



Maribor, 27. 10. 2022

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

Poročilo št. 78

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 16. 10. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 42.397 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 14.384 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	19	95
2021		27.456		20	62
2022		14.384		21	66
	52	138		22	56
	1	1686		23	54
	2	1525		24	71
	3	282		25	141
	4	481		26	194
	5	308		27	241
	6	721		28	313
	7	506		29	331
	8	385		30	271
	9	376		31	204
	10	678		32	200
	11	656		33	214
	12	534		34	188
	13	562		35	165
	14	322		36	191
	15	302		37	232
	16	175		38	191
	17	143		39	291
	18	104		40	406
				41	303
				Skupaj	42.397



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 3. 10. do 16. 10. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo sekvencirali genomska zaporedja 755 vzorcev, 740 iz sheme A in 15 vzorce 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 3. 10. do 16. 10. 2022.

Različica virusa	Shema A	Shema C	Skupaj
BA.5	719	14	733
BA.5.2	149	1	150
BA.5.1	105	6	111
BA.5.2.1	77	4	81
BF.7	68	1	69
BF.14	26	2	28
BA.5.2.20	21		21
BA.5.1.10	20		20
BA.5.2.26	19		19
BA.5	19		19
BA.5.9	18		18
BA.5.2.22	18		18
BE.1.1	17		17
BF.5	15		15
BA.5.1.5	13		13
BA.5.1.22	12		12
BA.5.1.23	10		10
BV.1	8		8
BA.5.2.18	8		8
BF.4	7		7
BE.1.1.2	7		7
BA.5.2.3	7		7
BA.5.1.3	7		7
BA.5.1.2	7		7
BE.1	6		6
BA.5.6	4		4
CG.1	3		3
BQ.1	3		3
BF.8	3		3
BF.1	3		3
BA.5.2.28	3		3
BA.5.2.21	3		3
BA.5.1.26	3		3
BA.5.1.24	3		3
BQ.1.1	2		2



Različica virusa	Shema A	Shema C	Skupaj
<i>BF.10</i>	2		2
<i>BA.5.2.6</i>	2		2
<i>BA.5.2.12</i>	2		2
<i>BA.5.1.20</i>	2		2
<i>BA.5.1.1</i>	2		2
<i>BQ.1.3</i>	1		1
<i>BF.28</i>	1		1
<i>BF.15</i>	1		1
<i>BF.11</i>	1		1
<i>BE.1.2</i>	1		1
<i>BA.5.3.3</i>	1		1
<i>BA.5.3.1</i>	1		1
<i>BA.5.2.9</i>	1		1
<i>BA.5.2.8</i>	1		1
<i>BA.5.2.33</i>	1		1
<i>BA.5.2.27</i>	1		1
<i>BA.5.2.24</i>	1		1
<i>BA.5.2.16</i>	1		1
<i>BA.5.1.28</i>	1		1
<i>BA.5.1.21</i>	1		1
BA.4	12	1	13
<i>BA.4.6</i>	10	1	11
<i>BA.4.6.1</i>	1		1
<i>BA.4</i>	1		1
BA.2	9		9
<i>BA.2.3.20</i>	4		4
<i>BA.2</i>	4		4
<i>BA.2.3</i>	1		1
Skupaj	740	15	755

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

Med 41.811 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 258 različic virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=100), 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.

B) 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 15.087 osebah, 755 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).



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

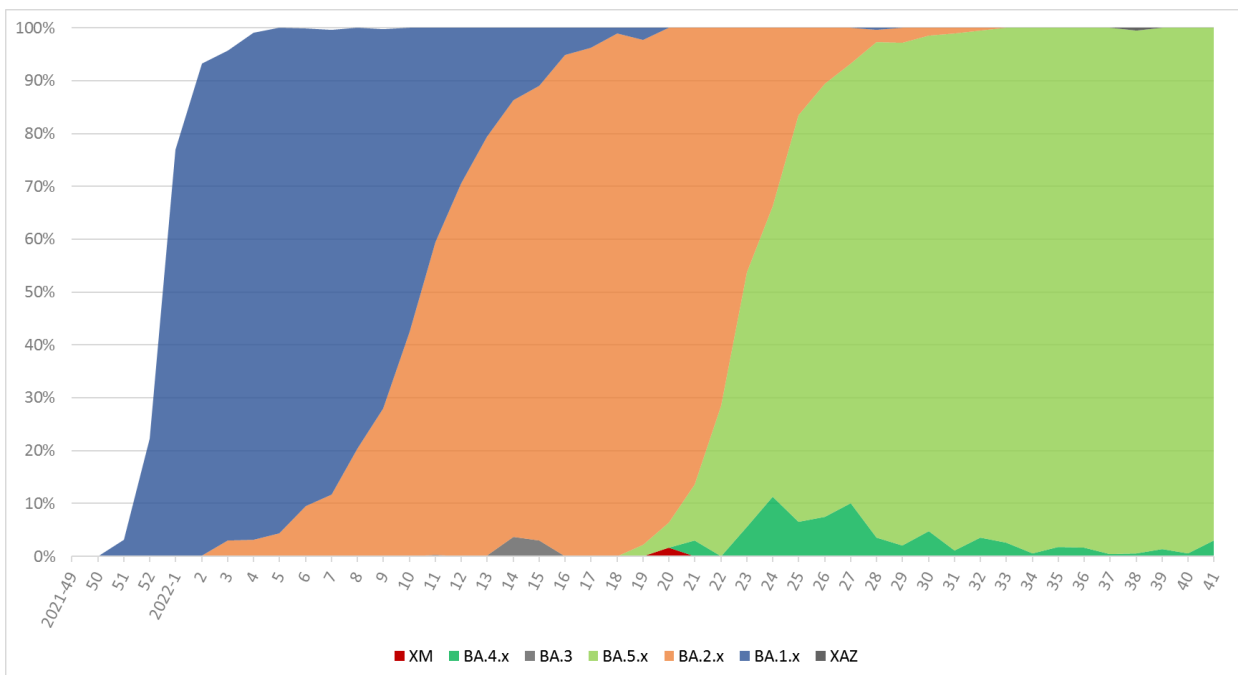
Podlinijo BA.2 (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3143 osebah, 9 novih primerov poročamo v tej seriji.

