



Maribor, 10. 11. 2022

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

### Poročilo št. 79

#### A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 29. 10. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 42.876 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 14.863 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>	21	66
<b>2021</b>		<b>27.456</b>		22	56
<b>2022</b>		<b>14.863</b>		23	54
	52	138		24	71
	1	1686		25	141
	2	1525		26	194
	3	282		27	241
	4	481		28	313
	5	308		29	331
	6	721		30	271
	7	506		31	204
	8	385		32	200
	9	376		33	214
	10	678		34	188
	11	656		35	165
	12	534		36	191
	13	562		37	233
	14	322		38	191
	15	302		39	291
	16	175		40	408
	17	143		41	350
	18	104		42	294
	19	95		43	155
	20	62		<b>Skupaj</b>	<b>42.876</b>



## B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 15. 10. do 29. 10. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo sekvencirali genomska zaporedja 499 vzorcev, vsi 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 15. 10. do 29. 10. 2022.

Različica virusa	Shema A	Različica virusa	Shema A
<b>BA.5</b>	<b>484</b>	<i>BA.5.2.9</i>	2
<i>BA.5.2</i>	82	<i>BA.5</i>	2
<i>BF.7</i>	70	<i>BA.5.2.24</i>	2
<i>BA.5.1</i>	67	<i>BA.5.2.3</i>	2
<i>BA.5.2.1</i>	33	<i>BA.5.2.21</i>	1
<i>BF.14</i>	28	<i>BA.5.2.23</i>	1
<i>BQ.1.1</i>	27	<i>BA.5.2.8</i>	1
<i>BA.5.2.26</i>	18	<i>BF.10</i>	1
<i>BA.5.9</i>	14	<i>BE.1</i>	1
<i>BA.5.2.6</i>	13	<i>BA.5.1.24</i>	1
<i>BA.5.2.20</i>	13	<i>BE.1.1.1</i>	1
<i>BA.5.1.5</i>	12	<i>BA.5.3.1</i>	1
<i>BE.1.1</i>	10	<i>BE.3</i>	1
<i>BA.5.1.26</i>	10	<i>BA.5.5</i>	1
<i>BA.5.2.18</i>	9	<b>BA.2</b>	<b>8</b>
<i>BA.5.1.22</i>	8	<i>XBB</i>	1
<i>BA.5.1.23</i>	8	<i>BM.4.1.1</i>	1
<i>BA.5.1.2</i>	7	<i>BM.1</i>	1
<i>BA.5.2.22</i>	7	<i>BA.2.75.2</i>	1
<i>BF.8</i>	6	<i>BY.1</i>	1
<i>BV.1</i>	6	<i>BA.2.75.5</i>	1
<i>BF.5</i>	5	<i>BA.2.3.20</i>	1
<i>BA.5.1.10</i>	4	<i>BA.5.2</i>	1
<i>BE.1.1.2</i>	3	<b>BA.4</b>	<b>7</b>
<i>BF.4</i>	2	<i>BA.4.6</i>	6
<i>BQ.1</i>	2	<i>BA.4.1.4</i>	1
<i>BA.5.1.21</i>	2	<b>Skupaj</b>	<b>499</b>

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

Med 42.319 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 284 različic (pangolinij) virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=126), delta (n=89) in alfa (n=2). Spreminjanje deležev glavnih 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 15.595 osebah, 499 novih primerov poročamo v zadnji seriji sekvenciranja (vse sheme).

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

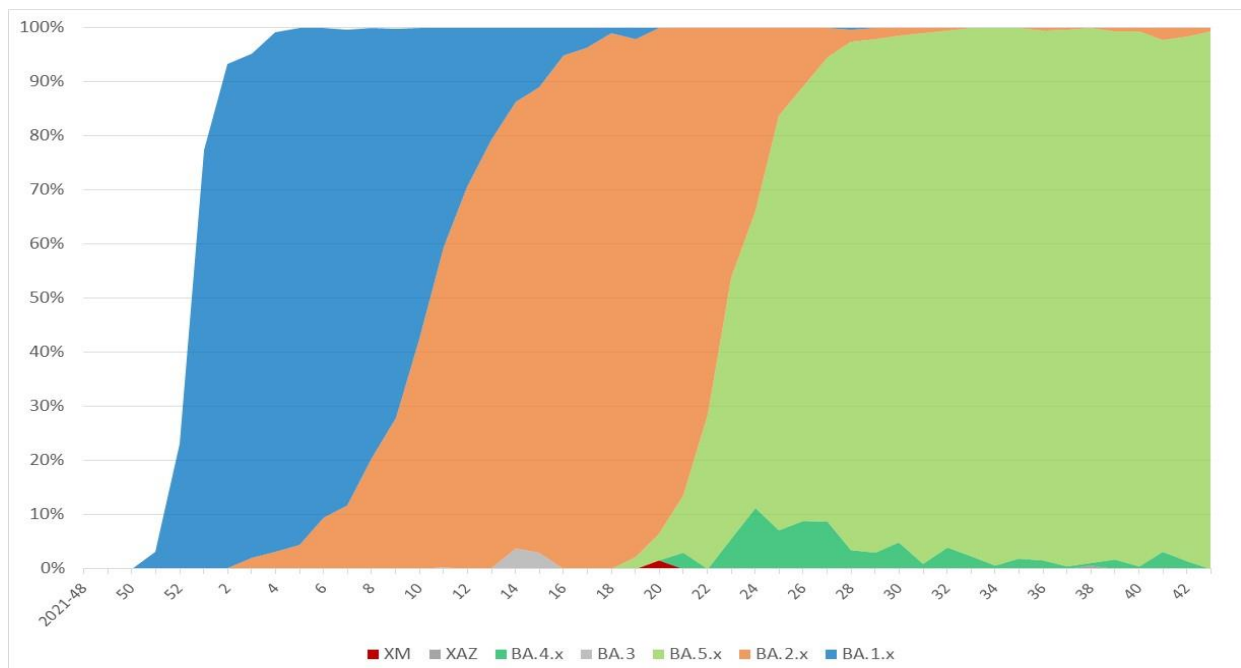
**Podlinijo BA.2** (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3151 osebah, 8 novih primerov poročamo v tej seriji.

