



Maribor, 21. 2. 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. 51

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 12. 2. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 32.427 vzorcev, od tega je bilo 7.964 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 4.711 vzorcev iz leta 2022. V tabeli 1 je podan pregled števila analiziranih vzorcev po tednih v letu 2022.

Tabela 1. Število analiziranih genomov med 2020 in 2022.

Leto	Teden	Število genomov
2020		536
2021		27.180
2022		4.711
	52	132
	1	1.679
	2	1.433
	3	276
	4	418
	5	228
	6	545
Skupaj		23.427

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 7. 2. do 12. 2. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 706 vzorcev, 546 vzorcev iz sheme A, 143 vzorcev iz sheme C (naročila epidemiologov, reinfekcije) ter 17 vzorcev iz sheme D (bolniki na enoti intenzivne terapije, EIT/OIIM).

Med 546 vzorci iz sheme A smo dokazali 2 različici virusa SARS-CoV-2, različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2; n = 545, 99,8 %) ter različico delta (B.1.617.2 ter njene podlinije AY; n = 1, 0,2 %) (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji sekvenciranja, od 7. 2. do 12. 2. 2022.

Različica virusa	Shema A	Shema C	Shema D	Skupaj
omikron	545	104	16	665
BA.1.1	387	64	13	464
BA.1	114	38	2	154
BA.2	44	2	1	47
delta	1	39	1	41
AY.43		11		11
AY.122	1	6		7
AY.4		7		7
AY.98		4	1	5
AY.126		3		3
AY.42		2		2
AY.46.6		1		1
AY.43.3		1		1
AY.129		1		1
AY.70		1		1
AY.112		1		1
AY.41		1		1
Skupaj	546	143	17	706

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 31.891 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 160 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=4), delta (n=87) 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 podravske regiji v tednih 8, 11 in 14, leta 2021.



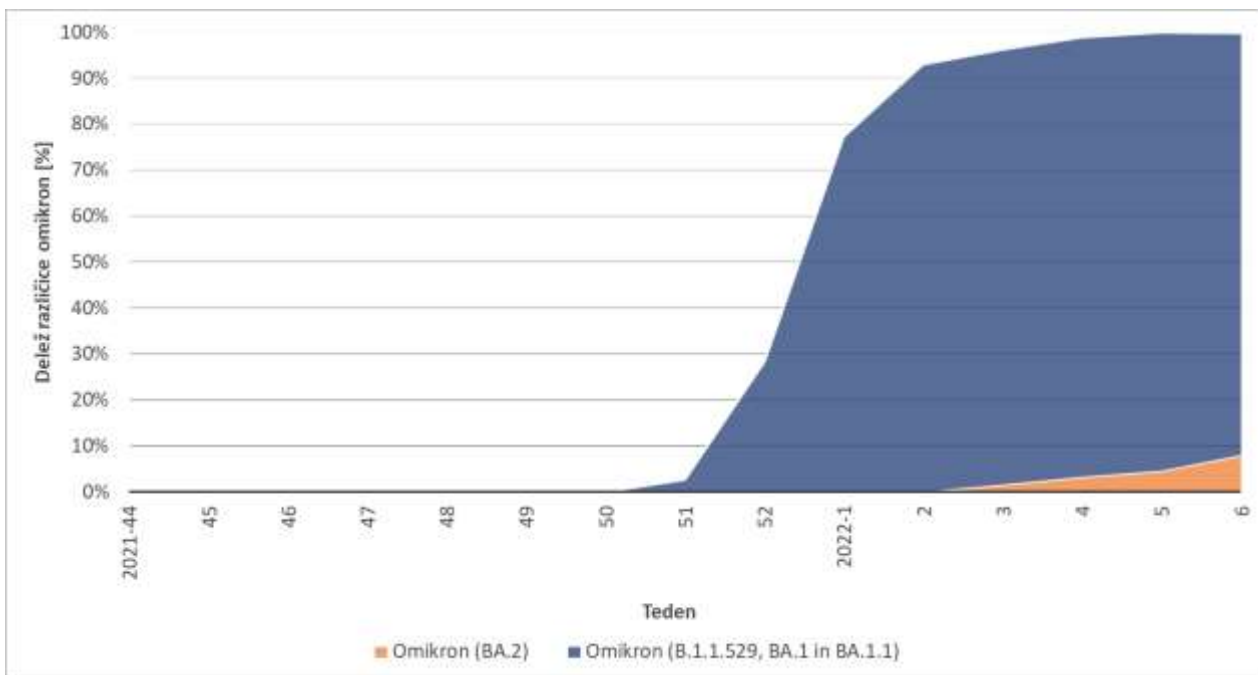
Gama različico (P.1, prej imenovana brazilska različica, in podtip **P.1.1**, status: VOC) smo do sedaj potrdili pri šestih osebah, v 8., 16., 18., 19. in 20. tednu leta 2021.

Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.127, status: VOC) smo potrdili pri 16.376 osebah.

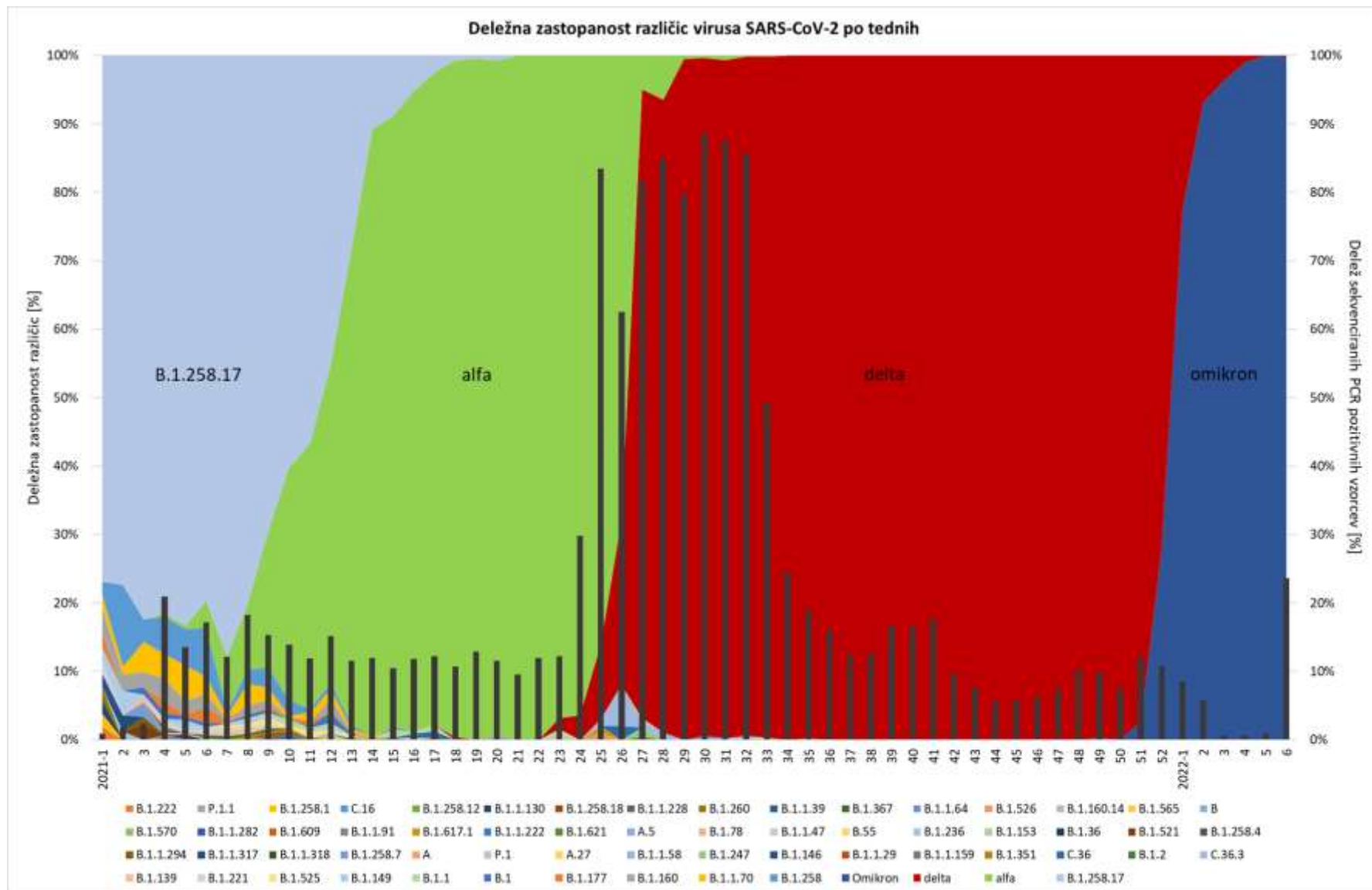
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 5.458 osebah, 665 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 smo do sedaj potrdili pri 81 osebah, 47 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

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.



Priloga 1. Graf prikazuje deležno zastopnost [%] 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.