



Maribor, 20. 12. 2022

Sledenje različicam SARS-CoV-2 v Nacionalnem laboratoriju za zdravje, okolje in hrano

Poročilo št. 82

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 9. 12. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 44.067 vzorcev. Od tega je bilo 26.204 genomov sekvenciranih v sodelovanju s Kliničnim inštitutom za specialno laboratorijsko diagnostiko na Pediatrični kliniki Univerzitetnega kliničnega centra Ljubljana in 8.509 genomov v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 16.054 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	Leto	Teden	Število genomov
2020		557	2022	24	71
2021		27.456		25	141
2022		16.054		26	194
	52	138		27	241
	1	1686		28	313
	2	1525		29	331
	3	282		30	271
	4	481		31	204
	5	308		32	200
	6	721		33	214
	7	506		34	188
	8	385		35	165
	9	376		36	191
	10	678		37	233
	11	656		38	191
	12	534		39	291
	13	562		40	408
	14	322		41	351
	15	302		42	294
	16	175		43	203
	17	143		44	141
	18	104		45	146
	19	95		46	184
	20	62		47	210
	21	66		48	211
	22	56		49	250
	23	54		Skupaj	44.067



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 25. 11. do 9. 12. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo sekvencirali genomska zaporedja 494 vzorcev, 492 iz sheme A in dva vzorca iz sheme C (naročila epidemiologov). V vseh vzorcih je bila prisotna različica omikron (Tabela 2).

Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v vzorcih odvzetih od 25. 11. do 9. 12. 2022.

Različica	Shema A	Shema C	Skupaj	Različica	Shema A	Shema C	Skupaj
BA.5	316	2	318	BQ.1	144		144
<i>BF.7</i>	117		117	<i>BQ.1.1</i>	61		61
<i>BA.5.1</i>	40		40	<i>BQ.1.1.1</i>	16		16
<i>BF.6</i>	22		22	<i>BQ.1.1.17</i>	14		14
<i>BF.14</i>	19		19	<i>BQ.1.21</i>	8		8
<i>BA.5.9</i>	13		13	<i>BQ.1.1.18</i>	8		8
<i>BA.5.2.1</i>	13		13	<i>BQ.1.18</i>	7		7
<i>BA.5.2</i>	11		11	<i>BQ.1.10.1</i>	4		4
<i>BA.5.1.23</i>	10		10	<i>BQ.1.1.5</i>	4		4
<i>CR.1</i>	7		7	<i>BQ.1</i>	4		4
<i>BF.5</i>	7		7	<i>BQ.1.1.3</i>	3		3
<i>BA.5.2.24</i>	7		7	<i>BQ.1.22</i>	3		3
<i>BE.1.1.2</i>	6		6	<i>BQ.1.1.13</i>	3		3
<i>BA.5.2.6</i>	6		6	<i>BQ.1.10</i>	2		2
<i>BA.5.2.20</i>	5		5	<i>BQ.1.3</i>	1		1
<i>CU.1</i>	4		4	<i>BQ.1.1.27</i>	1		1
<i>BA.5</i>	3		3	<i>BQ.1.23</i>	1		1
<i>BA.5.2.35</i>	3		3	<i>BQ.1.12</i>	1		1
<i>BF.11</i>	1	2	3	<i>BQ.1.8</i>	1		1
<i>CK.1</i>	2		2	<i>BQ.1.15</i>	1		1
<i>BA.5.1.22</i>	2		2	<i>BQ.1.1.7</i>	1		1
<i>CL.1</i>	2		2	BA.2	21		21
<i>BA.5.2.16</i>	2		2	<i>BA.2.3.20</i>	15		15
<i>BA.5.2.34</i>	2		2	<i>CM.2</i>	5		5
<i>BA.5.1.2</i>	2		2	<i>BA.2</i>	1		1
<i>BE.1.1</i>	1		1	BA.2.75	8		8
<i>BA.5.1.5</i>	1		1	<i>CA.7</i>	3		3
<i>BA.5.2.33</i>	1		1	<i>BN.1.5</i>	3		3
<i>BE.4.1.1</i>	1		1	<i>CH.1.1</i>	1		1
<i>CK.2.1.1</i>	1		1	<i>BN.1.3</i>	1		1
<i>BF.7.1</i>	1		1	XAY	2		2
<i>BA.5.1.3</i>	1		1	<i>XAY.1</i>	2		2
<i>BF.8</i>	1		1	XBB	1		1
<i>BA.5.11</i>	1		1	<i>XBB.3</i>	1		1
<i>BV.1</i>	1		1	Skupaj	492	2	494



C) Prisotnost in razporeditev različic virusa v celotnem letu 2022

Med 16.054 vzorci iz leta 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 220 različic (pangolinij) virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=184) in delta (n=36).

D) Spremljanje pomembnih različic - analiza tekom celotnega obdobja sekvenciranja

Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.x.) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 16.786 osebah (vse sheme).

Podlinijo BA.1 (BA.1.x) smo do sedaj potrdili pri 7518 osebah.

Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3220 osebah, 29 novih primerov poročamo v tej seriji.