**Podlinijo BA.3** smo skupaj potrdili pri 24 osebah.

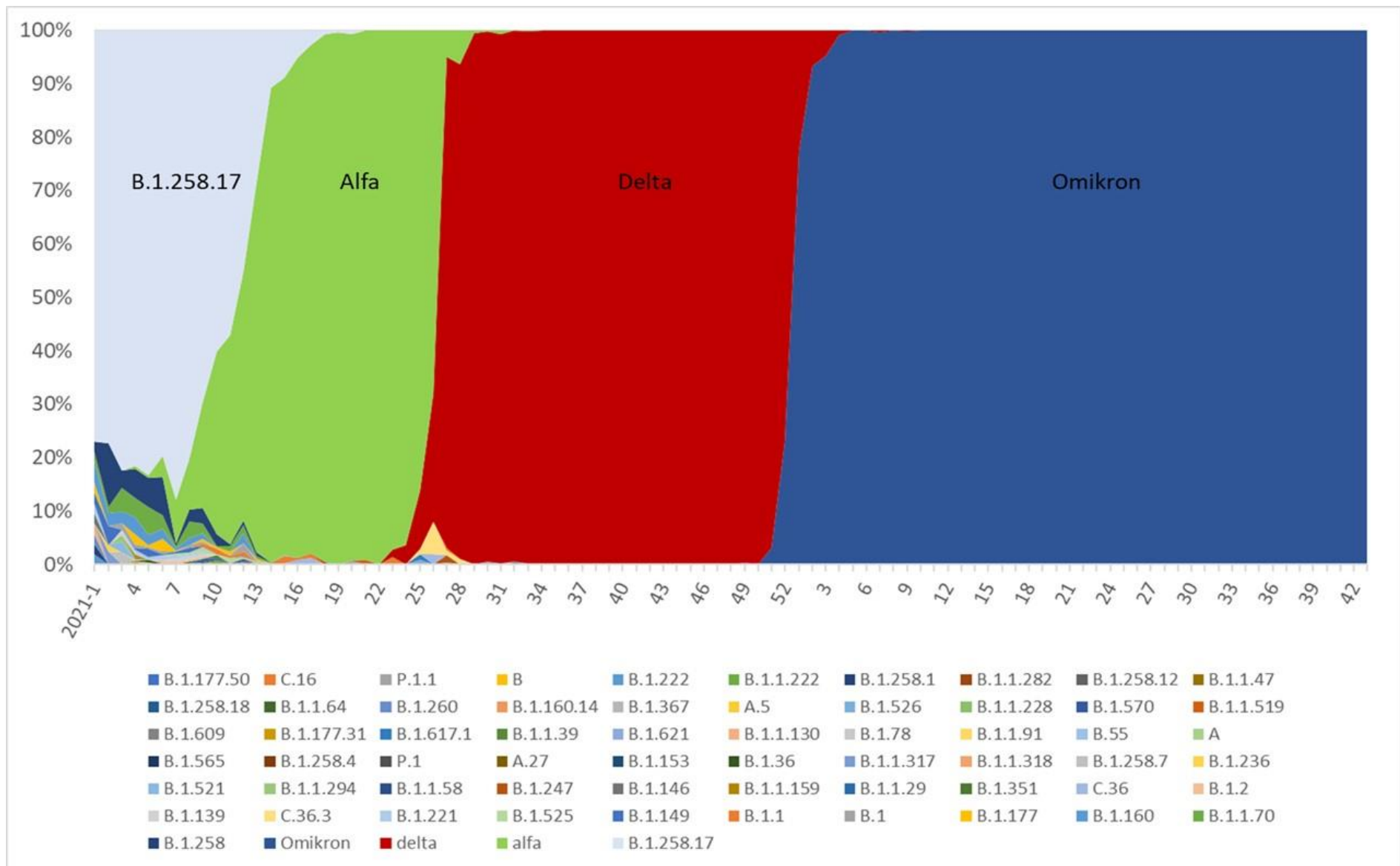
**Podlinijo BA.4** (BA.4.x) (VOC) smo potrdili pri 142 osebah, 7 novih primerov poročamo v tej seriji sekvenciranja.

**Podlinijo BA.5** (BA.5.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 4438 osebah, 484 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).