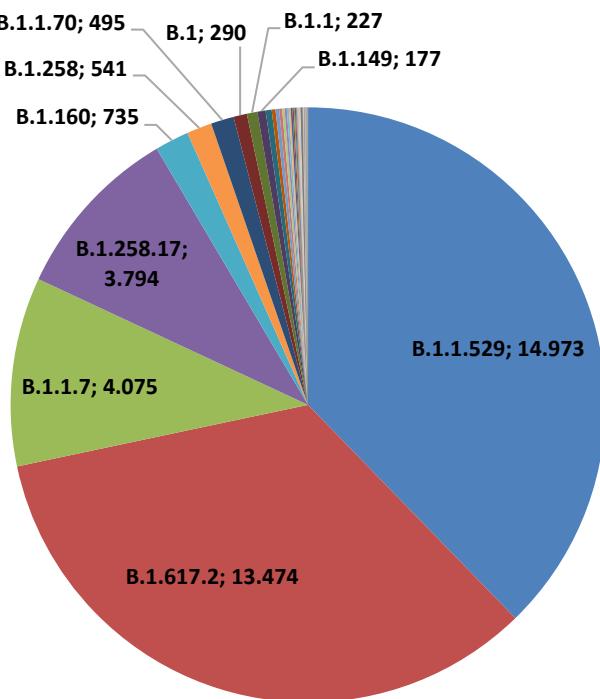




Datum: Ljubljana, 08. 11. 2022

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

V **petindevetdeseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 141 vzorcev (78 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med **24. 10. 2022 in 30. 10. 2022**. Izmed teh je bilo 70 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, po 6 % iz Gorenjske in Goriške regije, 5 % iz Obalno-kraške regije, 4 % iz Zasavske regije, po 3 % iz Jugovzhodne in Primorsko-notranjske regije, 2 % iz Posavske regije in 1 % iz Savinjske regije. Vzorcev oseb s stalnim prebivališčem v tujini ni bilo.



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	B.1.27	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	B.1.36.3	B.1.1.39	B.1.177.83	B.1.221.1	B.1.36.23	B.1.367
B.1.1.47	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	B.1.18	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)

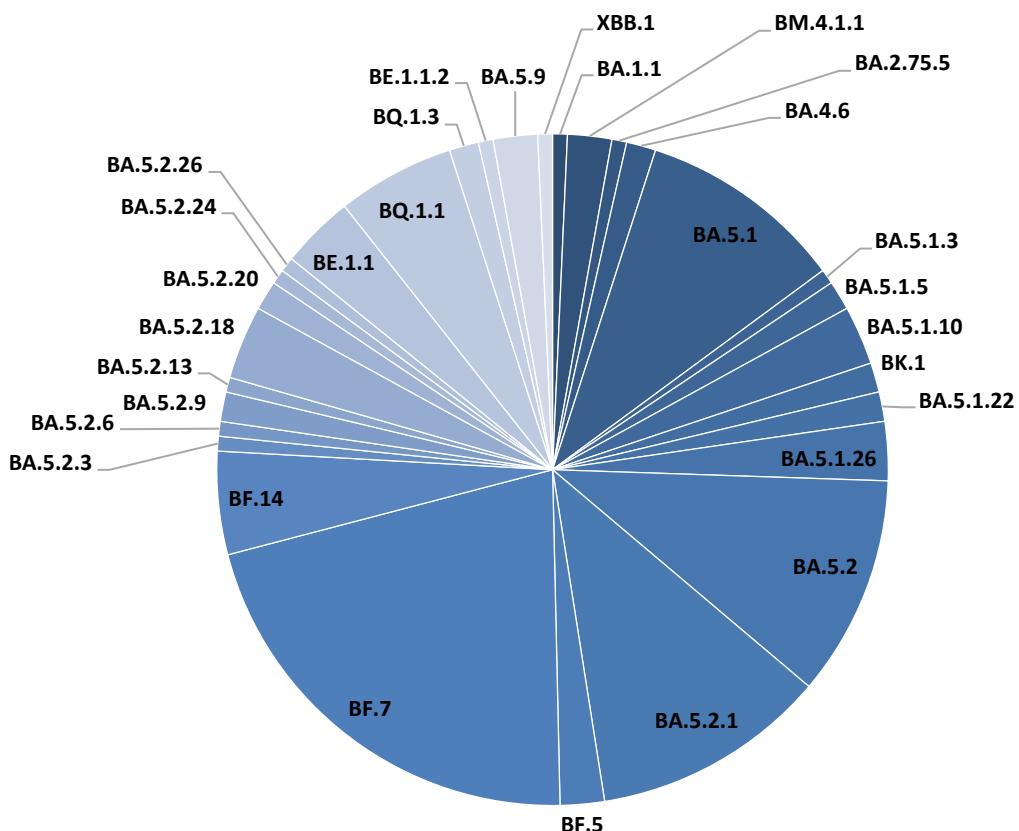
Omkron - B.1.1.529

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).

