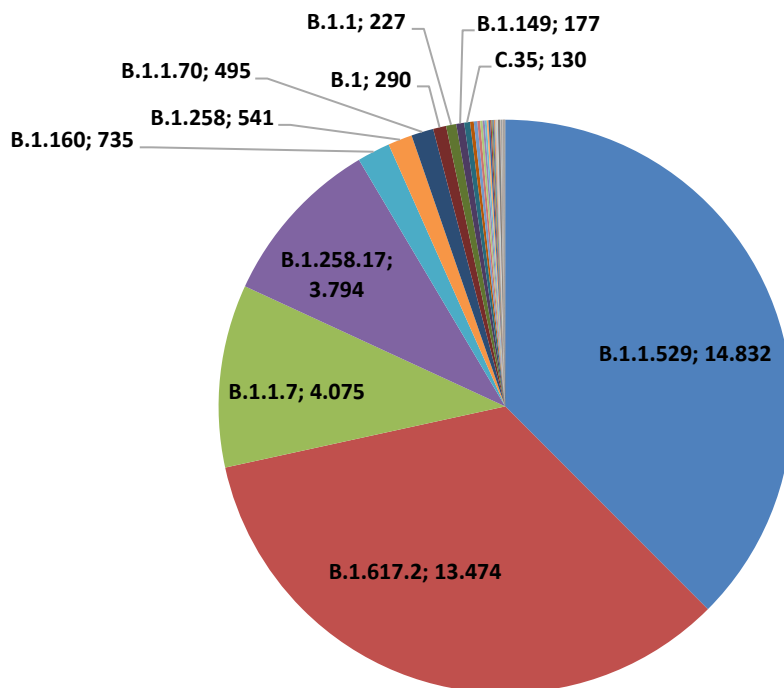




Datum: Ljubljana, 02. 11. 2022

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

V **štiriindevetdeseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 159 vzorcev (83 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 17. 10. 2022 in 23. 10. 2022.** Izmed teh je bilo 64 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, 6 % iz Obalno-kraške regije, po 5 % iz Goriške ter Posavske regije, po 4 % iz Gorenjske, Jugovzhodne ter Zasavske regije, 3 % iz Savinjske regije, 2 % iz Podravske regije in po 1 % iz Koroške, Pomurske ter Primorsko-notranjske regije. En vzorec je pripadal osebi, ki ima 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.1.158 | 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 | P.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)

