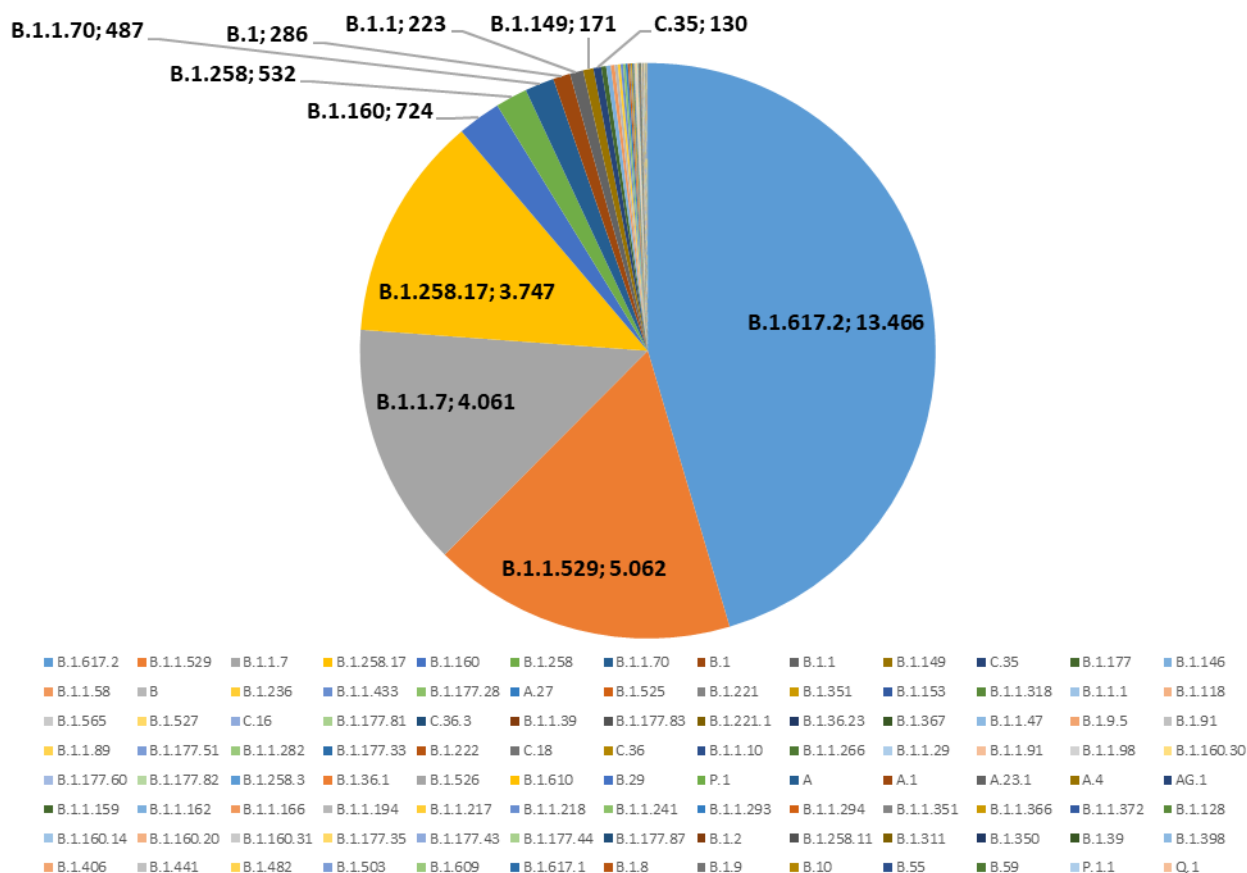




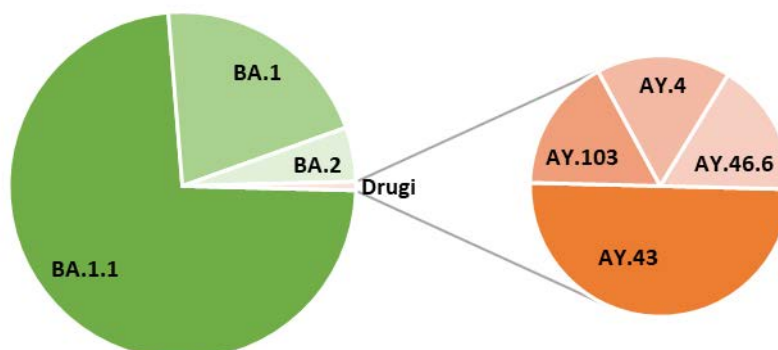
Datum: Ljubljana 16.02.2022

***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani***  
**Rezultati testiranja 753 vzorcev odvzetih med 31. 01. 2022 in 06. 02. 2022**

V **sedeminpetdeseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **753 vzorcev (9 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 31. 01. 2022 in 06. 02. 2022**. Izmed teh je bilo 50 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 21 % iz Goriške regije, po 6 % iz Zasavske in Jugovzhodne regije, 5 % iz Posavske regije, 3 % iz Obalno-kraške regije, po 2 % iz Gorenjske in Primorsko-notranjske regije in po 1 % iz Savinjske in Podravske regije. Dva in dvajset 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 podrazličic delte (AY.številka) in omikrona (BA.številka) dokazanih v sedeminpetdesetem 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 sedeminpetdesetem 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

