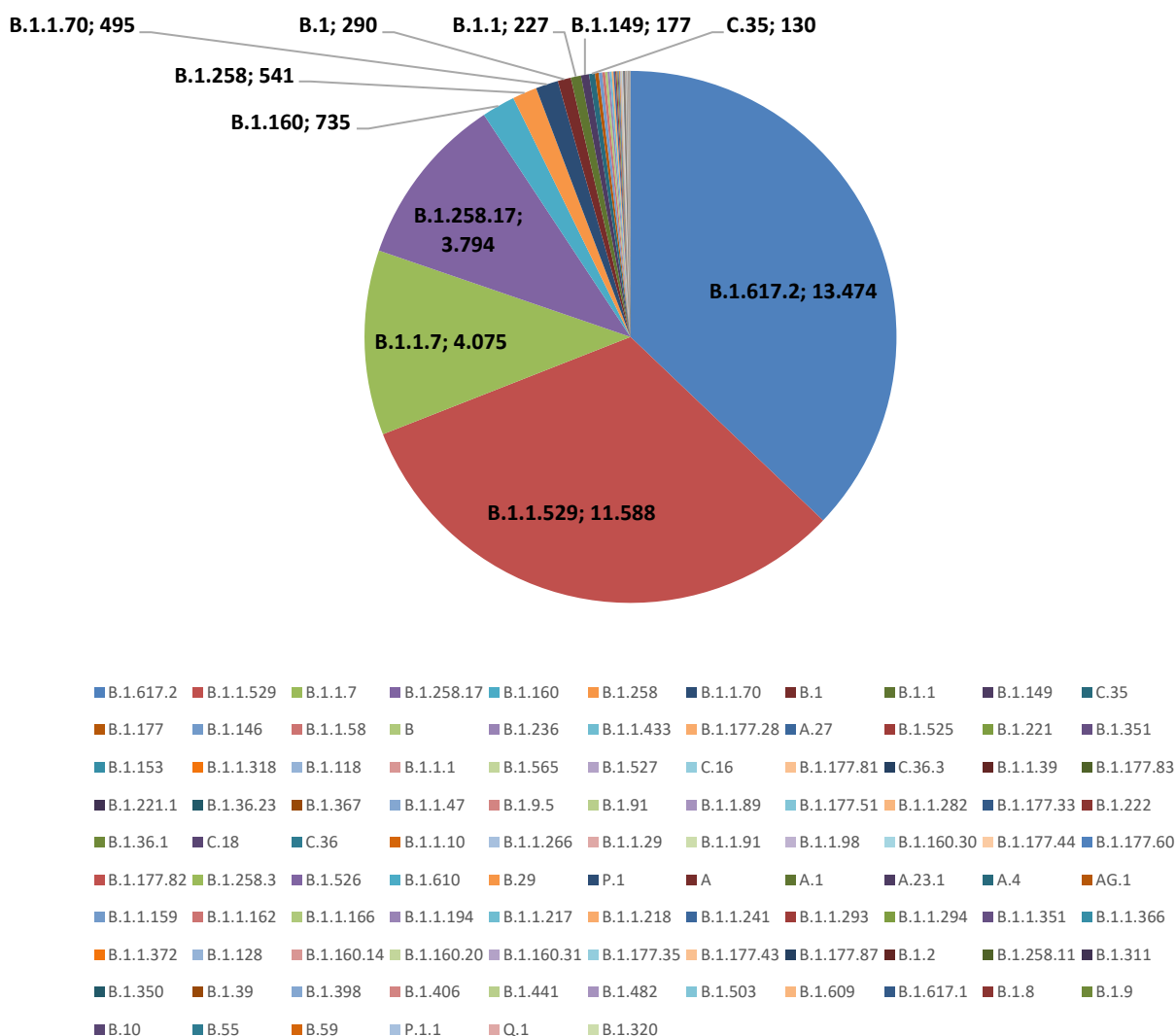




Datum: Ljubljana 20.07.2022

### ***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani***

V devetinsedemdeseto presejalno sekveniranje virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 189 vzorcev (83 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI)**, ki so bili odvzeti med **04. 07. 2022 in 10. 07. 2022**. Izmed teh je bilo 69 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, 6 % iz Gorenjske regije, 5 % iz Zasavske regije, 4 % iz Jugovzhodne regije, 3 % iz Goriške regije, po 2% iz Obalno-kraške in Savinjske regije in po 1 % iz Pomurske, Podravske, Posavske regije. Štirinajst 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.



