



Maribor, 28. 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. 56

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 18. 3. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 35.102 vzorcev, od tega je bilo 8.166 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 7.306 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		7.306
	52	133
	1	1.686
	2	1.434
	3	280
	4	421
	5	270
	6	699
	7	449
	8	334
	9	360
	10	640
	11	600
Skupaj		35.102

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 12. 3. do 18. 3. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 674 vzorcev, vsi iz sheme A. V vseh 674 vzorcih smo dokazali različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1, BA.2 in BA.3) (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji, od 12. 3. do 18. 3. 2022 (shema A).

Različica virusa	Shema A
Omikron	674
BA.2	403
BA.1.1	218
BA.1	52
BA.3	1
Skupaj	674

Preostalih treh različic s statusom VOC, delta (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129), 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 34.549 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 162 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=5), 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.

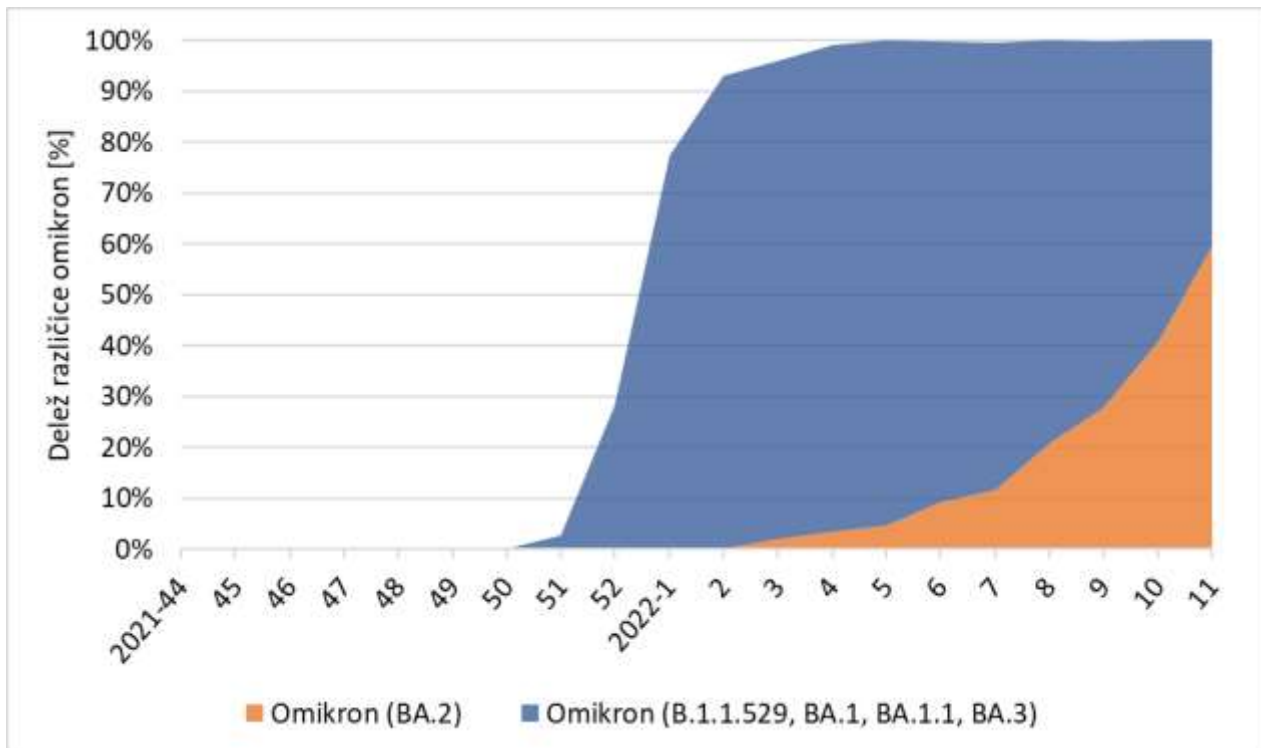
Gama različico (P.1, prej imenovana brazilska različica, in podtip **P.1.1,** status: VOC) smo do sedaj potrdili pri šestih osebah, v 8., 16., 18., 19. in 20. in 22. tednu leta 2021.

