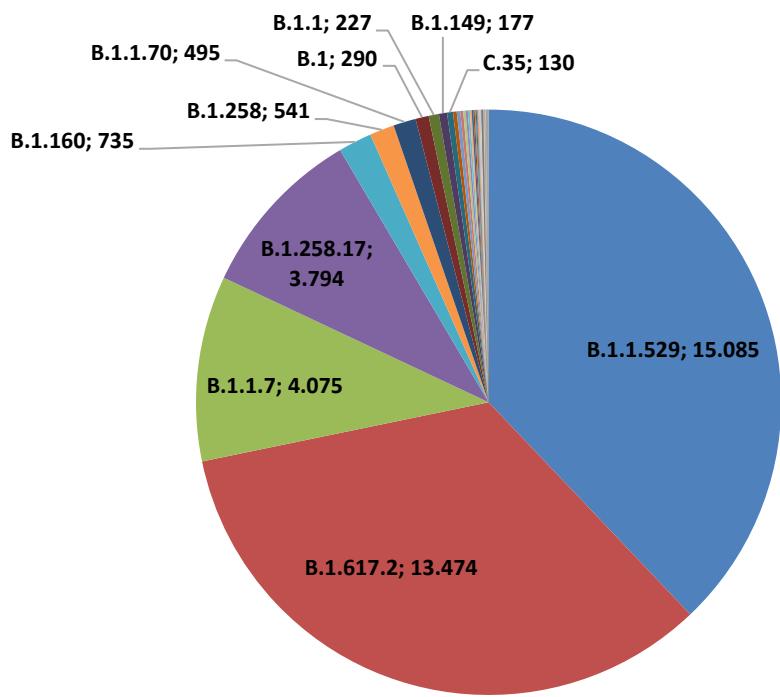




Datum: Ljubljana, 16. 11. 2022

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

V šestindevetdeseto presejalno sekveniranje virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 112 vzorcev (74 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 31. 10. 2022 in 06. 11. 2022. Izmed teh je bilo 72 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, 9 % iz Zasavske regije, 6 % iz Jugovzhodne regije, 3 % iz Gorenjske regije, po 2 % iz Goriške, Posavske ter Primorsko-notranjske regije in po 1 % iz Obalno-kraške ter Savinjske regije. Trije vzorci so pripadali 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	B.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.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	B.1.1.9	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
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 razlicicami (VOC)**

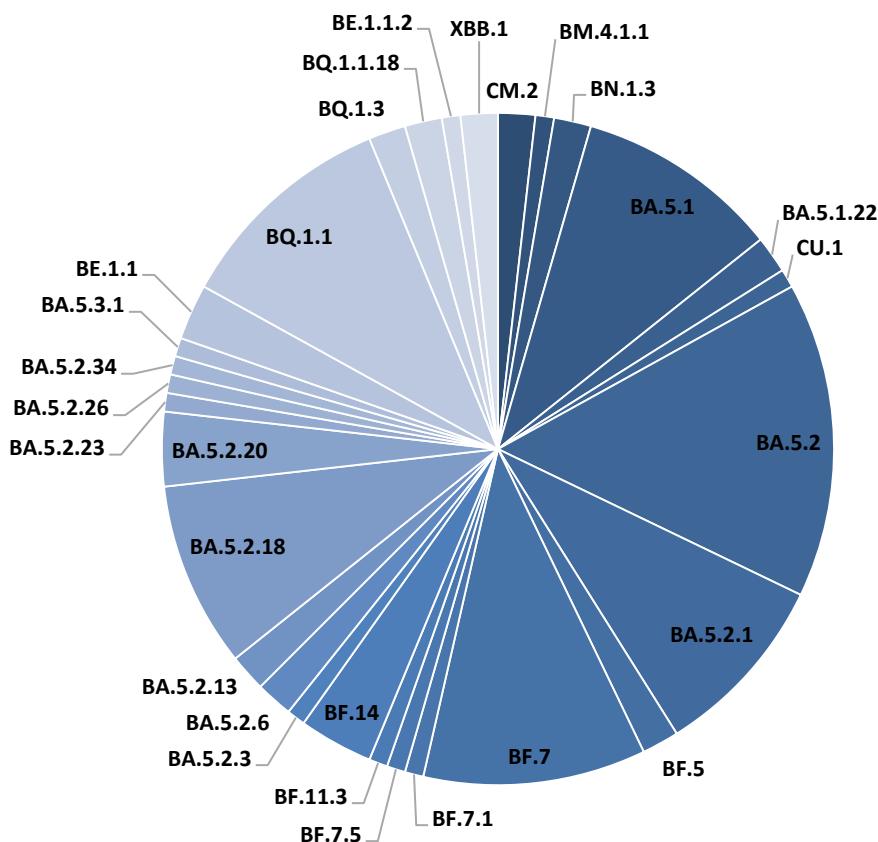
Omicron - B.1.1.529

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 šestindevetdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v vseh vzorcih.**

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

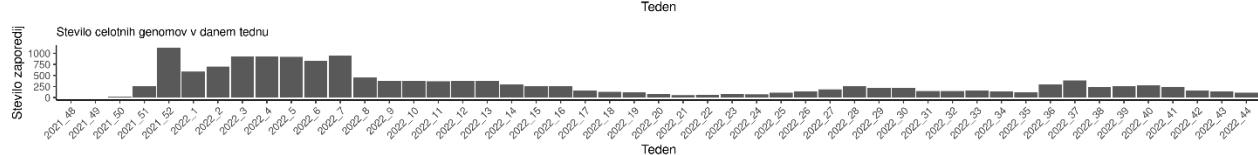
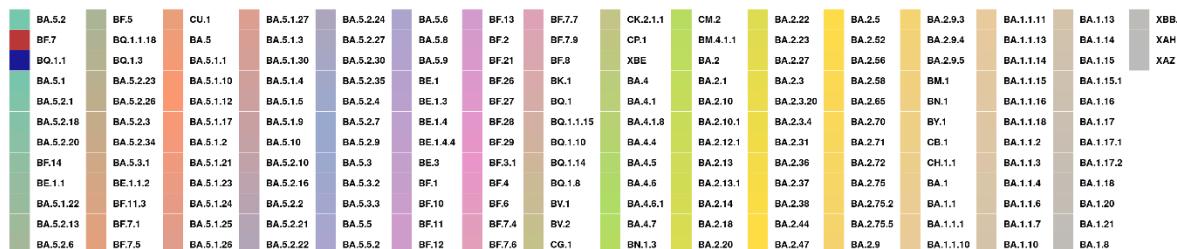


**Slika 2.** Razporeditev posameznih genetskih podrazličic omikrona dokazanih v šestindevetdesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



## Dinamika podrazlicic omikrona

PANGO razlicica  
-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.