



Maribor, 15. 9. 2022

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

Poročilo št. 75

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 15. 9. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 40.727 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 | | 12.714 | | 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 | | 34 | 188 |
| | | | | 35 | 151 |
| | | | | Skupaj | 40.727 |



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 21. 8. do 15. 9. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 338 vzorcev iz sheme A. V vseh vzorcih je bila prisotna različica omikron (Tabela 2).

Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v vzorcih odvzetih od 21. 8. do 15. 9. 2022.

| Različica virusa | Shema A |
|---------------------|------------|
| BA.5 | 335 |
| <i>BA.5.1</i> | 99 |
| <i>BA.5.2</i> | 87 |
| <i>BA.5.2.1</i> | 42 |
| <i>BE.1.1</i> | 22 |
| <i>BA.5.9</i> | 15 |
| <i>BE.1</i> | 14 |
| <i>BF.7</i> | 11 |
| <i>BF.5</i> | 9 |
| <i>BA.5.1.10</i> | 7 |
| <i>BA.5.6</i> | 7 |
| <i>BA.5</i> | 5 |
| <i>BA.5.1.2</i> | 4 |
| <i>BA.5.2.3</i> | 3 |
| <i>BF.1</i> | 3 |
| <i>BF.10</i> | 2 |
| <i>BF.8</i> | 1 |
| <i>BA.5.1.1</i> | 1 |
| <i>BA.5.1.3</i> | 1 |
| <i>BF.14</i> | 1 |
| <i>BF.4</i> | 1 |
| BA.4 | 3 |
| <i>BA.4.1</i> | 2 |
| <i>BA.4.1.4</i> | 1 |
| Skupna vsota | 338 |

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

Med 40.170 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 13.446 osebah, 338 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

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

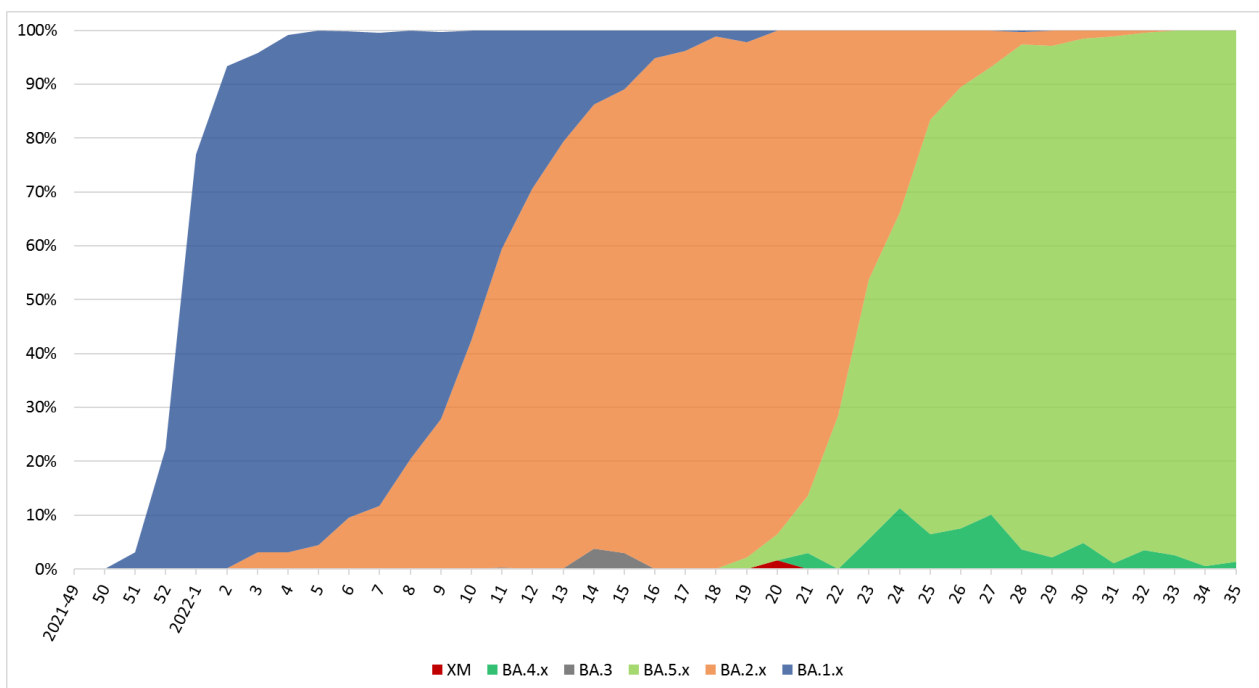
Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3130 osebah.

