

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

Poročilo št. 115

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

Od 1. 1. 2021 do 24. 3. 2024 smo s sekvenciranjem zaporedij celotnih genomov analizirali 48.062 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 od 2020 do 2024 in po tednih za leto 2023. Na sliki 1 so prikazani deleži posameznih skupin različic virusa SARS-CoV-2 od leta 2021 dalje.

Tabela 1: Število analiziranih genomov virusa SARS-CoV-2 od 2020 do 2024 in po tednih sprejema vzorcev v laboratorij za tekoče leto.

Leto	Teden	Število genomov
2020	vse	557
2021	vse	27.456
2022	vse	16.961
2023	vse	2.894
2024	vse	194
2024	1	66
	2	23
	3	26
	4	15
	5	14
	6	19
	7	12
	8	7
	9	1
	10	8
	11	3
Skupaj vse		48.062

B) Različice virusa iz vzorcev analiziranih v obdobju od 18. 3. 2024 do 24. 3. 2024

V zadnjem obdobju smo uspešno sekvencirali genomska zaporedja 3 vzorcev SARS-CoV-2, ki so bili pozitivni na PCR, vsi iz sheme A. Različice virusa so prikazane v tabeli 2.

Tabela 2: Potrjene različice virusa SARS-CoV-2 v vzorcih analiziranih od 18. 3. 2024 do 24. 3. 2024*

Različica virusa	Število
JN.1	2
JN.1.11.1	1
Skupaj	3

* vzorci analizirani v tem tednu, so bili odvzeti od enega do nekaj tednov prej.



C) Spremljanje pomembnih različic virusa

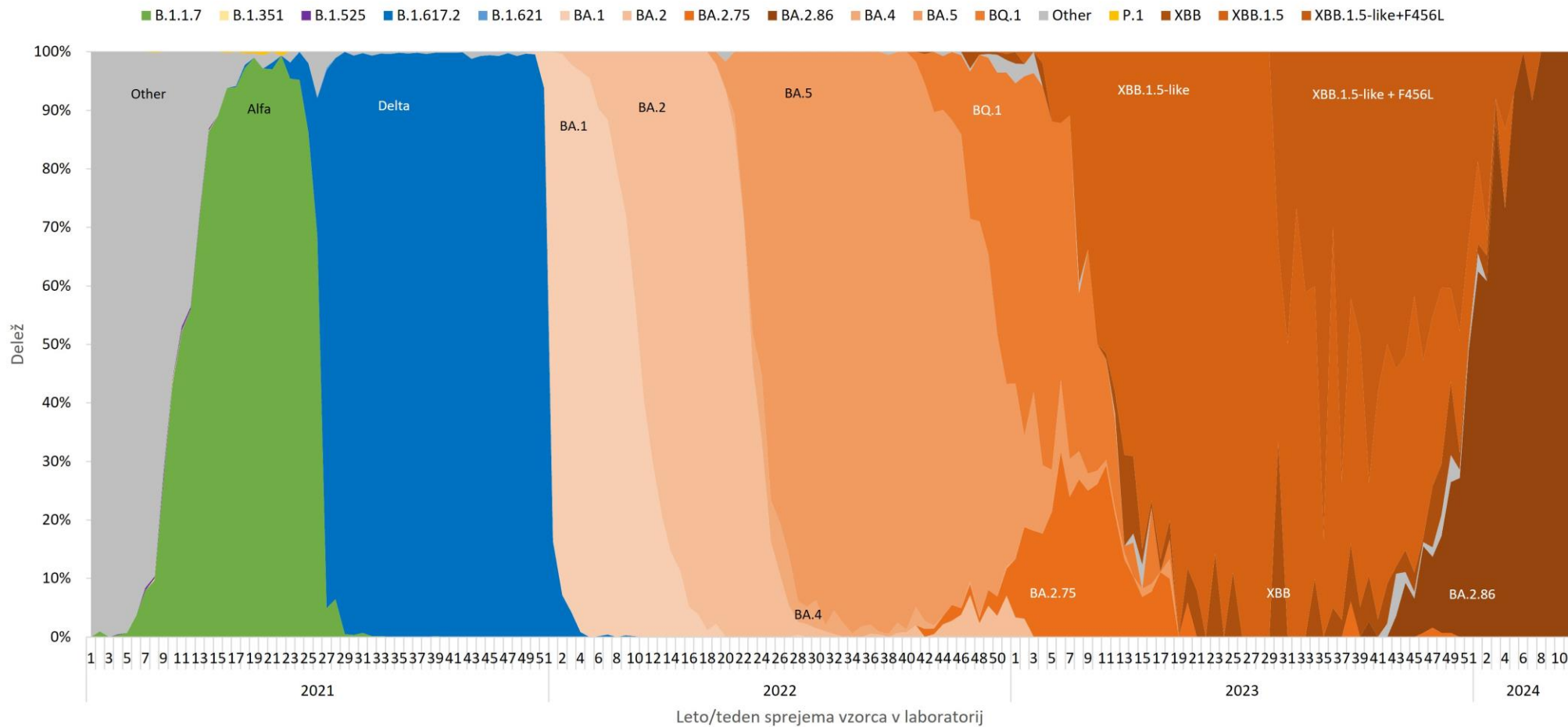
Od 23. 3. 2023 ECDC nobene različice ne uvršča v kategorijo VOC¹ (angl. *Variants of Concern*), medtem ko se podrobneje spremlja linije (in hčerinske linije) XBB.1.5-like in BA.2.86 (VOI; angl. *Variant of Interest*) (Tabela 3).

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

Različica	Število potrjenih primerov (ta serija)	Skupaj potrjenih primerov	Status ECDC ¹
BA.2.86	3	356	VOI
XBB.1.5-like*	0	1452	VOI

* Zaradi nizke stopnje pojavljanja različic XBB.1.5-like in XBB.1.5-like+F456L ter njune podobnosti ju je ECDC združil pod isto oznako XBB.1.5-like

¹ Dostopno na spletni strani ECDC na povezavi: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>



Silka 1: Delež skupin različic virusa SARS-CoV-2 od leta 2021 dalje.