

Maribor, 20. 10. 2021

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. 36

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 10. 10. 2021 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 16.054 vzorcev, od tega je bilo 2816 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 15.843 vzorcev iz leta 2021. V tabeli 1 je podan pregled števila analiziranih vzorcev po tednih v letu 2021.

Tabela 1. Število vzorcev analiziranih po tednih v letih 2020 in 2021.

Leto	Teden	Število genomov	Leto	Teden	Število genomov
2020	12-53	211		21	152
2021		15.843		22	153
	1	53		23	96
	2	85		24	103
	3	94		25	101
	4	778		26	51
	5	427		27	222
	6	427		28	186
	7	381		29	198
	8	592		30	312
	9	556		31	421
	10	514		32	636
	11	591		33	674
	12	727		34	504
	13	591		35	574
	14	569		36	609
	15	447		37	546
	16	507		38	370
	17	450		39	539
	18	351		40	296
	19	295		Unk	496
	20	169			



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 4. 10. do 10. 10. 2021

V zadnjem obdobju, od 4. 10. do 10. 10. 2021, smo uspešno sekvencirali 368 vzorcev, 345 iz sheme A, 15 vzorcev iz sheme C (naročilo epidemiologov) ter 8 vzorcev iz sheme D (bolniki na intenzivni negi).

V vzorcih iz sheme A smo potrdili samo delta različico virusa SARS-CoV-2 (B.1.617.2 ter njene podlinije AY.4 do AY.37; n = 345; 100 %) (Tabela 2).

Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji sekvenciranja, od 4. 10. do 10. 10. 2021.

Različica	Shema A	Shema C	Shema D	Skupaj
delta	345	13	8	366
B.1.617.2	217	6	4	227
AY.4	95	5	2	102
AY.7.2	10			10
AY.9	7		1	8
AY.5	4	1	1	6
AY.23	4			4
AY.33	2	1		3
AY.34	3			3
AY.26	2			2
AY.14	1			1
A		1		1
B.1.258.17		1		1
Skupaj	345	15	8	368

AY.4-AY.37 so podlinije različice B.1.617.2 (delta). Te predstavljajo ločene klastre, ki sicer omogočajo zelo natančno sledenje različic virusa, vendar ne pomenijo nujno, da so biološko različne od B.1.617.2. Pangolin označuje linije samo s 4 mestno kodo. AY.4 tako predstavlja podlinijo delta različice B.1.617.2.4, AY.5 je B.1.617.2.5, itd. Q.1 do Q.8 so podlinije različice B.1.1.7 (alfa).

Preostalih dveh različic s statusom VOC, beta (B.1.351) in gama (P.1), v obdobju od 4. 10. do 10. 10. 2021 nismo potrdili.

Različico alfa (B.1.1.7 in njene podlinije Q.1 do Q.8) je ECDC umaknil iz seznama VOC (zaradi drastičnega upada števila potrjenih primerov okužbe s to različico v EU/EEA prostoru; <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).



C) Prisotnost in razporeditev različic virusa v celotnem letu 2021

Med 15.843 vzorci iz leta 2021 (iz vseh shem) smo zaznali 86 različic virusa SARS-CoV-2. Različice so prikazane v tabeli 3. Spreminjanje deležev vseh različic virusa SARS-CoV-2, ki krožijo po Sloveniji, je predstavljeno na grafu v prilogi 1.

Tabela 3. Različice virusa SARS-CoV-2 v Sloveniji v obdobju od 1. 1. 2021 do 10. 10. 2021. Predstavljene so različice iz vseh štirih shem, A, B, C in D ter vzorci, ki so jih analizirali na KISLD ter ECDC. Različice, ki se jih zaradi vsebnosti kritičnih mutacij podrobneje spremlja so opisane v poglavju D.

Različica	Število	Različica	Število	Različica	Število
delta	6072	B.1.1	41	B.1.160.14	1
B.1.617.2	3296	B.1.149	29	B.1.1.135	1
AY.4	1876	B.1.525	25	B.1.258.1	1
AY.12	382	B.1.221	18	B.1.621	1
AY.9	180	C.36.3	11	B.1.617.1	1
AY.7.2	102	B.1.139	10	B.1.1.161	1
AY.5	80	B.1.2	9	B.1.1.91	1
AY.23	32	C.36	7	B.1.1.117	1
AY.10	27	B.1.351	6	B.1.367	1
AY.7.1	20	B.1.526	5	B.1.258.18	1
AY.7	16	B.1.1.29	4	B.1.1.64	1
AY.14	11	B.1.146	4	B.1.1.282	1
AY.3	10	B.1.1.159	4	B.1.609	1
AY.6	9	A	4	B.1.1.222	1
AY.26	9	B.1.1.318	4	B.1.1.47	1
AY.20	8	P.1	4	C.16	1
AY.33	7	B.1.1.58	3	B.1.1.419	1
AY.34	3	B.1.247	3	B.1.1.130	1
AY.25	2	B.1.36	2	B.1.1.39	1
AY.37	1	A.27	2	B.55	1
AY.11	1	B.1.521	2	B.1.222	1
alfa	5111	B.1.236	2	B	1
B.1.1.7	5110	B.1.153	2	B.1.570	1
Q.1	1	B.1.565	2	A.5	1
B.1.258.17	3910	B.1.258.4	2	B.1.260	1
B.1.258	192	B.1.258.7	2	B.1.258.12	1
B.1.1.70	139	B.1.1.294	2	B.1.177.50	1
B.1.160	87	B.1.1.317	2	B.1.177.31	1
B.1.177	47	P.1.1	2		
B.1	43	B.1.1.228	1		

