skupaj	604	79	683

* Reinfekcije iz obdobja 2020-2022

Preostalih dveh različic s statusom VOC, beta (B.1.351) in gama (P.1), v zadnjem obdobju sekvenciranja nismo potrdili.

C) Prisotnost in razporeditev različic virusa v celotnem letu 2021 in 2022

Med 33.876 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 161 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=4), delta (n=89) in alfa (n=2). Spreminjanje deležev vseh različic virusa SARS-CoV-2, ki krožijo po Sloveniji, je predstavljeno na grafu v prilogi 1.

D) Spremljanje pomembnih različic - analiza tekom celotnega obdobja sekvenciranja

Beta različico (B.1.351; prej imenovano južnoafriška različica, status: VOC) smo do sedaj potrdili pri šestih osebah, tri primere v gorenjski regiji v tednih 8 in 10 ter tri primere v podravski regiji v tednih 8, 11 in 14, leta 2021.

Gama različico (P.1, prej imenovana brazilska različica, in podtip **P.1.1,** status: VOC) smo do sedaj potrdili pri šestih osebah, v 8., 16., 18., 19. in 20. in 22. tednu leta 2021.

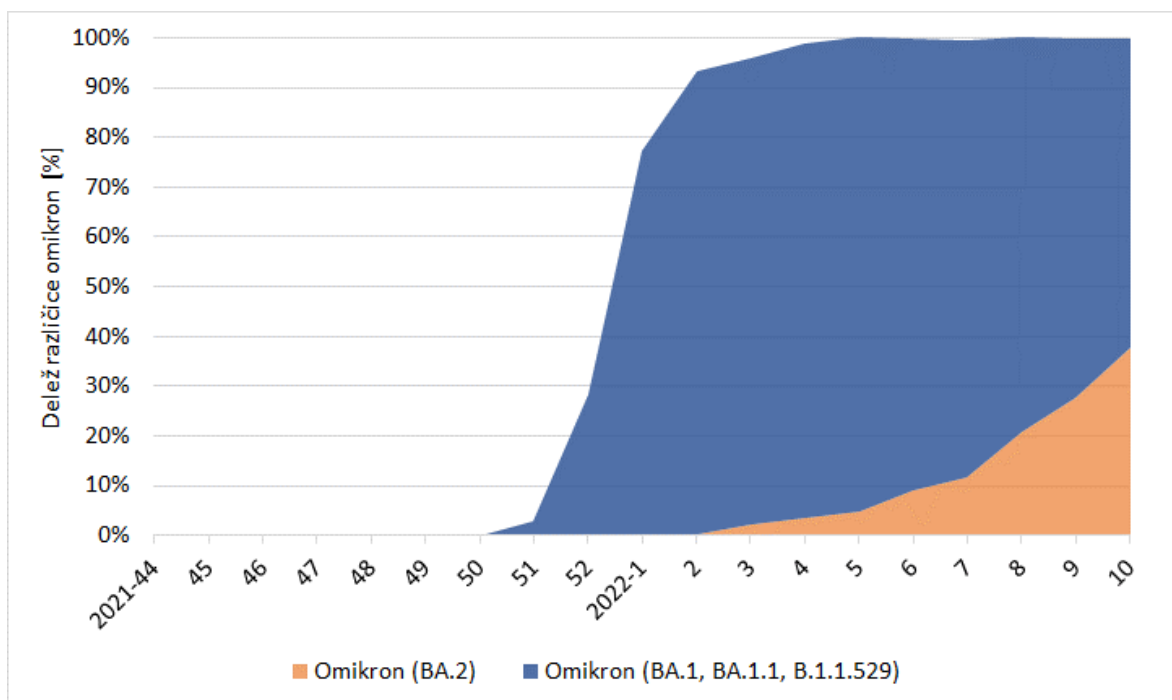
Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129, status: VOC) smo potrdili pri 16.432 osebah.



