

Maribor, 20. 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. 59

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 8. 4. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 37.262 vzorcev, od tega je bilo 8.509 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 9.249 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		27.456
2022		9249
	52	138
	1	1686
	2	1525
	3	282
	4	481
	5	308
	6	721
	7	506
	8	385
	9	377
	10	710
	11	693
	12	559
	13	586
	14	292
Skupaj		37.262

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 2. 4. do 8. 4. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 350 vzorcev, vsi iz sheme A. V vseh vzorcih je bila prisotna različica omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy) (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji, od 2. 4. do 8. 4. 2022 (shema A).

Različica virusa	Shema A	Skupaj
Omikron	350	350
BA.2	244	244
BA.1.1	41	41
BA.2.9	31	31
BA.3	12	12
BA.1	8	8
BA.1.1.1	5	5
BA.2.3	5	5
BA.2.10	3	3
BA.1.17.2	1	1
Skupaj	350	350

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 36.705 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 179 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=21), 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 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.

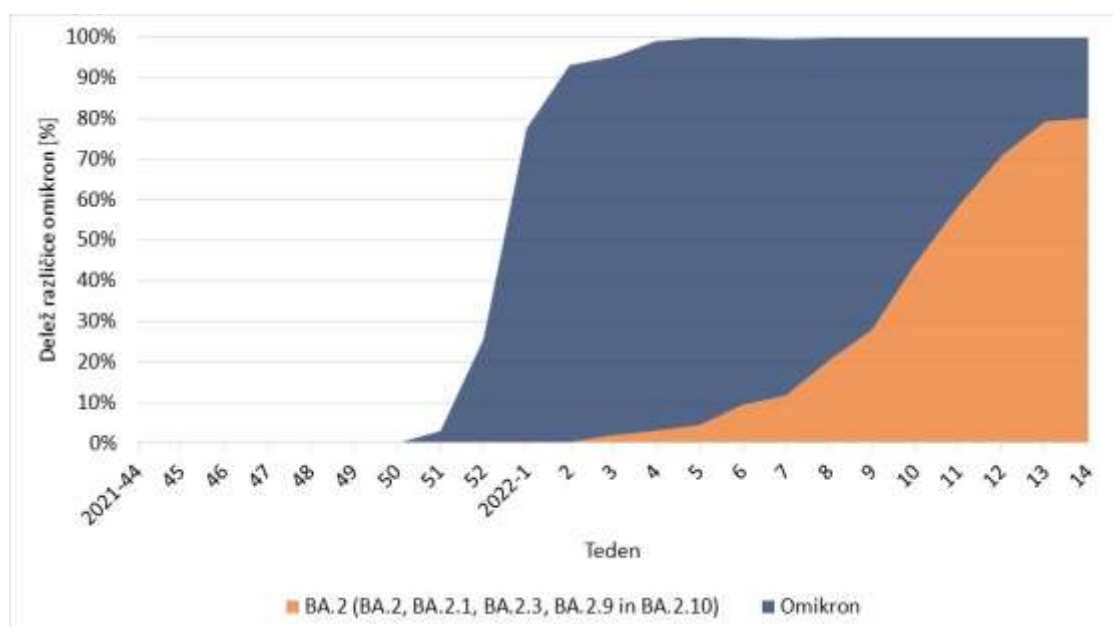
Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129, status: VOC) smo potrdili pri 16.527 osebah.



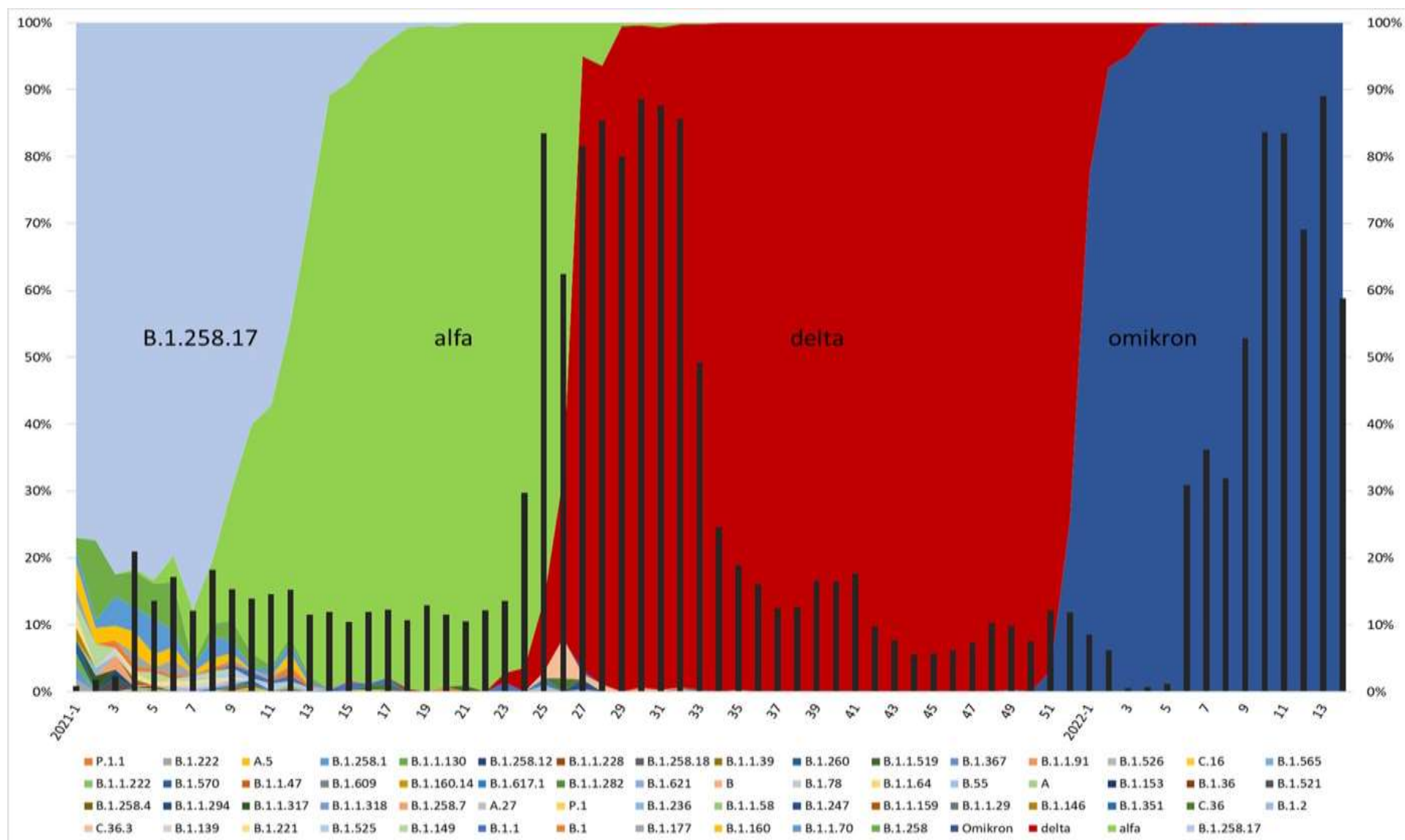
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 9904 osebah, 350 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 (BA.2, BA.2.1 in BA.2.3, BA.2.9 in BA.2.10) smo do sedaj potrdili pri 2112 osebah, 283 nove primere 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.