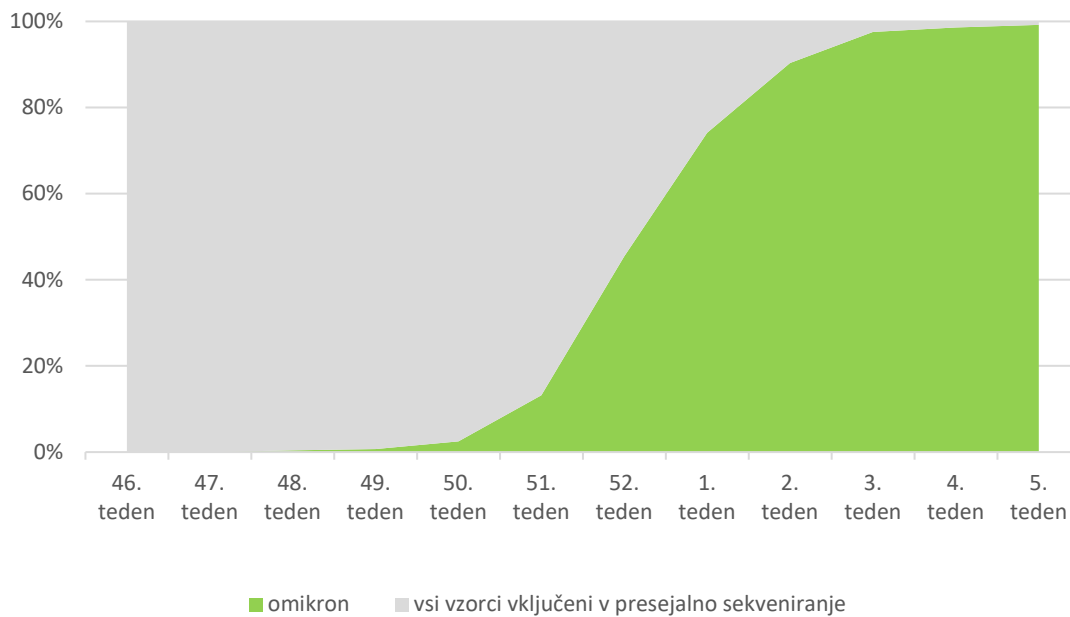
Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V sedeminpetdesetem presejalnem obdobju različice gama nismo potrdili.** Različico gama smo doslej potrdili pri 3 osebah.

### Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

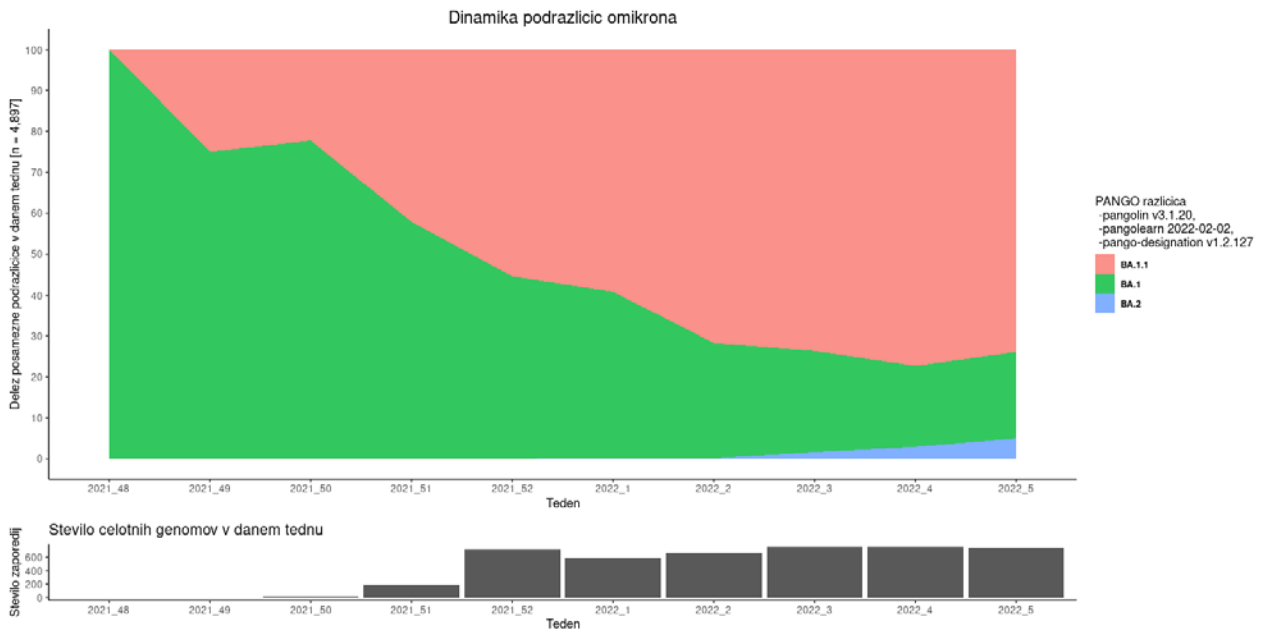
Različica delta (B.1.617.2) vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V sedeminpetdesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 0,8 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 13.466 osebah.

### 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 sedeminpetdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v 747 vzorcih (v 552 vzorcih podrazličico BA.1.1, v 157 vzorcih BA.1 in v 38 vzorcih podrazličico BA.2).** Različico omikron smo potrdili v 99,2 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.



**Slika 3.** Naraščanje deleža različice omikron v presejalnem sekveniranju.



**Slika 4.** Delež posameznih podrazličic omikrona potrjenih v presejalnem testiranju.