



Maribor, 20. 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. 71

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 9. 7. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 38.841 vzorcev, od tega je bilo 8.509 genomov sekvenciranih v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 10.828 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
2020		557	2022	14	322
2021		27.456		15	302
2022		10.828		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	54
	7	506		24	71
	8	385		25	139
	9	376		26	192
	10	678		27	209
	11	656		Skupaj	38.841
	12	534			
	13	562			



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 25. 6. do 9. 7. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 441 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 25. 6. do 9. 7. 2022.

Različica virusa	Shema A
BA.5	359
<i>BA.5.1</i>	<i>131</i>
<i>BA.5.2</i>	<i>56</i>
<i>BA.5.2.1</i>	<i>40</i>
<i>BE.1.1</i>	<i>38</i>
<i>BA.5</i>	<i>21</i>
<i>BF.1</i>	<i>19</i>
<i>BA.5.1.3</i>	<i>17</i>
<i>BE.1</i>	<i>8</i>
<i>BA.5.3.2</i>	<i>6</i>
<i>BA.5.2.2</i>	<i>4</i>
<i>BA.5.3</i>	<i>4</i>
<i>BA.5.6</i>	<i>4</i>
<i>BF.4</i>	<i>3</i>
<i>BA.5.5</i>	<i>3</i>
<i>BA.5.2.3</i>	<i>2</i>
<i>BA.5.1.1</i>	<i>1</i>
<i>BA.5.1.2</i>	<i>1</i>
<i>BA.5.1.4</i>	<i>1</i>
BA.4	42
<i>BA.4.1</i>	<i>27</i>
<i>BA.4</i>	<i>10</i>
<i>BA.4.4</i>	<i>3</i>
<i>BA.4.1.1</i>	<i>2</i>
BA.2	40
<i>BA.2</i>	<i>20</i>
<i>BA.2.12.1</i>	<i>10</i>
<i>BA.2.18</i>	<i>2</i>
<i>BA.2.70</i>	<i>2</i>
<i>BA.2.9</i>	<i>2</i>
<i>BA.2.22</i>	<i>2</i>
<i>BA.2.13</i>	<i>1</i>
<i>BA.2.23</i>	<i>1</i>
Skupaj	441



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

Med 38.284 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 215 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=57), 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.

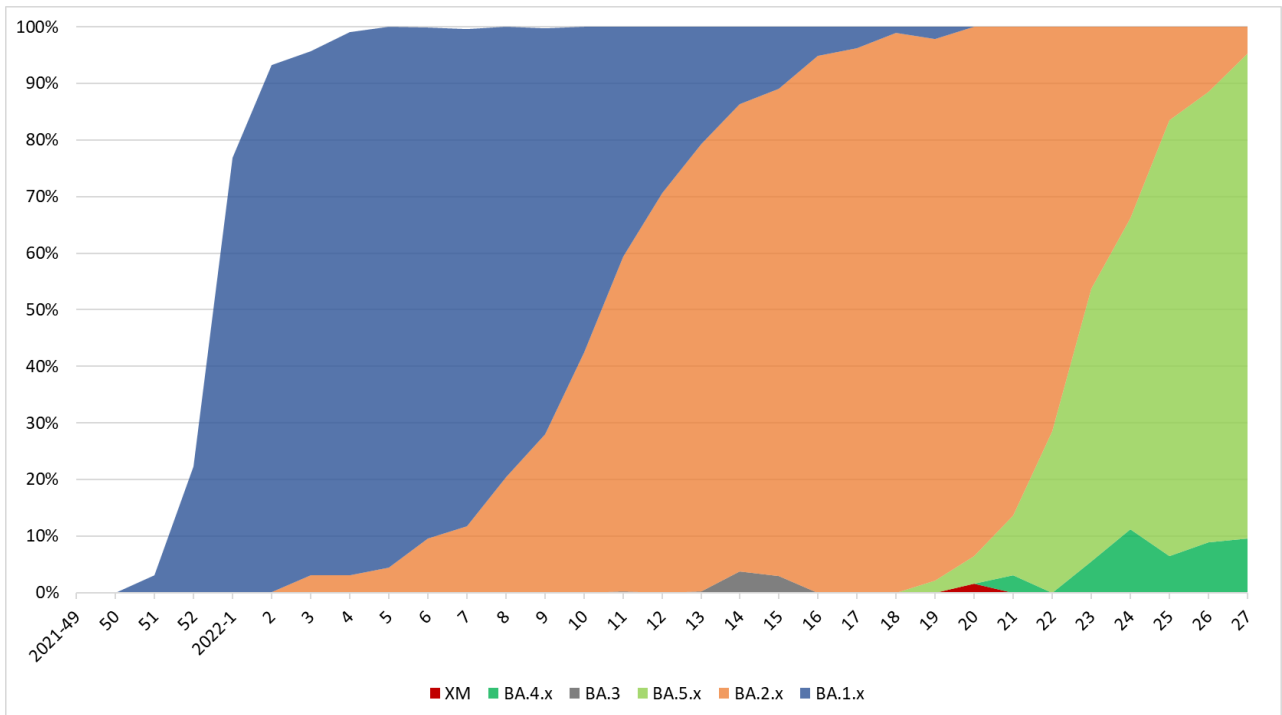
Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.x. VOC) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 11.560 osebah, 441 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3107 osebah.

