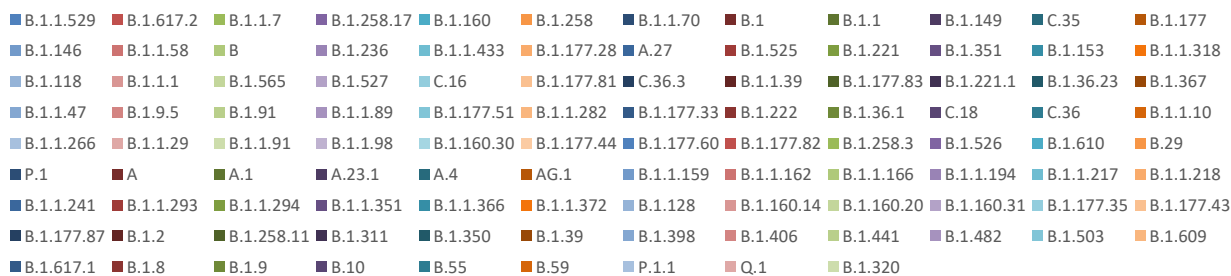
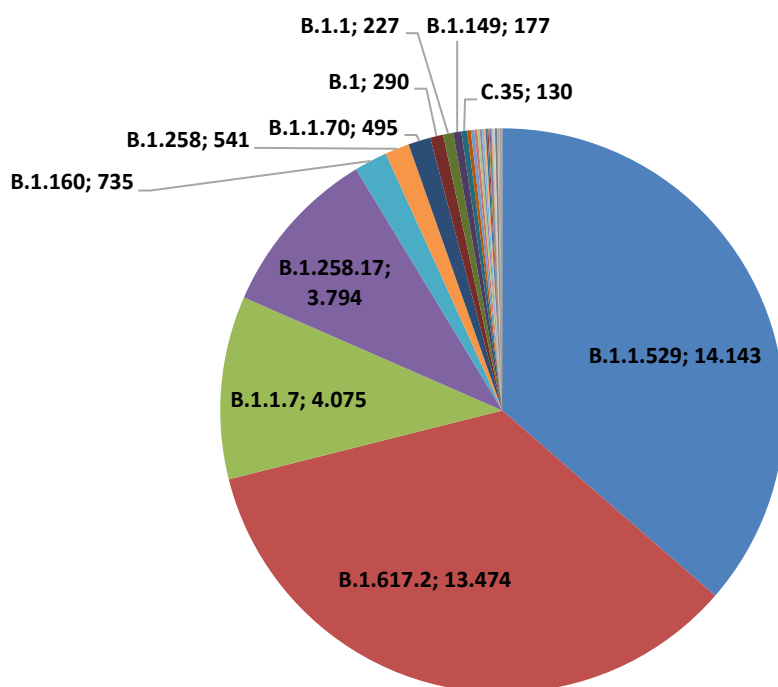




Datum: Ljubljana, 13. 10. 2022

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

V **enaindevetdeseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 250 vzorcev (83 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 26. 09. 2022 in 02. 10. 2022.** Izmed teh je bilo 68 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, 6 % iz Gorenjske regije, 5 % iz Zasavske regije, po 4 % iz Goriške, Jugovzhodne, Obalno-kraške ter Posavske regije, 2 % iz Savinjske regije in po 1 % iz Podravske, Pomurske ter Primorsko-notranjske regije. Šest 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)

