



Maribor, 17. 5. 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. 63

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 6. 5. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 37.872 vzorcev, od tega je bilo 8.509 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 9859 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		557
2021		27.456
2022		9859
	52	138
	1	1686
	2	1525
	3	282
	4	481
	5	308
	6	721
	7	506
	8	385
	9	376
	10	678
	11	656
	12	534
	13	562
	14	322
	15	302
	16	175
	17	143
	18	79
Skupaj		37.872



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 1. 5. do 6. 5. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 87 vzorcev, 86 iz sheme A in enega iz sheme C (naročila epidemiologov). V vseh vzorcih je bila prisotna različica omikron (Tabela 2).

Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji, od 1. 5. do 6. 5. 2022.

Različica virusa	Shema A	Shema C	Skupaj
Omikron	86	1	87
BA.2	68	1	69
BA.2.9	12		12
BA.2.10	3		3
BA.1	1		1
BA.1.1	1		1
BA.2.3	1		1
Skupaj	86	1	87

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 37.315 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 182 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=24), 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.

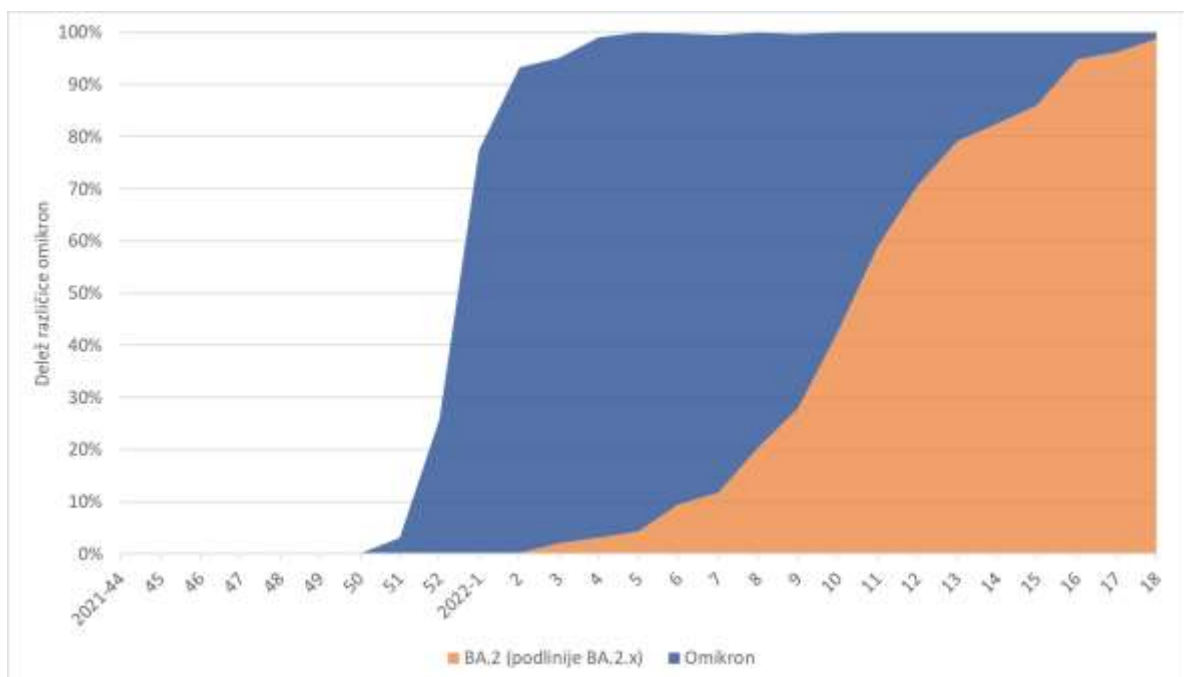


Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129, status: VOC) smo potrdili pri 16.524 osebah.