Zaradi zamika pri sekvenciranju, dobimo rezultate za nekatere vzorcev s približno 1-2 tedenskim zamikom. Te pripišemo samo k skupni vsoti, zato ta ni nujno enaka seštevk skupne vsote predzadnjega poročila in serije, ki jo poročamo v aktualnem poročilu.

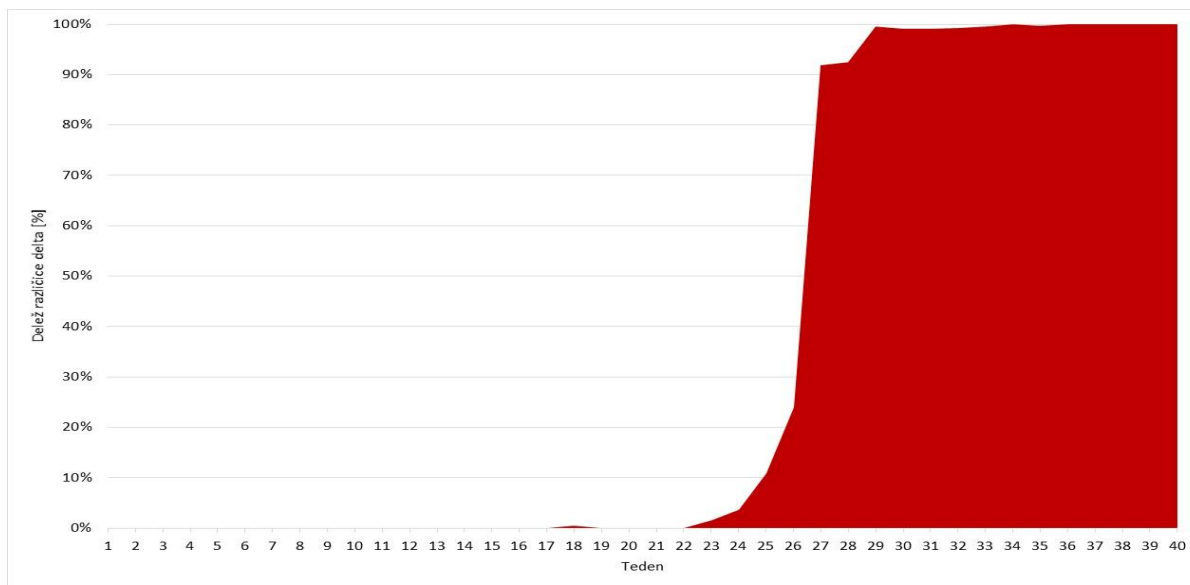
D) Spremljanje pomembnih razlik - analiza tekom celotnega obdobja sekvenciranja

Alfa različico (B.1.1.7 in njene podlinije Q.1 do Q.8, imenovana tudi **angleška različica**, status VOC; ECDC je različico umaknil iz seznama VOC) smo do sedaj zaznali v 5.111 vzorcih.

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.

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.

Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.37, status: VOC) smo potrdili pri 6072 osebah, 366 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja. Te vrednosti se nanašajo na vse vzorčne sheme, A, B, C in D. Naraščanje pojavnosti indijske različice spremljamo na podlagi sheme A, za katero so deležne zastopanosti po tednih prikazane na grafu 1. Na grafu v prilogi 2 je prikazana zastopanost posameznih pango-linij znotraj različice delta.



Graf 1. Deležna zastopanost različice delta (B.1.617.2 in pod-linij AY.4-AY.37) po tednih.
Samo shema A.

Kapa različico (B.1.617.1, status: VUI; ECDC umaknil iz seznama VUI) smo do sedaj potrdili pri eni osebi.

Eta različico (B.1.525, tudi nigerijska različica, status: VUI; ECDC umaknil iz seznama VUI) smo do sedaj potrdili pri 25 osebah iz 5 različnih regij, največ iz gorenjske regije.