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

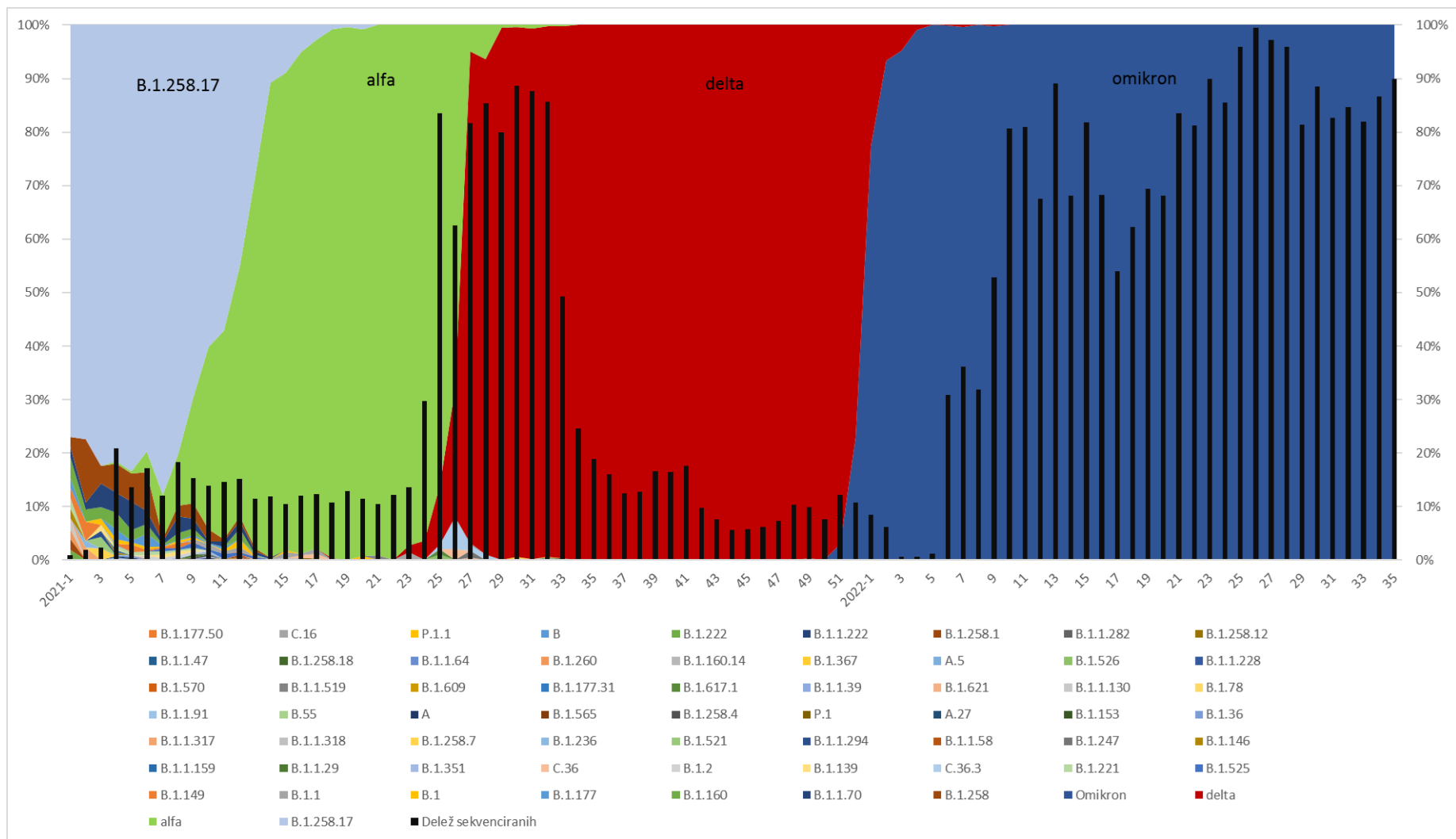
Podlinijo BA.4 (BA.4.x) (VOC) smo potrdili pri 112 osebah, 3 novih primerov poročamo v tej seriji sekvenciranja.

Podlinijo BA.5 (BA.5.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 2341 osebah, 335 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.