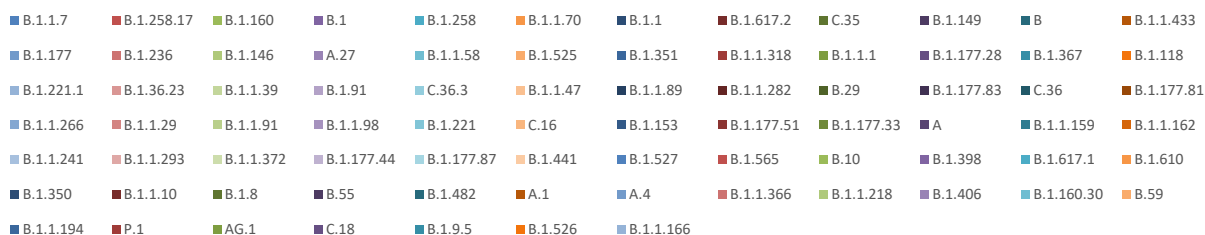
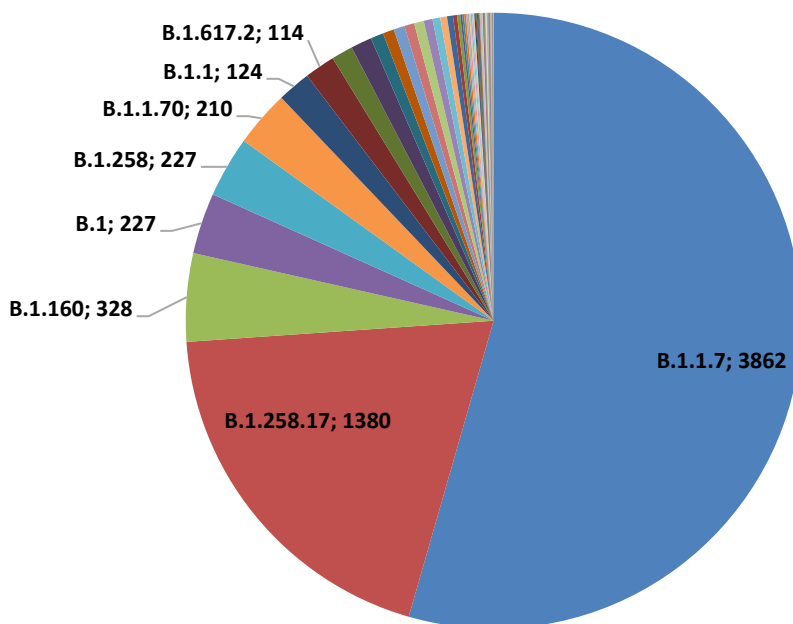




Datum: Ljubljana, 06.07.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 139 vzorcev odvzetih med 21. 06. 2021 in 27. 06. 2021