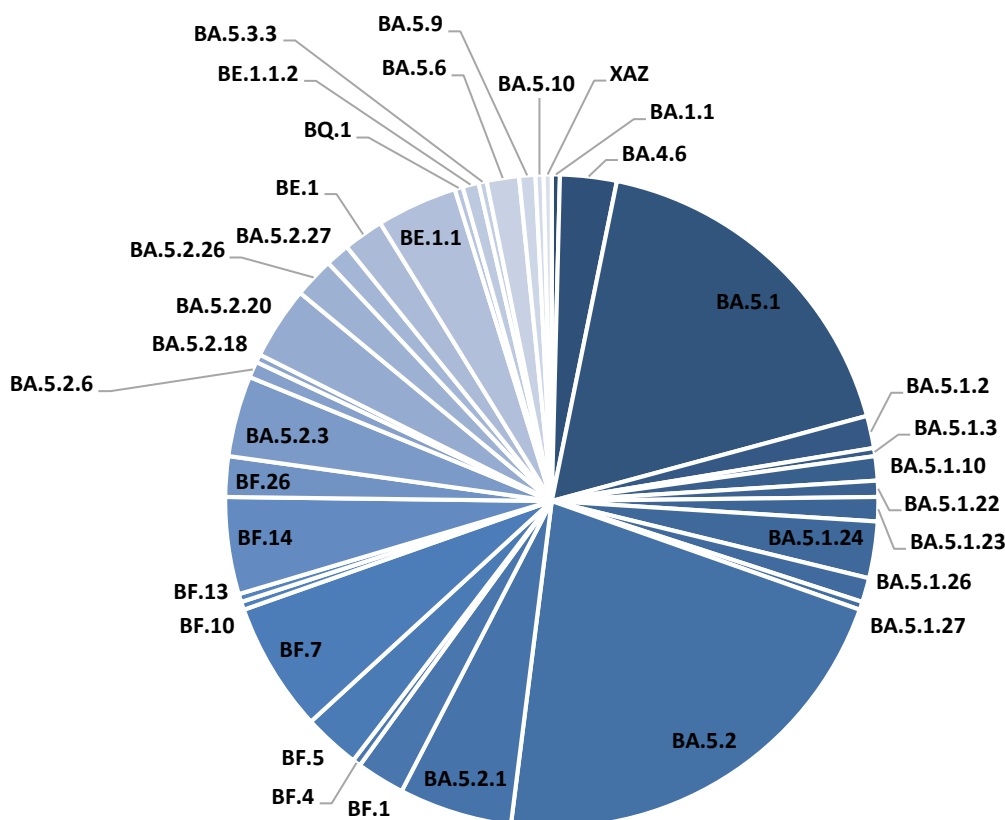
### Omikron - B.1.1.529

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).

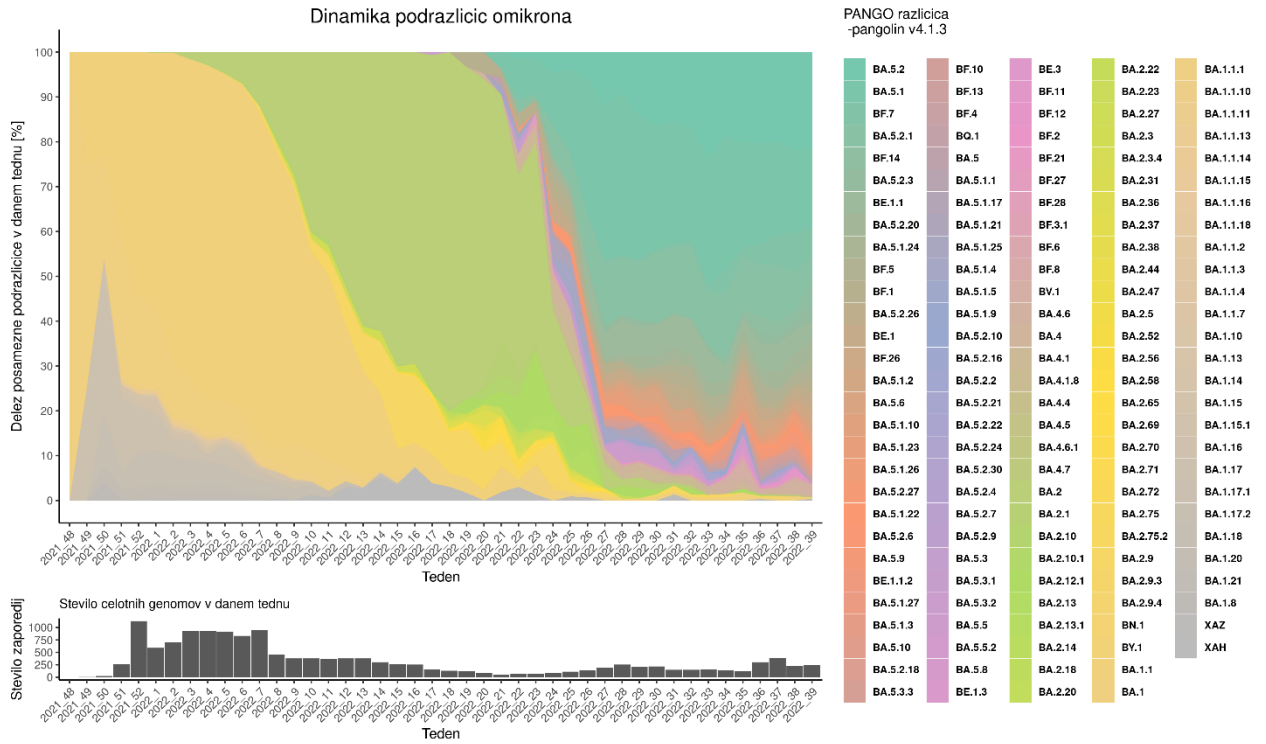
ECDC od 11. avgusta 2022 na seznam zaskrbljujočih variant uvršča 3 podrazličice omikrona (BA.2, BA.4 in BA.5) ter vse njihove hčerinske linije.

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

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



**Slika 2.** Razporeditev posameznih genetskih podrazličic omikrona dokazanih v enaindevetdesetem 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.