Podlinijo BA.2.75 (VOI) in njene hčerinske linije smo do sedaj potrdili pri 25 osebah. Osem novih primerov poročamo v tej seriji.

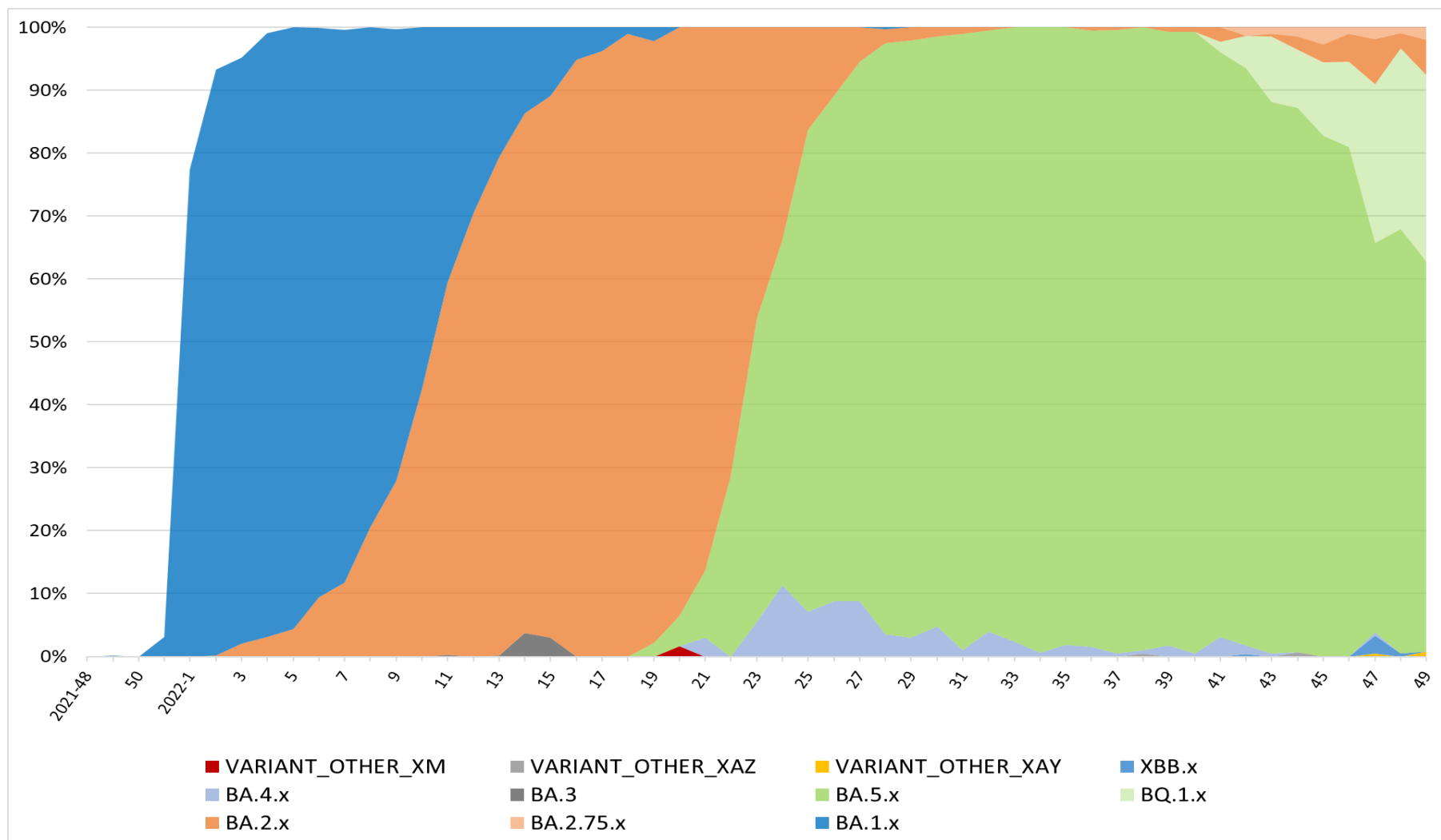
Podlinijo BA.3 smo skupaj potrdili pri 24 osebah.

Podlinijo BA.4 (BA.4.x) (VOC) smo potrdili pri 143 osebah.

Podlinijo BA.5 (BA.5.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 5574 osebah, 462 novih primerov poročamo v tej seriji.

Podlinijo BQ.1 (VOI) in njene hčerinske linije smo potrdili pri 284 osebah, 144 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

Naraščanje pojavnosti podlinij različice omikron spremljamo na podlagi sheme A, za katero so deležne zastopanosti po tednih prikazane na grafu 1.



Graf 1. Deležna zastopanost podrazličic omikrona po tednih. Zraven glavnih podrazličic omikrona sta posebej izpostavljeni BQ.1 in njene podlinije (hčerinska linija BA.5) in BA.2.75 s podlinijami (hčerinska linija BA.2) katerih deleži v zadnjih tednih naraščajo in jih je ECDC uvrstil med različice, ki jih podrobneje spremljamo (VOI, »variant of interest«; <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).