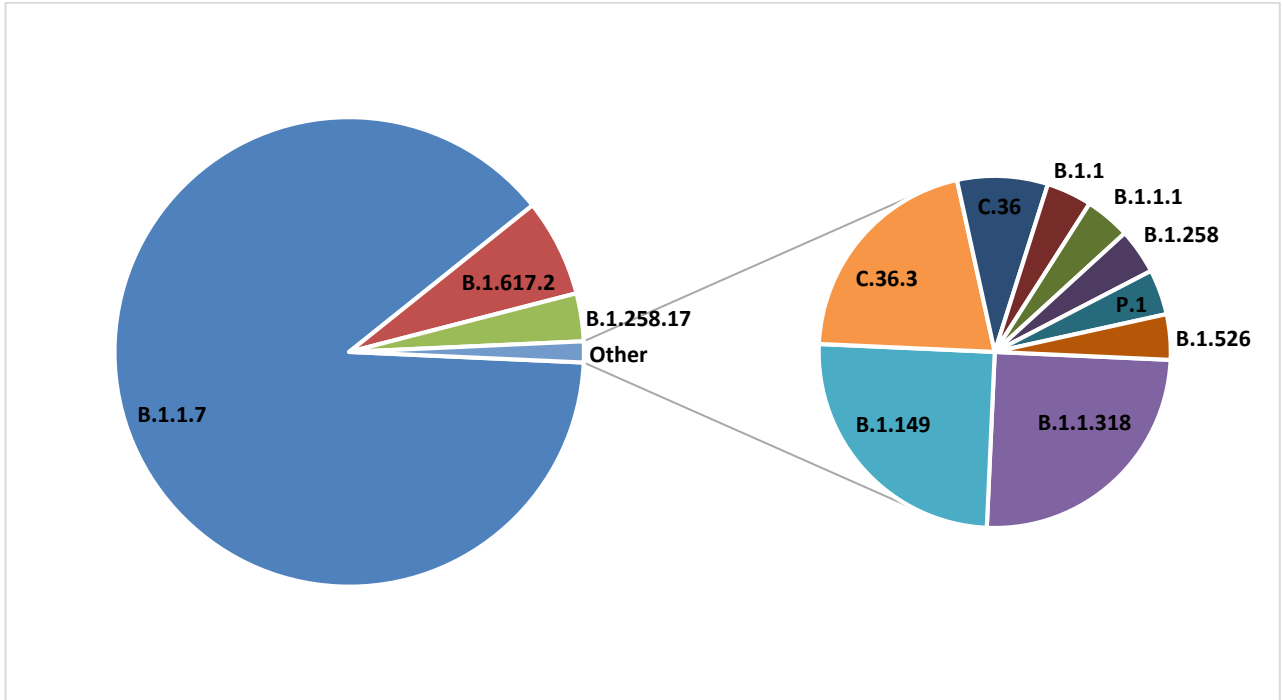
V **petindvajseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 drugega vala epidemije z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili skupno 139 vzorcev (93 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 21. 06. 2021 in 27. 06. 2021.** Izmed teh je bilo 47 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 11 % iz Zasavske regije, 6 % iz Goriške regije, 5 % iz Obalno-kraške regije, po 4 % iz Gorenjske, Jugovzhodne, Posavske regije in Primorsko-notranjske regije, 2% iz Podravske regije in 1 % iz Savinjske regije. Šestnajst vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



Na sliki zgoraj je v absolutnih številkah prikazana razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.

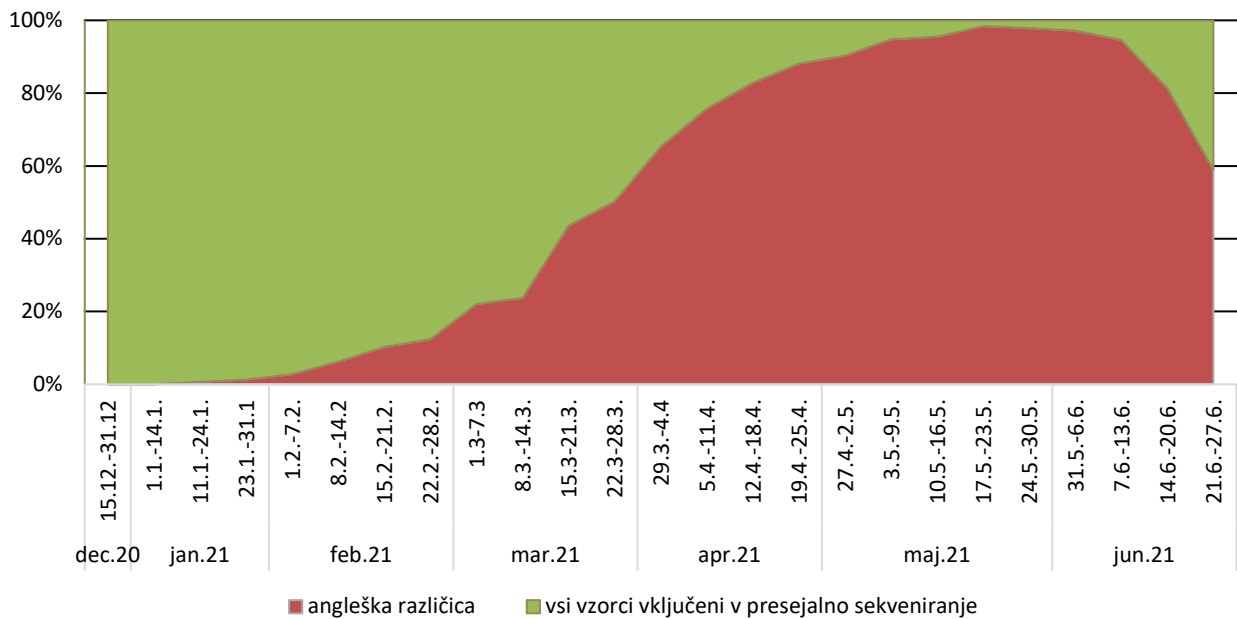


Na spodnji sliki je v prikazana razporeditev posameznih genetskih različic dokazanih v **maju in juniju 2021**, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



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 petindvajsetem presejalnem obdobju smo različico alfa potrdili v 82 vzorcih (59 %).**





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 petindvajsetem 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.

