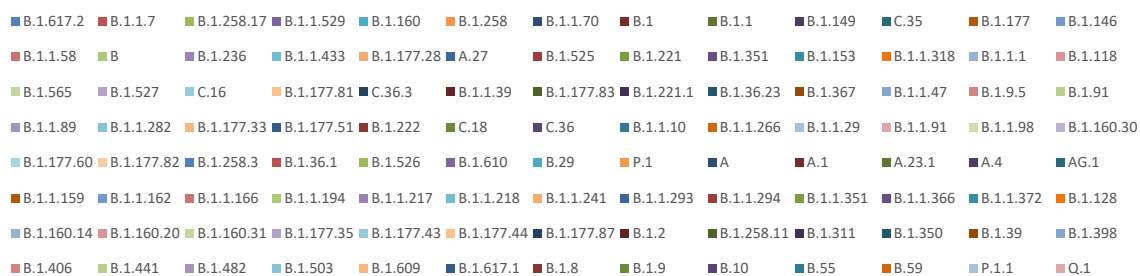
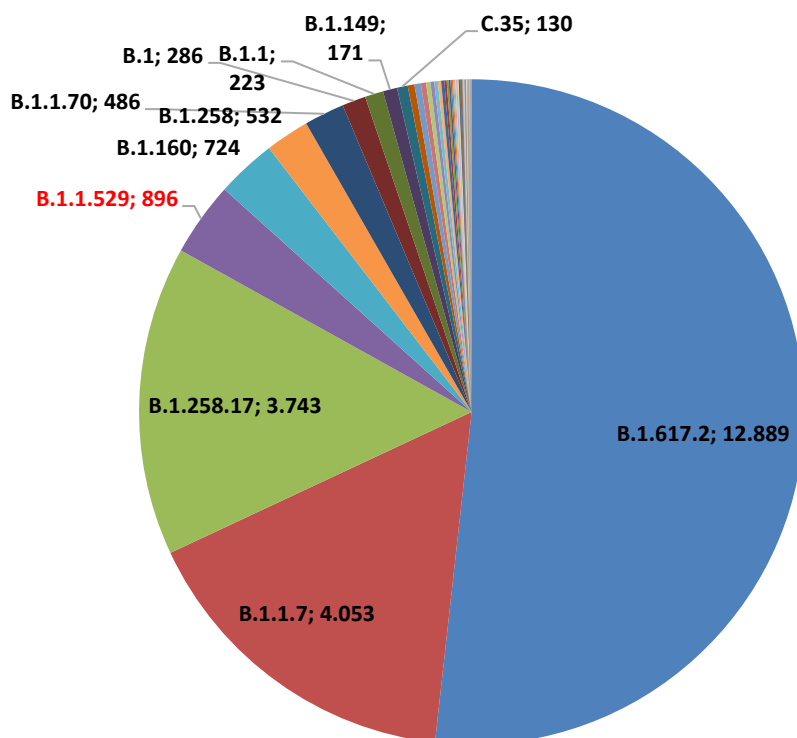




Datum: Ljubljana 13.01.2022

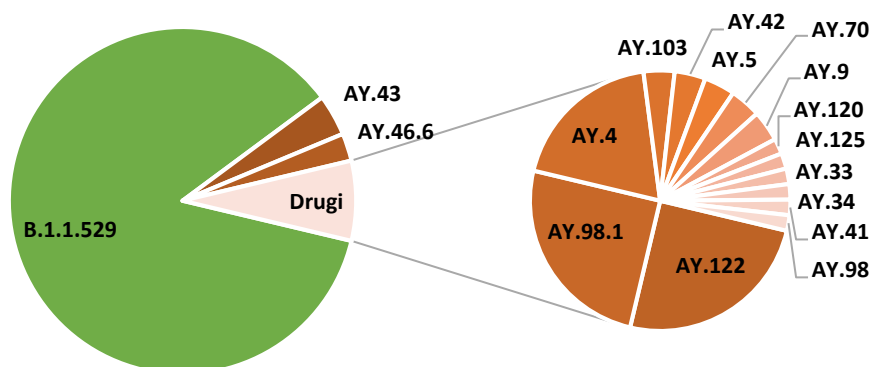
***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani***  
**Rezultati testiranja 3.774 vzorcev odvzetih med 27. 12. 2021 in 02. 01. 2022**

