



Maribor, 7. 3. 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. 53**

**A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov**

Od 1. 1. 2021 do 25. 2. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 33.173 vzorcev, od tega je bilo 7.964 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 5.455 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.**

<b>Leto</b>	<b>Teden</b>	<b>Število genomov</b>
<b>2020</b>		<b>536</b>
<b>2021</b>		<b>27.182</b>
<b>2022</b>		<b>5.455</b>
	52	133
	1	1.683
	2	1.434
	3	277
	4	420
	5	229
	6	620
	7	409
	8	250
<b>Skupaj</b>		<b>33.173</b>

**B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 19. 2. do 25. 2. 2022**

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 309 vzorcev, 294 vzorcev iz sheme A, 10 vzorcev iz sheme C (naročila epidemiologov, reinfekcije) ter 5 vzorcev iz sheme D (bolniki na enoti intenzivne terapije, EIT/OIIM).

Med 294 vzorcih iz sheme A smo dokazali samo različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2) (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji sekvenciranja, od 19. 2. do 25. 2. 2022.

Različica virusa	Shema A	Shema C	Shema D	Skupaj
<b>Omikron</b>	<b>294</b>	<b>7</b>	<b>5</b>	<b>306</b>
BA.1.1	184	2	3	189
BA.2	57	3		60
BA.1	53	2	2	57
<b>delta</b>		<b>3</b>		<b>3</b>
<b>skupaj</b>	<b>294</b>	<b>10</b>	<b>5</b>	<b>309</b>

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 32.637 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 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.

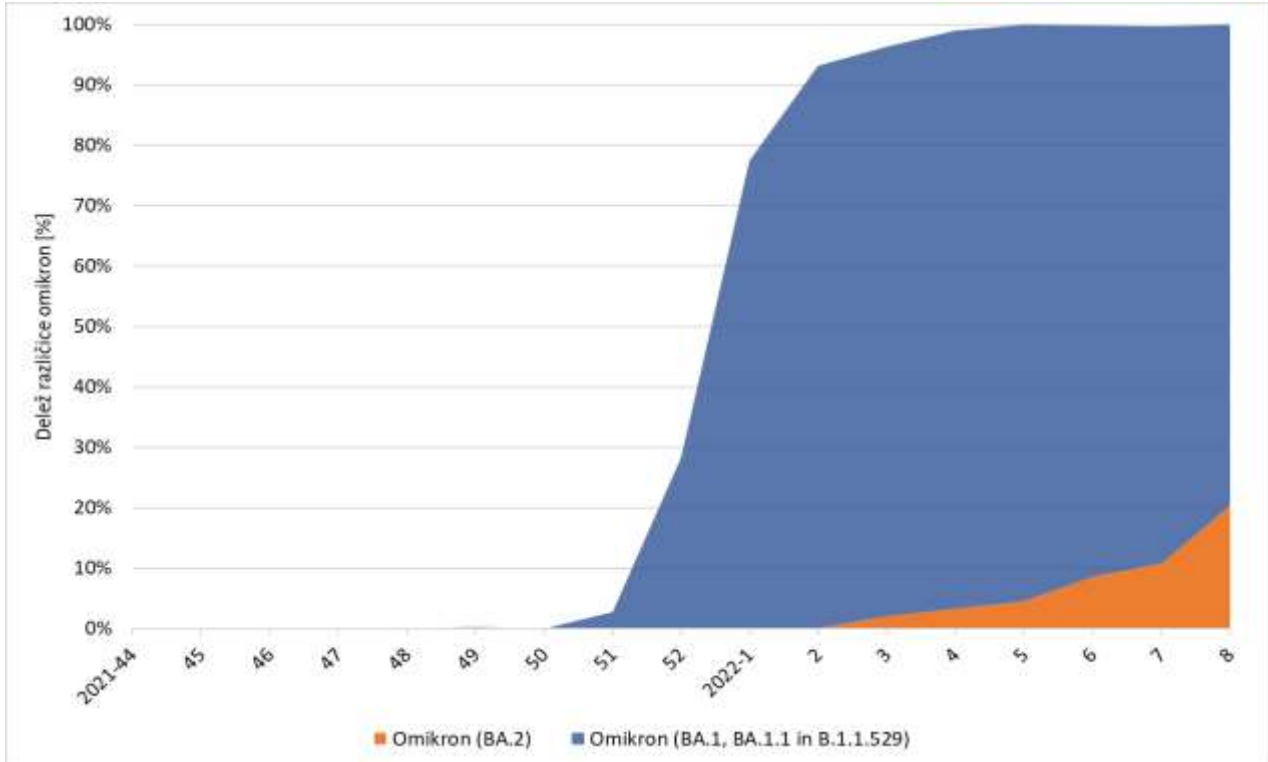
**Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.127,** status: VOC) smo potrdili pri 16.380 osebah.

**Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2)** smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 6.200 osebah, 306 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

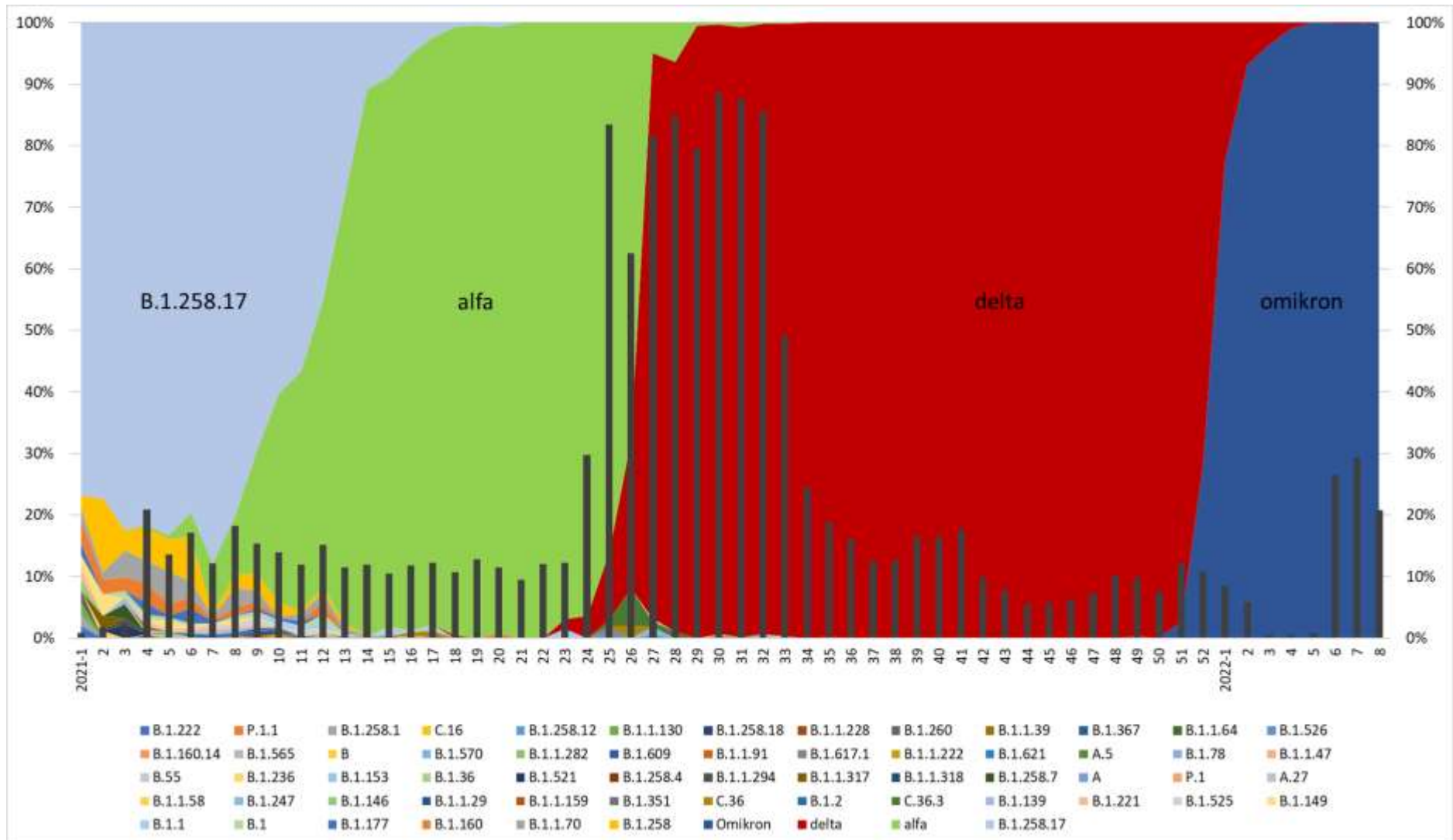
Podlinijo BA.2 smo do sedaj potrdili pri 187 osebah, 60 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.



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.**