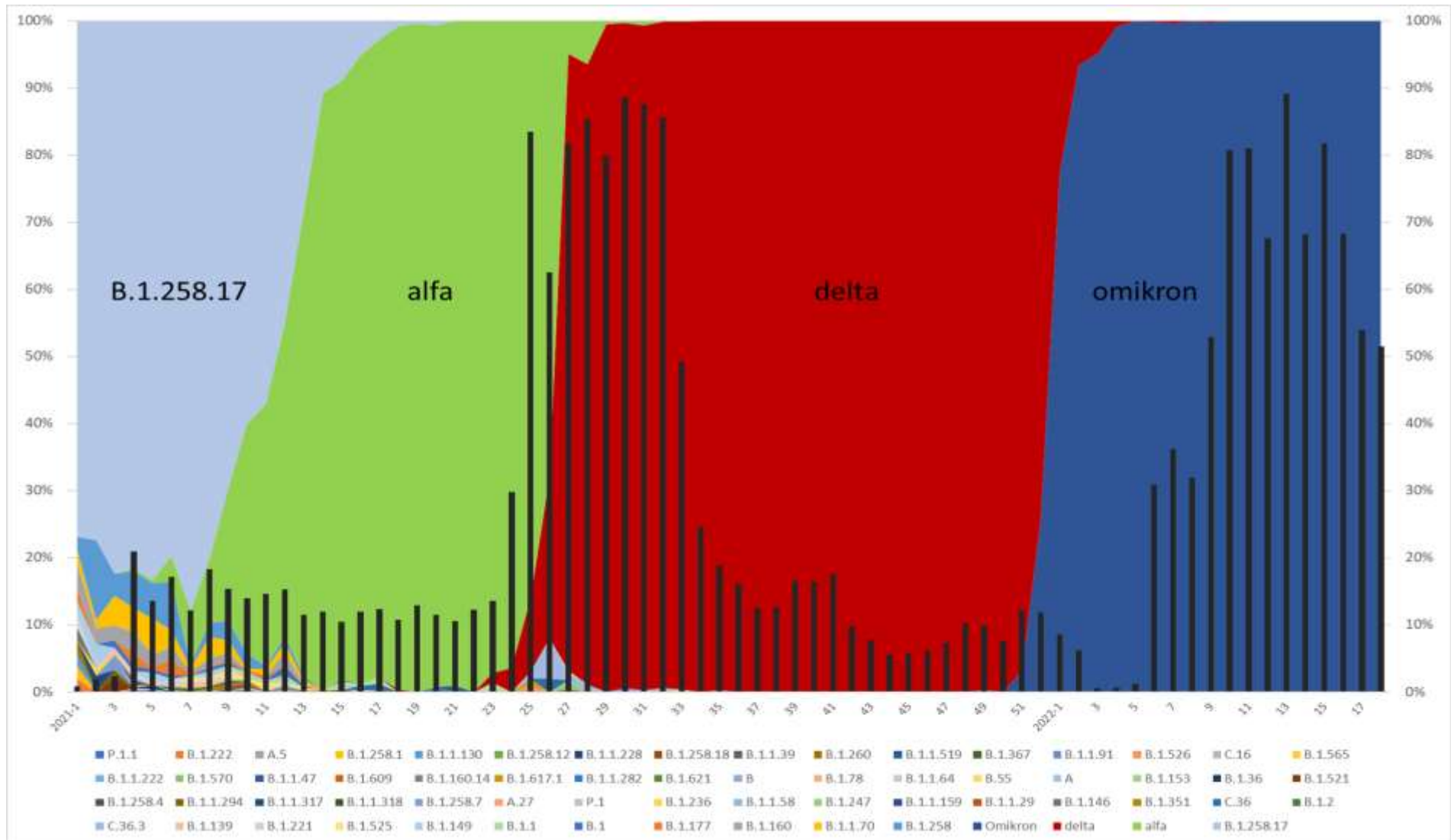
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 10.591 osebah, 87 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 (BA.2, BA.2.1 in BA.2.3, BA.2.9, BA.2.10, BA.2.13, BA.2.18 in BA.2.32) smo do sedaj potrdili pri 2744 osebah, 85 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 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.