V **dvainpetdeseto presegalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **3.774 vzorcev (81 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 27. 12. 2021 in 02. 01. 2022**. Izmed teh je bilo 62 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 15 % iz Goriške regije, 5 % iz Zasavske regije, 4 % iz Posavske regije, po 3 % iz Jugovzhodne in Obalno-kraške regije, po 2 % iz Savinjske, Primorsko-notranjske in Gorenjske regije in 1 % iz Podravske regije. Dvainsedemdeset vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.





**Slika 1.** Razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.



**Slika 2.** Razporeditev posameznih genetskih različic in podrazličic dokazanih v dvainpetdesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.

## Nadzor nad zaskrbljujočimi genetskimi različicami (VOC)

### Beta - B.1.351 - Južnoafriška različica

Različica beta (501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, D80A, D215G, K417N, E484K, N501Y, D614G in A701V. **V dvainpetdesetem presejalnem obdobju različice beta nismo potrdili.** Skupno smo do sedaj dokazali različico beta pri 23 osebah, od katerih jih 21 nima jasne epidemiološke anamneze za potencialni neposredni vnos iz tujine. Ena oseba je pripotovala iz celinske Tanzanije in ena iz Zanzibarja.

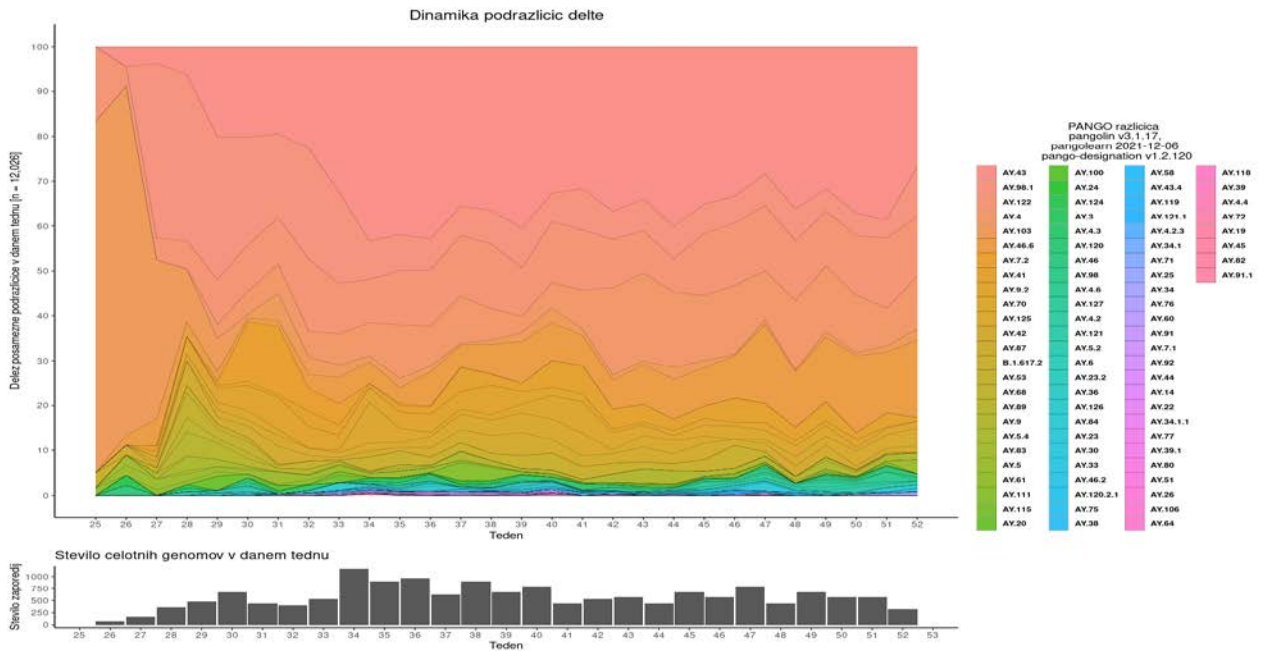
### Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V dvainpetdesetem presejalnem obdobju različice gama nismo potrdili.** Različico gama smo doslej potrdili pri 3 osebah.

### Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Različica delta (B.1.617.2) vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V dvainpetdesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 54 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 12.889 osebah.

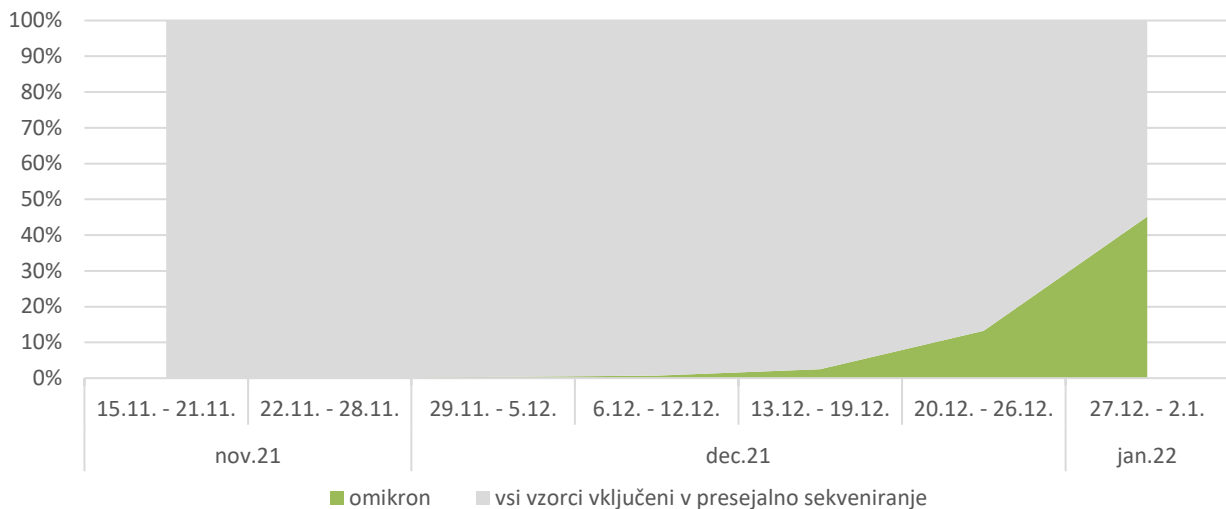
Zaradi svetovne razširjenosti, pri različici delta spremljamo tudi pojav posameznih mutacij v virusnem genomu, iz katerih se lahko oblikujejo nove različice ali podrazličice. Trenutno spremljamo več kot 150 podrazličic delta, ki so označene: AY.številka. Kljub podrobnemu spremljanju, do sedaj ni dokazov, da bi bila katerakoli podrazličica delte bolj kužna ali virulentna od ostalih.



Slika 3. Delež posameznih podrazličic delte potrjenih v presejalnem testiranju.

### Omikron - B.1.1.529

Različica omikron (484A – B.1.1.529) vsebuje 26 aminokislinskih zamenjav, 3 delecije in 1 insercijo na beljakovini bodice S v primerjavi s prvotno različico (A67V, del69\_70, T95I, G142D, del143\_145, N211I, del211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, D796Y, N856K, Q954H, N969K in L981F). **V dvainpetdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v 601 vzorcu. Različico omikron smo potrdili v 46 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.**



Slika 4. Naraščanje deleža različice omikron v presejalnem sekveniranju.