



Maribor, 5. 7. 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. 70**

**A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov**

Od 1. 1. 2021 do 24. 6. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 38.400 vzorcev, od tega je bilo 8.509 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 10.387 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	Leto	Teden	Število genomov
<b>2020</b>		<b>557</b>	<b>2022</b>	14	322
<b>2021</b>		<b>27.456</b>		15	302
<b>2022</b>		<b>10.387</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	53
	7	506		24	70
	8	385		25	101
	9	376		<b>Skupaj</b>	<b>38.400</b>
	10	678			
	11	656			
	12	534			
	13	562			



## B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 18. 6. do 24. 6. 2022

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 111 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 18. 6. do 24. 6. 2022.

Različica virusa	Shema A
<b>BA.5</b>	<b>85</b>
BA.5.1	50
BA.5.2.1	13
BA.5.2	6
BA.5	5
BE.1	5
BF.1	3
BA.5.5	2
BA.5.3.2	1
<b>BA.2</b>	<b>22</b>
BA.2	14
BA.2.12.1	2
BA.2.9	2
BA.2.38	1
BA.2.70	1
BA.2.18	1
BA.2.22	1
<b>BA.4</b>	<b>4</b>
BA.4.1	4
<b>Skupaj</b>	<b>111</b>

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

Med 37.843 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 203 različice virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=45), 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.

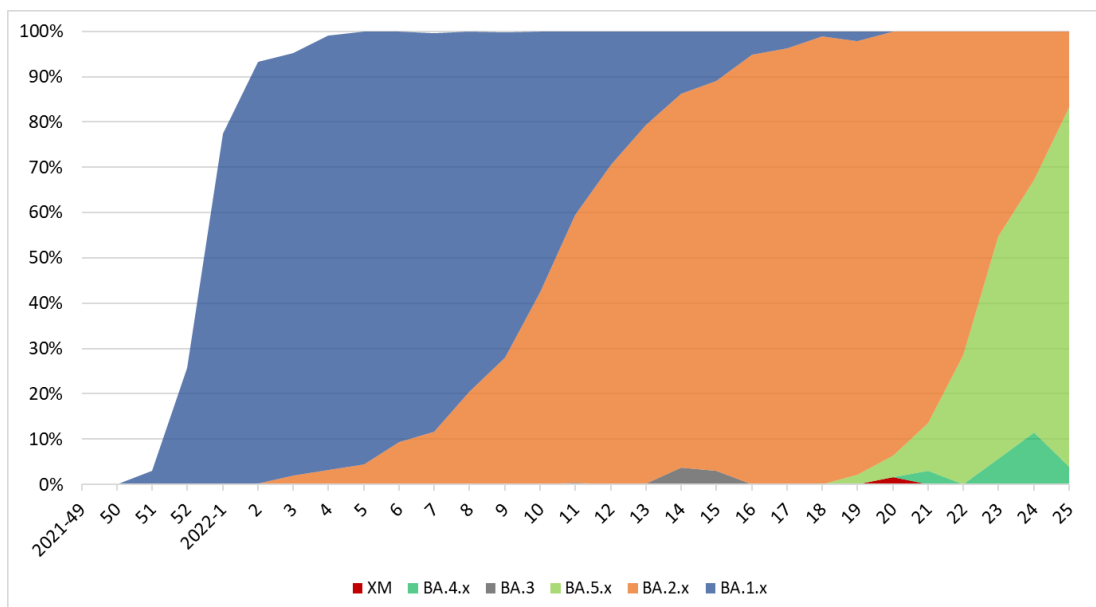
**Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.x. VOC)** smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 11.119 osebah, 111 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

**Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC)** smo do sedaj potrdili pri 3067 osebah.

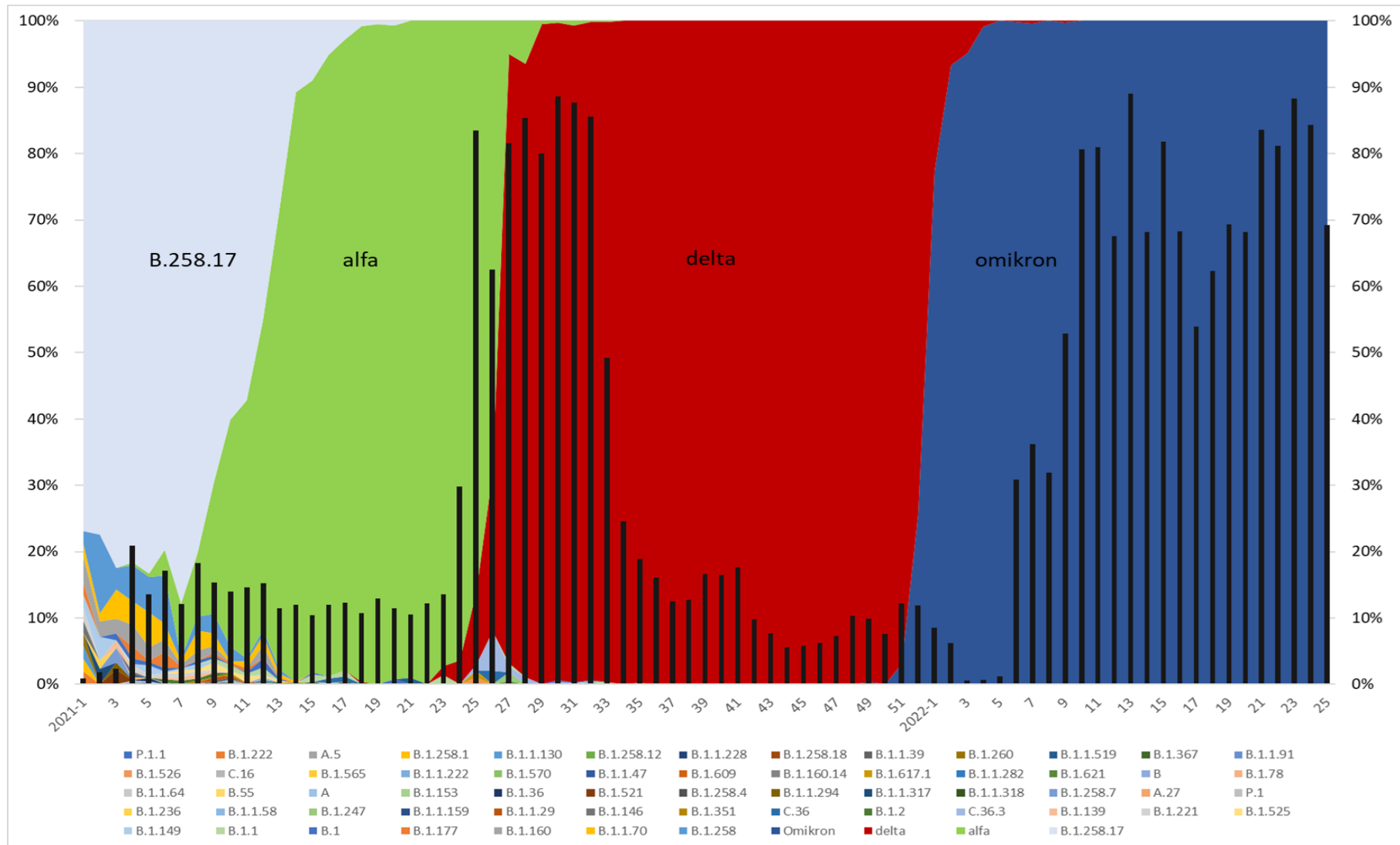
**Podlinijo BA.4 (VOC)** smo potrdili pri 17 osebah, 4 nove primere poročamo v tej seriji sekvenciranja.

**Podlinijo BA.5 (VOC)** smo do sedaj potrdili pri 173 osebah, 85 novih primerov v zadnji seriji sekvenciranja.

Naraščanje pojavnosti podlinij različice omikron spremljamo na podlagi sheme A, za katero so deležne zastopanosti po tednih prikazane na grafu 1.



**Graf 1. Deležna zastopanost podlinij 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.**