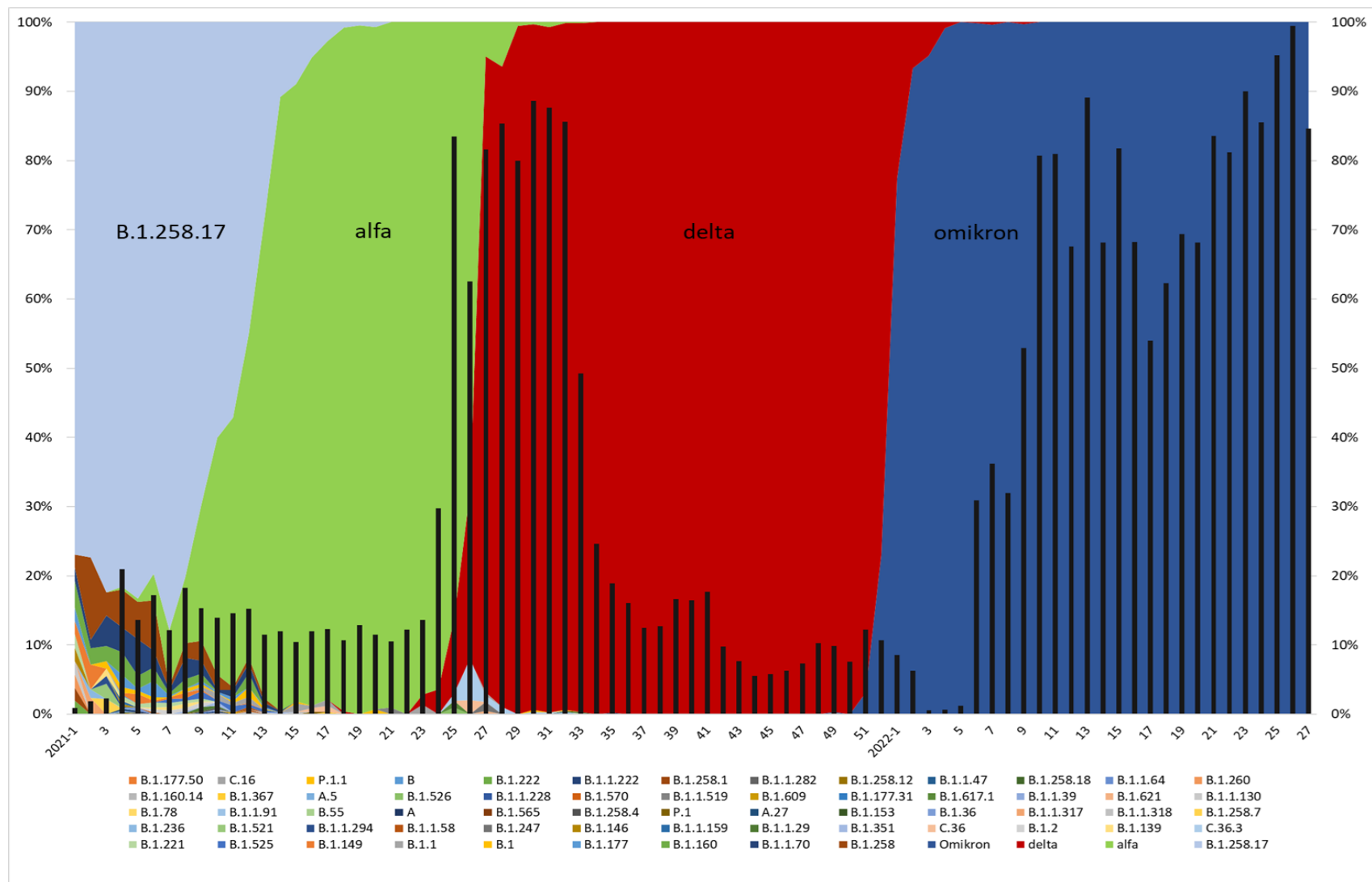
Podlinijo BA.4 (VOC) smo potrdili pri 59 osebah, 42 novih primerov poročamo v tej seriji sekvenciranja.

Podlinijo BA.5 (VOC) smo do sedaj potrdili pri 532 osebah, 359 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.