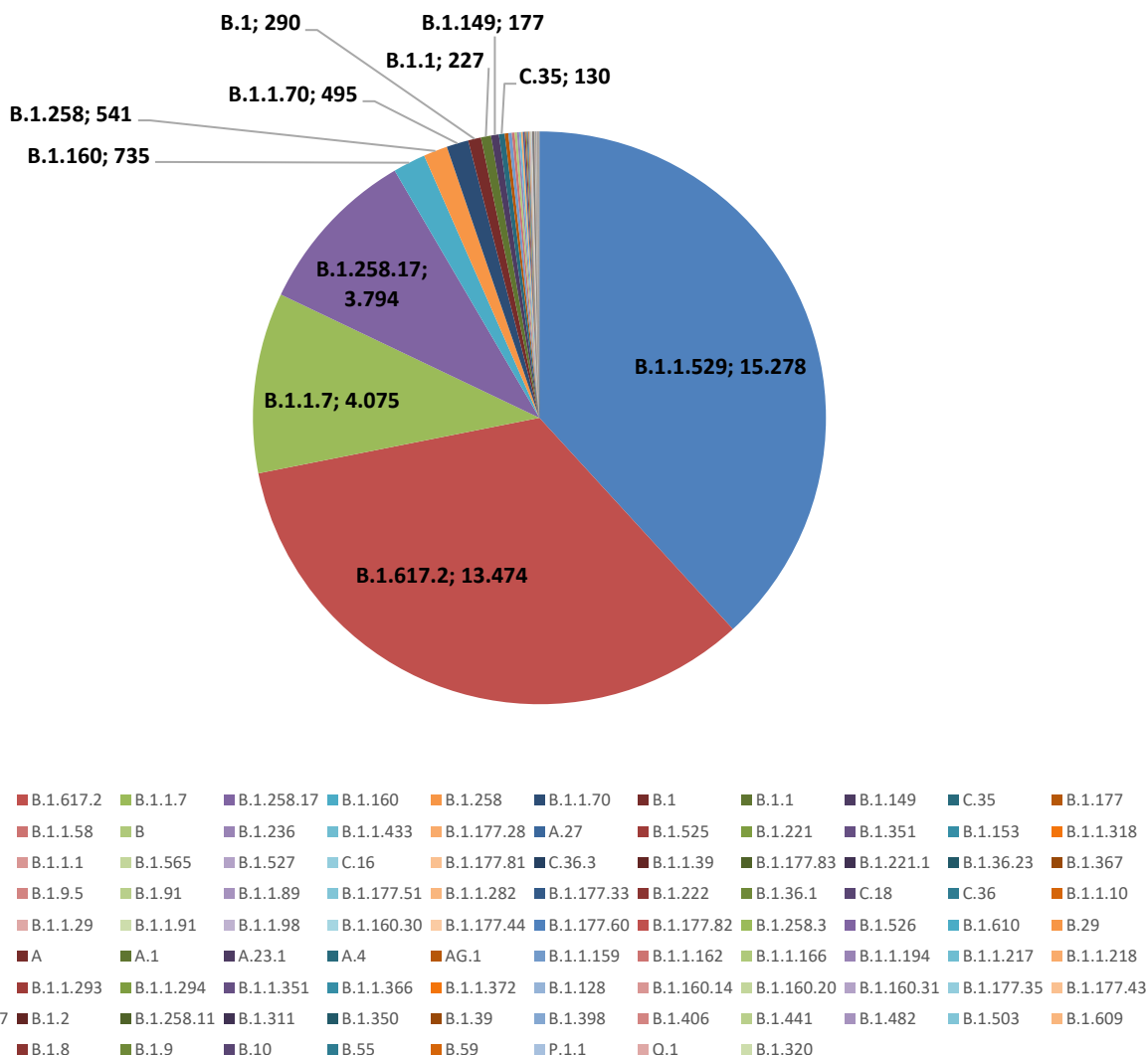




Datum: Ljubljana, 29. 11. 2022

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

V osemindevetdeseto presejalno sekveniranje virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 100 vzorcev (82 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI)**, ki so bili odvzeti med **14. 11. 2022 in 20. 11. 2022**. Izmed teh je bilo 61 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, po 5 % iz Gorenjske, Jugovzhodne, Obalno-kraške ter Posavske regije, po 4 % iz Goriške ter Zasavske regije, 2 % iz Podravske regije in po 1 % iz Primorsko-notranjske ter Savinjske regije. Sedem vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



