



Maribor, 14. 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. 54

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 4. 3. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 33.542 vzorcev, od tega je bilo 7.964 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 5.824 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
2020		536
2021		27.182
2022		5.824
	52	133
	1	1.685
	2	1.434
	3	277
	4	420
	5	230
	6	621
	7	410
	8	294
	9	320
Skupaj		33.542

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 26. 2. do 4. 3. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 369 vzorcev, 361 vzorcev iz sheme A, 2 vzorca iz sheme C (naročila epidemiologov, reinfekcije) ter 6 vzorcev iz sheme D (bolniki na enoti intenzivne terapije, EIT/OIIM).

Med 361 vzorci 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 26. 2. do 4. 3. 2022.

Različica virusa	Shema A	Shema C	Shema D	Skupaj
Omikron	361	1	5	367
BA.1.1	222	1	3	226
BA.2	97			97
BA.1	42		2	44
delta		1	1	2
AY.43			1	1
AY.122		1		1
Skupaj	361	2	6	369

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 33.006 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.

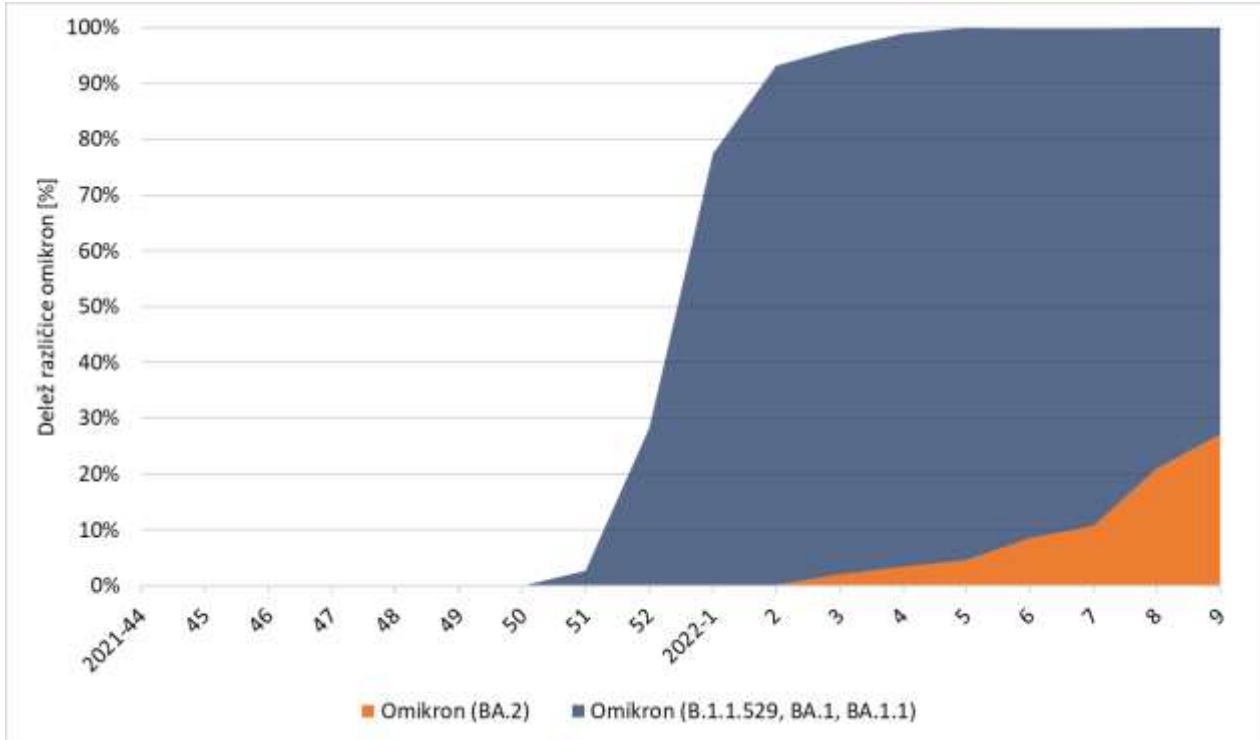
Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.127, status: VOC) smo potrdili pri 16.382 osebah.

Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.1, BA.1.1 in BA.2) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 6.567 osebah, 367 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

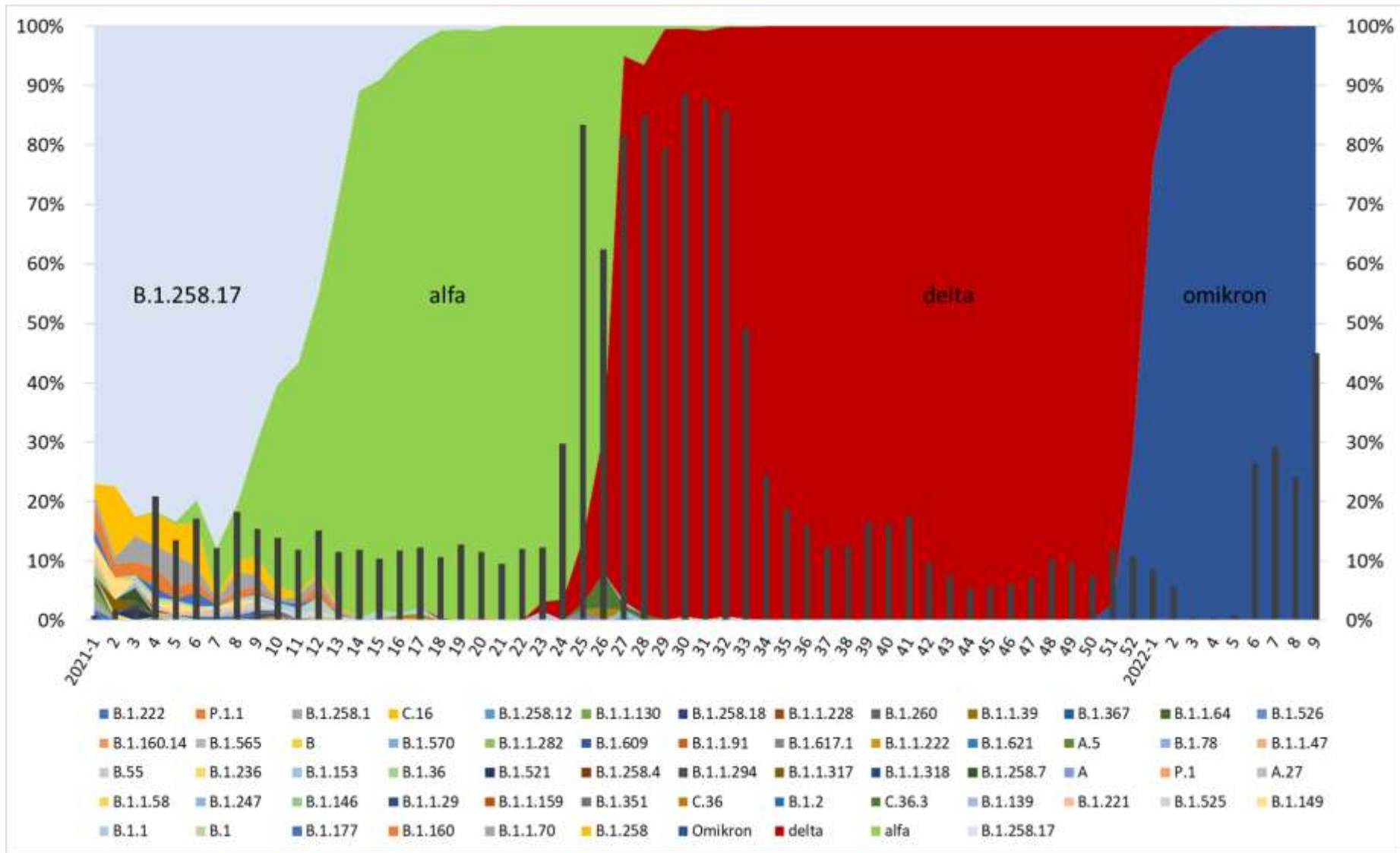
Podlinijo BA.2 smo do sedaj potrdili pri 284 osebah, 97 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.



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 stolpiči 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.