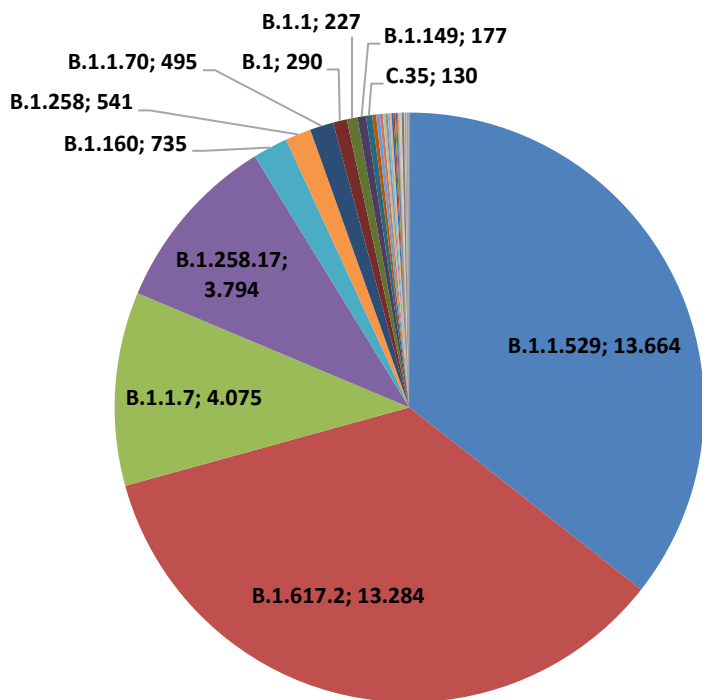




Datum: Ljubljana, 27. 09. 2022

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

V devetinosemdeseto presejalno sekveniranje virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 380 vzorcev (58 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI)**, ki so bili odvzeti med **12. 09. 2022 in 18. 09. 2022**. Izmed teh je bilo 79 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, 4 % iz Gorenjske regije, po 3 % iz Goriške ter Savinjske regije, po 2 % iz Jugovzhodne, Obalno-kraške ter Primorsko-notranjske regije in po 1 % iz Podravske, Pomurske, Posavske ter Zasavske regije. Devet vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



B.1.1.529	B.1.617.2	B.1.1.7	B.1.258.17	B.1.160	B.1.258	B.1.1.70	B.1	B.1.1	B.1.149	C.35	B.1.177
B.1.146	B.1.1.58	B	B.1.236	B.1.1.433	B.1.177.28	A.27	B.1.525	B.1.221	B.1.351	B.1.153	B.1.1.318
B.1.118	B.1.1.1	B.1.565	B.1.527	C.16	B.1.177.81	C.36.3	B.1.1.39	B.1.177.83	B.1.221.1	B.1.36.23	B.1.367
B.1.1.147	B.1.9.5	B.1.91	B.1.1.89	B.1.177.51	B.1.1.282	B.1.177.33	B.1.222	B.1.36.1	C.18	C.36	B.1.1.10
B.1.1.266	B.1.1.29	B.1.1.91	B.1.1.98	B.1.160.30	B.1.177.44	B.1.177.60	B.1.177.82	B.1.258.3	B.1.526	B.1.610	B.29
P.1	A	A.1	A.23.1	A.4	AG.1	B.1.1.159	B.1.1.162	B.1.1.166	B.1.1.194	B.1.1.217	B.1.1.218
B.1.1.241	B.1.1.293	B.1.1.294	B.1.1.351	B.1.1.366	B.1.1.372	B.1.128	B.1.160.14	B.1.160.20	B.1.160.31	B.1.177.35	B.1.177.43
B.1.177.87	B.1.2	B.1.258.11	B.1.311	B.1.350	B.1.39	B.1.398	B.1.406	B.1.441	B.1.482	B.1.503	B.1.609
B.1.617.1	B.1.8	B.1.9	B.10	B.55	B.59	B.1.1	Q.1	B.1.320			

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



Nadzor nad zaskrbljujočimi genetskimi različicami (VOC)

