



Maribor, 7. 3. 2023

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

Poročilo št. 87

A) Sekvenciranje zaporedij celotnih genomov virusa SARS-CoV-2

Od 1. 1. 2021 do 24. 2. 2023 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 45.507 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.

V tabeli 1 je podan pregled števila analiziranih genomov virusa SARS-CoV-2 po tednih v letu 2023.

Tabela 1. Število analiziranih genomov virusa SARS-CoV-2 med 2020 in 2023.

Leto	Teden	Število genomov
2020		557
2021		27.456
2022		16.961
2023		533
	1	149
	2	96
	3	55
	4	51
	5	41
	6	41
	7	44
	8	56
	Skupaj	45.507

B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 11. 2. 2023 do 24. 2. 2023

V zadnjem obdobju smo sekvencirali genomska zaporedja 110 SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev, vsi iz sheme A. V vseh vzorcih smo potrdili različico omikron (Tabela 2).



Tabela 2. Različice virusa SARS-CoV-2, potrjene v vzorcih odvzetih od 11. 2. 2023 do 24. 2. 2023.

Različica virusa	Shema A
BQ.1	48
<i>BQ.1.1</i>	20
<i>BQ.1.1.13</i>	11
<i>BQ.1.10</i>	6
<i>BQ.1.1.46</i>	5
<i>BQ.1.18</i>	2
<i>BQ.1.1.18</i>	1
<i>EF.1</i>	1
<i>BQ.1.1.22</i>	1
<i>BQ.1.1.44</i>	1
XBB.1.5	26
BA.2.75	19
<i>CH.1.1</i>	13
<i>BN.1.7</i>	2
<i>BN.1.3</i>	2
<i>CH.1.1.2</i>	1
<i>CH.1.1.1</i>	1
BA.5	7
<i>BA.5.1.26</i>	2
<i>BF.7.22</i>	2
<i>BF.7</i>	2
<i>CP.1</i>	1
XBB	4
<i>XBB.1.9.2</i>	3
<i>XBB.1.9.1</i>	1
VARIANT_OTHER_XBK	4
VARIANT_OTHER_XBP	1
VARIANT_OTHER_XBF	1
Skupaj	110

C) Spremljanje pomembnih različic - analiza tekom celotnega obdobja sekvenciranja

ECDC na seznam različic, ki jih podrobneje spremljamo uvršča: BA.2, BA.4 in BA.5 (VOC, »Variants of Concern«) ter BA.2.75, BQ.1 in rekombinantno linijo XBB in njeno hčerinsko linijo XBB.1.5 (VOI, »Variants of Interest«). XBB je nastala z rekombinacijo med BJ.1 (BA.2.10.1.1) in BM.1.1.1 (BA.2.75.3.1.1.1).