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

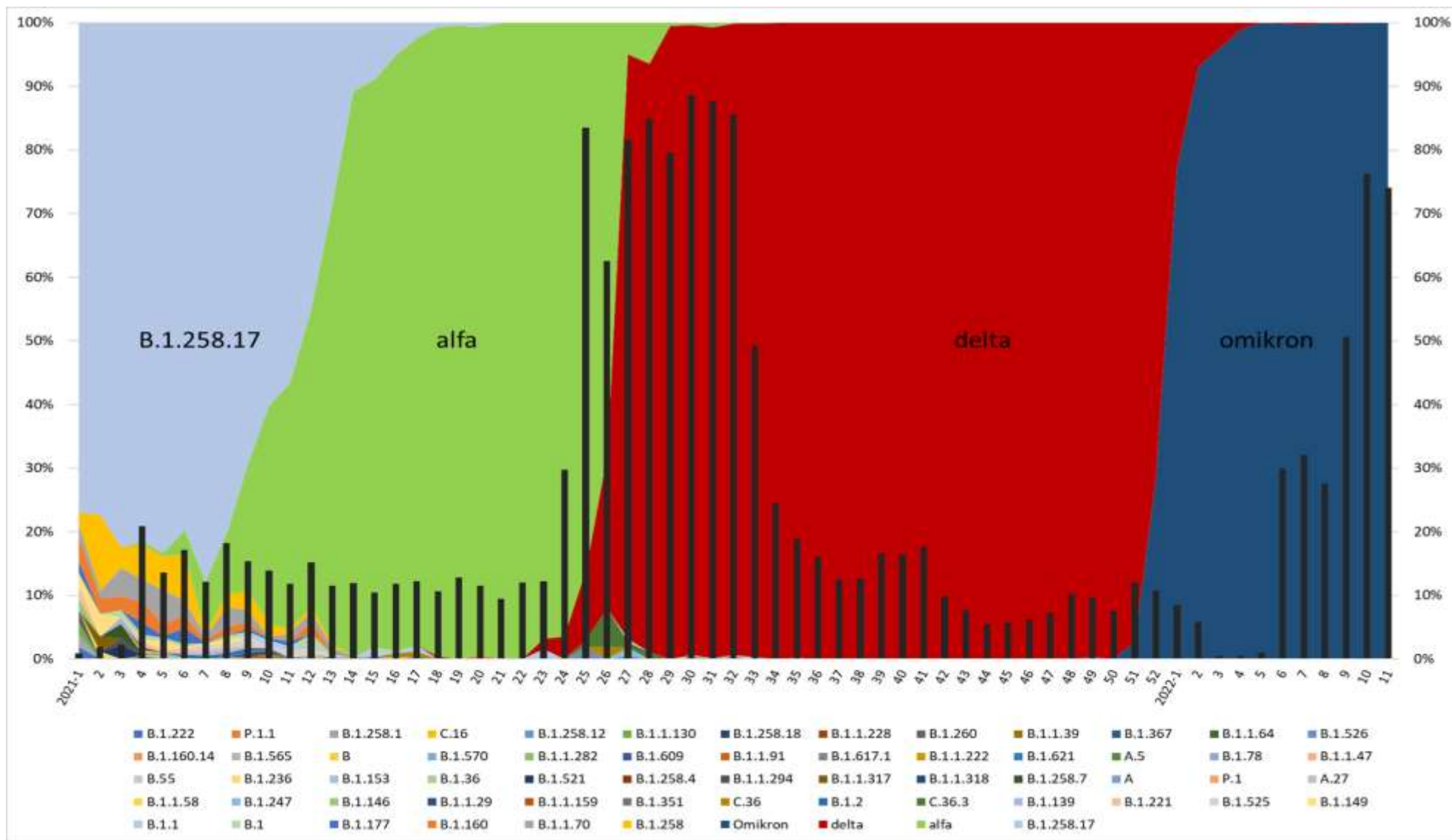
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1, BA.2 in BA.3) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri **8.047** osebah, 674 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 smo do sedaj potrdili pri 944 osebah, 403 nove primere 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 različic 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.