



Maribor, 17. 6. 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. 68**

**A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov**

Od 1. 1. 2021 do 10. 6. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 38.215 vzorcev, od tega je bilo 8.509 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 10.202 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>Leto</b>	<b>Teden</b>	<b>Število genomov</b>
<b>2020</b>		<b>557</b>	<b>2022</b>	14	322
<b>2021</b>		<b>27.456</b>		15	302
<b>2022</b>		<b>10.202</b>		16	175
	52	138		17	143
	1	1686		18	104
	2	1525		19	95
	3	282		20	62
	4	481		21	66
	5	308		22	56
	6	721		23	39
	7	506		<b>Skupaj</b>	<b>38.215</b>
	8	385			
	9	376			
	10	678			
	11	656			
	12	534			
	13	562			



## B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 4. 6. do 10. 6. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 52 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 4. 6. do 10. 6. 2022.

Različica virusa	Shema A
<b>BA.5</b>	<b>26</b>
<b>BA.2</b>	<b>24</b>
BA.2	18
BA.2.9	1
BA.2.36	1
BA.2.23	1
BA.2.13	1
BA.2.12.1	1
BA.2.1	1
<b>BA.4</b>	<b>2</b>
<b>Skupaj</b>	<b>52</b>

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

Med 37.658 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 192 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=34), 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.

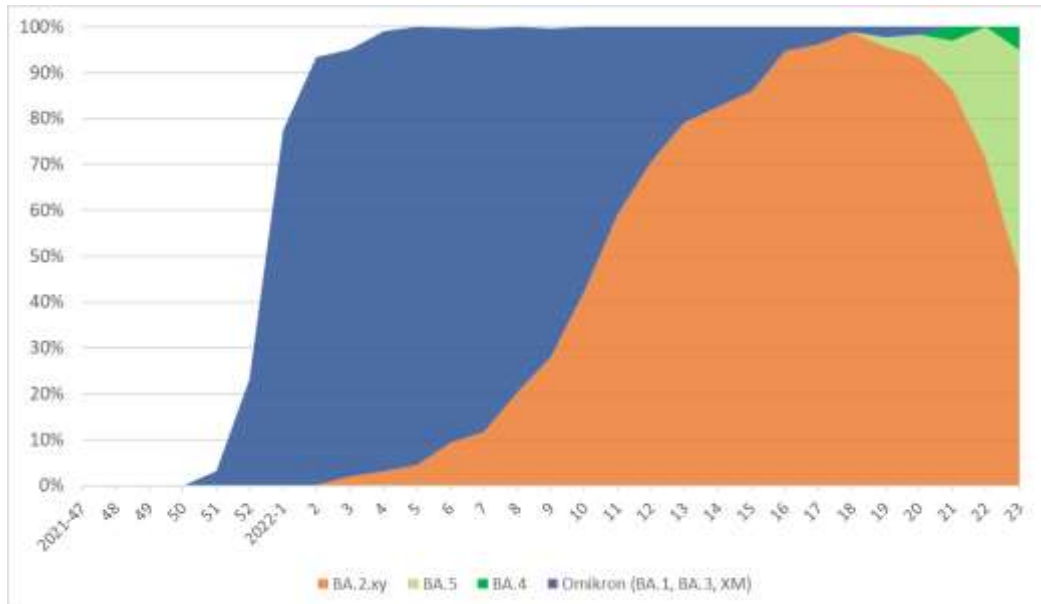
**Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.xy)** smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 10.934 osebah, 52 novih primerov smo potrdili v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

**Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC)** smo do sedaj potrdili pri 3018 osebah, 24 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

