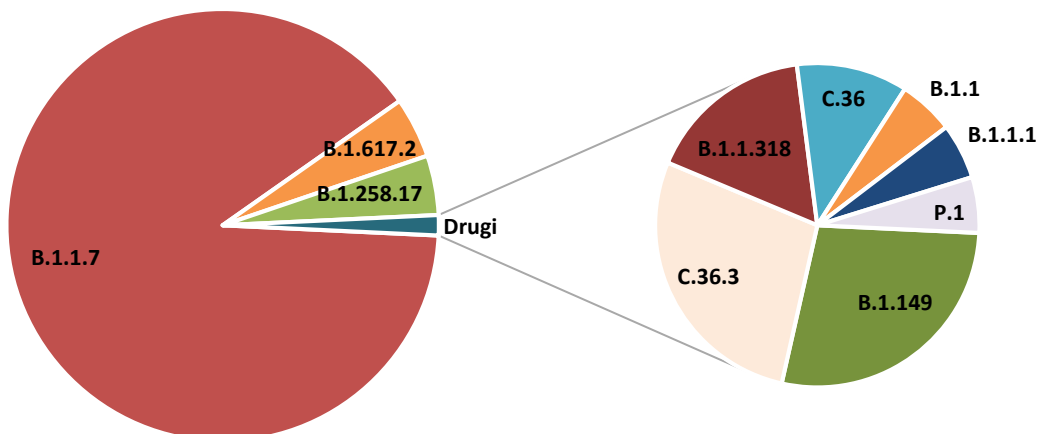




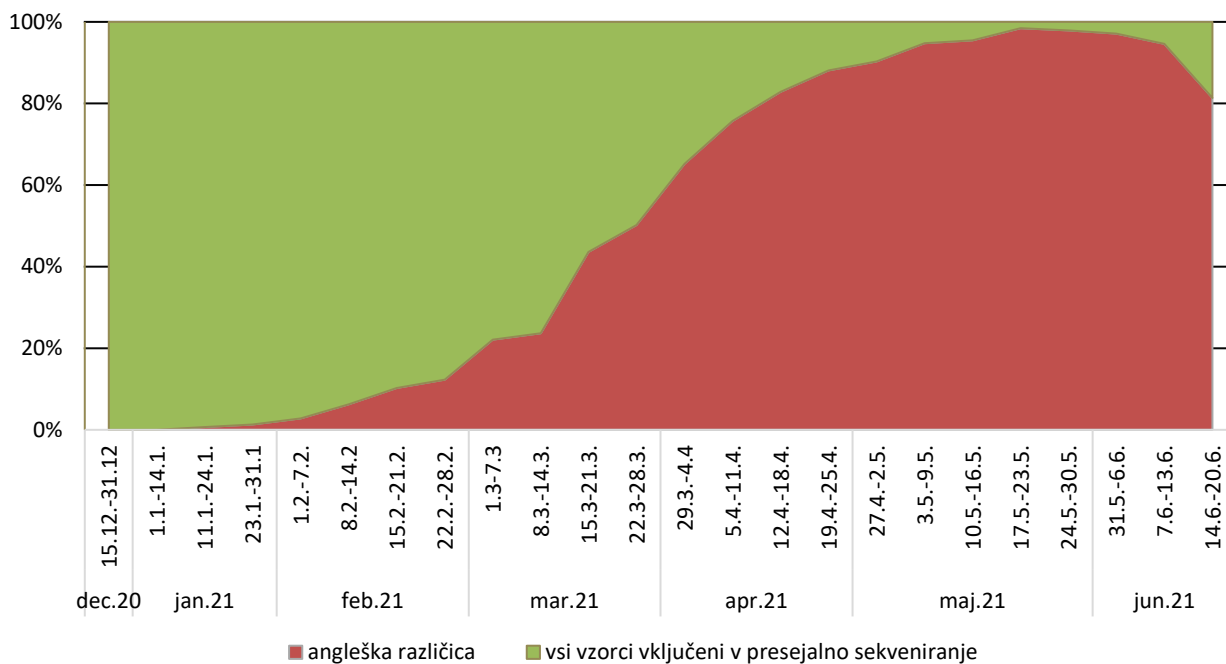
Na spodnji sliki je v prikazana razporeditev posameznih genetskih različic dokazanih v **maju in juniju 2021**, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