Različico **B.1.1.318** (status: VUI) smo do sedaj zaznali v štirih primerih, vsi iz jugovzhodne regije.

Jota različico (B.1.526, tudi newyorška različica, status: monitoring/VUM; ECDC umaknil iz seznama VUM), smo potrdili pri petih osebah.

C.36.3 (status: VUI), pretežno evropska linija. Do sedaj smo potrdili 11 primerov, večina (n=10) primerov je iz obalno-kraške regije, en primer je iz gorenjske statistične regije.

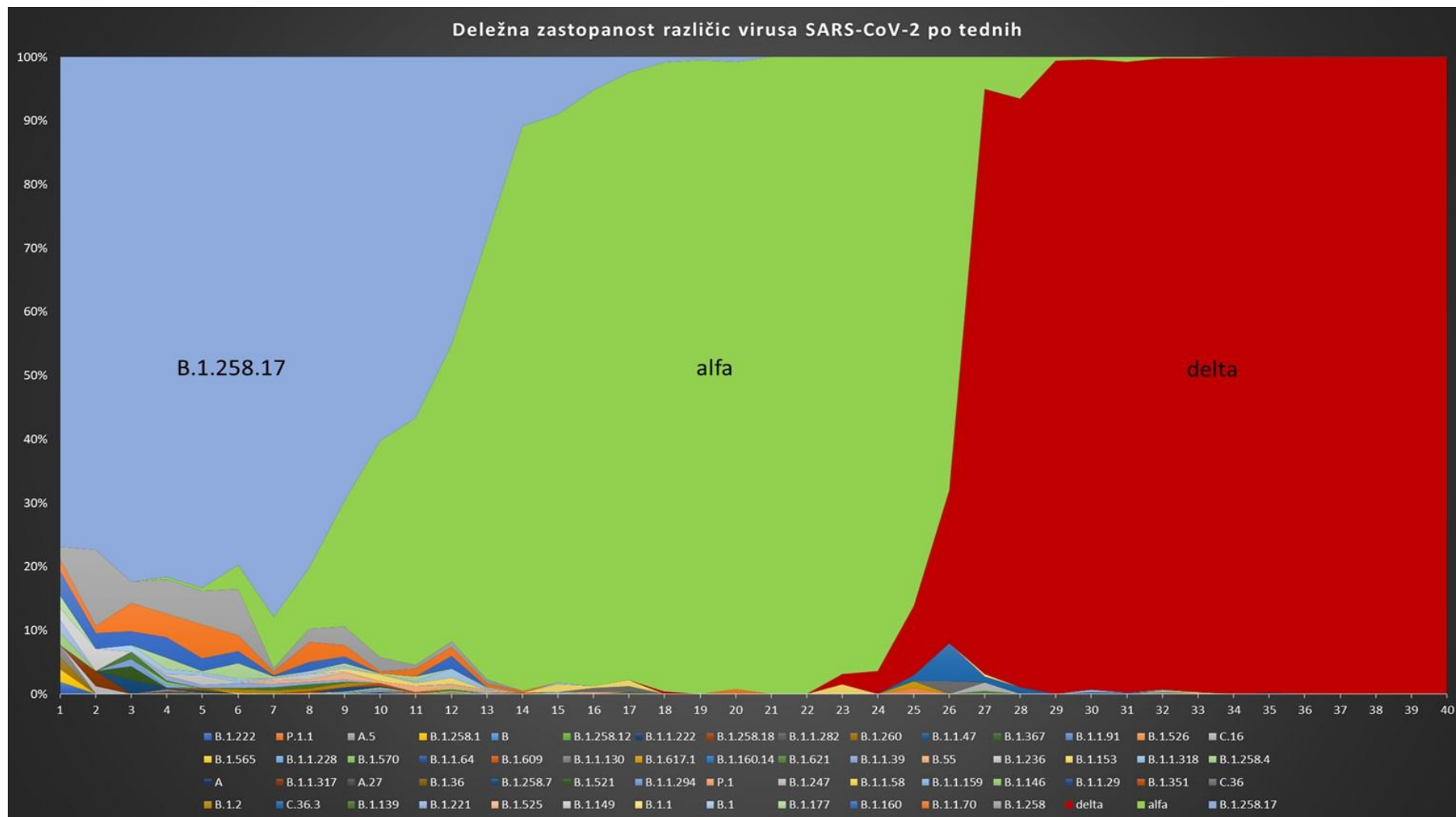
Različica mu (B.1.621, status: VUI) različica prvič potrjena januarja 2021 v Kolumbiji. Do sedaj smo potrdili en primer te različice, v savinjski regiji.

