



Maribor, 31. 8. 2022

Sledenje različicam SARS-CoV-2 v Nacionalnem laboratoriju za zdravje, okolje in hrano

Poročilo št. 74

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 20. 8. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 40.389 vzorcev. Od tega je bilo 26.204 genomov sekvenciranih v sodelovanju s Kliničnim inštitutom za specialno laboratorijsko diagnostiko na Pediatrični kliniki Univerzitetnega kliničnega centra Ljubljana in 8.509 genomov v sodelovanju z ECDC. Od vseh sekvenciranih je 12.376 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 | 16 | 175 |
| 2021 | | 27.456 | | 17 | 143 |
| 2022 | | 12.376 | | 18 | 104 |
| | 52 | 138 | | 19 | 95 |
| | 1 | 1686 | | 20 | 62 |
| | 2 | 1525 | | 21 | 66 |
| | 3 | 282 | | 22 | 56 |
| | 4 | 481 | | 23 | 54 |
| | 5 | 308 | | 24 | 71 |
| | 6 | 721 | | 25 | 141 |
| | 7 | 506 | | 26 | 194 |
| | 8 | 385 | | 27 | 241 |
| | 9 | 376 | | 28 | 313 |
| | 10 | 678 | | 29 | 331 |
| | 11 | 656 | | 30 | 270 |
| | 12 | 534 | | 31 | 204 |
| | 13 | 562 | | 32 | 198 |
| | 14 | 322 | | 33 | 195 |
| | 15 | 302 | | Skupaj | 40.389 |



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 7. 8. do 20. 8. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 412 vzorcev, 411 vzorcev iz sheme A in en vzorec iz sheme C (naročila epidemiologov). V vseh vzorcih je bila prisotna različica omikron (Tabela 2).

Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v vzorcih odvzetih od 7. 8. do 20. 8. 2022.

| Različica virusa | Shema A | Shema C | Skupaj |
|---------------------|------------|----------|------------|
| BA.5 | 398 | 1 | 399 |
| <i>BA.5.1</i> | 148 | | 148 |
| <i>BA.5.2</i> | 81 | 1 | 82 |
| <i>BA.5.2.1</i> | 59 | | 59 |
| <i>BE.1.1</i> | 27 | | 27 |
| <i>BA.5.9</i> | 14 | | 14 |
| <i>BE.1</i> | 12 | | 12 |
| <i>BA.5.6</i> | 8 | | 8 |
| <i>BA.5</i> | 7 | | 7 |
| <i>BF.1</i> | 7 | | 7 |
| <i>BF.7</i> | 6 | | 6 |
| <i>BF.5</i> | 4 | | 4 |
| <i>BF.10</i> | 4 | | 4 |
| <i>BF.4</i> | 3 | | 3 |
| <i>BA.5.1.10</i> | 3 | | 3 |
| <i>BA.5.1.2</i> | 3 | | 3 |
| <i>BF.3.1</i> | 2 | | 2 |
| <i>BF.8</i> | 2 | | 2 |
| <i>BA.5.3.3</i> | 1 | | 1 |
| <i>BF.6</i> | 1 | | 1 |
| <i>BA.5.1.1</i> | 1 | | 1 |
| <i>BE.3</i> | 1 | | 1 |
| <i>BA.5.1.3</i> | 1 | | 1 |
| <i>BA.5.1.4</i> | 1 | | 1 |
| <i>BF.11</i> | 1 | | 1 |
| <i>BF.14</i> | 1 | | 1 |
| BA.4 | 12 | | 12 |
| <i>BA.4</i> | 7 | | 7 |
| <i>BA.4.7</i> | 2 | | 2 |
| <i>BA.4.1</i> | 2 | | 2 |
| <i>BA.4.6</i> | 1 | | 1 |
| BA.2 | 1 | | 1 |
| <i>BA.2.9</i> | 1 | | 1 |
| Skupna vsota | 411 | 1 | 412 |



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

Med 39.832 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 236 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=78), 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

Različico omikron (B.1.1.529 ter podlinije BA.x.) smo s sekvenciranjem do sedaj potrdili pri 13.108 osebah, 412 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

Podlinijo BA.1 (BA.1.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 7518 osebah.

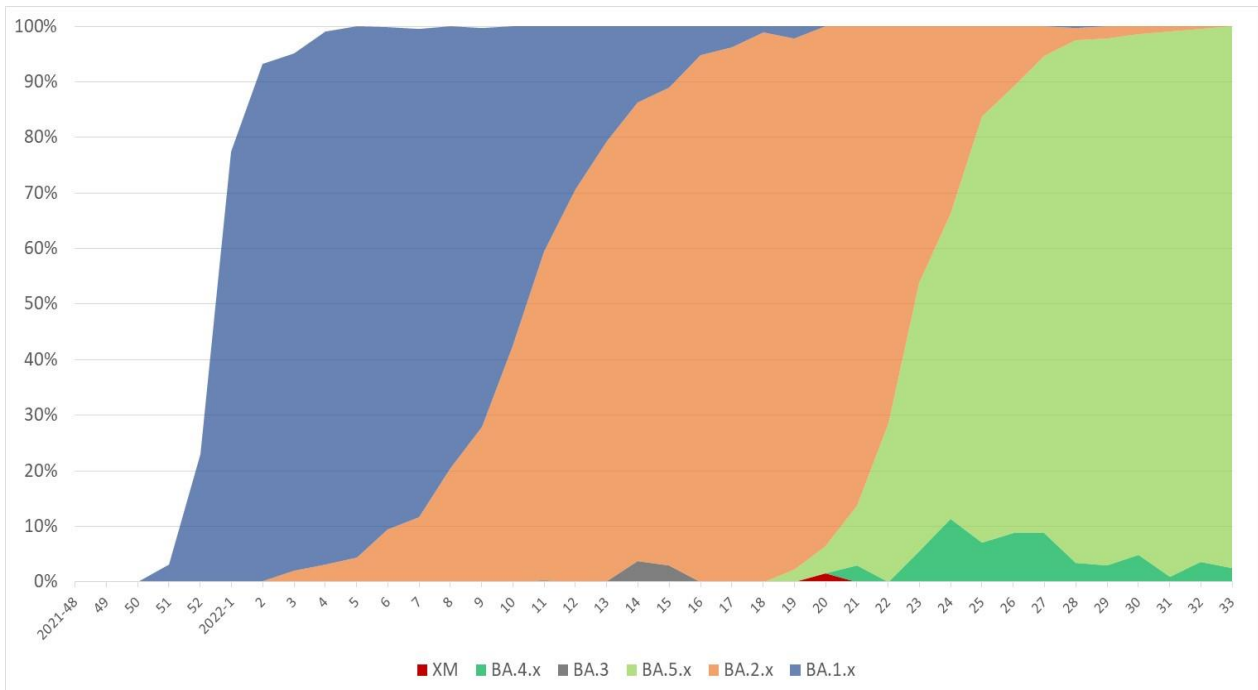
Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3130 osebah, 1 novi primer poročamo v zadnji seriji sekvenciranja.