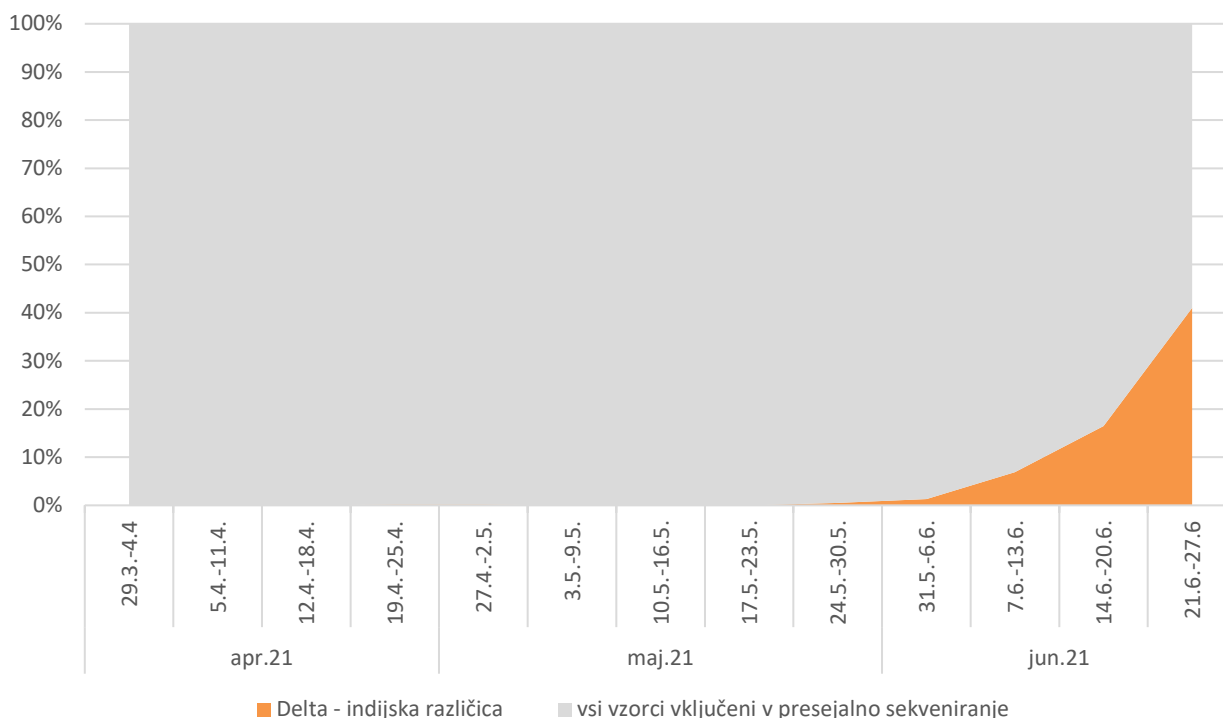
Gama – P.1 - Brazilska različica

Gama različica (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V petindvajsetem 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 petindvajsetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili 59 vzorcih (41 %).** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 114 bolnikih. **V vzorcih dveh bolnikov smo potrdili genetsko različico delta z mutacijo K417N – delta plus.**

Na spodnji sliki je prikazano naraščanje deleža različice delta med vzorci vključenimi v presejalno sekveniranje.



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 petindvajsetem presejalnem obdobju različice eta nismo potrdili.** 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. **V petindvajsetem presejalnem obdobju smo genetsko različico jota potrdili pri 1 osebi iz Gorenjske regije.**

Kapa - B.1.617.1 - Indijska različica

Genetska različica kapa vsebuje naslednje značilne mutacije: L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H. **V petindvajsetem 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 petindvajsetem presejalnem testiranju različice B.1.1.318 nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico B.1.1.318 v 15 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 petindvajsetem presejalnem obdobju smo različico potrdili v 2 vzorcih.** Do sedaj smo različico B.1.258.17 v presejalnem testiranju potrdili v 1.380 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 petindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili.** 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 24. 06. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 245 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 117 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 3 osebe so bile cepljene s cepivom Moderna COVID-19, 122 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 v približno enakem deležu, kot se pojavljajo v ostali populaciji.

