



Maribor, 1. 12. 2022

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

### Poročilo št. 80

#### A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov

Od 1. 1. 2021 do 12. 11. 2022 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 43.198 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 15.185 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>	22	56
<b>2021</b>		<b>27.456</b>		23	54
<b>2022</b>		<b>15.185</b>		24	71
	52	138		25	141
	1	1686		26	194
	2	1525		27	241
	3	282		28	313
	4	481		29	331
	5	308		30	271
	6	721		31	204
	7	506		32	200
	8	385		33	214
	9	376		34	188
	10	678		35	165
	11	656		36	191
	12	534		37	233
	13	562		38	191
	14	322		39	291
	15	302		40	408
	16	175		41	350
	17	143		42	294
	18	104		43	205
	19	95		44	140
	20	62		45	132
	21	66		<b>Skupaj</b>	<b>43.198</b>



### B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 29. 10. do 12. 11. 2022

V zadnjem dvotedenskem obdobju smo sekvencirali genomska zaporedja 305 vzorcev, 304 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 29. 10. do 12. 11. 2022.

Različica	Shema A	Shema C	Skupaj	Različica	Shema A	Shema C	Skupaj
<b>BA.5</b>	<b>288</b>	<b>1</b>	<b>289</b>	<i>BQ.1.2</i>	1		1
<i>BF.7</i>	53		53	<i>BQ.1.1.3</i>	1		1
<i>BA.5.2</i>	39		39	<i>BA.5.2.7</i>	1		1
<i>BA.5.1</i>	36	1	37	<i>BA.5.2.24</i>	1		1
<i>BF.14</i>	20		20	<i>BA.5.2.6</i>	1		1
<i>BQ.1.1</i>	20		20	<i>BF.11</i>	1		1
<i>BA.5.2.1</i>	19		19	<i>CP.1</i>	1		1
<i>BA.5.9</i>	11		11	<i>BF.7.9</i>	1		1
<i>BA.5.1.22</i>	8		8	<i>BQ.1.1.18</i>	1		1
<i>BF.5</i>	7		7	<i>BF.26</i>	1		1
<i>BQ.1</i>	6		6	<i>BQ.1.1.4</i>	1		1
<i>BA.5.1.23</i>	5		5	<i>BK.1</i>	1		1
<i>BE.4.1.1</i>	4		4	<i>BQ.1.18</i>	1		1
<i>BA.5.2.18</i>	4		4	<i>BA.5.2.34</i>	1		1
<i>BA.5.1.2</i>	4		4	<i>BV.1</i>	1		1
<i>BF.6</i>	3		3	<i>BE.1</i>	1		1
<i>BA.5.2.20</i>	3		3	<i>CU.1</i>	1		1
<i>BE.1.1</i>	3		3	<i>BQ.1.1.13</i>	1		1
<i>BA.5.2.26</i>	3		3	<i>BQ.1.1.15</i>	1		1
<i>BF.11.1</i>	3		3	<b>BA.2</b>	<b>15</b>		<b>15</b>
<i>BA.5.1.3</i>	2		2	<i>BA.2.3.20</i>	8		8
<i>BF.7.7</i>	2		2	<i>BM.4.1.1</i>	2		2
<i>BF.7.1</i>	2		2	<i>BN.1.5</i>	1		1
<i>BE.1.1.2</i>	2		2	<i>BN.3.1</i>	1		1
<i>BA.5.1.10</i>	2		2	<i>CJ.1</i>	1		1
<i>BA.5.2.22</i>	2		2	<i>BN.1</i>	1		1
<i>BQ.1.10.1</i>	2		2	<i>BN.1.3.1</i>	1		1
<i>BA.5.1.24</i>	2		2	<b>XAZ</b>	<b>1</b>		<b>1</b>
<i>BF.8</i>	2		2	<b>Skupaj</b>	<b>304</b>	<b>1</b>	<b>305</b>



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

Med 42.633 vzorci iz leta 2021 in 2022 (iz vseh shem) smo dokazali 308 različic (pangolinij) virusa SARS-CoV-2, vključno s podlinijami različice omikron (n=150), 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 15.909 osebah (vse sheme).

