



Maribor, 8. 4. 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. 58

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 1. 4. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 36.306 vzorcev, od tega je bilo 8.174 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 8.505 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		557
2021		27.244
2022		8.505
	52	133
	1	1.686
	2	1.434
	3	280
	4	481
	5	308
	6	701
	7	449
	8	364
	9	372
	10	650
	11	636
	12	522
	13	489
Skupaj		36.306

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 26. 3. do 1. 4. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 560 vzorcev, 559 iz sheme A ter en vzorec iz sheme D (bolniki na enoti intenzivne terapije, EIT/OIIM). V vseh 559 vzorcih iz sheme A smo dokazali različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy) (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji, od 26. 3. do 1. 4. 2022 (shema A).

Različica virusa	Shema A	Shema D	Skupaj
Omikron	559	1	560
BA.2	406		406
BA.1.1	84	1	85
BA.2.3	28		28
BA.1.1.1	23		23
BA.1	6		6
BA.1.1.15	6		6
BA.1.17	2		2
BA.1.16	1		1
BA.1.1.14	1		1
BA.1.9	1		1
BA.1.10	1		1
Skupaj	559	1	560

Preostalih treh različic s statusom VOC, delta (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129), beta (B.1.351) in gama (P.1), v zadnjem obdobju sekvenciranja, v shemi A, nismo potrdili.

C) Prisotnost in razporeditev različic virusa v celotnem letu 2021 in 2022

Med 35.749 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 174 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=17), delta (n=89) 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. in 22. tednu leta 2021.

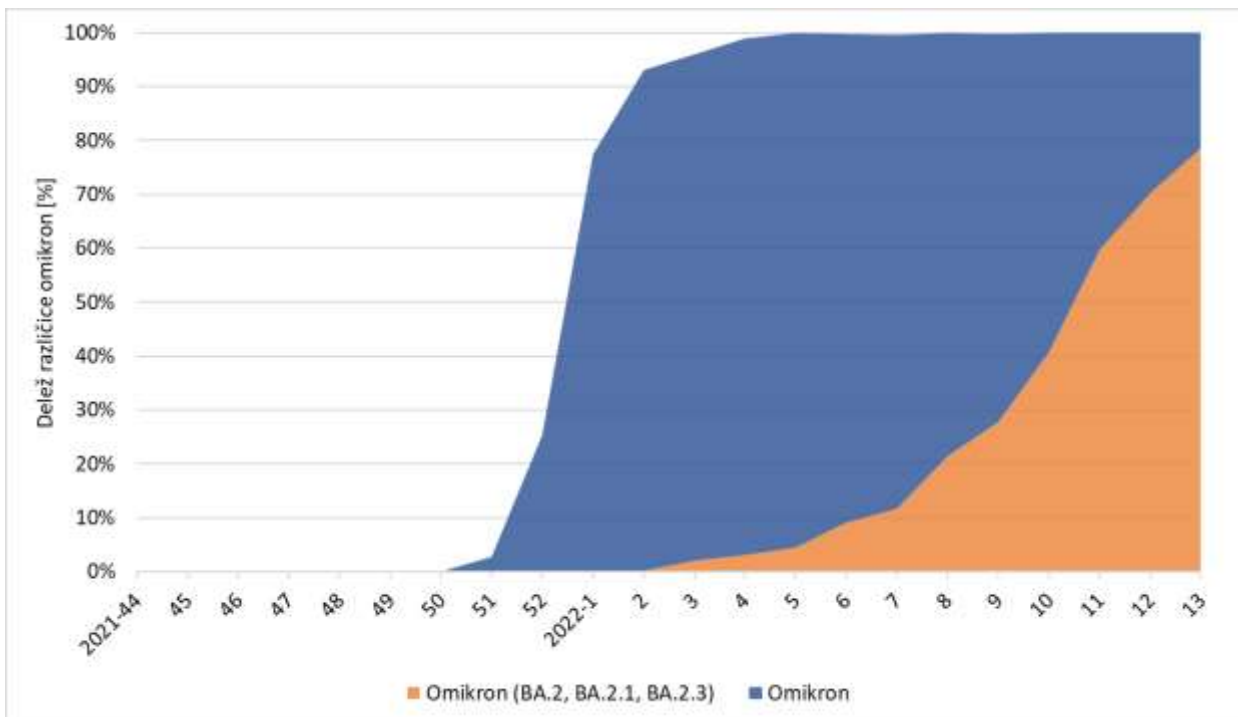
Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129, status: VOC) smo potrdili pri 16.434 osebah.