Podlinijo BA.3 (VUI) smo skupaj potrdili pri 24 osebah.

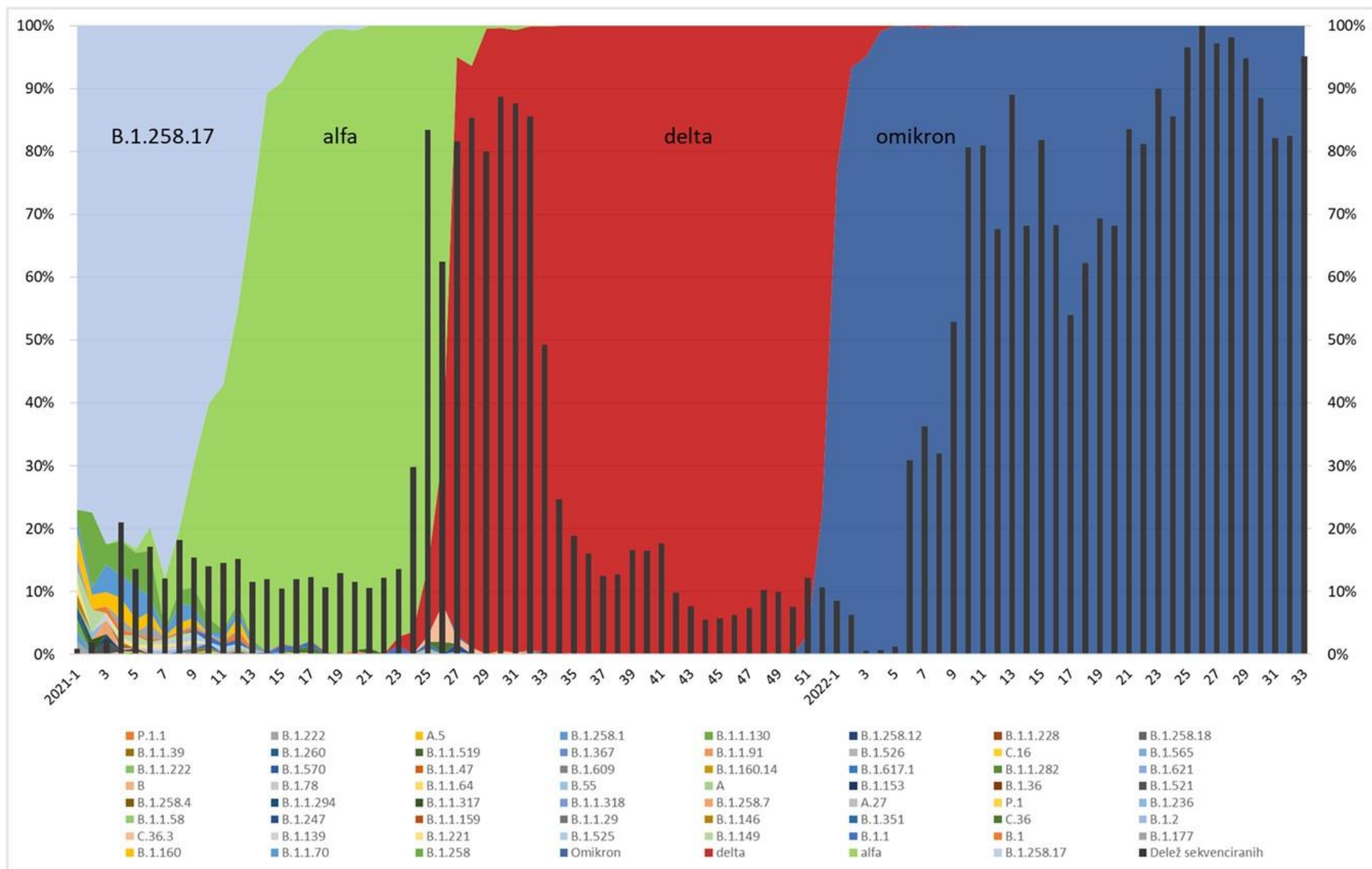
Podlinijo BA.4 (BA.4.x) (VOC) smo potrdili pri 109 osebah, 12 novih primerov poročamo v tej seriji sekvenciranja.

Podlinijo BA.5 (BA.5.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 2006 osebah, 399 novih primerov poročamo 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.