



Maribor, 24. 5. 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. 64

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 13. 5. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 37.970 vzorcev, od tega je bilo 8.509 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 9.957 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		9957
	52	138
	1	1686
	2	1525
	3	282
	4	481
	5	308
	6	721
	7	506
	8	385
	9	376
	10	678
	11	656
	12	534
	13	562
	14	322
	15	302
	16	175
	17	143
	18	100
	19	77
Skupaj		37.970



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 7. 5. do 13. 5. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 91 vzorcev, vsi iz sheme A. V vseh vzorcih je bila prisotna različica omikron (Tabela 2).

Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v zadnji seriji, od 7. 5. do 13. 5. 2022.

Različica virusa	Shema A
Omikron	91
BA.2	78
BA.2.9	6
BA.2.3	3
BA.1.1	2
BA.5	1
BA.2.18	1
Skupaj	91

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 nismo potrdili.

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

Med 37.413 vzorci iz let 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 183 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=25), 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.



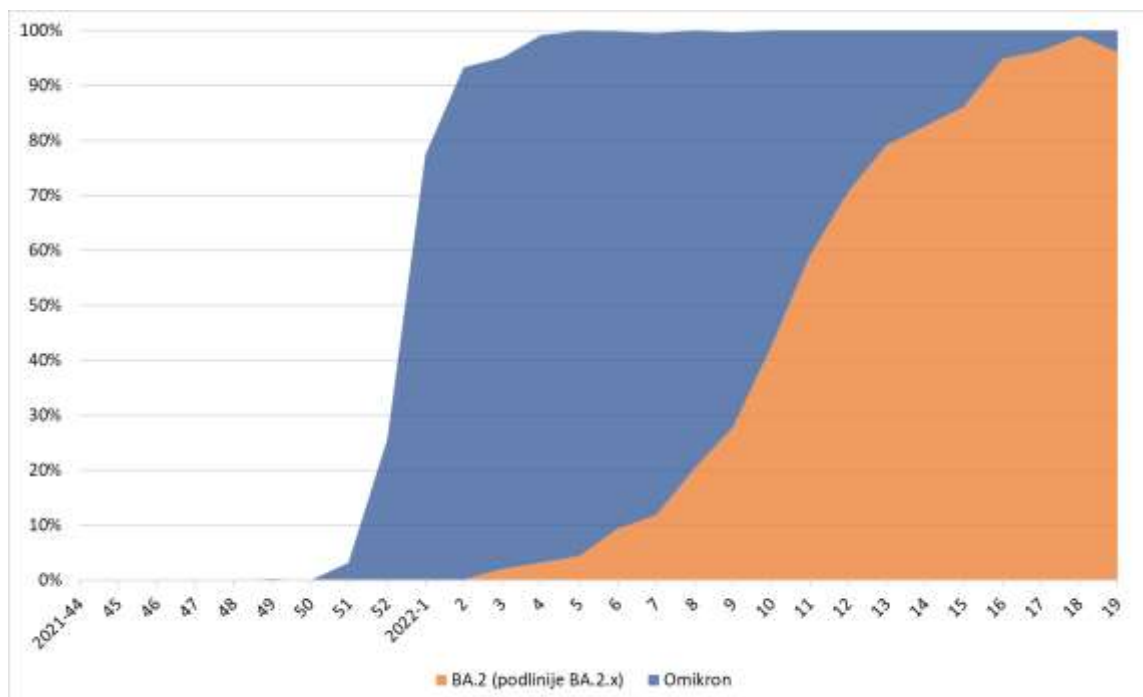
Delta različico (B.1.617.2 in podlinije AY.4 – AY.129, status: VOC) smo potrdili pri 16.524 osebah.

Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 10.689 osebah, 91 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

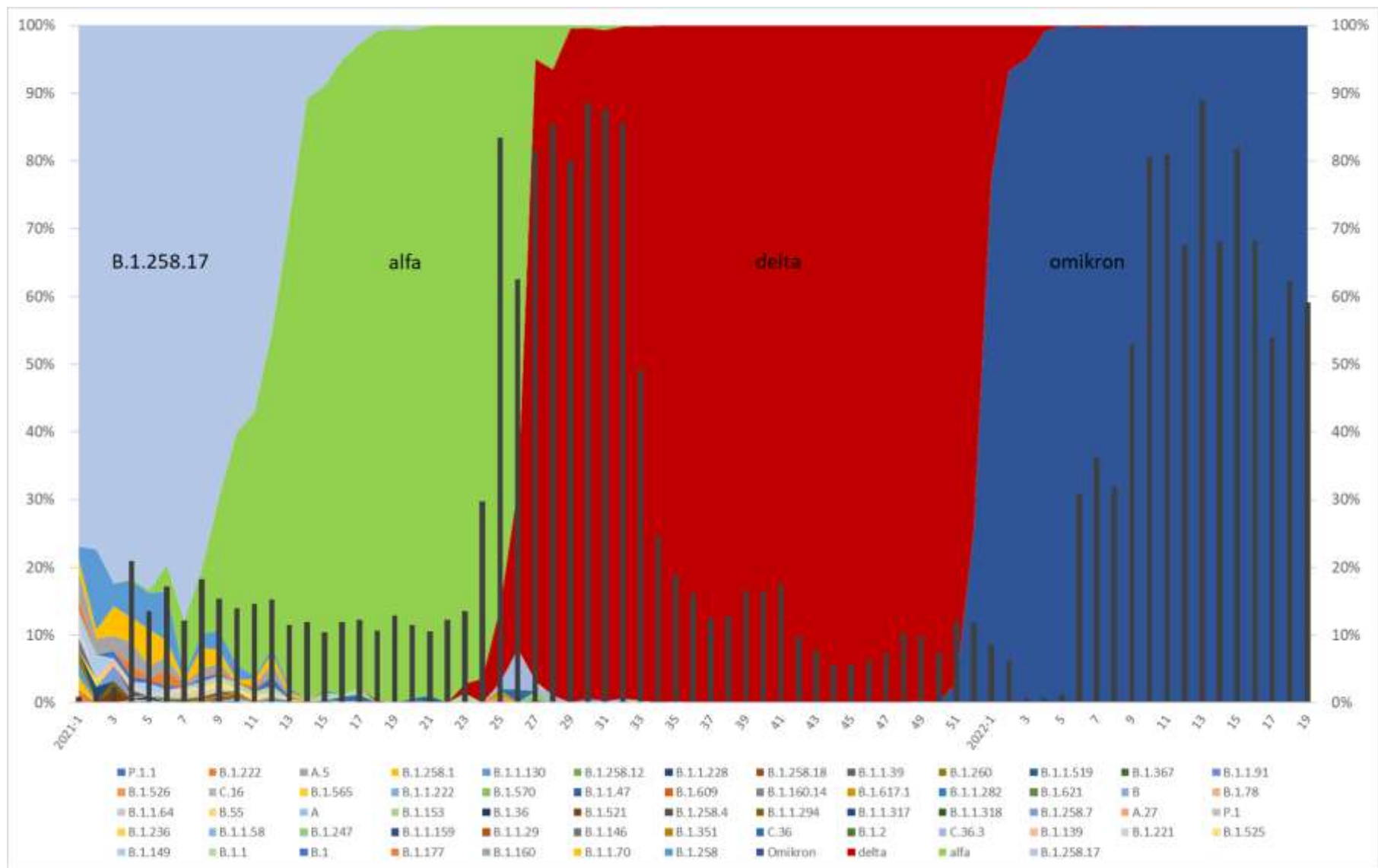
Podlinijo BA.2 (BA.2, BA.2.1 in BA.2.3, BA.2.9, BA.2.10, BA.2.13, BA.2.18 in BA.2.32) smo do sedaj potrdili pri 2832 osebah, 88 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

V zadnji seriji sekvenciranja smo potrdili prvi primer **podlinije BA.5**, ki jo je ECDC označil kot VOC. Prvič so podlinijo BA.5 potrdili v Južni Afriki, februarja 2022.

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.