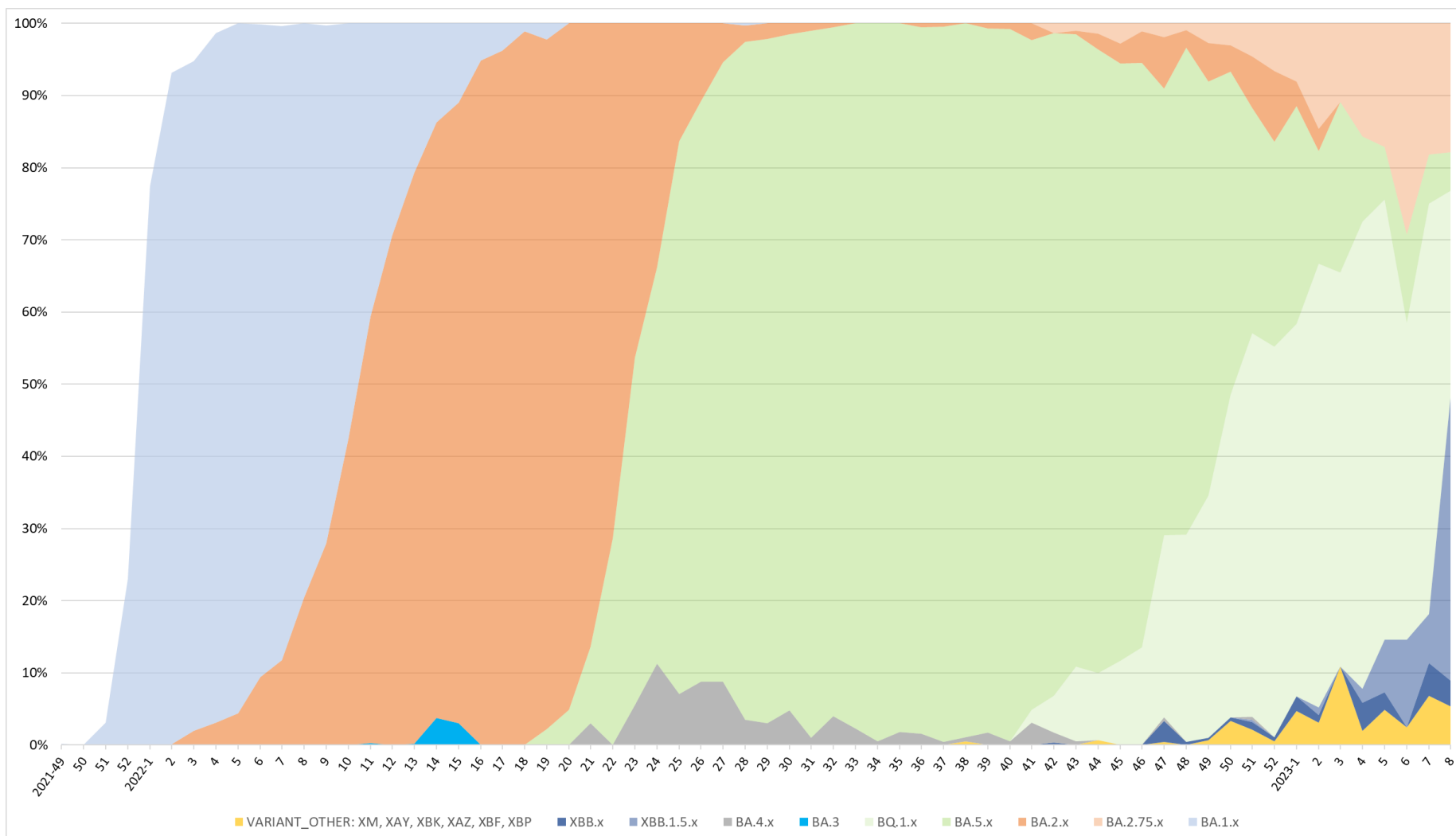
Tabela 3 prikazuje število potrebnih primerov različic, ki jih podrobneje spremljamo.



Tabela 3. Prikaz števila potrjenih primerov različic virusa SARS-CoV-2, ki jih podrobneje spremljamo.

Različica	Starševska linija	Število potrjenih primerov (ta serija)	Skupaj potrjenih primerov	Status (ECDC)
BA.2	B.1.1.529	0	3257	VOC
BA.2.75	BA.2	19	142	VOI
BA.4	B.1.1.529	0	144	VOC
BA.5	B.1.1.529	7	5689	VOC
BQ.1	BA.5	48	1018	VOI
XBB	rekombinanta	4	26	VOI
XBB.1.5	XBB	26	36	VOI

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 podrazličic omikrona po tednih. Zraven glavnih podrazličic omikrona so posebej izpostavljene še BQ.1 in njene podlinije (hčerinska linija BA.5), BA.2.75 s podlinijami (hčerinska linija BA.2) in XBB (rekombinanta med BJ.1 in BM.1.1.1) ter njena hčerinska linija XBB.1.5, katerih deleži v zadnjih tednih naraščajo in jih je ECDC uvrstil med različice, ki jih podrobneje spremljamo (VOI, »Variants of Interest«; <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).