



Maribor, 11. 5. 2023

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

Poročilo št. 91

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

Od 1. 1. 2021 do 26. 4. 2023 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 46.208 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		1234
	1	149
	2	96
	3	55
	4	51
	5	42
	6	41
	7	46
	8	63
	9	68
	10	88
	11	100
	12	110
	13	90
	14	66
	15	73
	16	75
	17	21
	Skupaj	46.208



B) Prisotnost in razporeditev različic virusa v obdobju od 8. 4. 2023 do 26. 4. 2023

V zadnjem obdobju smo sekvencirali genomska zaporedja 183 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 8. 4. 2023 do 26. 4. 2023.

Različica virusa	Shema A
XBB	101
<i>XBB.1.9.1</i>	79
<i>EG.1</i>	11
<i>XBB.1.9.2</i>	6
<i>XBB.1.17.1</i>	3
<i>XBB.2.3.1</i>	1
<i>XBB.1.21</i>	1
XBB.1.5	49
<i>XBB.1.5</i>	21
<i>XBB.1.5.38</i>	8
<i>XBB.1.5.12</i>	7
<i>EU.1.1</i>	5
<i>XBB.1.5.7</i>	3
<i>XBB.1.5.24</i>	3
<i>XBB.1.5.13</i>	2
BA.2.75	14
<i>CH.1.1.1</i>	7
<i>CH.1.1.17</i>	4
<i>CH.1.1.11</i>	2
<i>CH.1.1</i>	1
BQ.1	13
<i>BQ.1.13.1</i>	8
<i>BQ.1.1.46</i>	2
<i>BQ.1.1</i>	1
<i>BQ.1.1.1</i>	1
<i>BQ.1.1.45</i>	1
BA.5	2
<i>BE.1.1.1</i>	1
<i>BA.5.1</i>	1
XAY	1
<i>XAY.1.1</i>	1
XBC	1
<i>XBC.1.3</i>	1
XBF	1
XBV	1
Skupaj	183



C) Spremljanje pomembnih različic - analiza tekom celotnega obdobja sekvenciranja

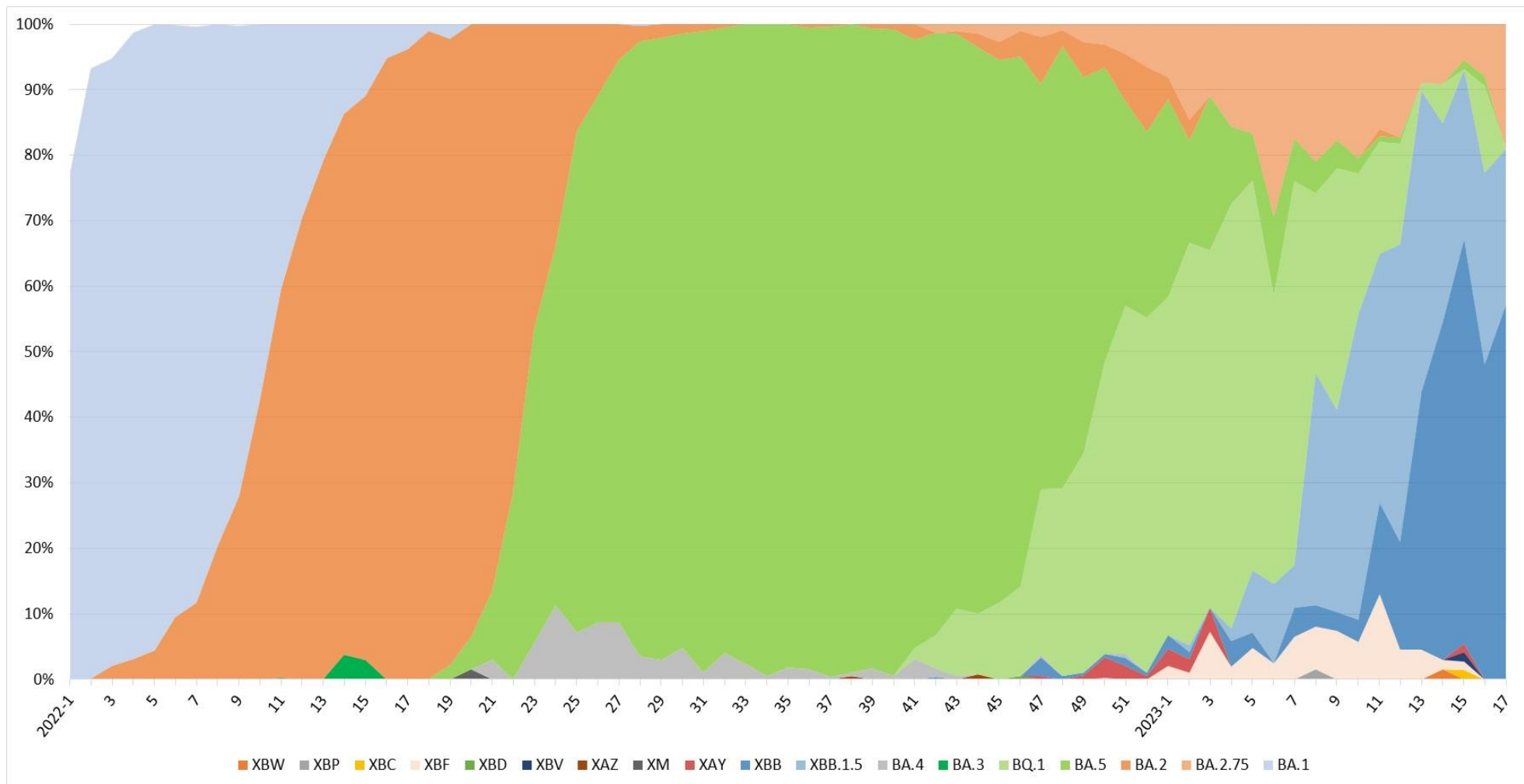
Od 23. 3. 2023 ECDC nobene različice ne uvršča med VOC («Variants of Concern»), medtem ko se BA.2.75, BQ.1 in rekombinantno linijo XBB in njeno hčerinsko linijo XBB.1.5 podrobneje spremlja (VOI, «Variants of Interest») (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).

Tabela 3 prikazuje število potrjenih 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.2.75	BA.2	14	238	VOI
BQ.1	BA.5	13	1114	VOI
XBB	rekombinanta	101	226	VOI
XBB.1.5	XBB	49	294	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 zastopnost različic virusa SARS-CoV-2 po tednih.