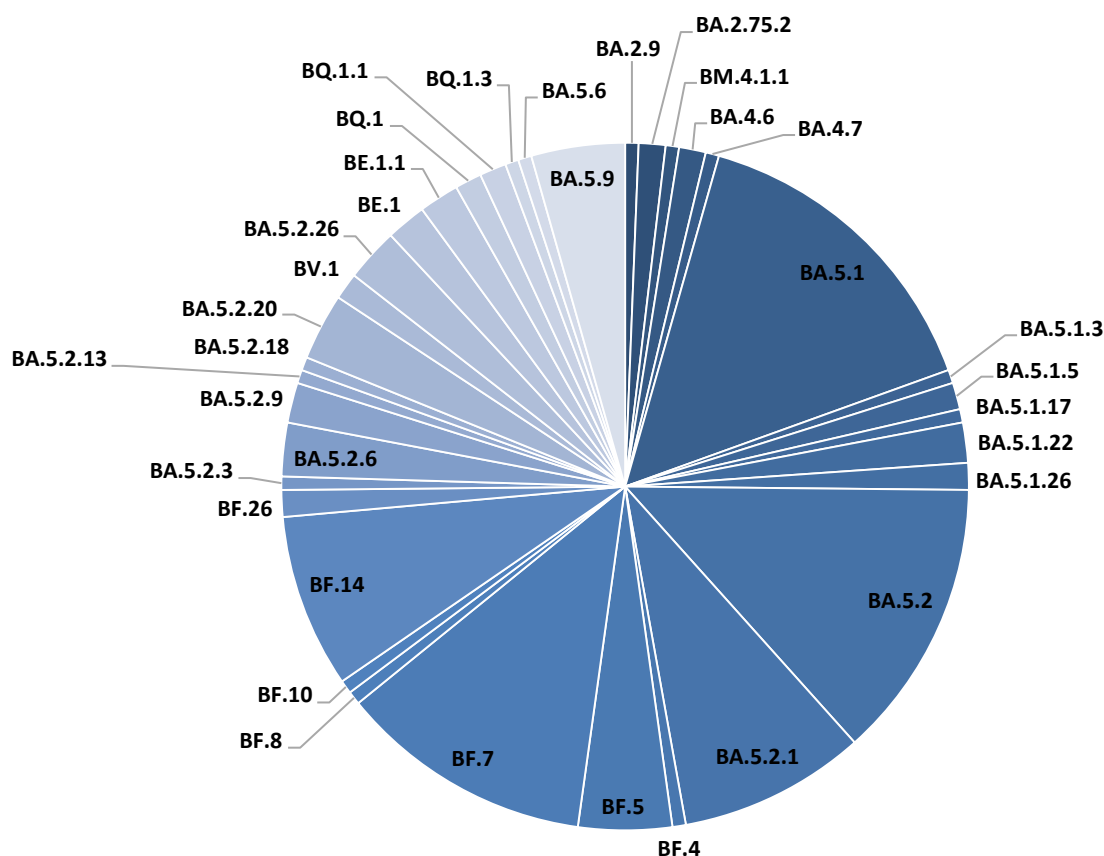
Omikron - B.1.1.529

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 štiriindevetdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v vseh vzorcih.

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

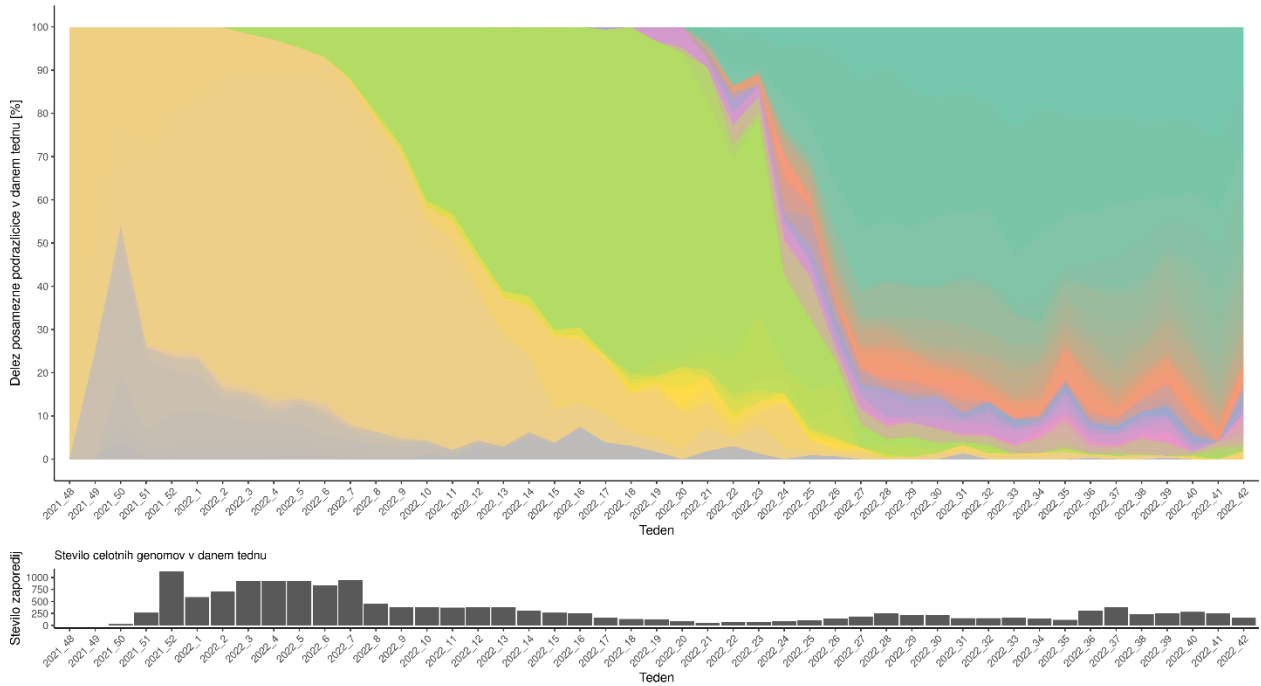
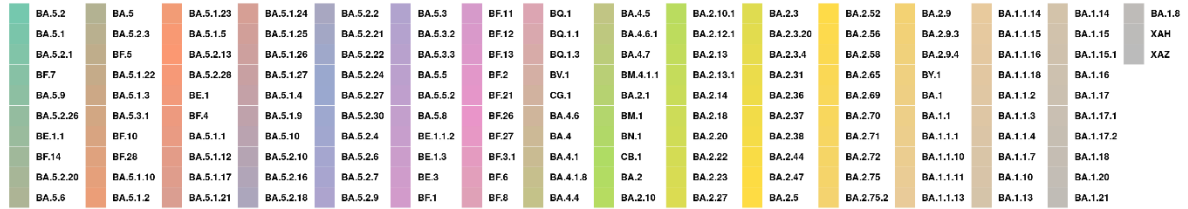


Slika 2. Razporeditev posameznih genetskih podrazličic omikrona dokazanih v štiriindevetdesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



Dinamika podrazličic omikrona

PANGO različica
-pangolin v4.1.3



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