## Nadzor nad zaskrbljujočimi genetskimi različicami (VOC)

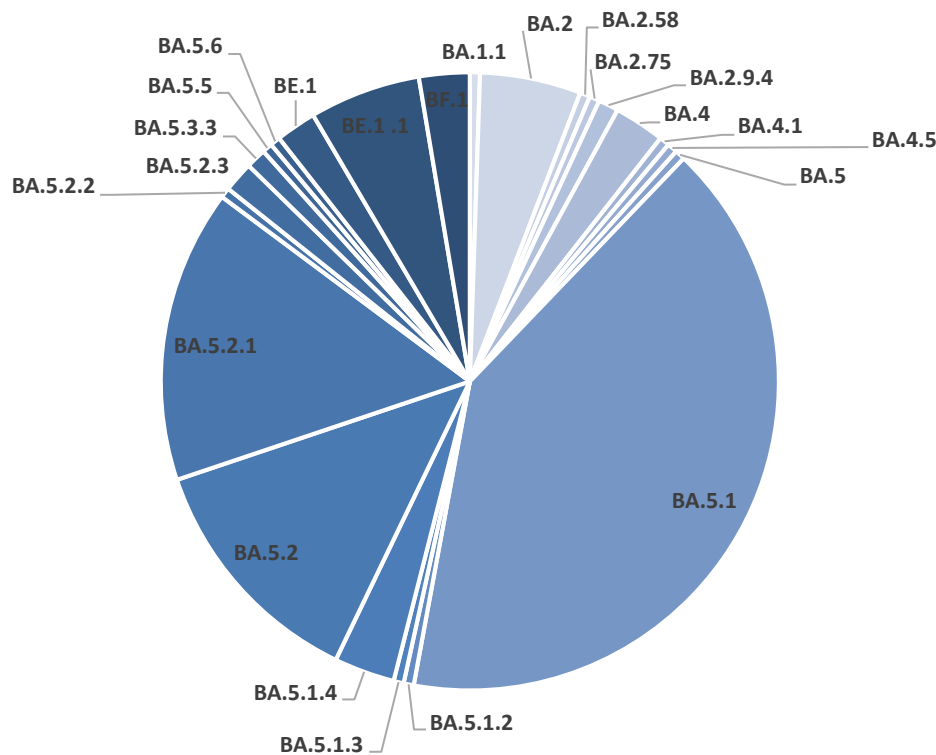
### Omikron - B.1.1.529

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).

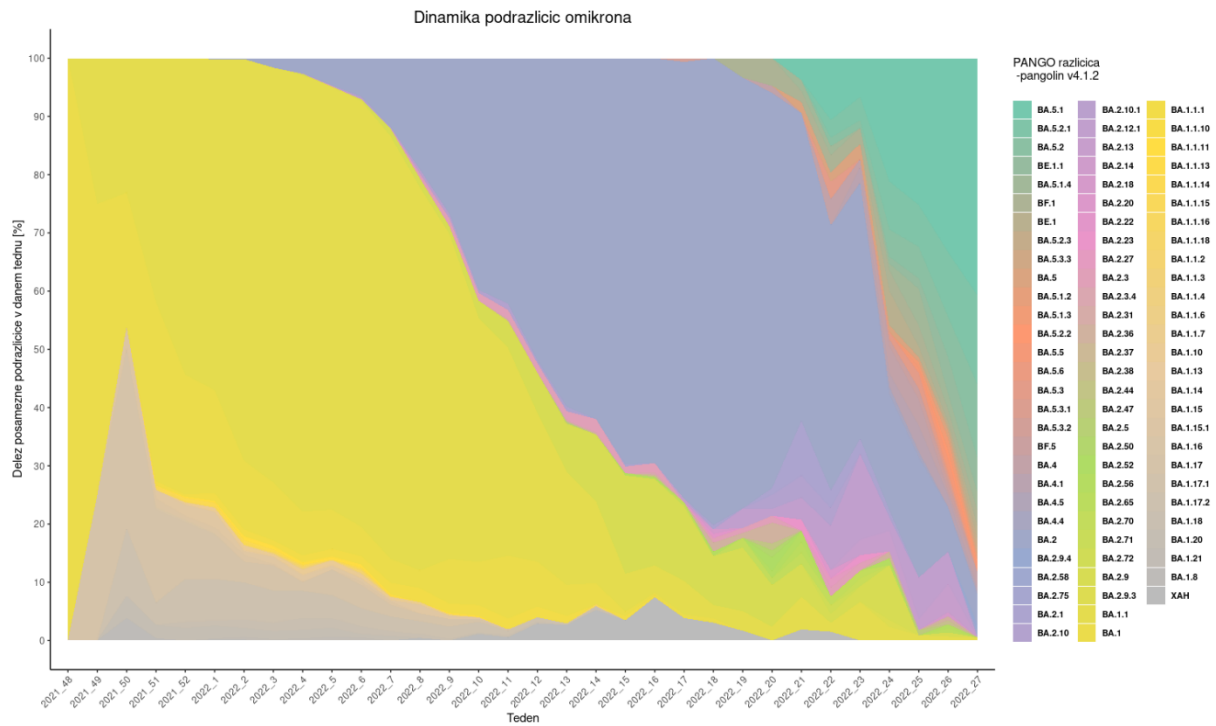
ECDC je junija 2022 na seznam zaskrbljujočih variant uvrstil 4 podrazličice omikrona (BA.1, BA.2, BA.4 in BA.5) ter vse njihove hčerinske linije.

**V devetinsedemdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v vseh vzorcih.**

Podrobno razporeditev posameznih genetskih podrazličic in hčerinskih linij omikrona dokazanih v devetinsedemdesetem tednu presejalnega testiranja prikazuje Slika 2.



**Slika 2.** Razporeditev posameznih genetskih podrazličic omikrona dokazanih v devetinsedemdesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



**Slika 3.** Delež posameznih podrazlic omikrona potrjenih v celotnem obdobju presejalnega testiranja od pojava B.1.1.529 v Sloveniji dalje.