E) Različice virusa SARS-Cov-2 pri bolnikih, ki se zdravijo na enotah intenzivne terapije

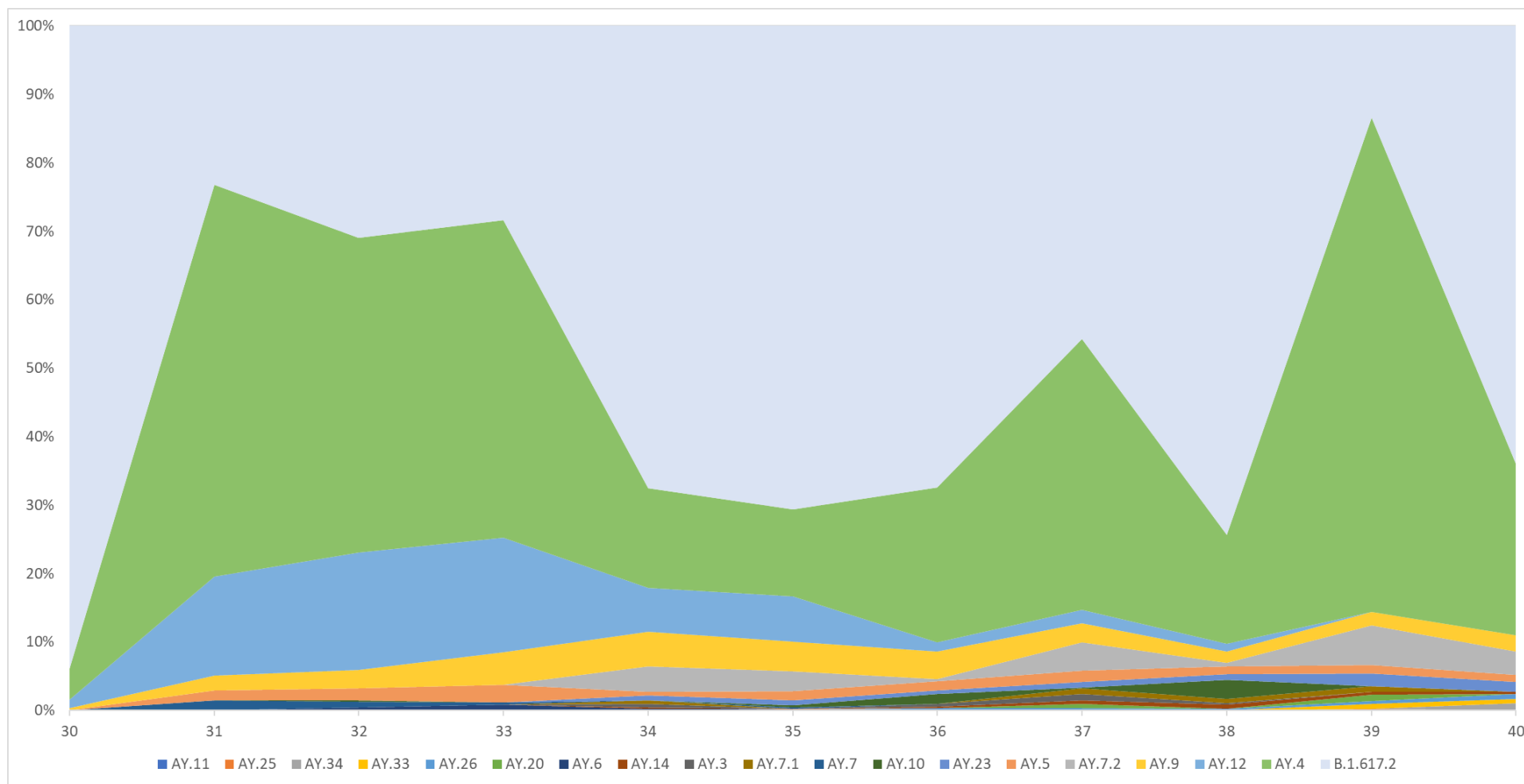
V sekvenciranje smo do sedaj vključili 312 vzorcev bolnikov, ki se zdravijo na enotah intenzivne terapije EIT. Različice virusa, ki smo jih potrdili, so prikazane v tabeli 4.

Tabela 4. Različice virusa SARS-CoV-2 pri bolnikih iz EIT

Različica virusa	Število
alfa	207
B.1.258.17	51
delta	20
AY.4	10
B.1.617.2	6
AY.7.1	2
AY.5	1
AY.9	1
B.1.1.70	11
B.1.258	9
B.1.1	6
A	2
B.1.149	2
B.1.221	1
B.1.1.161	1
B.1.351	1
Skupaj	311



Priloga 1. Graf prikazuje deležno zastopanost [%] posameznih različic SARS-CoV-2 po tednih (shema A).



Priloga 2. Graf prikazuje deležno zastopanost [%] posameznih podlinij različice delta, od tedna 30 naprej (shema A).