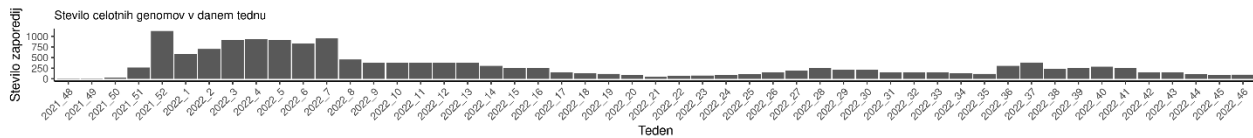
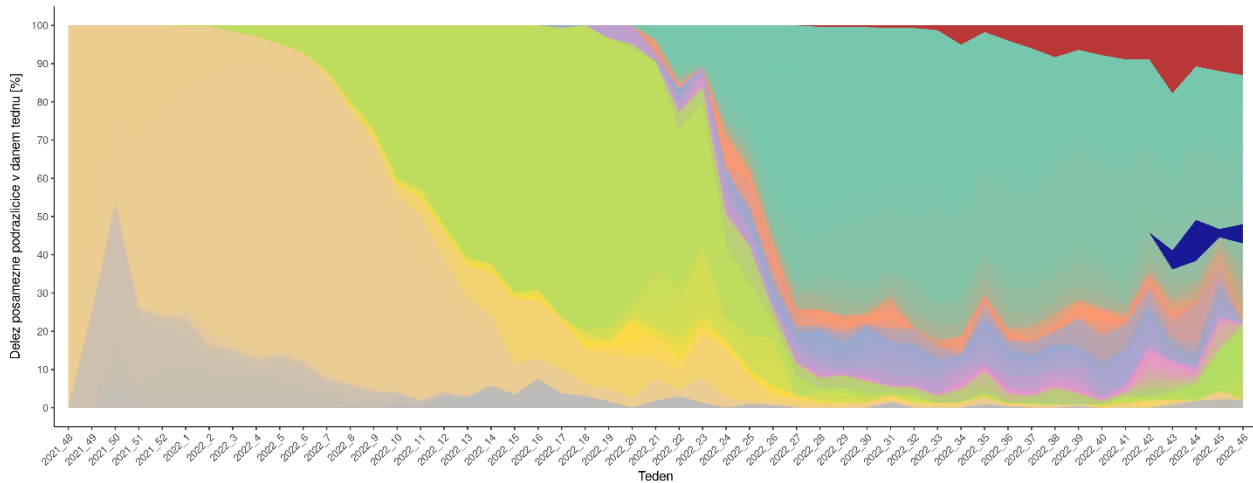
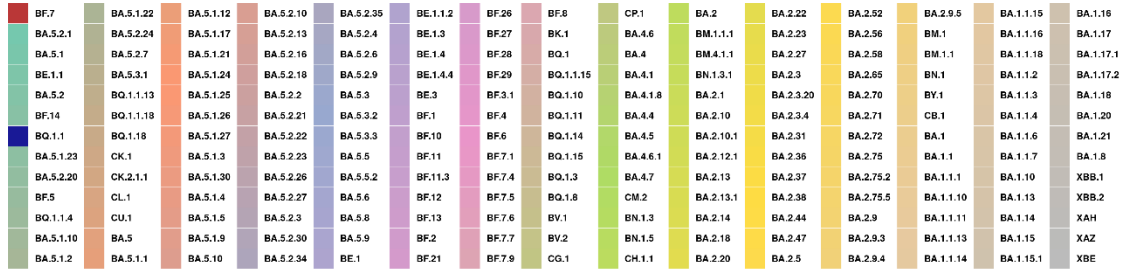
**Slika 1.** Razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.





### 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.