Alfa - B.1.1.7 - Angleška različica

Alfa različica (501Y.V1 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju smo našli vse mutacije značilne za različico alfa v vseh skupinah vzorcev. Deleži posameznih mutacij se v zadnjem presejalnem obdobju gibljejo od 80 - 95 %.**

Delež različice alfa med vzorci, vključenimi v presejalno sekveniranje, je v štiriindvajsetem presejalnem obdobju znašal 81 % vseh vključenih vzorcev, kar je prikazano na sliki spodaj.





Beta - B.1.351 - Južnoafriška različica

Beta različica (501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, D80A, D215G, K417N, E484K, N501Y, D614G in A701V. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju različice beta nismo potrdili.** Skupno smo do sedaj dokazali različico beta pri 23 osebah, od katerih jih 21 nima jasne epidemiološke anamneze za potencialni neposredni vnos iz tujine. Ena oseba je pripotovala iz celinske Tanzanije in ena iz Zanzibarja.

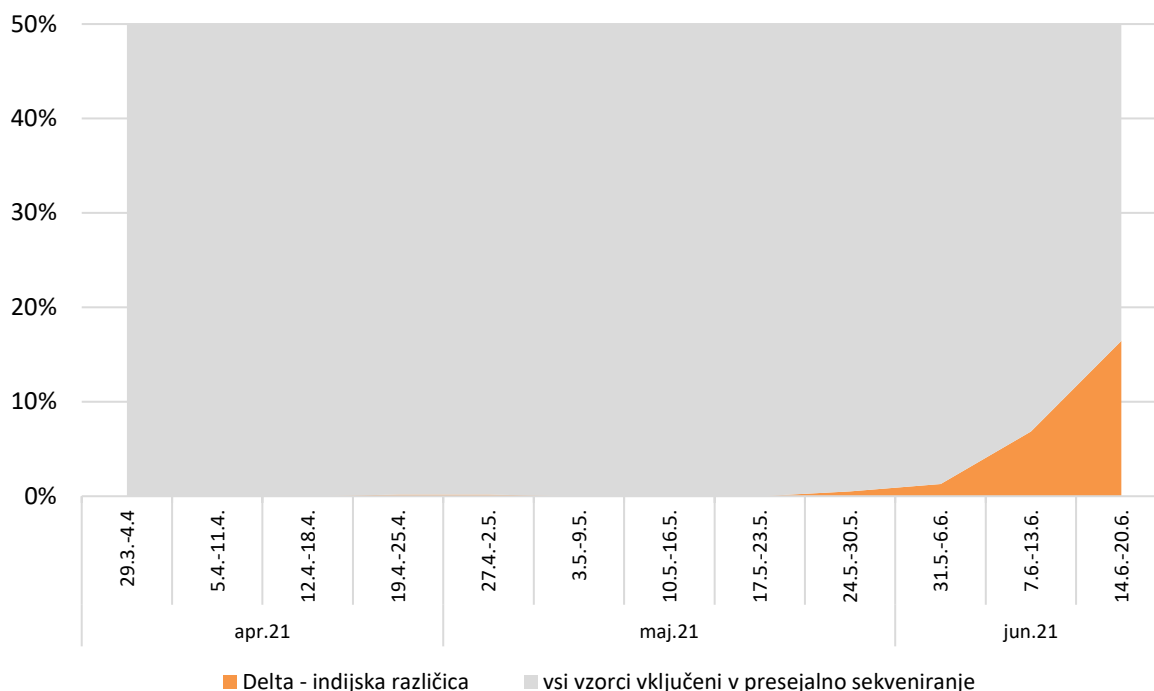
Gama – P.1 - Brazilska različica

Gama različica (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju različice gama nismo potrdili.** Gama različico smo doslej potrdili v vzorcu enega bolnika, ki se je 31. 05. 2021 vrnil iz tujine.

Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Delta različica B.1.617.2 vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V štiriindvajsetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 14 od 15 skupin vzorcev. Deleži posameznih značilnih mutacij se v zadnjem presejalnem obdobju gibljejo od 5 - 50 %.** V naslednjem tednu bomo v vzorcih določili celoten genom virusa in s tem potrdili prisotnost različice delta v posameznih vzorcih. **Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 56 bolnikih.**

Na spodnji sliki je prikazano naraščanje različice delta v presejalnem sekveniranju.



Epsilon - B.1.429

Za genetsko različico epsilon so značilne mutacije: S13I, W152C, L452R, D614G. Različica je najbolj razširjena v Kaliforniji, zabeležili so jo tudi v Mehiki. **Epsilon različice do sedaj nismo potrdili v Sloveniji.**



Eta - B.1.525

Genetska različica eta vsebuje naslednje značilne mutacije: Q52R, E484K, Q677H, F888L. Različica je najbolj razširjena v Nigeriji, na Danskem, v Združenem kraljestvu in Združenih državah Amerike. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju različice eta nismo potrdili v presejalnem testiranju v Sloveniji.** Do sedaj smo potrdili različico eta v 23 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne, Savinjske in Zasavske regije.

Jota - B.1.526

Za genetsko različico jota so značilne mutacije: L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V. Različica je razširjena predvsem v New Yorku, Združene države Amerike. **Genetske različice jota do sedaj nismo potrdili v Sloveniji.**

Kapa - B.1.617.1 - Indijska različica

Genetska različica kapa vsebuje naslednje značilne mutacije: L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili v presejalnem testiranju.** Do sedaj smo potrdili različico kapa v vzorcu 1 osebe, ki se je vrnila iz tujine.

Genetska različica B.1.1.318

Za genetsko različico B.1.1.318 so značilne mutacije: T95I, del144, E484K, D614G, P681H, D796H. Različico so do sedaj dokazali v Združenem kraljestvu, v Švici in v Združenih državah Amerike. **V štiriindvajsetem presejalnem testiranju smo potrdili različico B.1.1.318 v 3 skupinah vzorcev. Značilne mutacije se pojavljajo v nizkih deležih, torej je pozitiven 1-3 vzorci v posamezni skupini.** Do sedaj smo potrdili različico B.1.1.318 v 12 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Posavske, Zasavske regije in pri osebah, ki imajo stalno prebivališče v tujini.

Genetska različica B.1.258.17

Evropska linija B.1.258.17 vsebuje naslednje značilne mutacije: N439K, D614G, V772I. Genetska različica se je v Sloveniji razširila v drugem valu epidemije. Drugače je različica razširjena še v Švici (9%), Nemčiji (9%), na Švedskem (6%) in v Avstriji (2%). Genetska različica alfa (B.1.1.7) je v Sloveniji popolnoma izrinila genetsko različico B.1.258.17. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju smo različico potrdili v 1 vzorcu.** Do sedaj smo različico B.1.258.17 v presejalnem testiranju potrdili v 1.291 vzorcih.

Genetska različica A.27

Za genetsko različico A.27 so značilne mutacije: L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V. Različica je najbolj razširjena v francoski čezmorski skupnosti Mayotte, zabeležili pa so jo tudi v Združenem kraljestvu, na Nizozemskem, Danskem in v Turčiji. **V štiriindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili v presejalnem testiranju.** Do sedaj smo potrdili različico A.27 v skupno 31 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne in Obalno-kraške regije.



Okužbe po cepljenju proti COVID-19

Od 24. 02. 2021 do 15. 06. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 236 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 113 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 3 osebe so bile cepljene s cepivom Moderna COVID-19, 119 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford) in 3 osebe so bile cepljene s cepivom COVID-19 Janssen (Johnson & Johnson's/Janssen).

Pri cepljenih smo dokazali genetske različice, ki so pogoste v Sloveniji (B.1.258.17, B.1.1.7, A.27, B.1.1.70, B.1.1.318 in B.1.617.2) v približno enakem deležu, kot se pojavljajo v ostali populaciji.