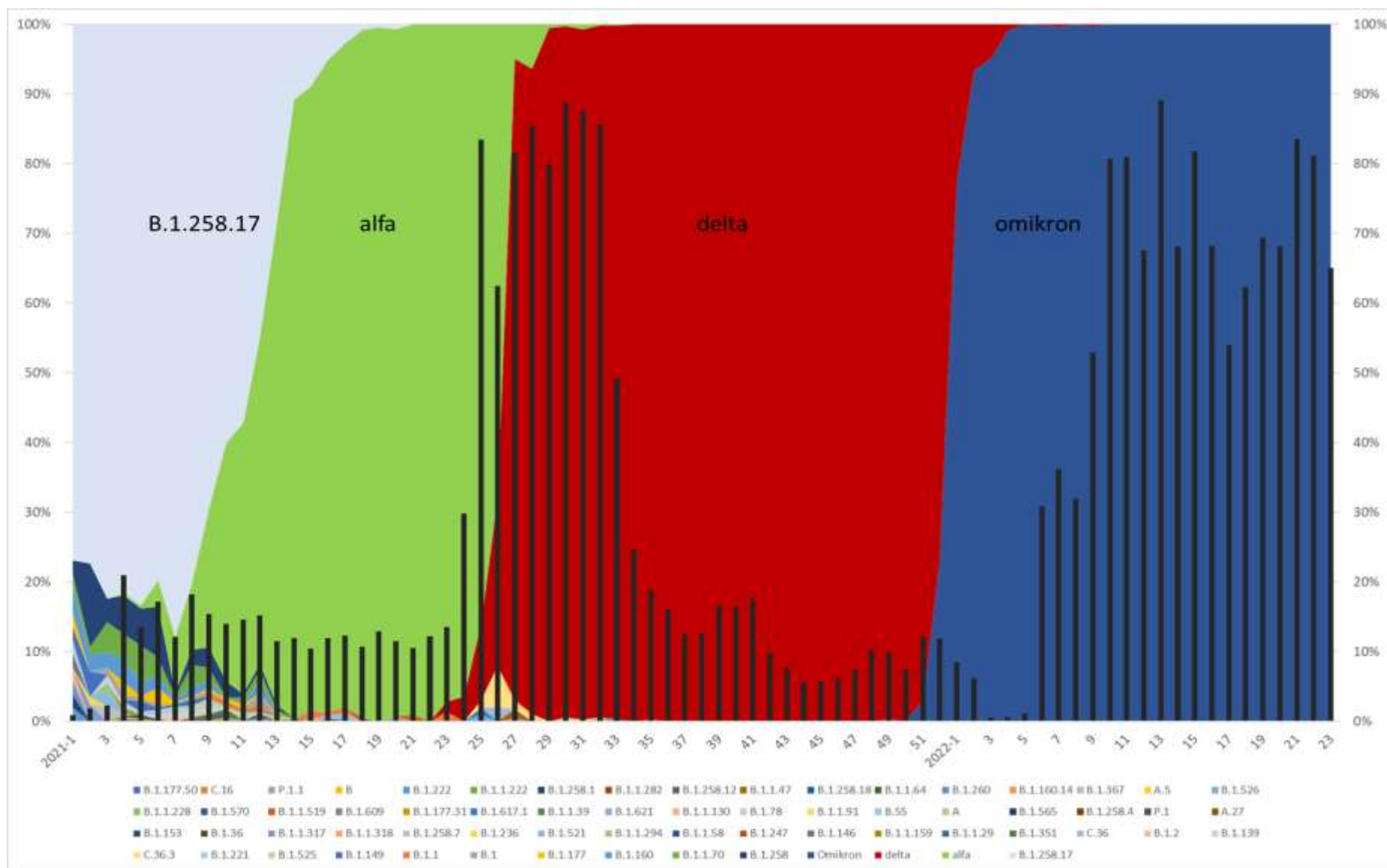
**Podlinije BA.4 (VOC)** smo potrdili pri štirih osebah, dva nova primera poročamo v tej seriji sekvenciranja.

**Podlinijo BA.5 (VOC)** smo potrdili pri 47 osebah, 26 primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

Naraščanje pojavnosti različice omikron, ter posebej tudi podlinij BA.2.x, BA.4 in BA.5, 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.**