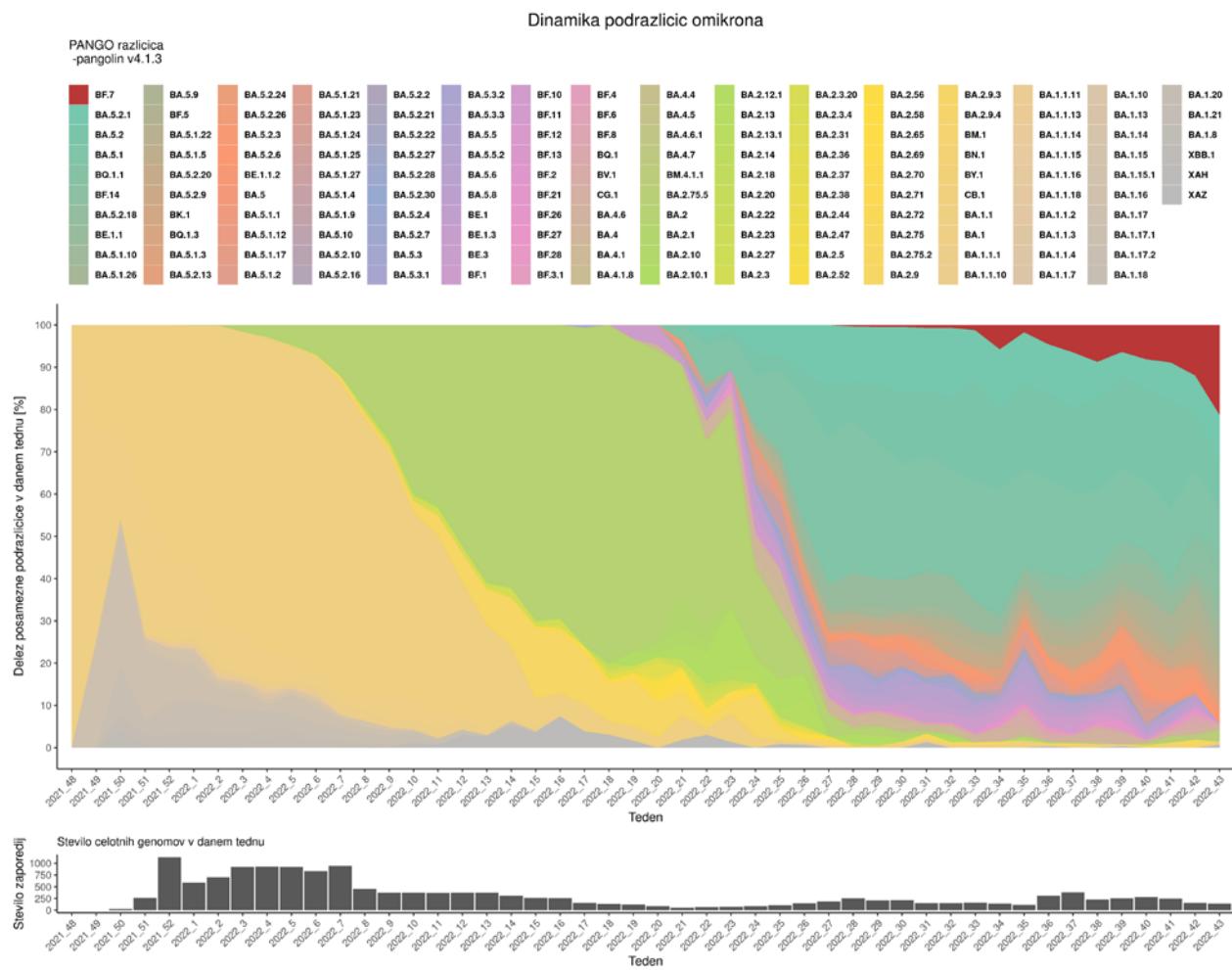
ECDC od 11. avgusta 2022 na seznam zaskrbljujočih variant uvršča 3 podrazličice omikrona (BA.2, BA.4 in BA.5) ter vse njihove hčerinske linije.

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

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



Slika 2. Razporeditev posameznih genetskih podrazličic omikrona dokazanih v petindevetdesetem 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.