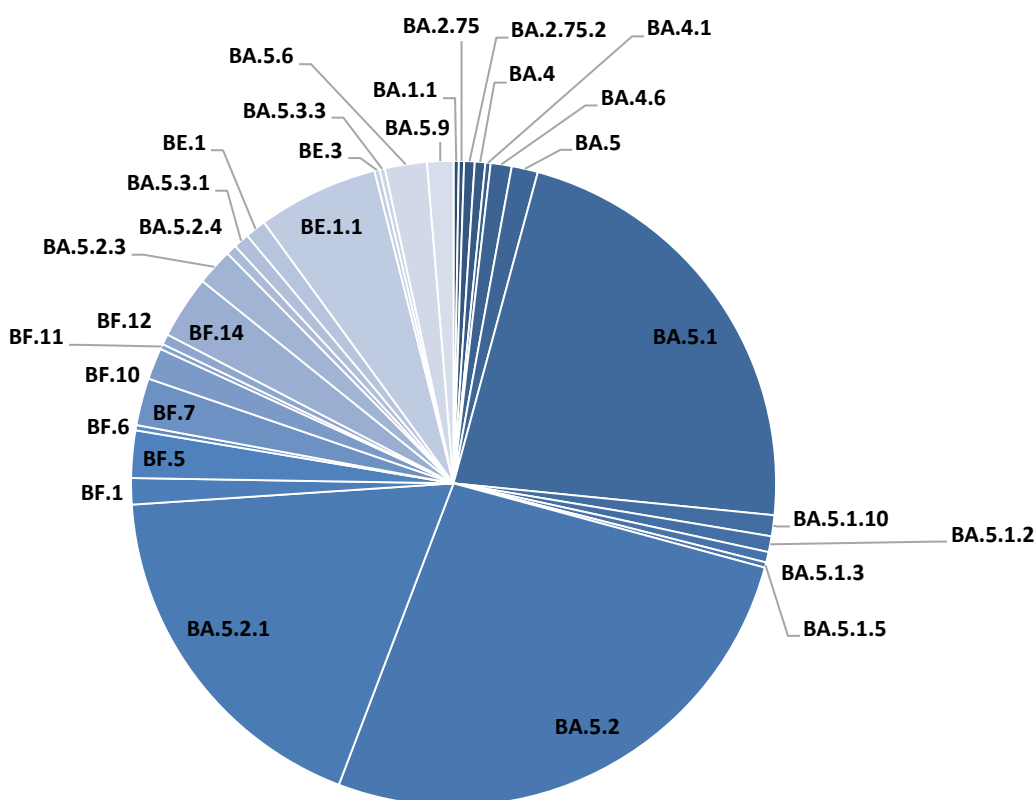
Omikron - B.1.1.529

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).

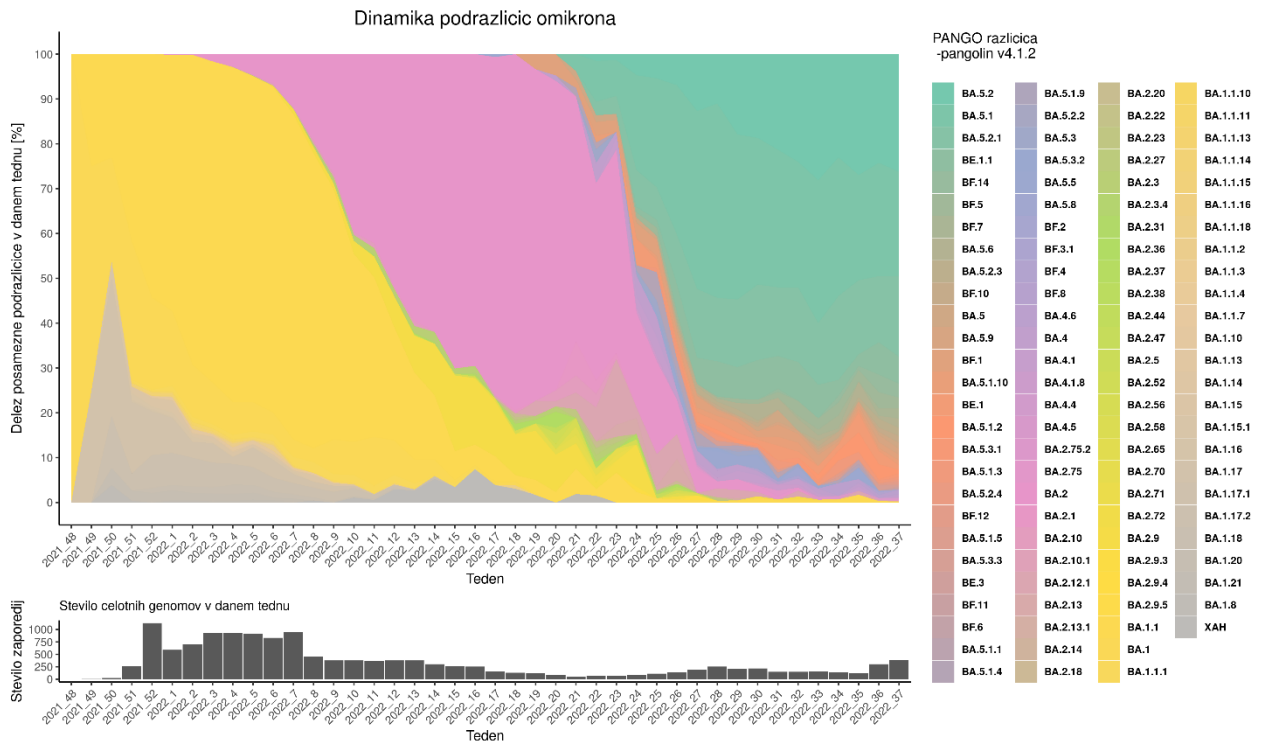
ECDC od 11. avgusta 2022 na seznam zaskrbljujočih variant uvršča 3 podrazličice omikrona (BA.2, BA.4 in BA.5) ter vse njihove hčerinske linije.

V devetinosemdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v vseh vzorcih.

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



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



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