



Maribor, 26. 1. 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. 50

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 15. 1. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 29.736 vzorcev, od tega je bilo 6.919 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 2.155 vzorcev iz leta 2022. V tabeli 1 je podan pregled števila analiziranih vzorcev po tednih v letu 2021 in 2022.

Tabela 1. Število analiziranih genomov med 2020 in 2022.

Leto	Teden	Število genomov
2020		534
2021		27.047
2022		2.155
	52	123
	1	1.439
	2	593
Skupaj		29.736

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 8. 1. do 15. 1. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 1.059 vzorcev, 870 vzorcev iz sheme A, 123 vzorcev iz sheme B (pozitivni na presejalnem PCR testu) in 66 vzorcev iz sheme C (naročila epidemiologov, reinfekcije). V vzorcih iz sheme A smo dokazali 2 različici virusa SARS-CoV-2, različico omikron (B.1.1.529 ter podliniji BA.1 in BA.2; n = 789, 90,7 %) ter različico delta (B.1.617.2 ter njene podlinije AY; n = 81, 9,3 %) (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji sekvenciranja, od 8. 1. do 15. 1. 2022.

Različica virusa	Shema A	Shema B	Shema C	Skupaj
Omikron	789	103	27	919
<i>BA.1</i>	787	103	27	917
<i>BA.2</i>	1			1
<i>B.1.1.529</i>	1			1
Delta	81	20	34	135
<i>AY.43</i>	34	8	13	55
<i>AY.122</i>	5	5	6	16
<i>AY.4</i>	10		2	12
<i>AY.46.6</i>	5	2	2	9
<i>AY.129</i>	6		1	7
<i>AY.98</i>	1		4	5
<i>B.1.617.2</i>	1	1	3	5
<i>AY.121</i>	3	1	1	5
<i>AY.9.2</i>	1	2	1	4
<i>AY.42</i>	4			4
<i>AY.33</i>	2			2
<i>AY.41</i>	2			2
<i>AY.98.1</i>	1			1
<i>AY.4.9</i>	1			1
<i>AY.125</i>	1			1
<i>AY.43.4</i>	1			1
<i>AY.103</i>	1			1
<i>AY.4.3</i>		1		1
<i>AY.34</i>	1			1
<i>AY.59</i>	1			1
<i>AY.70</i>			1	1
B.1.258.17			4	4
B.1.1			1	1
Skupaj	870	123	66	1059

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 29.202 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 157 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=3), delta (n=85) in alfa (n=2). Spreminjanje deležev vseh različic virusa SARS-CoV-2, ki krožijo po Sloveniji, je predstavljeno na grafu v prilogi 2.



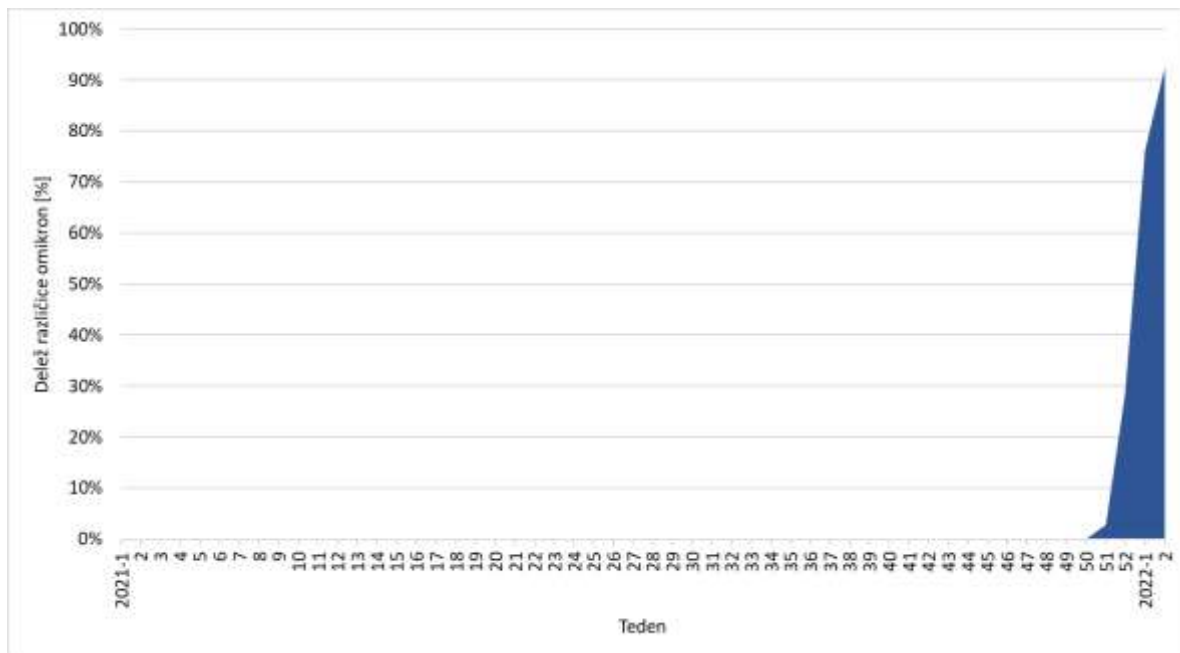
D) Spremljanje pomembnih različic - analiza tekom celotnega obdobja sekvenciranja

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.127, status: VOC) smo potrdili pri 16.246 osebah, 135 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja. Te vrednosti se nanašajo na vse vzorčne sheme, A, B, C in D.

Različico omikron (B.1.1.529 ter podliniji BA.1 in BA.2) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 2.903 osebah, 919 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (sheme, A, B, C in D). Naraščanje pojavnosti različice omikron spremljamo na podlagi sheme A, za katero so deležne zastopanosti po tednih prikazane na grafu 1.



Graf 1. Deležna zastopanost različice omikron po tednih.
Samo shema A



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