Podlinijo BA.3 smo skupaj potrdili pri 24 osebah.

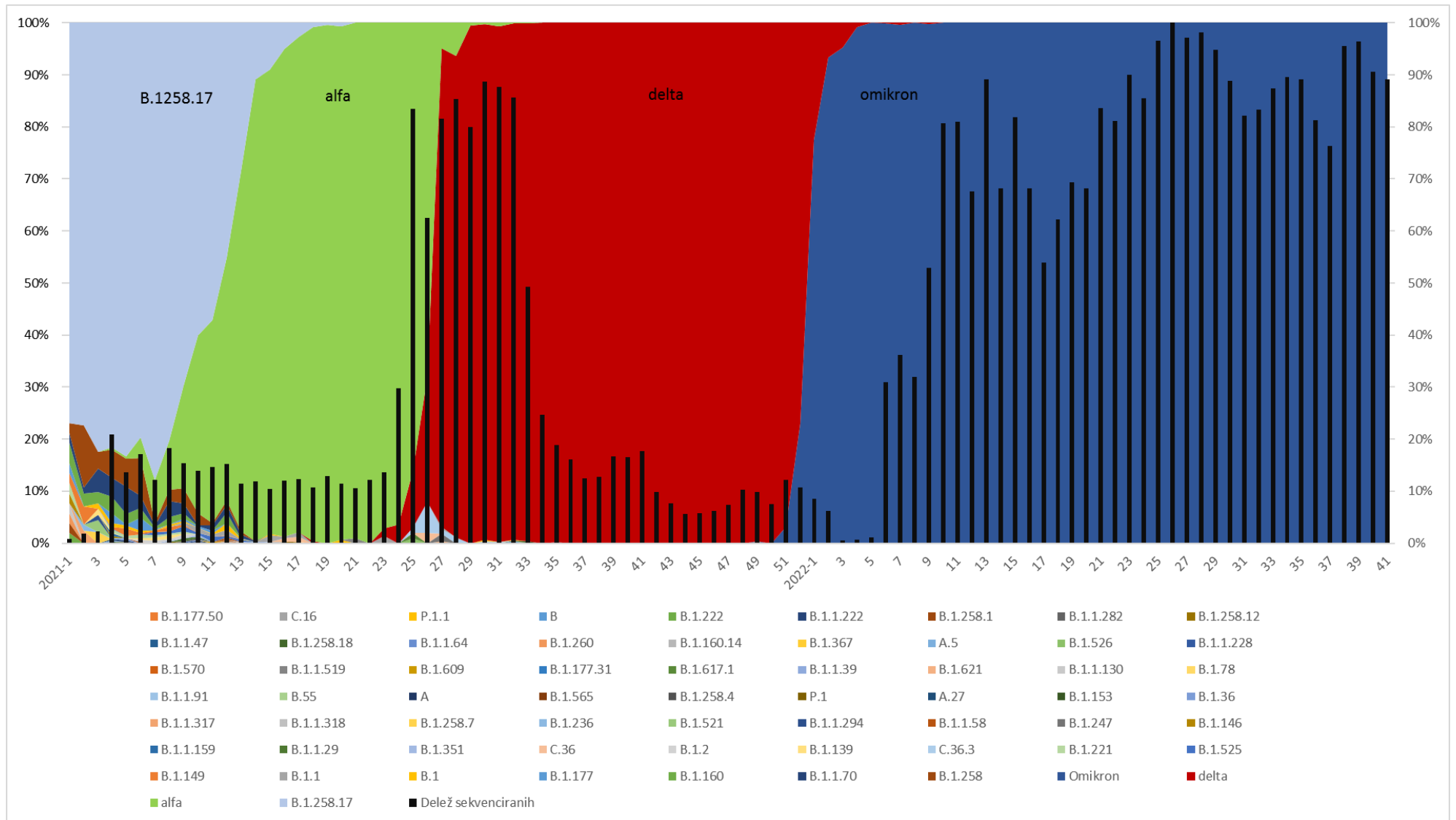
Podlinijo BA.4 (BA.4.x) (VOC) smo potrdili pri 134 osebah, 13 novih primerov poročamo v tej seriji sekvenciranja.

Podlinijo BA.5 (BA.5.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3945 osebah, 733 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 različ SARS-CoV-2 po tednih (shema A).