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

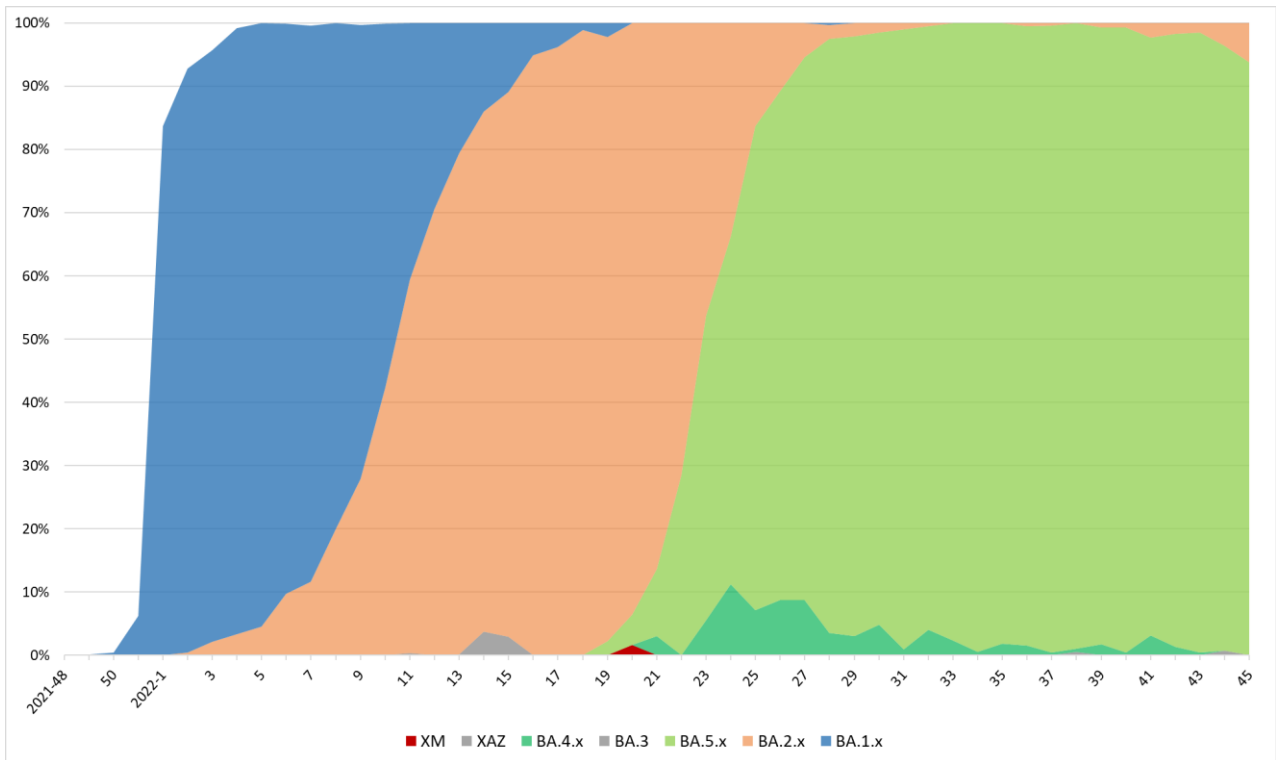
**Podlinijo BA.2** (BA.2.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 3166 osebah, 15 novih primerov poročamo v tej seriji.