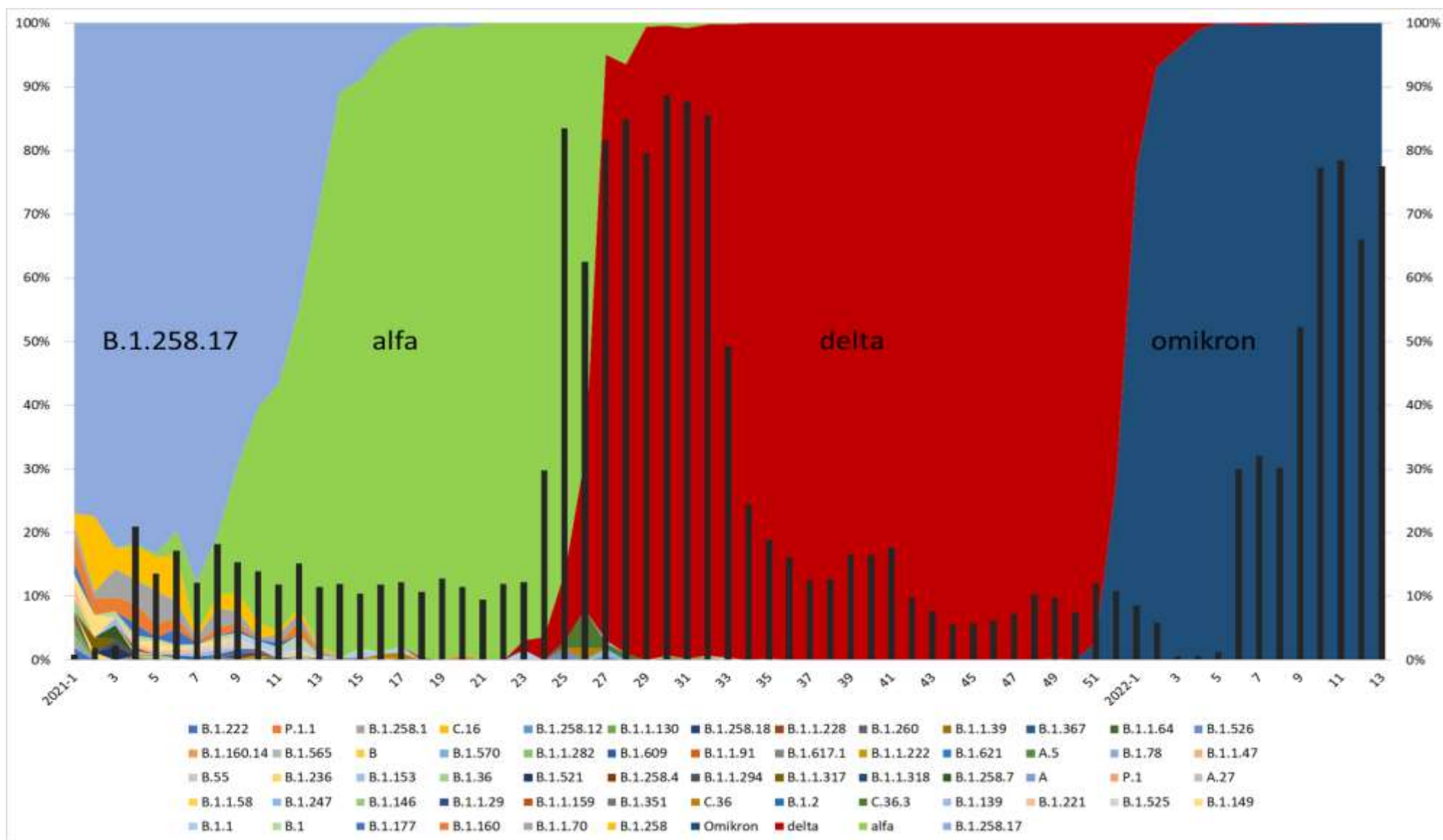
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 9.245 osebah, 560 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 (BA.2, BA.2.1 in BA.2.3) smo do sedaj potrdili pri 1.735 osebah, 434 nove primere poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

Naraščanje pojavnosti različice omikron, ter posebej tudi podlinije BA.2 (BA.2, BA.2.1 in BA.2.3), 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.