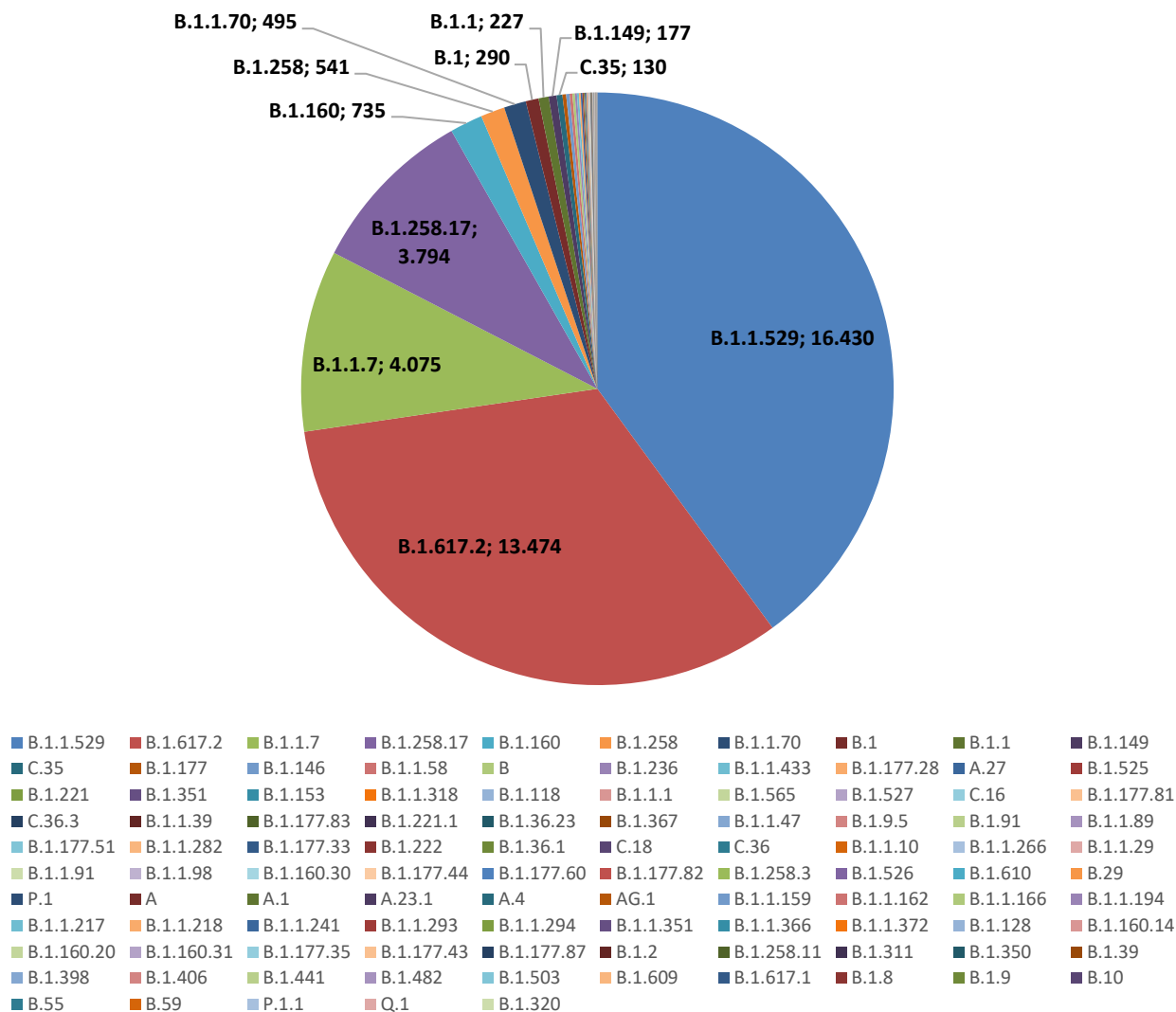




Datum: Ljubljana, 10. 01. 2023

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

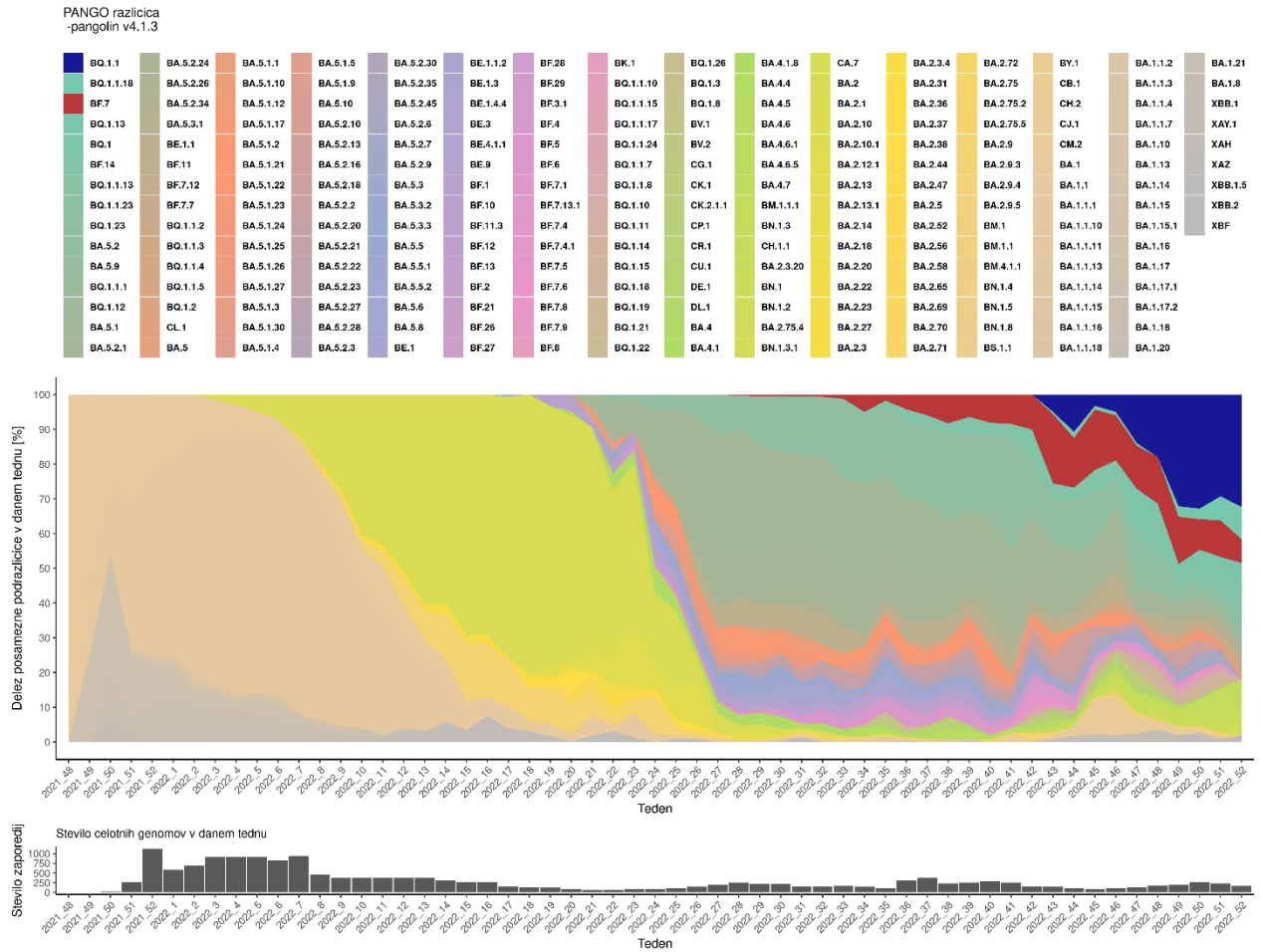
V **stočetrto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 161 vzorcev (86 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 26. 12. 2022 in 01. 01. 2023.** Izmed teh je bilo 66 % vzorcev iz Osrednjeslovenske regije, po 6 % iz Jugovzhodne, Obalno-kraške ter Zasavske regije, 5 % iz Posavske regije, 4 % iz Goriške regije, 3 % iz Savinjske regije, po 2 % iz Gorenjske ter Primorsko-notranjske regije in 1 % iz Koroške regije. Vzorcev oseb, ki imajo stalno prebivališče v tujini, ni bilo.



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



Dinamika podrazličic omikrona



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