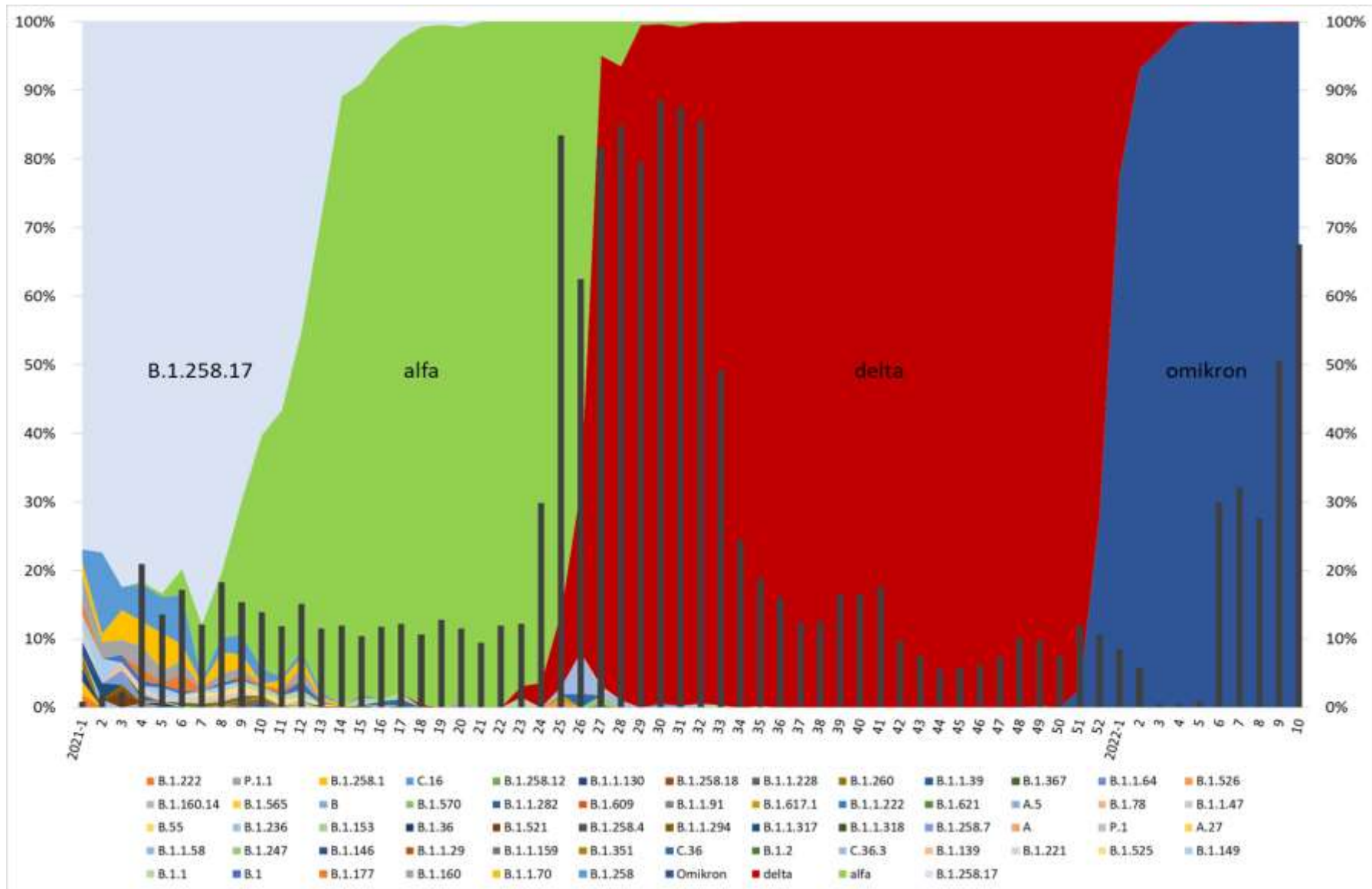
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 7.373 osebah, 605 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 smo do sedaj potrdili pri 541 osebah, 227 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

Naraščanje pojavnosti različice omikron, ter posebej tudi podlinije BA.2, spremljamo na podlagi sheme A, za katero so deležne zastopanosti po tednih prikazane na grafu 1.



Graf 1. Deležna zastopanost različice omikron po tednih.



Priloga 1. Graf prikazuje deležno zastopanost [%] posameznih različnih SARS-CoV-2 po tednih (shema A). S stolpci so prikazani deleži sekvenciranih SARS-CoV-2 PCR pozitivnih vzorcev. *Med 18. 1. in 6. 2. 2022 (tedni 3 do 5) smo sekvencirali v omejenem obsegu, izven definiranih shem, zato rezultati niso nujno reprezentativni.