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

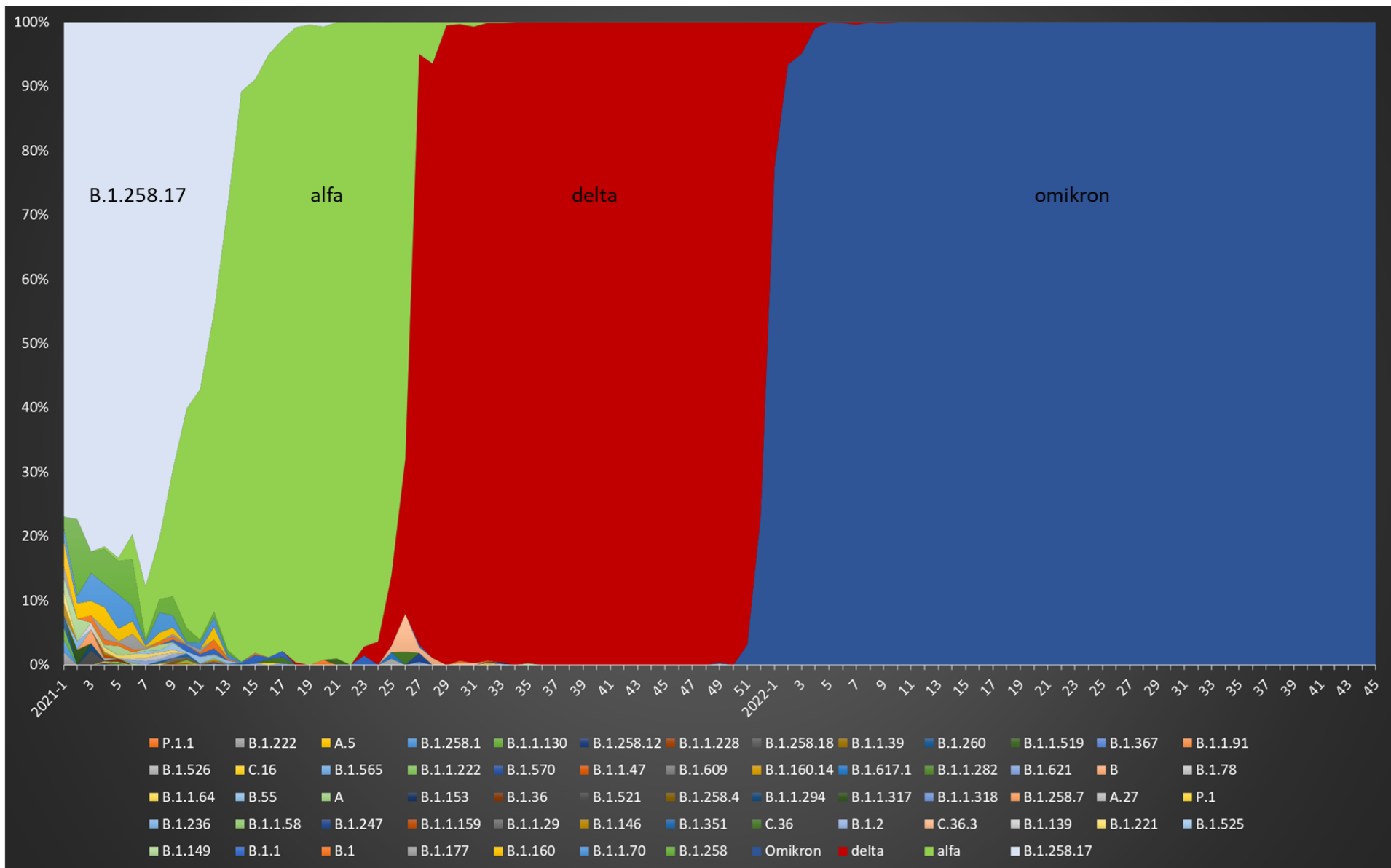
**Podlinijo BA.4** (BA.4.x) (VOC) smo potrdili pri 142 osebah.

**Podlinijo BA.5** (BA.5.x) (VOC) smo do sedaj potrdili pri 4736 osebah, 289 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).